

〔第1日目〕

3月7日(金)

12:00 受付開始

●口頭発表1 《ゲノムの構造と進化／細胞増殖と分化の分子機構》

座長：小椋 義俊(宮崎大学)/佐藤 勉(法政大学)/馬場 知哉(国立遺伝学研究所)

12:30 O1-01(1P-001) **大規模比較ゲノム解析が明らかにするプロテオロドプシンを持つ海洋細菌のゲノム進化**

○熊谷洋平<sup>1,2</sup>、吉澤晋<sup>1,2</sup>、木暮一啓<sup>1,2</sup>、岩崎渉<sup>2</sup>

<sup>1</sup>東京大学大気海洋研究所 海洋生態系動態部門 微生物分野、<sup>2</sup>東京大学大気海洋研究所 地球表層圏変動研究センター 生物遺伝子変動分野

12:42 O1-02(1P-002) **オルガネラ様共生細菌カルソネラから宿主昆虫への機能遺伝子水平転移**

○中鉢淳<sup>1</sup>、Daniel B. Sloan<sup>2</sup>、Stephen Richards<sup>3</sup>、Jiaxin Qu<sup>3</sup>、Shwetha Canchi Murali<sup>3</sup>、Richard A. Gibbs<sup>3</sup>、Nancy A. Moran<sup>4</sup>

<sup>1</sup>豊橋技科大、<sup>2</sup>コロラド州立大、<sup>3</sup>ペイラー医科大、<sup>4</sup>テキサス大

12:54 O1-03(1P-003) **異なる系統の抗菌薬に対する交差耐性および超感受性の進化**

○鈴木真吾、堀之内貴明、古澤力

理研・生命システム研究センター(QBiC)

13:06 O1-04(1P-004) **バクテリアにおける転写制御ネットワークの包括的進化解析**

○松井求<sup>1,2</sup>、富田勝<sup>1,2</sup>、金井昭夫<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>慶大・院・政策・メディア、<sup>2</sup>慶大・先端生命研

13:18 O1-05(1P-005) ***Bifidobacterium*における系統的遺伝子破壊株コレクションの構築**

○鈴木徹<sup>1</sup>、榎谷尚慶<sup>2</sup>、滝口裕加<sup>2</sup>、和泉絢子<sup>2</sup>、坂口広大<sup>1</sup>

<sup>1</sup>岐阜大・連合農学、<sup>2</sup>岐阜大・応用生物

13:30 O1-06(1P-006) **戦前の泡盛黒麹菌株「瑞泉菌」の比較ゲノム解析**

鼠尾まい子<sup>1</sup>、東春奈<sup>1</sup>、渡久地政汰<sup>1</sup>、池原呂桜良<sup>2</sup>、佐久本学<sup>2</sup>、渡邊泰祐<sup>3</sup>、外山博英<sup>3</sup>、○塚原正俊<sup>1</sup>

<sup>1</sup>(株)バイオジェット、<sup>2</sup>瑞泉酒造(株)、<sup>3</sup>琉球大農

13:42 O1-07(1P-007) **ファイロゲノミクスによる腸管出血性大腸菌の優勢系統群および志賀毒素高産生性系統群の同定**

○小椋義俊<sup>1,2</sup>、桂啓介<sup>1</sup>、伊藤武彦<sup>3</sup>、Mainil Jacques<sup>4</sup>、吉野修司<sup>5</sup>、磯部順子<sup>6</sup>、勢戸和子<sup>7</sup>、江藤良樹<sup>8</sup>、富永潔<sup>9</sup>、緒方喜久代<sup>10</sup>、楠本正博<sup>11</sup>、黒木真理子<sup>5</sup>、木全恵子<sup>6</sup>、前田詠里子<sup>8</sup>、亀山光博<sup>9</sup>、成松浩志<sup>10</sup>、秋庭正人<sup>11</sup>、矢端順子<sup>9</sup>、後藤恭宏<sup>2</sup>、大岡唯祐<sup>2</sup>、林哲也<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>宮崎大・フロンティア、<sup>2</sup>宮崎大・医・微生物、<sup>3</sup>東工大・生命理工、<sup>4</sup>リエージュ大・獣医・細菌、<sup>5</sup>宮崎県衛環研・微生物、<sup>6</sup>富山県衛研・細菌、<sup>7</sup>大阪府公衛研・感染、<sup>8</sup>福岡県保環研・保科、<sup>9</sup>山口県保環センター・保科、<sup>10</sup>大分県衛環研・微生物、<sup>11</sup>動衛研・細菌寄生虫

