

ポスター(2P)

ポスター掲示期間

3月7日(金) 12:30~3月9日(日) 11:50

討論時間

奇数番号:3月8日(土) 18:05~18:50

偶数番号:3月9日(日) 11:05~11:50

《遺伝子の発現制御》

2P-031 (O3-01) ウェルシュ菌RNase Yによる病原性因子の発現制御

○尾花望、中村幸治、野村暢彦

筑波大学 生命環境系

2P-032 (O3-02) *Ralstonia* sp. NT80 において高級アルコール添加にตอบสนองして発現するタンパク質群のプロテオーム解析

○永倉茉莉¹、吉澤梨絵¹、大塚拓¹、赤沼元気¹、志波優²、渡辺智^{2,3}、吉川博文^{2,3}、牛尾一利⁴、石塚盛雄¹

¹中央大・理工・応化、²東京農大・NGRC、³東京農大・応生科・バイオ、⁴新居浜高専・生物応化

2P-033 (O3-03) 大腸菌および*Bifidobacterium longum*におけるビフィズス菌プロモーターの機能解析

○阪中幹祥、玉井早紀、平山洋佑、横田篤、吹谷智

北大院農・応生科

2P-034 (O3-04) 枯草菌プロファージSPβの*nonA*遺伝子がSP10ファージ増殖に与える影響

○山本達也¹、尾花望¹、イーリーメン²、朝井計³、野村暢彦¹、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

2P-035 (O3-05) The orphan response regulator NrrA controls glycogen catabolism in cyanobacteria

○得平茂樹^{1,2,3}、西山英里¹、藤木耕平²

¹首都大・生命、²中央大・生命、³JST・さきがけ

2P-036 (O3-06) 遺伝子レベル、コドンレベルでの翻訳効率解析

○中東憲治¹、高井幸¹、志波優²、兼崎友²、吉川博文^{2,3}、森浩禎⁴、富田勝^{1,5}

¹慶應大・先端生命研、²東京農大・ゲノム解析セ、³東京農大・応生科・バイオ、⁴奈良先端大・生物、⁵慶應大・環境情報

2P-037 (O3-07) ダイズ根粒菌高N₂O還元活性株のゲノム解析による脱窒遺伝子の新規転写制御因子の発見

○板倉学¹、Cristina Sánchez¹、松本貴嗣²、吉川博文²、後藤愛那³、日高将文³、内田隆史³、南澤究¹

¹東北大院生命科学、²東京農大、³東北大院農学

2P-038 (O3-08) プラスミドpCAR1由来の3種の核様体タンパク質は協調的に機能する

○鈴木千穂¹、廣谷龍輔¹、高橋裕里香¹、松井一泰¹、武田俊春¹、尹忠銖^{1,2}、新谷政己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静大院・工、⁴帝京大・バイオ

