

口頭発表および ランチョンセミナー他 プログラム

3月6日(金)

評議委員会

口頭発表1 ゲノムの構造と進化：O1-1～5

口頭発表2 ゲノムの構造と進化：O2-1～5

企業展示アピールタイム

3月7日(土)

口頭発表3 細胞増殖と分化の分子機構：O3-1～7
方法論：O3-8

ランチョンセミナー1

口頭発表4 バイオインフォマティクス：O4-1～4
遺伝子の発現制御：O4-5～7

総会

受賞講演

3月8日(日)

口頭発表5 合成生物学：O5-1～2
病原微生物：O5-3～7
真核微生物：O5-8

ランチョンセミナー2

口頭発表6 真核微生物：O6-1
環境微生物：O6-2～8

ポスター賞表彰・閉会式

3月6日(金)

評議委員会 10:20 ~ 12:00

口頭発表1 13:00 ~ 14:05

座長：藤田 祐一(名古屋大学)

《ゲノムの構造と進化》

13:00 **O1-1** 微生物ゲノム進化における陰の立役者：遺伝子コード領域の「別読み枠」

○山内 駿¹⁾、薄井 光生²⁾、山口 尚人³⁾、岩崎 渉^{1,2,3)}

- 1) 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、
- 2) 東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻、
- 3) 東京大学理学部生物情報科学科

13:13 **O1-2** セイヨウミツバチ生体の腸内細菌叢における遺伝子水平伝播の動態の解析

○末次 翔太¹⁾、福田 洗平²⁾、宮崎 亮^{1,3,4)}

- 1) 産業技術総合研究所生物プロセス研究部門、
- 2) 静岡大学創造科学技術大学院バイオサイエンス専攻、
- 3) 産業技術総合研究所CBBDOIL、4) 筑波大学生命環境科学

13:26 **O1-3** ピロリ菌におけるDNAメチル化酵素の配列特異性変換に伴う
エピゲノム・ミクロ進化

○福世 真樹^{1,2)}、米澤 英雄³⁾、矢野 大和^{4,5)}、桂 有加子^{6,11)}、矢原 耕史⁷⁾、
今野 武津子⁸⁾、柴田 朋子^{9,12)}、重信 秀治⁹⁾、バハテヤリ ラムヒトラ¹⁾、
長谷川 嘉則²⁾、内山 郁夫⁹⁾、小原 収²⁾、金田 篤志¹⁾、小林 一三^{3,4,10)}

- 1) 千葉大学医学部、2) かずさDNA研究所、3) 杏林大学医学部、4) 東京大学新領域創成科学研究科、
- 5) 東北大学生命科学研究科、6) 日本大学医学部、7) 感染症研究所、8) JA札幌厚生病院、
- 9) 基礎生物学研究所、10) パリ大学サクレール校、11) 京都大学霊長類研究所、12) 神戸改革派神学校

13:39 **O1-4** ファージと宿主菌のビッグデータ解析 - Earth's virome データの拡張と
PromethION の活用

○矢原 耕史¹⁾、Philippe Lehours²⁾、Filipa Vale³⁾、平林 亜希¹⁾、鈴木 仁人¹⁾、鈴木 穰⁴⁾

- 1) 国立感染症研究所、2) University of Bordeaux、3) Universidade de Lisboa、4) 東京大学

13:52 **O1-5** 非病原性結核菌の抗結核剤に対する進化実験

○前田 智也¹⁾、川田 正子¹⁾、阪田 奈津江¹⁾、小谷 葉月¹⁾、古澤 力^{1,2)}

- 1) 理化学研究所生命機能科学研究センター、2) 東京大学生物普遍性研究機構

コーヒープレイク 14:05 ~ 14:35

口頭発表2 14:35 ~ 15:40

座長：應 蓓文(筑波大学)

《ゲノムの構造と進化》

14:35 **O2-1** Genome-based inspection if transplantation of juvenile ayu is
the cause of spread of *Vibrio cholerae*

