

招待講演・海外若手講演 及び 口頭発表、ショートトーク プログラム

3月8日(金)

口頭発表1 : O1-01~10

口頭発表2 : O2-01~10

ショートトークS1 : S1-01~19

3月9日(土)

口頭発表3 : O3-01~09

招待講演・海外若手講演

ショートトークS2 : S2-01~22

3月10日(日)

口頭発表4 : O4-01~08

口頭発表5 : O5-01~08

日 程 表

時間	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
8日(金)	講演会場 2階 大講義室1				受付 開始	口頭発表1 (10題)		口頭発表2 (10題)	ショート トークS1 (19題)		評議員会 中会議室	
	ポスター会場 1階 食堂				ポスター 貼付			1Pポスター展示		18:15-19:00 1P 討論タイム (奇数)		
	展示会場 1階 食堂							展示会				
9日(土)	講演会場 2階 大講義室1	9:00-10:47 口頭発表3 (9題)			12:30-13:15 ランチョン セミナー1	13:30-15:20 招待講演・海外若手講演 (5題)		15:30-17:00 総会・受賞講演	17:15-17:59 ショート トークS2 (22題)			
	ポスター会場 1階 食堂	9:00-11:00 1Pポスター展示	11:00-11:45 1P 討論タイム (偶数)		12:30-18:05 ポスター 貼替え			2Pポスター展示	18:05-18:50 2P 討論タイム (奇数)			
	展示会場 1階 食堂							展示会				懇親会 1階 食堂 19:00-20:30
10日(日)	講演会場 2階 大講義室1	9:00-10:36 口頭発表4 (8題)	10:45-11:45 フォーラム 研究・留学と家庭 の両立を考える		12:00-12:45 ランチョン セミナー2			13:50-15:26 口頭発表5 (8題)				
	ポスター会場 1階 食堂	9:00-12:55 2Pポスター展示			12:55-13:40 2P 討論タイム (偶数)							
	展示会場 1階 食堂							展示会				

3月8日(金)

12:30 受付開始

●口頭発表 1

13:00 O1-01 (1P-53)

酢酸菌のストレス応答に関するゲノム解析

波多野裕美^{1,2}、東裏典枝^{1,2}、高見晶子^{1,2}、平川英樹³、武部 聡¹、松下一信^{2,4}、
○東 慶直^{1,2}

1) 近大生物理工、2) JST-ALCA、3) かずさDNA、4) 山口大農

13:12 O1-02 (1P-08)

枯草菌孢子形成期におけるSP β プロファージの切り出しに伴う孢子形成関連遺伝子 *capD* の再構築

○安部公博¹、新井健司²、岩本敬人²、中村甫²、丸山祐輝²、佐藤勉^{1,2}

1) 法政大・マイクロ・ナノテクセンター、2) 法政大・生命科学

13:24 O1-03 (1P-21)

ユーグレナにおける遺伝子水平伝播のゲノムワイド解析

○乳井昌道¹、小野直亮²、金谷重彦²、太田大策³、有田正規^{1,4}

1) 東大・理、2) 奈良先端大・情報、3) 大阪府大・生命環境、4) 理研・PSC

13:36 O1-04 (1P-02)

大腸菌 α 抗原合成遺伝子の網羅的解析と感染症対策に向けた利用

○井口純¹、伊豫田淳²、大西真²

1) 宮崎大学・IR推進機構、2) 感染研・細菌第一

13:48 O1-05 (1P-20)

細胞内DNase I footprinting: 次世代シーケンサによる高解像度の転写因子結合部位決定

Onuma Chumsakul¹、中村建介²、倉田哲也¹、坂本智昭¹、Jon L. Hobman⁴、
小笠原直毅¹、大島拓¹、○石川周¹

1) 奈良先端大、2) 前橋工科大、3) Univ. Nottingham

14:00 O1-06 (1P-22)

ゲノム配列上のインサクション部位を検出する新しい手法の開発

上坂一馬¹、平出優人¹、藤田祐一¹、小俣達男¹、○井原邦夫²

1) 名大院・生命農学、2) 名大・遺伝子

14:12 O1-07 (2P-02)

宿主適応に関連したインフルエンザウイルスの genome signature

○岩崎裕貴^{1,2}、阿部貴志³、和田健之介¹、和田佳子^{1,4}、池村淑道¹

1) 長浜バイオ大、2) 日本学術振興会特別研究員DC、3) 新潟大、4) 滋賀医大

14:24 O1-08 (1P-06)

ヒトMAC症由来 *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis* の遺伝的多様性とゲノム構造解析

○岩本朋忠¹、中西典子¹、中島千絵²、有川健太郎¹、鈴木定彦²

1) 神環保研・微生物、2) 北大・人獣センター

14:36 O1-09 (1P-17)

飢餓と蘇生の繰り返しを乗り越えた大腸菌

○應蓓文¹、本田朋也¹、瀬尾茂人¹、中村昇太²、津留三良¹、四方哲也^{1,3,4}

1) 阪大院・情報、2) 阪大・微研、3) 阪大院・生命機能、4) ERATO・JST

14:48 O1-10 (1P-31)

シンテニーに基づく微生物のコアゲノムデータベース

○内山郁夫¹、西出浩世¹、三原基広²、千葉啓和¹

1) 基生研・ゲノム情報、2) ダイナコム

●口頭発表2

- 15:15 O2-01 (1P-54) 糸状性シアノバクテリア *Anabaena* sp. PCC 7120 における塩ストレス応答の制御機構
○得平茂樹^{1,2,3}、木村聡²、大森正之^{1,2}
1)中央大・理工、2)埼玉大・理、3)JST・さきがけ
- 15:27 O2-02 (1P-37) 特異的プライマーを用いた環状DNAの増幅
岡村好子¹
1)広島大学大学院先端物質科学研究科
- 15:39 O2-03 (1P-76) 転写制御因子を用いたラン藻の代謝と光合成の改変
○小山内崇^{1,2}、沼田圭司³、及川彰^{2,4}、桑原亜由子²、飯嶋寛子²、斎藤和季^{2,5}、平井優美²
1)JST・さきがけ、2)理研・PSC、3)理研・BMEP、4)山形大・農、5)千葉大・薬
- 15:51 O2-04 (1P-72) 増殖関連3量体型Gタンパク質に対する相互作用因子の逆遺伝学的解析
住友洋平¹、○桑山秀一¹
1)筑波大学生命環境系、生物科学専攻
- 16:03 O2-05 (1P-03) 菌血症由来 *Helicobacter cinaedi* PAGU611 株の全ゲノム配列決定ならびに比較ゲノム解析
○後藤隆次¹、小椋義俊²、平川英樹³、富田純子⁴、森田雄二⁴、田中香お里¹、渡邊邦友¹、赤池孝章⁵、林 哲也²、河村好章⁴
1)岐阜大・生命セ、2)宮崎大・フロンティア、3)かずさ DNA 研、4)愛知学院大・薬、5)熊本大院・生命科学
- 16:15 O2-06 (1P-05) 種内系列間相同組換えと適応進化の関連のゲノムワイド解析
矢原耕史^{1,2,3}、河合幹彦^{2,3,4,5}、古田芳一^{2,3}、高橋規子^{2,3}、半田直史^{2,3}、鶴剛史^{2,3}、大島健志朗²、吉田優⁶、東健⁶、服部正平²、Dorota Matelska⁷、Stanisław Dunin-Horkawicz⁷、Janusz Bujnicki⁷、内山郁夫⁴、○小林一三^{2,3,8}
1)久留米大・医、2)東大・新領域、3)東大・医科研、4)基生研、5)JAMSTEC、6)神戸大・医、7)International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw、8)東大・理
- 16:27 O2-07 (1P-12) 納豆菌20株のゲノムシーケンスと網羅的表現型計測による多型表現型間の相関および機能解析
○藤井和史¹、長谷純崇¹、西川宗伸²、田谷有紀²、三宅正透¹、木村啓太郎³、佐藤健吾¹、榊原康文¹
1)慶應大・理工、2)タカノフーズ、3)農研機構・食総研
- 16:39 O2-08 (1P-73) 大腸菌形態制御因子RodZの分裂面への局在とその意義
○塩見大輔¹、仁木宏典^{1,2}
1)遺伝研・系統生物研究センター、2)総研大
- 16:51 O2-09 (1P-57) セルラーゼ高生産糸状菌 *Trichoderma reesei* 変異株系統樹の比較ゲノム解析
○志田洋介¹、Juliano de Oliveira Porciuncula¹、新田美貴子²、山口香織¹、平川英樹³、森一樹⁴、久原哲⁴、小笠原渉¹
1)長岡技科大・生物、2)JST、3)かずさDNA研、4)九大院・生資源
- 17:03 O2-10 (1P-18) 薬剤耐性大腸菌の実験進化的創出とゲノムクス解析
○鈴木真吾¹、堀之内貴明¹、古澤力¹
1)理研・生命システム研究センター (QBiC)

●ショートトークS1

- 17:30 S1-01(1P-49) **ラン色細菌 *Synechocystis* sp. PCC6803の酸耐性順化株における細胞外物質の解析**
○浅倉良介¹、岩田直也¹、内山純爾²、太田尚孝^{1,2}
1)東理大・理、2)東理大・総研・RNA科学研究センター
- 17:32 S1-02(1P-62) **オイル生産藻類 *Pseudococcomyxa ellipsoidea*における安定した導入遺伝子発現系の開発**
○阿部 淳¹、吉満 勇也^{1,2}、高木 さつき¹、福原 いずみ¹、蔵野 憲秀²、今村 壮輔³、原山 重明^{1,4}
1)中央大・研究開発機構、2)㈱デンソー・基礎研、3)東工大・資源研、4)中央大・理工生命
- 17:34 S1-03(1P-28) **BLSOMを利用したtRNA遺伝子の特徴抽出**
○池村淑道¹、岩崎裕貴^{1,2}、三宅雄大¹、和田 健之介¹、和田佳子^{1,3}、山田優子¹、武藤昱⁴、井口八郎¹、阿部貴志⁵
1)長浜バイオ大、2)日本学術振興会特別研究員DC、3)滋賀医大、4)弘前大、5)新潟大
- 17:36 S1-04(1P-67) **次世代シーケンサーによる土壌細菌の環境適応遺伝子の新規探索手法の開発**
○石橋蓉子¹、大坪嘉行¹、永田裕二¹、津田雅孝¹
1)東北大院・生命科
- 17:38 S1-05(1P-79) **単細胞性緑藻 *Pseudococcomyxa ellipsoidea*を用いた、バイオ燃料生産のための有用形質を持つ突然変異体のゲノム解析**
○井出曜子¹、早川准平¹、坂本美佳¹、今村壮輔²、蔵野憲秀³、原山重明^{1,4}
1)中央大・研究開発機構、2)東工大・資源化学研究所、3)デンソー・基礎研究所、4)中央大・理工生命
- 17:40 S1-06(1P-01) **IncP-9群プラスミドNAH7の接合伝達開始配列の解析**
○岸田 康平¹、井上 慧¹、宮崎 亮²、大坪 嘉行¹、永田 裕二¹、津田 雅孝¹
1)東北大院・生命、2)ローザンヌ大
- 17:42 S1-07(1P-48) **プラスミド由来分解系のマスター転写制御因子遺伝子の異なる宿主における発現様式変化**
○岩田修¹、松本貴嗣²、新谷政己³、高妻篤史⁴、岡田憲典¹、山根久和⁵、野尻秀昭¹
1)東大・生物工学セ、2)東農大・ゲノム解析セ、3)静大・工、4)東薬大・生命、5)帝京大・バイオ
- 17:44 S1-08(1P-74) **大腸菌の定常期の生育に関わるユニバーサルストレスプロテインの機能解析**
○岩館佑未¹、加藤潤一¹
1)首都大院・理工・生命
- 17:46 S1-09(1P-52) ***Bacillus weihenstephanensis* KBAB4株におけるDNA再編成の制御機構**
○岩本敬人¹、安部公博²、佐藤勉^{1,2}
1)法政大・生命科学、2)法政大・マイクロ・ナノテクセンター
- 17:48 S1-10(1P-50) **シアノバクテリアの様々ストレス耐性獲得に関与するSII1180の機能解析**
○内山純爾¹、田中優²、田原寛子²、松橋歩²、太田尚孝^{1,2}
1)東理大・総研・RNA、2)東理大・理

