

ワークショップ全体のスケジュール

8月20日

13:30	受付開始 (2F)
14:00-16:00	口頭講演 I (2F)
16:00-16:15	休憩
16:15-17:45	ゲノム微生物学会総会および 2011年ゲノム微生物学会研究奨励賞受賞者講演 (2F)
17:45-18:55	ポスター発表 (1F) 奇数番号コアタイム (17:45-18:20) 偶数番号コアタイム (18:20-18:55)
19:00-21:00	研究交流会 (1F)

8月21日

8:30	受付開始 (2F)
9:00-10:15	口頭講演 II (2F)
10:15-10:25	休憩
10:25-11:40	口頭講演 III (2F)
11:40-13:30	昼食・ランチョンセミナー (2F)・休憩
13:30-14:45	口頭講演 IV (2F)
14:45-14:55	休憩
14:55-16:00	口頭講演 V (2F)

企業展示 (1F)

1. フリューダイン株式会社
2. イルミナ株式会社
3. 株式会社日立ソリューションズ
4. ライフテクノロジーズジャパン株式会社
5. キャリパーライフサイエンス日本支社
6. ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社
7. 株式会社ナベインターナショナル
8. インシリコバイオロジー株式会社

ランチョンセミナー (2F)

8月20日

11:50~12:35	ライフテクノロジーズジャパン株式会社
12:40~13:25	イルミナ株式会社

さくらホール 2F 会場 (8月20日)

口頭発表 I (8月20日 14:00-16:00)

- 14:00** **ゲノム解析による大腸菌病原性の解読**
戸邊亨 (阪大)
- 14:30** **環境微生物に由来する分解酵素群の構造プロテオミクス**
田之倉優 (東大)
- 15:00** **麹菌の転写因子の網羅的解析 – 産業への利用を目指して –**
小山泰二 (野田産研)
- 15:30** **大量ゲノム情報解析時代の未知微生物探索研究**
鎌形洋一 (産総研)

ゲノム微生物学会総会・2011年ゲノム微生物学会研究奨励賞受賞者講演(16:15-17:45)

ゲノム微生物学会総会

2011年ゲノム微生物学会研究奨励賞受賞者講演

**大量ゲノム配列情報からの効率的な知識発見のための新規情報学的手法の開発と
その微生物ゲノム解析への適用**

阿部貴志 (長浜バイオ大)

シアノバクテリアのゲノムワイドな概日発現リズムの振動機構の解明

岩崎秀雄 (早大・科技機構さきがけ)

さくらホール 2F 会場 (8月21日)

口頭発表 II (9:00-10:15)

- 9:00** 大腸菌染色体の複製開始を制御する新たなゲノム配列 DARS の機能
片山勉*, 藤光和之, 加生和寿, 毛谷村賢司, 尾崎省吾 (九大)
- 9:25** 大腸菌 K-12 株における高濃度金属に対する適応応答
山本兼由 (法政大)
- 9:50** ChAP-chip 解析・トランスクリプトーム解析から見てきた AbrB/Abh の転写制御
Chumsakul Onuma, 高橋弘喜, 大島拓, 菱本貴弘, 小笠原直毅, 石川周*
(奈良先端大)

口頭発表 III (10:25-11:40)

- 10:25** ゲノムからみたマウス腸内セグメント細菌の生態
桑原知巳*, 小椋義俊, 大島健志朗, 黒川顕, 大岡唯祐, 平川英樹, 伊藤武彦,
今大路治之, 市村穰, 伊藤喜久治, 石舟千恵子, 前川洋一, 安友康二, 服部正平,
林哲也 (香川大他)
- 10:50** レンサ球菌属の比較ゲノム解析: 外来性遺伝子の獲得とゲノム進化機構
中川一路 (東京医科歯科大)
- 11:15** 細菌と宿主の相互関係 -複雑系における解析-
岩瀬忠行 (慈恵医大)

ランチオンセミナー (11:50-13:25)

- 11:50** 拡張するリード長で Ion PGM™ シーケンサが挑む微生物ゲノム解析
ライフテクノロジーズジャパン株式会社
- 12:40** デスクトップ型次世代シーケンサー MiSeq
～ 大腸菌 5 株の全ゲノム解析が 1 ラン、1 日で完了! ～
イルミナ株式会社

口頭発表 IV (8月21日 13:30-14:45)

- 13:30** 微生物ゲノムシーケンスを活用した新規生合成酵素の取得
大西康夫 (東大)
- 13:55** シロアリ腸内共生系 - メタゲノムとシングルゲノムからのアプローチ
本郷裕一 (東工大)
- 14:20** マイクロデバイス技術と新規イメージング技術の融合による新しい微生物解析技術の
開発 - 微生物のありのままの非破壊・非侵襲的かつ経時的な解析
野村暢彦 (筑波大)

口頭発表 V (8月21日 14:45-16:00)

- 14:55** 加速化するシーケンス技術とその実際
豊田敦 (国立遺伝研)
- 15:20** ゲノム・メタゲノム情報を基盤とした微生物 DB の統合
黒川顕*, 中村保一, 内山郁夫, 神沼英里, 小西史一, 藤澤貴智, 森宙史, 岡本忍,
菅原秀明 (東工大他)

