ポスター1P

揭示期間 : 3月2日13:00-3月3日13:00

討論時間 : 奇数番号 3月2日 18:15-19:00

偶数番号 3月3日 12:15-13:00

≪ゲノムの構造と進化≫

★1P-01

黄色ブドウ球菌新規トキシン・アンチトキシンシステムの探索

- ○加藤文紀1)、井上正順2)
- 1) 広島大学大学院医歯薬保健学研究院(歯)、2) Rutgers university

★1P-02 (2St1-01)

全自動培養システムを用いた多種ストレス環境化における大腸菌進化ダイナミクスの解析

- 〇前田智也 $^{1)}$ 、堀之内貴明 $^{1)}$ 、阪田奈津枝 $^{1)}$ 、小谷葉月 $^{1)}$ 、酒井亜希 $^{1)}$ 、田邊久美 $^{1)}$ 、古澤力 $^{1)}$ $^{2)}$
- 1)特定国立研究開発法人 理化学研究所 生命システムセンター 多階層生命動態研究チーム、2)東京大学 理学部 物理学専攻

★1P-03 (1St1-01)

鉄硫黄クラスター生合成系の多様性:グラム陽性菌に見られるキメラ型生合成系の逆遺伝学的解析

- ○横山奈央1)、丸山ちひろ1)、野中ちひろ1)、葛山智久2)、朝井計1)、高橋康弘1)
- 1) 埼玉大学 理工学研究科 生命科学系、2) 東京大学 生物生産工学研究センター

★1P-04 (1O1-02)

シアノバクテリアにおける複数コピーゲノムのDNA複製制御機構

- ○大林 龍胆1)、中町愛2)、兼崎友3)、渡辺智2)、吉川博文2)、宮城島進也1)
- 1) 国立遺伝学研究所 細胞遺伝研究系 共生細胞進化部門、2) 東京農業大学 応用生物科学部 バイオサイエンス学科、3) 東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター

★1P-05 (1St1-02)

高度好塩菌Haloarcula 属 3株の完全ゲノム構造解析から原核生物における種分化を考える。

井原 邦夫1)、〇谷村要1)、峯岸宏明2)、越後輝敦3)

1) 名古屋大学 遺伝子実験施設、2) 東洋大学 工業技術研究所、3) 東洋大学 バイオ・ナノエレクトロニクス研究センター

1P-06

大腸菌dksA変異株でのプラスミド複製と安定分配の解析

久留主 泰朗、○中内瑛巴、大山 加奈絵

茨城大学農学部

★1P-07 (1O1-03)

アオコ原因シアノバクテリア Planktothrix agardhii NIES-204株の完全ゲノム解読

- ○志村遥平1)、藤澤貴智2)、広瀬侑3)、兼崎友4)、河地正伸1)
- 1) 国立環境研究所 生物・生態系環境研究センター、2) 国立遺伝学研究所 生命情報研究センター、3) 豊橋技術科学大学 環境・生命工学系、4) 東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター

1P-08

Lactococcus lactis subsp. cremoris FC 株のポリサッカライド合成遺伝子群の同定

- ○田中耕生¹)、Le Phuong Quynh²)、戸田登志也³)、小阪英樹³)、後藤弥生³)、尾﨑薫³)、石川周²)⁴)、竹中慎治²)、吉田健一²)⁴)
- 1) 神戸大学 先端融合研究環、2) 神戸大学 農学研究科、3) フジッコ株式会社、4) 科学技術イノベーション研究科

★1P-09 (1O1-04)

異なるattBを認識する新規ファージの構築

- ○鈴木祥太1)、鈴木颯2)、安部公博1)、佐藤勉1)2)
- 1) 法政大学 マイクロ・ナノテクノロジー研究センター、2) 法政大学 生命科学部 生命機能学科

★1P-10 (2St1-02)

Genomic Analysis of Carbazole Degrading Bacteria from Different Environments

- 〇ベハラノフェリペ $^{1)}$ 、チャクラボルティジョイディープ $^{1)}$ 、水口千穂 $^{1)}$ 、兼崎友 $^{2)}$ 、吉川博文 $^{2)}$ 、岡田憲典 $^{1)}$ 、野尻秀昭 $^{1)}$
- 1) 東大・生物工学セ、2) 東京農大・ゲノム解析セ

★1P-11 (1O1-05)

種内相互組み換えによって促進される鳥型結核菌の地域適応

- ○矢野大和1)、丸山史人2)、西内由紀子3)、中川一路2)、中島千絵4)、鈴木定彦4)、岩本朋忠5)
- 1) 筑波大学 生命環境系、2) 京都大学 医学研究科、3) 大阪市立大学 医学研究科、4) 北海道大学 人 獣共通感染症リサーチセンター、5) 神戸市環境保健研究所

★1P-12 (2St1-03)

大腸菌ゲノム縮小株の増殖に対する研究

- ○黒川真臣1)、瀬尾茂人2)、松田秀雄2)、應蓓文1)
- 1) 筑波大・生命環境、2) 阪大院・情報

★1P-13 (1St1-03)

栄養枯渇を長期間経験した大腸菌に対する解析

- ○日原奨希1)、瀬尾茂人2)、松田秀雄2)、小椋義俊3)、林哲也3)、應蓓文1)
- 1) 筑波大・生命環境、2) 阪大院・情報、3) 九大院・医

★1P-14 (1O1-06)

16S rRNA遺伝子の進化中立性の実験的証明

- ○野沢汎1)2)、宮崎健太郎1)2)
- 1) 東大院・新領域・メディカル情報生命、2) 産総研・生物プロセス

1P-15

皮膚常在細菌Propionibacterium acnesの全ゲノム比較解析

- 〇奥野未来 $^{1)}$ 、立花広太 $^{2)}$ 、吉村大 $^{1)}$ 、森田有貴 $^{1)}$ 、梶谷嶺 $^{1)}$ 、古俣麻希子 $^{2)}$ 、白髭克彦 $^{3)}$ 、森川あすか $^{2)}$ 、伊藤武彦 $^{1)}$
- 1) 東京工業大学 生命理工学院、2) TAK-Circulator 株式会社、3) 東京大学 分子細胞生物学研究所