- 17:50 S1-11 (1P-56) KaiC リン酸化振動を伴わないゲノムワイドな転写振動の解析**
○梅谷実樹¹、細川徳宗¹、岩崎秀雄¹
1) 早大・先進理工・電生
- 17:52 S1-12 (1P-29) RNA ウィルスと宿主因子の相互作用を検出するための手法の開発**
○小倉歩¹、馮麗利¹、岩崎裕貴^{1,2}、阿部貴志³、和田健之介¹、和田佳子⁴、池村淑道¹
1) 長浜バイオ大、2) 日本学術振興会特別研究員DC、3) 新潟大、4) 滋賀医大
- 17:54 S1-13 (1P-19) 腸管出血性大腸菌 O26 におけるゲノムアダプテーション解析**
○小椋義俊^{1,2}、桂啓介¹、伊藤武彦³、Mainil Jacques⁴、吉野修司⁵、磯部順子⁶、勢戸和子⁷、江藤良樹⁸、黒木真理子⁵、木全恵子⁶、前田詠里子⁸、後藤恭宏²、大岡唯祐²、林哲也^{1,2}
1) 宮崎大・フロンティア、2) 宮崎大・医・微生物、3) 東工大院・生命理工、4) リエージュ大・獣医・細菌、5) 宮崎衛環研・微生物、6) 富山衛研・細菌、7) 大阪府衛研・感染・細菌、8) 福岡保環研・保科・病理細菌
- 17:56 S1-14 (1P-43) メタゲノムデータの比較を ab initio に行う手法の開発**
○尾崎遼¹、岩崎渉^{1,2}、高木利久¹
1) 東大院・新領域・情報生命、2) 東大・大気海洋研
- 17:58 S1-15 (1P-78) 超好熱菌の水素高生産株の分子育種**
○金井保^{1,3}、塚本遼平¹、安河内綾子¹、今中忠行^{2,3}、跡見晴幸^{1,3}
1) 京大院・工、2) 立命館大・生命、3) CREST
- 18:00 S1-16 (1P-15) 紅藻 *Cyanidium caldarium* delta 株のミトコンドリアゲノム解読**
○兼崎友¹、三角修己²、渡辺智³、黒岩常祥⁴、吉川博文^{1,3}
1) 東京農大・ゲノムセンター、2) 山口大・理、3) 東京農大・応生科バイオ、4) 立教大・理
- 18:02 S1-17 (1P-26) 一括学習型自己組織化マップ[®](BLSOM) 法と学習ベクトル量子化(LVQ) 法を組み合わせた水平伝播候補遺伝子探索法の開発**
○金田卓馬¹、池村淑道²、阿部貴志¹
1) 新潟大・工・情報、2) 長浜バイオ大
- 18:04 S1-18 (1P-33) ゲノム・メタゲノムの潜在的機能解析システム**
○高見英人¹、谷口丈晃²、守屋勇樹³、桑原知巳⁴、荒井渉¹、金久實³、五斗進³
1) 海洋機構・生物圏、2) 三菱総研、3) 京大・化研、4) 香川大・医
- 18:06 S1-19 (1P-25) メタゲノム配列に対する系統推定法のための自己圧縮型 BLSOM (一括学習型自己組織化マップ) の開発**
○菊地亮仁¹、金谷重彦²、池村淑道³、阿部貴志¹
1) 新潟大・工・情報、2) 奈良先端大、3) 長浜バイオ大

●ポスター討論

18:15-19:00

1P 奇数番号

3月9日(土)

8:50 受付開始

●口頭発表3

9:00 O3-01 (2P-01)

分裂酵母を用いた生殖隔離メカニズム解明への挑戦とその課題

○清家泰介¹、中村太郎¹、下田親¹

1)大阪市大院・理・生物地球

9:12 O3-02 (2P-12)

始原紅藻 *C. merolae* の逆転または高度分断化 tRNA 遺伝子の解析

○相馬亜希子^{1,3}、菅原潤一²、小野寺瑛宣³、谷内江望^{2,4}、金井昭夫²、大沼みお³、黒岩晴子³、黒岩常祥³、関根靖彦³

1)千葉大・園芸、2)慶応大・先端生命、3)立教大・理、4)トロント大

9:24 O3-03 (2P-73)

大腸菌染色体大規模欠失株の解析とその利用

○高木光¹、久保田希¹、加藤潤一¹

1)首都大・理工・生命

9:36 O3-04 (2P-62)

放線菌ゲノムに特異的に分布するGPCR様制御系 *conservon* の解析

○高野英晃¹、渡辺隼人¹、橋本和紀¹、上田賢志¹

1)日大・生資科・生命セ

9:48 O3-05 (2P-40)

Single cell genomics のための phi29 DNA polymerase の調製

○高橋宏和¹、小堀俊郎¹、山崎裕之²、金原浩子¹、山本公子³、斉藤俊行⁴、千室智之²、小林崇良²、杉山滋¹

1)農研機構・食総研・ナノバイオ工学、2)関東化学・伊勢原研究所、3)生資研・昆虫ゲノム、4)放医研

10:00 O3-06 (2P-41)

定量的メタゲノム解析が明らかにした海底下堆積環境を特徴づける還元的脱ハロゲン化遺伝子

○河合幹彦¹、豊田敦²、高木善弘¹、西真郎¹、荒井渉¹、内山郁夫³、伊藤武彦⁴、坪内泰志¹、諸野祐樹¹、青池寛¹、高井研¹、藤山秋佐夫²、稲垣史生¹、高見英人¹

1)海洋研究開発機構、2)遺伝研、3)基生研、4)東工大

10:12 O3-07 (2P-38)

腸内細菌の細菌叢分布と生態系の数理モデル

○高安伶奈¹、須田互¹、大野博司²、福田真嗣²、高安美佐子³、高安秀樹⁴、服部正平¹

1)東大院・新領域、2)理研・RCAL、3)東工大院・総理工、4)ソニー CSL

10:24 O3-08 (2P-20)

***Paraliobacillus ryukyuensis* の耐塩性関連遺伝子解析**

鼠尾まい子¹、東春奈¹、渡久地政汰¹、○塚原正俊¹

1)バイオジェット・先端研究

10:35 O3-09 (2P-68)

液体ハンドリングのみによって行う微生物ゲノムの連続編集

○富永 将大¹、嶋村 陽¹、曾和 義幸^{2,3}、川岸 郁朗^{2,3}、斎藤 恭一¹、梅野 太輔¹

1)千葉大院・工・共生応化、2)法政大・生命科学、3)法政大マイクロ・ナノテクノロジー研究センター

●ポスター討論

11:00-11:45

1P 偶数番号

●ランチョンセミナー 1

12:30-13:15

ローコストとロングリードを実現する次世代シーケンスの未来形
ライフテクノロジーズジャパン株式会社

Ion Torrentテクノロジーロードマップ

熊井 広哉

ライフテクノロジーズジャパン株式会社 マーケティング

ローコスト、ロングリードのIon PGMシーケンサが可能にする最新アプリケーション

長谷 要一

ライフテクノロジーズジャパン株式会社 アプリケーションスペシャリスト

●招待講演・海外若手講演

13:30 招待講演

単一細胞レベルでの遺伝子発現のばらつきの法則性

谷口 雄一

理化学研究所生命システム研究センター

14:00 海外若手講演1

Radically Reassigning the Genetic Code

Marc J. Lajoie

Department of Genetics, Harvard Medical School

14:20 海外若手講演2

Harness bacterial immune system for human stem cell engineering

Luhan Yang, Prashant Mali, John Aach, George Church

Harvard Medical School, Boston, US

14:40 海外若手講演3

ヒト腸内細菌叢の3タイプ

山田 拓司

東京工業大学 生命理工学研究科 生命情報専攻

15:00 海外若手講演4
(2P-06)

薬剤耐性プラスミドの宿主域実験進化

○矢野大和^{1,2}、Julie Hughes¹、Gail Deckurt¹、Masahiro Sota¹、
Zaid Abdo¹、Igor Konieczny³、Eva Top¹

1)University of Idaho、2)東大院・新領域、3)University of Gdansk

●総会・研究奨励賞受賞講演

15:30-17:00

●ショートトークS2

17:15 S2-01(2P-70)

細菌群集動態のモデリング

○伊藤貴広¹、堂園亜由美¹、西山依里¹、加藤広海²、大坪嘉行²、永田裕二²、
津田雅孝²、森宙史¹、黒川顕¹

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科

17:17 S2-02(2P-60)

多細胞性シアノバクテリア *Anabaena* のヘテロシストにおける概日遺伝子
発現制御○櫛笥博子¹、久下沼秀之¹、松岡正城¹、得平茂樹^{2,3}、大森正之²、岩崎秀雄¹

