

ショートトーク プレゼンテーション

※イタリック・上付文字・下付文字等は反映されておられません。

1St : 3月4日 13:25-14:35 (2分/演題)

1St-01 (1P-01)

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

1St-02 (1P-06)

シロアリ腸内原生生物細胞内共生 *Endomicrobium* 属細菌比較ゲノム解析

○伊澤 和輝*1 桑原 宏和*1 木原 久美子*1 Nathan Lo*2 雪 真弘*3 大熊 盛也*3*4

本郷 裕一*1*4

*1 東京工業大学 大学院生命理工学研究科 *2 The University of Sydney School of Biological Science *3 理化学研究所 CSRS BMEP バイオマス研究基盤チーム *4 理化学研究所 BRC JCM

1St-03 (1P-09)

共生における非適応形質の進化:細胞内共生細菌ゲノムにおける不正確な遺伝子発現の適応的意義

○金城 幸宏*1*2 本郷 裕一*2 徳田 岳*3 大熊 盛也*1

*1 理研 BRC・JCM *2 東工大院・生命理工 *3 琉球大・熱生研

1St-04 (1P-11)

Haloarcula 属 3 株の完全なゲノム配列に基づくゲノム構造の比較

○谷村 要*1 越後 輝敦*2 峯岸 宏明*2 井原 邦夫*1

*1 名古屋大学 遺伝子実験施設 *2 東洋大学 バイオ・ナノエレクトロニクス研究センター

1St-05 (1P-17)

ドメイン単位のオーソログ分類に基づく融合遺伝子の解析

○千葉 啓和*1 内山 郁夫*1

*1 基生研

1St-06 (1P-19)

大腸菌において DNA の量が増殖速度に与える影響

○明野 優也*1 津留 三良*1

*1 阪大・情報

1St-07 (1P-24)

H-NS による転写抑制を介した大腸菌ゲノムの多様性獲得機構

○東 光一*1 戸邊 亨*2 石川 周*3 鈴木 穰*4 小笠原 直毅*5 黒川 顕*1*6 大島 拓*3

*1 東工大院・生命理工 *2 阪大院・医 *3 奈良先端大・バイオ *4 東大院・新領域創成科学 *5 奈良先端大 *6 東工大・地球生命研究所

1St-08 (1P-25)

枯草菌の転写開始点に依存した新規熱ショック応答機構のゲノムワイドな検証

高松 美沙樹*1 ○兼崎 友*2 佐藤 絢*1 渡辺 智*1 千葉櫻 拓*1 吉川 博文*1

*1 東京農大・応生化・バイオ *2 東京農大・ゲノムセンター

1St-09 (1P-27)

枯草菌糖脂質欠損における二成分制御系 WalkR への影響

○松岡 聡*1 松本 幸次*1 朝井 計*1 原 弘志*1

*1 埼玉大・院・理工研

1St-10 (1P-28)

枯草菌における糖輸送制御系 PTS の脂質代謝に及ぼす新規制御系の解析

○多喜乃 雄太*1 高田 啓*2 兼崎 友*3 渡辺 智*1 千葉櫻 拓*1 吉川 博文*1*3

*1 東京農大・院・バイオ専攻 *2 立教大・理・生命理 *3 東京農大・ゲノム解析ゼ

1St-11 (1P-29)

大腸菌 tolC 欠損株の酸感受性化機構の解明

○神田 健*1 安彦 弦太*2 岩井 伯隆*2 和地 正明*2

*1 東工大・生命理工 *2 東工大院・生命理工

1St-12 (1P-34)

BiFC を用いたペリプラズム領域における大腸菌 Rcs 系タンパク質間相互作用解析

○佐藤 貴皓*1 高野 晃*1 松岡 聡*1 松本 幸次*1 原 弘志*1

*1 埼玉大院 理工研

1St-13 (1P-36)

バイオフィーム形成時、非形成時の時系列遺伝子発現変動の解析

○中村 祐哉*1 山元 奈緒*1 木野 裕太*1 中島 信孝*1

*1 東工大院・生命理工・生命情報

1St-14 (1P-37)

バイオフィーム統括制御因子 CsgD によって制御される新規アミロイド線維形成抑制因子 YccT の機能解明

○佐野 晃太郎*1 加藤 佑輝*1 小笠原 寛*2

*1 信大院・理工・応生 *2 信大・ヒト環境・遺伝子

1St-15 (1P-40)

