

シンポジウム及び口頭発表、 ショートトーク他 プログラム

3月6日(金)

口頭発表1 : 101-01~06

口頭発表2 : 102-01~08

ショートトーク1 : 1St1-01~25

3月7日(土)

口頭発表3 : 203-01~09

ランチョンセミナー1

シンポジウム : 2S-01~03

総会・受賞講演

ショートトーク2 : 2St2-01~26

3月8日(日)

口頭発表4 : 304-01~12

口頭発表5 : 305-01~10

【セッション記号について】

開催日 + シンポジウム(S)/口頭発表(O)/ショートトーク(St)/ポスター発表(P) + セッション番号 + 発表番号

口 種 表

	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
6日 (金)	講演会場 2階 六甲ホール				13:00-14:12 受付開始 口頭発表1 ゲノム情報の活用/ゲノム育 種/合成生物学/その他	14:40-16:16 口頭発表2 バイオフィーマティクス	16:30-17:20 シヨート トーク1			18:15-18:45 男女 委員会		19:00-20:00 評議員会 (農学研究科 大委員長)
	ポスター会場 3階 交流スペース				13:00-17:25 ポス ター 貼付	17:25-18:10 1Pポスター展示				1P 討論タイム (奇数)		
	展示会場 2階 ホワイエ				13:00-18:10 展示会							
7日 (土)	講演会場 2階 六甲ホール	9:00-10:48 口頭発表3 遺伝子の発現制御		12:20-13:05 ランチョン セミナー1 (農学研究科 大委員長)	13:20-15:20 シンポジウム 「ゲノム微生物学を取り巻く 新技術」	15:30-16:10 16:10-16:50 総会	17:05-17:57 シヨート トーク2			18:05-18:50 2P 討論タイム (奇数)		懇親会 六甲台南食堂 ランスボックス 19:00-20:30
	ポスター会場 3階 交流スペース	9:00-11:00 1Pポスター展示	11:00-11:45 IP 討論タイム (偶数)	ポスター 貼替え	2Pポスター展示							
	展示会場 2階 ホワイエ	10:00-18:50 展示会										
8日 (日)	講演会場 2階 六甲ホール	9:00-11:24 口頭発表4 細胞増殖と分化の分子機構/真核微生物 /メタゲノム、環境微生物			14:00-16:00 口頭発表5 ゲノムの構造と進化							
	ポスター会場 3階 交流スペース	9:00-13:10 2Pポスター展示	13:10-13:55 2P 討論タイム (偶数)	ポスター 撤去								
	展示会場 2階 ホワイエ	10:00-13:40 展示会										

〔第1日目〕

3月6日(金)

●口頭発表1 《ゲノム情報の活用、ゲノム育種/合成生物学/その他》

座長：和地正明(東京工業大学)

- 13:00 101-01 **LEGOmid:シャトルベクターを用いないプラスミドのビルディングブロック再構成**
○鈴木徹、野村泉、滝口裕加
岐阜大学・連合農学研究科
- 13:12 101-02 **日和見病原菌*Asaia bogorensis*の環境適応遺伝子群**
○河合幹彦^{1,2}、東裏典枝^{1,2}、早崎君江¹、平川英樹³、武部聡¹、松下一信⁴、東慶直¹
¹近大・生物理工、²JST-ALCA、³かずさDNA、⁴山口大・農
- 13:24 101-03(1P-03) **ゲノム編集技術を用いた*Pseudococcomyxa ellipsoidea* Obi株のデンパン合成遺伝子のノックアウトとノックアウト株の特徴付け**
○高橋啓太¹、吉満勇也²、福原いずみ¹、原山重明¹
¹中央大・理工生命、²株式会社デンソー
- 座長：鈴木徹(岐阜大学)
- 13:36 101-04 **ゲノムリシーケンスによるシアノバクテリアの暗所従属栄養生育を促進する変異の同定**
平出優人¹、上坂一馬¹、井原邦夫²、○藤田祐一¹
¹名古屋大・大学院生命農学研究科、²名古屋大学・遺伝子実験施設
- 13:48 101-05(1P-09) **リボソーム改変による大腸菌の高温適応進化**
○佃美雪^{1,2}、宮崎健太郎^{1,2}
¹東大院、新領域、メディカルゲノム、²産総研、生物プロセス
- 14:00 101-06(1P-17) **紅色光合成細菌*Rhodovulum sulfidophilum* DSM1374株およびDSM2351株のゲノム配列解析とその比較**
○長尾信義¹、広瀬侑¹、梅影創¹、菊池洋^{1,2}
¹豊橋技大・工、²早大・TWINS

●口頭発表2 《バイオインフォマティクス》

座長：岩崎渉(東京大学)

- 14:40 102-01 **ビッグデータ解析によるエボラ、インフルエンザ、エイズウイルス用核酸医薬のデザイン**
和田佳子^{1,2}、岩崎裕貴¹、磯田大典³、阿部貴志⁴、和田健之介^{1,2}、○池村淑道¹
¹長浜バイオ大・バイオサイエンス、²滋賀医大・分子神経、³日本ヒューレットパッカー、⁴新潟大・工学部・情報工学
- 14:52 102-02(1P-46) **異種交配株ラガービール酵母と近縁種のゲノム比較解析**
○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サントリーグローバルイノベーションセンター
- 15:04 102-03(1P-43) **バクテリア16S rRNA遺伝子の進化**
○佐藤允治^{1,2}、宮崎健太郎^{1,2}
¹東大院・新領域、²産総研・生物プロセス

- 15:16 1O2-04(1P-44) **Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes (細菌ゲノム上の相同組換えのホット領域を効率的に推定する新規手法の開発)**
 ○Koji Yahara^{1,2*}、Xavier Didelot³、M. Azim Ansari⁴、Samuel K. Sheppard²、Daniel Falush⁵
¹Univ. Tokyo、²Swansea Univ.、³Imperial College London.、⁴Univ. Oxford、⁵Max Planck Institute、*Kurume Univ.
 座長：高見英人(海洋研究開発機構)
- 15:28 1O2-05 **非モデル生物のトランスクリプトーム解析**
 ○宮本真理、斎藤賢治
 株式会社キアゲン アプライドアドバンストゲノミクス
- 15:40 1O2-06 **大規模ゲノムデータの活用に向けた微生物比較ゲノムデータベースMBGDの改良**
 ○内山郁夫¹、三原基広²、西出浩世¹、千葉啓和¹
¹基礎生物学研究所、²ダイナコム
- 15:52 1O2-07 **微生物統合データベース MicrobeDB.jpの超高度化**
 ○森宙史¹、内山郁夫²、菅原秀明³、中村保一³、黒川顕^{1,4}、MicrobeDB.jpプロジェクトチーム^{1,2,3,4}
¹東工大・生命理工・生命情報、²基生研、³遺伝研、⁴東工大・地球生命研究所
- 16:04 1O2-08 **MetaMetaDB:微生物ゲノムと環境を簡便に結びつけるデータベース**
 ○岩崎渉、楊静佳
 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻

●ショートトーク1

《ゲノム情報の活用、ゲノム育種》

- 16:30 1St1-01(1P-05) **アラレマイシン生産菌の2つのALA合成酵素ホモログの機能解析**
 ○森ひかる、岩井伯隆、和地正明
 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生物プロセス専攻
- 16:32 1St1-02(1P-06) **放線菌*Actinoplanes missouriensis*の孢子嚢の開裂に必要な遺伝子のRNA-Seqによる探索**
 ○安田理沙、毛利佳弘、手塚武揚、大西康夫
 東大院・農生科・応生工

《合成生物学》

- 16:34 1St1-03(1P-08) **合成生物学の申し子“シアノバチルス”の転写装置起動の試み**
 ○細村匡太郎¹、渡辺智¹、兼崎友²、板谷光奏³、吉川博文¹
¹東京農大・応生科・バイオ、²東京農大・NGRC、³慶応大・先端生命研
- 16:36 1St1-04(1P-10) **合成生物学の展開に向けた光応答性大腸菌の創成**
 ○岡駿佑、堀槇佑子、杉江よしみ、大塚北斗、饗場浩文
 名古屋大院・創薬・分子微生物

〔第1日目〕

《その他》

- 16:38 1St1-05 (1P-13) **ミヤコグサ根粒菌用分子遺伝学ツール・セットの開発**
○大澤美芙、窪田和奈、新庄莉奈、佐伯和彦
奈良女子大・院人間文化・生物科学
- 16:40 1St1-06 (1P-22) **フェノミクスによる遺伝子機能の決定**
○Turner Peter¹、小川博¹、Bochner Barry²
¹株式会社セントラル科学貿易 東京、²Biolog Inc, USA
- 16:42 1St1-07 (1P-18) **枯草菌ferredoxin-NADP+酸化還元酵素とferredoxin間の電子伝達反応の速度論解析に基づく反応機構**
○瀬尾悌介¹、櫻井英博²、Pierre Sétif³、櫻井武¹
¹金沢大・理工・物質化学、²神奈川大・光合成水素生産研、³CEA, iBiTecS, France
- 16:44 1St1-08 (1P-23) **アラレマイシンのマラリア原虫*Plasmodium falciparum*由来PBGSに対する阻害活性の評価**
○矢野寛明、松尾智彰、奥純平、中山恭介、岩井伯隆、和地正明
東工大院・生命理工・生物プロセス