1)早大、2)中大、3)JST さきがけ

- 17:19 S2-03 (2P-10) **なぜシロアリ腸内共生原生生物のゲノムは巨大なのか？**
 ○桑原宏和¹、中西俊平¹、中鉢淳^{1,2}、本郷裕一¹
 1)東工大・生命理工、2)豊橋技科大
- 17:21 S2-04 (2P-59) **孢子形成部分欠損を示す枯草菌S10リボソームタンパク質遺伝子変異体およびそのサプレッサーの単離と解析**
 ○鈴木 祥太¹、青木 剣人¹、難波 恵理¹、関根 靖彦¹、河村 富士夫¹
 1)立教大・理
- 17:23 S2-05 (2P-52) **プラスミドと宿主染色体由来のH-NS様因子による異なる転写制御機構の解析**
 ○鈴木千穂¹、尹忠鉄^{1,2}、堀田彰一郎³、寺田透²、田之倉優³、岡田憲典¹、山根久和⁴、野尻秀昭^{1,2}
 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、4)帝京大・バイオ
- 17:25 S2-06 (2P-78) **枯草菌由来ferredoxin-NADPH酸化還元酵素の酸化還元能調節機構**
 ○瀬尾悌介¹、西村恵里夏¹、内藤洋¹、櫻井武¹
 1)金沢大・理工・物質化学
- 17:27 S2-07 (2P-61) **シアノバクテリアの暗期での大規模な転写抑制は光合成の停止によって引き起こされるのか**
 ○高野壮太郎¹、園池公毅²、岩崎秀雄¹
 1)早大院・先進・電生、2)早大・教育・総合科学学術院
- 17:29 S2-08 (2P-54) **枯草菌のダイマールリボソームにおけるYvyDの活性部位解析**
 ○田上和美¹、小野寺弘希¹、花井亮¹、河村富士夫¹
 1)立教大・理
- 17:31 S2-09 (2P-55) **枯草菌のantiSD配列改変型リボソームを用いた大腸菌*lacZ*遺伝子高発現系の開発**
 ○武田拓也¹、矢野晃一¹、鈴木祥太¹、難波恵理¹、河村富士夫¹
 1)立教大・理
- 17:33 S2-10 (2P-50) ***Anabaena* sp. PCC 7120のヘテロシスト分化におけるDNAメチル化の役割**
 ○田中裕二¹、得平茂樹^{2,3}、粟井光一郎^{3,4}
 1)静大院・理、2)中央大・理工、3)JST・さきがけ、4)静岡大・GRL
- 17:35 S2-11 (2P-34) **アーキア脂質のデータベース**
 ○有田正規^{1,2}、吉本美和¹、深澤桂子³、諏訪和大⁴、八杉悦子^{3,5}、和泉孝志³
 1)東大院・理、2)理研植物セ、3)群馬大院・医、4)リオレクト(株)、5)東大院・医
- 17:37 S2-12 (2P-27) **マルチプルアラインメントを用いたドメイン単位のオーソログ分類の改良**
 ○千葉啓和¹、内山郁夫¹
 1)基礎生物学研究所
- 17:39 S2-13 (2P-18) **南極湖底に広がる「コケ坊主」の共生生物相の網羅的解析**
 ○中井亮佑^{1,2}、阿部貴志³、馬場知哉⁴、柳原克彦⁴、伊村智⁵、鹿児島浩⁴、神田啓史⁵、小原雄治¹、仁木宏典^{1,4}、長沼毅⁶
 1)遺伝研・系統生物セ、2)学振・特別研究員PD、3)新潟大学・院自然、4)新領域融合セ・地球生命、5)極地研・生物圏、6)広島大学・院生物圏

- 17:41 S2-14 (2P-26) **イルミナシーケンサーの特性を考慮した変異コール**
中村 建介¹
1) 前橋工大・生命情報
- 17:43 S2-15 (2P-36) **リダクターゼ機能相補による新規芳香族化合物分解酵素遺伝子の芳香族化合物複合汚染土壌メタゲノムからの探索**
○永山浩史¹、菅原智詞¹、遠藤諒¹、加藤広海¹、大坪嘉行¹、永田裕二¹、津田雅孝¹
1) 東北大院・生命
- 17:45 S2-16 (2P-56) **枯草菌における異種微生物16S rRNA 遺伝子導入株の作製と解析**
○難波恵理¹、鈴木祥太¹、矢野晃一¹、河村富士夫¹
1) 立教大・理・生命理
- 17:47 S2-17 (2P-42) **メタゲノム解析による日本人腸内マイクロバイオームの特徴解明**
○西嶋傑¹、大島健志朗¹、飯岡恵里香¹、大森恵美¹、木内美沙¹、金錫元¹、須田互¹、森田英利²、服部正平¹
1) 東大院・新領域、2) 麻布大・獣医
- 17:49 S2-18 (2P-49) **非モデルシアノバクテリアにおける補色順化の観察**
○広瀬侑¹、片山光徳²、大島健志朗³、池内昌彦⁴、服部正平³
1) 豊橋技科大・EIIIRIS、2) 日本大・生産工学、3) 東京大・院・新領域、4) 東京大・院・総合文化
- 17:51 S2-19 (2P-07) **PCB分解菌 *Comamonas testosteroni* TK102 株のゲノム解析**
○福田光平¹、細山哲²、勝又啓史²、山副敦司²、藤田信之²、新谷政己¹、金原和秀¹
1) 静大・工、2) NITE
- 17:53 S2-20 (2P-30) **TogoAnnotation: 研究コミュニティ支援ゲノムアノテーションプラットフォームの整備とセマンティックウェブ技術利用の取り組み**
○藤澤貴智¹、神沼英里¹、岡本忍²、菅原秀明¹、内山郁夫³、黒川顕⁴、中村保一¹
1) 遺伝研・生命情報研究センター、2) ライフサイエンス統合データベースセンター、3) 基生研・理論生物学領域、4) 東工大院・生命理工
- 17:55 S2-21 (2P-39) **環境RNAからrRNAを除去するテーラーメイド型手法の開発**
○増田曜子¹、伊藤英臣¹、白鳥豊²、海野佑介³、信濃卓郎³、下村有美⁴、早津雅仁⁴、大島健志朗⁵、服部正平⁵、磯部一夫¹、大塚重人¹、妹尾啓史¹
1) 東大院・農、2) 新潟農総研、3) 北農研、4) 農環研、5) 東大院・新領域
- 17:57 S2-22 (2P-53) **枯草菌において *rm* オペロンのコピー数が *prophage2* に与える影響の解析**
○矢野 晃一¹、和田 哲也¹、増田 健太¹、安藤 星次郎¹、松本 貴嗣²、志波 優²、吉川 博文^{2,3}、河村 富士夫¹
1) 立教大・理、2) 東京農大・ゲノム解析セ、3) 東京農大・応生科・バイオ

●ポスター討論

18:05-18:50

2P 奇数番号

●懇親会(1階食堂)

19:00-20:30

3月10日(日)

8:50 受付開始

●口頭発表4

9:00 O4-01 (2P-37)

BLSOM解析を活用したマダニ媒介性病原体の検索

○中尾亮¹、阿部貴志^{2,3}、山本正悟⁴、Nijhof Ard⁵、Jongejan Frans⁶、池村淑道²、杉本千尋¹

1) 北大・人獣セ、2) 長浜バイオ大・バイオ、3) 新潟大・工、4) 宮崎衛研、5) 独・フリー大、6) 蘭・ユトレヒト大

9:12 O4-02 (2P-75)

糸状菌 *Chaetomium globosum* における天然物生合成の人為的変動

○中沢威人¹、五反田康孝¹、石内勘一郎¹、野口博司¹、渡辺賢二¹

1) 静岡県大院・薬

9:24 O4-03 (2P-05)

人為起源物質分解能を有する sphingomonad 細菌群のゲノムと可動性遺伝因子

○永田裕二¹、大畑智史¹、田端理朗¹、大坪嘉行¹、津田雅孝¹

1) 東北大院・生命科学

9:36 O4-04 (2P-47)

Ribosome profiling による翻訳開始部位の精密マッピング

○中東憲治¹、中屋敷徹²、志波優³、吉川博文^{3,4}、森浩禎²、富田勝^{1,5}

1) 慶應大・先端生命研、2) 奈良先端大・生物、3) 東京農大・ゲノムセンター、4) 東京農大・応用生物、5) 慶應大・環境情報

9:48 O4-05 (2P-69)

光スイッチ開発による光合成物質生産の効率化への試み

○成川礼^{1,2}、Ni Ni Win¹、池内昌彦¹

1) 東大・院・総合文化、2) JST・さきがけ

10:00 O4-06 (2P-76)

乳酸菌由来タンナーゼ遺伝子の探索と酵素活性に関する研究

○野本 竜平¹、上田 宗平²、吉田 健一²、大澤 朗²

1) 神戸大・自然科学系先端融合研究環、2) 神戸大院・農学研究科

10:12 O4-07 (2P-58)

病原真菌 *Aspergillus fumigatus* の孢子におけるストレス耐性機構の解析

○萩原大祐¹、五ノ井透¹、川本進¹

1) 千葉大・真菌センター

10:24 O4-08 (2P-17)

南極の好冷性 *Rhizobium* 属細菌のゲノム解析

○馬場知哉¹、阿部貴志²、豊田敦³、藤山秋佐夫^{3,4}、伊村智⁵、神田啓史⁵、
本山秀明⁵、仁木宏典³

1) 新領域融合セ、2) 新潟大院、3) 遺伝研、4) 情報研、5) 極地研

●フォーラム、研究・留学と家庭の両立を考える

10:45

趣旨ならびに若手アンケート結果の説明

11:00

ベンター研究所留学雑記

柿澤 茂行(産総研)

11:10

私の研究人生(留学、結婚、出産を経て)

愿山 郁(京都産業大)

11:20 一度きりの人生です。大いに楽しもう！
新蔵 礼子(長浜バイオ大)

11:30 討論時間

●ランチョンセミナー 2

12:00-12:45 次世代シーケンサーでのサンプル調製のコツ～デジタルPCRの利用
バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社
藤江 学
沖縄科学技術大学院大学 DNAシーケンシングセクション

●ポスター討論

12:55-13:40 2P 偶数番号

●口頭発表 5

13:50 O5-01 (2P-46) 枯草菌の銅イオン取り込みに関与する *ycnKJI* オペロンを直接制御する YcnK 転写因子の構造と機能

○広岡和丈¹、枝廣貴成¹、木村晃輔¹、藤田泰太郎¹
1) 福山大生命工・生物工

14:02 O5-02 (2P-09) 二重相同組換え法を用いた *Bifidobacterium longum* の染色体上遺伝子への欠失変異導入技術の開発

○吹谷 智¹、平山洋佑¹、阪中幹祥¹、福岡英訓²、村山寛樹²、加納康正²、横田 篤¹
1) 北大院農・応生科、2) 京都薬大・遺伝子工

14:14 O5-03 (2P-66) モデル生物 *Thermus thermophilus* HB8 の蛋白質の翻訳後修飾

増井良治^{1,2}、上利佳弘²、新海暁男²、飯尾洋太¹、岡西広樹¹、Kwang Kim¹、大山礼雅¹、西田優也³、福井健二⁴、倉光成紀^{1,2,3}
1) 阪大・院理、2) 理化学研究所・SPRING-8 センター、3) 阪大・院生命機能、4) 阪大・院工