13:54 O1-08(1P-008) **北極・南極*Pseudomonas*属細菌のゲノムレベルでの低温環境適応**

○馬場知哉<sup>1</sup>、阿部貴志<sup>2</sup>、豊田敦<sup>3</sup>、中井亮佑<sup>3</sup>、長沼毅<sup>4</sup>、藤山秋佐夫<sup>3,5</sup>、伊村智<sup>6</sup>、神田啓史<sup>6</sup>、本山秀明<sup>6</sup>、仁木宏典<sup>3</sup>

<sup>1</sup>新領域融合セ、<sup>2</sup>新潟大院、<sup>3</sup>遺伝研、<sup>4</sup>広島大院、<sup>5</sup>情報研、<sup>6</sup>極地研

14:06 O1-09(2P-082) **細胞分化におけるプロフェージによるDNA再編成**

○安部公博<sup>1</sup>、河野裕太<sup>2</sup>、新井健司<sup>3</sup>、丸山祐輝<sup>3</sup>、関勇吾<sup>3</sup>、佐藤勉<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>法政大 マイクロ・ナノテク、<sup>2</sup>法政大院 理工、<sup>3</sup>法政大 生命

- 14:18 O1-10(2P-084) **メタノール資化酵母の接合型遺伝子座の構造と転写解析**  
○前川裕美、金子嘉信  
大阪大学大学院・工学研究科・酵母リソース工学寄付講座
- 14:30 O1-11(2P-085) **枯草菌における新規緊縮応答機構の解析**  
○高田啓<sup>1</sup>、清水翔<sup>1</sup>、大竹俊平<sup>1</sup>、志波優<sup>2</sup>、斉藤菜摘<sup>3</sup>、福永芳規<sup>4</sup>、戸澤讓<sup>4</sup>、吉川博文<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup>東京農大・応生科・バイオ、<sup>2</sup>東京農大・ゲノム解析セ、<sup>3</sup>慶応大・先端生命研、<sup>4</sup>愛媛大・無細胞セ
- 14:42 O1-12(2P-086) **16S rRNAプロセッシングに関する大腸菌必須遺伝子yqgFの解析**  
○倉田竜明、中西忍、橋本昌征、古屋伸久、加藤潤一  
首都大院・理工

## ●口頭発表2 《バイオインフォマティクス》

座長：大坪 嘉行(東北大学)/黒川 顕(東京工業大学)/森 宙史(東京工業大学)

