

一般シンポジウムS9 「マルチプルアラインメントの進化～MAFFT発表から20年を経て～」

時間 13:00-15:00

会場：301会議室

提案者：三澤計治(横浜市大)

シンポジウムの趣旨

DNAならびにアミノ酸配列のマルチプルアラインメントは、ゲノムや遺伝子の進化を研究する際の最初のステップとなる。DNA配列決定技術の進展と、それに伴う配列情報データベースの拡大により、マルチプルアラインメントの高速化がますます必要になっている。高速なアラインメント手法として、2002年にMAFFTが発表された。MAFFTはその後も技術革新を続け、次々と新しいバージョンが開発されている。本シンポジウムは、MAFFTの20年間の発展を中心テーマとし、最新のマルチプルアラインメント手法の進展を取り上げる。本シンポジウムを通じて、今後のマルチプルアラインメント手法が進む方向への議論を深めたい。

講演者と発表タイトル

13:00-13:30 Kazuharu Misawa (Yokohama City University)

MAFFT on python

13:30-14:00 Shigehiro Kuraku^{1,2}, John Rozewicki¹, Mitsutaka Kadota¹, Osamu Nishimura¹ (1RIKEN BDR & 2NIG)

Fostering Users' Literacy with Genome-wide Sequence Analysis Tools – Why Does a Core Facility Run Web Servers?

14:00-14:30 Maria Anisimova (Institute of Applied Simulation, School of Life Sciences and Facility Management, Zurich University of Applied Sciences and Swiss Institute of Bioinformatics)

Phylogenetics with indels

14:30-15:00 Kazutaka Katoh (Osaka University)

Off-plan use of technology