14:26 O5-04 (2P-11) 超好熱性アーキア *Thermococcus kodakarensis* のヒストンによる新たなクロマチン構造

○円山由郷¹、福島久典¹、跡見晴幸²、竹安邦夫³、Nicholas A Kent⁴
1) 大阪歯科大学・細菌学講座、2) 京都大学・工学研究科、3) 京都大学・生命科学研究科、4) Cardiff University, School of Bioscience, UK

14:38 O5-05 (2P-28) 微生物統合データベース MicrobeDB.jp

○森宙史¹、内山郁夫²、菅原秀明³、中村保一³、黒川顕¹、MicrobeDB.jp プロジェクトチーム^{1,2,3}
1) 東京工業大学、2) 基礎生物学研究所、3) 国立遺伝学研究所

14:50 O5-06 (2P-51) 枯草菌ファージ防御遺伝子 *nonA* の転写制御とファージ特異性の解析

○山本達也¹、Yee Lii Mien²、朝井計³、中村幸治¹
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

〔第3日目〕

15:02 O5-07 (2P-48)

***Bradyrhizobium japonicum*のPHB蓄積に関わるパラログ遺伝子の機能解析**

芦田義裕¹、田中耕生²、竹中慎治¹、○吉田健一¹

1) 神戸大院・農、2) 神戸大院・自

15:14 O5-08 (2P-57)

単細胞性緑藻*Pseudococcomyxa ellipsoidea*の遺伝子ノックアウト技術開発

○吉満 勇也^{1,2}、今村 壮輔³、福原 いずみ²、藏野 憲秀¹、福田 裕章¹、原山 重明²

1) (株)デンソー基礎研、2) 中大・理工、3) 東工大・資源研

ポスター発表 及び 企業展示会 プログラム

ポスター討論時間

1P奇数番号 3月 8日(金) 18:15~19:00

1P偶数番号 3月 9日(土) 11:00~11:45

2P奇数番号 3月 9日(土) 18:05~18:50

2P偶数番号 3月10日(日) 12:55~13:40

※3月9日(土) 11:45~12:30に
1Pから2Pへポスターを張り替えてください。

ポスター 1P

ポスター掲示期間

3月8日(金) 13:00 ~ 3月9日(土) 11:45

討論時間

奇数番号: 3月8日(金) 18:15 ~ 19:00

偶数番号: 3月9日(土) 11:00 ~ 11:45

《ゲノムの構造と進化》

- 1P-01 (S1-06) IncP-9群プラスミドNAH7の接合伝達開始配列の解析**
 ○岸田 康平¹、井上 慧¹、宮崎 亮²、大坪 嘉行¹、永田 裕二¹、津田 雅孝¹
 1) 東北大院・生命、2) ローザンヌ大
- 1P-02 (O1-04) 大腸菌O抗原合成遺伝子の網羅的解析と感染症対策に向けた利用**
 ○井口純¹、伊豫田淳²、大西真²
 1) 宮崎大学・IR推進機構、2) 感染研・細菌第一
- 1P-03 (O2-05) 菌血症由来 *Helicobacter cinaedi* PAGU611 株の全ゲノム配列決定ならびに比較ゲノム解析**
 ○後藤隆次¹、小椋義俊²、平川英樹³、富田純子⁴、森田雄二⁴、田中香お里¹、渡邊邦友¹、赤池孝章⁵、林 哲也²、河村好章⁴
 1) 岐阜大・生命セ、2) 宮崎大・フロンティア、3) かずさ DNA 研、4) 愛知学院大・薬、5) 熊本大院・生命科学
- 1P-04 細菌種内多様性創出の新規制御機構**
 ○渡辺孝康¹、野澤孝志¹、相川知宏¹、遠藤亜希子¹、丸山史人^{1,2}、中川一路¹
 1) 東医歯大・院医歯総合・細菌感染制御、2) 東医歯大・院医歯総合・環境遺伝生態
- 1P-05 (O2-06) 種内系列間相同組換えと適応進化の関連のゲノムワイド解析**
 矢原耕史^{1,2,3}、河合幹彦^{2,3,4,5}、古田芳一^{2,3}、高橋規子^{2,3}、半田直史^{2,3}、鶴剛史^{2,3}、大島健志朗²、吉田優⁶、東健⁶、服部正平²、Dorota Matelska⁷、Stanisław Dunin-Horkawicz⁷、Janusz Bujnicki⁷、内山郁夫⁴、○小林一三^{2,3,8}
 1) 久留米大・医、2) 東大・新領域、3) 東大・医科研、4) 基生研、5) JAMSTEC、6) 神戸大・医、7) International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw、8) 東大・理
- 1P-06 (O1-08) ヒト MAC 症由来 *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis* の遺伝的多様性とゲノム構造解析**
 ○岩本朋忠¹、中西典子¹、中島千絵²、有川健太郎¹、鈴木定彦²
 1) 神環保研・微生物、2) 北大・人獣センター
- 1P-07 アユ冷水病菌の完全ゲノム配列決定とニジマス冷水病菌との比較ゲノム解析**
 ○大黒健二¹、田村真奈美¹、南部隆之²、福島久典²、阿部貴志³、向由起夫¹
 1) 長浜バイオ大・バイオサイエンス、2) 大歯大・歯、3) 新潟大・工
- 1P-08 (O1-02) 枯草菌孢子形成期における SP β プロファージの切り出しに伴う孢子形成関連遺伝子 *capD* の再構築**
 ○安部公博¹、新井健司²、岩本敬人²、中村甫²、丸山祐輝²、佐藤勉^{1,2}
 1) 法政大・マイクロ・ナノテクセンター、2) 法政大・生命科学

- 1P-09 病原性酢酸菌 *Asaia bogorensis* のゲノム解析**
 ○東裏典枝^{1,2}、波多野裕美^{1,2}、高見晶子^{1,2}、平川英樹³、武部 聡¹、松下一信^{2,4}、東 慶直^{1,2}
 1) 近大生物理工、2) JST-ALCA、3) かずさ DNA、4) 山口大農
- 1P-10 DnaA に依存しないシアノバクテリアの DNA 複製開始機構**
 ○大林龍胆¹、渡辺智¹、千葉櫻拓¹、吉川博文¹
 1) 東京農大・応生科・バイオ
- 1P-11 *Verrucomicrobia* 門に属する土壌細菌 *Roseimicrobium gellanilyticum* DC2a-G7^T 株のドラフトゲノム解析**
 末永卓¹、大塚重人¹、○伊藤英臣¹、西澤智康¹、磯部一夫¹、妹尾啓史¹
 1) 東大院・農
- 1P-12 (O2-07) 納豆菌 20 株のゲノムシーケンスと網羅的表現型計測による多型表現型間の相関および機能解析**
 ○藤井和史¹、長谷純崇¹、西川宗伸²、田谷有紀²、三宅正透¹、木村啓太郎³、佐藤健吾¹、榊原康文¹
 1) 慶應大・理工、2) タカノフーズ、3) 農研機構・食総研
- 1P-13 光合成細菌における酸化損傷塩基分解酵素の解析**
 ○成田 佳織¹、久留主泰朗¹
 1) 茨城大院・農
- 1P-14 嫌気性乳酸菌の酸化損傷塩基の生成と抑制に関する解析**
 ○小島由夏¹、富山香里¹、久留主泰朗¹
 1) 茨城大学農学部
- 1P-15 (S1-16) 紅藻 *Cyanidium caldarium* delta 株のミトコンドリアゲノム解読**
 ○兼崎友¹、三角修己²、渡辺智³、黒岩常祥⁴、吉川博文^{1,3}
 1) 東京農大・ゲノムセンター、2) 山口大・理、3) 東京農大・応生科バイオ、4) 立教大・理
- 1P-16 *Aspergillus nidulans* および *A. oryzae* のエキソン、イントロン領域における塩基組成とヌクレオソーム密度**
 西田洋巳¹、片山琢也²、鈴木穰³、近藤伸二⁴、堀内裕之²
 1) 東大院・農生科アグリバイオ、2) 東大院・農生科応生工、3) 東大院・新領域、4) 極地研
- 1P-17 (O1-09) 飢餓と蘇生の繰り返しを乗り越えた大腸菌**
 ○應蓓文¹、本田朋也¹、瀬尾茂人¹、中村昇太²、津留三良¹、四方哲也^{1,3,4}
 1) 阪大院・情報、2) 阪大・微研、3) 阪大院・生命機能、4) ERATO・JST
- 1P-18 (O2-10) 薬剤耐性大腸菌の実験進化的創出とゲノミクス解析**
 ○鈴木真吾¹、堀之内貴明¹、古澤力¹
 1) 理研・生命システム研究センター (QBiC)
- 1P-19 (S1-13) 腸管出血性大腸菌 O26 におけるゲノムアダプテーション解析**
 ○小椋義俊^{1,2}、桂啓介¹、伊藤武彦³、Mainil Jacques⁴、吉野修司⁵、磯部順子⁶、勢戸和子⁷、江藤良樹⁸、黒木真理子⁵、木全恵子⁶、前田詠里子⁸、後藤恭宏²、大岡唯祐²、林哲也^{1,2}
 1) 宮崎大・フロンティア、2) 宮崎大・医・微生物、3) 東工大院・生命理工、4) リエージュ大・獣医・細菌、5) 宮崎衛環研・微生物、6) 富山衛研・細菌、7) 大阪府衛研・感染・細菌、8) 福岡保環研・保科・病理細菌

