

## 分析機器部門講習会シリーズ

### トミーデジタルバイオロジーが提供するメタゲノム解析のトータルソリューション

**要旨** 大きく進歩した最先端ロングリードシーケンサーの最新情報と、高解像度なメタゲノム解析キット、シーケンズデータを簡単に扱うことができる解析用ソフトウェアについてお話しします。

PacBio 社の 1 分子リアルタイムシーケンサーは、圧倒的なロングリードと、高い正確性で遺伝子配列全体をそのままの形で捉えることができます。さらに PCR 増幅が不要なため、従来 GC 含量によってシーケンシングに不向きとされていた配列も均一なカバレッジを得ることが可能です。最近リリースされ、現行の Sequel システムの 8 倍以上のデータ取得が可能となった、Sequel II システムをご紹介します。

また Loop Genomics 社のメタゲノム解析キットでは、分子バーコード技術により、ショートリードを疑似的なロングリードとして取り扱うことができ、16S/18S rRNA 遺伝子全長配列を再構築することで、種レベルの解像度で解析を可能にします。また分子バーコードにより、シーケンズエラーを補正し、解析の定量性も確保することができます。

得られたシーケンズデータは、さまざまなバイオインフォマティクスツールを統合した解析用ソフトウェア Geneious により、どなたでも簡単・快適に解析を行うことが可能です。

\*本講習会では、分析機器部門に未導入の機器・技術について紹介します。

日 時 : 令和元年 6 月 19 日 (水) 14:00~15:30  
受講対象 : 利用者  
場 所 : 医系研究棟 3 号館 4 階実習室  
定 員 : 20 名

申込期間 : 令和元年 6 月 14 日 (金) まで  
申込方法 : 電子メールで、subject を Pacbio とし、「講習会名」、「所属講座」、「氏名」、「内線番号」、「電子メールアドレス」を明記の上、 [yitoh@med.nagoya-u.ac.jp](mailto:yitoh@med.nagoya-u.ac.jp) 宛にお申し込みください。

#### お問い合わせ先

医学教育研究支援センター 分析機器部門

担当: 伊藤 (内線: 2403、Email: [yitoh@med.nagoya-u.ac.jp](mailto:yitoh@med.nagoya-u.ac.jp))

※Web でも講習会情報を掲載しています (<https://www.med.nagoya-u.ac.jp/kiki/workshop/index.html>)