

ナノポアセミナー in OSAKA

日時：11月11日(金) 13:00-19:00

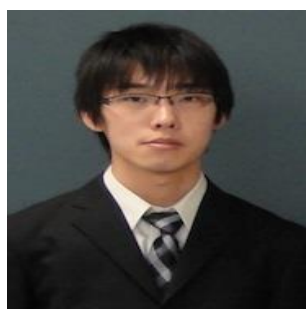
会場：大阪府大阪市中央区備後町4-1-3 御堂筋三井ビルディング4F

Time		Presenter(敬称略)
12:30-13:00	受付	
13:00-13:20	開会のご挨拶	宮本真理
13:20-13:40	ナノポアシーケンス最新テクノロジーアップデート	オックスフォード・ ナノポアテクノロジーズ
13:40-14:10	大阪大学微生物研究所遺伝情報実験センター感染症メタゲノム研究分野 中村昇太研究室	松本 悠希
14:20-14:25	質疑応答	
14:25-14:55	公立大学法人大阪 大阪公立大学 細菌学講座	坪内泰志
14:55-15:00	質疑応答	
15:00-15:15	ブレイクタイム	
15:15-15:45	広島大学 大学院統合生命科学研究科ゲノム情報科学研究室 坊農秀雅研究室	田村啓太
15:45-15:50	質疑応答	
15:50-16:20	国立病院機構名古屋医療センター臨床研究センター 感染・免疫研究部	大出裕高
16:20-16:25	質疑応答	
16:25-16:55	アダプティブサンプリングについて	金 智慧
16:55-17:20	ナノポア製品のコツなどについて	オックスフォード・ ナノポアテクノロジーズ
17:20-17:30	閉会のご挨拶	パネルディスカッション
17:30-19:00	意見交換会	宮本真理 オックスフォード・ ナノポアテクノロジーズ

お申込みはこちらからお願い致します。

<https://capture.captello.com/capture/submission?e=917102602ea1851e03a6ed3e3fca22cd&m=submit&b=0>

ナノポアセミナー in OSAKA



演者：大阪大学 微生物病研究所 遺伝情報実験センター感染症メタゲノム研究分野 松本悠希

演題：ナノポアシーケンスによるリアルタイム菌種同定

講演要旨：非結核菌抗酸菌(NTM)症は、難治性の呼吸器疾患でありわが国の近年の罹患数は結核を超える事態となっている。200種を超える病原体から引き起こされるため、その治療においてまず必要となるのは菌種の正確な同定である。しかし現状ではそのために複数の検査を組み合わせ、場合によっては亜種レベルまでの同定を行う必要が求められる。特に日本で多いMAC (*Mycobacterium avium* complex)以外の菌種については検査のために培養が必要となることから検査フローが煩雑になり、同定までの期間が長期化することも問題となっている。この問題に対して、我々はナノポアシーケンサーを用いたリアルタイム解析システムを開発することで検査フローの改善を行った。ナノポアシーケンサーにより、菌種同定・薬剤耐性ともに高精度で達成することができている。



演者：大阪公立大学大学院医学研究科 細菌学 坪内 泰志

演題：Nanopore シーケンサーを用いた深海・海洋性放線菌ゲノム解析

講演要旨：薬剤耐性菌 (AMR) の出現により、臨床現場では既存治療薬が効かない感染症が世界規模での深刻な問題となっている。将来的なAMR問題に対応すべく、弊学医学部では感染症科学研究センターを立ち上げ、研究を進めている。その一環として我々は現在、海洋微生物、とりわけ有用天然化合物 (抗菌剤、抗ウイルス剤、抗腫瘍物質等) の生産性が高いことで知られる放線菌群に着目して、その菌株ライブラリーの構築を進めると共に、Nanopore シーケンサーを用いて、未同定深海・海洋性放線菌の完全長ゲノム配列決定を精力的に行っている。本セミナー講演では、未同定深海・海洋性放線菌が紡ぎ出す有用天然化合物のゲノム科学的視点に基づいた特性解析の進捗と併せて、採用している解析フローを紹介する。

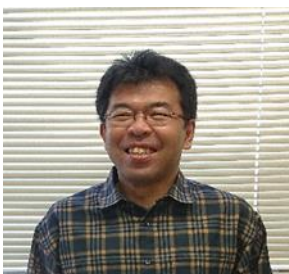
ナノポアセミナー in OSAKA



演者：広島大学 大学院統合生命科学研究科 ゲノム情報科学研究室 田村 啓太

演題：Nanopore初心者による *de novo* ゲノム解読体験記 ～青のり、読んでみた～

講演要旨：NanoporeシーケンサーMinIONを用いてゲノム解読を1から行ってみようと、昨年末に初めてNanoporeに触った演者が中心となり、サンプリングからアセンブリまで一通りのステップを実行した際の体験記をお伝えします。研究材料に用いた青のり（スジアオノリ）は、ゲノムサイズが100 Mbほどと陸上植物全般と比較すると小さいサイズで、1枚のR9.4.1フローセルを2回使って十分なカバレッジのリードを取得できました。ゲノムアセンブリには、複数のロングリードアセンブラを検討し、N50やBUSCOといった指標を用いた評価により、NECATアセンブラを採用しました。アセンブラのパラメーター設定もアセンブリの指標に大きな影響を与えたので、その検討過程についても紹介します。



演者：（独）国立病院機構名古屋医療センター 臨床研究センター 感染・免疫研究部 大出 裕高

演題：ナノポアシーケンスを活用したHIV-1のゲノム組換え体の解析

講演要旨：HIV-1は、約10kbのRNAをゲノムとする、易変異性かつ持続感染性のウイルスである。そのため、世界中で多様な遺伝系統のゲノム配列をもつHIV-1バリエーションが検出されている。また、新たな異種遺伝系統間の組換え体も検出され続けており、その種類は年々増加している。これまで、異種遺伝系統間の組換え体の検出には、重複感染の事例と区別するため、限界希釈法などにより分離した単ウイルスゲノムを解析する方法が用いられてきた。しかし、この従来法には、時間的にも作業的にもコストがかかる欠点があった。そこで、我々は、ナノポアシーケンスを活用し、単ゲノムの分離を行わずにRT-PCRで増幅したウイルスゲノムのアンプリコンを配列解析することで、簡便にHIV-1の異種遺伝系統間組換え体と重複感染した異種遺伝系統ウイルスを区別して検出する方法を開発した。