2P-039 (O3-09) Miseqを用いたシアノバクテリアの光色応答の解析

○広瀬侑^{1,2}、三澤直美²

¹豊橋技科大・環境生命工学、²豊橋技科大・EIIIRS

- 2P-040 (St2-01) **Synechocystis sp. PCC6803の脂質輸送に関する*slt*遺伝子の発現解析**
 ○田原寛子¹、田崎理澄¹、松橋歩¹、内山純爾²、松本幸次³、太田尚孝^{1,3}
¹東理大・理、²東理大・総研・RNA、³埼玉大院・理工・生命科学
- 2P-041 (St2-02) **消化管内特異的に発現するビフィズス菌遺伝子の探索系の構築**
 ○平等清夏、河口礼佳、阪中幹祥、平山洋佑、横田篤、吹谷智
 北大院農・応生科
- 2P-042 (St2-03) **様々ストレス耐性に関するシアノバクテリアのSll1180の局在の解析**
 ○内山純爾¹、田中優²、太田尚孝^{1,2}
¹東理大・総研・RNA、²東理大・理
- 2P-043 (St2-04) **大腸菌GadEによる核様体抑制プロモーターの活性化**
 ○山中幸¹、志波優⁴、山本健太郎¹、川岸郁朗^{1,2}、吉川博文^{3,4}、石浜明^{1,2}、山本兼由^{1,2}
¹法政大・生命科学、²マイクロナノセンター、³東京農大・バイオ、⁴東京農大・ゲノム解析セ)
- 2P-044 (St2-05) **プラスミドと宿主染色体にコードされるMvaTホモログのホモ多量体・ヘテロ二量体形成機構**
 ○川妻孝平¹、鈴木千穂¹、藤本瑞²、岡田憲典¹、野尻秀昭¹
¹東大・生物工学セ、²農生資研
- 2P-045 (St2-06) **タンパク高生産放線菌のゲノム変異解析と因子探索**
 ○中村聡子¹、廣瀬修一²、西岡雅都³、柏木紀賢³、曾田匡洋²、荻野千秋^{1,3}、近藤昭彦^{1,3}
¹神戸大院・工・応化、²長瀬産業、³神戸大・自然
- 2P-046 (St2-07) **転写開始機構に内在する熱ショック応答モデルの提唱**
 ○佐藤絢¹、松本貴嗣²、小林郷菜¹、小川陸雄¹、渡辺智¹、千葉櫻拓¹、吉川博文^{1,2}
¹東京農大・応生科・バイオ、²東京農大・ゲノム解析セ
- 2P-047 (St2-08) **高度好塩性古細菌を使った簡易リボソームプロファイリング法**
 稲葉啓太、○井原邦夫
 名古屋大学・遺伝子実験施設
- 2P-048 (St2-09) **腸管出血性大腸菌に存在するSmall Regulatory RNA Esr41 の機能解析**
 ○須藤直樹¹、相馬亜希子²、伊豫田淳³、齋藤健太¹、大島拓⁴、武藤あきら⁵、戸邊亨⁶、小椋義俊⁷、林哲也⁷、関根靖彦¹
¹立教大・理・生命理、²千葉大・園芸、³感染研・細菌第一部、⁴奈良先端大・情報科学、⁵弘前大・農学生命科学、⁶大阪大院・医、⁷宮崎大・フロンティア科学
- 2P-049 (St2-10) **ジペプチドによる大腸菌の生育阻害機構の解析**
 ○田中佑樹、板谷佳織、岩井伯隆、和地正明
 東工大・生命理工・生物プロセス
- 2P-050 (St2-11) ***Burkholderia multivorans*のFurを介した転写制御機構の解明**
 ○佐藤拓哉、大坪嘉行、永田裕二、津田雅孝
 東北大・院生命
- 2P-051 **耐熱性酢酸菌*Acetobacter pasteurianus* SKU1108の高温適応変異株のトランスクリプトーム解析**
 ○松谷峰之介、西倉慎顕、Natsaran Saichana、Uraiwan Masud-Tippayasak、秦野智行、服部浩美、高坂智之、薬師寿治、松下一信
 山口大・農学部・生物機能科学

- 2P-052 **枯草菌Response regulator DegUの遺伝子発現は、SinR/SlrR複合体の結合とDegUによるSinR/SlrRの排除により制御されている**
 ○小倉光雄¹、吉川博文²、千葉櫻拓²
¹東海大・海洋研、²東農大・応生・バイオ
- 2P-053 **プラスミドの保持が宿主細菌に与える影響のプラスミド間比較**
 ○高橋裕里香¹、杉山大介¹、新谷政己²、山根久和³、岡田憲典¹、津田雅孝⁴、野尻秀昭¹
¹東大・生物工学セ、²静大院・工、³帝京大・バイオ、⁴東北大院・生命科学
- 2P-054 **LeuOによる腸管出血性大腸菌の病原性発現制御**
 高尾美有紀¹、顔宏哲²、○戸邊亨¹
¹阪大院・医・生体情報科学、²阪大院・医・感染防御
- 2P-055 ***Synechococcus*の時計蛋白質によるゲノムワイドな転写制御様式**
 ○梅谷実樹¹、Yao Xu²、藪谷俊介¹、田島光盛¹、Carl H. Johnson²、岩崎秀雄¹
¹早大・先進理工・電生、²Dept. Biological Science, Vanderbilt Univ.
- 2P-056 ***Streptomyces griseus*由来small RNAの過剰発現は異種*Streptomyces*属放線菌の増殖の低下、形態分化の抑制、二次代謝の活性化を引き起こす**
 ○手塚武揚、大西康夫
 東大院・農・応生工
- 2P-057 **大腸菌バイオフィルム形成統括制御因子CsgDの新規発現調節機構の探索と機能解析**
 ○小笠原寛¹、石塚俊行¹、石浜明^{2,3}
¹信州大・ヒト環境研究セ、²法政大・生命科学、³法政大・マイクロ・ナノテク研究セ
- 2P-058 **LOV-HTHによる光に応答した遺伝子発現制御の解析**
 田郷寿樹¹、富川直樹¹、奥田修二郎²、高橋文雄¹、○笠原賢洋¹
¹立命館大院・生命、²新潟大・医歯学系
- 2P-059 **大腸菌の栄養飢餓環境とRNA分解**
 ○牧泰史¹、竹内力矢²、大塚悠太²、上田雅美³、和田明³、古池晶¹、吉田秀司¹、中東憲治⁴、森浩禎^{2,4}
¹大阪医大・物理、²奈良先端・生体情報、³吉田生物研究所、⁴慶應・先端生命
- 2P-060 **大腸菌RNAポリメラーゼRpoDホロ酵素によって認識されるConstitutive Promotersの探索と解析**
 ○島田友裕^{1,2,3}、山崎由紀子⁴、田中寛³、石浜明^{1,2}
¹法政大・生命機能、²法政大・マイクロ・ナノテクノロジー研究セ、³東工大・資源研、⁴遺伝研
- 2P-061 ***B. megaterium*の光誘導性カロテノイド生産機構の解明**
 ○高野英晃、見世光、上田賢志
 日大生物資源・生命科学研究センター