《バイオインフォマティクス》

- 16:46 1St1-09 (1P-24) **真核生物反復配列データベースRebase**
○小島健司^{1,2}、Weidong Bao¹、Jerzy Jurka¹
¹Genetic Information Research Institute、²東大院・新領域
- 16:48 1St1-10 (1P-25) **複数プラットフォームのデータを用いた*de novo* ハイブリッドアセンブリに関する検討**
○斎藤賢治、宮本真理
株式会社キアゲン・アプライドアドバンストゲノミクス
- 16:50 1St1-11 (1P-28) **Genome Refine: 自動ゲノムアノテーション統合環境を提供するウェブサービス**
○藤澤貴智¹、森宙史²、岡本忍³、山本泰智³、片山俊明³、川島秀一³、谷澤靖洋¹、神沼英里¹、大山彰⁴、菅原秀明¹、内山郁夫⁵、黒川顕²、中村保一¹
¹遺伝研・生命情報研究センター、²東工大・生命理工、³DBCLS、⁴インシリコバイオロジー株式会社、⁵基生研・理論生物学領域
- 16:52 1St1-12 (1P-38) **全ゲノム配列情報を用いた近縁菌株の迅速高精度系統解析手法の開発:病原菌感染経路推測への応用**
○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
- 16:54 1St1-13 (1P-47) **深海酵母*Cryptococcus liquefaciens* strain N6のゲノム再構築とRNA-Seqによる銅耐性の解析**
○森本博也、筒井康博、岩崎博史、伊藤武彦
東工大院・生命理工
- 16:56 1St1-14 (1P-36) **メタゲノム解析における歯垢試料の影響の評価指標について**
○篠崎夏子^{1,2}、山岸潤也³、佐藤行人²、長崎正朗²、坪井明人²、山下理宇²
¹東北大 医学系研究科、²東北大 ToMMo、³北大 人獣共センター
- 16:58 1St1-15 (1P-30) **新機能を搭載した生理・代謝機能評価システム MAPLE 2.0.0.**
○荒井渉¹、谷口丈晃²、五斗進³、高見英人¹
¹海洋機構・資源、²三菱総研・人間、³京大・化研

《遺伝子の発現制御》

- 17:00 1St1-16(1P-53) **枯草菌 α オペロンの構造と発現の解析**
○白川文教、池田宗太郎、朝井計
埼玉大・理工学研究科
- 17:02 1St1-17(1P-67) **異なる環境シグナルを認識するふたつの二成分制御系YedV/W, CusS/Rによる標的遺伝子発現の協調制御**
○浦野浩行¹、石浜明²、小笠原寛¹
¹信州大・ヒト環境研究セ、²法政大・マイクロ・ナノテク研究セ
- 17:04 1St1-18(1P-66) **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、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
- 17:06 1St1-19(1P-65) ***Synechocystis* sp. PCC6803のLipid Aトランスポーターホモログは酸性ストレス耐性に関与する**
○松橋歩¹、田原寛子¹、伊藤雄太郎²、内山純爾³、小川寛⁴、太田尚孝^{1,3}
¹東理大・理、²東理大・基礎工、³東理大・総研・RNA、⁴三重大・医・電顕室
- 17:08 1St1-20(1P-63) **シアノバクテリア*Synechocystis* sp. PCC6803の脂質輸送に関与する遺伝子の環境ストレス条件下における転写解析**
○田原寛子¹、松橋歩¹、内山純爾²、小川寛³、太田尚孝^{1,2}
¹東理大・理、²東理大・総研・RNA、³三重大・医・電顕室
- 17:10 1St1-21(1P-60) **大腸菌におけるシアノバクテリア時計遺伝子の発現とその制御解析**
○水谷直哉、松田宏矢、安部さゆり、浅井智広、寺内一姫
立命館大・生命科学
- 17:12 1St1-22(1P-58) **大腸菌CsrシステムにおけるCsrB RNAの分解過程の解析**
○阿部葉月¹、天木拓海²、伊藤学¹、杉本華幸^{1,2}、渡邊剛志^{1,2}、鈴木一史^{1,2}
¹新潟大院・自然科学、²新潟大・農・応生化
- 17:14 1St1-23(1P-56) **ウェルシュ菌バイオフィルムマトリクスオペロンの同定**
○尾花望、中村幸治、野村暢彦
筑波大学生命環境系
- 17:16 1St1-24(1P-52) **比較ゲノムによる細胞内共生細菌における転写エラーを利用した遺伝子発現制御システムの検証**
○金城幸宏^{1,3}、徳田岳²、本郷裕一^{1,3}、大熊盛也³
¹東京工業大学 大学院生命理工学研究科、²琉球大学 熱帯生物圏研究センター、³理化学研究所バイオリソースセンター 微生物材料開発室
- 17:18 1St1-25(1P-50) **病原性大腸菌O157株特異的non-coding RNA Esr41の*in vitro*解析**
○森恭平¹、組田恵里¹、須藤直樹²、伊豫田淳³、関根靖彦²、安藤昭一¹、相馬亜希子¹
¹千葉大・園芸、²立教大・理、³感染研・細菌第一部

●ポスター討論

17:25~18:10

1P奇数番号

〔第2日目〕

3月7日(土)

●口頭発表3 《遺伝子の発現制御》

座長：藤田祐一(名古屋大学)

- 9:00 203-01 **アミノ酸生産菌から見出したMarR型光応答性転写調節蛋白質**
松木哲郎、伊藤優佑、渡邊恵利花、上田賢志、○高野英晃
日本大学生物資源科学部応用生物科学科・生命科学研究センター
- 9:12 203-02 ***Anabaena* sp. PCC 7120におけるcyAbrBによるgnd遺伝子の発現制御**
西山英里¹、中村康太²、日原由香子^{2,3}、○得平茂樹^{1,3}
¹首都大・生命、²埼玉大・分子生物、³JST・さきがけ
- 9:24 203-03(1P-68) **BldDは希少放線菌*Actinoplanes missouriensis*の孢子嚢形成を制御する**
○毛利佳弘、小西健司、手塚武揚、大西康夫
東大院・農生科・応生工

座長：牧泰史(大阪医科大学)

- 9:36 203-04 **枯草菌DegUの過剰なリン酸化昂進はカタボライト抑制を早期に解除する**
○吉田健一¹、田中耕生¹、竹中慎治¹、石川周²、Onuma Chumsakul²、小笠原直毅²
¹神戸大学・院・農、²奈良先端大・バイオ
- 9:48 203-05(1P-54) **枯草菌SigIの制御における糖脂質の役割**
○松岡聡¹、野辺加織²、松本幸次¹、原弘志¹
¹埼玉大院・理工研、²埼玉大・理・分子生物
- 10:00 203-06 **特定のエピゲノム状態がピロリ菌ストレス耐性を支配する**
○矢野大和^{1,2}、Zobaidu M. Alam¹、林原絵美子³、古田芳一^{1,2}、鈴木穰¹、菅野純夫^{1,2}、
柴山恵吾³、小林一三^{1,2}
¹東大・新領域、²東大・医科学研究所、³国立感染研

座長：得平茂樹(首都大学東京)

- 10:12 203-07(1P-57) **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、橋本昌征、古屋伸久、加藤潤一
首都大院・理工・生命
- 10:24 203-08 **病原性大腸菌O157株の機能性低分子RNAEsr41の作用機作の解析**
○相馬亜希子¹、森恭平¹、組田恵里¹、須藤直樹²、伊豫田淳³、大島拓⁴、大西真³、
渡辺秀¹、小笠原直毅⁴、安藤昭一¹、関根靖彦²
¹千葉大・園芸、²立教大・理、³感染研・細菌第一部、⁴奈良先端大・バイオサイエンス
- 10:36 203-09 **腸内細菌に広く保存されるsdhCDAB-sucABCD mRNAの3'非翻訳領域からプロセッシングされるsmall RNAによる転写後調節**
○宮腰昌利、Jörg Vogel
Institute for Molecular Infection Biology, University of Würzburg

●ポスター討論

11:00~11:45

1P偶数番号

●シンポジウム

座長：石川周(奈良先端科学技術大学院大学)／大島拓(奈良先端科学技術大学院大学)

- 13:20 2S-01 **DNA・RNA・ペプチドの配列と修飾を読み出す1分子シーケンサー**
谷口正輝
大阪大学・産業科学研究所
- 14:00 2S-02 **一細胞解析手法によるプラスミドの宿主域決定の試み**
新谷政己
静岡大学大学院工学研究科
- 14:40 2S-03 **微生物の代謝を観測・デザインするための技術とその応用**
戸谷吉博
大阪大学 大学院情報科学研究科

●研究奨励賞受賞講演

- 16:10 **実験進化とオミクス解析による微生物の適応・進化機構に関する研究**
鈴木真吾
理化学研究所・生命システム研究センター(QBIC)

