

# 口頭発表プログラム(8号館1階)

3月10日(土)

12:30 受付開始

## ●一般口頭発表

《ゲノムの構造と進化》

- 13:00 O-1(1P-3) **ピロリ菌 *cagA* 癌遺伝子の組換えによる進化**  
○古田芳一<sup>1,2</sup>、矢原耕史<sup>3</sup>、畠山昌則<sup>4</sup>、小林一三<sup>1,2,5</sup>  
1)東大 院新領域、2)東大 医科研、3)久留米大 院医、4)東大 院医、5)東大 院理
- 13:12 O-2(1P-4) **Conjugative transposon CTnPg1の類似CTn とaccessory geneの解析**  
○内藤真理子<sup>1</sup>、佐藤啓子<sup>1</sup>、雪竹英治<sup>1</sup>、庄子幹郎<sup>1</sup>、中山浩次<sup>1</sup>  
1)長崎大 院 医歯薬 口腔病原微生物学
- 13:24 O-3(1P-7) **乳酸菌とビフィズス菌における線毛遺伝子群の解析**  
○森田英利<sup>1</sup>、Tulika Prakash<sup>2</sup>、大島健志朗<sup>3</sup>、藤英博<sup>4</sup>、Todd D.Taylor<sup>2</sup>、五十君靜信<sup>5</sup>、  
服部正平<sup>3</sup>  
1)麻布大・獣、2)理研・QBIC、3)東大院・新領域、4)九大・生体防御、5)国立医薬品食品研
- 13:36 O-4(1P-9) **ヒト腸内から分離したイソフラボン代謝細菌のゲノム解析**  
横山慎一郎<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>2</sup>、野村泉<sup>3</sup>、川田結花<sup>3</sup>、服部正平<sup>2</sup>、○鈴木徹<sup>3</sup>  
1)岐阜県産業技術センター、2)東京大学大学院新領域創成科学研究所、3)岐阜大学大学院連合農学研究科
- 13:48 O-5(1P-10) **Whole-genome resequencing of *Synechocystis* sp. PCC 6803 substrains by massively parallel sequencer**  
○Yu Kanesaki<sup>1</sup>, Yuh Shiwa<sup>1</sup>, Naoyuki Tajima<sup>2</sup>, Marie Suzuki<sup>3</sup>, Satoru Watanabe<sup>3</sup>,  
Naoki Sato<sup>2</sup>, Masahiko Ikeuchi<sup>2</sup>, and Hirofumi Yoshikawa<sup>1,3</sup>  
1)NGRC, Tokyo Univ. Agric., 2) Grad. Sch. of Arts and Sciences, The Univ. Tokyo,  
3)Fac. Appl. Biosci., Tokyo Univ. Agric.
- 14:00 O-6(1P-11) **補色順化能を持つシアノバクテリアのゲノム解析**  
○広瀬 侑<sup>1,2</sup>、飯岡恵里香<sup>2</sup>、大森恵美<sup>2</sup>、須田瓦<sup>2</sup>、大島健志朗<sup>2</sup>、華岡光正<sup>3</sup>、片山光徳<sup>4</sup>、  
田中寛<sup>5</sup>、池内昌彦<sup>2</sup>、服部正平<sup>2</sup>  
1)豊橋技術科学大学、2)東京大学、3)千葉大学、4)日本大学、5)東京工業大学
- 14:12 O-7(1P-15) **ミカンキジラミ共生細菌 2 種のゲノム構造と機能的役割**  
○中鉢淳<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>2</sup>、上岡麗子<sup>3</sup>、Alfonso Mangoni<sup>4</sup>、Mihaela Gurgui<sup>3</sup>、Neil  
Oldham<sup>5</sup>、Gerhild van Echten-Deckert<sup>3</sup>、井上広光<sup>6</sup>、大熊盛也<sup>7</sup>、本郷裕一<sup>8</sup>、宮城島進  
也<sup>9</sup>、Jörn Piel<sup>3</sup>、服部正平<sup>2</sup>、深津武馬<sup>10</sup>  
1)豊橋技科大、2)東大、3)ボン大、4)ナポリ大、5)ノッティンガム大、6)果樹研、7)理研、  
8)東工大、9)遺伝研、10)産総研
- 14:24 O-8(1P-16) **深海底熱水活動域に棲息する新奇硫黄酸化 *Gammaproteobacteria* のゲノム  
解析**  
○布浦拓郎<sup>1</sup>、風間宏美<sup>1</sup>、角太淳吾<sup>1</sup>、島村繁<sup>1</sup>、高木善弘<sup>1</sup>、高井研<sup>1</sup>  
1)海洋研究開発機構 深海・地殻内

- 14:36 O-9(1P-19)** 全ゲノム解読から明らかになった好アルカリ性細菌 *Bacillus pseudofirmus* OF4株のアルカリ性環境適応機構  
B. Janto<sup>1</sup>, A. Ahmed<sup>1</sup>, ○伊藤政博<sup>2</sup>, J. Liu<sup>3</sup>, D. Hicks<sup>3</sup>, S. Pagni<sup>3</sup>, O. Fackelmayer<sup>3</sup>, T. Smith<sup>3</sup>, J. Earl<sup>1</sup>, L. Elbourne<sup>4</sup>, K. Hassan<sup>4</sup>, I. Paulsen<sup>4</sup>, A. Kolstø<sup>5</sup>, N. Tourasse<sup>6</sup>, G. Ehrlich<sup>1</sup>, R. Boissv<sup>1</sup>, D. Mack Ivey<sup>7</sup>, G. Li<sup>8</sup>, Y. Xue<sup>8</sup>, Y. Ma<sup>8</sup>, F. Hu<sup>1</sup>, T. Krulwich<sup>3</sup>  
1)Drexel University College of Medicine, USA, 2) 東洋大学,  
3)Mt. Sinai School of Medicine, USA, 4) Macquarie University, Australia, 5)University of Oslo, Norway, 6)Université Pierre et Marie Curie, France, 7)University of Arkansas, USA, 8)Chinese Academy of Sciences, China
- 14:48 O-10(1P-21)** 南極大陸 *Pseudomonas* 属細菌のゲノム特性  
○馬場知哉<sup>1</sup>、阿部貴志<sup>2</sup>、豊田敦<sup>3</sup>、藤山秋佐夫<sup>3,4</sup>、伊村智<sup>5</sup>、神田啓史<sup>5</sup>、本山秀明<sup>5</sup>、仁木宏典<sup>3</sup>  
1)新領域融合研究センター、2)新潟大学、3)国立遺伝学研究所、4)国立情報学研究所、5)国立極地研究所
- 15:00 O-11(1P-29)** 納豆菌多数株のリシークエンシングとゲノム多型解析  
三宅正透<sup>1</sup>、○八谷剛史<sup>1</sup>、長谷純崇<sup>1</sup>、志波優<sup>2</sup>、久保雄司<sup>3</sup>、吉川博文<sup>2,4</sup>、木村啓太郎<sup>5</sup>、榎原康文<sup>1</sup>  
1)慶應大・理工、2)東京農大・ゲノムセンター、3)茨城県工業技術センター、4)東京農大・バイオ、5)農研機構・食総研
- 15:12 O-12(1P-38)** tRNADB-CEで公開した全tRNA遺伝子を対象とした自己組織化マップ解析  
岩崎裕貴<sup>1</sup>、阿部貴志<sup>1,2</sup>、小林佳史<sup>1</sup>、三宅雄大<sup>1</sup>、馮麗利<sup>1</sup>、山田優子<sup>1</sup>、武藤昱<sup>3</sup>、井口八郎<sup>1</sup>、○池村淑道<sup>1</sup>  
1)長浜バイオ大、2)新潟大、3)弘前大
- 15:25** **Break**
- 『遺伝子の発現制御』
- 15:45 O-13(1P-48)** Genomic and environmental contributions to bacterial transcriptome  
○應 蓦文<sup>1</sup>、瀬尾茂人<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1,2,3</sup>  
1)阪大院・情報、2)阪大院・生命機能、3)ERATO
- 15:57 O-14(1P-50)** 大腸菌二成分制御系間で働く新規調節因子の探索とその機能解析  
○石井英治<sup>1</sup>、植田健陽<sup>1</sup>、江口陽子<sup>2</sup>、吉川雄樹<sup>2</sup>、井上貴人<sup>2</sup>、仲宗根 薫<sup>3</sup>、内海龍太郎<sup>1,2</sup>  
1)近畿大院・農・バイオ、2)近畿大・農・バイオ、3)近畿大・工・生化工
- 16:09 O-15(1P-51)** 核様体タンパク質H-NS結合位置の大腸菌株間比較解析  
○東光一<sup>1</sup>、戸邊亨<sup>2</sup>、鈴木穰<sup>3</sup>、菅野純夫<sup>3</sup>、石川周<sup>4</sup>、小笠原直毅<sup>4</sup>、黒川顕<sup>1</sup>、大島拓<sup>4</sup>  
1)東京工業大学・生命理工学研究科、2)大阪大学・医学系研究科、3)東京大学・新領域創成科学研究科、4)奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科
- 16:21 O-16(1P-52)** 大腸菌転写因子LeuO のゲノム転写制御における新規役割: Universal Silencer H-NSに対する拮抗作用  
○島田友裕<sup>1,2,3</sup>、Arnaud Brider<sup>4</sup>、Romain Briandet<sup>4</sup>、石浜 明<sup>2,3</sup>  
1)東京工業大学資源化学研究所、2)法政大学マイクロ・ナノテクノロジー研究センター、3)法政大学生命科学部、4)INRA Micalis, France
- 16:33 O-17(1P-59)** 枯草菌DegS-DegU2成分制御系遺伝子発現はClpXP-Spxタンパク分解システムとグルコース-CcpAシステムの支配下にある。  
石井洋<sup>1</sup>、志波優<sup>2</sup>、吉川博文<sup>2,3</sup>、田中暉夫<sup>1</sup>、○小倉光雄<sup>1</sup>  
1)東海大・海洋研、2)東農大・NGRC、3)東農大・バイオ

- 16:45 O-18(1P-58) ***Bacillus megaterium* の光センサー型転写調節タンパク質LitRの機能解析**  
○高野英晃<sup>1</sup>、萩原健太<sup>1</sup>、平田直哉<sup>1</sup>、上田賢志<sup>1</sup>  
1)日大生物資源・生命科学研究センター
- 16:57 O-19(1P-63) **なぜ放線菌 *Streptomyces griseus* の主要シグマ因子はECFシグマ因子に制御されるのか**  
○大谷啓志<sup>1</sup>、大西康夫<sup>1</sup>  
1)東大院農生科・応生工
- 17:09 O-20(1P-68) **共生窒素固定に重要な根粒菌シグマ因子RpoH1/RpoH2の解析**  
○三井久幸<sup>1</sup>  
1)東北大・院生命科
- 17:21 O-21(1P-35) **薬剤耐性大腸菌の実験進化的創出と耐性化機構の解析**  
○鈴木真吾<sup>1</sup> 堀之内貴明<sup>1</sup> 古澤 力<sup>1,2</sup>  
1)理研・生命システム研究センター(QBiC)、2)阪大院・情報

## ●ショートトーク

### 《ゲノムの構造と進化》

- 17:33 1SA-1(1P-23) **有機塩素系殺虫剤gamma-hexachlorocyclohexane分解能を有する *Sphingobium sp.* TKS株のゲノム解析**  
○大畠智史<sup>1</sup>、川角徹<sup>1</sup>、大坪嘉行<sup>1</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>  
1)東北大学大学院生命科学研究科
- 17:35 1SA-2(1P-31) **枯草菌における納豆菌挿入配列の転移制御機構に関する宿主因子の探索**  
○明石基洋<sup>1</sup>、茂木俊丞<sup>1</sup>、大河内悠貴<sup>1</sup>、高橋究<sup>1</sup>、千葉櫻拓<sup>1</sup>、加田茂樹<sup>2</sup>、山上圭吾<sup>2</sup>、関根靖彦<sup>3</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大・バイオ、2)ミツカン中研、3)立教大学・理
- 17:37 1SA-3(1P-33) **arCOGsに基づくEuryarchaeotaの系統解析**  
○木幡賢人<sup>1</sup>、有田正規<sup>1</sup>  
1)東大院・新領域
- 17:39 1SA-4(1P-37) **新規情報学的戦略を用いた膨大な量のインフルエンザウイルスゲノムからの特徴抽出**  
○岩崎裕貴<sup>1</sup>、阿部貴志<sup>1,2</sup>、和田健之介<sup>1</sup>、伊藤正恵<sup>1</sup>、池村淑道<sup>1</sup>  
1)長浜バイオ大、2)新潟大

### 《バイオインフォマティクス》

- 17:41 1SA-5(1P-47) **マルチエージェント法を用いた細菌群集シミュレーション**  
○堂園亜由美<sup>1</sup>、伊藤貴広<sup>1</sup>、西山依里<sup>1</sup>、森宙史<sup>1</sup>、黒川顕<sup>1</sup>  
1)東京工業大学大学院生命理工学研究科