1P-16

遺伝子の水平伝播とアミノ酸組成からみた微生物の南極環境への適応戦略の解明

- ○赤澤優1)、阿部貴志1)、仁木宏典2)、馬場知哉3)
- 1) 新潟大学工学部情報工学科、2) 国立遺伝学研究所、3) 情報・システム研究機構 データサイエンス

★1P-17 (1St1-04)

大腸菌16S rRNAのドメインレベルでの水平伝播

- ○星野里樹1)2)、宮崎健太郎1)2)
- 1)産業技術総合研究所、2)東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻

1P-18 (2St1-04)

繰り返し配列を介したゲノムシャッフリングによる好熱性シアノバクテリアのゲノム構造の進化

- ○前田海成1)、広瀬侑2)、藤澤貴智3)、兼崎友4)、吉川博文5)、池内昌彦1)
- 1) 東京大学大学院 総合文化研究科 生命、2) 豊橋技術科学大学 環境・生命工学系、3) 国立遺伝学研究 所、4) 東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター、5) 東京農業大学 応用生物科学部

1P-19

MITEの爆発的増幅とTreponema phagedenisのゲノム進化

- ○後藤恭宏1)、小椋義俊1)、大岡唯祐2)、矢野貴久3)、三澤尚明3)、林哲也1)
- 1) 九州大院・医・細菌、2) 鹿児島大院・医歯・微生物、3) 宮崎大・農・獣医・公衆衛生

★1P-20 (1O1-08)

ドメインレベルのオーソログ分類に基づく融合遺伝子の進化解析

○千葉啓和、内山 郁夫

基礎生物学研究所

大規模比較ゲノム解析による腸管出血性大腸菌の起源と出現プロセスの解明

中島遥子 $^{1),2}$ 、桐野有美 3 、宇野浩 $^{-4}$ 、佐藤寿夫 4 、佐藤光彦 1 、西田留梨子 $^{1),2}$ 、吉野修司 5 、大岡唯祐 6 、後藤恭宏 1 、谷沢靖洋 9 、中村 保 $^{-9}$ 、井口純 7 、石原朋子 8 、大西真 8 、林哲也 1 、 \bigcirc 小椋義俊 1

- 1) 九大院・医・細菌、2) 九大院・医・病態修復、3) 宮大・人獣、4) 日本微研、5) 宮崎衛環研・微生物、
- 6) 鹿大院・医・感染、7) 宮大・畜産草地、8) 感染研・細菌第一、9) 遺伝研・大量遺伝情報

≪真核微生物≫

★1P-22 (2St1-05)

真菌200株のgene content解析

- ○眞鍋理一郎1)、高島昌子2)、遠藤力也2)、大熊盛也2)
- 1) 理化学研究所ライフサイエンス技術基盤研究センター、2) 理化学研究所バイオリソースセンター

★1P-23 (1O1-10)

フェロモン/受容体の共進化の解明を目指した151株の分裂酵母の比較解析

○清家泰介、仁木 宏典

国立遺伝学研究所 系統生物研究センター 原核生物遺伝研究室

1P-24 (2St1-06)

Trichoderma reeseiにおける推定トランセプターCRT1のシグナル伝達機構

〇北原雪菜、吉澤 和将、谷口 大樹、古川 隆紀、志田 洋介、小笠原 渉 国立大学法人 長岡技術科学大学 生物機能工学課程

1P-25 (1St1-05)

Comprehensive Pathway Model (CPM)の構築とその利用

- ○町田雅之1)2)、竹田至1)2)、油谷幸代1)
- 1) 産業技術総合研究所、2) 東京農工大学

1P-26

ゲノムデータに基づくTrichosporonales目の系統解析

- ○高島昌子¹⁾、Sira Sriswasdi²⁾、西村祐貴¹⁾、眞鍋理一郎⁵⁾、杉田隆⁶⁾、遠藤力也¹⁾、岩崎渉^{2) 3) 4)}、大熊盛也¹⁾
- 1) 理化学研究所バイオリソースセンター、2) 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、3) 東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻、4) 東京大学大気海洋研究所、5) 理化学研究所ライフサイエンス技術基盤研究センター、6) 明治薬科大学大学院薬学研究科生命創薬科学専攻

1P-27

麹菌Aspergillus oryzaeの多重代謝改変による遊離脂肪酸の生産性向上

○玉野孝一、小池 英明、三浦 愛

国立研究開発法人産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門

≪病原微生物≫

1P-28

Nanopore sequencerを用いた Mycoplasma amphoriforme ゲノムの解析

- 〇佐々木裕子 $^{1)}$ 、鈴木仁人 $^{1)}$ 、矢原耕史 $^{1)}$ 、平林亜希 $^{1)}$ 、見理 剛 $^{1)}$ 、勝川千尋 $^{2)}$ 、水谷香代子 $^{2)}$ 、高橋和郎 $^{3)}$ 、柴山恵吾 $^{1)}$
- 1)国立感染症研究所 細菌第二部、2)大阪府立公衆衛生研究所 感染症部細菌課、3)国際医療福祉大学病院 検査部

1P-29

メタ16S解析による歯周炎新規細菌マーカーの探索

○谷口誠

谷口歯科医院 口腔常在微生物叢解析センター

≪環境微生物≫

1P-30

硫黄不均化細菌の比較ゲノム解析

○梅澤和寬、小島 久弥、福井 学 北海道大学 低温科学研究所 微生物生態学分野

★1P-31 (1O2-01)

雨水細菌叢の季節性変動解析から明らかにする大気中の微生物長距離移動

- 〇平岡聡史 1 、宮原雅也 1 、藤井和史 1 、町山麻子 2) 3 、岩崎涉 1) 2) 3)
- 1) 東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻、2) 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、3) 東京大学大気海洋研究所

★1P-32 (1O2-02)

コモンマーモセットの腸内細菌叢のメタゲノム解析

- ○林樹永1)、小湊みのり1)、長谷純崇1)、井上貴史2)、佐々木えりか2)、榊原康文1)
- 1) 慶應義塾大学理工学部、2) 実験動物中央研究所

★1P-33 (1O2-03)