●若手賞受賞講演

- 16:35 **シアノバクテリアの補色順化における光色感知機構の解析**
広瀬侑
豊橋技術科学大学 環境生命工学系／エレクトロニクス先端融合研究所

●ショートトーク2

《真核微生物》

- 17:05 2St2-01 (2P-58) **寄生性原虫トリパノソーマの進化的起源
—多様な原核生物からの水平伝播遺伝子の探索—**
○福澤玲奈^{1,2}、松井求³、富田勝^{1,2}、板谷光泰^{1,2}
¹慶大・先端生命研、²慶大・政策・メディア・先端生命、³東大・理学系研究科
- 17:07 2St2-02 (2P-54) **油脂酵母 *Rhodospiridium toruloides* の油脂生産機構の解析**
○志田洋介¹、宮田淳史¹、通野和人¹、山崎晴丈²、正木和夫³、森一樹⁴、久原哲⁴、高久洋暁²、小笠原渉¹
¹長岡技科大・生物、²新潟薬大・応生科、³酒類総研、⁴九大院農・生資源

《細胞増殖と分化の分子機構》

- 17:09 2St2-03 (2P-17) **枯草菌NonAIによるファージ不稔感染に関与する遺伝子の探索と解析**
○山本達也¹、尾花望¹、兼崎友²、大竹留未²、吉川博文^{2,3}、野村暢彦¹、中村幸治¹
¹筑波大・生命環境系、²東京農大・ゲノム解析セ、³東京農大・応生科・バイオ
- 17:11 2St2-04 (2P-16) **枯草菌染色体上に存在するSPβプロファージのsecondary attB siteの解析**
○高松拓夫¹、河野裕太¹、安部公博²、佐藤勉^{1,2}
¹法政大院 理工、²法政大 マイクロ・ナノテク

〔第2日目〕

17:13 2St2-05 (2P-18) SMC蛋白質複合体の変異体解析

○鎌田勝彦¹、宮田真人²、平野達也¹
¹理研、²大阪市大・理

17:15 2St2-06 (2P-21) シアノバクテリアにおける増殖相に依存したゲノムコピー数制御機構

○渡辺智¹、大林龍胆¹、兼崎友²、齋藤菜摘³、千葉櫻拓¹、曾我朋義³、吉川博文¹
¹東京農大・応生科・バイオ、²東京農大・NGRC、³慶応大・先端生命研

《メタゲノム、環境微生物》

17:17 2St2-07 (2P-28) 口腔細菌叢メタゲノム解析におけるDNA抽出方法の検討

○山岸潤也¹、佐藤行人²、山下理宇²、篠崎夏子²、長崎正朗²、坪井明人²
¹北海道大学 人獣共通感染症リサーチセンター、²東北大学 東北メディカル・メガバンク機構

17:19 2St2-08 (2P-24) 唾液の概日周期とその安定性

○高安伶奈¹、須田互¹、小鳥遊景泰¹、飯岡恵里香¹、木内美沙¹、黒川李奈¹、進藤智絵¹、服部恭江¹、山下直子¹、金相完¹、大島健志朗¹、西嶋傑¹、高安美佐子²、高安秀樹³、服部正平¹
¹東大・新領域・情報生命、²東工大・総理工・知シス、³SONY CSL

17:21 2St2-09 (2P-42) 水素生成型一酸化炭素資化性好熱細菌*Calderihabitans maritimus* KKC1のゲノム解析

○大前公保¹、米田恭子²、福山宥斗¹、吉田天士¹、左子芳彦¹
¹京大院・農、²産総研・生物プロセス

17:23 2St2-10 (2P-41) 植物マイクロビオームメタゲノム配列のマッピングによる*Methylobacterium*属細菌集団の植物種依存性の解析

○南智之、按田瑞恵、大久保卓、三井久幸、大坪嘉行、永田裕二、金子貴一、田畑哲之、津田雅孝、南澤究
東北大院生命

17:25 2St2-11 (2P-33) サンゴにおける共在細菌叢の形成・維持機構の推定

○丸山徹^{1,2}、伊藤通浩^{2,3}、大久保悠介¹、竹山春子^{1,2,3}
¹早大・生命医科、²JST-CREST、³早大・ナノ理工

17:27 2St2-12 (2P-40) オートログ分類表を利用した海底下メタゲノムでの芽胞形成ゲノム頻度の推定

○河合幹彦¹、内山郁夫²、高見英人³、稲垣史生¹
¹海洋機構・高知コア研、²基生研、³海洋機構・海洋・極限環境生物

17:29 2St2-13 (2P-36) 地下水中の微生物群集に対する地下温度変化の影響

○大久保智司^{1,2}、斎藤健志^{1,2}、江上亮太³、林大和³、柳沼孟³、小松登志子^{1,2}、大西純一^{1,2}
¹埼玉大院・理工、²JST・CREST、³埼玉大・理

17:31 2St2-14 (2P-38) 汽水湖に生息する孔径0.22 μmフィルターを通過可能な細菌の解析

○福田洸平¹、沼田充²、三浦隆匡²、久志本晃弥³、山副敦司²、藤田信之²、金原和秀^{1,3}、新谷政己^{1,3}
¹静大・創造科技院、²NITE、³静大・工

- 17:33 2St2-15(2P-39) **Single-cell analytical approaches to define producers of natural compounds form marine sponges**
 ○Tetsushi Mori¹、Micheal C. Wilson²、Rimi Miyaoka¹、Masahiro Ando¹、Hiro-o Hamaguchi¹、Shigeki Matsunaga³、Joern Piel²、Haruko Takeyama¹
¹Waseda Univ.、²ETH Zurich、³Tokyo Univ.
- 17:35 2St2-16(2P-37) **サンゴ共生細菌群の遺伝的特性**
 ○伊藤通浩^{1,2}、大久保悠介^{2,3}、丸山徹^{2,3}、新里宙也^{2,4}、五斗進^{2,5}、藤渕航^{2,6}、竹山春子^{1,2,3}
¹早大・ナノ理工、²JST-CREST、³早大・生命医科、⁴OIST・マリンゲノミクス、⁵京大・化研、⁶京大・CiRA
- 17:37 2St2-17(2P-44) **ベンゾトリフルオリドを新規フッ素化合物へと変換する微生物の解析**
 ○矢野憲一、岩井伯隆、和地正明
 東工大院・生命理工・生物プロセス
- 17:39 2St2-18(2P-43) **芳香族化合物分解コンソーシアムに存在する分解菌と非分解菌の関係**
 ○小川なつみ、加藤広海、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科
- 17:41 2St2-19(2P-47) **ウイルス核酸種4種の同時分画及びdsRNAメタゲノム手法の確立**
 ○浦山俊一¹、吉田(高島)ゆかり²、吉田光宏²、高木善弘^{1,2}、高井研²、布浦拓郎¹
¹JAMSTEC 海洋生命理工学研究開発センター、²JAMSTEC 深海・地殻内生物圏研究分野
- 17:43 2St2-20(2P-48) **ドロップレットを利用した微生物培養を経ない酵素探索法の開発**
 ○中村和貴¹、飯塚怜¹、吉田尊雄²、秦田勇二²、高木善弘²、西真郎²、井口彩香³、尹棟鉉³、関口哲志³、庄子習一³、船津高志¹
¹東大・院薬、²海洋研究開発機構、³早大・理工
- 17:45 2St2-21(2P-50) **メタゲノム用de novoアセンブリ・クラスタリングツール MetaPlatanusの開発**
 ○梶谷嶺¹、野口英樹²、桑原知己³、小椋義俊⁴、林哲也⁴、伊藤武彦¹
¹東工大院・生命理工、²遺伝研、³香川大・医学部、⁴宮崎大・フロンティア
- 《ゲノムの構造と進化》
- 17:47 2St2-22(2P-06) **枯草菌における3'→5' エキソヌクレアーゼドメインを持つ新規遺伝子の変異解析**
 ○明石基洋、吉川博文
 東京農大・応生科・バイオ
- 17:49 2St2-23(2P-05) **枯草菌168株における納豆菌挿入配列IS256Bsu1の挙動解析**
 ○原田翔太¹、明石基洋¹、志波優²、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
- 17:51 2St2-24(2P-04) **海洋性細菌 *Vibrio alginolyticus* VIO5株のゲノム構造解析**
 ○稲葉啓太¹、上坂一馬²、西岡典子³、本間道夫³、井原邦夫¹
¹名古屋大学・遺伝子実験施設、²名古屋大学大学院・生命農学研究科、³名古屋大学大学院・理学研究科
- 17:53 2St2-25(2P-11) **マメ科野生集団の分散に伴う根粒菌共生アイランドの水平伝播**
 ○高梨功次郎¹、池田啓²、瀬尾直登¹、佐藤修正³、矢崎一史¹
¹京都大・生存研、²岡山大・植物研、³東北大・院生命科学

〔第2日目〕

17:55 2St2-26 (2P-15) *Geminocystis*属シアノバクテリアに見られる補色応答能の違い

○広瀬侑^{1,4}、片山光徳²、大坪嘉行³、三澤直美⁴、飯岡恵里香⁵、須田互⁵、大島健志朗⁵、華岡光正⁶、田中寛⁷、浴俊彦¹、池内昌彦⁸、服部正平⁵

¹⁾豊橋技科大・環境生命工学、²⁾日本大・生産工学、³⁾東北大・院・生命科学、⁴⁾豊橋技科大・EIIRIS、⁵⁾東京大・院・新領域、⁶⁾千葉大・院・園芸、⁷⁾東工大・資源研、⁸⁾東京大・院・総合文化