1P-20 (O1-05) 細胞内DNase I footprinting:次世代シーケンサによる高解像度の転写因子結合部位決定

Onuma Chumsakul¹、中村建介²、倉田哲也¹、坂本智昭¹、Jon L. Hobman⁴、
小笠原直毅¹、大島拓¹、○石川周¹

1)奈良先端大、2)前橋工科大、3)Univ. Nottingham

1P-21 (O1-03) ユーグレナにおける遺伝子水平伝播のゲノムワイド解析

○乳井昌道¹、小野直亮²、金谷重彦²、太田大策³、有田正規^{1,4}

1)東大・理、2)奈良先端大・情報、3)大阪府大・生命環境、4)理研・PSC

《バイオインフォマティクス》**1P-22 (O1-06) ゲノム配列上のインサクション部位を検出する新しい手法の開発**

上坂一馬¹、平出優人¹、藤田祐一¹、小俣達男¹、○井原邦夫²

1)名大院・生命農学、2)名大・遺伝子

1P-23 DNA配列認識ドメインの非オーソロガス遺伝子間の移動

○古田芳一^{1,2}、小林一三^{1,2,3}

1)東大院・新領域、2)東大・医科研、3)東大院・理

1P-24 tRNA 遺伝子データベース tRNADB-CE を活用した tRNA 遺伝子予測ワークフローの開発

○後藤大起¹、池村淑道²、井口八郎²、山田優子²、武藤あきら³、阿部貴志¹

1)新潟大・工・情報、2)長浜バイオ大、3)弘前大

1P-25 (S1-19) メタゲノム配列に対する系統推定法のための自己圧縮型 BLSOM (一括学習型自己組織化マップ) の開発

○菊地亮仁¹、金谷重彦²、池村淑道³、阿部貴志¹

1)新潟大・工・情報、2)奈良先端大、3)長浜バイオ大

1P-26 (S1-17) 一括学習型自己組織化マップ(BLSOM)法と学習ベクトル量子化(LVQ)法を組み合わせた水平伝播候補遺伝子探索法の開発

○金田卓馬¹、池村淑道²、阿部貴志¹

1)新潟大・工・情報、2)長浜バイオ大

1P-27 一括学習型自己組織化マップ(BLSOM)解析のための塩基組成を考慮した連続塩基配列組成計算法の確立

○江原千尋¹、池村淑道²、阿部貴志¹

1)新潟大・工・情報、2)長浜バイオ大

1P-28 (S1-03) BLSOM を利用した tRNA 遺伝子の特徴抽出

○池村淑道¹、岩崎裕貴^{1,2}、三宅雄大¹、和田 健之介¹、和田佳子^{1,3}、山田優子¹、武藤昱⁴、
井口八郎¹、阿部貴志⁵

1)長浜バイオ大、2)日本学術振興会特別研究員DC、3)滋賀医大、4)弘前大、5)新潟大

1P-29 (S1-12) RNA ウィルスと宿主因子の相互作用を検出するための手法の開発

○小倉歩¹、馮麗利¹、岩崎裕貴^{1,2}、阿部貴志³、和田健之介¹、和田佳子⁴、池村淑道¹

1)長浜バイオ大、2)日本学術振興会特別研究員DC、3)新潟大、4)滋賀医大

1P-30 近隣剪定法によるウィルス遺伝子配列のリサンプリング

○米澤弘毅¹、五十嵐学²、伊藤公人²

1)長浜バイオ大、2)北大・人獣共通感染症リサーチセンター

- 1P-31 (O1-10) シンテニーに基づく微生物のコアゲノムデータベース
○内山郁夫¹、西出浩世¹、三原基広²、千葉啓和¹
1) 基生研・ゲノム情報、2) ダイナコム
- 1P-32 統計数理に基づいた環境微生物の単離とそのパターン解析
○坪内泰志¹、西真郎¹、嶋根康弘¹、臼井けい子¹、森梢¹、丸山正¹、秦田勇二¹
1) JAMSTEC・Biogeos
- 《メタゲノム研究》
- 1P-33 (S1-18) ゲノム・メタゲノムの潜在的機能解析システム
○高見英人¹、谷口丈晃²、守屋勇樹³、桑原知巳⁴、荒井渉¹、金久實³、五斗進³
1) 海洋機構・生物圏、2) 三菱総研、3) 京大・化研、4) 香川大・医
- 1P-34 顎骨髄炎のコア・マイクロバイオームと菌叢決定因子
○丸山史人¹、郷田瑛¹、道泰之¹、中川一路¹、原田清¹
1) 東医歯大・院医歯総合
- 1P-35 セルロース系バイオマスを利用した集積培養系のメタトランスクリプトーム解析とバイオマス糖化酵素の探索
○三浦隆匡¹、鎌形洋一¹、木村信忠¹
1) 産総研 生物プロセス 生物資源情報
- 1P-36 *Pseudomonas putida* F1 株の土壌特異的タンパク質の発現解析
○森本 一¹、門屋亨介¹、桑野晶喜¹、笠原康裕¹
1) 北大・低温研
- 1P-37 (O2-02) 特異的プライマーを用いた環状DNAの増幅
岡村好子¹
1) 広島大学大学院先端物質科学研究科
- 1P-38 環境攪乱に対する微生物群集の機能応答解明へのオミックスアプローチ
○濱村奈津子¹、黄鶴¹
1) 愛媛大・沿岸センター
- 1P-39 バングラデシュにおける小児糞便細菌叢のダイナミクス
○後藤和義¹、本岡大祐¹、中村昇太¹、飯田哲也¹、堀井俊宏¹
1) 阪大・微研・感染症メタゲノム研究分野
- 1P-40 ヒト唾液中に存在する腸内常在性細菌種の特異
○木口悠也¹、須田互¹、高畑宗明²、竹尾淳²、森田英利²、服部正平¹
1) 東大院・新領域、2) 麻布大・獣医
- 1P-41 高速シーケンシングを用いた水産養殖場のマイクロバイオーム解析
○須田互¹、張楊²、飯岡恵里香¹、稲葉寛実¹、大森恵美¹、木内美沙¹、進藤智絵¹、高山由紀子¹、服部恭江¹、古谷恵子¹、金相完¹、大島健志朗¹、大藤道衛³、笹平俊²、服部正平¹
1) 東大院・新領域、2) 株松本微生物研究所、3) 東京テクニカルカレッジ・バイオ科

- 1P-42 **高速シーケンシングによる多発性硬化症患者の腸内細菌叢解析**
 ○金相完¹、三宅幸子²、須田互¹、大島健志朗¹、金錫元¹、飯岡恵里香¹、稲葉寛実¹、大森恵美¹、進藤智絵¹、高山由紀子¹、服部恭江¹、古谷恵子¹、木内美沙¹、服部正平¹、山村隆²
 1) 東大院・新領域・オーミクス、2) 国立精神神経医療研究センター
- 1P-43 (S1-14) **メタゲノムデータの比較を ab initio に行う手法の開発**
 ○尾崎遼¹、岩崎渉^{1,2}、高木利久¹
 1) 東大院・新領域・情報生命、2) 東大・大気海洋研
- 1P-44 **攪乱に対する土壌微生物のレジリエンス**
 ○加藤広海¹、森宙史²、丸山史人³、豊田敦⁴、堂園亜由美²、大坪嘉行¹、永田裕二¹、藤山秋佐夫⁵、黒川顕²、津田雅孝¹
 1) 東北大院生命、2) 東工大院生命理工、3) 東京医科歯科大、4) 国立遺伝研、5) 国立情報研

《遺伝子の発現制御》

- 1P-45 **シアノバクテリア *Synechococcus elongatus* PCC7942 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¹、加藤宏明¹、久保知之¹、嵯峨濃結衣¹、渡辺智¹、千葉櫻拓¹、吉川博文¹
 1) 東京農大・バイオ
- 1P-46 **希少放線菌 *Actinoplanes missouriensis* の遊走孢子走化性アッセイ系の構築**
 手塚武揚¹、○木村知宏¹、張文瑄¹、大西康夫¹
 1) 東大院・応生工
- 1P-47 **土壌細菌 *Burkholderia multivorans* ATCC17616 株における Fur の機能及び発現制御機構の解析**
 ○佐藤拓哉¹、木村明音¹、湯原悟志¹、大坪嘉行¹、永田裕二¹、津田雅孝¹
 1) 東北大・院生命
- 1P-48 (S1-07) **プラスミド由来分解系のマスター転写制御因子遺伝子の異なる宿主における発現様式変化**
 ○岩田修¹、松本貴嗣²、新谷政己³、高妻篤史⁴、岡田憲典¹、山根久和⁵、野尻秀昭¹
 1) 東大・生物工学セ、2) 東農大・ゲノム解析セ、3) 静大・工、4) 東葉大・生命、5) 帝京大・バイオ
- 1P-49 (S1-01) **ラン色細菌 *Synechocystis* sp. PCC6803 の酸耐性順化株における細胞外物質の解析**
 ○浅倉良介¹、岩田直也¹、内山純爾²、太田尚孝^{1,2}
 1) 東理大・理、2) 東理大・総研・RNA 科学研究センター
- 1P-50 (S1-10) **シアノバクテリアの様々ストレス耐性獲得に関与する SII1180 の機能解析**
 ○内山純爾¹、田中優²、田原寛子²、松橋歩²、太田尚孝^{1,2}
 1) 東理大・総研・RNA、2) 東理大・理
- 1P-51 ***Pseudoalteromonas atlantica* AR06 株の菌体外アルギン酸リアーゼ (*alyA*) のカタボライト抑制と調節領域**
 ○松嶋良次¹、渡邊龍一¹、村田昌一¹、津田雅孝²、鈴木敏之¹
 1) 水研センター中央水研、2) 東北大院・生命科
- 1P-52 (S1-09) ***Bacillus weihenstephanensis* KBAB4 株における DNA 再編成の制御機構**
 ○岩本敬人¹、安部公博²、佐藤勉^{1,2}
 1) 法政大・生命科学、2) 法政大・マイクロ・ナノテクセンター

- 1P-53 (O1-01) 酢酸菌のストレス応答に関するゲノム解析**
波多野裕美^{1,2}、東裏典枝^{1,2}、高見晶子^{1,2}、平川英樹³、武部 聡¹、松下一信^{2,4}、○東 慶直^{1,2}
1) 近大生物理工、2) JST-ALCA、3) かずさDNA、4) 山口大農
- 1P-54 (O2-01) 糸状性シアノバクテリア *Anabaena* sp. PCC 7120 における塩ストレス応答の制御機構**
○得平茂樹^{1,2,3}、木村聡²、大森正之^{1,2}
1) 中央大・理工、2) 埼玉大・理、3) JST・さきがけ
- 1P-55 紅色硫黄光合成細菌 *Allochrocatium vinosum* の光合成関連遺伝子群の発現調節因子の同定と解析**
○藤原弘平¹、川口達也¹、萩原進¹、古屋伸久¹、加藤潤一¹
1) 首都大・理工・生命
- 1P-56 (S1-11) KaiC リン酸化振動を伴わないゲノムワイドな転写振動の解析**
○梅谷実樹¹、細川徳宗¹、岩崎秀雄¹
1) 早大・先進理工・電生
- 1P-57 (O2-09) セルラーゼ高生産糸状菌 *Trichoderma reesei* 変異株系統樹の比較ゲノム解析**
○志田洋介¹、Juliano de Oliveira Porciuncula¹、新田美貴子²、山口香織¹、平川英樹³、森一樹⁴、久原哲⁴、小笠原渉¹
1) 長岡技科大・生物、2) JST、3) かずさDNA研、4) 九大院・生資源
- 1P-58 大腸菌の飢餓応答と遺伝子発現調節**
○牧泰史¹、竹内力矢²、道瀬ひとみ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^{2,4}
1) 大阪医大・物理、2) 奈良先端・バイオ・生体情報、3) 吉田生物研、4) 慶應・先端生命・微生物工学
- 1P-59 油脂生産性微細藻類によるバイオ燃料生産 *Pseudococcomyxa ellipsoidea* における油脂合成関連因子の同定に向けて**
○並木友亮¹、今村壮輔²、藏野憲秀³、原山重明¹
1) 中央大・理工・生命、2) 東工大・資源研、3) デンソー・基礎研
- 1P-60 油脂生産性微細藻類 *Pseudococcomyxa ellipsoidea* におけるセルフクロニングシステムの開発**
○大島昂平¹、笠井由紀¹、池田富貴子²、藏野憲秀³、原山重明¹
1) 中央大学 理工生命、2) 中央大・研究開発機構、3) デンソー・基礎研究所
- 1P-61 大腸菌 Hha, YdgT タンパク質による外来性遺伝子の転写抑制**
上田剛士¹、高橋弘喜²、石川周¹、小笠原直毅¹、○大島 拓¹
1) 奈良先端大・バイオ、2) 千葉大・真菌医セ
- 1P-62 (S1-02) オイル生産藻類 *Pseudococcomyxa ellipsoidea* における安定した導入遺伝子発現系の開発**
○阿部 淳¹、吉満 勇也^{1,2}、高木 さつき¹、福原 いずみ¹、藏野 憲秀²、今村 壮輔³、原山 重明^{1,4}
1) 中央大・研究開発機構、2) (株)デンソー・基礎研、3) 東工大・資源研、4) 中央大・理工生命
- 1P-63 シアノバクテリアにおける低酸素環境での生育に関わる遺伝子同定**
○河野央¹、尾崎剛史¹、上坂一馬²、井原邦夫³、青木里奈²、藤田祐一²、寺内一姫¹
1) 立命館大・生命科学、2) 名古屋大・院生命農、3) 名古屋大・遺伝子

