

日本生物工学会 **サステイナブル工学研究部会**（2017年度設立）は、2018年3月8日に16Sメタゲノム解析に関する技術セミナー（MiSeqシーケンスデータの処理を中心）を開催します。

MiSeqなどの次世代シーケンサーによる16Sメタゲノム解析は複合微生物を活用したバイオプロセスや環境・生態などの細菌群集構造の決定には欠かせない技術として急速に普及しています。一方、バイオインフォマティクスを専門外とする実験研究者にとっては、メガシーケンスデータのプロセッシング技術の習得が障壁となっている場合もあります。

そこで今回は、中山二郎先生（九州大学）を講師にお招きして、MiSeqで得られた16Sメタゲノムデータの解析に関する技術セミナーを開催します。中山先生は世界中のヒトの腸内細菌群集構造に関する研究で多数の優れた論文を発表（Nakayama et al., Sci Rep, 5, #8397, 2015など）されています。また、現在の技術の課題についてもディスカッションする予定です。これから16Sメタゲノム解析を行う予定の未経験者の方も経験者の方もご参加ください。

講師	中山 二郎（九州大学大学院農学研究院）
セミナー内容	MiSeqによる16Sメタゲノム解析データのプロセッシング
日時	2018年3月8日（木） 13:00～17:00（予定）
会場	九州大学農学部5号館211教室 ⇒ アクセス ⇒ キャンパスマップ  (マップ中の番号68が農学部5号館で、211号室は2階です。)
企画代表者	サステイナブル工学研究部会 部会長 九州大学農学研究院 酒井謙二（）
問合せ 申込先	サステイナブル工学研究部会 幹事 同上 田代幸寛（）
その他	ノートPC（OS: WindowsでもMacでも可）を持参ください。

[▶サステイナブル工学研究部会Topへ](#)