●ポスター討論

18:05~18:50

2P奇数番号

3月8日(日)

●口頭発表4 《細胞増殖と分化の分子構造/真核微生物/メタゲノム、環境微生物》

座長：広瀬侑(豊橋技術科学大学)

- 9:00 3O4-01 **好気性海洋性紅色光合成細菌の細胞巨大化と脱巨大化**
野尻茜、荻田信二郎、磯貝康弘、○西田洋巳
富山県立大学・工学部生物工学科
- 9:12 3O4-02(2P-22) **シアノバクテリアにおけるDnaAによる明暗周期でのDNA複製制御**
○大林龍胆^{1,2}、中町愛¹、渡辺智¹、吉川博文^{1,2}
¹)東京農大・応生科・バイオ、²)CREST
- 9:24 3O4-03 **膜貫通型タンパク質RodZの膜直下配列の重要性の検討**
○塩見大輔、仁木宏典
立教大学・理・生命理、遺伝研・系統生物研究センター
- 9:36 3O4-04 **枯草菌SPβファージを介したspsM遺伝子再構築機構の解析**
○安部公博¹、高松拓夫²、河野裕太²、佐藤勉^{1,2}
¹)法政大 マイクロ・ナノテク、²)法政大院 理工
座長：河合幹彦(近畿大学／高知コア研究所)
- 9:48 3O4-05(2P-56) **実バイオマスからエタノール発酵するための酵母株の探索**
○Prihardi Kahar、李載ミン、松本華、大塚裕美、荻野千秋、近藤昭彦
神大院・工学
- 10:00 3O4-06 **細菌・菌類を対象とした次世代アンプリコンシーケンス解析における解析領域の検討**
○富田順子、高橋俊輔、久田貴義、西岡かおり
(株)テクノスルガ・ラボ
- 10:12 3O4-07 **1細胞ゲノム解析から見る海洋性アンモニア酸化アーキアの環境適応機構**
○布浦拓郎¹、高木善弘¹、首藤彩¹、Ramunas Stepanauskas²、高井研¹
¹)海洋研究開発機、²)Bigelow Laboratory Single Cell Genomics Center
- 10:24 3O4-08 **未培養アーキアのMAPLEシステムを用いた比較機能解析**
○高見英人¹、荒井渉¹、内山郁夫²、谷口丈晃³
¹)海洋機構・資源、²)基生研・ゲノム、³)三菱総研・人間
座長：山副敦司(独立行政法人製品評価技術基盤機構)
- 10:36 3O4-09(2P-29) **ヒト腸内細菌叢の国特異的構造の発見とその形成要因の解明**
○西嶋傑¹、大島健志朗¹、金錫元²、須田瓦¹、飯岡恵里香¹、木内美沙¹、進藤智絵¹、
山下直子¹、小宮恵子¹、森田英利³、服部正平¹
¹)東大院・新領域、²)RIKEN・IMS、³)麻布大・獣医
- 10:48 3O4-10(2P-27) **歯垢と舌苔が唾液の細菌構成に与える影響**
○影山伸哉、竹下徹、柴田幸江、山下喜久
九大・院歯・口腔予防医学
- 11:00 3O4-11 **歯垢を中心とした口腔内細菌叢解析の基盤整備**
○山下理宇¹、佐藤行人¹、山岸潤也²、篠崎夏子¹、長崎正朗¹、坪井明人¹
¹)東北大学 ToMMo、²)北海道大学 人獣共通感染症リサーチセンター

〔第3日目〕

11:12 304-12

複数の芳香族化合物による人工的汚染化土壌メタゲノムから取得したインディゴ生成活性を担うコスミドクローンの解析

○永山浩史、加藤広海、菅原智詞、遠藤諒、大坪嘉行、永田裕二、津田雅孝
東北大院・生命

●口頭発表5 《ゲノムの構造と進化》

座長：津留三良(大阪大学)

14:00 305-01

細胞内共生に伴うゲノム再編 ～欠けたタンパク複合体?～

○谷藤吾朗^{1,2}、John M. Archibald²、橋本哲男¹

¹)筑波大・生命環境、²)Dalhousie University, Dept. of Biochem. and Mol. Biol. (Canada)

14:12 305-02

*Treponema phagedenis*のゲノム再編と進化

○後藤恭宏¹、小椋義俊^{1,2}、大岡唯祐¹、桂啓介²、山崎和子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・医・微生物、²)宮崎大・フロンティア、³)宮崎大・農・獣医公衆衛生、⁴)東京大・院・新領域

14:24 305-03

ゲノムのマイクロ進化:ピロリ菌家族内感染の場合

古田芳一^{1,2}、今野武津子³、大崎敬子⁴、米澤英雄⁴、石毛太一郎⁵、今井美咲⁵、志波優⁵、柴田(八田)真理⁵、兼崎友⁵、吉川博文^{5,6}、神谷茂⁴、○小林一三^{1,2}

¹)東大・新領域、²)東大・医科研、³)札幌厚生病院・小児科、⁴)杏林大・医、⁵)農大・ゲノム解析セ、⁶)農大・応生科

14:36 305-04

ゲノム構造からみた高度好塩性古細菌*Haloarcula*属におけるロドプシンの進化

○井原邦夫¹、北島一井原智美²、越後輝敦³、峯岸宏明^{3,4}、加茂直樹⁵、神山勉²

¹)名古屋大学・遺伝子実験施設、²)名古屋大学大学院・理学研究科、³)東洋大学・バイオ・ナノエレクトロニクス研究センター、⁴)JAMSTEC、⁵)北海道大学大学院・先端生命科学研究院

座長：後藤恭宏(宮崎大学)

14:48 305-05

バクテリアリボソームRNAの最小機能構造の探求

○北原圭¹、佐藤さとみネウザ²、鈴木勉²

¹)北大・院・理、²)東大・院・工

15:00 305-06(2P-12)

rRNA遺伝子オペロンが9-10 kbレプリコンのみに存在するゲノム構造をもつ細菌の系統分布

○按田瑞恵、大坪嘉行、三井久幸、大久保卓、菅原雅之、永田裕二、津田雅孝、南澤究
東北大院・生命科学

15:12 305-07(2P-03)

大腸菌の細胞サイズの定向進化

津留三良

大阪大学大学院 情報科学研究科

座長：高木善弘(海洋研究開発機構)

15:24 305-08

寒冷地のサイレージより単離した*Lactobacillus hokkaidonensis*のPacBioシーケンスによるゲノム解析

○谷沢靖洋^{1,2}、遠野雅徳³、神沼英里²、中村保一²、有田正規²

¹)東大院・新領域、²)伝研・生命情報、³)農研機構・畜草研

15:36 3O5-09(2P-14) **陸域から採取されたシアノバクテリア*Leptolyngbya* sp. NIES-2104の遺伝的特徴**

○志村遥平¹、広瀬侑²、三澤直美²、長名保範³、加藤浩⁴、山口晴代¹、河地正伸¹
¹国環研、²豊橋技科大、³琉球大、⁴三重大

15:48 3O5-10 **南極の湖沼生物圏における遺伝子の水平伝播ワールド**

○馬場知哉¹、阿部貴志²、豊田敦³、中井亮佑³、長沼毅⁴、藤山秋佐夫^{3,5}、伊村智⁶、
神田啓史⁶、本山秀明⁶、仁木宏典³
¹新領域融合セ、²新潟大院、³遺伝研、⁴広島大院、⁵情報研、⁶極地研

●ポスター討論

13:10~13:55

2P偶数番号

ポスター発表 及び 企業展示会 プログラム

ポスター掲載期間

1P 3月6日(金) 12:30~7日(土) 11:45

2P 3月7日(土) 11:55~8日(日) 13:55

ポスター討論時間

1P奇数番号 3月6日(金) 17:25~18:10

1P偶数番号 3月7日(土) 11:00~11:45

2P奇数番号 3月7日(土) 18:05~18:50

2P偶数番号 3月8日(日) 13:10~13:55

ポスター(1P)

ポスター掲示期間

3月6日(金) 12:30~7日(土) 11:45

討論時間

奇数番号:3月6日(金) 17:25~18:10

偶数番号:3月7日(土) 11:00~11:45

《ゲノム情報の活用、ゲノム育種》

- 1P-01 **IS3 family挿入配列ISBlo11を用いたビフィズス菌のトランスポゾン変異導入系の確立**
○阪中幹祥、横田篤、吹谷智
北大院農・応生科
- 1P-02 **油脂生産性緑藻*Pseudococcomyxa* sp. KJ株における形質転換と導入遺伝子発現系の開発**
○阿部淳¹、井出曜子¹、高木さつき¹、今村壮輔²、原山重明³
¹中央大・研究開発機構、²東工大・資源研、³中央大・理工生命
- 1P-03(1O1-03) **ゲノム編集技術を用いた*Pseudococcomyxa ellipsoidea* Obi株のデンブン合成遺伝子のノックアウトとノックアウト株の特徴付け**
○高橋啓太¹、吉満勇也²、福原いずみ¹、原山重明¹
¹中央大・理工生命、²(株)デンソー基礎研
- 1P-04 **酢酸菌*Komagataeibacter medellinensis* NBRC 3288株のセルロース非生産株から生産株への復帰機構の解明**
○松谷峰之介¹、伊藤光平¹、東慶直²、荻野英賢³、白井睦訓³、薬師寿治¹、松下一信¹
¹山口大・農・生物機能、²近畿大・生物理工、³山口大医・ゲノム
- 1P-05(1St1-01) **アラレマイシン生産菌の2つのALA合成酵素ホモログの機能解析**
○森ひかる、岩井伯隆、和地正明
東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生物プロセス専攻
- 1P-06(1St1-02) **放線菌*Actinoplanes missouriensis*の孢子嚢の開裂に必要な遺伝子のRNA-Seqによる探索**
○安田理沙、毛利佳弘、手塚武揚、大西康夫
東大院・農生科・応生工
- 1P-07 **日本で分離されたヨーネ菌の全ゲノムリシークエンスによる解析法の検討**
○西森敬、國保健浩、永田礼子、川治聡子、森康行
農研機構・動物衛生研究所