### 《遺伝子の発現制御》

- 17:43 1SA-6(1P-55) **プラスミド由来H-NS様因子の新規な多量体形成機構**  
○鈴木千穂<sup>1</sup>、尹忠鉢<sup>1,2</sup>、堀田彰一朗<sup>3</sup>、寺田透<sup>2</sup>、田之倉優<sup>3</sup>、山根久和<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>1,2</sup>  
1)東大・生物工学セ、2)東大院農生科・アグリバイオ、3)東大院農生科・応生化
- 17:45 1SA-7(1P-57) **枯草菌における転写開始点に依存した新規熱ショック応答機構の解析**  
○佐藤 純<sup>1</sup>、小林郷菜<sup>1</sup>、小川陸雄<sup>1</sup>、松本光生<sup>1</sup>、渡辺 智<sup>1</sup>、千葉櫻拓<sup>1</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大・バイオ

17:47 1SA-8(1P-65) *Anabaena sp. PCC 7120*のヘテロシスト分化におけるゲノムDNAのメチル化  
○田中裕二<sup>1</sup>、粟井光一郎<sup>2</sup>  
1)静岡大学大学院、2)静岡大学若手グローバル育成拠点

#### 《真核微生物》

17:49 1SA-9(1P-71) 分裂酵母を用いた試験管内生殖隔離の実現に向けて  
○清家泰介<sup>1</sup>、中村太郎<sup>1</sup>、下田親<sup>1</sup>  
1)大阪市立大学・大学院理学研究科

#### ●NBRP(ナショナルバイオリソースプロジェクト)紹介

17:51 NBRP-1 究極のモデル真核生物「酵母」の研究を支えるNBRP酵母  
中村太郎<sup>1</sup>、中原富美子<sup>1</sup>、周 瑩<sup>2</sup>、下田 親<sup>1</sup>、原島 俊<sup>2</sup>、○金子嘉信<sup>2</sup>  
1)大阪市立大学、2)大阪大学

17:56 NBRP-2 大腸菌・枯草菌のバイオリソース：  
ナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)モデル原核生物  
○仁木宏典<sup>1</sup>  
1)国立遺伝学研究所

18:01 NBRP-3 細胞性粘菌：微生物研究における有用性とリソース整備  
○漆原秀子<sup>1</sup>、上田太郎<sup>2</sup>、桑山秀一<sup>1</sup>、長崎晃<sup>2</sup>、毛利蔵人<sup>1</sup>  
1)筑波大学生命環境系、2)産業技術総合研究所セルエンジニアリング研究部門

#### ●ポスター討論(12号館地下1階)

18:15~19:00 1P奇数番号

# 口頭発表プログラム(8号館1階)

3月11日(日)

9:00 受付開始

## ●特別講演 1

9:30 SL-1

真核細胞の誕生機構をオルガネラの分裂装置のゲノム科学解析から読む

黒岩常祥  
立教大学理学部

## ●一般口頭発表

### 《真核微生物》

10:00 O-22(1P-69)

植物で初めて同定された窒素同化を制御する転写因子

○今村壮輔<sup>1,2</sup>、兼崎 友<sup>2</sup>、大沼みお<sup>3</sup>、井上貴之<sup>3</sup>、関根靖彦<sup>3</sup>、藤原崇之<sup>3</sup>、黒岩常祥<sup>3</sup>、  
田中 寛<sup>1,2</sup>

1)東工大資源研、2)東大分生研、3)立教大理

10:12 O-23(1P-70)

ジャポニカス分裂酵母に見いだされた菌糸の光応答反応

○仁木宏典<sup>1,2</sup>、岡本尚<sup>1</sup>、野崎晋五<sup>1</sup>、古谷寛治<sup>1,3</sup>

1)情報システム研究機構 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター、2)総合研究大学院大学 遺伝学専攻、3)京都大学放射線生物研究センター

10:24 O-24(1P-72)

担子菌類のヌクレオソームマップ解析

○西田洋巳<sup>1</sup>、近藤伸二<sup>2</sup>、松本貴嗣<sup>3</sup>、鈴木穰<sup>4</sup>、吉川博文<sup>3</sup>、Todd D. Taylor<sup>2</sup>、  
杉山純多<sup>5</sup>

1)東京大学農学生命科学研究科、2)理化学研究所、3)東京農業大学、4)東京大学新領域創成科学研究科、5)テクノスルガ・ラボ

10:36 O-25(1P-74)

Arachidonic acid cascade negatively contributes to caffeine tolerance via non-apoptotic pathway.

○Hidekazu Kuwayama<sup>1</sup>

1)Graduate School of Life and Environment, University of Tsukuba,

## ●ショートトーク

### 《ゲノムの構造と進化》

10:48 1SB-1(1P-08)

ランダム変異導入法への応用を目指したビフィズス菌由来挿入配列TLS143の機能解析

○阪中幹祥<sup>1</sup>、阿部光紗<sup>1</sup>、平山洋佑<sup>1</sup>、吹谷 智<sup>1</sup>、加納康正<sup>2</sup>、横田 篤<sup>1</sup>

1)北大院農・応生科、2)京都薬大・遺伝子工

10:50 1SB-2(1P-14)

ミヤコグサ根粒菌(*Mesorhizobium loti*)12株における遺伝子構造の比較解析

○眞板寛子<sup>1,2</sup>、平川英樹<sup>1</sup>、佐伯和彦<sup>3</sup>、田畠哲之<sup>1</sup>、佐藤修正<sup>1,2</sup>

1)かずさDNA研・植物ゲノム、2)東北大院・生命科学、3)奈良女子大・理

10:52 1SB-3(1P-28)

有毒ラン藻*Microcystis aeruginosa*のCRISPR領域における外来DNA由来配列の多様性

○久野草太郎<sup>1</sup>、吉田天士<sup>1</sup>、金子貴一<sup>2</sup>、左子芳彦<sup>1</sup>

1)京都大学大学院農学研究科、2)京都産業大学総合生命科学部

**10:54 1SB-4(1P-30) 不均衡変異導入法におけるゲノムワイドな変異スペクトル解析**  
○志波優<sup>1</sup>、田中(福島)早苗<sup>2</sup>、笠原堅<sup>2</sup>、堀内貴之<sup>2</sup>、吉川博文<sup>1,3</sup>  
1)東農大・ゲノム解析セ、2)株式会社ネオ・モルガン研究所、3)東農大応生科・バイオ

#### 《バイオインフォマティクス》

**10:56 1SB-5(1P-46) GPUを用いたメタゲノム解析のための大規模配列相同性検索ツールCLASTの開発**  
○矢野雅大<sup>1</sup>、森宙史<sup>2</sup>、黒川顕<sup>2</sup>  
1)東工大・生命理工学部、2)東工大院・生命理工

#### 《遺伝子の発現制御》

**10:58 1SB-6(1P-60) Genome-wide analysis of protein-DNA interactions by *in vivo* genome footprinting with high-throughput sequencing**  
○ Onuma Chumsakul<sup>1</sup>, Kensuke Nakamura<sup>2</sup>, Shu Ishikawa<sup>1</sup>, Taku Oshima<sup>1</sup>, Naotake Ogasawara<sup>1</sup>  
1)Graduate School of Biological Sciences, 2)Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology

**11:00 1SB-7(1P-62) 枯草菌の胞子形成期に特異的な翻訳機能を変化させる16S rRNA変異株の探索**  
○難波恵理<sup>1</sup>、前橋真利江<sup>1</sup>、鈴木祥太<sup>1</sup>、武田拓也<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>  
1)立教大学・理学部・生命理学科

### ●ポスター討論(12号館地下1階)

11:15~12:00 1P偶数番号

12:00~12:15 1P → 2Pへポスタ貼り替え

### ●ランチョンセミナー1

12:30~13:15 一分子リアルタイムシーケンサー PacBio RSのご紹介  
トミーデジタルバイオロジー株式会社

### ●海外若手研究者招待講演

**13:30 IL-1 Post-transcriptional regulation of GcvB, a conserved small RNA regulator of amino acid metabolism**  
○Masatoshi Miyakoshi<sup>1</sup>, Yanjie Chao<sup>1</sup>, Kai Papenfort<sup>1</sup>, Cynthia M. Sharma<sup>2</sup>, Jörg Vogel<sup>1</sup>  
1)Institute for Molecular Infection Biology, 2)Research Center of Infectious Diseases, University of Würzburg,

**13:50 IL-2 イエール大学での微生物学研究**

○加藤淳也<sup>1</sup>  
1)米国Yale University

**14:10 IL-3 バクテリアゲノム複製蛋白質クランプの*in vivo*生化学**

○末次正幸<sup>1,2,3</sup>、Jeff Errington<sup>1</sup>  
1)英国・Newcastle大学・Centre for Bacterial Cell Biology、現:2)九大院・薬、3)JST・さきがけ

## ●一般口頭発表

### 《細胞増殖の分子機構》

- 14:30 O-26(2P-3) **細菌培養誘導期の観察**  
山本悠里江<sup>1</sup>、中西忍<sup>1</sup>、工藤融<sup>1</sup>、○橋本昌征<sup>2</sup>  
1)信州大・繊維・応生、2)信州大・若手拠点
- 14:42 O-27(2P-4) **Keio collectionを使ったHydroxyurea感受性株の解析**  
○中屋敷徹<sup>1</sup>、森浩頼<sup>1</sup>  
1)奈良先端科学技術大学院大学
- 14:54 O-28(2P-15) **プラスミドの保持により変化する宿主の表現型の網羅的検出と核様体タンパク質の関与の検討**  
高橋裕里香<sup>1</sup>、武田俊春<sup>1</sup>、新谷政己<sup>1,2</sup>、山根久和<sup>1</sup>、○野尻秀昭<sup>1</sup>  
1)東大・生物工学セ、2)理研BRC-JCM
- 15:06 O-29(2P-16) **一細胞レベルの解析技術によるプラスミドの宿主域の解明**  
○新谷政己<sup>1</sup>、松井一泰<sup>2</sup>、井上潤一<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>2</sup>、大熊盛也<sup>1</sup>  
1)理研BRC-JCM、2)東大生物工学セ
- 15:18 O-30(2P-35) **Bacillus weihenstephanensis KBAB4株の胞子形成期におけるDNA再編成**  
○安部公博<sup>1</sup>、青柳隆大<sup>1</sup>、廣田泰伯<sup>1</sup>、佐藤 勉<sup>1</sup>  
1)法政大学 生命科学部 生命機能学科

### 《代謝工学・合成生物学》

- 15:30 O-31(2P-48) **紅色硫黄光合成細菌 *Allochromatium vinosum* の光合成関連遺伝子制御因子の同定と解析**  
○藤原弘平<sup>1</sup>、萩原進<sup>1</sup>、川口達也<sup>1</sup>、古屋伸久<sup>1</sup>、加藤潤一<sup>1</sup>  
1)首都大 理工 生命
- 15:42 O-32(2P-50) **人為的なイノシトール異性体バイオコンバージョンが誘発するトランスクリプトーム変動**  
○吉田健一<sup>1</sup>、山岡優<sup>1</sup>、Chumsakul, Onuma<sup>2</sup>、石川周<sup>2</sup>、小笠原直毅<sup>2</sup>  
1)神戸大院・農、2)奈良先端大・バイオ
- 15:54 O-33(2P-55) **糸状菌 *Phomopsis amygdali* のゲノム解析によるフシコクシン生合成遺伝子クラスターの同定・機能解析と応用**  
野池基義<sup>1</sup>、小野裕介<sup>1</sup>、加藤修雄<sup>2</sup>、○大利 徹<sup>1</sup>  
1)北大院・工、2)阪大・産研

## ●総会・研究奨励賞受賞者講演

16:30~17:40

## ●ショートトーク

### «細胞増殖の分子機構»

17:40 2SA-1(1P-5) **Functional Profiling of the *E. coli* Genes in Long-Term Stationary Phase**

○Y. Otsuka<sup>1</sup>, R. Takeuchi<sup>1</sup>, H. Dose<sup>1</sup>, H-C. Huang<sup>2</sup>, H-F. Juan<sup>3</sup>, M. Yamada<sup>4</sup>, H. Matsuno<sup>5</sup>, B. L. Wanner<sup>6</sup>, H. Mori<sup>1</sup>

1)Graduate Sch. of Biological Sci., NARA Inst. of Sci. and Technology, 2)Inst. of BioMed. Informatics, Natl. Yang-Ming Univ., 3)Dept. of Life Sci., Natl.Taiwan Univ., 4)Faculty of Agriculture, Yamaguchi Univ., 5)Faculty of Sci., Yamaguchi Univ., 6)Dept. of Biological Sci., Purdue Univ.

