

新しいシーケンス技術と メタゲノム解析のインパクト

Current topics in **metagenomics** and
new **sequence technologies**

5月28日(水) 13:00-17:40

May 28, 2008 13:00-17:40

東京大学農学部・弥生講堂 一条ホール

The University of Tokyo, Yayoi Auditorium Ichijo Hall

参加費 **無料**

事前登録をお願いします(会場定員: 250名)。
Eメールにて、件名に「シンポジウム参加申込」
とご明記の上、所属・氏名をご連絡ください
(genome-sympo@aeplan.co.jp)。
たくさんのご参加をお待ちしております。

メタゲノム解析手法の導入と新世代DNAシーケンサーの登場により、ゲノム研究の世界では今、新しい展開が始まりつつあります。メタゲノム解析は、難培養微生物が多数含まれる微生物集団の機能や動態を本格的に解析するための新しい手段になると期待され、新世代DNAシーケンサーの出現はスピードとコストの両面において、ゲノム配列解析の効率を飛躍的に高めました。また、新世代DNAシーケンサーはDNAマイクロアレイなどにとって替わりうる新しい研究ツールとしても期待されます。こうした技術的進歩も背景に、1000人のヒトゲノム配列を解読しようとするプロジェクトや、ヒト常在菌1000種のゲノム配列とそのヒト体内の動態を明らかにしようという大規模なプロジェクトがEUおよび米国で始まりました。中国でも、こうしたEUや米国のプロジェクトと連携したゲノム解析が計画されています。このような世界のゲノム研究の新たな展開とそのインパクトを、微生物を中心に紹介し、我が国における課題を考えていくためのシンポジウムを、EUのメタゲノムプロジェクトの代表者や英国・中国のシーケンスセンターの中心的研究者も招待して、緊急に企画しました。多くの方々の参加をお待ちしています。

オーガナイザー: 林 哲也・小笠原 直毅

プログラム

13:00-13:10 Opening Remarks

林 哲也 (宮崎大学)

13:10-13:50 MetaHIT, the European project on the metagenomics of the human intestinal tract
MetaHIT, ヒト腸内細菌叢のメタゲノム解析を目指すEUプロジェクト

S. Dusko Ehrlich (French National Institute for Agricultural Research)

13:50-14:30 Exploration of deep subsurface environment by metagenomic analysis
地下深部環境をメタゲノム解析から探る

高見 英人 (海洋研究開発機構)

14:30-15:10 Application of new technologies for bacterial genome sequencing
新シーケンス技術による細菌のゲノム配列決定

Stephen Bentley (Wellcome Trust Sanger Institute)

15:10-15:30 休憩

15:30-16:10 Transcriptome and New sequencers.

新しいシーケンス技術とトランスクリプトーム

菅野 純夫 (東京大学)

16:10-16:50 Sequencing, sequencing and sequencing...

シーケンス、シーケンスー (北京ゲノムセンターのアクティビティ)

Jun Wang (Beijing Genomics Institute)

16:50-17:30 Massive sequencing and bioinformatics challenges

テラシーケンス時代のバイオインフォマティクス

黒川 顕 (東京工業大学)

17:30-17:40 Concluding Remarks

小笠原 直毅 (奈良先端科学技術大学院大学)

主催 文部科学省特定領域研究「ゲノム研究」 (<https://www.genome-sci.jp/>)

後援 日本ゲノム微生物学会 (<http://www.sgmj.org/>)

お問合せ 国際シンポジウム事務局 ((株) エー・イー企画 大阪オフィス 内)

〒532-0003 大阪市淀川区宮原4-4-63 新大阪千代田ビル別館9階 Tel: 06-6350-7162 / Fax: 06-6350-7164 / E-mail: genome-sympo@aeplan.co.jp