- 15:10 O2-01(2P-112) **水平伝播による腸内細菌目16S rRNAの進化**  
佐藤允治  
東京大学新領域創成科学研究科・メディカルゲノム専攻
- 15:22 O2-02(2P-113) **ゲノム・メタゲノムの代謝・生理機能評価システムMAPLE**  
○高見英人<sup>1</sup>、谷口丈晃<sup>2</sup>、荒井渉<sup>1</sup>、守屋勇樹<sup>3</sup>、五斗進<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>海洋機構・生物圏、<sup>2</sup>三菱総研、<sup>3</sup>京大・化研
- 15:34 O2-03(2P-117) **ゲノム情報を基盤とした微生物統合データベース MicrobeDB.jpの開発**  
○森宙史<sup>1</sup>、藤澤貴智<sup>2</sup>、千葉啓和<sup>3</sup>、山本希<sup>1</sup>、内山郁夫<sup>3</sup>、菅原秀明<sup>2</sup>、中村保一<sup>2</sup>、黒川顕<sup>1</sup>、MicrobeDB.jpプロジェクトチーム<sup>1,2,3</sup>  
<sup>1</sup>東京工業大学、<sup>2</sup>国立遺伝学研究所、<sup>3</sup>基礎生物学研究所
- 15:46 O2-04(2P-116) **ドメイン単位のオーソログ分類の改良**  
○千葉啓和、内山郁夫  
基生研
- 15:58 O2-05(2P-115) **二次代謝系遺伝子の染色体上の位置に関する分布の考察と予測法への応用**  
○竹田至<sup>1,2</sup>、梅村舞子<sup>2</sup>、小池英明<sup>2</sup>、浅井潔<sup>3,4</sup>、町田雅之<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup>東京農工大院・工・生命工、<sup>2</sup>産総研・生物プロセス、<sup>3</sup>産総研・生命情報、<sup>4</sup>東大院・新領域
- 16:10 O2-06(2P-121) **アーキア脂質分類に基づく遺伝子機能予測**  
○木幡賢人<sup>1</sup>、有田正規<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup>東大院・新領域・情報生命、<sup>2</sup>遺伝研
- 16:22 O2-07(2P-119) **Finishしたゲノム配列のチェックツール: FinishChecker**  
○大坪嘉行、永田裕二、津田雅孝  
東北大学大学院生命科学研究所
- 16:34 O2-08(2P-120) **メタゲノム用de novoアセンブラの開発およびilluminaデータを用いたベンチマーク**  
○梶谷嶺<sup>1</sup>、小椋義俊<sup>2</sup>、桑原知己<sup>3</sup>、林哲也<sup>2</sup>、伊藤武彦<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>東工大・生命理工、<sup>2</sup>宮崎大・フロンティア科学実験総合センター、<sup>3</sup>香川大・医学部
- 16:46 O2-09(2P-118) **納豆菌ゲノムのPacBioシーケンシングと高精度配列の再決定**  
○鎌田真由美<sup>1</sup>、長谷純崇<sup>1</sup>、木村啓太郎<sup>2</sup>、佐藤健吾<sup>1</sup>、豊田敦<sup>3</sup>、藤山秋佐夫<sup>4</sup>、榎原康文<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>慶應大・理工、<sup>2</sup>農研機構・食総研、<sup>3</sup>遺伝研、<sup>4</sup>情報研

## 〔第1日目〕

- 16:58 O2-10(2P-122) **エレメンタリーモード解析を利用した有用物質生産のための代謝経路デザイン**  
白木孝典、○戸谷吉博、清水浩  
阪大院・情報・バイオ情報
- 17:10 O2-11(2P-123) **CLC Genomics Workbench とCLC Microbiome Genome Finishing Module による緑膿菌のWhole Genome Sequence**  
○宮本真理, Marta Matvienko, Martin Simonsen, Poul Liboriussen, Peder Roed Lindholm Nielsen, Jesper Jakobsen, Steffen Mikkelsen, Henrik Sandmann, Søren Mønsted, Jannick Dyrlov Bendtsen  
CLC bio Japan, CLC bio USA, CLC bio AS.