17:42 2SA-2(2P-9) **枯草菌における納豆菌挿入配列の転移制御機構に関する宿主因子の探索**

○明石基洋<sup>1</sup>、茂木俊丞<sup>1</sup>、大河内悠貴<sup>1</sup>、高橋究<sup>1</sup>、千葉櫻拓<sup>1</sup>、加田茂樹<sup>2</sup>、山上圭吾<sup>2</sup>、関根靖彦<sup>3</sup>、吉川博文<sup>1</sup>

1)東京農大・バイオ、2)ミツカン中研、3)立教大学・理

17:44 2SA-3(2P-13) **プラスミドの負荷を軽減する染色体因子の発見**

高瀬識之<sup>1</sup>、○能登優<sup>1</sup>、高橋裕里香<sup>1</sup>、松本貴嗣<sup>2</sup>、吉川博文<sup>2</sup>、土金恵子<sup>3</sup>、細山哲<sup>3</sup>、藤田信之<sup>3</sup>、山根久和<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>1</sup>

1)東大・生物工学セ、2)東農大・生物資源ゲノム解析セ、3)NITE

17:46 2SA-4(2P-19) **枯草菌ppGpp合成酵素YjbMの機能解析**

○星屋将太<sup>1</sup>、田上和美<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>

1)立教大学理学部生命理学科

17:48 2SA-5(2P-23) **枯草菌二成分制御系多重破壊株の構築と解析**

○美浦裕介<sup>1</sup>、加藤孝弘<sup>1</sup>、高田啓<sup>1</sup>、朝井計<sup>2</sup>、吉川博文<sup>1</sup>

1)東京農大・応生科・バイオ、2)埼玉大・理工学・分子生物

17:50 2SA-6(2P-27) **枯草菌定常期におけるダイマーリボソーム形成機構及びyvyD遺伝子の機能解析**

○加増祐佳<sup>1</sup>、田上和美<sup>1</sup>、矢野晃一<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>

1)立教大学理学部生命理学科

17:52 2SA-7(2P-29) **枯草菌rRNAの分解制御に関する研究**

○前橋真利江<sup>1</sup>、渡辺和哉<sup>1</sup>、難波恵理<sup>1</sup>、中村浩一郎<sup>1</sup>、田上和美<sup>1</sup>、矢野晃一<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>

1)立教大学理学部生命理学科

17:54 2SA-8(2P-31) **枯草菌及び緑色硫黄細菌由来ferredoxin-NADP+酸化還元酵素のferredoxinとの相互作用における構造**

○瀬尾悌介<sup>1</sup>、栗栖源嗣<sup>2</sup>、樋口芳樹<sup>3</sup>、櫻井武<sup>1</sup>

1)金沢大学、2)大阪大学、3)兵庫県立大学

17:56 2SA-9(2P-39) **酸耐性獲得シアノバクテリアのゲノム情報解析**

○内山純爾<sup>1</sup>、兼崎友<sup>2</sup>、浅倉良介<sup>3</sup>、岩田直也<sup>3</sup>、吉川博文<sup>4</sup>、太田尚孝<sup>1,3</sup>

1)東理大・総研・RNA、2)東農大・生物資源、3)東理大・理、4)東農大・応生・バイオ

### «代謝工学・合成生物学»

17:58 2SA-10(2P-51) **枯草菌の16S rRNA改変型リボソームを用いた高発現系の開発**

○武田拓也<sup>1</sup>、鈴木祥太<sup>1</sup>、矢野晃一<sup>1</sup>、難波恵理<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>

1)立教大学理学部生命理学科

## 《メタゲノム研究》

18:00 2SA-11(2P-65) 細菌群集に環境刺激に対する頑健性を与える要因の解明

○伊藤貴広<sup>1</sup>、堂園亜由美<sup>1</sup>、西山依里<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>2</sup>、森宙史<sup>1</sup>、黒川顕<sup>1</sup>

1)東京工業大学大学院生命理工学研究科、2)東北大学大学院生命科学系研究科

18:02 2SA-12(2P-71) 土壌細菌群集団の移植と芳香族化合物による汚染化の変動解析

○永山浩史<sup>1</sup>、遠藤諒<sup>1</sup>、加藤広海<sup>1</sup>、大坪嘉行<sup>1</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>

1)東北大院生命科

18:04 2SA-13(2P-75) 土壌環境中で特異的に発現するタンパク質のプロテオーム解析

○森本一<sup>1</sup>、門屋享介<sup>1</sup>、桑野晶喜<sup>1</sup>、笠原康裕<sup>1</sup>

1)北大・低温研

## ●ポスター討論(12号館地下1階)

18:15~19:00 2P奇数番号

## ●懇親会(第一食堂)

19:15~20:45

# 口頭発表プログラム(8号館1階)

3月12日(月)

9:00 受付開始

## ●特別講演2

9:30 SL-2

### A multi-omics approach to the re-annotation of the *Bacillus subtilis* genome

Colin R. Harwood

Centre for Bacterial Cell Biology, Institute of Cell and Molecular Biosciences,  
Newcastle University, Professor

## ●一般口頭発表

### 《メタゲノム研究》

10:00 O-34(2P-56)

#### オーソログ解析に基づく新規ゲノム・メタゲノムデータのアノテーション

○内山郁夫<sup>1</sup>

1)基礎生物学研究所

10:12 O-35(2P-57)

#### アオコ発生湖水環境に存在するファージの網羅的解析

○島守祐月<sup>1</sup>、斎藤真奈美<sup>1</sup>、志村洋一郎<sup>1</sup>、稻元民夫<sup>1</sup>、福島淳<sup>1</sup>

1)秋田県大生物資源科学 微生物機能

10:24 O-36(2P-58)

#### ヒ素含有塩湖における微生物ヒ素代謝及び遺伝子発現応答の網羅的解析

○濱村奈津子<sup>1</sup>、奥田修二郎<sup>2</sup>

1)愛媛大・CMES, 2)立命館大・生命情報

10:36 O-37(2P-59)

#### ゲノム、メタゲノムに潜む潜在的機能ポテンシャルの評価

○高見英人<sup>1</sup>、谷口丈晃<sup>2</sup>、守屋繁樹<sup>3</sup>、桑原智巳<sup>4</sup>、金久實<sup>3</sup>、五斗進<sup>3</sup>

1)海洋機構、2)三菱総研、3)京大化研、4)香川大・医

10:48 O-38(2P-69)

#### Comprehensive 16S-based analysis of effect of probiotics on shaping human gut microbiota

○Seok-Won Kim<sup>1</sup>, Kenshiro Oshima<sup>1</sup>, Hidetoshi Morita<sup>2</sup>, Wataru Suda<sup>1</sup>, Shinji Fukuda<sup>3</sup>, Hiroshi Ohno<sup>3</sup>, Masahira Hattori<sup>1</sup>

1)Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, 2)Graduate School of Veterinary Medicine, Azabu University, 3)RCAI, RIKEN

11:00 O-39(2P-72)

#### 土壤擾乱に対し同調して動く遺伝子群の解析

○加藤広海<sup>1</sup>、森宙史<sup>2</sup>、豊田敦<sup>3</sup>、大坪嘉行<sup>1</sup>、丸山史人<sup>4</sup>、堂園亜由美<sup>2</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、藤山秋佐夫<sup>5</sup>、黒川顯<sup>2</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>

1)東北大学大学院生命科学研究科、2)東京工業大学大学院生命理工学研究科、3)国立遺伝学研究所、4)東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科、5)国立情報学研究所

11:12 O-40(2P-73)

#### メタゲノム解析による活性汚泥中の微生物群集構造の解明

○阿部貴志<sup>1</sup>、中田俊芳<sup>2</sup>、佐藤修正<sup>3</sup>、平川英樹<sup>3</sup>、近藤昭宏<sup>2</sup>、杉本千尋<sup>4</sup>、池村淑道<sup>5</sup>、松井和彦<sup>2</sup>

1)新潟大、2) (株)日吉、3)かずさDNA研究所、4)北大、5)長浜バイオ大

11:24 O-41(2P-66)

#### 水田土壤微生物群集のメタトランスクriptーム解析

○伊藤英臣<sup>1</sup>、石井聰<sup>1,2</sup>、大島健志朗<sup>3</sup>、白鳥豊<sup>4</sup>、大塚重人<sup>1</sup>、服部正平<sup>3</sup>、妹尾啓史<sup>1</sup>

1)東大院・農、2)北大・院工、3)東大院・新領域、4)新潟農総研

## ●ランチョンセミナー2

12:00~12:45

半導体チップが切り拓く、シーケンサの未来形  
ライフテクノロジーズジャパン株式会社

**Ion Proton™シーケンサの紹介**

熊井広哉

ライフテクノロジーズジャパン株式会社

**de novo ゲノム配列決定におけるIon PGM™シーケンサの利用**

小柳 亮

沖縄科学技術大学大学院 マリンゲノミックスユニット

## ●ショートトーク

### 《細胞増殖の分子機構》

13:00 2SB-1(2P-02) 大腸菌染色体大規模欠失株を用いた定常期の生存に関する遺伝子の探索

○岩館佑未<sup>1</sup>、加藤潤一<sup>1</sup>

1)首都大・理工

13:02 2SB-2(2P-08) なぜ微生物感染で死ぬのか?「感染防御としての死」仮説の検証

○福世真樹<sup>1</sup>、佐々木顕<sup>2</sup>、小林一三<sup>1</sup>

1)東大・新領域、東大・医科研、東大・理、2)総研大・生命共生体進化

13:04 2SB-3(2P-12) プラスミド由来核様体タンパク質のプラスミド安定性への寄与と作用機構の解明

○廣谷龍輔<sup>1</sup>、高瀬識之<sup>1</sup>、武田俊春<sup>1</sup>、鈴木千穂<sup>1</sup>、尹忠銘<sup>1,2</sup>、新谷政己<sup>1,3</sup>、山根久和<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>1,2</sup>

1)東大・生物工学セ、2)東大院農生科・アグリバイオ、3)理研BRC-JCM

13:06 2SB-4(2P-14) IncP-7群プラスミドpCAR1は宿主のバイオフィルム形成様式を変化させる

○李昇昱<sup>1</sup>、高橋裕里香<sup>1</sup>、大浦啓<sup>2</sup>、山根久和<sup>1</sup>、野村暢彦<sup>2</sup>、野尻秀昭<sup>1</sup>

1)東大生物工学セ、2)筑波大院生命環境

13:08 2SB-5(2P-22) SP10ファージ感染防御に関するプロファージSPβ nonA遺伝子の機能解析

○山本達也<sup>1</sup>、Yee Lii Mien<sup>2</sup>、朝井 計<sup>3</sup>、中村幸治<sup>1</sup>

1)筑波大院生命環境、2)東大生物工学セ、3)埼玉大院理工・分子生物

13:10 2SB-6(2P-28) 枯草菌の胞子形成初期におけるrRNAの分解制御に関する解析

○渡辺和哉<sup>1</sup>、前橋真利江<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>

1)立教大学 理学部 生命理学科

13:12 2SB-7(2P-30) 枯草菌16S rRNA変異株構築及び機能解析

○鈴木祥太<sup>1</sup>、矢野晃一<sup>1</sup>、関根靖彦<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>

1)立教大学 理学部 生命理学科

13:14 2SB-8(2P-38) *Synechocystis*の酸性ストレス条件下でPG含有量維持に関わるABCトランスポーターを構成する遺伝子の解析

○田原寛子<sup>1</sup>、内山純爾<sup>2</sup>、松本幸次<sup>3</sup>、太田尚孝<sup>1, 2</sup>

1)東理大・理、2)東理大・総研・RNA、3)埼玉大院・理工・生命科学

### 《代謝工学・合成生物学》

13:16 2SB-9(2P-46) チヤバネアオカメムシ-大腸菌の人工共生系

○石井佳子<sup>1</sup>、細川貴弘<sup>1</sup>、菊池義智<sup>1</sup>、深津武馬<sup>1</sup>

1)産業技術総合研究所・生物プロセス研究部門

- 13:18 2SB-10(2P-52) **枯草菌ゲノムベクターシステムを利用したミニセルロソームの構築**  
○中山 薫<sup>1</sup>、原 裕一<sup>1</sup>、松岡 智<sup>2</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大・バイオ、2)埼玉大・理・分子生物
- 13:20 2SB-11(2P-54) **糸状菌の機能未知生合成遺伝子を活用した二次代謝産物合成システムの構築**  
○中沢威人<sup>1</sup>、石内勘一郎<sup>1</sup>、大熊貴司<sup>1</sup>、石川格靖<sup>1</sup>、五反田康孝<sup>1</sup>、野口博司<sup>1</sup>、  
守屋央朗<sup>2</sup>、渡辺賢二<sup>1</sup>  
1)静岡県大・薬、2)岡山大・RCIS
- 《メタゲノム研究》
- 13:22 2SB-12(2P-60) **Features of sub-seafloor ecosystem revealed through fine scale metagenomic analyses**  
○河合幹彦<sup>1</sup>、豊田敦<sup>2</sup>、高木善弘<sup>1</sup>、西真郎<sup>1</sup>、荒井涉<sup>1</sup>、内山郁夫<sup>3</sup>、坪内泰志<sup>1</sup>、  
諸野祐樹<sup>1</sup>、青池寛<sup>1</sup>、高井研<sup>1</sup>、稻垣史生<sup>1</sup>、高見英人<sup>1</sup>  
1)海洋研究開発機構、2)遺伝研、3)基生研
- 13:24 2SB-13(2P-64) **湯野浜温泉源泉中の微生物に対するメタトランスクriptオーム解析によって明らかになった新規small RNAと特徴的なtRNA分解**  
○村上 慎之介<sup>1,2</sup>、藤島 皓介<sup>1</sup>、富田 勝<sup>1,2,3</sup>、金井 昭夫<sup>1,2,3</sup>  
1)慶應義塾大学先端生命科学研究所、2)慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科、  
3)慶應義塾大学環境情報学部
- 13:26 2SB-14(2P-70) **日本人腸内マイクロバイオーム遺伝子の特徴解明**  
○西嶋傑<sup>1</sup>、大島健志郎<sup>1</sup>、飯岡恵里香<sup>1</sup>、大森恵美<sup>1</sup>、金錫元<sup>1</sup>、金相完<sup>1</sup>、須田瓦<sup>1</sup>、  
森田英利<sup>2</sup>、服部正平<sup>1</sup>  
1)東大院・新領域、2)麻布大・獣