15:45 新学術「ゲノム支援」の紹介
小笠原直毅 (奈良先端大)

さくらホール 1F 会場 (8月21日) ポスター発表会場

- P1 ゲノム情報に基づく清酒酵母群の系統解析と進化**
赤尾健*, 菅野洋一朗, 渡辺大輔, 下飯仁 (酒総研・醸造技術基盤)
- P2 次世代シーケンサーを用いた解析のご紹介 <16S rRNA シーケンス解析>**
湯原悟志*, 高津成彰, 田上潤, 大場利治, 北川正成 (タカラバイオ・ドラゴンジェノミクスセンター)
- P3 *Burkholderia glumae* 16S-23S rDNA 領域を用いた DNA チップの作製**
滝下杏奈^{1,2*}, 小木美恵子¹, 鶴田浄維¹, 菊池貴幸², 森田敏樹² (¹金沢工大, ²エスシーワールド株)
- P4 微生物ゲノム Finishing 支援ソフトウェア: GenoFinisher**
大坪嘉行*, 奥野周, 永田裕二, 津田雅孝 (東北大・院生命科学)
- P5 大規模なゲノムアノテーション情報の手動による精度と再利用性の向上**
藤澤貴智*, 岡本忍, 中尾光輝, 山本泰智, 中村保一 (国立遺伝研)
- P6 重金属耐性能を持つ好酸性光合成細菌 *Acidiphilium multivorum* AIU301T のゲノム解析**
山田 (成田) 佐知子*, 中村早苗, 市川夏子, 宝田裕美, 伊藤尚文, 片野葉子, 細山哲, 山田隆一, 中澤秀和, 山崎秀司, 藤田信之 (NITE・バイオテクノロジー)
- P7 Genome analysis on the horizontally transmitted bacterial endosymbiont of deep-sea vent gastropod in the Central Indian Ridge**
Shigeru Shimamura*, Satoshi Nakagawa, Yoshihiro Takaki, Tomoo Sawabe, Ken Takai (JAMSTEC)
- P8 乳酸菌 *Lactobacillus brevis* KB290 のゲノム解析と次世代シーケンサーを用いた同一株内の多型解析**
深尾匡憲*, 大島健志朗, 森田英利, 須田亘, 金錫元, 鈴木重徳, 矢賀部隆史, 矢嶋信浩, 服部正平 (カゴメ・総研)
- P9 中度好塩性細菌 *Halomonas elongata* OUT30018 株と DSM2581T 株の比較ゲノム解析による OUT30018 株に特異的な芳香族化合物分解遺伝子群の同定**
仲山英樹*, 小野比佐好, 大島拓, 近藤昭彦, 小笠原直毅 (神戸大・自然科学系先端融合研究環)
- P10 納豆菌ファージ φNit1 のゲノム解析**
尾崎達郎, 木村啓太郎, 金子淳* (東北大・院農)
- P11 次世代シーケンシング対応ゲノム解析プラットフォーム GiNeS (ギネス) を用いた微生物変異解析 - 変異同定の条件比較**
竹田綾*, 今井建策, 齋藤静司, 上村泰央, 江崎正浩, 高野幸太, 山岸秀規, 西達也 (株式会社ジナリス)
- P12 マイコプラズマとアコレプラズマにおけるゲノムの退行進化と重複遺伝子の特徴から見る寄生戦略**
佐々木裕子 (国立感染研)
- P13 ゲノム DNA の逆位に伴った遺伝子の重複と崩壊**

古田芳一^{1,2,*}, 河合幹彦^{3,*}, 矢原耕史⁴, 高橋規子^{1,2}, 半田直史^{1,2}, 鶴剛史^{2,5}, 大島健志朗¹, 吉田優⁶, 東健⁶, 服部正平¹, 内山郁夫³, 小林一三^{*1,2,5} (*: equal contribution) (¹東大・院新領域, ²東大医科研, ³基生研・ゲノム情報, ⁴久留米大・院医, ⁵東大・院理, ⁶神戸大・院医)

P14 遺伝子内ドメイン移動

古田芳一*, 河合幹彦, 内山郁夫, 小林一三 (東大・院新領域)

P15 Evolutionary maintenance of selfish homing endonuclease genes in the absence of horizontal transfer

Koji Yahara*, Masaki Fukuyo, Akira Sasaki and Ichizo Kobayashi (九州工大)

P16 緑膿菌の膜小胞産生に関する遺伝子の同定

清水川渉*, 山崎祥平, 齋藤静香, 志村洋一郎, 稲元民夫, 皆川周, 後藤直正, 福島淳 (秋田県立大・院生物資源科学)

P17 窒素固定型シアノバクテリアにおける糖代謝制御

得平茂樹*, 大森正之 (中央大・生命)

P18 シアノバクテリア *Synechococcus elongatus* PCC7942 における DNA 複製制御機構の解析

大林龍胆*, 渡辺智, 千葉櫻拓, 吉川博文 (東京農大・バイオ)

P19 シアノバクテリアにおける Hsp90 と Hsp70 の協働的シャペロン作用

仲本準 (埼玉大・院理工)