## ●ショートトーク1

- 17:30 St1-01(1P-009) **チャバネアオカメムシ共生細菌のフォスミドライブラリーを用いた生関連遺伝子の探索**  
○石井佳子<sup>1</sup>、細川貴弘<sup>2</sup>、木村信忠<sup>1</sup>、二河成男<sup>3</sup>、菊池義智<sup>1</sup>、深津武馬<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>産総研・生物プロセス、<sup>2</sup>琉球大・熱帯生物圏、<sup>3</sup>放送大・教養
- 17:32 St1-02(1P-010) **LysR型転写制御因子MexTはIncP-7群プラスミドpCAR1の負荷軽減に関与する**  
○久保彩<sup>1</sup>、能登優<sup>1</sup>、高瀬識之<sup>1</sup>、高橋裕里香<sup>1</sup>、松本貴嗣<sup>2</sup>、吉川博文<sup>2,3</sup>、藤田信之<sup>4</sup>、岡田憲典<sup>1</sup>、山根久和<sup>5</sup>、野尻秀昭<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>東大・生物工学セ、<sup>2</sup>東京農大・ゲノム解析セ、<sup>3</sup>東京農大・応生科・バイオ、<sup>4</sup>NITE、<sup>5</sup>帝京大・バイオ
- 17:34 St1-03(1P-011) **非選択条件下で優占化するプラスミド保持株の解析**  
○杉山大介、高橋裕里香、岡田憲典、野尻秀昭  
東大・生物工学セ
- 17:36 St1-04(1P-012) **A systematic functional analysis of unknown genes on the Stx2 phage of *E. coli* O157:H7**  
○Shakhinur Islam Mondal<sup>1</sup>, Yoshitoshi Ogura<sup>1,2</sup>, Tadasuke Ooka<sup>1</sup>, Tetsuya Hayashi<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup>Divi. Micro., Dept. Infec. Disease., Med., Univ. Miyazaki, <sup>2</sup>Div Micro. Genom., Fron. Sci. Res. Cen., Univ. Miyazaki
- 17:38 St1-05(1P-013) **Comparative genome analysis of Spotted fever group *Rickettsia* in Japan; *R. japonica* and *R. heilongjiangensis***  
○Arzuba Atker<sup>1</sup>, Tadasuke Ooka<sup>1</sup>, Seigo Yamamoto<sup>2</sup>, Keisuke Katsura<sup>3</sup>, Yoshitoshi Ogura<sup>1,3</sup>, Tetsuya Hayashi<sup>1,3</sup>  
<sup>1</sup>宮崎大・微生物、<sup>2</sup>都城食衛研、<sup>3</sup>宮崎大・フロンティア
- 17:40 St1-06(1P-014) **共生アイランド獲得は根粒菌ゲノムの品質低下の危険を招く**  
○飯田隆之、板倉学、伊沢剛、鮫島玲子、大久保卓、三井久幸、柿崎芳里、南澤究  
東北大院生命科学
- 17:42 St1-07(1P-015) **ナフトレン分解プラスミドNAH7のoriTの同定と宿主域の解析**  
○岸田康平、井上慧、宮崎亮、大坪嘉行、永田裕二、津田雅孝  
東北大・院生命
- 17:44 St1-08(1P-101) **単細胞紅藻シゾンにおけるDNA複製評価系の新規構築**  
○大庭優作、山口智也、佐藤淳、渡辺智、千葉櫻拓、吉川博文  
東京農大・応生科・バイオ