## ●ポスター討論(12号館地下1階)

13:40~14:25 2P偶数番号

## ●シンポジウム1:我が国の微生物ゲノムと新型シーケンサー

- 14:40~16:00 オーガナイザー:林 哲也、黒川 顕  
話題提供  
**新型シーケンサーを活用した病原細菌のゲノム配列解析**  
林 哲也  
宮崎大学・フロンティア科学実験総合センター・生命環境科学分野(同・医学部・感染症学講座・微生物学分野兼任)  
**次世代シーケンサーを用いた網羅解析の可能性**  
大島 拓  
奈良先端大  
**シーケンスセンターの経験と課題 ~微生物ゲノムを中心に~**  
吉川 博文  
東京農大・ゲノム解析センター  
**環境汚染物質添加土壤での微生物集団の経時的メタゲノム解析**  
津田雅孝  
東北大・院生命科学  
**総合討論**

## ●シンポジウム2: 原核微生物における生物種とは何か?: 新時代のゲノム微生物学から種の規定を考える

16:10~17:30

オーガナイザー: 大島泰郎(共和化工)、別所 義隆(理研SPring-8)

話題提供

はじめに <種のアイデンティティ遺伝子とは>

別所義隆

理化学研究所

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* を新種とした理由: 40年前に考えたことと  
今に考えること

大島泰郎

共和化工

何をもってして大腸菌と定義するのか?

森 浩楨

NAIST

キメラゲノム: 大規模水平伝播により形成されるバクテリア生物種の規定

板谷光泰

慶應義塾大学

ゲノム進化における個を維持するシステム

西田洋巳

東京大学

総合討論

<コメンテーター>

小笠原 直毅 (NAIST) 「21世紀のゲノム微生物学」

伊藤 隆 (理化学研究所) 「微生物系統分類学の過去と未来を考える」

市川 夏子 (NITE) 「網羅ゲノム解析で知る同属タイプ株の多様性」

江崎 孝行 (岐阜大学) 「微生物の分布と種分化」

# ポスター発表プログラム

ポスター掲示期間:

1P 3月10日(土)13:00～3月11日(日)12:00

2P 3月11日(日)12:15～3月12日(月)14:25

ポスター討論時間:

1P奇数番号 3月10日(土)18:15～19:00

1P偶数番号 3月11日(日)11:15～12:00

2P奇数番号 3月11日(日)18:15～19:00

2P偶数番号 3月12日(月)13:40～14:25

## 1P

### 《ゲノムの構造と進化》

1P-1 新型マラリア *Plasmodium knowlesi* (二日熱マラリア)のゲノム解析

○白川康一<sup>1</sup>、西渕光昭<sup>2</sup>

1)京大院 医 病原細菌学、2)京大 東南アジア研究所

1P-2 ファージとその防御機構に着目したA群レンサ球菌ゲノムの種内多様性解析

○細見晋吾<sup>1</sup>、相川知宏<sup>1</sup>、丸山史人<sup>1</sup>、中川一路<sup>1</sup>

1)東京医科歯科大学院 医歯学総合研究科 細菌感染制御学

1P-3(O-1) ピロリ菌 *cagA* 癌遺伝子の組換えによる進化

○古田芳一<sup>1,2</sup>、矢原耕史<sup>3</sup>、畠山昌則<sup>4</sup>、小林一三<sup>1,2,5</sup>

1)東大院 新領域、2)東大 医科研、3)久留米大院 医、4)東大院 医、5)東大院 理

1P-4(O-2) Conjugative transposon CTnPg1の類似CTnとaccessory geneの解析

○内藤真理子<sup>1</sup>、佐藤啓子<sup>1</sup>、雪竹英治<sup>1</sup>、庄子幹郎<sup>1</sup>、中山浩次<sup>1</sup>

1)長崎大院 医歯薬 口腔病原微生物学

1P-5 犬膿皮症由来 *Staphylococcus pseudintermedius* 表皮剥脱毒素ExpB産生株の全ゲノム配列解析

○久恒順三<sup>1,2</sup>、平川英樹<sup>3</sup>、伊從慶太<sup>4</sup>、西藤公司<sup>4</sup>、大島健志朗<sup>5</sup>、服部正平<sup>5</sup>、菅井基行<sup>1,2</sup>

1)広島大院 内感染症プロジェクト研究センター、2)医歯薬 細菌、3)かずさDNA研、4)東京農工大 農学、

5)東大院 新領域

1P-6 腸管侵入性大腸菌のゲノム解析

○小椋義俊<sup>1,2</sup>、大岡唯祐<sup>2</sup>、磯部順子<sup>3</sup>、河野喜美子<sup>4</sup>、松本昌門<sup>5</sup>、勢戸和子<sup>6</sup>、岩出義人<sup>7</sup>、緒方喜久代<sup>8</sup>、林哲也<sup>1,2</sup>

1)宮崎大フロンティア、2)宮崎大 医 微生物、3)富山衛研 細菌、4)宮崎衛環研 微生物、5)愛知衛研 細菌、6)大阪公衛研 感染症 細菌、7)三重保衛研 微生物、8)大分衛環研 微生物

1P-7(O-3) 乳酸菌とビフィズス菌における線毛遺伝子群の解析

○森田英利<sup>1</sup>、Tulika Prakash<sup>2</sup>、大島健志朗<sup>3</sup>、藤英博<sup>4</sup>、Todd D. Taylor<sup>2</sup>、五十君靜信<sup>5</sup>、服部正平<sup>3</sup>

1)麻布大獣、2)理研 QBiC、3)東大院 新領域、4)九大 生体防御、5)国立医薬品食品研

1P-8(1SB-1) ランダム変異導入法への応用を目指したビフィズス菌由来挿入配列TLS143の機能解析

○阪中幹祥<sup>1</sup>、阿部光紗<sup>1</sup>、平山洋佑<sup>1</sup>、吹谷智<sup>1</sup>、加納康正<sup>2</sup>、横田篤<sup>1</sup>

1)北大院農 応生科、2)京都薬大 遺伝子工

1P-9(O-4) ヒト腸内から分離したイソフラボン代謝細菌のゲノム解析

○横山慎一郎<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>2</sup>、野村泉<sup>3</sup>、川田結花<sup>3</sup>、服部正平<sup>2</sup>、鈴木徹<sup>3</sup>

1)岐阜県産業技術センター、2)東京大学新領域創成科学研究科、3)岐阜大学連合農学研究科

- 1P-10(O-5)** Whole-genome resequencing of *Synechocystis* sp. PCC 6803 substrains by massively parallel sequencer  
 ○ Yu Kanesaki<sup>1</sup>, Yuh Shiwa<sup>1</sup>, Naoyuki Tajima<sup>2</sup>, Marie Suzuki<sup>3</sup>, Satoru Watanabe<sup>3</sup>, Naoki Sato<sup>2</sup>, Masahiko Ikeuchi<sup>2</sup>, and Hirofumi Yoshikawa<sup>1,3</sup>  
 1)NGRC, Tokyo Univ. Agric., 2) Grad. Sch. of Arts and Sciences, The Univ. Tokyo, 3)Fac. Appl. Biosci., Tokyo Univ. Agric.
- 1P-11(O-6)** 補色順化能を持つシアノバクテリアのゲノム解析  
 ○ 広瀬侑<sup>1,2</sup>、飯岡恵里香<sup>2</sup>、大森恵美<sup>2</sup>、須田亘<sup>2</sup>、大島健志朗<sup>2</sup>、華岡光正<sup>3</sup>、片山光徳<sup>4</sup>、田中寛<sup>5</sup>、池内昌彦<sup>2</sup>、服部正平<sup>2</sup>  
 1)豊橋技術科学大学、2)東京大学、3)千葉大学、4)日本大学、5)東京工業大学
- 1P-12** 共生窒素固定放線菌フランキアのゲノム構造の多様性  
 ○ 九町健一<sup>1</sup>、笹川英夫<sup>2</sup>、山中高史<sup>3</sup>、阿部美紀子<sup>1</sup>、内海俊樹<sup>1</sup>  
 1)鹿児島大学、2)岡山大学、3)森林総合研究所
- 1P-13** ダイズ根粒菌 *Bradyrhizobium elkanii* のゲノム構造解析  
 ○ 金子貴一<sup>1</sup>、宮澤幸樹<sup>1</sup>、飛彈英伸<sup>1</sup>、渡辺安希子<sup>2</sup>、平川英樹<sup>2</sup>、田畠哲之<sup>2</sup>、佐藤修正<sup>2</sup>  
 1)京都産業大 工、2)かずさDNA研
- 1P-14(1SB-2)** ミヤコグサ根粒菌 (*Mesorhizobium loti*) 12株における遺伝子構造の比較解析  
 ○ 真板寛子<sup>1,2</sup>、平川英樹<sup>1</sup>、佐伯和彦<sup>3</sup>、田畠哲之<sup>1</sup>、佐藤修正<sup>1,2</sup>  
 1)かずさDNA研 植物ゲノム、2)東北大院 生命科学、3)奈良女子大 理
- 1P-15(O-7)** ミカンキジラミ共生細菌2種のゲノム構造と機能的役割  
 ○ 中鉢淳<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>2</sup>、上岡麗子<sup>3</sup>、Alfonso Mangoni<sup>4</sup>、Mihaela Gurgui<sup>3</sup>、Neil Oldham<sup>5</sup>、Gerhild van Echten-Deckert<sup>3</sup>、井上広光<sup>6</sup>、大熊盛也<sup>7</sup>、本郷裕一<sup>8</sup>、宮城島進也<sup>9</sup>、Jörn Piel<sup>3</sup>、服部正平<sup>2</sup>、深津武馬<sup>10</sup>  
 1)豊橋技科大、2)東大、3)ボン大、4)ナポリ大、5)ノッティンガム大、6)果樹研、7)理研、8)東工大、9)遺伝研、10)産総研
- 1P-16(O-8)** 深海底熱水活動域に棲息する新奇硫黄酸化 *Gammaproteobacteria* のゲノム解析  
 ○ 布浦拓郎<sup>1</sup>、風間宏美<sup>1</sup>、角太淳吾<sup>1</sup>、島村繁<sup>1</sup>、高木善弘<sup>1</sup>、高井研<sup>1</sup>  
 1)海洋研究開発機構 深海 地殻内
- 1P-17** N<sub>2</sub>O還元型脱窒細菌 *Azoarcus* 属 KH32C株のゲノム解析  
 ○ 西澤智康<sup>1</sup>、多胡香奈子<sup>1,2</sup>、石井聰<sup>1,3</sup>、藤井大地<sup>1</sup>、大塚重人<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>4</sup>、服部正平<sup>4</sup>、妹尾啓史<sup>1</sup>  
 1)東大院 農生命、2)現 農環研、3)現 北大 工、4)東大院 新領域
- 1P-18** 土壤低栄養細菌 *Agromonas oligotrophica* S58<sup>T</sup> のゲノム解析  
 ○ 大久保卓<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>2</sup>、三井久幸<sup>1</sup>、服部勉<sup>3</sup>、服部正平<sup>4</sup>、南澤究<sup>1</sup>  
 1)東北大院 生命、2)東大院 新領域、3)アチックラボ
- 1P-19(O-9)** 全ゲノム解読から明らかになった好アルカリ性細菌 *Bacillus pseudofirmus* OF4株のアルカリ性環境適応機構  
 B. Janto<sup>1</sup>, A. Ahmed<sup>1</sup>, ○伊藤政博<sup>2</sup>, J. Liu<sup>3</sup>, D. Hicks<sup>3</sup>, S. Pagni<sup>3</sup>, O. Fackelmayer<sup>3</sup>, T. Smith<sup>3</sup>, J. Earl<sup>1</sup>, L. Elbourne<sup>4</sup>, K. Hassan<sup>4</sup>, I. Paulsen<sup>4</sup>, A. Kolstø<sup>5</sup>, N. Tourasse<sup>6</sup>, G. Ehrlich<sup>1</sup>, R. Boissy<sup>1</sup>, D. Mack Ivey<sup>7</sup>, G. Li<sup>8</sup>, Y. Xue<sup>8</sup>, Y. Ma<sup>8</sup>, F. Hu<sup>1</sup>, T. Krulwich<sup>3</sup>  
 1)Drexel University College of Medicine, USA、2) 東洋大学、3)Mt. Sinai School of Medicine, USA、4) Macquarie University, Australia、5)University of Oslo, Norway、6)Université Pierre et Marie Curie, France、7)University of Arkansas, USA、8)Chinese Academy of Sciences, China
- 1P-20** 次世代シーケンサによる耐塩性微生物 *Paraliobacillus ryukyuensis* の網羅的遺伝子解析  
 ○ 塚原正俊<sup>1</sup>、ファンテー タイ<sup>1</sup>、東春奈<sup>1</sup>、鼠尾まい子<sup>1</sup>  
 1)(株)バイオジエット

