

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、田中香おり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) 枯草菌胞子形成期における SP β プロファージの切り出しに伴う胞子形成関連遺伝子 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 聰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*門に属する土壤細菌 *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、鈴木穣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**
 ○應岱文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)** ユーブ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ー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ウイ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イ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、荒井涉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株の土壤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 環境搅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定**
 ○木口悠也¹、須田瓦¹、高畠宗明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**
 ○須田瓦¹、張楊²、飯岡恵里香¹、稻葉寛実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、須田亘¹、大島健志朗¹、金錫元¹、飯岡恵里香¹、稻葉寛実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 攪乱に対する土壤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* の遊走胞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 土壤細菌 *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)東薬大・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 聰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}、木村聰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 *Allochromatium 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ー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・EIRIS
- 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壤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 *Rubrivivax gelatinosus* 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
○塙見大輔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
○岩館佑未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・さきがけ、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}、塙本遼平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、藏野憲秀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