《ゲノム情報の活用、ゲノム育種》

- 2P-062(O3-10) ***Amphibacillus xylophilus*の好気代謝系に関する研究**
 ○望月大地¹、新井俊晃¹、志波優²、藤波俊³、藤田信之³、佐藤純一¹、川崎信治¹、新村洋一¹
¹東農大・バイオ、²東農大・ゲノムセンター、³NITE
- 2P-063(St2-12) **ゲノム情報を利用したHDAC阻害剤Trichostatin Aの生合成遺伝子クラスターの同定**
 ○工藤慧¹、新家一男²、西山真¹、葛山智久¹
¹東大・生物工学セ、²産総研

- 2P-064 (St2-13) **アミノ酸キャリアタンパク質を介して生合成される二次代謝産物の生合成に関与する遺伝子の探索と同定**
 ○長谷部文人¹、富田武郎¹、高ひかり²、藤村務²、西山千春³、葛山智久¹、西山真¹
¹東大・生物生産工学研究センター、²順天堂大・医・研究基盤センター、³順天堂大・医・アトピー疾患研究センター
- 2P-065 (St2-14) **アミノ基結合型キャリアタンパク質を指標とした新規天然化合物の探索**
 ○松田研一¹、長谷部文人¹、富田武郎¹、志波優²、吉川博文²、新家一男³、葛山智久¹、西山真¹
¹東大・生物工学セ、²東農大・生物資源ゲノム解析センター、³産総研・バイオメディシナル情報研究センター
- 2P-066 (St2-15) **新規UDP-glucose pyrophosphorylase (CugP) の同定と水平伝播**
 ○前田海成¹、成川礼^{1,2}、池内昌彦^{1,3}
¹東大院・総合文化・生命、²JST さきがけ、³JST CREST
- 2P-067 **ゲノム情報から開発されたVNTR型別による鳥型結核菌の特徴付け**
 西森敬
 動衛研(農研機構)・細菌寄生虫
- 2P-068 **Bioinformatics analysis for secondary metabolites of *Thermosporothrix hazakensis***
 ○Jin-Soo Park¹、Shuhei Yabe²、Makoto Nishiyama¹、Tomohisa Kuzuyama^{1,*}
¹Biotechnology Research Center, The University of Tokyo、²Hazaka Plant Research Center, Kennan Eisei Kogyo Co., Ltd.
- 2P-069 **放線菌由来プレニルカルバゾール類縁体生合成遺伝子の同定**
 ○小林正弥¹、尾崎太郎¹、新家一男²、西山真¹、葛山智久¹
¹東大・生物工学セ、²産総研
- 2P-070 **大腸菌O抗原型を判定する*in silico*タイピング法の開発**
 井口純
 宮崎大学・IR推進機構

