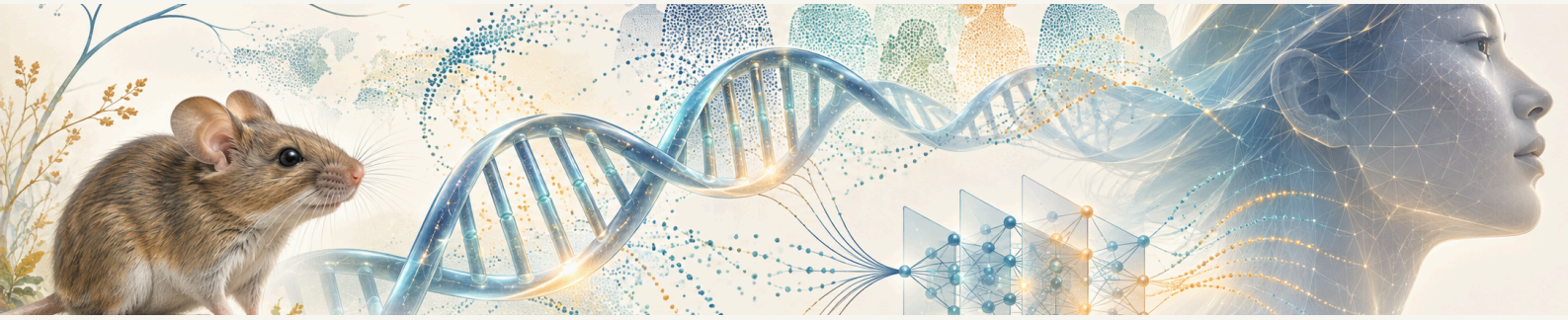
第27回日本動物遺伝育種学会大会 シンポジウム

共同セミナー 広島大学 大学院統合生命科学研究科 参加ラベル対象

集団ゲノム学的アプローチによる
複雑形質予測の最前線



2026.11.29 日曜日
10:00–13:10

広島大学 東広島キャンパス
生物生産学部　C201教室
座長：呉 佳齊 助教（広島大学）

プログラム（案） PROGRAM

10:00–10:05 **開会挨拶** 米澤 隆弘 教授（広島大学）

10:05–10:45 招待講演 1

長田 直樹 准教授　北海道大学 大学院情報科学研究院

ゲノムからみる日本列島ハツカネズミの進化と多様性

実験動物としても用いられているハツカネズミの、日本列島への移入・交雑・適応の歴史について、大規模なゲノム解析から明らかになったことを紹介します。

10:45–11:25 招待講演 2

木村 亮介 教授　琉球大学大学院医学研究科

集団ゲノム学によるヒト表現型多様性の理解

集団ゲノム学解析の手法は日進月歩で進んでいます。ヒトで行われている集団ゲノム学の実践的応用の事例を紹介しつつ、動物育種研究への応用について展望します。

11:25–11:35 休憩

11:35–12:15 招待講演 3

唐 鯤 教授　温州医科大学／宏境模因（上海）智能科技有限公司

Foundation Models for Multimodal Omics: Opportunities and Challenges

NHKスペシャルで鈴木亮平さんのDNAから顔立ちを予測。その研究を手がけた唐鯤教授が、自身の研究グループによるマルチモーダルAI基盤モデルの最近の進展と、遺伝子型から表現型の予測、疾患診断、創薬標的探索への応用を紹介します。

12:15–12:40 講演

呉 佳齊 助教　広島大学 大学院統合生命科学研究科

Genotype to Phenotype: Prediction, Evolution, and Diagnosis

多様な動物のゲノム比較を通じて、進化や適応に伴う遺伝的変化と表現型の関係を探り、動物育種に向けた形質の理解・予測から、疾患の理解や診断まで、比較ゲノム学の応用可能性についてお話しします。

12:40–13:10 **総合討論**

参加　学内どなたでも参加可・事前申込不要

お問い合わせ　呉 佳齊（広島大学）　wujiaqi@hiroshima-u.ac.jp