- 1P-21(O-10) 南極大陸*Pseudomonas*属細菌のゲノム特性**  
○馬場知哉<sup>1</sup>、阿部貴志<sup>2</sup>、豊田敦<sup>3</sup>、藤山秋佐夫<sup>3,4</sup>、伊村智<sup>5</sup>、神田啓史<sup>5</sup>、本山秀明<sup>5</sup>、仁木宏典<sup>3</sup>  
1)新領域融合研究センター、2)新潟大学、3)国立遺伝学研究所、4)国立情報学研究所、5)国立極地研究所
- 1P-22 βアミノ酸系化合物を生産する*Streptomyces* spp.のドラフトゲノム解析**  
○萩原央子<sup>1</sup>、小山芳典<sup>1</sup>、竹田至<sup>1,2</sup>、寺井悟朗<sup>1,3</sup>、新家一男<sup>1</sup>、浅井潔<sup>1</sup>、内藤信輔<sup>4</sup>、加藤雅士<sup>4</sup>、吉村巧<sup>5</sup>、町田雅之<sup>1,2</sup>  
1)産総研、2)東京農工大、3)インテック、4)名城大学、5)ケイアイ研
- 1P-23(1SA-1) 有機塩素系殺虫剤gamma-hexachlorocyclohexane分解能を有する*Sphingobium* sp. TKS株のゲノム解析**  
○大畠智史<sup>1</sup>、川角徹<sup>1</sup>、大坪嘉行<sup>1</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>  
1)東北大学大学院生命科学研究所
- 1P-24 GenoFinisherを用いた*Pseudomonas* sp.CF600ゲノムの完全配列決定**  
○奥野周<sup>1</sup>、大坪嘉行<sup>1</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>  
1)東北大学大学院生命科学研究所
- 1P-25 醤油麹菌 *Aspergillus sojae* のゲノム解析**  
○佐藤敦史<sup>1,2</sup>、大島健志郎<sup>3</sup>、野口英樹<sup>4</sup>、高橋理<sup>1</sup>、小山泰二<sup>2</sup>、伊藤武彦<sup>4</sup>、服部正平<sup>3</sup>、半谷吉誠<sup>1</sup>  
1)キッコーマン、2)野田産研、3)東大院新領域、4)東工大院生命理工
- 1P-26 微細藻類*Parachlorella kessleri*の全ゲノムシークエンス**  
○大島健志郎<sup>1</sup>、広瀬侑<sup>1,2</sup>、大田修平<sup>3</sup>、渡邊光一<sup>3</sup>、河野重行<sup>3</sup>、服部正平<sup>1</sup>  
1)東大院 新領域 オーミクス、2)豊橋技科大 EIIRIS、3)東大院 新領域 先端生命
- 1P-27 シロウリガイ類共生細菌種間でのNER関連遺伝子の欠失過程と共生細菌ゲノム縮小進化**  
○島村繁<sup>1</sup>、金子隆司<sup>1,2</sup>、丸山正<sup>1</sup>、吉田尊雄<sup>1</sup>  
1)独立行政法人海洋研究開発機構、2)東京バイオテクノロジー専門学校
- 1P-28(1SB-3) 有毒ラン藻*Microcystis aeruginosa*のCRISPR領域における外来DNA由来配列の多様性**  
○久野草太郎<sup>1</sup>、吉田天士<sup>1</sup>、金子貴一<sup>2</sup>、左子芳彦<sup>1</sup>  
1)京都大学大学院農学研究科、2)京都産業大学総合生命科学部
- 1P-29(O-11) 納豆菌多数株のリシークエンシングとゲノム多型解析**  
三宅正透<sup>1</sup>、○八谷剛史<sup>1</sup>、長谷純崇<sup>1</sup>、志波優<sup>2</sup>、久保雄司<sup>3</sup>、吉川博文<sup>2,4</sup>、木村啓太郎<sup>5</sup>、榎原康文<sup>1</sup>  
1)慶應大 理工、2)東京農大 ゲノムセンター、3)茨城県工業技術センター、4)東京農大 バイオ、5)農研機構 食総研
- 1P-30(1SB-4) 不均衡変異導入法におけるゲノムワイドな変異スペクトル解析**  
○志波優<sup>1</sup>、田中(福島)早苗<sup>2</sup>、笠原堅<sup>2</sup>、堀内貴之<sup>2</sup>、吉川博文<sup>1,3</sup>  
1)東農大 ゲノム解析セ、2)(株)ネオ モルガン研究所、3)東農大応生科 バイオ
- 1P-31 枯草菌における納豆菌挿入配列の転移制御機構に関する宿主因子の探索**  
○明石基洋<sup>1</sup>、茂木俊丞<sup>1</sup>、大河内悠貴<sup>1</sup>、高橋究<sup>1</sup>、千葉櫻拓<sup>1</sup>、加田茂樹<sup>2</sup>、山上圭吾<sup>2</sup>、関根靖彦<sup>3</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大 バイオ、2)ミツカン中研、3)立教大学 理
- 1P-32 オペロンの水平伝播による細菌ゲノムの多様性獲得**  
○野口恵<sup>1</sup>、森宇宙<sup>1</sup>、丸山史人<sup>2</sup>、黒川顕<sup>1</sup>  
1)東京工業大学大学院生命理工学研究科、2)東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科

- 1P-33(1SA-3) arCOGsに基づくEuryarchaeotaの系統解析**  
○木幡賢人<sup>1</sup>、有田正規<sup>1</sup>  
1)東大院 新領域
- 1P-34 ゲノム解析による導入遺伝子の挿入位置と末端周辺配列の同定の試み**  
○高木忍<sup>1</sup>、宇田川裕晃<sup>1</sup>、竹田 綾<sup>2</sup>  
1)ノボザイムズ ジャパン(株)、2)(株)ジナリス
- 1P-35(O-21) 薬剤耐性大腸菌の実験進化的創出と耐性化機構の解析**  
○鈴木真吾<sup>1</sup>、堀之内貴明<sup>1</sup>、古澤力<sup>1,2</sup>  
1)理研 生命システム研究センター(QBIC)、2)阪大院 情報
- 1P-36 遺伝子水平伝播シミュレーションプログラム(HGT-Gen)の開発**  
○堀池徳祐<sup>1</sup>、宮田大輔<sup>2</sup>、薬袋良一<sup>1</sup>、館野義男<sup>3</sup>  
1)静岡大学 若手グローバル研究リーダー育成拠点、2)千葉商科大学 商、3)浦項工科大学 生物工
- 1P-37(1SA-4) 新規情報学的戦略を用いた膨大な量のインフルエンザウイルスゲノムからの特徴抽出**  
○岩崎裕貴<sup>1</sup>、阿部貴志<sup>1,2</sup>、和田健之介<sup>1</sup>、伊藤正恵<sup>1</sup>、池村淑道<sup>1</sup>  
1)長浜バイオ大、2)新潟大
- 1P-38(O-12) tRNADB-CEで公開した全tRNA遺伝子を対象とした自己組織化マップ解析**  
岩崎裕貴<sup>1</sup>、阿部貴志<sup>1,2</sup>、小林佳史<sup>1</sup>、三宅雄大<sup>1</sup>、馮麗利<sup>1</sup>、山田優子<sup>1</sup>、武藤昱<sup>3</sup>、井口八郎<sup>1</sup>、○池村淑道<sup>1</sup>  
1)長浜バイオ大、2)新潟大、3)弘前大
- 《バイオインフォマティクス》**
- 1P-39 微生物ドラフトゲノムのフィニッシングツールGenoFinisher**  
○大坪嘉行<sup>1</sup>、奥野周<sup>1</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>  
1)東北大学大学院生命科学研究科
- 1P-40 微生物の棲息環境データの記述、整理のためのオントロジー構築**  
○森宙史<sup>1</sup>、岡本忍<sup>2</sup>、川島秀一<sup>3</sup>、竹原潤一<sup>1</sup>、吉野弘二<sup>1</sup>、MicrobeDB.jpプロジェクトチーム  
1)東工大院 生命理工、2)ライフサイエンス統合データベースセンター、3)東大 ヒトゲノム解析センター
- 1P-41 微生物統合データベース MicrobeDB.jp**  
○MicrobeDB.jpプロジェクトチーム<sup>1,2,3</sup>  
1)東京工業大学、2)国立遺伝学研究所、3)基礎生物学研究所
- 1P-42 微生物ゲノムデータの登録システム in DDBJ**  
○李慶範<sup>1</sup>、大城戸利久<sup>1</sup>、横山会美<sup>1</sup>、児玉悠一<sup>1</sup>、野崎亜沙美<sup>1</sup>、真島 淳<sup>1</sup>、神沼英里<sup>1</sup>、菅原秀明<sup>1</sup>、高木利久<sup>1,3</sup>、大久保公策<sup>1,2</sup>、中村保一<sup>1</sup>  
1)日本DNAデータバンク(DDBJ)、2)ライフサイエンス統合データベースセンター、3)東京大学大学院新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻
- 1P-43 TogoAnnotation: ゲノムアノテーションリファレンス情報集積システム整備と放線菌アノテーションの試み**  
○藤澤貴智<sup>1</sup>、岡本忍<sup>2</sup>、照井敬子<sup>1</sup>、桧原直子<sup>1</sup>、加藤香奈<sup>1</sup>、石井英治<sup>1,3</sup>、神沼英里<sup>1</sup>、菅原秀明<sup>1</sup>、内山郁夫<sup>4</sup>、黒川顕<sup>5</sup>、中村保一<sup>1</sup>  
1)情報システム研究機構 国立遺伝学研究所 生命情報DDBJ研究センター、2)情報システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター、3)近畿大学大学院 農学研究科、4)基礎生物学研究所 理論生物学領域、5)東京工業大学 大学院 生命理工学研究科 生命情報専攻
- 1P-44 微生物比較ゲノムデータベースMBGDにおけるオーソログ分類の改良:ドメイン境界の精緻化を中心**  
○千葉啓和<sup>1</sup>、内山郁夫<sup>1</sup>  
1)基礎生物学研究所