緑色硫黄細菌 *Chlorobaculum tepidum* における GFP 発現の塩基配列依存性

○波佐間 雄世*1 則光 明日美*1 浅井 智広*1 寺内 一姫*1

*1 立命館大・生命

1St-16 (1P-43)

糖ヌクレオチド合成関連遺伝子が与えるストレス耐性

○伊藤 雄太郎*1 上妻 美菜*2 松橋 歩*2 相原 岳明*2 船水 健斗*2 内山 純爾*2

島田 浩章*1 太田 尚孝*2*3

*1 東理大・生物工 *2 東理大・科教研 *3 東理大・理

1St-17 (1P-44)

Enterococcus mundtii QU 25 株のポストゲノム研究：RNA-sequencing 解析を用いた混合糖条件下での転写解析

○藤原 治子*1 鍋田 啓介*2 兼崎 友*3 田代 幸寛*1 善藤 威史*1 門多 真理子*3*4
吉川 博文*2*3 園元 謙二*1*5

*1 九大院・農 *2 東農大・バイオ *3 東農大・ゲノムセンター *4 武蔵野大・環境 *5 九大・バイオアーク

1St-18 (1P-46)

Small RNA ChiX による 2 種の標的 mRNA の発現制御機構

○南 晴香*1 鈴木 一史*1*2 佐々木 直美*1 山岸 拓矢*2 杉本 華幸*1*2 渡邊 剛志*1*2

*1 新潟大院・自然科学 *2 新潟大・農・応生化

1St-19 (1P-50)

鉄濃度依存的に発現変動する機能未知遺伝子 hemP の解析

○佐藤 拓哉*1 湯原 悟志*1 野々山 翔太*1 大坪 嘉行*1 永田 裕二*1 津田 雅孝*1

*1 東北大院・生命科

1St-20 (1P-51)

プラスミド pCAR1 上の転写開始点の網羅的決定と宿主間比較

○館 はる香*1 水口 千穂*1 高橋 裕里香*2 大坪 嘉行*3 津田 雅孝*3 岡田 憲典*1
野尻 秀昭*1

*1 東大・生物工学セ *2 富山県大生工科・生工セ *3 東北大院・生命科学

1St-21 (1P-52)

プラスミド保持に伴い宿主の生育負荷を引き起こす染色体上転写単位の発見と解析

○杉山 大介*1 水口 千穂*1 高橋 裕里香*2 岡田 憲典*1 野尻 秀昭*1

*1 東大生セ *2 富山県大生工科・生工セ

1St-22 (1P-54)

Synechocystis sp. PCC6803 における MsbA ホモログは酸性ストレス耐性に関与する

○松橋 歩*1 伊藤 雄太郎*2 上妻 美菜*1 船水 健斗*1 内山 純爾*3 太田 尚孝*3

*1 東理大・科学教育 *2 東理大・生物工 *3 東理大・理・教養

1St-23 (1P-55)

シアノバクテリア生物時計再構成系における周期長決定機構の解析

○中嶋 海都*1 三林 芳太郎*1 大山 克明*1 浅井 智広*1 寺内 一姫*1

*1 立命館大・生命

1St-24 (1P-56)

シアノバクテリアに普遍的なレスポンスレギュレーター Rre1 の機能解析

○小林 一幾*1 田中 寛*2

*1 東工大・総合理工 *2 東工大・資源研

1St-25 (1P-57)

Synechocystis sp. PCC6803 の酸性順化株のもつ変異型 FoF1 ATPase は、酸耐性の獲得に関与する

○上妻 美菜*1 田崎 理澄*1 石川 晴菜*2 船水 健斗*1 松橋 歩*1 伊藤 雄太郎*3
内山 純爾*2 兼崎 友*4 吉川 博文*5 太田 尚孝*1*2

*1 東理大・科学教育 *2 東理大・理 *3 東理大・基礎工 *4 東京農大・ゲノム解析セ *5 東京農大・応生
科・バイオ

1St-26 (1P-58)

Synechocystis sp. PCC6803 の ATPase 阻害による PBS への影響

○船水 健斗*1 内山 純爾*2 松橋 歩*1 上妻 美菜*1 伊藤 雄太郎*3 兼崎 友*4 吉川 博文*5
太田 尚孝*1*2

*1 東理大・科教研 *2 東理大・理 *3 東理大・生物工 *4 東農大・生物資源 *5 東農大・応生・バイオ

1St-27 (1P-59)

