

【研究テーマ】

□ **次世代シーケンサーを用いた解析の支援と受託サービスのご紹介**

キーワード：ゲノム解析、トランスクリプトーム解析、メタゲノム解析、バイオインフォマティクス

プロジェクトの概要

- ・ 静岡共同利用機器センター ゲノム機能解析部では、生物のゲノムを構成するDNAの配列情報と遺伝子の機能を解析するための先端機器を始めとする多数の共同利用機器を管理・運営しています。特に近年の高速かつ大規模なゲノム解析技術の中核となる機器である次世代シーケンサー MiSeq (Illumina社製)等を活用して、最先端のゲノム研究を推進しています。
- ・ 次世代シーケンサーはゲノム解析だけでなく、個々の遺伝子に由来するmRNAの発現状況をモニタリングするトランスクリプトーム解析や、特定環境に存在する生物集団の構成比の概要を明らかにするメタゲノム解析などにも応用可能な機器なので様々な用途に利用できます。
- ・ 我々は学内向けゲノム研究支援だけでなく、学外からの受託解析にも積極的に取り組んでおり、駿河湾の深海魚の腸内細菌叢に関する共同研究や、静岡県内の土壌から単離された有用細菌のゲノム解析など、多数の実績を上げています。産学官からの要望に対してこれまで以上に積極的に応えていきたいと考えておりますので、まずはお気軽にご相談ください。
- ・ 当受託解析サービスのご利用手順につきましては以下のURLもしくはQRコードよりご参照ください。
https://www.shizuoka.ac.jp/idenshi/NGS_gaibu_Top.html



社会連携へ向けたアピールポイント

新規に得られた有用な生物のゲノム情報を解読することで、ブランド化して付加価値を高めたり、より幅広い利用者の拡大が見込めたり、特許化して産業防衛したり、あるいはさらなる学術的研究を進展させたりすることが容易になります。特に、伝統的な発酵・醸造産業などでは次世代シーケンス技術は既に広く深く浸透しています。また食品衛生管理などの面でも、当該環境からの悪玉菌などの検出などにも貢献可能です。皆様のご利用や共同研究のご提案をお待ちしております。

- ・ 幅広い解析技法や解析プログラムに対応可能です。
- ・ サンプル処理からデータ解析・公共データベースへのデータ登録まで、共同研究のご依頼内容に応じて様々なサービスをサポート可能です。
- ・ 特に微生物分野においては複数の専門スタッフが細かなご相談にも対応可能です。
- ・ 当部門がカバーしていない研究分野のご相談においては、ご要望に応じて本学内の近い分野の教員をご紹介可能です。お気軽にご相談ください。

プロジェクトリーダー



兼崎 友

静岡共同利用機器センター
ゲノム機能解析部
特任助教

プロジェクトメンバー

- ・ 道羅 英夫 静岡共同利用機器センター ゲノム機能解析部 教授
- ・ 森内 良太 静岡共同利用機器センター ゲノム機能解析部 技術専門職員
- ・ 廣川 千春 静岡共同利用機器センター ゲノム機能解析部 事務職員

相談に応じられる関連分野

- ・ 次世代シーケンサーを用いた解析いろいろ
- ・ 微生物学
- ・ 生物情報科学の有用研究ツール等