- 1P-45 比較ゲノムを用いた二次代謝系遺伝子クラスターの予測**  
○竹田至<sup>1</sup>、梅村舞子<sup>2</sup>、小池英明<sup>2</sup>、小山芳典<sup>2</sup>、町田雅之<sup>2</sup>  
1)東京農工大学、2)産業技術総合研究所
- 1P-46(1SB-5) GPUを用いたメタゲノム解析のための大規模配列相同性検索ツールCLASTの開発**  
○矢野雅大<sup>1</sup>、森宙史<sup>2</sup> 黒川顕<sup>2</sup>  
1)東工大 生命理工学部、2)東工大院 生命理工
- 1P-47(1SA-5) マルチエージェント法を用いた細菌群集シミュレーション**  
○堂園亜由美<sup>1</sup>、伊藤貴広<sup>1</sup>、西山依里<sup>1</sup>、森宙史<sup>1</sup>、黒川顕<sup>1</sup>  
1)東京工業大学大学院生命理工学研究科
- 《遺伝子の発現制御》
- 1P-48(O-13) Genomic and environmental contributions to bacterial transcriptome**  
○應 蓼文<sup>1</sup>、瀬尾茂人<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1,2,3</sup>  
1)阪大院 情報、2)阪大院 生命機能、3)ERATO
- 1P-49 γプロテオバクテリアに現れたパントテン酸合成の新規制御因子PanZ**  
○野崎晋五<sup>1</sup>、仁木宏典<sup>1,2</sup>  
1)情報システム研究機構 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター、2)総合研究大学院大学 遺伝学専攻
- 1P-50(O-14) 大腸菌二成分制御系間で働く新規調節因子の探索とその機能解析**  
○石井英治<sup>1</sup>、植田健陽<sup>1</sup>、江口陽子<sup>2</sup>、吉川雄樹<sup>2</sup>、井上貴人<sup>2</sup>、仲宗根薰<sup>3</sup>、内海龍太郎<sup>1,2</sup>  
1)近畿大院 農バイオ、2)近畿大 農バイオ、3)近畿大 工生化工
- 1P-51(O-15) 核様体タンパク質H-NS結合位置の大腸菌株間比較解析**  
○東光一<sup>1</sup>、戸邊亨<sup>2</sup>、鈴木穰<sup>3</sup>、菅野純夫<sup>3</sup>、石川周<sup>4</sup>、小笠原直毅<sup>4</sup>、黒川顕<sup>1</sup>、大島拓<sup>4</sup>  
1)東京工業大学大学院生命理工学研究科、2)大阪大学大学院医学系研究科、3)東京大学大学院新領域創成科学研究科、4)奈良先端科学技術大学院大学バイサイエンス研究科
- 1P-52(O-16) 大腸菌転写因子LeuO のゲノム転写制御における新規役割: Universal Silencer H-NSに対する拮抗作用**  
○島田友裕<sup>1,2,3</sup>、Arnaud Brider<sup>4</sup>、Romain Briandet<sup>4</sup>、石浜明<sup>2,3</sup>  
1)東京工業大学資源化学研究所、2)法政大学マイクロ ナノテクノロジー研究センター、3)法政大学生命科学部、4)INRA Micalis, France
- 1P-53 大腸菌機能未知転写因子YiaUの制御標的遺伝子群の同定と機能解析**  
○村山里枝<sup>1</sup>、島田友裕<sup>1,2</sup>、小笠原寛<sup>1,3</sup>、片山泰徳<sup>1</sup>、郡彩子<sup>1</sup>、山田佳代子<sup>1</sup>、石浜明<sup>1</sup>  
1)法政大学 生命科学、2)東京工業大学 資源化学研、3)信州大学 ヒト環境研究セ
- 1P-54 大腸菌機能未知転写因子YegWの転写制御機能の解析**  
○保科元気<sup>1</sup>、島田友裕<sup>1,2</sup>、佐藤史佳<sup>1</sup>、荒井明菜<sup>1</sup>、山田佳代子<sup>1</sup>、郡彩子<sup>1</sup>、石浜明<sup>1</sup>  
1)法政大学 生命科学 生命機能、2)東京工業大学 資源化学研
- 1P-55(1SA-6) プラスミド由来H-NS様因子の新規な多量体形成機構**  
○鈴木千穂<sup>1</sup>、尹忠鉢<sup>1,2</sup>、堀田彰一朗<sup>3</sup>、寺田透<sup>2</sup>、田之倉優<sup>3</sup>、山根久和<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>1,2</sup>  
1)東大 生物工学セ、2)東大院農生科 アグリバイオ、3)東大院農生科 応生化
- 1P-56 *Pseudomonas* sp. NT-80における耐熱性リバーゼ発現誘導機構の解析**  
○赤沼元気<sup>1</sup>、関谷麻美<sup>1</sup>、吉澤梨絵<sup>1</sup>、牛尾一利<sup>2</sup>、志波優<sup>3</sup>、渡辺智<sup>4</sup>、吉川博文<sup>3,4</sup>、石塚盛雄<sup>1</sup>  
1)中央大 理工 応化、2)新居浜高専 生物応化、3)東京農大 NGRC、4)東京農大 応生科 バイオ

- 1P-57(1SA-7) 枯草菌における転写開始点に依存した新規熱ショック応答機構の解析  
○佐藤絢<sup>1</sup>、小林郷菜<sup>1</sup>、小川陸雄<sup>1</sup>、松本光生<sup>1</sup>、渡辺智<sup>1</sup>、千葉櫻拓<sup>1</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大 バイオ
- 1P-58(O-18) *Bacillus megaterium* の光センサー型転写調節タンパク質 LitRの機能解析  
○高野英晃<sup>1</sup>、萩原健太<sup>1</sup>、平田直哉<sup>1</sup>、上田賢志<sup>1</sup>  
1)日大生物資源 生命科学研究センター
- 1P-59(O-17) 枯草菌DegS-DegU2成分制御系遺伝子発現はClpXP-Spxタンパク分解システムとグルコース-CcpAシステムの支配下にある。  
石井洋<sup>1</sup>、志波優<sup>2</sup>、吉川博文<sup>2,3</sup>、田中暉夫<sup>1</sup>、○小倉光雄<sup>1</sup>  
1)東海大 海洋研、2)東農大 NGRC、3)東農大 バイオ
- 1P-60(1SB-6) Genome-wide analysis of protein-DNA interactions by *in vivo* genome footprinting with high-throughput sequencing  
○ Onuma Chumsakul<sup>1</sup>, Kensuke Nakamura<sup>2</sup>, Shu Ishikawa<sup>1</sup>, Taku Oshima<sup>1</sup>, Naotake Ogasawara<sup>1</sup>  
1)Graduate School of Biological Sciences, 2)Graduate School of Information Science, Nara Institute of Science and Technology
- 1P-61 枯草菌緊縮制御の転写開始点の塩基種に依存した胞子形成誘導機構  
○東條繁郎<sup>1</sup>、広岡和丈<sup>1</sup>、藤田泰太郎<sup>1</sup>  
1)福山大学 生命工学部 生物工学科
- 1P-62(1SB-7) 枯草菌の胞子形成期に特異的な翻訳機能を変化させる16S rRNA変異株の探索  
○難波恵理<sup>1</sup>、前橋真利江<sup>1</sup>、鈴木祥太<sup>1</sup>、武田拓也<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>  
1)立教大学 理学部 生命理学科
- 1P-63(O-19) なぜ放線菌*Streptomyces griseus* の主要シグマ因子はECFシグマ因子に制御されるのか  
○大谷啓志<sup>1</sup>、大西康夫<sup>1</sup>  
1)東大院農生科 応生工
- 1P-64 転写因子AdpAとtRNA BldAからなるフィードバックループによる*Streptomyces* 属放線菌の遺伝子発現制御  
○肥後明佳<sup>1</sup>、堀之内末治<sup>1</sup>、大西康夫<sup>1</sup>  
1)東大院農生科 応生工
- 1P-65(1SA-8) *Anabaena* sp. PCC 7120のヘテロシスト分化におけるゲノムDNAのメチル化  
○田中裕二<sup>1</sup>、栗井光一郎<sup>2</sup>  
1)静岡大学大学院、2)静岡大学若手グローバル育成拠点
- 1P-66 シアノバクテリア*Synechococcus elongatus* PCC 7942における二成分制御系レスポンスレギュレーターSrrAの機能解析  
○林麻衣子<sup>1</sup>、加藤宏明<sup>1</sup>、久保知之<sup>1</sup>、嵯峨濃結衣<sup>1</sup>、渡辺智<sup>1</sup>、千葉櫻拓<sup>1</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大 応生科 バイオ
- 1P-67 二成分情報伝達システムによるイネ苗立枯細菌病菌*Burkholderia plantarii*における植物毒素トロポロンの生産制御  
○紀平絵梨<sup>1</sup>、岡本 尚<sup>1</sup>、仲宗根 薫<sup>2</sup>、関根光雄<sup>3</sup>、藤田信之<sup>3</sup>、波多野和樹<sup>4</sup>、五十嵐雅之<sup>4</sup>、内海 龍太郎<sup>1</sup>  
1)近畿大院農 バイオ、2)近畿大工 生化工、3)NITE、4)微化研
- 1P-68(O-20) 共生窒素固定に重要な根粒菌シグマ因子RpoH1/RpoH2の解析  
○三井久幸<sup>1</sup>  
1)東北大 院生命科

## «真核微生物»

- 1P-69(O-22) 植物で初めて同定された窒素同化を制御する転写因子  
○今村壮輔<sup>1,2</sup>、兼崎友<sup>2</sup>、大沼みお<sup>3</sup>、井上貴之<sup>3</sup>、関根靖彦<sup>3</sup>、藤原崇之<sup>3</sup>、黒岩常祥<sup>3</sup>、田中寛<sup>1,2</sup>  
1)東工大資源研、2)東大分生研、3)立教大理
- 1P-70(O-23) ジャポニカス分裂酵母に見いだされた菌糸の光応答反応  
○仁木宏典<sup>1,2</sup>、岡本尚<sup>1</sup>、野崎晋五<sup>1</sup>、古谷寛治<sup>1,3</sup>  
1)情報システム研究機構 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター、2)総合研究大学院大学 遺伝学専攻、3)京都大学放射線生物研究センター
- 1P-71(1SA-9) 分裂酵母を用いた試験管内生殖隔離の実現に向けて  
○清家泰介<sup>1</sup>、中村太郎<sup>1</sup>、下田親<sup>1</sup>  
1)大阪市立大学大学院理学研究科
- 1P-72(O-24) 担子菌類のヌクレオソームマップ解析  
○西田洋巳<sup>1</sup>、近藤伸二<sup>2</sup>、松本貴嗣<sup>3</sup>、鈴木穣<sup>4</sup>、吉川博文<sup>3</sup>、Todd D. Taylor<sup>2</sup>、杉山純多<sup>5</sup>  
1)東京大学農学生命科学研究科、2)理化学研究所、3)東京農業大学、4)東京大学新領域創成科学研究所、5)テクノスルガ ラボ
- 1P-73 細胞性粘菌種間での遺伝子発現パターンの網羅的比較解析  
○福原健輔<sup>1</sup>、毛利蔵人<sup>1</sup>、桑山秀一<sup>1</sup>、漆原秀子<sup>1</sup>  
1)筑波大学生命環境系
- 1P-74(O-25) Arachidonic acid cascade negatively contributes to caffeine tolerance via non-apoptotic pathway.  
○Hidekazu Kuwayama<sup>1</sup>  
1)Graduate School of Life and Environment, University of Tsukuba, Japan

## 2P

### «細胞増殖の分子機構»

- 2P-1 大腸菌の生育に必須なtRNA修飾酵素遺伝子ygjDの遺伝学的解析  
○橋本知佳<sup>1</sup>、加藤潤一<sup>1</sup>  
1)首都大 理工 生命
- 2P-2(2SB-1) 大腸菌染色体大規模欠失株を用いた定常期の生存に関する遺伝子の探索  
○岩館佑未<sup>1</sup>、加藤潤一<sup>1</sup>  
1)首都大 理工 生命
- 2P-3(O-26) 細菌培養誘導期の観察  
山本悠里江<sup>1</sup>、中西忍<sup>1</sup>、工藤融<sup>1</sup>、○橋本昌征<sup>2</sup>  
1)信州大 繊維 応生、2)信州大 若手拠点
- 2P-4(O-27) Keio collectionを使ったHydroxyurea感受性株の解析  
○中屋敷徹<sup>1</sup>、森浩禎<sup>1</sup>  
1)奈良先端科学技術大学院大学
- 2P-5(2SA-1) Functional Profiling of the *E. coli* Genes in Long-Term Stationary Phase  
○Y. Otsuka<sup>1</sup>, R. Takeuchi<sup>1</sup>, H. Dose<sup>1</sup>, H-C. Huang<sup>2</sup>, H-F. Juan<sup>3</sup>, M. Yamada<sup>4</sup>, H. Matsuno<sup>5</sup>, B. L. Wanner<sup>6</sup>, H. Mori<sup>1</sup>  
1)Graduate Sch. of Biological Sci., NARA Inst. of Sci. and Technology, 2)Inst. of BioMed. Informatics, Natl. Yang-Ming Univ., 3)Dept. of Life Sci., Natl. Taiwan Univ., 4)Faculty of Agriculture, Yamaguchi Univ., 5)Faculty of Sci., Yamaguchi Univ., 6)Dept. of Biological Sci., Purdue Univ.