シアノバクテリア *Synechococcus elongatus* PCC 7942 における生物時計と強光応答の関連性

○鶴巻 達大*1 田中 寛*1

*1 東工大・資源研

1St-28 (1P-62)

マウス消化管内で特異的に発現するビフィズス菌遺伝子の同定法の確立

○河口 礼佳*1 平等 清夏*1 石神 夏実*1 阪中 幹祥*2 横田 篤*1 吹谷 智*1

*1 北大院・農 *2 石川県大

1St-29 (1P-63)

Epigenetic network of gene expression involving DNA methyltransferases

○Hirokazu Yano*1*2 Md Zobaidul Alam*1 Emiko Rimbara*3 Yoshikazu Furuta*1*2 Yutaka Suzuki*1
Sumio Sugano*1*2 Keigo Shibayama*3 Ichizo Kobayashi*1*2

*1 Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo. *2 IMSUT. *3 NIID

1St-30 (1P-65)

遺伝子破壊法を用いた *Bifidobacterium longum* NCC2705 株における二成分制御系遺伝子群のトランスクリプトーム解析

○和泉 絢子*1 榎谷 尚慶*1 滝口 祐加*1 山中 祐二*1 坂口 広大*1 野村 泉*1 鈴木 徹*1

*1 岐阜大・応生

1St-31 (1P-67)

タンパク質高生産菌株のゲノム・トランスクリプトーム解析

○野村 祐介*1 廣瀬 修一*2 中村 聡子*3 柏木 紀賢*3 荻野 千秋*3*4 近藤 昭彦*3*4 根本 航*1*5

*1 東京電機大学大学院 理工学研究科 生命理工学専攻 *2 長瀬産業 ナガセ R&D センター *3 神戸大学大学院
工学研究科 応用化学専攻 *4 神戸大学 自然科学系先端融合研究環 *5 東京電機大学 理工学部 理工学科 生命理工学系

1St-32 (1P-71)

ランダム変異による超好熱菌温度感受性株の単離と解析

二石 涼平*1 金子 瑛*1 折田 和泉*1 中村 聡*1 今中 忠行*2 ○福居 俊昭*1

*1 東工大院・生命理工 *2 立命館・生命科学

1St-33 (1P-74)

コリネ型細菌のシステイン生産株の育種

○近藤 麻梨子*1 平沢 敬*1

*1 東工大院生命理工

1St-34 (1P-76)

多細胞性ラン藻 *Anabaena* sp. PCC 7120 の時間・空間レベルでの遺伝子発現制御系の構築

○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 *2 JST・CREST

1St-35 (1P-84)

***Streptococcus mutans* のスクロース依存的な細胞外 DNA 放出メカニズムの解析**

○井上 紗智*1 稲葉 知大*2 尾花 望*3 八幡 穰*4 泉福 英信*5 野村 暢彦*3

*1 筑波大 生命環境学群 *2 産総研 環境管理 *3 筑波大 生命環境系 *4 Dept. of Civil, Environmental and Geomatic Engineering, Institute for Environmental Engineering, ETH Zurich *5 感染研 細菌第一部

ショートトーク プレゼンテーション

※イタリック・上付文字・下付文字等は反映されておられません。

2St : 3月5日 10:30-11:32 (2分/演題)

2St-01 (2P-01)

腸内細菌のスフェロプラスト巨大化

○高橋 沙和子*1 加藤 遼弥*1 玉村 慎*1 西田 洋巳*1

*1 富県大・工・生物工

2St-02 (2P-02)

紅色光合成細菌のスフェロプラスト巨大化

高柳 綾奈*1 中澤 舞*1 ○西野 弘起*1 西田 洋巳*1

*1 富山県立大学工学部生物工学科

2St-03 (2P-10)

枯草菌 SP β の Integration/Excision 機構および site-specific recombinase の機能解析

○高松 拓夫*1 安部 公博*2 佐藤 勉*1*2*3

*1 法政大院・理工 *2 法政大 マイクロ・ナノテク *3 法政大・生命・生命

2St-04 (2P-12)

枯草菌孢子ポリサッカライド層の解析

○安部 公博*1 岩本 敬人*2 小林 優生*3 井之口 紫苑*3 佐藤 勉*1*2*3

*1 法政大学 マイクロ・ナノテクノロジー研究センター *2 法政大学 理工学研究科 *3 法政大学 生命科学部

2St-05 (2P-13)