《合成生物学》

- 1P-08(1St1-03) **合成生物学の申し子“シアノバチルス”の転写装置起動の試み**
○細村匡太郎¹、渡辺智¹、兼崎友²、板谷光奏³、吉川博文¹
¹東京農大・応生科・バイオ、²東京農大・NGRC、³慶応大・先端生命研
- 1P-09(1O1-05) **リボソーム改変による大腸菌の高温適応進化**
○佃美雪^{1,2}、宮崎健太郎^{1,2}
¹東大院、新領域、メディカルゲノム、²産総研、生物プロセス

1P-10(1St1-04) 合成生物学の展開に向けた光応答性大腸菌の創成

○岡駿佑、堀槇佑子、杉江よしみ、大塚北斗、饗場浩文
名古屋大院・創薬・分子微生物

《その他》

1P-11 Heterogeneity of Gene Expression and Growth at the Single-Cell Level

○Mikihiro Hashimoto¹、Reiko Okura¹、Sayo Akiyoshi¹、Yuichi Wakamoto²

¹)Department of Basic Science, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo, 3-8-1, Komaba, Meguro-Ku, Tokyo, JAPAN, 153-8902

²)Center for Complex Systems Biology, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo, 3-8-1, Komaba, Meguro-Ku, Tokyo, JAPAN, 153-8902

1P-12 大腸菌の染色体広域欠失変異を用いた生育に重要な遺伝子群の解析

○萩原進、加藤潤一
首都大院・理工・生命

1P-13(1St1-05) ミヤコグサ根粒菌用分子遺伝学ツール・セットの開発

○大澤美芙、窪田和奈、新庄莉奈、佐伯和彦
奈良女子大・院人間文化・生物科学

1P-14 日本の高山環境における根粒菌の宿主特異性

○瀬尾直登、高梨功次郎、矢崎一史
京都大・生存圏研究所

1P-15 トランスポゾン挿入により得られたアブラナ科植物黒腐病菌ATCC33913株の病原性変異株の解析

○藁科昌倫¹、安西弘行²、古谷綾子²
¹)茨城大学大学院農学研究科、²)茨城大学遺伝子実験施設

1P-16 *Pseudoxanthomonas mexicana*WO24 のオリゴペプチド分解システムの解析とゲノム解析

○鈴木義之、儀武菜美子、志田洋介、福田雅夫、小笠原涉
長岡技科大・生物

1P-17(1O1-06) 紅色光合成細菌*Rhodovulum sulfidophilum* DSM1374株およびDSM2351株のゲノム配列解析とその比較

○長尾信義¹、広瀬侑¹、梅影創¹、菊池洋^{1,2}
¹)豊橋技大・工、²)早大・TWINS

1P-18(1St1-07) 枯草菌ferredoxin-NADP+酸化還元酵素とferredoxin間の電子伝達反応の速度論解析に基づく反応機構

○瀬尾悌介¹、櫻井英博²、Pierre Sétif³、櫻井武¹
¹)金沢大・理工・物質化学、²)神奈川大・光合成水素生産研、³)CEA, iBiTecS, France

1P-19 枯草菌 *Bacillus subtilis* のコドン認識能の解析

○坂田恵理¹、高地司²、安藤昭一²、相馬亜希子²
¹)千葉大・園芸学部、²)千葉大・大学院園芸学研究科

1P-20 カルチャーコレクション間の同一由来菌株のゲノムの比較

○桜井健太、下平潤、三浦隆匡、細山哲、黄地祥子、荒木光孝、土金恵子、沼田充、野口正宏、橋本麻衣子、平方里美、山副敦司、藤田信之
NITE・NBRC

- 1P-21 細菌性髄膜炎疑い患者由来の髄液における微生物遺伝子検出手法の検討**
 ○佐々木裕子、久保田真由美、柴山恵吾
 感染研、細菌二
- 1P-22 (1St1-06) フェノミクスによる遺伝子機能の決定**
 ○ Turner Peter¹、小川博¹、Bochner Barry²
¹)株式会社セントラル科学貿易 東京、²)Biolog Inc、USA
- 1P-23 (1St1-08) アラレマイシンのマラリア原虫*Plasmodium falciparum*由来PBGSに対する阻害活性の評価**
 ○矢野寛明、松尾智彰、奥純平、中山恭介、岩井伯隆、和地正明
 東工大院・生命理工・生物プロセス

《バイオインフォマティクス》

- 1P-24 (1St1-09) 真核生物反復配列データベースRepbase**
 ○小島健司^{1,2}、Weidong Bao¹、Jerzy Jurka¹
¹)Genetic Information Research Institute、²)東大院・新領域
- 1P-25 (1St1-10) 複数プラットフォームのデータを用いた*de novo* ハイブリッドアセンブリに関する検討**
 ○斎藤賢治、宮本真理
 株式会社キアゲン・アプライドアドバンストゲノミクス
- 1P-26 次世代シーケンサー由来のリード処理ツール: ShortReadManager**
 ○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
- 1P-27 Gef-seqに対応したマッピングプログラムおよびGUIの開発**
 松本秀太、○中村建介
 前橋工科大学・生命情報学科
- 1P-28 (1St1-11) Genome Refine: 自動ゲノムアノテーション統合環境を提供するウェブサービス**
 ○藤澤貴智¹、森宙史²、岡本忍³、山本泰智³、片山俊明³、川島秀一³、谷澤靖洋¹、神沼英里¹、大山彰⁴、菅原秀明¹、内山郁夫⁵、黒川顕²、中村保一¹
¹)遺伝研・生命情報研究センター、²)東工大・生命理工、³)DBCLS、⁴)インシリコバイオロジー株式会社、⁵)基生研・理論生物学領域
- 1P-29 リード方向を考慮した新規indel検出方法**
 ○上坂一馬⁴、河野央³、寺内一姫³、藤田祐一¹、井原邦夫⁴、小俣達男⁴
¹)名古屋大、大学院生命農学研究科、²)名古屋大学、遺伝子実験施設、³)立命館大学、生命科学部、⁴)JST-CREST
- 1P-30 (1St1-15) 新機能を搭載した生理・代謝機能評価システム MAPLE 2.0.0.**
 ○荒井渉¹、谷口丈晃²、五斗進³、高見英人¹
¹)海洋機構・資源、²)三菱総研・人間、³)京大・化研
- 1P-31 培養培地オントロジー-GMOの開発**
 ○川島秀一、岡本忍
 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター
- 1P-32 細菌群集構造可視化ツール「VITCOMIC2」**
 森宙史¹、○丸山貴之¹、矢野雅大¹、山田拓司¹、黒川顕^{1,2}
¹)東工大・生命理工・生命情報、²)東工大・地球生命研究所

- 1P-33 **微生物統合データベースの超高度化推進のための微生物の生息環境オントロジーと解析アプリケーションの開発**
 ○鈴木真也¹、山本希¹、森宙史¹、黒川顕^{1,2}
¹東工大・生命理工・生命情報、²東工大・地球生命研究所
- 1P-34 **GPUを用いたメタゲノム解析のための大規模配列相同性検索ツールCLASTの開発**
 ○矢野雅大¹、森宙史¹、秋山泰²、山田拓司¹、黒川顕^{1,3}
¹東工大・生命理工・生命情報、²東工大・計算工学、³東工大・地球生命研究所
- 1P-35 **自動クラスタ抽出法のメタゲノム配列解析への応用**
 ○石田恭平、阿部貴志
 新潟大学大学院自然科学研究科
- 1P-36 (1St1-14) **メタゲノム解析における歯垢試料の影響の評価指標について**
 ○篠崎夏子^{1,2}、山岸潤也³、佐藤行人²、長崎正朗²、坪井明人²、山下理宇²
¹東北大学医学系研究科、²東北大学 ToMMo、³北大人獣共センター
- 1P-37 **バイオフィーム形成能プロファイリングを目的としたコロニーの高效率呈色定量解析技術の開発**
 ○眞喜志一、森浩禎
 奈良先端大・バイオサイエンス
- 1P-38 (1St1-12) **全ゲノム配列情報を用いた近縁菌株の迅速高精度系統解析手法の開発:病原菌感染経路推測への応用**
 ○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
- 1P-39 **大規模ゲノム解析のための自己圧縮BLSOMの開発**
 ○菊地亮仁¹、金谷重彦²、池村淑道³、阿部貴志¹
¹新潟大院・自然科学、²奈良先端大、³長浜バイオ大
- 1P-40 **極限環境適応における微生物ゲノムの進化過程の解明**
 ○吉田朋央¹、池村淑道²、阿部貴志¹
¹新潟大院・自然科学、²長浜バイオ大
- 1P-41 **An RNA-Guided Platform for the Genetic interaction Analysis involving essential genes in E. coli K-12**
 ○Xi Yang、Katsushi Yokoyama、Hirotsada Mori
 奈良先端大・バイオサイエンス
- 1P-42 **相対エントロピーによる水平伝播候補領域検出法の開発**
 ○船山俊介¹、中尾亮²、杉本千尋²、阿部貴志¹
¹新潟大院・自然科学、²北大・人獣
- 1P-43 (1O2-03) **バクテリア16S rRNA遺伝子の進化**
 ○佐藤允治^{1,2}、宮崎健太郎^{1,2}
¹東大院・新領域、²産総研・生物プロセス
- 1P-44 (1O2-04) **Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes (細菌ゲノム上の相同組換えのホット領域を効率的に推定する新規手法の開発)**
 ○Koji Yahara^{1,2*}、Xavier Didelot³、M. Azim Ansari⁴、Samuel K. Sheppard²、Daniel Falush⁵
¹Univ. Tokyo、²Swansea Univ.、³Imperial College London.、⁴Univ. Oxford、⁵Max Planck Institute、*Kurume Univ.