- 1P-64 **窒素固定条件下で耐乾燥性に関与する遺伝子を考慮した耐乾燥性ラン藻の有効利用法の検討**
○加藤 浩¹
1) 三重大生命セ植物
- 1P-65 **プロテオーム手法によるヒ素及びアンチモン酸化細菌の細胞応答解析**
○福島江¹、黄鶴¹、広瀬侑²、濱村奈津子¹
1) 愛媛大・CMES、2) 豊技大・EIIIRIS
- 1P-66 **枯草菌における転写開始点のゲノムワイドな解析**
○松本貴嗣¹、吉川博文^{1,2}
1) 東京農大・ゲノム解析セ、2) 東京農大・応生科・バイオ
- 1P-67 (S1-04) **次世代シーケンサーによる土壌細菌の環境適応遺伝子の新規探索手法の開発**
○石橋蓉子¹、大坪嘉行¹、永田裕二¹、津田雅孝¹
1) 東北大院・生命科

《合成生物学》

- 1P-68 **紅色光合成細菌 *Rubrivivaxgelatinosus* 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¹、本多 弘典¹、加藤 潤一¹
1) 首都大院 理工 生命
- 1P-69 **突然変異育種による単細胞性緑藻 *Pseudococcomyxa ellipsoidea* の油脂生産性改善**
○早川准平¹、井出曜子¹、小池裕幸¹、原山重明¹
1) 中央大・理工・生命

《細胞増殖の分子機構》

- 1P-70 **枯草菌リボソーム 30S サブユニットタンパク質 RpsK, RpsU の機能解析**
○高田啓¹、盛田雅人¹、杉本竜馬¹、大竹俊平¹、志波優³、鈴木祥太²、河村富士夫²、吉川博文^{1,3}
1) 東京農大・応生科・バイオ、2) 立教大・理、3) NGRC
- 1P-71 **石油汚染下の微生物群集中における海洋性多環芳香族炭化水素 (PAHs) 分解菌 *Cycloclasticus* の培養制御について**
○山下俊輔¹、竹石 英伯¹、荻原 淳²、奥田 修二郎³、安斎 寛⁴、岩淵 範之¹、砂入 道夫¹
1) 日大・生資科・応生科、2) 日大・生資科・生化科、3) 立命館大・生命・生命情報、4) 日大・短大・生資科
- 1P-72 (O2-04) **増殖関連 3 量体型 G タンパク質に対する相互作用因子の逆遺伝学的解析**
住友洋平¹、○桑山秀一¹
1) 筑波大学生命環境系、生物科学専攻
- 1P-73 (O2-08) **大腸菌形態制御因子 RodZ の分裂面への局在とその意義**
○塩見大輔¹、仁木宏典^{1,2}
1) 遺伝研・系統生物研究センター、2) 総研大
- 1P-74 (S1-08) **大腸菌の定常期の生育に関わるユニバーサルストレスプロテインの機能解析**
○岩舘佑未¹、加藤潤一¹
1) 首都大院・理工・生命

1P-75 バイオフィルム表現型の変化に関与する新規遺伝因子の探索○李 昇昱¹、高橋 裕里香¹、野村 暢彦²、岡田 憲典¹、山根 久和³、野尻 秀昭¹

1) 東大・生物工学セ、2) 筑波大院・生命環境、3) 帝京大・バイオ

《代謝工学》**1P-76 (O2-03) 転写制御因子を用いたラン藻の代謝と光合成の改変**○小山内崇^{1,2}、沼田圭司³、及川彰^{2,4}、桑原亜由子²、飯嶋寛子²、斎藤和季^{2,5}、平井優美²

1) JST・さががけ、2) 理研・PSC、3) 理研・BMEP、4) 山形大・農、5) 千葉大・薬

1P-77 芳香族化合物を代謝する *Halomonas* 属細菌の分離とゲノム解析○嶋根康弘¹、大田ゆかり¹、西真郎¹、長谷川良一¹、小林樹和¹、谷崎明子¹、國友寛予¹、西原瑞恵¹、坪内泰志¹、丸山正¹、秦田勇二¹

1) JAMSTEC・Biogeos

1P-78 (S1-15) 超好熱菌の水素高生産株の分子育種○金井保^{1,3}、塚本遼平¹、安河内綾子¹、今中忠行^{2,3}、跡見晴幸^{1,3}

1) 京大院・工、2) 立命館大・生命、3) CREST

1P-79 (S1-05) 単細胞性緑藻 *Pseudococcomyxa ellipsoidea* を用いた、バイオ燃料生産のための有用形質を持つ突然変異体のゲノム解析○井出曜子¹、早川准平¹、坂本美佳¹、今村壮輔²、蔵野憲秀³、原山重明^{1,4}

1) 中央大・研究開発機構、2) 東工大・資源化学研究所、3) デンソー・基礎研究所、4) 中央大・理工生命

ポスター 2P

ポスター掲示期間

3月9日(土) 12:30 ~ 3月10日(日) 13:40

討論時間

奇数番号: 3月9日(土) 18:05 ~ 18:50

偶数番号: 3月10日(日) 12:55 ~ 13:40

《ゲノムの構造と進化》

- 2P-01 (O3-01) 分裂酵母を用いた生殖隔離メカニズム解明への挑戦とその課題**
 ○清家泰介¹、中村太郎¹、下田親¹
 1) 大阪市大院・理・生物地球
- 2P-02 (O1-07) 宿主適応に関連したインフルエンザウイルスの genome signature**
 ○岩崎裕貴^{1,2}、阿部貴志³、和田健之介¹、和田佳子^{1,4}、池村淑道¹
 1) 長浜バイオ大、2) 日本学術振興会特別研究員DC、3) 新潟大、4) 滋賀医大
- 2P-03 *Escherichia* 属の新菌種 *E. albertii* のゲノム解析**
 ○大岡唯祐¹、桂啓介¹、後藤恭宏²、小椋義俊^{1,2}、林哲也^{1,2}
 1) 宮崎大・医・微生物、2) 宮崎大・フロンティア
- 2P-04 gamma-HCH 分解能を示す *Sphingobium* 属細菌 TKS 株と MI1205 株の全ゲノム配列決定と gamma-HCH 分解関与遺伝子群周辺領域の解析**
 ○大畑智史¹、田端理朗¹、大坪嘉行¹、永田裕二¹、津田雅孝¹
 1) 東北大・院生命科学
- 2P-05 (O4-03) 人為起源物質分解能を有する sphingomonad 細菌群のゲノムと可動性遺伝因子**
 ○永田裕二¹、大畑智史¹、田端理朗¹、大坪嘉行¹、津田雅孝¹
 1) 東北大院・生命科学
- 2P-06 (海外若手講演 4) 薬剤耐性プラスミドの宿主域実験進化**
 ○矢野大和^{1,2}、Julie Hughes¹、Gail Deckurt¹、Masahiro Sota¹、Zaid Abdo¹、Igor Konieczny³、Eva Top¹
 1) University of Idaho、2) 東大院・新領域、3) University of Gdansk
- 2P-07 (S2-19) PCB 分解菌 *Comamonas testosteroni* TK102 株のゲノム解析**
 ○福田洸平¹、細山哲²、勝又啓史²、山副敦司²、藤田信之²、新谷政己¹、金原和秀¹
 1) 静大・工、2) NITE
- 2P-08 酢酸菌 *Acetobacter pasteurianus* 12 株におけるゲノム情報と耐熱性との比較解析**
 ○松谷峰之介¹、貝沼(岡本)章子²、山下隆司¹、志波優³、鈴木治夫⁴、平川英樹⁵、石川森夫²、小泉幸道²、吉川博文^{2,3}、薬師寿治¹、松下一信¹
 1) 山口大・農、2) 東農大・応用生科、3) 東農大・ゲノムセンター、4) 山口大・院理工、5) かずさ DNA 研・植物ゲノム研究部
- 2P-09 (O5-02) 二重相同組換え法を用いた *Bifidobacterium longum* の染色体上遺伝子への欠失変異導入技術の開発**
 ○吹谷 智¹、平山洋佑¹、阪中幹祥¹、福岡英訓²、村山寛樹²、加納康正²、横田 篤¹
 1) 北大院農・応生科、2) 京都薬大・遺伝子工