大腸菌クローン集団内から生じる抗生物質ストレスに順応した小集団の性質

- ○梅谷実樹¹⁾²⁾、若本祐一¹⁾³⁾
- 1) 東京大学大学院 総合文化研究科、2) 理化学研究所 生命システム研究センター、3) 東京大学 生物普 遍性研究機構

★1P-34 (1O2-04)

Nitrospiraの亜硝酸酸化活性を制御するQuorum-sensing機構の発見

- ○牛木章友1)、藤谷拓嗣1)、諸星知広2)、常田聡1)
- 1)早稲田大学大学院先進理工学研究科、2)宇都宮大学大学院工学研究科

★1P-35 (1St1-06)

Anammox集積培養のメタゲノムから再構築した Armatimonadetes 細菌のゲノム解析

- ○針ヶ谷優生¹⁾³⁾、豊田敦²⁾、荒井渉³⁾、諏訪裕一¹⁾、髙見英人³⁾
- 1) 中央大学大学院 理工学研究科 生命科学専攻、2) 遺伝学研究所 生命情報研究センター、3) 海洋研究 開発機構 海底資源研究開発センター

★1P-36 (2St1-07)

親潮域における春季珪藻ブルームのメタトランスクリプトーム解析

- ○鈴木重勝1)、片岡剛文2)、渡辺剛3)、桑田晃3)、山口晴代1)、河地正伸1)
- 1) 国立環境研究所 生物・生態系環境研究センター、2) 福井県立大学 海洋生物資源学部、3) 東北区水 産研究所 生態系動態グループ

★1P-37 (1St1-07)

セルソーターによって分取された凝集体内の微生物間相互作用の解明

○石井拳人、藤谷 拓嗣、常田 聡

早稲田大学大学院先進理工学研究科生命医科学専攻

★1P-38 (1O2-07)

口腔マイクロバイオームにおけるIgA結合細菌の探索

〇影山伸哉、竹下 徹、朝川 美加李、柴田 幸江、松見 理恵、古田 美智子、竹内 研時、山下 喜久 九州大学大学院歯学府 口腔予防医学分野

★1P-39 (1O2-08)

好気性アンモニア酸化細菌による好気条件でのhybrid N2O生成経路の検討

- ○菅野麻子1)、岩本茉莉2)、久我ゆかり3)、諏訪裕一1)、勝山千恵3)
- 1)中央大学大学院 理工学研究科 生命科学専攻、2)中央大学 理工学部 生命科学科、3)広島大学大学院 総合科学研究科

★1P-40 (2St1-08)

土壌微生物叢の経年及び外部刺激による変化

- ○早川聖香¹⁾、加藤碧¹⁾、中村祐哉²⁾、森宙史³⁾、中島信孝²⁾、根塚千晶¹⁾
- 1)神奈川県立川崎工科高等学校、2)東工大・生命理工、3)遺伝研

★1P-41 (1St1-08)

抗生物質を産生する土壌微生物の検出

- ○伊藤匡志1)、新堀将也1)、山元奈緒2)、森宙史3)、中島信孝2)、根塚千晶1)
- 1)神奈川県立川崎工科高等学校、2)東工大・生命理工、3)遺伝研

1P-42

有機塩素系殺虫剤 γ -hexachlorocyclohexane分解コミュニティのメタゲノム解析

○加藤広海、大坪 嘉行、津田 雅孝、永田 裕二

東北大学 大学院生命科学研究科

Citrobacter属細菌のキトサン様バイオ凝集剤の生産機構

○武尾正弘¹⁾、木村和幸²⁾、柏雅美¹⁾、多田昇平¹⁾、井上卓弥¹⁾、宮本弘毅¹⁾、池本啓史¹⁾、根来誠司¹⁾ 1) 兵庫県立大学大学院 工学研究科、2) (株) 兵庫分析センター

★1P-44 (2St1-09)

環境バイオフィルム中の光応答するバクテリアの分離

○浅井崇宏、高橋 文雄、笠原 賢洋 立命館大学大学院 生命科学研究科

★1P-45 (1St1-09)

九州霧島地域の熱水環境における微生物群集構造と環境データとの関連性

- 〇西山依里 $^{1)}$ 、東光 $^{2)}$ 、森宙史 $^{2)}$ 、須田好 $^{3)}$ 、上野雄一郎 $^{3)}$ (4)、大森聡 $^{6)}$ 、丸山史人 $^{5)}$ 、丸山茂徳 $^{4)}$ 、太田啓之 $^{4)}$ 、布藤聡 $^{1)}$ 、本郷裕 $^{4)}$ 、黒川顕 $^{2)}$
- 1)株式会社ファスマック、2)国立遺伝学研究所、3)国立研究開発法人海洋研究開発機構、4)東京工業大学、5)京都大学、6)放送大学

1P-46

皮膚常在菌の付着がおにぎり表面の細菌叢に与える影響

- ○松本怜奈¹⁾²⁾、吉川実亜¹⁾⁴⁾、冨田勝¹⁾³⁾⁴⁾、福田真嗣¹⁾⁴⁾
- 1) 慶應義塾大学 先端生命科学研究所、2) 慶應義塾大学 総合政策学部、3) 慶應義塾大学 環境情報学部、4) 慶應義塾大学大学院 政策・メディア研究科

1P-47 (1St1-10)

酸性ストレス環境における*Synechocystis* sp. PCC6803のFoF1-ATPaseの機能解析

- ○上妻美菜1)、石川晴菜1)、船水健斗1)、松橋歩1)、甲賀栄貴1)、内山純爾2)、太田尚孝1)2)
- 1) 東京理科大学大学院 科学教育研究科 科学教育専攻、2) 東京理科大学 理学部第一部 教養学科

1P-48

環境常在細菌の低栄養環境適応に関する新規メカニズムの解明

- ○稲葉慎之介¹)、加藤広海¹)、大坪嘉行²)、津田雅孝²)、永田裕二¹)
- 1) 東北大学 大学院 生命科学研究科 微生物進化機能開発講座、2) 東北大学 大学院 生命科学研究科 遺伝情報動態分野

★1P-49 (1St1-11)

