

鹿児島大学大学院連合農学研究科

教員 各位

平成27年度連合農学研究科先進的研究推進事業において採択された課題「九州・沖縄が世界に誇る遺伝資源のゲノム・トランスクリプトーム解析」代表者の佐賀大学総合分析実験センターの永野幸生と申します。

本課題におきましては、連合農学研究科構成大学の研究者が九州・沖縄地区の優れた遺伝資源を多数保有しているも関わらず、最先端の分析機器である次世代シーケンサーを用いてゲノム及びトランスクリプトームの解析が行われていないことを、掲げています。そこで、連合農学研究科の活性化のために、以下のことを計画しました。

- 1) あらかじめ定めた研究分担者による上記研究の実施
- 2) 研究者のゲノムリテラシー向上のための講習会の開催
- 3) 優れた遺伝資源を有する研究者の掘り起こし（次世代シーケンサーを活用してみたい研究者を募集し、経費の一部を提供する）

このうち、2)と3)については、研究分担者以外も対象となることから、先生方にメールを差し上げる次第です。

まず、2)につきましては、本年度、佐賀大学において既に実施した実習コース「次世代シーケンサーで得られたデータの解析の実践」を改良したものを、鹿児島大学と琉球大学で開催します。ノートパソコン（64ビット）を持参していただき、次世代シーケンサーで得られたデータの解析を体験して頂きます。対象は、連合農学研究科の学生や教員となります。日程は、

10/31（土）-11/1（日）、鹿児島大学（世話人：山本雅史）

11/28（土）-11/29（日）、琉球大学（世話人：平良東紀）

です。各日とも1-5限目、計10限の開催となります。受講希望者の方は、10/23（金）までに佐賀大学の永野幸生（nagano@cc.saga-u.ac.jp）までご連絡ください。場所や準備事項については、追って、受講者に連絡いたします。

次に3)については、これからゲノム・トランスクリプトーム解析を実施したい方を主な対象として、以下の研究を募ります。

①RNA-seq

これまでゲノム・トランスクリプトーム解析が行われていなかった生物を対象として、新たにトランスクリプトームを決める研究を対象とします。トランスクリプトームを知ることで、その後の様々な研究に役立てることを目的とします。発現の差異を調べる研究は対象外です。各研究者に RNA を準備して頂くことになります。

②RAD-seq

ゲノムの 1% くらいを決定して、連鎖解析や集団構造の解析を行う研究手法です。今後、この手法で連鎖解析等が実施可能かどうかを検証するパイロット実験の実施を目的とします。これもあまり解析が進んでいない生物を対象とします。各研究者に多検体の DNA を準備して頂くことになります。

これらにつきましては、行いたい研究の概要を説明した文書（A4 一枚以内）を、10/31（土）までに佐賀大学の永野幸生（nagano@cc.saga-u.ac.jp）までお送りください。できる限り多くの方に、新しい研究手法を試していただけるように調整しますが、希望に添えない場合や、規模の縮小をお願いする場合があります。既に解析が進んでいる遺伝資源を用いた研究や、大規模な研究は、対象にならない可能性があります。どれを実施するかについては、あらかじめ定めた研究分担者と相談して、判断することになります。

以上、質問等がございましたら、

永野（nagano@cc.saga-u.ac.jp 0952-28-8898）までご連絡ください。

佐賀大学総合分析実験センター

永野幸生