- 2P-10 (S2-03) なぜシロアリ腸内共生原生生物のゲノムは巨大なのか？**
 ○桑原宏和¹、中西俊平¹、中鉢淳^{1,2}、本郷裕一¹
 1) 東工大・生命理工、2) 豊橋技科大
- 2P-11 (O5-04) 超好熱性アーキア *Thermococcus kodakarensis* のヒストンによる新たなクロマチン構造**
 ○円山由郷¹、福島久典¹、跡見晴幸²、竹安邦夫³、Nicholas A Kent⁴
 1) 大阪歯科大学・細菌学講座、2) 京都大学・工学研究科、3) 京都大学・生命科学研究科、4) Cardiff University, School of Bioscience, UK
- 2P-12 (O3-02) 始原紅藻 *C. merolae* の逆転または高度分断化 tRNA 遺伝子の解析**
 ○相馬亜希子^{1,3}、菅原潤一²、小野寺瑛宣³、谷内江望^{2,4}、金井昭夫²、大沼みお³、黒岩晴子³、黒岩常祥³、関根靖彦³
 1) 千葉大・園芸、2) 慶応大・先端生命、3) 立教大・理、4) トロント大
- 2P-13 枯草菌における分子シャペロン GroESL による突然変異緩衝作用の解析**
 ○法花津匠¹、大塚まみ¹、武井若紗¹、小菅是子¹、小林郷菜¹、吉川博文¹
 1) 東京農大・応生化・バイオ
- 2P-14 *Fusarium proliferatum* ゲノム中の転移因子探索のためのドラフトゲノム解析**
 ○渡辺麻衣子¹、大波純一²、足立淳³、小西良子¹、鎌田洋一¹
 1) 国立衛研・衛微、2) JST・NBDC、3) 統数研
- 2P-15 鯨骨生物群集における共生へのゲノミックス的アプローチ**
 ○高木善弘¹、宮崎征行¹、吉田尊雄¹、島村繁¹、河戸勝¹、藤原義弘¹、丸山正¹
 1) 海洋研究開発機構・海洋生物多様性研究プログラム
- 2P-16 微細藻類 *Parachlorella kessleri* と *Haematococcus pluvialis* のゲノムシーケンス**
 ○大島健志朗¹、金相完¹、大田修平²、山崎誠和²、渡邊光一²、河野重行²、服部正平¹
 1) 東大院・新領域・オーミクス、2) 東大院・新領域・先端生命
- 2P-17 (O4-08) 南極の好冷性 *Rhizobium* 属細菌のゲノム解析**
 ○馬場知哉¹、阿部貴志²、豊田敦³、藤山秋佐夫^{3,4}、伊村智⁵、神田啓史⁵、本山秀明⁵、仁木宏典³
 1) 新領域融合セ、2) 新潟大院、3) 遺伝研、4) 情報研、5) 極地研
- 2P-18 (S2-13) 南極湖底に広がる「コケ坊主」の共生生物相の網羅的解析**
 ○中井亮佑^{1,2}、阿部貴志³、馬場知哉⁴、柳原克彦⁴、伊村智⁵、鹿児島浩⁴、神田啓史⁵、小原雄治¹、仁木宏典^{1,4}、長沼毅⁶
 1) 遺伝研・系統生物セ、2) 学振・特別研究員PD、3) 新潟大学・院自然、4) 新領域融合セ・地球生命、5) 極地研・生物圏、6) 広島大学・院生物圏
- 2P-19 深海熱水活動域に生息するイプシロンプロテオバクテリアの溶原性ファージのゲノム解析**
 ○吉田(高島)ゆかり¹、高木善弘¹、島村繁¹、布浦拓郎¹、高井研¹
 1) 海洋機構
- 2P-20 (O3-08) *Paraliobacillus ryukyuensis* の耐塩性関連遺伝子解析**
 鼠尾まい子¹、東春奈¹、渡久地政汰¹、○塚原正俊¹
 1) バイオジェット・先端研究

- 2P-21** **ウシ趾乳頭腫症病変部から分離された *Treponema phagedenis* のゲノム解析**
 ○後藤恭宏¹、山崎和子¹、小椋義俊^{1,2}、大岡唯祐²、矢野貴久³、大島健志朗⁴、服部正平⁴、三澤尚明³、林哲也^{1,2}
 1)宮崎大・フロンティア、2)宮崎大・医・微生物、3)宮崎大・農・獣医公衆衛生、4)東京大・院・新領域
- 2P-22** **乳酸球菌 *Enterococcus mundtii* QU25 株のゲノム情報解析**
 ○築瀬弘明¹、志波優²、善藤威史³、広瀬侑⁵、千葉櫻拓¹、渡辺智¹、門多真理子^{3,1}、園元謙二³、吉川博文¹
 1)東農大・バイオ、2)東農大・ゲノムセンター、3)九大院・農、4)武蔵野大・環境、5)豊橋技科大・EIRIS
- 《バイオインフォマティクス》**
- 2P-23** **Illumina シークエンサを用いたラガービール酵母 *Weihenstephan 34/70* ゲノムの決定**
 ○奥野未来¹、児玉由紀子²、伊藤武彦¹
 1)東工大院・生命理工、2)サントリービジネスエキスパート(株)・微生物科学研究所
- 2P-24** **比較ゲノム解析を用いた二次代謝系遺伝子クラスタ予測**
 ○竹田至¹、梅村舞子²、小池英明²、町田雅之^{1,2}
 1)東京農工大院・工・生命工、2)産総研・生物プロセス
- 2P-25** **イソアロキサジン環を結合するタンパク質の局所構造分類**
 ○鈴木布美子¹、Gopi Kuppuraj²、由良敬²、池内昌彦¹
 1)東大院・総合文化、2)お茶大院・人間文化創成科学
- 2P-26 (S2-14)** **イルミナシーケンサーの特性を考慮した変異コール**
 中村 建介¹
 1)前橋工大・生命情報
- 2P-27 (S2-12)** **マルチプルアラインメントを用いたドメイン単位のオーソログ分類の改良**
 ○千葉啓和¹、内山郁夫¹
 1)基礎生物学研究所
- 2P-28 (O5-05)** **微生物統合データベース *MicrobeDB.jp***
 ○森宙史¹、内山郁夫²、菅原秀明³、中村保一³、黒川顕¹、*MicrobeDB.jp* プロジェクトチーム^{1,2,3}
 1)東京工業大学、2)基礎生物学研究所、3)国立遺伝学研究所
- 2P-29** **Finishing 関連の3つのツール: *GenoFinisher*、*AceFileViewer*、*ShortReadManager***
 ○大坪嘉行¹、永田裕二¹、津田雅孝¹
 1)東北大学大学院生命科学研究所
- 2P-30 (S2-20)** **TogoAnnotation: 研究コミュニティ支援ゲノムアノテーションプラットフォームの整備とセマンティックウェブ技術利用の取り組み**
 ○藤澤貴智¹、神沼英里¹、岡本忍²、菅原秀明¹、内山郁夫³、黒川顕⁴、中村保一¹
 1)遺伝研・生命情報研究センター、2)ライフサイエンス統合データベースセンター、3)基生研・理論生物学領域、4)東工大院・生命理工
- 2P-31** **TogoGenome/TogoStanza: ゲノム情報統合と再利用のためのプラットフォーム**
 ○岡本忍¹、藤澤貴智²、川島秀一¹、片山俊明¹
 1)DBCLS、2)遺伝研・生命情報研究センター

- 2P-32 セマンティックウェブ技術を応用した、微生物ゲノム情報とメタデータの統合**
 ○川島秀一¹、岡本忍¹、片山俊明¹、森宙史²、竹原潤一²、山本希²、市原正巳³、藤澤貴智⁴、中村保一⁴、菅原秀明⁴、黒川顕²
 1)DBCLS、2)東工大・生命理工、3)NBRC、4)遺伝研
- 2P-33 環境メタITS解析を目指したバクテリアITSデータベースの構築**
 ○三崎雅人¹、吉野弘二¹、森宙史¹、山田拓司¹、黒川顕¹
 1)東工大院・生命理工
- 2P-34 (S2-11) アーキア脂質のデータベース**
 ○有田正規^{1,2}、吉本美和¹、深澤桂子³、諏訪和大⁴、八杉悦子^{3,5}、和泉孝志³
 1)東大院・理、2)理研植物セ、3)群馬大院・医、4)リオレクト(株)、5)東大院・医
- 2P-35 メタゲノムデータ用 *de novo* アセンブラーの開発**
 ○梶谷嶺¹、伊藤武彦¹
 1)東京工業大学大学院生命理工学研究科生命情報専攻
- 《メタゲノム研究》
- 2P-36 (S2-15) リダクターゼ機能相補による新規芳香族化合物分解酵素遺伝子の芳香族化合物複合汚染土壌メタゲノムからの探索**
 ○永山浩史¹、菅原智詞¹、遠藤諒¹、加藤広海¹、大坪嘉行¹、永田裕二¹、津田雅孝¹
 1)東北大院・生命
- 2P-37 (O4-01) BLSOM 解析を活用したマダニ媒介性病原体の検索**
 ○中尾亮¹、阿部貴志^{2,3}、山本正悟⁴、Nijhof Ard⁵、Jongejan Frans⁶、池村淑道²、杉本千尋¹
 1)北大・人獣セ、2)長浜バイオ大・バイオ、3)新潟大・工、4)宮崎衛研、5)独・フリー大、6)蘭・ユトレヒト大
- 2P-38 (O3-07) 腸内細菌の細菌叢分布と生態系の数理モデル**
 ○高安伶奈¹、須田互¹、大野博司²、福田真嗣²、高安美佐子³、高安秀樹⁴、服部正平¹
 1)東大院・新領域、2)理研・RCAL、3)東工大院・総理工、4)ソニー CSL
- 2P-39 (S2-21) 環境RNAからrRNAを除去するテーラーメイド型手法の開発**
 ○増田曜子¹、伊藤英臣¹、白鳥豊²、海野佑介³、信濃卓郎³、下村有美⁴、早津雅仁⁴、大島健志朗⁵、服部正平⁵、磯部一夫¹、大塚重人¹、妹尾啓史¹
 1)東大院・農、2)新潟農総研、3)北農研、4)農環研、5)東大院・新領域
- 2P-40 (O3-05) Single cell genomicsのためのphi29 DNA polymeraseの調製**
 ○高橋宏和¹、小堀俊郎¹、山崎裕之²、金原浩子¹、山本公子³、斉藤俊行⁴、千室智之²、小林崇良²、杉山滋¹
 1)農研機構・食総研・ナノバイオ工学、2)関東化学・伊勢原研究所、3)生資研・昆虫ゲノム、4)放医研
- 2P-41 (O3-06) 定量的メタゲノム解析が明らかにした海底下堆積環境を特徴づける還元的脱ハロゲン化遺伝子**
 ○河合幹彦¹、豊田敦²、高木善弘¹、西真郎¹、荒井渉¹、内山郁夫³、伊藤武彦⁴、坪内泰志¹、諸野祐樹¹、青池寛¹、高井研¹、藤山秋佐夫²、稲垣史生¹、高見英人¹
 1)海洋研究開発機構、2)遺伝研、3)基生研、4)東工大