《合成生物学》

- 2P-071 (O4-01) **アーキアにおける大規模DNA組換え系の構築**
 ○高田大輔¹、佐藤喬章^{1,3}、伊藤隆²、大熊盛也²、跡見晴幸^{1,3}
¹京大院工・合成生化、²理化学研究所・微生物材料開発、³JST, CREST
- 2P-072 (O4-02) **枯草菌を用いたシロ・イノシトールの高効率バイオコンバージョン法の確立**
 ○田中耕生¹、竹中慎治^{1,2}、吉田健一^{1,2}
¹神戸大学自然科学系先端融合研究環、²神戸大学農学研究科
- 2P-073 (O4-03) **ゲノム合成のためのシームレスな枯草菌ゲノムベクターシステム**
 板谷光泰
 慶應大学先端生命研・ゲノムデザイン学G
- 2P-074 (St2-16) **マイコプラズマの全ゲノム操作技術を用いた難培養性細菌の研究**
 ○柿澤茂行、鎌形洋一
 産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門
- 2P-075 (St2-17) **イソプレノイド生合成系を改変した大腸菌における鉄硫黄クラスター生合成系の解析**
 ○田中尚志¹、葛山智久²、高橋康弘¹
¹埼玉大・院理工・生命科学、²東大・生物生産工学研究センター

- 2P-076 (St2-18) 大腸菌を用いた光合成機能の再構成**
○藤原弘平、川口達也、古屋伸久、加藤潤一
首都大大学院・理工
- 2P-077 (St2-19) 大腸菌の鉄硫黄クラスター生合成系 (SUFマシナリー) におけるSufBの機能解析**
○湯田瑛樹¹、佐藤喬之²、田中尚志¹、葛山智久³、高橋康弘¹
¹埼玉大・理工・生命科学、²阪大・理・生物科学、³東大・生物生産工業研究センター
- 2P-078 (St2-20) 枯草菌の鉄硫黄クラスター生合成系:合成生物学的アプローチによる必須オペロンの破壊と置換**
○横山奈央¹、野中ちひろ¹、田中尚志¹、葛山智久²、朝井計¹、高橋康弘¹
¹埼玉大院・理工・生命科学、²東大・生物生産工学研究センター
- 2P-079 (St2-21) 大腸菌RNAポリメラーゼを導入した枯草菌キメラ株作出の試み**
○山下園加¹、佐藤絢¹、兼崎友²、岩本祐太¹、朝井計³、板谷光泰⁴、吉川博文^{1,2}
¹東京農大・応生科・バイオ、²東京農大・ゲノム解析セ、³埼玉大・理・分子生物、⁴慶応大・先端生命研
- 2P-080 Ca. Acetothermus autotrophicus OP1株代謝系の再構築**
○小林英城、高見英人
海洋研究開発機構・海洋・極限環境生物圏領域
- 2P-081 選択カセットの再デザインと微生物ゲノムの連続編集への応用**
○畠永将大、嶋村陽、河合（野間）繁子、齋藤恭一、梅野太輔
千葉大院・工・共生応化

《細胞増殖と分化の分子機構》

- 2P-082 (O1-09) 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¹、河野裕太²、新井健司³、丸山祐輝³、関勇吾³、佐藤勉^{1,2,3}
¹法政大 マイクロ・ナノテク、²法政大院 理工、³法政大 生命
- 2P-083 (St2-22) 枯草菌の孢子形成期に再構築される*spsM*の機能解析**
○岩本敬人¹、安倍公博²、佐藤勉^{1,2}
¹法政大 生命、²法政大 マイクロ・ナノテク
- 2P-084 (O1-10) 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
- 2P-085 (O1-11) 枯草菌における新規緊縮応答機構の解析**
○高田啓¹、清水翔¹、大竹俊平¹、志波優²、斉藤菜摘³、福永芳規⁴、戸澤讓⁴、吉川博文^{1,2}
¹東京農大・応生科・バイオ、²東京農大・ゲノム解析セ、³慶応大・先端生命研、⁴愛媛大・無細胞セ
- 2P-086 (O1-12) 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
- 2P-087 (St2-23) シアノバクテリアにおける*dnaA*欠損によって引き起こされるもう一つの複製開始機構**
○大林龍胆¹、渡辺智¹、兼崎友²、千葉櫻拓¹、吉川博文¹
¹東京農業大学、応生科、バイオ、²東京農業大学、ゲノム解析セ