- 1P-45 **2ndFind: a Web-Based Support Tool to Find Secondary Metabolite Biosynthetic Gene Cluster**
○石川淳、星野泰隆
国立感染研・真菌部
- 1P-46 (1O2-02) **異種交配株ラガービール酵母と近縁種のゲノム比較解析**
○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サントリーグローバルイノベーションセンター
- 1P-47 (1St1-13) **深海酵母*Cryptococcus liquefaciens* strain N6のゲノム再構築とRNA-Seqによる銅耐性の解析**
○森本博也、筒井康博、岩崎博史、伊藤武彦
東工大院・生命理工
- 1P-48 **次世代シーケンサーを用いたヘリコバクターピロリ菌癌性蛋白CagAに特徴的な変異の検出**
○岩本彰¹、棚橋俊仁^{1,2}、岡田理菜¹、小川浩史¹、張菁芸¹、吉田優¹、東健¹
¹神戸大学大学院医学研究科内科学講座消化器内科学分野、²神戸薬科大学医療薬学研究室

《遺伝子の発現制御》

- 1P-49 **O157:H7 Sakai株に存在するnon-coding RNA #29の解析**
○満仲翔一¹、須藤直樹¹、相馬亜希子²、伊豫田淳³、大島拓⁴、戸邊亨⁵、関根靖彦¹
¹立教大・理・生命理学、²千葉大・園芸、³国立感染症研究所・細菌第一部、⁴奈良先端大・情報科学、⁵大阪大院・医
- 1P-50 (1St1-25) **病原性大腸菌O157株特異的non-coding RNA Esr41の*in vitro*解析**
○森恭平¹、組田恵里¹、須藤直樹²、伊豫田淳³、関根靖彦²、安藤昭一¹、相馬亜希子¹
¹千葉大・園芸、²立教大・理、³感染症研・細菌第一部
- 1P-51 **大腸菌の増殖停止・再開とRNA-seq解析**
○牧泰史¹、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
- 1P-52 (1St1-24) **比較ゲノムによる細胞内共生細菌における転写エラーを利用した遺伝子発現制御システムの検証**
○金城幸宏^{1,3}、徳田岳²、本郷裕一^{1,3}、大熊盛也³
¹東京工業大学 大学院生命理工学研究科、²琉球大学 熱帯生物圏研究センター、³理化学研究所バイオリソースセンター 微生物材料開発室
- 1P-53 (1St1-16) **枯草菌αオペロンの構造と発現の解析**
○白川文教、池田宗太郎、朝井計
埼玉大・理工学研究科
- 1P-54 (2O3-05) **枯草菌SigIの制御における糖脂質の役割**
○松岡聡¹、野辺加織²、松本幸次¹、原弘志¹
¹埼玉大院・理工研、²埼玉大・理・分子生物
- 1P-55 **Post-transcriptional regulation of SinI/SinR/SirR by *degU* in *Bacillus subtilis***
Abe K¹、Sato T^{1,2}、Ogura M³
¹Res. Center for Micronano Tech., Hosei Univ.、²Frontier Biosci., Hosei Univ.、³Inst. of Oceanic Res. and Development., Tokai Univ.

- 1P-56(1St1-23) **ウェルシュ菌バイオフィルムマトリクスオペロンの同定**
○尾花望、中村幸治、野村暢彦
筑波大学生命環境系
- 1P-57(2O3-07) **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、橋本昌征、古屋伸久、加藤潤一
首都大院・理工・生命
- 1P-58(1St1-22) **大腸菌CsrシステムにおけるCsrB RNAの分解過程の解析**
○阿部葉月¹、天木拓海²、伊藤学¹、杉本華幸^{1,2}、渡邊剛志^{1,2}、鈴木一史^{1,2}
¹新潟大院・自然科学、²新潟大・農・応生化
- 1P-59 **緑色硫黄細菌におけるシアノバクテリア時計遺伝子の異種発現**
○横井川侑大、浅井智広、寺内一姫
立命館大・生命科学
- 1P-60(1St1-21) **大腸菌におけるシアノバクテリア時計遺伝子の発現とその制御解析**
○水谷直哉、松田宏矢、安部さゆり、浅井智広、寺内一姫
立命館大・生命科学
- 1P-61 **ラン藻*Anabaenasp.* PCC7120における遺伝子発現制御系の開発**
○肥後明佳^{1,2}、井須敦子^{1,2}、深谷佑紀^{1,2}、久堀徹^{1,2}
¹東工大・資源研、²JST・CREST
- 1P-62 **シアノバクテリア*Anabaena sp.* PCC 7120のヘテロシスト分化における転写制御因子DevHの機能解析**
○栗尾洋平、得平茂樹
首都大院・理工・生命
- 1P-63(1St1-20) **シアノバクテリア*Synechocystis sp.* PCC6803の脂質輸送に関与する遺伝子の環境ストレス条件下における転写解析**
○田原寛子¹、松橋歩¹、内山純爾²、小川覚³、太田尚孝^{1,2}
¹東理大・理、²東理大・総研・RNA、³三重大・医・電顕室
- 1P-64 **酸性ストレス条件下におけるシアノバクテリア*Synechocystis sp.* PCC 6803のフィコビリソーム形成に関与する遺伝子の転写解析**
○内山純爾¹、船水健斗²、兼崎友³、吉川博文⁴、太田尚孝^{1,2}
¹東理大・総研・RNA、²東理大・理、³東農大・NGRC、⁴東京農大・応生化・バイオ
- 1P-65(1St1-19) ***Synechocystis sp.* PCC6803のLipid Aトランスポーターホモログは酸性ストレス耐性に関与する**
○松橋歩¹、田原寛子¹、伊藤雄太郎²、内山純爾³、小川覚⁴、太田尚孝^{1,3}
¹東理大・理、²東理大・基礎工、³東理大・総研・RNA、⁴三重大・医・電顕室
- 1P-66(1St1-18) **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、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
- 1P-67(1St1-17) **異なる環境シグナルを認識するふたつの二成分制御系YedV/W, CusS/Rによる標的遺伝子発現の協調制御**
○浦野浩行¹、石浜明²、小笠原寛¹
¹信州大・ヒト環境研究セ、²法政大・マイクロ・ナノテク研究セ

- 1P-68(203-03) **BldDは希少放線菌*Actinoplanes missouriensis*の胞子嚢形成を制御する**
 ○毛利佳弘、小西健司、手塚武揚、大西康夫
 東大院・農生科・応生工
- 1P-69 ***Rhodococcus*属細菌におけるトレハロース脂質生産制御機構の解析**
 ○稲葉知大¹、菊子拓真¹、中島敏明²、内山裕夫²、野村暢彦²
¹筑波大学大学院生命環境科学研究科、²筑波大学生命環境系
- 1P-70 **比較ゲノム解析を用いた*Trichoderma reesei*におけるpH依存的セルラーゼ生産機構の解析**
 ○平沢大樹、塩屋幸樹、志田洋介、小笠原渉
 長岡技術科学大学・生物

《その他》

- 1P-71 **ジャガイモ病原性*Pseudomonas* sp. StFLB209株のquorum sensing関連遺伝子の特定および機能解析**
 ○加藤太郎¹、諸星知広¹、染谷信孝²、池田幸¹
¹宇都宮大・工、²農研機構

ポスター(2P)