比較ゲノム解析によるMicrococcaceae科に おける紫外線耐性関連遺伝子群の探索

- ○飯井虹之介¹⁾、Paulino Lima Ivan ²⁾、吉田祐貴¹⁾、河野暢明¹⁾、冨田勝¹⁾、荒川和晴¹⁾
- 1) 慶應義塾大学先端生命科学研究所、2) NASA Ames Research Center

長野県大町白馬小谷地域の温泉環境における微生物群集構造解析

- 〇太田和希 2)、胡桃澤步未 2)、西澤凪沙 2)、西山未咲希 2)、本堂遥也 2)、佐藤友彦 3)、澤木祐輔 3)、吉田圭佑 3)、山本希 3)、森宙史 1)、黒川 顕 1)、田中俊博 2)
- 1)国立遺伝学研究所、2)長野県大町岳陽高校、3)東京工業大学

★1P-51 (1St1-12)

接合伝達の鍵酵素relaxaseの金属イオンコファクターの違いによるnick導入塩基配列特異性の変化

〇岸田康平、大坪 嘉行、永田 裕二、津田 雅孝 東北大学生命科学

≪ゲノム情報の活用、ゲノム育種≫

1P-52

Sphingobium sp. YG1ゲノムからのCα位ヒドロキシ基酸化能を有すSDR遺伝子の探索

○西真郎、前田 亜鈴悠、坪内 泰志、大田 ゆかり 海洋研究開発機構

★1P-53 (1St1-13)

ダイズ根粒菌3型分泌エフェクター遺伝子の多様性

○高橋智子、菅原 雅之、三井 久幸、南澤 究 東北大学大学院 生命科学研究科 地圏共生遺伝生態分野

★1P-54 (1O2-08)

ゲノムマッピングによるダイズ根粒菌接種株の追跡

○金原一真、原 新太郎、菅原 雅之、南澤 究 東北大学 生命科学研究科 地圏共生遺伝生態分野

1P-55 (1St1-14)

シアノバクテリアSynechocystis sp. PCC 6803における運動性獲得変異株のゲノム解析

- ○藤田祐一1)、上坂一馬1)、戸松千映1)、井原邦夫2)、寺内一姫3)
- 1) 名古屋大学 大学院生命農学研究科 ゲノム情報機能学研究分野、2) 名古屋大学 遺伝子実験施設、3) 立命館大学 生命科学部

★1P-56 (2St1-10)

コリネ型細菌によるシステイン発酵生産に向けたシスチン取り込みタンパク質ホモログの探索

○近藤麻梨子、平沢 敬

東京工業大学 生命理工学院

1P-57

窒素固定性シアノバクテリア Leptolyngbya boryanaにおける時計タンパク質KaiCの生化学的解析

松上裕亮¹)、浅井智広¹)、松本規七¹)、藤田祐一²)、○寺内一姫¹)

1) 立命館大学生命科学部、2) 名古屋大学大学院生命農学研究科

Enterococcus faecium QU 50株におけるカタボライト抑制機構の解析

- ○阿部清孝1)、佐藤真幸1)、渡辺智1)、千葉櫻拓1)、園元謙二2)、門多真理子1)3)、吉川博文1)
- 1) 東京農業大学大学院 農学研究科 バイオサイエンス専攻、2) 九州大学 大学院農学研究院 生命機能科学部門 分子微生物学・バイオマス資源化学講座、3) 武蔵野大学 工学部 環境システム学科

★1P-59 (1St1-15)

フェナントレン分解細菌Mycobacterium sp. EPa45株のフェナントレンに対する転写応答

- ○小川なつみ1)、石毛太一郎2)、加藤広海1)、大坪嘉行1)、永田裕二1)、吉川博文2)、津田雅孝1)
- 1) 東北大 院生命 、2) 東京農業大

1P-60

フェナントレン分解細菌の基質体制突然変異株の取得と解析

○池内倫子、小川 なつみ、加藤 広海、大坪 嘉行、永田 裕二、津田 雅孝 東北大学大学院生命科学研究科

≪遺伝子の発現制御-1≫

★1P-61 (2O1-01)

微生物の硫黄同化と炭素同化の協調的な制御メカニズムの解析

- 〇氏本貴仁¹⁾、田中尚志²⁾、尾﨑由佳梨³⁾、河野祐介²⁾、阿部哲也³⁾、大津厳生¹⁾²⁾
- 1) 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科、2) 筑波大学 国際産学連携本部 高細精医療イノベーション研究コア、3) 協和発酵バイオ株式会社 生産技術研究所

1P-62

酢酸菌Acetobacter pasteurianus SKU1108の高温適応化株TH-3の発現解析から見える耐熱化機構の解明

〇松谷峰之介 $^{1)}$ 、西倉慎顕 $^{1)}$ 、秦野智之 $^{1)}$ 、Saichana Natsaran $^{1)}$ 、Masud-Tippayasa Uraiwan $^{1)}$ 、服部浩美 $^{1)}$ 、貝沼(岡本) 章子 $^{2)}$ 、兼崎友 $^{3)}$ 、石川森男 $^{2)}$ 、片岡尚也 $^{1)}$ $^{4)}$ 、薬師寿治 $^{1)}$ $^{4)}$ 、松下一信 $^{1)}$ $^{4)}$

1)山口大学 大学院創成科学研究科(農学)・生物機能科学分野、2) 東京農業大学醸造科学科、3) 東京農業大学ゲノムセンター、4) 山口大学中高温微生物研究センター

1P-63 (1St1-16)

腸内細菌科における嫌気性フマラーゼ遺伝子fumBの転写後調節

○宮腰昌利、槇 佳和子

秋田県立大学生物資源科学部応用生物科学科

★1P-64 (2St1-11)

大腸菌のポルフィリン排出に関与するポンプの解析

- ○荻野紗良1)、辰巳涼子1)、岩井伯隆1)、西野邦彦2)、和地正明1)
- 1) 東京工業大学 生命理工学院、2) 大阪大学 産業科学研究所

1P-65 (1St1-17)

Leptolyngbya 属シアノバクテリアの光合成装置の光色応答の解析

- ○広瀬侑1)、長尾信義1)、米川千夏1)、渡辺麻衣2)、池内昌彦2)、浴俊彦1)
- 1) 豊橋技術科学大学 環境·生命工学系、2) 東京大学 大学院総合文化研究科