○河合 幹彦¹⁾、大田 篤²⁾、竹村 太地郎³⁾、中井 敏博⁴⁾、丸山 史人⁵⁾

- 1) 京都大学大学院人間・環境学研究科、2) 奈良先端大学院大学データ駆動型サイエンス創造センター、
- 3) 長崎大学熱帯医学研究所、4) 広島大学生物生産学部、5) 広島大学学術・社会連携室

14:48 **O2-2** (p)ppGpp 合成酵素に着目して発見した、
新規トキシン-アンチトキシン遺伝子群の解析

○倉田 竜明¹⁾、Jimmy Steffi^{1,2)}、Saha Chayan K.¹⁾、Stavropoulos Constntine¹⁾、
Oliveira Sofia R. A.³⁾、高田 啓^{1,2)}、Hauryliuk Vasili^{1,2,3)}、Atkinson Gemma C.¹⁾

- 1) ウメオ大分子生物学、2) ウメオ大MIMS、3) タルトゥ大学

15:01 **O2-3** DNAメチル化を考慮した塩基置換モデルによる、
メチロームの分子系統解析
○吉田 伸弥¹⁾、内山 郁夫⁴⁾、福世 真樹⁵⁾、矢原 耕史⁶⁾、桂 有加子⁷⁾、岸野 洋久¹⁾、
小林 一三^{2,3,8)}
1) 東京大学農学生命科学研究科、2) 杏林大学医学部、3) 東京大学新領域創成科学研究科、
4) 基礎生物学研究所、5) 千葉大学医学部、6) 感染症研究所、7) 京都大学霊長類研究所、
8) パリ大学サクレー校

15:14 **O2-4** 暗所従属栄養条件に適応したシアノバクテリア派生株の
ゲノムリシーケンス解析
○肥田 真太郎¹⁾、上坂 一馬²⁾、山本 治樹¹⁾、高市 真一³⁾、井原 邦夫²⁾、藤田 祐一¹⁾
1) 名古屋大学大学院生命農学研究科、2) 名古屋大学遺伝子実験施設、3) 東京農業大学生命科学部

《その他》

15:27 **O2-5** 合成生態系を用いた藻類-細菌の集塊形成による共生の進化
安部 雄一¹⁾、藤井 陽介¹⁾、堀澤 栄²⁾、佐久間 洋¹⁾、○中島 敏幸¹⁾
1) 愛媛大学大学院、2) 高知工科大学

企業展示アピールタイム 15:50 ~ 16:32

タイテック株式会社
高機能遺伝子デザイン技術研究組合 (TRAHED)
微生物統合データベース「MicrobeDB.jp」
先進ゲノム支援(先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム)
トミーデジタルバイオロジー株式会社
日本ジーンウィズ株式会社
bitBiome株式会社
独立行政法人製品評価技術基盤機構
ナショナルバイオリソースプロジェクト病原細菌
サーモフィッシャーサイエンティフィック
タカラバイオ株式会社
ナショナルバイオリソース大腸菌・枯草菌

ポスター発表・討論(奇数) 17:00 ~ 19:00

口頭発表3 9:30 ~ 11:14

座長：得平 茂樹(首都大学東京)、塩見 大輔(立教大学)