セレウス菌の孢子形成期における gerE 遺伝子の再構築

○津田 嵩平*1 北村 朋美*2 安部 公博*3 佐藤 勉*1*2*3

*1 法政大院・理工 *2 法政大・生命・生命 *3 法政大・マイクロナノセンター

2St-06 (2P-14)

YqgF による 16S rRNA のプロセシングの生理的意義についての解析

○倉田 竜明*1 加藤 潤一*1

*1 首都大院・理工・生命

2St-07 (2P-15)

大腸菌ゲノム縮小株群を用いた酸化ストレス耐性に関与する遺伝子群の解析

○岩館 佑未*1 船迫 紀之*1 加藤 潤一*1

*1 首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻 分子遺伝学研究室

2St-08 (2P-18)

Synechococcus elongatus PCC 7942 におけるゲノムコピー数制御機構の解析

○辻出 亘寛*1 渡辺 智*1 橋本 千晴*1 大林 龍胆*1*3 兼崎 友*2 吉川 博文*1*3

*1 東農大・応生化・バイオ *2 東農大・生物資源ゲノム解析センター *3 JST・CREST

2St-09 (2P-20)

NBRP ゲノム情報等整備プログラムによる多様な真核微生物約 120 株のドラフトゲノム情報の公開

○遠藤 力也*1 眞鍋 理一郎*2 金城 幸宏*1*3 鈴 幸二*1 高島 昌子*1 大熊 盛也*1

*1 理研 BRC-JCM *2 理研 CLST-DGT *3 東工大院・生命理工

2St-10 (2P-21)

菌類ヌクレオソーム形成と DNA 塩基配列

山内 健太*1 ○居島 冴香*1 近藤 伸二*2 西田 洋巳*1

*1 富山県大・生物工 *2 極地研

2St-11 (2P-24)

ゲノムマッピングによるダイズ根粒菌の種の判定と接種菌群の追跡

○金原 一真*1 板倉 学*2 鶴丸 博人*2 星野 裕子*3 秋山 博子*3 早津 雅仁*3 南澤 究*1

*1 東北大学 生命科学研究科 *2 京都産業大学 総合生命科学部 *3 鹿児島大学 農学部 *4 農業環境技術研究所

2St-12 (2P-26)

微生物統合データベースを高度化する微生物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*2 森 宙史*1 黒川 顕*2

*1 東工大・生命理工 *2 東工大・地球生命

2St-13 (2P-30)

※口頭発表 205-1 に移行

2St-14 (2P-33)

乳酸菌に特化したゲノムアーカイブおよびアノテーションパイプラインの構築

○谷澤 靖洋*1*2 藤澤 貴智*2 神沼 英里*2 中村 保一*2 有田 正規*2*3

*1 東京大学大学院新領域創成科学研究科 *2 国立遺伝学研究所生命情報研究センター *3 理化学研究所環境資源科学研究センター

2St-15 (2P-34)

シアノバクテリアに特化した CyanoBase ゲノムアノテーションパイプラインの構築

○藤澤 貴智*1 広瀬 侑*2 兼崎 友*3 志村 遥平*4 谷澤 靖洋*1 山本 泰智*5 李 慶範*6
河地 正伸*4 中村 保一*1*6

*1 遺伝研・生命情報研究センター *2 豊橋技術科学大・環境・生命工学系 *3 東農大・生物資源ゲノム解析センター *4 環境研・生物・生態系環境研究センター *5 ライフサイエンス統合データベースセンター *6 遺伝研・DDBJ センター

2St-16 (2P-42)

CLC Microbial Genomics Module を用いた鶏の腸内細菌メタゲノム解析

○斎藤 賢治*1 宮本 真理*1

*1 株式会社キアゲン

2St-17 (2P-46)

シロアリ腸内ファージメタゲノム解析と腸内細菌 CRISPR スペーサー配列との照合

○ 麥島 雄太*1 伊澤 和輝*1 河合 幹彦*1 桑原 宏和*1 雪 真弘*2 大熊 盛也*3
本郷 裕一*1*3

*1 東工大・院生命理工 *2 理研 CSRS・BMEP *3 理研 BRC・JCM

2St-18 (2P-49)