★1P-66 (2St1-12)

油脂生産酵母Rhodosporidium toruloides の油脂およびカロテノイド生産の相関解析

- 〇岩本孝信 $^{1)}$ 、宮田淳史 $^{1)}$ 、Pham Khanh Dung $^{1)}$ 、志田洋介 $^{1)}$ 、山崎晴丈 $^{2)}$ 、正木和夫 $^{3)}$ 、森一樹 $^{4)}$ 、久原哲 $^{4)}$ 、高久洋暁 $^{2)}$ 、小笠原涉 $^{1)}$
- 1) 長岡技科大・生物、2) 新潟薬科大・応生命、3) 酒総研、4) 九大院・農

ポスター2P

揭示期間 : 3月3日13:20-3月4日14:20

討論時間 : 奇数番号 3月3日 18:25-19:10

偶数番号 3月4日 13:35-14:20

≪遺伝子の発現制御-2≫

★2P-01 (2O1-03)

Burkholderia multivoransにおける葉酸合成の光誘導メカニズムの解析

- 〇角悟 $^{1)}$ 、高野(白鳥) 初美 $^{2)}$ 、上田賢志 $^{1)}$ 。高野英晃 $^{1)}$ 。
- 1)日本大学生物資源科学部応用生物科学科、2)日本大学生物資源科学部生命科学研究所

★2P-02 (3St1-01)

Corynebacterium glutamicumにおけるRNase E/Gと転写終結の関係

- ○川目貴裕1)、遠藤諭1)、岩井伯隆1)、兼崎友2)、吉川博文3)、和地正明1)
- 1) 東京工業大学 生命理工学院、2) 東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター、3) 東京農業大学 応用生物科学部

★2P-03 (2St2-01)

シアノバクテリアの光質依存的な細胞凝集を司るc-di-GMPシグナリングネットワーク

- ○榎本元1)、奥田裕紀子1)2)、池内昌彦1)2)
- 1) 東京大学大学院総合文化研究科、2) JST CREST

2P-04

安定なL型大腸菌の増殖能改善に向けた網羅的発現解析

- ○津留三良¹)、齊藤紘美¹)、山由衣⁵)、川合良和²)、Mercier Romain³)、Errington Jeff²)、森浩禎⁴)、四方哲也¹)(旧)
- 1) 大阪大学情報科学研究科共生ネットワークデザイン学講座 、2) Newcastle University, UK、3) Institute of Microbiology of the Mediterranean Marseille, FR、4) 奈良先端科学技術大学院大学、5) Amazon

Synechocystis sp.PCC6803の酸性ストレス応答するncRNA SyR47の転写解析

- ○内山純爾1)、太田尚孝1)2)
- 1) 東京理科大学 理学部 教養学科、2) 東京理科大学科学教育研究科

2P-06 (3St1-02)

シアノバクテリア Synechocystis sp.PCC6803における酸性ストレスでの細胞肥大化は細胞分裂遺伝子に関与する

- ○甲賀栄貴1)、松橋歩1)、板垣文子1)、上妻美菜1)、内山純爾2)、太田尚孝1)2)
- 1) 東京理科大学大学院科学教育研究科、2) 東京理科大学理学部

★2P-07 (2St2-02)

Pseudomonas属細菌由来H-NSファミリータンパク質のDNA結合ドメインが持つ塩基配列嗜好性の解析

- ○角埜裕基¹⁾、水口千穂¹⁾、高橋裕里香²⁾、寺田透³⁾、岡田憲典¹⁾、野尻秀昭¹⁾
- 1) 東大・生物工学セ、2) 富県大生工科・生工セ、3) 東大院農生科・アグリバイオ

★2P-08 (2O1-04)

Corynebacterium glutamicumにおける転写終結因子RhoとRNase E/Gによるゲノムワイドなantisense RNAの産生抑制

- ○竹本訓彦1)、田中裕也2)、秋山徹1)、前田智也2)、濱本渚3)、乾将行2)3)
- 1) 国立国際医療研究センター研究所 病原微生物学研究室、2) RITE、3) 奈良先端大・バイオ

2P-09

大腸菌における低濃度翻訳阻害剤が引き起こす低温応答性遺伝子群の発現制御機構

- ○川上賢祐1)2)、島田友裕2)、田中寛2)
- 1) 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生体システム専攻、2) 東京工業大学 科学技術創成研究院 化学生命科学研究所

★2P-10 (2O1-05)

紅色光合成細菌Rhodovulum sulfidophilumの細胞外核酸放出メカニズムの解析

- ○長尾信義1)、広瀬侑1)、米川千夏1)、梅影創1)、菊池洋2)
- 1) 豊橋技術科学大学 環境・生命工学系、2) 早稲田大学 大学院 先進理工学研究科 生命理工学専攻

★2P-11 (2St2-03)

大腸菌toIC変異株が酸感受性を示す機構の解析

○神田健、安彦 弦太、岩井伯隆、和地 正明 東京工業大学 生命理工学院

★2P-12 (3St1-03)

Overexpression of NCgl2986 gene encoding amidase promotes cell growth in Corynebacterium glutamicum

- OUtami Mia Fitria¹⁾, Matsuda Yoshihiko²⁾, Iwai Noritaka¹⁾, Hirasawa Takashi¹⁾, Wachi Masaaki¹⁾
- 1) Department of Life Science and Technology, Tokyo Institute of Technology, 2) Research institute for Bioscience Products & Fine Chemicals, Ajinomoto Co., Inc.