《細胞増殖と分化の分子機構》

- 9:30 **O3-1** 大腸菌ゲノム複製開始複合体にDnaBヘリカーゼを呼び込む機構における複製開始因子DnaAとの特異的相互作用
○林 千尋、宮崎 恵里加、永田 麻梨子、尾崎 省吾、片山 勉
九州大学大学院薬学府創薬科学専攻分子生物薬学分野
- 9:43 **O3-2** ペプチドグリカン層を持たないL型大腸菌の増殖に外膜は重要か？
○塩見 大輔¹⁾、近田 大基¹⁾、大島 拓²⁾
1)立教大学理学部、2)富山県立大学工学部
- 9:56 **O3-3** 染色体維持における酸化還元分子シャペロンHslOの役割
○海藤 晃弘¹⁾、石井 朝子¹⁾、遠藤 一穂¹⁾、村上 有樹¹⁾、仲直希¹⁾、笠原 宏一¹⁾、熊谷 晟和¹⁾、谷岡 駿¹⁾、鈴木 進悟²⁾、椎名 隆²⁾
1)東海大学生物学部生物学科、2)東海大学医学部基礎医学系
- 10:09 **O3-4** 核様体タンパク質HUによる大腸菌 *oriC* の二重鎖開裂促進機構の生化学・遺伝学的解析
○吉田 竜星、尾崎 省吾、片山 勉
九州大学大学院 薬学府 分子生物薬学分野
- 10:22 **O3-5** rDNAで形成される一本鎖DNA領域の1塩基レベルでの同定
○矢野 晃一¹⁾、野口 英樹²⁾、仁木 宏典¹⁾
1)国立遺伝学研究所 微生物機能研究室、
2)情報システム研究機構 ゲノムデータ解析支援センター
- 10:35 **O3-6** シアノバクテリアはなぜ多細胞体を形成するのか
小池 玲示、加藤 優一、○得平 茂樹
首都大学東京生命科学専攻
- 10:48 **O3-7** 染色体複製終点と細胞分裂装置とを連係する新規DNA結合タンパク質の解析
○尾崎 省吾、若杉 泰敬、片山 勉
九州大学大学院 薬学研究院 分子生物薬学分野

《方法論》

- 11:01 **O3-8** キャピラリーシーケンサーとTraceViewerを用いたDNA解析のススメ
○大坪 嘉行、永田 裕二、津田 雅孝
東北大学大学院生命科学科

ランチョンセミナー1

共催：bitBiome株式会社

- 12:00 ~ 13:00 **メタゲノムのその先へ シングルセルゲノム網羅解析**
細川 正人
bitBiome株式会社 取締役CSO

《バイオインフォマティクス》

- 13:30 **O4-1** 微生物培養のデータ駆動型最適化
○應 蓓文¹⁾、會田 穂乃香¹⁾、内田 圭祐¹⁾、芦野 一葉¹⁾、天笠 俊之²⁾
1)筑波大学・生命環境、2)筑波大学・計算セ
- 13:43 **O4-2** 遺伝的相互作用データおよび文献情報の機械学習による相互作用ネットワーク推定
○辰巳 守祐¹⁾、野村 航¹⁾、武藤 愛²⁾、森 浩禎²⁾、松本 裕治^{1,3)}
1)奈良先端科学技術大学院大学情報科学領域、
2)奈良先端科学技術大学院大学データ駆動型サイエンス創造センター、
3)理化学研究所革新知能統合研究センター
- 13:56 **O4-3** 微生物比較ゲノムデータベースMBGDに基づく水平移動遺伝子の網羅的解析
○内山 郁夫
基礎生物学研究所
- 14:09 **O4-4** 化学量論的に釣り合った生合成代謝経路の原子レベルマッピング：その応用
○太田 潤
岡山大学・大学院医歯薬学総合研究科(医)・生化学分野

《遺伝子の発現制御》

- 14:22 **O4-5** 希少放線菌 *Actinoplanes missouriensis* の形態分化を制御する FliA ファミリーのシグマ因子群の機能解析
○手塚 武揚^{1,2)}、橋口 優一郎¹⁾、大西 康夫^{1,2)}
1)東京大学大学院農学生命科学研究科、2)東京大学微生物イノベーション連携研究機構
- 14:35 **O4-6** 腸内細菌科細菌のグルタミン合成酵素遺伝子 *glnA* の3'UTR から生成する sRNA の機能解析
○宮腰 昌利¹⁾、Berger Anna²⁾
1)筑波大学医学医療系、2)筑波大学大学院人間総合科学研究科
- 14:48 **O4-7** 枯草菌糖脂質欠損株では副次的シグマ因子 SigI と二成分制御系 WalKR が活性化する
○松岡 聡¹⁾、朝井 計²⁾
1)埼玉大学大学院理工学研究科、2)東京農業大学生命科学部