- 2P-6** **Construction of comprehensive small RNA deletion libraries in *Escherichia coli* and systematic analysis using these resources.**  
○Wataru Nomura<sup>1</sup>, Hitomi Dose<sup>1</sup>, Toru Nakayashiki<sup>1</sup>, Hirotada Mori<sup>1</sup>  
1)Nara Institute of Science and Technology
- 2P-7** **大腸菌バイオフィルム形成統括制御因子CsgDの発現と機能の解析**  
○小笠原寛<sup>1,2</sup>、山本兼由<sup>2</sup>、石浜明<sup>2</sup>  
1)信州大学 ヒト環境、2)法政大学 生命科学
- 2P-8(2SB-2)** **なぜ微生物感染で死ぬのか?「感染防御としての死」仮説の検証**  
○福世真樹<sup>1</sup>、佐々木顕<sup>2</sup>、小林一三<sup>1</sup>  
1)東大 新領域、東大 医科研、東大 理、2)総研大 生命共生体進化
- 2P-9(2SA-2)** **プラスミドの保持により転写変動する宿主遺伝子の網羅的検出と核様体タンパク質の関与の検討**  
○高橋裕里香<sup>1</sup>、新谷政己<sup>1,2</sup>、尹忠鉄<sup>1,3</sup>、原啓文<sup>4</sup>、西田洋巳<sup>3</sup>、山根久和<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>1,3</sup>  
1)東大 生物工学セ、2)理研BRC-JCM、3)東大院農生科 アグリバイオ、4)岡山理大工 生体
- 2P-10** **細菌低温耐性機構に関するプロテオーム解析**  
○門屋亨介<sup>1</sup>、笠原康裕<sup>1</sup>  
1)北海道大学 低温科学研究所
- 2P-11** **非コードDNA領域単独によるプラスミド分配システムの解析**  
○林宏恵<sup>1</sup> 久留主泰朗<sup>2</sup>  
1)東京農工大学大学院連合農学研究科、2)茨城大学農学部
- 2P-12(2SB-3)** **プラスミド由来核様体タンパク質のプラスミド安定性への寄与と作用機構の解明**  
○廣谷龍輔<sup>1</sup>、高瀬識之<sup>1</sup>、武田俊春<sup>1</sup>、鈴木千穂<sup>1</sup>、尹忠鉄<sup>1,2</sup>、新谷政己<sup>1,3</sup>、山根久和<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>1,2</sup>  
1)東大 生物工学セ、2)東大院農生科 アグリバイオ、3)理研BRC-JCM
- 2P-13(2SA-3)** **プラスミドの負荷を軽減する染色体因子の発見**  
○高瀬識之<sup>1</sup>、○能登優<sup>1</sup>、高橋裕里香<sup>1</sup>、松本貴嗣<sup>2</sup>、吉川博文<sup>2</sup>、土金恵子<sup>3</sup>、細山哲<sup>3</sup>、藤田信之<sup>3</sup>、  
山根久和<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>1</sup>  
1)東大 生物工学セ、2)東農大 生物資源ゲノム解析セ、3)NITE
- 2P-14(2SB-4)** **IncP-7群プラスミドpCAR1が宿主のバイオフィルム形成に与える影響の解析**  
○李昇昱<sup>1</sup>、高橋裕里香<sup>1</sup>、大浦啓<sup>2</sup>、山根久和<sup>1</sup>、野村暢彦<sup>2</sup>、野尻秀昭<sup>1</sup>  
1)東大生物工学セ、2)筑波大院生命環境
- 2P-15(O-28)** **プラスミドの保持により変化する宿主の表現型の網羅的検出と核様体タンパク質の関与の検討**  
○高橋裕里香<sup>1</sup>、武田俊春<sup>1</sup>、新谷政己<sup>1,2</sup>、山根久和<sup>1</sup>、○野尻秀昭<sup>1</sup>  
1)東大 生物工学セ、2)理研BRC-JCM
- 2P-16(O-29)** **一細胞レベルの解析技術によるプラスミドの宿主域の解明**  
○新谷政己<sup>1</sup>、松井一泰<sup>2</sup>、井上潤一<sup>1</sup>、野尻秀昭<sup>2</sup>、大熊盛也<sup>1</sup>  
1)理研BRC-JCM、2)東大生物工学セ
- 2P-17** **枯草菌細胞伸長における細胞壁溶解酵素の機能**  
○松島弘明<sup>1</sup>、橋本昌征<sup>2</sup>、関口順一<sup>1</sup>  
1)信州大院工、2)信州大 若手拠点
- 2P-18** **枯草菌LytFの局在性におけるリポテイコ酸および膜脂質組成変化の影響**  
○山根久彌<sup>1</sup>、矢澤一也<sup>1</sup>、吉川律子<sup>1</sup>、蕨野裕哉<sup>1</sup>、山本博規<sup>1</sup>  
1)信大院 応生

- 2P-19(2SA-4) 枯草菌ppGpp合成酵素YjbMの機能解析**  
○星屋将太<sup>1</sup>、田上和美<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>  
1)立教大学理学部生命理学科
- 2P-20 枯草菌胞子形成の人工誘導遺伝子系の構築**  
○唐木智充<sup>1</sup>、須永愛<sup>1</sup>、朝井計<sup>1</sup>  
1)埼玉大学大学院理工学研究科
- 2P-21 枯草菌における糖脂質の生理機能解析**  
○松岡聰<sup>1</sup>、千葉美奈子<sup>1</sup>、原弘志<sup>1</sup>、松本幸次<sup>1</sup>  
1)埼玉大学大学院理工学研究科
- 2P-22(2SB-5) SP10ファージ感染防御に関するプロファージSPβnonA 遺伝子の機能解析**  
○山本達也<sup>1</sup>、Yee Lii Mien<sup>2</sup>、朝井 計<sup>3</sup>、中村幸治<sup>1</sup>  
1)筑波大院生命環境、2)東大生物工学セ、3)埼玉大院理工 分子生物
- 2P-23(2SA-5) 枯草菌二成分制御系多重破壊株の構築と解析**  
○美浦裕介<sup>1</sup>、加藤孝弘<sup>1</sup>、高田啓<sup>1</sup>、朝井計<sup>2</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大 応生科 バイオ、2)埼玉大 理工学 分子生物
- 2P-24 脂質代謝と細胞分裂を共役させるネットワークの解析**  
○高田啓<sup>1</sup>、盛田雅人<sup>1</sup>、清水翔<sup>1</sup>、志波優<sup>2</sup>、松本幸次<sup>3</sup>、吉川博文<sup>1,2</sup>  
1)東京農大 バイオ、2)NGRC、3)埼玉大 理 工学 分子生物
- 2P-25 Functional analysis of the Veg protein that stimulates biofilm formation in *Bacillus subtilis***  
○Ying Lei, Shu Ishikawa<sup>1</sup>, and Naotake Ogasawara<sup>1</sup>  
1)Genomics of Bacterial Cell Functions Laboratory, Graduate School of Biological Science, NAIST
- 2P-26(O-30) *Bacillus weihenstephanensis* KBAB4株の胞子形成期におけるDNA再編成**  
○安部公博<sup>1</sup>、青柳隆大<sup>1</sup>、廣田泰伯<sup>1</sup>、佐藤勉<sup>1</sup>  
1)法政大学 生命科学部 生命機能学科
- 2P-27(2SA-6) 枯草菌定常期におけるダイマーリボソーム形成機構及びyvyD 遺伝子の機能解析**  
○加増祐佳<sup>1</sup>、田上和美<sup>1</sup>、矢野晃一<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>  
1)立教大学理学部生命理学科
- 2P-28(2SB-6) 枯草菌の胞子形成初期におけるrRNAの分解制御に関する解析**  
○渡辺和哉<sup>1</sup>、前橋真利江<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>  
1)立教大学 理学部 生命理学科
- 2P-29(2SA-7) 枯草菌rRNAの分解制御に関する研究**  
○前橋真利江<sup>1</sup>、渡辺和哉<sup>1</sup>、難波恵理<sup>1</sup>、中村浩一郎<sup>1</sup>、田上和美<sup>1</sup>、矢野晃一<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>  
1)立教大学理学部生命理学科
- 2P-30(2SB-7) 枯草菌16S rRNA変異株構築及び機能解析**  
○鈴木祥太<sup>1</sup>、矢野晃一<sup>1</sup>、関根靖彦<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>  
1)立教大学理学部生命理学科
- 2P-31(2SA-8) 枯草菌及び緑色硫黄細菌由来ferredoxin-NADP<sup>+</sup>酸化還元酵素のferredoxinとの相互作用における構造**  
○瀬尾悌介<sup>1</sup>、栗栖源嗣<sup>2</sup>、樋口芳樹<sup>3</sup>、櫻井武<sup>1</sup>  
1)金沢大学、2)大阪大学、3)兵庫県立大学
- 2P-32 好アルカリ性細菌*Bacillus pseudofirmus* OF4株における細胞表層タンパク質の同定**  
○藤浪 俊<sup>1</sup>、伊藤政博<sup>1</sup>  
1)東洋大学バイオ ナノエレクトロニクス研究センター

- 2P-33** **The antibiotic roseoflavin produced by *Streptomyces davawensis* reduces the activity of AzoR from *Escherichia coli***  
○Shinobu Nakanishi<sup>1,2</sup>, Simone Langer<sup>2</sup>, Tilo Mathes<sup>3</sup>, Masaru Tanokura<sup>4</sup>, Masayuki Hashimoto<sup>1</sup>, and Matthias Mack<sup>2</sup>  
1)YREC Shinshu University, 2)Mannheim University of Applied Sciences, 3)Humboldt University, 4)Tokyo University
- 2P-34** **シアノバクテリアにおける細胞分化に伴う糖代謝系変換制御**  
○得平茂樹<sup>1</sup>、大森正之<sup>2</sup>  
1)中央大 理工 生命
- 2P-35** **シアノバクテリアにおける酸化損傷塩基除去機構の解析**  
○成田佳織<sup>1</sup>、久留主泰朗<sup>1</sup>  
1)茨城大学農学部
- 2P-36** **シアノバクテリア *Synechococcus elongatus* PCC7942 マルチコピーゲノム分配機構の解析**  
○野田明日翔<sup>1</sup>、渡辺智<sup>1</sup>、千葉櫻拓<sup>1</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大 応生科 バイオ
- 2P-37** **シアノバクテリア *Synechococcus elongatus* PCC 7942におけるDNAヘリカーゼDnaBの解析**  
○江田鈴菜<sup>1</sup>、大林龍胆<sup>1</sup>、渡辺智<sup>1</sup>、千葉櫻拓<sup>1</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大 応生科 バイオ
- 2P-38(2SB-8)** ***Synechocystis* の酸性ストレス条件下でPG含有量維持に関わるABCトランスポーターを構成する遺伝子の解析**  
○田原寛子<sup>1</sup>、内山純爾<sup>2</sup>、松本幸次<sup>3</sup>、太田尚孝<sup>1, 2</sup>  
1)東理大 理、2)東理大 総研 RNA、3)埼玉大院 理工 生命科学
- 2P-39(2SA-9)** **酸耐性獲得シアノバクテリアのゲノム情報解析**  
○内山純爾<sup>1</sup>、兼崎 友<sup>2</sup>、浅倉良介<sup>3</sup>、岩田直也<sup>3</sup>、吉川博文<sup>4</sup>、太田尚孝<sup>1, 3</sup>  
1)東理大 総研 RNA、2)東農大 生物資源、3)東理大 理、4)東農大 応生 バイオ
- 2P-40** **好熱性シアノバクテリアにおけるc-di-GMPが調節する生理的機能**  
○田村洵也<sup>1</sup>、池内昌彦<sup>1</sup>  
1)東京大学 総合文化研究科
- 2P-41** **原核細胞オルガネラ「マグネットーム」の生細胞イメージング**  
○森井 香<sup>1</sup>、田岡 東<sup>1, 2</sup>、福森 義宏<sup>1, 2</sup>  
1)金沢大学大学院自然科学研究科、2)金沢大学理工研究域バイオ AFM先端研究センター
- 2P-42** **細菌型磁気オルガネラ局在ヘム蛋白質MamPの機能解析**  
○江口友佳子<sup>1</sup>、見世慎吾<sup>1</sup>、田岡東<sup>1, 2</sup>、福森義宏<sup>1, 2</sup>  
1)金沢大学大学院自然科学研究科、2)金沢大学理工研究域バイオAFM先端研究センター
- 2P-43** ***Burkholderia multivorans* ATCC 17616株ゲノムからSTM法で選抜した土壤環境下での生残関与候補遺伝子の解析**  
○石橋蓉子<sup>1</sup>、千本木淳子<sup>1</sup>、大坪嘉行<sup>1</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>  
1)東北大院生命科
- 2P-44** **ゲノム情報を用いた酢酸菌の耐熱化機構解明に向けたアプローチ**  
○松谷峰之介<sup>1</sup>、Wichai Soemphol<sup>1</sup>、平川英樹<sup>2</sup>、薬師寿治<sup>1</sup>、松下一信<sup>1</sup>  
1)山口大農 生物機能、2)かずさDNA研 植物ゲノム研究部

- 2P-45 経時的転写解析によるプロピオン酸酸化共生菌と水素資化性メタン生成菌の共生解析**  
○高坂智之<sup>1</sup>織田雅直<sup>2</sup>渡邊一哉<sup>3</sup>山田守<sup>4</sup>  
1)山口大農、2)AIST、3)ERATO光橋本、4)山口大医学系