★2P-13

Hfq結合型小分子RNA生合成における転写ターミネーターのヘアピン構造の役割

○森田鉄兵、西野 良、饗場 弘二

鈴鹿医療科学大学薬学部

★2P-14 (3St1-04)

枯草菌RNAPコア酵素の変異による耐熱化と高温適応に対するトレードオフ

- ○高松美沙樹1)、兼崎友2)、朝井計3)、吉川博文1)2)
- 1) 東京農大・院・バイオ、2) 東京農大・ゲノム解析セ、3) 埼玉大・理工

★2P-15 (2O1-06)

枯草菌分子シャペロンGroES/Lによる変異の蓄電池機能

○北村夏美、法花津 匠、大塚 まみ、武井 若紗、小菅 是子、吉川 博文 東京農大・院・バイオ

2P-16

長期定常期環境を生きる大腸菌の遺伝子発現プロファイルの解析

○高野壮太朗、津留 三良

大阪大学 情報科学研究科

2P-17

単細胞紅藻シゾンにおける核遺伝子の光転写活性化機構の解析

- 〇吉川瞳子¹⁾²⁾、小林勇気²⁾、瀧景子²⁾³⁾、今村壮輔²⁾³⁾、田中寬²⁾³⁾
- 1) 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生体システム専攻、2) 東京工業大学 科学技術創成研究院 化学生命科学研究所、3) JST CREST

★2P-18 (2O1-07)

超好熱性アーキア由来Pf-Nob1及びPf-Dim2による16S rRNA前駆体切断部位の制御

- ○今井淳之介1)2)、佐藤朝子1)、野呂絵美子1)、金井昭夫1)2)3)
- 1) 慶應義塾大学 先端生命科学研究所、2) 慶應義塾大学 政策・メディア研究科・先端生命、3) 慶應義塾大学 環境情報学部

2P-19

Burkholderia multivorans の鉄硫黄クラスター生合成遺伝子群に対する転写因子Fur 及びIscR の作用機序

○野々山翔太、佐藤 拓哉、岸田 康平、大坪 嘉行、永田 裕二、津田 雅孝 東北大院・生命科

2P-20

定常期大腸菌のRNA-seq解析

- 〇牧泰史 $^{1)}$ 、武藤愛 $^{2)}$ 、上田雅美 $^{3)}$ 、和田明 $^{3)}$ 、古池晶 $^{1)}$ 、中東憲治 $^{4)}$ 、吉田秀司 $^{1)}$ 、森浩禎 $^{2)}$
- 1) 大阪医科大学 医学部 物理学教室、2) 奈良先端・バイオサイエンス・生体情報、3) 吉田生物研、
- 4) Spiber株式会社

★2P-21 (2St2-04)

Synechocystis sp. PCC 6803におけるlipid A flippaseホモログの解析

- ○松橋歩1)、松島 賢吾2)、伊藤雄太郎3)、甲賀栄貴1)、上妻美菜1)、内山純爾4)、太田尚孝4)
- 1)東京理科大学 科学教育研究科 2)東京理科大学 理学部 化学科 3)東京理科大学 基礎工学研究科
- 4)東京理科大学 理学部 教養学科

2P-22

ヘテロシストを形成しないシアノバクテリアArthrospira platensis NIES-39におけるhetR遺伝子

の機能解析

○小池玲示

首都大学東京 理工学研究科 生命科学専攻

≪方法論≫

★2P-23 (2O1-09)

ブドウ球菌属におけるライブラリ調製キットNextera XTによるGC含有量と相関した

シーケンスバイアス

- ○佐藤光彦¹⁾、小椋義俊¹⁾、中村佳司¹⁾、西田留梨子¹⁾、後藤恭宏¹⁾、久恒順三²⁾、菅井基行²⁾、伊藤武彦³⁾、林哲也¹⁾
- 1) 九州大学大学院 医学研究院 細菌学分野、2) 広島大学大学院 医歯薬保健学研究院 細菌学研究室、3) 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生命情報専攻

2P-24

連続アミノ酸組成の類似性に基づくタンパク質機能推定システムの開発

- ○五十嵐諒1)、池村淑道2)、阿部貴志1)
- 1) 新潟大学大学院自然科学研究科、2) 長浜バイオ大学

2P-25

枯草菌ゲノムベクターを用いたシアノバクテリアゲノム編集系の構築

- ○川口毅1)、渡辺智1)、板谷光泰2)、吉川博文1)
- 1) 東京農大・バイオ、2) 慶応大・先端生命研

2P-26

細菌・真菌同時検出を目指す網羅解析法の検討

- 〇窪崎敦隆 $^{1)}$ 、渡辺麻衣子 $^{1)}$ 、吉成知也 $^{1)}$ 、野地步 $^{2)}$ 、小林直樹 $^{2)}$ 、小西良子 $^{2)}$ 、石毛太一郎 $^{3)}$ 、佐々木剛 $^{4)}$ 、寺嶋淳 $^{1)}$
- 1) 国立医薬品食品衛生研究所 衛生微生物部、2) 麻布大学 生命・環境科学部 食品生命科学科、3) 東京 農業大学 生物資源ゲノム解析センター、4) 東京農業大学 農学部 バイオセラピー学科

次世代シークエンサを用いたSLSTによるPropionibacterium acnesタイピング解析

- 〇森田有貴 1 、奥野未来 1 、吉村大 1 、立花広太 2 、梶谷嶺 1 、古俣麻希子 2 、白髭克彦 3 、森川あすか 2 、伊藤武彦 1
- 1) 東京工業大学 生命理工学院、2) TAK-Circulator 株式会社、3) 東京大学 分子細胞生物学研究所

2P-28 (3St1-05)

Quality assessment of single-cell genomes

- ○河合幹彦¹⁾ 、Merino Nancy²⁾ 、白瀧千夏子¹⁾ 、木原久美子¹⁾ 、本郷裕一^{1) 2)}
- 1) Tokyo Institute of Technology, School of Life Science and Technology, 2) Tokyo Institute of Technology, ELSI (Earth-Life Science Institute)

≪合成生物学≫

★2P-29 (3O1-01)

システイン生産大腸菌を利用したエルゴチオネインの発酵生産

- ○西口みゆ1)、田中尚志2)、三浦雅史1)、河野祐介2)、大津厳生1)2)
- 1) 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究、2) 筑波大学高細精医療イノベーション研究コア

2P-30

油性酵母Lipomyces starkeyiを利用したテルペン生産系の開発

- ○金本浩介1)、小島基1)、石井純2)、近藤昭彦2)、三沢典彦3)、播本孝史1)
- 1)神戸天然物化学(株)、2)神戸大院・科学技術イノベーション、3)石川県大・生資研

2P-31

合成生物"シアノバチルス"におけるシアノバクテリア遺伝子の発現解析

- ○美田知也1)、細村匡太郎1)、渡辺智1)、兼崎友2)、板谷光泰3)、吉川博文1)
- 1) 東京農大・院・バイオ、2) 東京農大学ゲノム解析セ、3) 慶應大・先端生命研