植物共生細菌 *Methylobacterium* 属内のメタゲノム解析

○ 南 智之*1 按田 瑞恵*1 池田 成志*1 菅原 雅之*1 金子 貴一*3 佐藤 修正*1 田畑 哲之*2
三井 久幸*1 南澤 究*1

*1 東北大院・生命科学 *2 かずさ DNA 研究所 *3 京産大・総合生命科学

2St-19 (2P-52)

川崎工科高等学校の土壌に潜む微生物種の解析

○ 赤嶺 佑佳*1 木村 達哉*1 中村 祐哉*2 森 宙史*2 黒川 顕*2*3 中島 信孝*2

*1 神奈川県立川崎工科高等学校 *2 東工大院・生命理工・生命情報 *3 東工大・地球生命研

2St-20 (2P-58)

汽水湖から単離された孔径 0.22 μm のフィルターを通過可能な新属・新種細菌候補株のゲノム解析

○ 久志本 晃弥*1 村口 雄亮*2 佐藤 安里紗*2 福田 洸平*3 大坪 嘉行*4 鈴木 智大*5 道羅 英夫*5
金原 和秀*1*2*3 新谷 政己*1*2*3

*1 静大院 *2 静大工 *3 静大創造院 *4 東北大生命科学 *5 静大グリーン研

2St-21 (2P-61)

※口頭発表 104-2 に移行

2St-22 (2P-62)

LysR 型転写調節因子ネットワーク解明のための 3-クロロ安息香酸分解細菌 *Cupriavidus necator* NH9 株のドラフトゲノム解析

○ 森内 良太*1*2 道羅 英夫*1 小川 直人*2*3

*1 静大・グリーン研 *2 岐阜大・院連合農 *3 静大・院農

2St-23 (2P-64)

ナフタレン分解プラスミド NAH7 の接合伝達関連機能未知遺伝子群 *traDEF* の解析

○ 岸田 康平*1 井上 慧*1 大坪 嘉行*1 永田 裕二*1 津田 雅孝*1

*1 東北大学・生命科学研究科

2St-24 (2P-65)

遺伝学的解析を用いた芳香族化合物分解コンソーシアムにおける分解菌と非分解菌の共在機構の解明

○ 小川 なつみ*1 加藤 広海*1 大坪 嘉行*1 永田 裕二*1 津田 雅孝*1

*1 東北大院・生命科学

2St-25 (2P-73)

放線菌プラスミド pSN22 の接合伝達における必須タンパク質 *TraB* の膜局在及び *ATPase* 活性に関する解析

○ 矢野 嵩紘*1 宮武 徹*1 片岡 正和*1

*1 信州大院・理工・環境機能工

2St-26 (2P-75)

数理モデルアプローチによる大腸菌の亜鉛制御機構の解明

○高橋 弘喜*1*2 大島 拓*3 Jon Hobman*4 Neil Doherty*4 Selina Clayton*4 Mudassar Iqbal*4
Philip Hill*4 戸邊 亨*5 小笠原 直毅*3 金谷 重彦*6 Stekel Dov*4

*1 千葉大学真菌医学研究センター *2 千葉大学分子キラリティー研究センター *3 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科 *4 School of Biosciences, The University of Nottingham *5 大阪大学医学部医学系研究科 *6 奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科

2St-27 (2P-76)

Epigenetic regulation in Helicobacter Pylori by Type II DNA methyltransferases

○Zobaidul Alam*1 Hirokazu Yano*1*2 Yutaka Suzuki*1 Sumio Sugano*1*2 Ichizo Kobayashi*1*2

*1 Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo. *2 Inst. Med. Sci., Univ. Tokyo

2St-28 (2P-82)

c-di-GMP を介したシアノバクテリオクロム型光受容体による協調的な細胞凝集の制御

○榎本 元*1 成川 礼*2 池内 昌彦*1

*1 東大院・総合文化 *2 静岡大

2St-29 (2P-83)

MGlcdAG による大腸菌主要膜脂質欠損の相補検討

○上野 通宗*1 松本 幸次*1 松岡 聡*1 原 弘志*1

*1 埼玉大学大学院理工学研究科

2St-30 (2P-84)

日本高山のマメ科植物共生根粒菌の系統と宿主特異性

○瀬尾 直登*1 高梨 功次郎*2 矢崎 一史*1

*1 京都大学 生存圏研究所 *2 信州大学 山岳科学研究所

2St-31 (2P-86)

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*1 富永 賢人*1 北村 麻衣子*1 加藤 潤一*1

*1 首都大・生命科