P20 大腸菌染色体大規模欠失株を用いた酸化ストレス耐性に関する遺伝子の解析

岩館佑未*, 加藤潤一 (首都大・理工)

P21 大腸菌を用いた光合成機能の再構成

藤原弘平*, 城本史寛, 岩本明, 本多弘典, 篠田卓弥, 島原佑基, 川口達也, 萩原進, 永島賢治, 加藤潤一 (首都大・理工)

P22 大腸菌酸耐性を制御する YdeO レギュロンの解明

山中幸*, 大島拓, 石浜明, 山本兼由 (法政大・院工)

P23 Illumina GAII を用いた枯草菌の転写開始点解析

松本貴嗣*, 吉川博文 (東農大・生物資源ゲノム解析セ)

P24 *Geobacillus kaustophilus* HTA426 の3種のイノシトール脱水素酵素パラログ

村上絢野, 竹中慎次, 吉田健一* (神戸大・院農)

P25 *Sphingobium* sp. MI1205 株由来の脱ハロゲン酵素 LinB_MI 特異的な beta-HCH 分解活性に重要なアミノ酸残基の同定

森内良太*, 大坪嘉行, 永田裕二, 津田雅孝 (東北大・院生命科学)

P26 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* の巨大プラスミドに集約された光応答性遺伝子群の発現制御メカニズム

高野英晃*, 上利佳弘, 山崎竜大, 新海暁男, 上田賢志 (日大・生物資源)

P27 土壌細菌 *Burkholderia multivorans* ATCC 17616 株の *fur* 破壊株の ROS/NOS 高感受性と *oxyR*

欠失による表現型回復機構

木村明音*, 湯原悟志, 大坪嘉行, 永田裕二, 津田雅孝 (東北大・院生命科学)

P28 有機塩素系殺虫剤 gamma-hexachlorocyclohexane 分解細菌 *Sphingomonas* sp. MM-1 株が保持する分解関連プラスミドの塩基配列解析と機能解析

田端理朗*, 大坪嘉行, 永田裕二, 津田雅孝 (東北大・院生命科学)

P29 ナフタレン分解プラスミド NAH7 の接合伝達制御に関与する受容菌のリン酸基転移系

井上慧*, 大坪嘉行, 永田裕二, 津田雅孝 (東北大・院生命科学)

P30 プラスミドの接合伝達に関与する新規遺伝子の探索

松井一泰*, 新谷政己, 山根久和, 野尻秀昭 (東大・生物生産工学研究セ)

P31 カルバゾール分解系制御系遺伝子 *antR* の宿主依存的な発現制御機構の解明

岩田修*, 松本貴嗣, 新谷政己, 高妻篤史, 山根久和, 野尻秀昭 (東大・生物生産工学研究セ)

P32 プラスミド pCAR1 にコードされる H-NS 様因子 Pmr の多量体形成機構の解明

鈴木千穂*, 尹忠銖, 寺田透, 山根久和, 野尻秀昭 (東大・生物生産工学研究セ)

P33 土壌培養系における *Pseudomonas putida* F1 株のプロテオーム解析

森本一*, 桑野晶喜, 笠原康裕 (北大・低温研)

P34 土壌細菌 *Burkholderia multivorans* ATCC 17616 株の土壌環境特異的発現遺伝子の解析

三浦那智*, 西山依里, 大坪嘉行, 永田裕二, 津田雅孝 (東北大・院生命科学)

P35 下北掘削コアにおけるアーキア群集統計解析

坪内泰志*, 豊田敦, 荒井渉, 高木善弘, 西真郎, 高見英人 (JAMSTEC・海洋・極限環境生物圏)

P36 比較ゲノム解析ツール RECOG のメタゲノム解析への応用に向けた改良

内山郁夫 (基生研)

P37 メタゲノムデータから目的の配列を効率よく探す方法

山下明史 (東北大・院生命科学)

P38 Comprehensive 16S-based analysis of effect of probiotics on shaping human gut microbiota

Seok-Won Kim*, Kenshiro Oshima, Hidetoshi Morita, Wataru Suda, Shinji Fukuda, Hiroshi Ohno, Masahira Hattori (東大・院新領域)

P39 海洋における多環芳香族炭化水素(PAHs)分解複合微生物群集のメタゲノム, メタプロテオーム解析

岩淵範之*, 奥田修二郎, 荻原淳, 竹石英伯, 大島健志朗, 服部正平, 砂入道夫 (日本・生物資源)

P40 土壌メタゲノムから見る, 芳香族化合物汚染により誘導される微生物群集の反応

加藤広海*, 森宙史, 豊田敦, 大坪嘉行, 丸山史人, 堂園亜由美, 永田裕二, 藤山秋佐夫, 黒川顕, 津田雅孝 (東北大・院生命科学)

P41 芳香族化合物複合汚染土壌由来のメタゲノムライブラリからの機能相補による新規リダクターゼ遺伝子の探索

永山浩史*, 菅原智詞, 遠藤諒, 加藤広海, 大坪嘉行, 永田裕二, 津田雅孝 (東北大・院生命科学)