- 2P-088 (St2-24) **枯草菌の2つの生活環におけるダイマーリボソームの運命**
○田上和美、前橋真利江、渡辺和哉、河村富士夫、花井亮
立教大・理
- 2P-089 (St2-25) ***synechococcus elongates* PCC 7942におけるマルチコピーゲノムの分配制御機構**
○内桶香那¹、渡辺智¹、野田明日翔¹、中武詩津花¹、大林龍胆¹、兼崎友²、千葉櫻拓¹、吉川博文^{1,2}
¹東京農業大学・応用生物科学部・バイオサイエンス学科、²東京農業大学・生物資源ゲノム解析センター
- 2P-090 (St2-26) ***Synechococcus elongatus* PCC 7942におけるDNA複製開始制御のメカニズム**
○中町愛、大林龍胆、渡辺智、千葉櫻拓、吉川博文
東京農大・応生科・バイオ
- 2P-091 (St2-27) **ギ酸が定常期の細胞の生存の維持に働くときのAegAの役割**
○岩館佑未、加藤潤一
首都大・理工・生命
- 2P-092 **枯草菌非必須リボソームタンパク質遺伝子の決定と*rpmH* (L34)破壊株のサブレッサー解析**
○赤沼元気¹、小林亜湖¹、河村富士夫²、志波優³、渡辺智⁴、吉川博文⁴、石塚盛雄¹
¹中央大・理工、²立教大・理、³東農大・NGRC、⁴東農大・応生科
- 2P-093 **根粒菌シグマ因子RpoH1の制御を受ける機能未知遺伝子の鉄硫黄タンパク質生合成への関与**
佐々木祥平¹、門屋亨介²、笠原康裕²、南澤究¹、○三井久幸¹
¹東北大・院生命科、²北大・低温研
- 2P-094 (St1-15) **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
- 2P-095 **枯草菌DL-endpeptidaseの局在性におけるテイコ酸の影響**
○桐山優香、田中達仁、吉川律子、蕨野裕哉、山本博規
信大院・応生

《バイオインフォマティクス》

- 2P-112 (O2-01) **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
- 2P-113 (O2-02) **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¹、谷口丈晃²、荒井渉¹、守屋勇樹³、五斗進³
¹海洋機構・生物圏、²三菱総研、³京大・化研
- 2P-114 **Chromosome painting *in silico* in a bacterial species reveals fine population structure (インシリコ・染色体ペインティングを用いた多数の全ゲノム配列に基づく詳細な種内集団構造の解明)**
○Koji Yahara^{1,2}, Yoshikazu Furuta¹, Kenshiro Oshima¹, Masaru Yoshida⁴, Takeshi Azuma⁴, Masahira Hattori¹, Ikuo Uchiyama³, and Ichizo Kobayashi¹
¹Univ. Tokyo, ²Max Planck Inst., ³NIBB, ⁴Kobe Univ.
- 2P-115 (O2-05) **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^{1,2}、梅村舞子²、小池英明²、浅井潔^{3,4}、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、³産総研・生命情報、⁴東大院・新領域

- 2P-116 (O2-04) 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
- 2P-117 (O2-03) 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¹、藤澤貴智²、千葉啓和³、山本希¹、内山郁夫³、菅原秀明²、中村保一²、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国立遺伝学研究所、³基礎生物学研究所
- 2P-118 (O2-09) 納豆菌ゲノムのPacBioシークエンシングと高精度配列の再決定**
 ○鎌田真由美¹、長谷純崇¹、木村啓太郎²、佐藤健吾¹、豊田敦³、藤山秋佐夫⁴、榊原康文¹
¹慶應大・理工、²農研機構・食総研、³遺伝研、⁴情報研
- 2P-119 (O2-07) 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
- 2P-120 (O2-08) 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¹、小椋義俊²、桑原知己³、林哲也²、伊藤武彦¹
¹東工大・生命理工、²宮崎大・フロンティア科学実験総合センター、³香川大・医学部
- 2P-121 (O2-06) アーキア脂質分類に基づく遺伝子機能予測**
 ○木幡賢人¹、有田正規^{1,2}
¹東大院・新領域・情報生命、²遺伝研
- 2P-122 (O2-10) 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
- 2P-123 (O2-11) 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.
- 2P-124 (St2-29) MiFuP ～機能と微生物をつなぐデータベース～**
 ○荒川貴行、木村明音、伊寄早苗、山本美佳、吉田いづみ、市川夏子、市原正巳、藤田信之
 NITE-NBRC
- 2P-125 (St2-30) 多種間比較ゲノムブラウザnmny**
 長名保範
 琉球大学工学部
- 2P-126 (St2-31) k-mer使用頻度を用いた類似メタゲノムサンプル予測法**
 ○矢野雅大、森宙史、山田拓司、黒川顕
 東京工業大学大学院生命理工学研究科
- 2P-127 (St2-32) サンゴ-共在微生物Holobiontの代謝依存解析**
 ○丸山徹^{1,2,3}、伊藤通浩^{3,4}、五斗進^{4,5}、藤渕航^{2,3}、竹山春子^{1,3,4}
¹早大院・生命医科、²京大・CiRA、³JST-CREST、⁴早大・ASMeW、⁵京大・化研
- 2P-128 (St2-33) 共起する遺伝子クラスターと可動性に基づくピロリ菌pan-genomeの特徴付け**
 Jacob Albritton¹、福世真樹¹、矢原耕史¹、小林一三¹、○内山郁夫²
¹東大医科研、²基生研

