

一般シンポジウムS2 「全ゲノム情報で紐解く非モデル生物研究」

時間 10:00-12:00

会場：コンベンションホールB

提案者：川口也和子・岡村悠・佐藤愛莉

シンポジウムの趣旨：

モデル生物とは異なり非モデル生物では、進化学研究を行なう上でサンプリングや実験手法の調節など様々な場面において障壁が存在する。近年の次世代シーケンス技術の向上により、非モデル生物でもゲノム情報には比較的容易にアクセスできるようになったが、その活用過程には未だ課題も多い。本シンポジウムでは、非モデル生物を用いて進化学研究を行っている若手研究者をお呼びし、全ゲノム情報を用いた研究の展開について議論したい。

講演者と発表タイトル

10:00-10:05 趣旨説明

10:05-10:30 岡村悠（東大）

非モデル昆虫における全ゲノムシーケンスの実際

10:30-10:55 川口也和子（千葉大）、土金勇樹（東大）、田中啓介（東農大）、太治輝昭（東農大）、豊田敦（遺伝研）、西山智明（金沢大学）、関本 弘之（日本女子大学）、土松隆志（東大）

ヒメミカヅキモにおけるコピー数変異がもたらした顕著なゲノムサイズ多型と遺伝子発現への影響

10:55-11:20 中村遥奈（総研大）、相原光人（東工大）、二階堂雅人（東工大）

全ゲノム解析から迫るヴィクトリア湖シクリッドの進化

11:20-11:45 若宮健（都立大）、田村桃歌（東北大）、丸山真一郎（東北大）、岡田泰和（都立大）、河田雅圭（東北大）

ニホンミツバチのゲノム多様性および関連する表現型形質の探索

11:45-12:00 総合討論