- 2P-42 (S2-17) メタゲノム解析による日本人腸内マイクロバイオームの特徴解明**
 ○西嶋傑¹、大島健志朗¹、飯岡恵里香¹、大森恵美¹、木内美沙¹、金錫元¹、須田互¹、森田英利²、服部正平¹
 1) 東大院・新領域、2) 麻布大・獣医
- 2P-43 赤潮予測に向けた漁場環境メタゲノム解析**
 ○森一樹¹、田代康介¹、久原哲¹、南雲吉代¹、石野園子¹、石野良純¹、安東秀徳²、西広海³、藤原篤志⁴、長井敏⁴、佐野元彦⁴
 1) 九大院・農、2) 熊本水研、3) 鹿児島水技セ、4) 中央水研
- 2P-44 16S アンプリコン解析によるヤマトマダニ保有細菌叢の菌種組成解析**
 ○邱 永晋¹、中尾 亮¹、大沼愛子¹、杉本千尋¹
 1) 北大人獣センター
- 2P-45 環境メタデータと系統組成の統合解析**
 ○吉野弘二¹、西山依里¹、須田好²、竹原潤一¹、山本希¹、森宙史¹、山田拓司¹、丸山史人³、上野雄一郎²、丸山茂徳²、黒川顕¹
 1) 東工大院・生命理工、2) 東工大院・地惑、3) 東京医科歯科大・医歯学総合研究科
- 《遺伝子の発現制御》**
- 2P-46 (O5-01) 枯草菌の銅イオン取り込みに関与する *ycnKJI* オペロンを直接制御する *YcnK* 転写因子の構造と機能**
 ○広岡和丈¹、枝廣貴成¹、木村晃輔¹、藤田泰太郎¹
 1) 福山大生命工・生物工
- 2P-47 (O4-04) Ribosome profiling による翻訳開始部位の精密マッピング**
 ○中東憲治¹、中屋敷徹²、志波優³、吉川博文^{3,4}、森浩禎²、富田勝^{1,5}
 1) 慶應大・先端生命研、2) 奈良先端大・生物、3) 東京農大・ゲノムセンター、4) 東京農大・応用生物、5) 慶應大・環境情報
- 2P-48 (O5-07) *Bradyrhizobium japonicum* の PHB 蓄積に関わるパラログ遺伝子の機能解析**
 芦田義裕¹、田中耕生²、竹中慎治¹、○吉田健一¹
 1) 神戸大院・農、2) 神戸大院・自
- 2P-49 (S2-18) 非モデルシアノバクテリアにおける補色順化の観察**
 ○広瀬侑¹、片山光徳²、大島健志朗³、池内昌彦⁴、服部正平³
 1) 豊橋技科大・EIIIRIS、2) 日本大・生産工学、3) 東京大・院・新領域、4) 東京大・院・総合文化
- 2P-50 (S2-10) *Anabaena* sp. PCC 7120 のヘテロシスト分化における DNA メチル化の役割**
 ○田中裕二¹、得平茂樹^{2,3}、粟井光一郎^{3,4}
 1) 静大院・理、2) 中央大・理工、3) JST・さががけ、4) 静岡大・GRL
- 2P-51 (O5-06) 枯草菌ファージ防御遺伝子 *nonA* の転写制御とファージ特異性の解析**
 ○山本達也¹、Yee Lii Mien²、朝井計³、中村幸治¹
 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-52 (S2-05) プラスミドと宿主染色体由来の H-NS 様因子による異なる転写制御機構の解析**
 ○鈴木千穂¹、尹忠銖^{1,2}、堀田彰一郎³、寺田透²、田之倉優³、岡田憲典¹、山根久和⁴、野尻秀昭^{1,2}
 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、4) 帝京大・バイオ

- 2P-53 (S2-22) 枯草菌において *rrn* オペロンのコピー数が *prophage2* に与える影響の解析**
 ○矢野 晃一¹、和田 哲也¹、増田 健太¹、安藤 星次郎¹、松本 貴嗣²、志波 優²、吉川 博文^{2,3}、河村 富士夫¹
 1)立教大・理、2)東京農大・ゲノム解析セ、3)東京農大・応生科・バイオ
- 2P-54 (S2-08) 枯草菌のダイマーリボソームにおける *YvyD* の活性部位解析**
 ○田上和美¹、小野寺弘希¹、花井亮¹、河村富士夫¹
 1)立教大・理
- 2P-55 (S2-09) 枯草菌の *antiSD* 配列改変型リボソームを用いた大腸菌 *lacZ* 遺伝子高発現系の開発**
 ○武田拓也¹、矢野晃一¹、鈴木祥太¹、難波恵理¹、河村富士夫¹
 1)立教大・理
- 2P-56 (S2-16) 枯草菌における異種微生物 16S rRNA 遺伝子導入株の作製と解析**
 ○難波恵理¹、鈴木祥太¹、矢野晃一¹、河村富士夫¹
 1)立教大・理・生命理
- 2P-57 (O5-08) 単細胞性緑藻 *Pseudococcomyxa ellipsoidea* の遺伝子ノックアウト技術開発**
 ○吉満 勇也^{1,2}、今村 壮輔³、福原 いずみ²、藏野 憲秀¹、福田 裕章¹、原山 重明²
 1)㈱デンソー基礎研、2)中大・理工、3)東工大・資源研
- 2P-58 (O4-07) 病原真菌 *Aspergillus fumigatus* の孢子におけるストレス耐性機構の解析**
 ○萩原大祐¹、五ノ井透¹、川本進¹
 1)千葉大・真菌センター
- 2P-59 (S2-04) 孢子形成部分欠損を示す枯草菌 S10 リボソームタンパク質遺伝子変異体およびそのサプレッサーの単離と解析**
 ○鈴木 祥太¹、青木 剣人¹、難波 恵理¹、関根 靖彦¹、河村 富士夫¹
 1)立教大・理
- 2P-60 (S2-02) 多細胞性シアノバクテリア *Anabaena* のヘテロシストにおける概日遺伝子発現制御**
 ○榑岡博子¹、久下沼秀之¹、松岡正城¹、得平茂樹^{2,3}、大森正之²、岩崎秀雄¹
 1)早大、2)中大、3)JST さきがけ
- 2P-61 (S2-07) シアノバクテリアの暗期での大規模な転写抑制は光合成の停止によって引き起こされるのか**
 ○高野壮太郎¹、園池公毅²、岩崎秀雄¹
 1)早大院・先進・電生、2)早大・教育・総合科学学術院
- 2P-62 (O3-04) 放線菌ゲノムに特異的に分布する GPCR 様制御系 *conservon* の解析**
 ○高野英晃¹、渡辺隼人¹、橋本和紀¹、上田賢志¹
 1)日大・生資科・生命セ
- 2P-63 The comprehensive genomic analysis of *Leuconostoc mesenteroides* 8293**
 ○Onuma Chumsakul¹、Amarila Malik²、Tetsuya Kurata¹、Naotake Ogasawara¹、Taku Oshima¹、Shu Ishikawa¹
 1)奈良先端大・バイオ、2)インドネシア大学・薬学
- 2P-64 Amino acid acetylation by the *E. coli* orphan enzyme YhhY**
 ○Hitoshi Iuchi¹、Kian-Kai Cheng^{1,2}、Tomoyoshi Soga^{1,2}、Masaru Tomita^{1,2}、Martin Robert^{1,2}
 1)Sys. Biol. Prog., Grad. Sch. Media & Governance, Keio Univ.、2)Inst. Adv. Bio. Sci., Keio Univ.

- 2P-65 黄色ブドウ球菌における細胞多様性に関わる遺伝子の解析**
 ○松田卓郎¹、森川一也¹
 1) 筑波大・感染生物学(微生物)
- 2P-66 (O5-03) モデル生物 *Thermus thermophilus* HB8 の蛋白質の翻訳後修飾**
 増井良治^{1,2}、上利佳弘²、新海暁男²、飯尾洋太¹、岡西広樹¹、Kwang Kim¹、大山礼雅¹、
 西田優也³、福井健二⁴、倉光成紀^{1,2,3}
 1) 阪大・院理、2) 理化学研究所・SPRING-8 センター、3) 阪大・院生命機能、4) 阪大・院工
- 2P-67 NaCl刺激による *Pseudococcomyxa ellipsoidea* の油脂代謝経路変化**
 ○長谷川流史¹、今村壮輔²、井出曜子¹、藏野憲秀³、原山重明¹
 1) 中央大・理工、2) 東工大・資源化学、3) 株式会社デンソー 基礎研究所

《合成生物学》

- 2P-68 (O3-09) 液体ハンドリングのみによって行う微生物ゲノムの連続編集**
 ○富永 将大¹、嶋村 陽¹、曾和 義幸^{2,3}、川岸 郁朗^{2,3}、斎藤 恭一¹、梅野 太輔¹
 1) 千葉大院・工・共生応化、2) 法政大・生命科学、3) 法政大マイクロ・ナノテクノロジー研究センター
- 2P-69 (O4-05) 光スイッチ開発による光合成物質生産の効率化への試み**
 ○成川礼^{1,2}、Ni Ni Win¹、池内昌彦¹
 1) 東大・院・総合文化、2) JST・さががけ

《細胞増殖の分子機構》

- 2P-70 (S2-01) 細菌群集動態のモデリング**
 ○伊藤貴広¹、堂園亜由美¹、西山依里¹、加藤広海²、大坪嘉行²、永田裕二²、津田雅孝²、
 森宙史¹、黒川顕¹
 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-71 枯草菌における細胞壁テイコ酸飾メカニズムの解明**
 ○蕨野裕哉¹、田中達仁¹、久米田慶裕¹、関口順一¹、山本博規¹
 1) 信大院・応生
- 2P-72 大腸菌の生育に必要な機能未知遺伝子 *yqgF* の解析**
 中西忍¹、橋本昌征¹、古屋伸久¹、○加藤潤一¹
 1) 首都大・理工・生命
- 2P-73 (O3-03) 大腸菌染色体大規模欠失株の解析とその利用**
 ○高木光¹、久保田希¹、加藤潤一¹
 1) 首都大・理工・生命
- 2P-74 陸棲シアノバクテリア *Nostoc commune* における UV-A/B 吸収物質の生産**
 ○坂本 香織^{1,2}、茶畑 翔太¹、小川 浩之²、松井 慧³、坂本 敏夫³
 1) 金沢工大・バイオ・化学・応用バイオ、2) 金沢工大・バイオ・化学、3) 金沢大院・自然・生物

《代謝工学》

- 2P-75 (O4-02) 糸状菌 *Chaetomium globosum* における天然物生合成の人為的変動**
 ○中沢威人¹、五反田康孝¹、石内勘一郎¹、野口博司¹、渡辺賢二¹
 1) 静岡県大院・薬

- 2P-76 (O4-06) 乳酸菌由来タンナーゼ遺伝子の探索と酵素活性に関する研究**
○野本 竜平¹、上田 宗平²、吉田 健一²、大澤 朗²
1) 神戸大・自然科学系先端融合研究環、2) 神戸大院・農学研究科
- 2P-77 超好熱性アーキア由来 ribokinase family タンパク質の機能解析**
○佐藤 喬章^{1,3}、藤橋 雅宏^{2,3}、宮本 幸花²、桑田 啓子¹、日下 絵里子¹、藤田 春雄¹、三木 邦夫^{2,3}、跡見 晴幸^{1,3}
1) 京大院工、2) 京大院理、3) JST CREST
- 2P-78 (S2-06) 枯草菌由来 ferredoxin-NADPH 酸化還元酵素の酸化還元能調節機構**
○瀬尾 悌介¹、西村 恵里夏¹、内藤 洋¹、櫻井 武¹
1) 金沢大・理工・物質化学
- 2P-79 アーキアにおける補酵素Aの生合成とその制御**
○跡見晴幸¹、富田宏矢¹、横大路裕介¹、石橋拓也¹、今中忠行¹
1) 京大院・工、2) JST, CREST