

第63回MNTC講演会

オンライン開催

東海大学医学部医学科
基礎医学系 講師

中川 草 先生



新型コロナウイルスSARS-CoV-2の ゲノム解析でわかること、わからないこと

2020年6月17日(水) 17:15～ (1時間程度)

オンライン(ZOOM)会議

<https://us02web.zoom.us/j/87307158360>

ミーティングID : 873 0715 8360

パスワード : 下記までお問い合わせください

URL先(ZOOMのサイト)で簡単な登録(サインイン)をすることで参加できます。

【講演要旨】 2019年12月に中国武漢で原因が不明の肺炎が報告された。まもなくその原因が未報告のコロナウイルスであると判明した。1月初旬には全ゲノム配列が解読され、DNA情報に関する公共データベースGenBank等で全世界に公開された。それは以前、重症急性呼吸器感染症(severe acute respiratory syndrome, SARS)の原因として報告されたコロナウイルス(SARS-CoV)と類似度が高かったため、SARS-CoV-2と名付けられた。そして2020年6月3日現在、SARS-CoV-2のゲノムは35,123配列がデータベースに公開されている。本講演では、そのようなゲノム配列を解析することから何がわかるのか、また、どのようなシーケンス技術がそのような迅速なゲノム配列の解析を可能にし、また、今後のSARS-CoV-2のゲノム配列の進化についてなどの話題について取り上げる。



問い合わせ先

東海大学マイクロ・ナノ研究開発センター

<http://www.mnc.u-tokai.ac.jp/>

TEL 0463-58-1211 (内線4790)

fs755837@tsc.u-tokai.ac.jp

藤原