## 《代謝工学 合成生物学》

- 2P-46(2SB-9) チヤバネアオカメムシ-大腸菌の人工共生系**  
○石井佳子<sup>1</sup>、細川貴弘<sup>1</sup>、菊池義智<sup>1</sup>、深津武馬<sup>1</sup>  
1)産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門
- 2P-47 紅色光合成細菌におけるバクテリオクロロフィル合成を大腸菌で再構成する試み**  
○川口達也<sup>1</sup>、藤原弘平<sup>1</sup>、本多弘典<sup>1</sup>、加藤潤一<sup>1</sup>  
1)首都大 理工 生命
- 2P-48(O-31) 紅色硫黄光合成細菌 *Allochromatium vinosum* の光合成関連遺伝子制御因子の同定と解析**  
○藤原弘平<sup>1</sup>、萩原進<sup>1</sup>、川口達也<sup>1</sup>、古屋伸久<sup>1</sup>、加藤潤一<sup>1</sup>  
1)首都大 理工 生命
- 2P-49 イソプレノイド合成系を改変した大腸菌におけるFe-Sクラスター生合成系の *in vivo* 機能解析**  
○田中尚志<sup>1</sup>、葛山智久<sup>2</sup>、高橋康弘<sup>1</sup>  
1)埼玉大学院 理工 生命科学、2)東京大学 生物生産工学研究センター
- 2P-50(O-32) 人為的なイノシトール異性体バイオコンバージョンが誘発するトランスクリプトーム変動**  
○吉田健一<sup>1</sup>、山岡優<sup>1</sup>、Chumsakul Onuma<sup>2</sup>、石川周<sup>2</sup>、小笠原直毅<sup>2</sup>  
1)神戸大院 農、2)奈良先端大 バイオ
- 2P-51(2SA-10) 枯草菌の16S rRNA改変型リボソームを用いた高発現系の開発**  
○武田拓也<sup>1</sup>、鈴木祥太<sup>1</sup>、矢野晃一<sup>1</sup>、難波恵理<sup>1</sup>、河村富士夫<sup>1</sup>  
1)立教大学理学部生命理学科
- 2P-52(2SB-10) 枯草菌ゲノムベクターシステムを利用したミニセルロソームの構築**  
○中山薰<sup>1</sup>、原 裕一<sup>1</sup>、松岡聰<sup>2</sup>、吉川博文<sup>1</sup>  
1)東京農大 バイオ、2)埼玉大 理 分子生物
- 2P-53 線状プラスミドSAP1を用いた放線菌遺伝子クラスター操作システムの構築**  
○松田卓也<sup>1</sup>、池田治生<sup>2</sup>、片岡正和<sup>1</sup>  
1)信州大学大学院工学系研究科、2)北里大学生命科学研究所
- 2P-54(2SB-11) 糸状菌の機能未知生合成遺伝子を活用した二次代謝産物合成システムの構築**  
○中沢威人<sup>1</sup>、石内勘一郎<sup>1</sup>、大熊貴司<sup>1</sup>、石川格靖<sup>1</sup>、五反田康孝<sup>1</sup>、野口博司<sup>1</sup>、守屋央朗<sup>2</sup>、渡辺賢二<sup>1</sup>  
1)静岡県大 薬、2)岡山大 RCIS
- 2P-55(O-33) 糸状菌 *Phomopsis amygdali* のゲノム解析によるフシコクシン生合成遺伝子クラスターの同定、機能解析と応用**  
野池基義<sup>1</sup>、小野裕介<sup>1</sup>、加藤修雄<sup>2</sup>、○大利徹<sup>1</sup>  
1)北大院 工、2)阪大 産研
- ## 《メタゲノム研究》
- 2P-56(O-34) オーソログ解析に基づく新規ゲノム メタゲノムデータのアノテーション**  
○内山郁夫<sup>1</sup>  
1)基礎生物学研究所
- 2P-57(O-35) アオコ発生湖水環境に存在するファージの網羅的解析**  
○島守祐月<sup>1</sup>、斎藤真奈美<sup>1</sup>、志村洋一郎<sup>1</sup>、稻元民夫<sup>1</sup>、福島淳<sup>1</sup>  
1)秋田県大生物資源科学 微生物機能

- 2P-58(O-36) ヒ素含有塩湖における微生物ヒ素代謝及び遺伝子発現応答の網羅的解析**  
○濱村奈津子<sup>1</sup>、奥田修二郎<sup>2</sup>  
1)愛媛大 CMES、2)立命館大 生命情報
- 2P-59(O-37) ゲノム、メタゲノムに潜む潜在的機能ポテンシャルの評価**  
○高見英人<sup>1</sup>、谷口丈晃<sup>2</sup>、守屋繁樹<sup>3</sup>、桑原智巳<sup>4</sup>、金久實<sup>3</sup>、五斗進<sup>3</sup>  
1)海洋機構、2)三菱総研、3)京大化研、4)香川大 医
- 2P-60(2SB-12) Features of sub-seafloor ecosystem revealed through fine scale metagenomic analyses**  
○河合幹彦<sup>1</sup>、豊田敦<sup>2</sup>、高木善弘<sup>1</sup>、西真郎<sup>1</sup>、荒井涉<sup>1</sup>、内山郁夫<sup>3</sup>、坪内泰志<sup>1</sup>、諸野祐樹<sup>1</sup>、青池寛<sup>1</sup>、高井研<sup>1</sup>、稻垣史生<sup>1</sup>、高見英人<sup>1</sup>  
1)海洋研究開発機構、2)遺伝研、3)基生研
- 2P-61 漁場環境のメタゲノム解析**  
○森一樹<sup>1</sup>、田代康介<sup>1</sup>、久原哲<sup>1</sup>、南雲吉代<sup>1</sup>、石野園子<sup>1</sup>、石野良純<sup>1</sup>、藤原篤志<sup>2</sup>、佐野元彦<sup>2</sup>  
1)九州大学、2)中央水研
- 2P-62 臨海域の熱水中における微生物メタゲノム解析**  
○土居克実<sup>1</sup>、岩瀬真<sup>1</sup>、熊谷健太<sup>1</sup>、藤野泰寛<sup>2</sup>、草場俊司<sup>3</sup>、安東晶子<sup>3</sup>、森一樹<sup>1</sup>、田代康介<sup>1</sup>、久原哲<sup>1</sup>  
1)九大院 農、2)九大 基幹教育、3)九州電力 総合研究所
- 2P-63 海底質からの海洋由来新規乳酸菌の分離・同定**  
○糸永敦史<sup>1</sup>、大島敏久<sup>2</sup>、土居克実<sup>2</sup>  
1)九大院 生物資源環境科学、2)九大院 農 生命機能科学
- 2P-64(2SB-13) 湯野浜温泉源泉中の微生物に対するメタranscriptome解析によって明らかになった新規 small RNAと特徴的なtRNA分解**  
○村上慎之介<sup>1,2</sup>、藤島皓介<sup>1</sup>、富田勝<sup>1,2,3</sup>、金井昭夫<sup>1,2,3</sup>  
1)慶應義塾大学先端生命科学研究所、2)慶應義塾大学大学院政策 メディア研究科、3)慶應義塾大学環境情報学部
- 2P-65(2SA-11) 細菌群集に環境刺激に対する頑健性を与える要因の解明**  
○伊藤貴広<sup>1</sup>、堂園亜由美<sup>1</sup>、西山依里<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>2</sup>、森宙史<sup>1</sup>、黒川顕<sup>1</sup>  
1)東京工業大学大学院生命理工学研究科、2)東北大学大学院生命科学研究所
- 2P-66(O-41) 水田土壤微生物群集のメタtranscriptome解析**  
○伊藤英臣<sup>1</sup>、石井聰<sup>1,2</sup>、大島健志朗<sup>3</sup>、白鳥豊<sup>4</sup>、大塚重人<sup>1</sup>、服部正平<sup>3</sup>、妹尾啓史<sup>1</sup>  
1)東大院 農、2)北大 院工、3)東大院 新領域、4)新潟農総研
- 2P-67 ヒト腸内細菌叢メタゲノム研究とヒト常在菌ゲノム解析**  
○金相完<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>1</sup>、須田瓦<sup>1</sup>、金錫元<sup>1</sup>、飯岡恵里香<sup>1</sup>、稻葉寛実<sup>1</sup>、大森恵美<sup>1</sup>、木内美沙<sup>1</sup>、進藤智絵<sup>1</sup>、高山由紀子<sup>1</sup>、中野章代<sup>2</sup>、服部恭江<sup>1</sup>、古谷恵子<sup>1</sup>、Heba S.Said<sup>1</sup>、西島傑<sup>1</sup>、高安伶奈<sup>1</sup>、森田英利<sup>2</sup>、服部正平<sup>1</sup>  
1)東大院 新領域、2)麻布大 獣
- 2P-68 腸内細菌叢を指標としたオランウータン個体識別法の開発**  
○須田瓦<sup>1</sup>、日本動物腸内細菌研究コンソーシアム\*、鈴木晃<sup>2</sup>、鈴木南水子<sup>2</sup>、飯岡恵里香<sup>1</sup>、大森恵美<sup>1</sup>、高山由紀子<sup>1</sup>、中野章代<sup>3</sup>、金錫元<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>1</sup>、服部正平<sup>1</sup>、森田英利<sup>3</sup>  
1)東大院 新領域、2)日本 インドネシア オランウータン保護調査委員会、3)麻布大 獣医

**2P-69(O-38) Comprehensive 16S-based analysis of effect of probiotics on shaping human gut microbiota**

○ Seok-Won Kim<sup>1</sup>, Kenshiro Oshima<sup>1</sup>, Hidetoshi Morita<sup>2</sup>, Wataru Suda<sup>1</sup>, Shinji Fukuda<sup>3</sup>, Hiroshi Ohno<sup>3</sup>, Masahira Hattori<sup>1</sup>

1) Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, 2) Graduate School of Veterinary Medicine, Azabu University, 3) RIKEN

**2P-70(2SB-14) 日本人腸内マイクロバイオーム遺伝子の特徴解明**

西嶋傑<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>1</sup>、飯岡恵里香<sup>1</sup>、大森恵美<sup>1</sup>、金錫元<sup>1</sup>、金相完<sup>1</sup>、須田亘<sup>1</sup>、森田英利<sup>2</sup>、服部正平<sup>1</sup>

1) 東大院 新領域、2) 麻布大 獣

**2P-71(2SA-12) 土壤細菌群集団の移植と芳香族化合物による汚染化の変動解析**

○ 永山浩史<sup>1</sup>、遠藤諒<sup>1</sup>、加藤広海<sup>1</sup>、大坪嘉行<sup>1</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>

1) 東北大院生命科

**2P-72(O-39) 土壌攪乱に対し同調して動く遺伝子群の解析**

○ 加藤広海<sup>1</sup>、森宙史<sup>2</sup>、豊田敦<sup>3</sup>、大坪嘉行<sup>1</sup>、丸山史人<sup>4</sup>、堂園亜由美<sup>2</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、藤山秋佐夫<sup>5</sup>、黒川顕<sup>2</sup>、津田雅孝<sup>1</sup>

1) 東北大学大学院生命科学研究科、2) 東京工業大学大学院生命理工学研究科、3) 国立遺伝学研究所、4) 東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科、5) 国立情報学研究所

**2P-73(O-40) メタゲノム解析による活性汚泥中の微生物群集構造の解明**

阿部貴志<sup>1</sup>、中田俊芳<sup>2</sup>、佐藤修正<sup>3</sup>、平川英樹<sup>3</sup>、近藤昭宏<sup>2</sup>、杉本千尋<sup>4</sup>、池村淑道<sup>5</sup>、松井和彦<sup>2</sup>

1) 新潟大、2) 株)日吉、3) かずさDNA研究所、4) 北大、5) 長浜バイオ大

**2P-74 マリンメタゲノムからの組換え大腸菌生育促進因子の探索**

寺原猛<sup>1</sup>、竹山春子<sup>2</sup>

1) 東京海洋大学、2) 早稲田大学

**2P-75(2SA-13) 土壌環境中で特異的に発現するタンパク質のプロテオーム解析**

○ 森本一<sup>1</sup>、門屋享介<sup>1</sup>、桑野晶喜<sup>1</sup>、笠原康裕<sup>1</sup>

1) 北大 低温研

## ●NBRP（ナショナルバイオリソースプロジェクト）紹介

**NBRP-1**

**究極のモデル真核生物「酵母」の研究を支えるNBRP酵母**

中村太郎<sup>1</sup>、中原富美子<sup>1</sup>、周瑩<sup>2</sup>、下田親<sup>1</sup>、原島俊<sup>2</sup>、○金子嘉信<sup>2</sup>

1) 大阪市立大学、2) 大阪大学

**NBRP-2**

**大腸菌・枯草菌のバイオリソース：**

ナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)モデル原核生物

○ 仁木宏典<sup>1</sup>

1) 国立遺伝学研究所

**NBRP-3**

**細胞性粘菌：微生物研究における有用性とリソース整備**

○ 漆原秀子<sup>1</sup>、上田太郎<sup>2</sup>、桑山秀一<sup>1</sup>、長崎晃<sup>2</sup>、毛利蔵人<sup>1</sup>

1) 筑波大学生命環境系、2) 産業技術総合研究所セルエンジニアリング研究部門

## ●協賛企業ポスター

**TP-1**

インシリコバイオロジー(株)

**TP-2**

(株)ジナリス

**TP-3**

製品評価技術基盤機構

**TP-4**

タカラバイオ(株)

## ●企業展示会(12号館 地下1階)

3月10日(土):13:00～19:00

3月11日(日):9:30(11:00)～19:00

3月12日(月):9:30～14:25

### 出展企業一覧

(株)アナリティクイエナ ジャパン、アメリエフ(株)、イルミナ(株)、インフォコム(株)、タカラバイオ(株)、(株)チヨダサイエンス、トミーデジタルバイオロジー(株)、(株)ナベ インターナショナル、日鉄環境エンジニアリング(株)、日本ジェネティクス(株)、(株)日立ソリューションズ、ビツツ(株)、フリューダイム(株)、(株)メイズ、ライフテクノロジーズジャパン(株)、(独)理化学研究所 バイオリソースセンター微生物材料開発室、ロシュ・ダイアグノスティックス(株)、和光純薬工業(株)