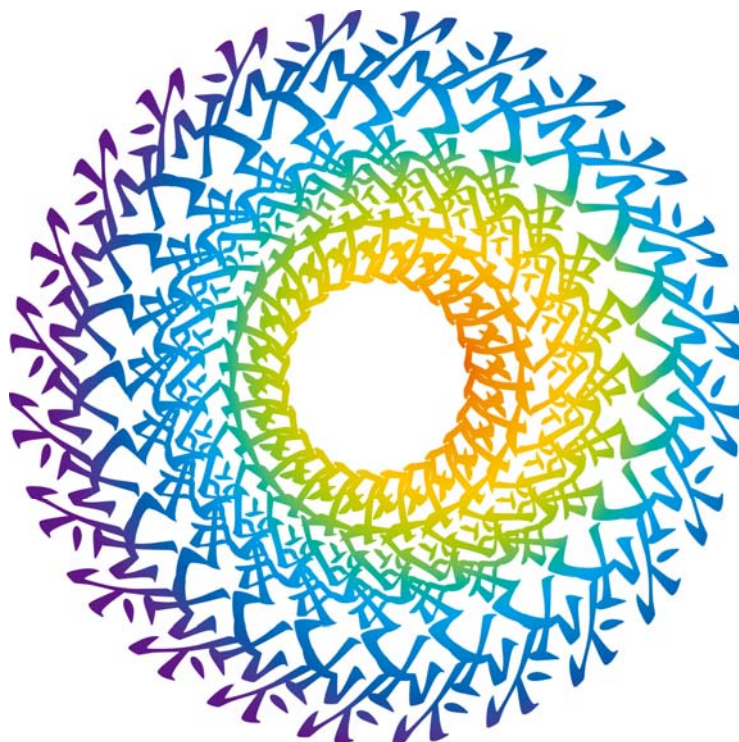


平成29年

1月25日
(水)



講義

16:50~18:35

場所

新領域基盤棟大講義室
(2C0)

Finding similarities, homologies, and rearrangements in huge bio-sequence datasets

Finding and aligning related sequences is arguably the most fundamental task in computational biology. It is used to: compare whole genome sequences, search DNA from unknown microbes against DNA or protein databases, analyze ancient DNA from mammoths or Neanderthals, etc.

This talk will describe a combination of algorithmic and statistical-modelling methods to achieve both speed and accuracy in aligning related sequences. It will focus on a method to find rearrangements, such as inversions and translocations. This method more-accurately aligns the orthologous regions of two whole genomes, and reveals what kinds of rearrangements have occurred in the human genome since our last common ancestor with chimpanzee.



Martin Frith
教授

地圏環境の長期変動と防災・減災

自然災害を防ぐには、過去の自然環境の長期変動を復元し、土地の生立ちを知ることが大切であることを、事例を通じて紹介します。



須貝 俊彦
教授

マルチフェロイクスにおける交差相関物性応答

強磁性・強誘電・強弾性といった強的秩序のうち、複数が共存している系のことをマルチフェロイクスと呼ぶ。こうした系では、しばしば複数の強的秩序の間に結合が生じており、結果として外部刺激(外場)に対して共役関係にない非自明な応答を生じる。これを交差相関物性応答と呼んでいる。本講義では、その一例として強磁性強誘電体における磁場による分極の制御や、電場による磁化の制御に関する研究について紹介する。



徳永 祐介
准教授