2P-32

リボソームRNAの最小機能構造の探求

- ○北原圭¹⁾、佐藤さとみネウザ²⁾、鈴木勉²⁾
- 1) 北海道大学大学院理学研究院、2) 東京大学大学院工学系研究科

2P-33

枯草菌リボソーム改変による異種間における翻訳開始機構の多様性の解析

- ○渡辺正樹1)、渡辺葵1)、渡辺智1)、赤沼元気2)、河村富士夫1)2)、吉川博文1)
- 1) 東京農業大学大学院農学研究科バイオサイエンス専攻、2) 立教大学理学部生命理学科

2P-34

P. pastorisのセントロメアDNA配列の探索と自律複製型ベクターへの応用

○西輝之

株式会社カネカ バイオテクノロジー開発研究所

★2P-35 (2St2-05)

解糖系タンパク質の発現量限界を規定する要因

- ○江口優一1)、蒔苗浩司2)、守屋央朗2)
- 1) 岡山大学自然科学研究科生命医用工学専攻、2) 岡山大学異分野コア

≪細胞増殖と分化の分子機構≫

★2P-36 (3O1-03)

大腸菌の染色体配置制御に関わる新因子CrfCの細胞両極近傍への局在制御機構の解析

○谷口紗輝、加生 和寿、片山 勉

九州大学 大学院薬学府 分子生物薬学分野

2P-37

部位特異的組換え酵素SprAのC末端配列の機能解析

○髙橋匠

法政大学 生命科学部

★2P-38 (3St1-06)

アミノ酸飢餓への適応に関与する枯草菌RNAポリメラーゼの変異解析

- 〇大坂夏木 $^{1)}$ 、円谷優佑 $^{2)}$ 、高田啓 $^{2)}$ 、多喜乃雄太 $^{1)}$ 、兼崎友 $^{3)}$ 、渡辺智 $^{1)}$ 、千葉櫻拓 $^{1)}$ 、吉川博文 $^{1)}$ $^{3)}$
- 1) 東京農業大学大学院 農学研究科 バイオサイエンス専攻、2) 立教大学 理学部 生命理学科、3) 東京農業大学 ゲノム解析センター

2P-39

Bacillus cereus ATCC10987における可動性因子ginを介したgerE遺伝子再編成

○清水慎哉

法政大学 生命科学部

★2P-40 (3O1-07)

大腸菌の定常期における過酸化水素耐性に関与するPhoBレギュロンの機能未知遺伝子ytfK

○岩舘佑未、植木 晃弘、加藤 潤一

首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻

2P-41

マグネシウムによる多様なリボソームタンパク質機能の相補

〇赤沼元気、山崎 晃太朗、矢岸 勇真、河村 富士夫、山田 康之 立教大学理学部生命理学科 ★2P-42 (3O1-08)

シアノバクテリアAnabaena sp. PCC 7120におけるヘテロシスト分化にともなう窒素固定能の

発現制御機構

○小池洋輔

首都大学東京

2P-43

遺伝子つなひき法による遺伝子コピー数の限界測定から見えてくること

- ○守屋央朗1)、金高令子2)
- 1) 岡山大学異分野融合先端研究コア、2) 岡山大学自然科学研究科

≪バイオインフォマティクス≫

★2P-44 (3St1-07)

トピックモデルを用いたヒト腸内細菌メタゲノム解析

- 〇細田 至温 $^{1)}$ 、西嶋傑 $^{2)}$ $^{3)}$ 、福永津嵩 $^{1)}$ 、服部正平 $^{3)}$ 5)、浜田道昭 $^{1)}$ 2)
- 1) 早稲田大学 先進理工学部 電気・情報生命工学科、2) 産総研・早大 生体システムビッグデータ解析オープンイノベーションラボラトリ (CBBD-OIL)、3) 東京大学大学院 新領域創成科学研究科、4) 日本学術振興会特別研究員、5) 早稲田大学 理工学術院 先進理工学研究科

★2P-45 (3O1-10)

Anammox活性を有する微生物叢のメタゲノム解析

- 〇福原康平 $^{1)}$ 、村上由夏 $^{1)}$ 、荒井涉 $^{2)}$ 、豊田敦 $^{3)}$ 、小椋義俊 $^{4)}$ 、林哲也 $^{4)}$ 、黒川顕 $^{3)}$ 、諏訪裕 $^{-1)}$ 、高見英人 $^{2)}$
- 1) 中央大学 生命科学専攻、2) 海洋機構・資源、3) 遺伝研・生命情報、4) 九州大院・医

2P-46

メタゲノム配列群集からのウイルス叢解明手法の開発

- ○佐藤研朗1)、池村淑道2)、阿部貴志1)
- 1) 新潟大学大学院自然科学研究科、2) 長浜バイオ大学

2P-47 (2St2-06)

トリコスポロン属酵母ハイブリッドゲノムにおける遺伝子進化速度の低下

- 〇岩崎涉 $^{1)}$ $^{2)}$ $^{3)}$ 、Sriswasdi Sira $^{1)}$ 、高島昌子 $^{4)}$ 、眞鍋理一郎 $^{5)}$ 、大熊盛也 $^{4)}$ 、杉田隆 $^{6)}$
- 1) 東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻、2) 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 メディカル 情報生命専攻、3) 東京大学 大気海洋研究所、4) 理化学研究所 バイオリソースセンター、5) 理化学研究所 ライフサイエンス技術基盤研究センター、6) 明治薬科大学 大学院薬学研究科 生命創薬科学専攻

マダニの共生関係に着目した水平伝播候補領域の検出

- ○松本光司1)、菊池亮仁1)、中尾亮2)、杉本千尋3)、池村淑道4)、阿部貴志1)
- 1) 新潟大学大学院自然科学研究科、2) 北海道大学大学院獣医学研究科、3) 北海道大学人獣共通感染症 リサーチセンター、4) 長浜バイオ大学

