

第4回植物インフォマティクス研究会・年会プログラム (2021/10/4)

時間	項目	演題情報
9:00-9:10	開会挨拶	赤木 剛士 (岡山大学)
9:10-10:05	基調講演 1	イネシストローム：遺伝子発現デザインに向けた基盤整備 川勝 泰二 (農研機構)
10:05-11:00	基調講演 2	育種集団を解析すること ～ビッグデータとは無縁の世界の遺伝学～ 山本 英司 (明治大学)
11:00-11:55	基調講演 3	フィールドフェノタイピングのための画像解析技術 郭 威 (東京大学)
12:00-13:00		昼休憩 (60分) : ランチタイムセミナー「Have you tried AlphaFold2?」 12:30～
13:00-13:10	一般講演 1	キク属モデル系統Gojo-0の高精度全ゲノム配列決定 中野 道治1, 平川 英樹2, 深井 英吾3, 豊田 敦4, 伊藤 武彦5, 白澤 健太2, 磯部 祥子2, 小塚 俊明1, 谷口 研至1, 草場 信1 (1. 広島大院・統合生命, 2. かずさDNA研, 3. 新潟大・農, 4. 遺伝研, 5. 東工大・ 生命理工)
13:10-13:20		トマトの遺伝子機能に関する知識情報の網羅的集積と活用 平田 玖瑠美1, 菅野 真麻1, 坪子-石井 理美1, 孔 嬖禾1, 杉本 貢一2, 有泉 亨2, 青木 考3, 久保 康隆 4, 江面 浩2, 山本 英司1, 矢野 健太郎1 (1. 明治大・農, 2. 筑波大・生命環境系, 3. 大阪府大・生命環 境, 4. 岡山大院・環境生命科学)
13:20-13:30		ナノポアシーケンサーを用いた植物のde novo assemblyゲノム解読 西山 典秀1, 内藤 健2, 井澤 毅1 (1. 東大院・農学生命科学, 2. 農研機構・遺伝資源センター)
13:30-13:40		Brassica napus に対するBrassica rapa 戻し交雑第1世代が有するゲノム構造の解析 花野 哲幸, 瀬川 天太, 西川 みなみ, 高木 宏樹 (石川県立大・農)
13:40-13:50		倍数体用GWAS法を利用したサツマイモネコブセンチュウ抵抗性を制御する遺伝子座の解析 栗原 未結1, 小島 望美2, 田淵 宏朗3, 白澤 健太4, 門田 有希2 (1. 岡山大・農, 2. 岡山大・院環境生命 科学, 3. 農研機構・九沖農研, 4. かずさDNA研)
13:50-14:00		NGSを利用したダイズ根粒菌種を推定するためのワークフロー設計 阪口 航輔, 吉川 貴徳, 寺石 政義 (京都大・農)
14:00-14:15		
14:15-14:25	一般講演 2	重複遺伝子の機能分化を推測するモデル開発 花田 耕介, 江副 晃洋, 白井 一正 (九州工大・情報工・生命化学)
14:25-14:35		植物のDNAメチル化に対するSelective sweepの検出 白井 一正1, 佐藤 光彦2, 仁志 蘭子3, 関 真秀4, 鈴木 穰4, 花田 耕介1 (1. 九工大・情工, 2. 東北大・ 農, 3. 理研・CSRS, 4. 東大・新領域)
14:35-14:45		集団遺伝学を用いたギニアヤムの雑種起原解明 杉原 優1,2, 夏目 俊2, 阿部 陽2, 清水 元樹2, 印南 秀樹3, 寺内 良平1,2 (1. 京都大, 2. 岩手生工研, 3. 総研大)
14:45-14:55		異なる形態型のアーバスキュラー菌根を形成する植物間の共生制御メカニズムの保存性と多様性 富永 貴哉1, 澄川 柚香2, 広瀬 幸音2, 山口 勝司3, 重信 秀治3, 峯 彰4,5, 上中 弘典2 (1. 鳥取大・連 農, 2. 鳥取大・農, 3. 基生研, 4. 京都大・院農, 5. JSTさきがけ)
14:55-15:05		深層学習によるキウイフルーツ果実における成熟応答cis-decoding 栗田 恵理子1, 竹下 孔喜2, 内田 誠一2, 赤木 剛士1 (1. 岡山大院・環境生命科学研究所, 2. 九州大 院・システム情報科学研究院)
15:05-15:15		植物病原性糸状菌に存在するCD染色体の進化的起源の解明 大石 好則1, 播本 佳明2, 八田 理恵子2, 新城 明久2, 張 裕介2, 間瀬 千晶2, 原 歩美2, 川瀬 めぐみ 2, 近藤 日佳理2, 後藤 千保2, 宮川 泰輝2, 鈴木 侑美2, 森 汐理2, 赤木 靖典3, 児玉 基一朗3, 秋光 和也4, 山本 幹博5, 柘植 尚志2,6, 花田 耕介1 (1. 九州工業大, 2. 名古屋大, 3. 鳥取大, 4. 香川大, 5. 岡山大, 6. 現中部大)