ポスター掲示期間

3月7日(土) 11:55~8日(日) 13:55

討論時間

奇数番号:3月7日(土) 18:05~18:50

偶数番号:3月8日(日) 13:10~13:55

《ゲノムの構造と進化》

- 2P-01 **O121, O145, O165 EHECのゲノム解析および同一血清型内における菌株間比較ゲノム解析**
 ○村瀬一典¹、小椋義俊^{1,2}、大岡唯祐²、後藤恭宏²、桂啓介¹、林哲也^{1,2}
¹宮崎大・フロンティア、²宮崎大・医・微生物
- 2P-02 **大腸菌の染色体大規模欠失株を用いた合成致死遺伝子群の解析から同定されたDNA修復に関与する新規機能未知遺伝子の解析**
 ○渡邊圭佑、富永賢人、北村麻衣子、加藤潤一
 首都大院・理工・生命
- 2P-03(3O5-07) **大腸菌の細胞サイズの定向進化**
 津留三良
 大阪大学大学院 情報科学研究科
- 2P-04(2St2-24) **海洋性細菌 *Vibrio alginolyticus* VIO5株のゲノム構造解析**
 ○稲葉啓太¹、上坂一馬²、西岡典子³、本間道夫³、井原邦夫¹
¹名古屋大学・遺伝子実験施設、²名古屋大学大学院・生命農学研究科、³名古屋大学大学院・理学研究科
- 2P-05(2St2-23) **枯草菌168株における納豆菌挿入配列IS256Bsu1の挙動解析**
 ○原田翔太¹、明石基洋¹、志波優²、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-06(2St2-22) **枯草菌における3'→5' エキソヌクレアーゼドメインを持つ新規遺伝子の変異解析**
 ○明石基洋、吉川博文
 東京農大・応生科・バイオ
- 2P-07 **Genome Footprinting (GeF-seq) revealed distinct binding specificities of lhfA and lhfB homomer and heteromer *in vivo***
 ○Onuma Chumsakul¹、Kensuke Nakamura²、Naotake Ogasawara¹、Shu Ishikawa¹、Taku Oshima¹、
¹Nara Institute of Science & Technology、² Maebashi Institute of Technology
- 2P-08 **放線菌接合伝達性線状プラスミドSAP1の解析**
 ○遠藤翔太¹、池田治生²、片岡正和¹
¹信州大院・理工・環境機能工、²北里大・北里生命研
- 2P-09 **タンパク高生産放線菌のゲノム変異解析**
 ○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-10** **Aminobacter属に属するミヤコグサ根粒菌のゲノム解析**
 ○眞板寛子¹、王明卓¹、窪田和奈²、平川英樹^{1,3}、佐伯和彦²、佐藤修正¹
¹東北大学大学院・生命科学研究科、²奈良女子大学・理学部、³かずさDNA研究所・ゲノム情報解析グループ
- 2P-11 (2St2-25)** **マメ科野生集団の分散に伴う根粒菌共生アイランドの水平伝播**
 ○高梨功次郎¹、池田啓²、瀬尾直登¹、佐藤修正³、矢崎一史¹
¹京都大・生存研、²岡山大・植物研、³東北大・院生命科学
- 2P-12 (3O5-06)** **rRNA遺伝子オペロンが9-10 kbレプリコンのみに存在するゲノム構造をもつ細菌の系統分布**
 ○按田瑞恵、大坪嘉行、三井久幸、大久保卓、菅原雅之、永田裕二、津田雅孝、南澤究
 東北大院・生命科学
- 2P-13** **クラスター化した代謝酵素遺伝子群の導入による有機塩素系殺虫剤gamma-HCH分解細菌の分子育種**
 ○荷川取佑記、宮崎亮、古屋佑磨、大畑智史、大坪嘉行、永田裕二、津田雅孝
 東北大院・生命
- 2P-14 (3O5-09)** **陸域から採取されたシアノバクテリアLeptolyngbya sp. NIES-2104の遺伝的特徴**
 ○志村遥平¹、広瀬侑²、三澤直美²、長名保範³、加藤浩⁴、山口晴代¹、河地正伸¹
¹国環研、²豊橋技科大、³琉球大、⁴三重大
- 2P-15 (2St2-26)** **Geminocystis属シアノバクテリアに見られる補色応答能の違い**
 ○広瀬侑^{1,4}、片山光徳²、大坪嘉行³、三澤直美⁴、飯岡恵里香⁵、須田互⁵、大島健志朗⁵、華岡光正⁶、田中寛⁷、浴俊彦¹、池内昌彦⁸、服部正平⁵
¹豊橋技科大・環境生命工学、²日本大・生産工学、³東北大・院・生命科学、⁴豊橋技科大・EIRIS、⁵東京大・院・新領域、⁶千葉大・院・園芸、⁷東工大・資源研、⁸東京大・院・総合文化

《細胞増殖と分化の分子機構》

- 2P-16 (2St2-04)** **枯草菌染色体上に存在するSPβプロファージのsecondary attB siteの解析**
 ○高松拓夫¹、河野裕太¹、安部公博²、佐藤勉^{1,2}
¹法政大院 理工、²法政大 マイクロ・ナノテク
- 2P-17 (2St2-03)** **枯草菌NonAによるファージ不稔感染に関する遺伝子の探索と解析**
 ○山本達也¹、尾花望¹、兼崎友²、大竹留未²、吉川博文^{2,3}、野村暢彦¹、中村幸治¹
¹筑波大・生命環境系、²東京農大・ゲノム解析セ、³東京農大・応生科・バイオ
- 2P-18 (2St2-05)** **SMC蛋白質複合体の変異体解析**
 ○鎌田勝彦¹、宮田真人²、平野達也¹
¹理研、²大阪市大・理
- 2P-19** **SepFはZリングを細胞膜に結合させる**
 ○石川周¹、Ramona Duman²、Ilkay Celik³、Henrik Strahl³、Naotake Ogasawara¹、Paulina Troc²、Jan Löwea²、Leendert W. Hamoen³
¹奈良先端大・バイオ、² MRC分子生物学研究所、³ Newcastle大
- 2P-20** **根粒菌の鉄・硫黄タンパク質生合成因子が植物共生に果たす役割**
 三井久幸
 東北大・院生命科

- 2P-21 (2St2-06) シアノバクテリアにおける増殖相に依存したゲノムコピー数制御機構**
 ○渡辺智¹、大林龍胆¹、兼崎友²、齋藤菜摘³、千葉櫻拓¹、曾我朋義³、吉川博文¹
¹⁾東京農大・応生科・バイオ、²⁾東京農大・NGRC、³⁾慶応大・先端生命研
- 2P-22 (3O4-02) シアノバクテリアにおけるDnaAによる明暗周期でのDNA複製制御**
 ○大林龍胆^{1,2}、中町愛¹、渡辺智¹、吉川博文^{1,2}
¹⁾東京農大・応生科・バイオ、²⁾CREST
- 2P-23 Identification of APC/CCdc20-regulated proteins at the metaphase-anaphase transition**
 ○P. C. Tsai¹、K.Y. Chien²、S.C. Schuyler¹
¹⁾ Dept. of Biomedical Sciences, Chang Gung Uni., Taiwan、²⁾ Molecular Medicine Research Center, Dept. of Biochemistry and Molecular Biology, Chang Gung Uni., Taiwan

《メタゲノム、環境微生物》

- 2P-24 (2St2-08) 唾液の概日周期とその安定性**
 ○高安伶奈¹、須田互¹、小鳥遊景泰¹、飯岡恵里香¹、木内美沙¹、黒川李奈¹、進藤智絵¹、服部恭江¹、山下直子¹、金相完¹、大島健志朗¹、西嶋傑¹、高安美佐子²、高安秀樹³、服部正平¹
¹⁾東大・新領域・情報生命、²⁾東工大・総理工・知シス、³⁾ SONY CSL
- 2P-25 唾液細菌叢のサーカディアンリズム**
 ○須田互^{1,2}、高安伶奈¹、小鳥遊景泰¹、飯岡恵里香¹、木内美沙¹、黒川李奈¹、小宮恵子¹、進藤智絵¹、服部恭江¹、山下直子¹、西嶋傑¹、金相完¹、大島健志朗¹、服部正平¹
¹⁾東京大学大学院・新領域創成科学研究科、²⁾慶応義塾大学・医学部
- 2P-26 ヒト口腔細菌叢の日内変動性**
 ○佐藤行人¹、山岸潤也²、山下理宇¹、篠崎夏子¹、長崎正朗¹、坪井明人¹
¹⁾東北大学 東北メディカル・メガバンク機構、²⁾北海道大学 人獣共通感染症リサーチセンター
- 2P-27 (3O4-10) 歯垢と舌苔が唾液の細菌構成に与える影響**
 ○影山伸哉、竹下徹、柴田幸江、山下喜久
 九大・院歯・口腔予防医学
- 2P-28 (2St2-07) 口腔細菌叢メタゲノム解析におけるDNA抽出方法の検討**
 ○山岸潤也¹、佐藤行人²、山下理宇²、篠崎夏子²、長崎正朗²、坪井明人²
¹⁾北海道大学 人獣共通感染症リサーチセンター、²⁾東北大学 東北メディカル・メガバンク機構
- 2P-29 (3O4-09) ヒト腸内細菌叢の国特異的構造の発見とその形成要因の解明**
 ○西嶋傑¹、大島健志朗¹、金錫元²、須田互¹、飯岡恵里香¹、木内美沙¹、進藤智絵¹、山下直子¹、小宮恵子¹、森田英利³、服部正平¹
¹⁾東大院・新領域、²⁾RIKEN・IMS、³⁾麻布大・獣医
- 2P-30 炎症性腸疾患における炎症制御細菌の探索**
 ○飯田宗穂、金子周一
 金沢大・革新
- 2P-31 高速シーケンサーを活用した土壌微生物解析システム**
 ○江上香理、佐藤幸、山田浩一郎、張捷、飯田一雄、山田智之
 Genomedia株式会社
- 2P-32 移植された土壌微生物の定着過程と、その安定性について**
 ○加藤広海¹、森宙史²、丸山史人³、永山浩史¹、大坪嘉行¹、永田裕二¹、黒川顕²、津田雅孝¹
¹⁾東北大院生命、²⁾東工大生命理工、³⁾京大院医

