

# 第 10 回 Synergy セミナー(最終)

## 第 13 回総合分析実験センターセミナー

下記の通り、第 10 回 Synergy セミナー(最終)、第 13 回総合分析実験センターセミナーを開催いたします。佐賀大学は、先端研究基盤共用促進事業(新たな共用システム導入支援プログラム)に採択され、研究基盤共用促進チーム(チーム シナジー)を学内に立ち上げました。このチームシナジーが、平成 30 年から今年度末まで研究基盤共用に関わる活動を行って参りました。本事業の一環として行ってきたのが、この Synergy セミナーです。事業終了にあたり、本事業を現場で率いてきた永野自身が、自ら行った研究・研究支援についてのセミナーを行います。

記

演 題： ゲノム科学で何が出来るか?  
日 時： 2021 年 3 月 31 日(水) 14:00～  
講 師： 永野幸生(チーム シナジー、総合分析実験センター)  
開催方式： Webex



申込方法： <https://bit.ly/2QcC4ND> または右記 QR コードより

申込〆切： 2021 年 3 月 30 日(火) 17:00



要旨： 私は、ゲノム科学を始めてから 10 年に満たない、この分野ではまだ若手の研究者です(๑)。しかし、下記のようにいくつか論文を発表することができましたので、その内容をざっくり説明し、佐賀大学の研究環境において「ゲノム科学で何が出来るか?」を紹介します。また、私自身のゲノム配列を私費で解析しましたので、その結果も紹介します。

1. Penjor, T., Mimura, T., Matsumoto, R., Yamamoto, M., & Nagano, Y. (2014). Characterization of limes (*Citrus aurantifolia*) grown in Bhutan and Indonesia using high-throughput sequencing. *Scientific reports*, 4, 4853.
2. Kanda, K., Nakashima, K., & Nagano, Y. (2015). Complete genome sequence of *Bacillus thuringiensis* serovar tolworthi strain Pasteur Institute Standard. *Genome announcements*, 3(4), e00710-15.
3. Penjor, T., Mimura, T., Kotoda, N., Matsumoto, R., Nagano, A. J., Honjo, M. N., ... & Nagano, Y. (2016). RAD-Seq analysis of typical and minor *Citrus* accessions, including Bhutanese varieties. *Breeding science*, 66(5), 797-807.
4. Iizasa, S., Iizasa, E. I., Watanabe, K., & Nagano, Y. (2017). Transcriptome analysis reveals key roles of AtLBR-2 in LPS-induced defense responses in plants. *BMC genomics*, 18(1), 995.
5. Nagano, Y., Mimura, T., Kotoda, N., Matsumoto, R., Nagano, A. J., Honjo, M. N., ... & Yamamoto, M. (2018). Phylogenetic relationships of Aurantioideae (Rutaceae) based on RAD-Seq. *Tree genetics & genomes*, 14(1), 6.
6. Fukuda, S., Nagano, Y., Matsuguma, K., Ishimoto, K., Hiehata, N., Nagano, A. J., ... & Yamamoto, T. (2019). Construction of a high-density linkage map for bronze loquat using RAD-Seq. *Scientia Horticulturae*, 251, 59-64.
7. Kato, D. I., Suzuki, H., Tsuruta, A., Maeda, J., Hayashi, Y., Arima, K., ... & Nagano, Y. (2020). Evaluation of the population structure and phylogeography of the Japanese Genji firefly, *Luciola cruciata*, at the nuclear DNA level using RAD-Seq analysis. *Scientific reports*, 10, 1533.
8. Nagano, Y., Kimura, K., Kobayashi, G., & Kawamura, Y. (2020). Genomic diversity of 39 samples of *Pyropia* species grown in Japan. *bioRxiv*.
9. Noda, T., Daiou, K., Mihara, T., & Nagano, Y. (2020). Development of Indel markers for the selection of Satsuma mandarin (*Citrus unshiu* Marc.) hybrids that can be used for low-cost genotyping with agarose gels. *Euphytica*, 216(7), 1-13.
10. Orita, R., Nagano, Y., Kawamura, Y., Kimura, K., & Kobayashi, G. (2020). Genetic diversity and population structure of razor clam *Sinonovacula constricta* in Ariake Bay, Japan, revealed using RAD-Seq SNP markers. *bioRxiv*.
11. Tashiro, H., Nagano, Y., Jiomaru, A., Sakaguchi, R., Hiehata, N., & Fukuda, S. (2021). Draft Genome Sequences of Three Strains of *Pseudomonas syringae* pv. eribotryae, a Pathogen Causing Canker Disease in Loquat, Isolated in Japan. *Microbiology Resource Announcements*, 10(1), e01049-20.
12. Premarathne, M. D. G. P., Fukutome, N., Yamasaki, K., Hayakawa, F., Nagano, A. J., Mizuno, H., ... & Nagano, Y. (2021). Elucidation of Japanese pepper (*Zanthoxylum piperitum* De Candolle) domestication using RAD-Seq. *Scientific reports*, 11, 6464.

※本セミナーは総合分析実験センターの FD・SD セミナーとしても扱われます。

問い合わせ: 永野幸生 0952-28-8898