

育種の可能性を切り拓く

ーゲノム解析・データサイエンス技術を駆使してー

私たちが日々、口にしている農作物は、より美味しく、より作りやすくするために様々な品種改良が行われています。品種改良の方法には、自然に発生した有用系統の選抜、有用系統同士との交配による交雑育種や遺伝子組み換えなどがあります。現在、最も利用されているのは交雑育種で、性質の異なる系統同士を交配して、その中から目的の性質を持つものを選抜します。しかし、品種改良には非常に長い時間がかかり、新しい品種ができるまでに数年から十数年かかることもあります。一方、現在、生命の設計図である全DNA配列情報を解析する技術の開発が進み、品種改良の方法も大きく変わりつつあります。本講演では、品種改良の効率化のために開発されたDNAマーカーやゲノミックセレクションといった技術について紹介します。

【開催日時】2022年9月2日（金）15：00～17：00

【開催方法】ハイブリッド開催（Web+対面）

【申込方法】裏面をご覧ください。

【参加費】**無料**

開催の挨拶（15:00～15:10）

1 「品種改良のためのDNAマーカー開発」（15：10～16：05）

龍谷大学農学部 資源生物科学科 講師 滝澤 理仁

DNAマーカーは、ある特定領域のDNAの塩基配列の違いを識別することにより、品種や個体を識別できるゲノム上の目印です。DNAマーカーを利用することにより、ある目的とする性質を有する個体を選抜したり、品種の系統解析を行うことができます。本講演では、講演者が研究対象としている「単為結果性」という性質を例に、DNAマーカーの開発方法と品種育成での利用例について紹介します。

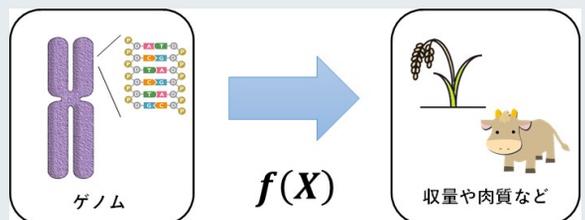


単為結果性トマト

2 「品種改良を加速するデータサイエンス」（16：05～17：00）

龍谷大学農学部 植物生命科学科 准教授 小野木 章雄

品種改良とは今より良いものを作るということ。そのためにはどれがいいか選ぶ必要があります。選択のためには栽培したり飼育したりする必要があります。しかし作物も家畜も生き物、実際に栽培・飼育するのは大変です。では栽培・飼育を「ゲノム情報からの予測」で置き換えることができれば・・・。本講演ではゲノム情報などのデータを使って品種改良を加速するデータサイエンス的アプローチについて、その理論や最先端の研究例、社会実装を紹介します。



統計学・機械学習で予測する

- 【注意事項】
- Webによるご参加には、事前のZoomアプリのダウンロードを推奨します。
 - 対面で参加される場合は、本学瀬田キャンパスRECホールへお越しください。
(先着20名限定)
 - 新型コロナウイルス感染拡大状況により、対面での開催が取り止めになる場合がありますことをご了承ください。
 - 本研究会では講演をリアルタイムで配信し、質疑応答の時間も設けます。
 - 締切日以降にメールにて受講用URL等をお送りいたしますので、メールに記載のURLから受講してください。
 - 本研究会では収録を行い、申込者には9月中旬頃から一定期間、見逃し配信する予定です。
 - 本研究会の講義資料および配信映像の録画、録音、撮影等複製ならびに二次加工は一切禁止しております。

【参加申込について】 申込締切日：2022年8月29日（月）

こちらのサイト（<https://event.rec.seta.ryukoku.ac.jp/biz-net-202202/>）からお申し込みください。

また、以下のマツトに必要な事項をご記入の上、E-mailもしくはFAXでもお申し込みできます。

E-mail：rec@ad.ryukoku.ac.jp FAX：077-543-7771（送付状不要）



テーマ	育種の可能性を切り拓くーゲノム解析・データサイエンス技術を駆使してー		
会社名			
所在地	(〒 -)		
TEL		E-mail	
所属		役職	
氏名		参加形式	オンライン・対面
所属		役職	
氏名		参加形式	オンライン・対面

※1組織で3名以上ご参加される場合、お手数ですが本用紙をコピーしてお申し込みください。

※記入いただきました個人情報、本学プライバシーポリシーに基づき、厳重に管理いたします。



龍谷大学

龍谷エクステンションセンター（REC）

〒520-2194 大津市瀬田大江町横谷1-5

TEL 077-543-7743 Fax 077-543-7771



交通機関でのアクセス

●JR琵琶湖線（東海道本線）「瀬田」駅下車

帝産バス「龍谷大学行き」乗車約8分

●名神瀬田東・西ICから文化ゾーン方面へ約10分