- 2P-129 **MicrobeDB.jpにおけるメタゲノムデータ・メタデータの整備とアプリケーション開発**
 ○竹原潤一¹、森宙史¹、藤澤貴智²、千葉啓和³、山本希¹、内山郁夫³、菅原秀明²、中村保一²、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国立遺伝学研究所、³基礎生物学研究所
- 2P-130 **一括学習型自己組織化マップ(BLSOM)を用いたタンパク質機能推定システムの開発**
 ○大蔵徳丸¹、池村淑道²、阿部貴志¹
¹新潟大・工、²長浜バイオ大学
- 2P-131 **配列位置情報を考慮した塩基組成計算法による機能性RNAからの特徴抽出**
 ○原田月史¹、池村淑道²、阿部貴志¹
¹新潟大・工、²長浜バイオ大学
- 2P-132 **Whole Genome Shotgunを用いた病原菌に関する疫学研究のための解析手法の開発**
 ○吉村大¹、後藤恭宏²、小椋義俊³、林哲也³、伊藤武彦¹
¹東工大・生命理工、²宮崎大・医学部、³宮崎大・フロンティア科学実験総合センター
- 2P-133 **微生物ゲノムアノテーションパイプラインMiGAPの機能改良と運用状況**
 ○大山彰¹、菅原秀明²、森宙史³、黒川顕³
¹インシリコバイオロジー株、²遺伝研・DDBJ、³東工大院・生命情報
- 《その他》
- 2P-165 (St2-34) ***Synechocystis sp.* PCC6803株の細胞内ヌクレオチドプールにおける8-oxo-dGTP除去機構MutT-GMKシステムの解析**
 ○成田佳織、久留主泰朗
 茨城大院・農
- 2P-166 (St2-35) **枯草菌型ferredoxin-NADPH酸化還元酵素の酸化還元反応の可逆性**
 ○瀬尾悌介¹、櫻井英博²、Sétif Pierre³、櫻井武¹
¹金沢大学理工研究域物質化学系、²神奈川大学光合成水素生産研究所、³CEA Saclay, France
- 2P-167 (St2-36) **超好熱性アーキア*Thermococcus kodakarensis*における新規Cys合成経路の同定**
 ○佐藤喬章^{1,3}、牧野勇樹¹、川村弘樹¹、今中忠行^{2,3}、跡見晴幸^{1,3}
¹京大院・工、²立命館大・生命科学、³JST, CREST
- 2P-168 (St2-37) **陸生ラン藻の有効利用**
 ○加藤浩¹、横島美香²、木村駿太²、古川純²、富田一横谷香織²、山口裕司³、竹中裕行³
¹三重大、²筑波大、³マイクロアルジェコーポレーション(株)
- 2P-169 ***Xanthomonas*属植物病原細菌のタイプⅢ分泌エフェクターXopRの機能解析**
 ○沖友香¹、秋本千春³、落合弘和³、安西弘行²、津下誠治⁴、古谷綾子²
¹茨大院・農・資源、²茨大GRC、³生物研、⁴京都府大院・生命
- 2P-170 ***Novosphingobium aromaticivorans* DNAミスマッチ修復機構の温度依存性に関する解析**
 ○白熊理沙¹、林宏恵²、久留主泰朗^{1,2}
¹茨城大学農学部、²東京農工大学大学院連合農学研究科

2P-171

染色体広域欠失変異を用いた大腸菌の定常期における生存に関与する遺伝子群の解析

○萩原進、加藤潤一