2P-49

全ゲノム配列情報を用いた菌株間系統樹推定パイプラインの開発

- 〇吉村大¹⁾、後藤恭宏²⁾、小椋義俊²⁾、梶谷嶺¹⁾、奥野未来¹⁾、林哲也²⁾、伊藤武彦¹⁾
- 1) 東京工業大学 生命理工学院 生命理工学系、2) 九州大学大学院 医学研究院 細菌学分野

★2P-50 (3St1-08)

ミトコンドリアと宿主の核のゲノム塩基組成解析

- 〇橋本かれん $^{(1)(2)}$ 、伊藤光平 $^{(1)(2)}$ 、富田勝 $^{(1)(2)(3)}$ 、鈴木治夫 $^{(1)(3)}$
- 1) 慶應大・先端生命研、2) 慶應大・環境情報、3) 慶大・政策・メディア

2P-51

PacBioおよびIlluminaシークエンサを用いた新規アセンブル手法の開発

○番匠康雄、梶谷 嶺、伊藤 武彦

東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生命情報専攻

2P-52

メタゲノム解析を用いた大腸がん疾病マーカー遺伝子の探索

- ○城間博紹1)、西本悠一郎1)、水谷紗弥佳1)、谷内田真一2)、山田拓司1)
- 1) 東工大 生命理工学院、2) 国立がん研究センター

2P-53 (2St2-07)

大量データに対応した微生物群集の系統組成推定・描画ツールVITCOMIC2

- ○森宙史1)、丸山貴之2)、矢野雅大2)、黒川顕1)2)
- 1) 国立遺伝学研究所生命情報研究センター、2) 東京工業大学生命理工学院

2P-54

一括学習型自己組織化マップ(BLSOM)を用いた比較ゲノム解析システムの開発

○馬場一郎

新潟大学大学院自然科学研究科電気情報工学専攻情報工学コース

2P-55 (2St2-08)

微生物ゲノムのアノテーションおよびDDBJへの塩基配列登録のためのWebサービスDFAST

- ○谷沢靖洋1)、藤澤貴智1)、有田正規1)2)、中村保一1)
- 1)国立遺伝学研究所 生命情報研究センター、2)理化学研究所 環境資源科学研究センター

★2P-56 (3St1-09)

メタゲノムショットガンデータからの株ハプロタイプ配列構築手法の開発

- ○梶谷嶺¹⁾、小椋義俊²⁾、後藤恭宏²⁾、吉村大¹⁾、奥野未来¹⁾、林哲也²⁾、伊藤武彦¹⁾
- 1) 東京工業大学 生命理工学院、2) 九州大学 大学院医学研究科 細菌学分野

★2P-57 (3O1-12)

Classifying metagenomic reads using Centrifuge, GenomeSync and Genome Search Toolkit

OKryukov Kirill, Mitsuhashi Satomi, Nakagawa So, Watanabe Nobuo, Inoue Shigeaki, Imanishi Tadashi Tokai University School of Medicine

2P-58

臭素酸還元能を持つRhodococcus sp. Br-6 株のゲノム配列解析

- 〇伊藤光平 $^{(1)}$ 2)、中嶋信美 $^{(3)}$ 、山村茂樹 $^{(3)}$ 、冨田勝 $^{(1)}$ 2) $^{(4)}$ 、鈴木治夫 $^{(1)}$ 4)、天知誠吾 $^{(5)}$
- 1) 慶應義塾大学 先端生命科学研究所、2) 慶應義塾大学 環境情報学部、3) 国立環境研究所、4) 慶應 義塾大学 政策・メディア研究科、5) 千葉大学 園芸学研究科

2P-59

ョウ素酸還元能を持つPseudomonas sp. SCT株のゲノム配列解析

- 〇原田誠史 $^{1)}$ 2)、伊藤光平 $^{1)}$ 2)、中島信美 $^{3)}$ 、山村茂樹 $^{3)}$ 、冨田勝 $^{1)}$ 2) 4)、鈴木治夫 $^{1)}$ 4)、 天知誠吾 $^{5)}$
- 1) 慶應義塾大学 先端生命科学研究所、2) 慶應義塾大学 環境情報学部、3) 国立環境研究所、4) 慶應義塾大学 政策・メディア研究科、5) 千葉大学 園芸学研究科

2P-60 (3St1-10)

種内・属内・属間ゲノム比較を統合したオーソログ解析手順

- ○内山郁夫1)、三原基広2)
- 1) 自然科学研究機構基礎生物学研究所、2) (株) ダイナコム

2P-61

ショートリードデータのアセンブルによる微生物ゲノム構造決定のワークフロー構築

- ○上坂一馬1)3)、藤田祐一1)、井原邦夫2)3)、小俣達男1)3)
- 1) 名古屋大・大学院生命農学研究科、2) 名古屋大学・遺伝子実験施設、3) JST-CREST

2P-62

海洋メタゲノム配列を用いた新規光受容体の探索

蒔田 由布子 $^{1)}$ 、○陶久 あや $^{1)}$ $^{2)}$ 、川島 美香 $^{1)}$ 、吉武 和敏 $^{3)}$ 、坂見 知子 $^{4)}$ 、五条堀 孝 $^{5)}$ 、松井 南 $^{1)}$ 1) 理研 CSRS 合成ゲノミクスグループ、2) 横浜市立大学 国際総合科学部、3)日本ソフトウェアマネジメント (株)、4) 東北水研 資源環境部 生産環境グループ、5)アブドラ王立科学技術大学

≪その他≫

2P-63

白葉枯病菌の宿主イネへの感染時におけるリゾビトキシン生合成遺伝子ホモログの機能解析

- ○児玉孝弘1)、落合弘和2)、安西弘行3)、古谷綾子3)
- 1) 茨城大学大学院農学研究科、2) 農業・食品産業技術総合研究機構、3) 茨城大学遺伝子実験施設

2P-64

IBBP (Inter Bio-Backup Project) を利用した微生物遺伝子資源の保存

○井原邦夫、中邨 真之

名古屋大学 遺伝子実験施設

2P-65

シアノバクテリアの鉄硫黄クラスター運搬蛋白質NfuはTrxと相互作用する

- ○野亦次郎¹⁾²⁾、井須敦子1)2)、久堀徹¹⁾²⁾
- 1) 東京工業大学・科学技術創成研究院・化学生命科学研究所、2) JST・CREST