- 17:46 St1-09(1P-143) **MAPLEシステムを用いた新規アーキアの代謝機能解析**  
 ○荒井渉<sup>1</sup>、谷口丈晃<sup>2</sup>、守屋勇樹<sup>3</sup>、五斗進<sup>3</sup>、高見英人<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>海洋機構・生物圏、<sup>2</sup>三菱総研、<sup>3</sup>京大・化研
- 17:48 St1-10(1P-144) **メタゲノム解析により推察される大西洋海嶺熱水噴出域に棲息する微生物群の環境適応戦略**  
 ○末永光<sup>1</sup>、Sixing Huang<sup>2</sup>、Regina Schauer<sup>3</sup>、Hanno Teeling<sup>2</sup>、Anke Meyerdierks<sup>2</sup>、Rudolf Amann<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>産総研・生物プロセス、<sup>2</sup>Max Planck Institute for Marine Microbiology、<sup>3</sup>Aarhus Univ., Center for Geomicrobiology.
- 17:50 St1-11(1P-145) **Diverse broad-host-range plasmids from freshwater carry few accessory genes**  
 Celeste Brown<sup>1</sup>, Diya Sen<sup>1</sup>, ○Hirokazu Yano<sup>1,2</sup>, Matthew Bauer<sup>1</sup>, Linda Rogers<sup>1</sup>, Geraldine Van der Auwera<sup>3</sup>, Eva Top<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>University of Idaho, <sup>2</sup>University of Tokyo, <sup>3</sup>Broad Institute
- 17:52 St1-12(1P-146) **ゲノミクス、プロテオミクス解析から読み解くアンモニア酸化(anammox)細菌“Ca. Scalindua japonica”の生活環**  
 ○押木守<sup>1</sup>、水戸佳祐<sup>1</sup>、木村善一郎<sup>2</sup>、金田一智規<sup>3</sup>、佐藤久<sup>1</sup>、岡部聡<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>北大院・工・環境創成、<sup>2</sup>産総研・バイオマス・微生物、<sup>3</sup>広大院・工・社会基盤
- 17:54 St1-13(1P-147) **日本人と外国人間における腸内マイクロバイオームの大規模比較解析**  
 ○西嶋傑<sup>1</sup>、大島健志朗<sup>1</sup>、金錫元<sup>1</sup>、飯岡恵里香<sup>1</sup>、大森恵美<sup>1</sup>、木内美沙<sup>1</sup>、黒柳寛実<sup>1</sup>、小宮恵子<sup>1</sup>、須田互<sup>1</sup>、梅崎昌裕<sup>2</sup>、森田英利<sup>3</sup>、服部正平<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>東大院・新領域、<sup>2</sup>東大院・医、<sup>3</sup>麻布大・獣医
- 17:56 St1-14(1P-149) **未培養好熱性アーキアCaldiarchaeum群集におけるゲノム多様性**  
 ○首藤彩、高木善弘、高見英人、布浦拓郎、高井研  
 海洋研究開発機構・深海地殻内
- 17:58 St1-15(2P-094) **枯草菌のrplB142変異の表現型をサプレスするyaaA遺伝子の解析**  
 ○鈴木祥太、河村富士夫、関根靖彦  
 立教大・理
- 18:00 St1-16(1P-150) **腸内細菌叢で”下克上”は起こるか**  
 ○高安伶奈<sup>1</sup>、大野博司<sup>2</sup>、福田真嗣<sup>2</sup>、高安美佐子<sup>3</sup>、高安秀樹<sup>4</sup>、服部正平<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>東大院・新領域、<sup>2</sup>理研・IMS-RCAI、<sup>3</sup>東工大・総理工 <sup>4</sup>SONY CSL
- 18:02 St1-17(1P-151) **1,2-ジクロロエタン脱ハロゲン化細菌Geobacter sp. AY株の遺伝的特性評価**  
 ○吉田奈央子<sup>1,2,3</sup>、朝日教智<sup>4</sup>、広瀬侑<sup>2</sup>、片山新太<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>名古屋工業大学・若手イノベ、<sup>2</sup>豊橋技科大・EIIRIS、<sup>3</sup>名大・エコトピア、<sup>4</sup>名古屋環研
- 18:04 St1-18(1P-152) **メタゲノミック診断用データベース(iMetDB)の構築**  
 ○元岡大祐、後藤和義、後藤直久、中村昇太、飯田哲也、安永照雄、堀井俊宏  
 阪大・微研
- 18:06 St1-19(1P-153) **根粒超着生ダイズから分離されたMethylobacterium sp. AMS5のゲノム解析**  
 ○南智之、按田瑞恵、大久保卓、三井久幸、大坪嘉行、永田裕二、津田雅孝、南澤究  
 東北大学大学院生命科学研究科
- 18:08 St1-20(1P-154) **低窒素環境のイネ根で優占する細菌のメタゲノム解析に基づいた分離: Bradyrhizobium属とBurkholderia属分離株の機能解析**  
 ○篠田亮、大久保卓、按田瑞恵、鶴丸博人、南澤究  
 東北大院生命科学

〔第1日目〕

●ポスター討論

18:15~19:00

1P奇数番号