- 2P-33 (2St2-11) サンゴにおける共生細菌叢の形成・維持機構の推定**
 ○丸山徹^{1,2}、伊藤通浩^{2,3}、大久保悠介¹、竹山春子^{1,2,3}
¹早大・生命医科、²JST-CREST、³早大・ナノ理工
- 2P-34 富山湾底泥中の細胞外プラスミドの分離**
 ○中野椋太^{1*}、○宮西謙弥^{1*}、山内健太¹、高橋裕里香¹、畠俊郎²、
 西田洋巳¹ (*equal contribution)
¹富山県立大学・生物工学科、²富山県立大学・環境工学科
- 2P-35 八郎湖における微生物群集構造の周年解析**
 ○浅野亮樹、岡野邦宏、小林弥生、志村洋一郎、福島淳
 秋田県大・生資
- 2P-36 (2St2-13) 地下水中の微生物群集に対する地下温度変化の影響**
 ○大久保智司^{1,2}、斎藤健志^{1,2}、江上亮太³、林大和³、柳沼孟³、小松登志子^{1,2}、大西純一^{1,2}
¹埼玉大院・理工、²JST・CREST、³埼玉大・理
- 2P-37 (2St2-16) サンゴ共生細菌群の遺伝的特性**
 ○伊藤通浩^{1,2}、大久保悠介^{2,3}、丸山徹^{2,3}、新里宙也^{2,4}、五斗進^{2,5}、藤淵航^{2,6}、竹山春子^{1,2,3}
¹早大・ナノ理工、²JST-CREST、³早大・生命医科、⁴OIST・マリンゲノミクス、⁵京大・化研、⁶京大・CiRA
- 2P-38 (2St2-14) 汽水湖に生息する孔径0.22 μmフィルターを通過可能な細菌の解析**
 ○福田光平¹、沼田充²、三浦隆匡²、久志本晃弥³、山副敦司²、藤田信之²、金原和秀^{1,3}、
 新谷政己^{1,3}
¹静大・創造科技院、²NITE、³静大・工
- 2P-39 (2St2-15) Single-cell analytical approaches to define producers of natural compounds form marine sponges**
 ○Tetsushi Mori¹、Micheal C. Wilson²、Rimi Miyaoka¹、Masahiro Ando¹、
 Hiro-o Hamaguchi¹、Shigeki Matsunaga³、Joern Piel²、Haruko Takeyama¹
¹Waseda Univ.、²ETH Zurich、³Tokyo Univ.
- 2P-40 (2St2-12) オートログ分類表を利用した海底下メタゲノムでの芽胞形成ゲノム頻度の推定**
 ○河合幹彦¹、内山郁夫²、高見英人³、稲垣史生¹
¹海洋機構・高知コア研、²基生研、³海洋機構・海洋・極限環境生物
- 2P-41 (2St2-10) 植物マイクロビオームメタゲノム配列のマッピングによるMethylobacterium属細菌集団の植物種依存性の解析**
 ○南智之、按田瑞恵、大久保卓、三井久幸、大坪嘉行、永田裕二、金子貴一、田畑哲之、津田雅孝、
 南澤究
 東北大院生命
- 2P-42 (2St2-09) 水素生成型一酸化炭素資化性好熱細菌Calderihabitans maritimus KKC1のゲノム解析**
 ○大前公保¹、米田恭子²、福山宥斗¹、吉田天士¹、左子芳彦¹
¹京大院・農、²産総研・生物プロセス
- 2P-43 (2St2-18) 芳香族化合物分解コンソーシアムに存在する分解菌と非分解菌の関係**
 ○小川なつみ、加藤広海、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科
- 2P-44 (2St2-17) ベンゾトリフルオリドを新規フッ素化合物へと変換する微生物の解析**
 ○矢野憲一、岩井伯隆、和地正明
 東工大院・生命理工・生物プロセス

- 2P-45 未培養好熱性アーキア *Caldiarchaenum* 群集におけるrRNA遺伝子及びその周辺領域の多様性**
 ○高木善弘¹、首藤彩²、布浦拓郎²、高井研¹
¹海洋研究開発機構・深海地殻内、²海洋研究開発機構・生命理工
- 2P-46 アンプリコンの準備方法が複合微生物群の菌叢評価に与える影響**
 ○三浦隆匡¹、沼田充¹、Punnanee Sumpavapol²、山副敦司¹、藤田信之¹
¹NITE・NBRC、² Prince of Songkla Univ.
- 2P-47 (2St2-19) ウイルス核酸種 4 種の同時分画及びdsRNAメタゲノム手法の確立**
 ○浦山俊一¹、吉田 (高島) ゆかり²、吉田光宏²、高木善弘^{1,2}、高井研²、布浦拓郎¹
¹JAMSTEC 海洋生命理工学研究開発センター、²JAMSTEC 深海・地殻内生物圏研究分野
- 2P-48 (2St2-20) ドロップレットを利用した微生物培養を経ない酵素探索法の開発**
 ○中村和貴¹、飯塚怜¹、吉田尊雄²、秦田勇二²、高木善弘²、西貞郎²、井口彩香³、尹棟鉉³、関口哲志³、庄子習一³、船津高志¹
¹東大・院薬、²海洋研究開発機構、³早大・理工
- 2P-49 BLSOMによるメタゲノム配列群集からのウイルスゲノム検出法の開発**
 ○佐藤研朗¹、池村淑道²、阿部貴志¹
¹新潟大・工、²長浜バイオ大
- 2P-50 (2St2-21) メタゲノム用 *de novo* アセンブリ・クラスタリングツール MetaPlatanus の開発**
 ○梶谷嶺¹、野口英樹²、桑原知己³、小椋義俊⁴、林哲也⁴、伊藤武彦¹
¹東工大院・生命理工、²遺伝研、³香川大・医学部、⁴宮崎大・フロンティア
- 2P-51 GRD: Curated Genomic-based 16S Ribosomal RNA Gene Database**
 ○Seok-Won Kim^{1,2}、Kenshiro Oshima²、Wataru Suda²、Suguru Nishijima²、Todd D. Taylor¹、Masahira Hattori²
¹ Laboratory for Integrated Bioinformatics, RIKEN Center for Integrative Medical Sciences, 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan、² Center for Omics and Bioinformatics, The Department of Computational Biology, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, Kashiwanoha 5-1-5, Kashiwa, Chiba, 277-8561, Japan
- 2P-52 DNA抽出条件が新型シーケンサーを用いた微生物叢解析結果に及ぼす影響**
 沼田充¹、三浦隆匡¹、Punnanee Sumpavapo^{1,2}、山副敦司¹、藤田信之¹
¹NITE・NBRC、²Prince of Songkla University
- 《真核微生物》**
- 2P-53 油脂生産性緑藻 *Pseudococcomyxa* sp. KJ におけるデンブロン合成阻害変異による油脂蓄積量増加**
 ○早川准平、井出曜子、佐藤絵衣子、原山重明
 中央大・理工・生命
- 2P-54 (2St2-02) 油脂酵母 *Rhodospiridium toruloides* の油脂生産機構の解析**
 ○志田洋介¹、宮田淳史¹、通野和人¹、山崎晴丈²、正木和夫³、森一樹⁴、久原哲⁴、高久洋暁²、小笠原渉¹
¹長岡技科大・生物、²新潟薬大・応生科、³酒類総研、⁴九大院農・生資源
- 2P-55 真菌類ゲノムに保存される光応答因子の系統樹分析とジャポニカス分裂酵母を用いた機能解析**
 ○岡本尚¹、古谷寛治²、野崎晋五¹、青木敬太^{1,3}、仁木宏典^{1,3}
¹遺伝研 系統生物、²京都大 放生研、³総研大 遺伝学専攻

- 2P-56(3O4-05) **実バイオマスからエタノール発酵するための酵母株の探索**
 ○Prihardi Kahar、李載ミン、松本華、大塚裕美、荻野千秋、近藤昭彦
 神大院・工学
- 2P-57 **MALDI-TOF/MSを用いた発現タンパク質プロファイル測定方法の開発**
 ○原清敬¹、望月正雄¹、蓮沼誠久¹、中津井雅彦¹、荒木通啓¹、近藤昭彦²
¹神戸大・自然科学、²神戸大院・工
- 2P-58(2St2-01) **寄生性原虫トリパノソーマの進化的起源
 —多様な原核生物からの水平伝播遺伝子の探索—**
 ○福澤玲奈^{1,2}、松井求³、富田勝^{1,2}、板谷光泰^{1,2}
¹慶大・先端生命研、²慶大・政策・メディア・先端生命、³東大・理学系研究科