15:15-15:30	休憩 (15分)	
15:30-15:40	一般講演 3	ナス目植物のトランスクリプトーム比較から見えてきた植物の接木の科学 黒谷 賢一1, Chaokun Huang1, 岡安 浩二2, 鈴木 孝征3, 野田口 理孝1,2,4 (1. 名古屋大・生物センター, 2. 名古屋大・院・生命農, 3. 中部大・院・応用生物, 4. 名古屋大・ITbM)
15:40-15:50		植物における非コード転写のメカニズムとはたらき 都筑 正行1,2, Shriya Sethuraman2, Adriana N. Coke2, M. Hafiz Rothi2, Alan P. Boyle2, Andrzej T. Wierzbicki2 (1. 東京大・総合文化, 2. ミシガン大・MCDB)
15:50-16:00		イネRIL集団を用いたG×GおよびG×E相互作用の検出 堺 俊之1, 阿部 陽2, 寺内 良平1,2 (1. 京都大・農, 2. 岩手生物工学研究センター)
16:00-16:10		イネ受精卵の最初期発生過程における遺伝子発現プロファイルの解析 戸田 絵梨香1,2, 越水 静3, 木下 温子1, 東山 哲也2, 矢野 健太郎3, 岡本 龍史1 (1. 都立大・理・生命科学, 2. 東大・理・生命科学, 3. 明治大・農)
16:10-16:20		アサガオの午後開花性の原因遺伝子の同定に向けた試み 前田 菜名1, 小野 公代1, 本山 星香1, 中村 信雄2, 仁田坂 英二3, 白澤 健太4, 小野 道之1 (1. 筑波大・生, 2. 函館白百合学園, 3. 九州大・理, 4. かずさDNA研)
16:20-16:30		水田雑草ヒメタヌビエにおける除草剤抵抗性機構の解析 関口 麻人1, 石坂 眞澄2, 秋本 千春2, 富永 達1, 黒川 俊二1, 内野 彰2, 岩上 哲史1 (1. 京都大, 2. 農研機構)
16:30-16:40		イネjuvenile-adult生育相転換を制御するQTLが幼苗のトランスクリプトーム変動に及ぼす影響の解析 渡部 太緒1, 登 直也2, 石井 洋人2, 仁科 友希2, 吉川 貴徳1 (1. 京大院・農, 2. 吉備国際大・農)
16:40-16:55		休憩 (15分)
16:55-17:05	一般講演 4	物体検出手法を用いた画像からの水稻の計数情報の推定 建本 聡1, 原田 陽子1, 安測 潤一1, 後藤 良介2, 眞鍋 厚2 (1. 徳島農総セ・農産園芸研究課, 2. スタンスシステム (株))
17:05-17:15		果樹の整枝・剪定技術の開発に向けた3次元点群構築及び解析方法の検討 西村 遼太郎 (農研機構果茶研)
17:15-17:25		果実画像背景の処理によるレイシ果実画像判別モデルの精度向上 大迫 祐太郎1, 山根 久代2, 田尾 龍太郎2 (1. 信州大学・農学部, 2. 京都大学大学院農学研究科)
17:25-17:35		近接リモートセンシングと深層学習によるコムギのハイスループットフェノタイピング 黒木 健1,2,3, ヤン カイ4, 吉岡 俊輔1, 新田 みゆき1, 轟 紀魯1, ワン ハオジョウ3, 竹中 祥太郎5, 石井 昌範3, 岩田 洋佳3, 清水 健太郎6,7, 那須田 周平1, 郭 威3 (1. 京大・院農学, 2. 東大・院理, 3. 東大・院農学生命科学, 4. LabRomance株式会社, 5. 龍谷大・農, 6. 横浜市大・木原生研, 7. チューリッヒ大・進化生物環境学研)
17:35-17:45		UAVによるコムギNAM1060系統集団のハイスループットフェノタイピング 吉岡 俊輔1, 黒木 健1,3, 新田 みゆき1, 轟 紀魯1, 石井 昌範2, 竹中 祥太郎4, 清水 健太郎5,6, 岩田 洋佳2, 郭 威2, 那須田 周平1 (1. 京大院・農, 2. 東大・院農学生命科学, 3. 東大・院理, 4. 龍谷大・農, 5. 横浜市大・木原生研, 6. チューリッヒ大・進化生物環境学研)
17:45-17:50	休憩 (5分: 優秀発表賞選考)	
17:50-18:00	閉会挨拶	門田 有希 (岡山大学) 「優秀発表賞受賞者の発表・次期開催校紹介」