総会 15:15 ~ 15:45

受賞講演 16:00 ~ 16:40

《若手賞受賞講演》

- 16:00 ~ 16:20 大腸菌の定常期における酸化ストレス耐性に関する遺伝子群の遺伝学的解析
岩館 佑未
イリノイ大学
- 16:20 ~ 16:40 バイオインフォマティクスによる環境微生物生態へのアプローチ
平岡 聡史
海洋研究開発機構(JAMSTEC)生命理工学センター

口頭発表5 9:30 ~ 11:14

座長：大島 拓(富山県立大学)、小椋 義俊(九州大学)

《合成生物学》

9:30 O5-1 大腸菌を用いた1Mbプラスミドの構築と接合伝達

○向井 崇人、米司 達哉、末次 正幸、藤田 裕寛

立教大学理学部生命理学科

9:43 O5-2 グルコースをアルツハイマー病の治療予防薬となるシロ-イノシトールに変換する枯草菌細胞工場の開発

○吉田 健一、石川 周

神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科

《病原微生物》

9:56 O5-3 トランスポゾンシーケンシング法を用いた結核菌薬剤耐性遺伝子の網羅的同定

○港 雄介¹⁾、Baughn Anthony²⁾

1) 藤田医科大学医学部微生物学講座、2) ミネソタ大学医学部微生物学免疫学分野

10:09 O5-4 Exoproteomic profiling uncovers critical determinants for virulence of livestock-associated and human-originated *Staphylococcus aureus* ST398 strainsZhao Xin¹⁾、Chlebowicz-Flissikow Monika¹⁾、Wang Min¹⁾、Vera Murguia Elias¹⁾、de Jong Anne²⁾、Becher Dörte³⁾、Maaß Sandra³⁾、Buist Girbe¹⁾、○van Dijn Jan Maarten¹⁾

1) University of Groningen, UMCG、2) University of Groningen, GBB、3) University of Greifswald

10:22 O5-5 サルモネラのポリアミン耐性に関与する機能未知遺伝子 *ytfL*

○岩館 佑未、Ramezanifard Rouhallah、Fenlon Luke、Golubeva Yekaterina、Slauch James

イリノイ大学アーバナ・シャンペーン校 微生物専攻

10:35 O5-6 レファレンスとしてのマウス病原細菌5菌種基準株のゲノム完全長塩基配列決定

○池 郁生¹⁾、梶田 亜矢子¹⁾、佐々木 啓²⁾、山中 仁木³⁾、中島 謙一¹⁾、豊田 敦⁴⁾

1) 理化学研究所・バイオリソース研究センター、2) 順天堂大学スポーツ健康科学部、

3) 信州大学・基盤研究支援センター、4) 国立遺伝学研究所

10:48 O5-7 Molecular speedometer in the gliding motility of *Mycoplasma pneumoniae*○村田 幸樹¹⁾、中根 大介¹⁾、見理 剛²⁾、柴山 恵吾²⁾、西坂 崇之¹⁾

1) 学習院大学大学院 物理、2) 国立感染症研究所 細菌第二部

《真核微生物》

11:01 O5-8 分裂酵母におけるアミノ酸枯渇応答機構の解析

○島崎 嵩史¹⁾、大塚 北斗¹⁾、佐藤 哲平¹⁾、赤沼 元気²⁾、饗場 浩文¹⁾

1) 名古屋大学大学院 創薬科学研究科、2) 学習院大学 理学部 生命科学科

ランチオンセミナー2

共催：株式会社キアゲン

12:00 ~ 13:00

QIAGENが提案する効率的かつ高精度なNGS微生物ゲノム解析ソリューション

小出 清乃

株式会社キアゲン

《真核微生物》

13:15 O6-1

フェロモンが変化できる進化パスを実験的に探索する

○清家 泰介¹⁾、小谷 葉月¹⁾、古澤 力^{1,2)}

1) 理化学研究所・生命機能科学研究センター、2) 東京大学・大学院理学系研究科・生物普遍性機構

《環境微生物》

13:28 O6-2

シングルセル解析技術を用いた二次代謝産物産生カイメン共在微生物のゲノム解析

○小川 雅人^{1,2)}、西川 洋平^{1,2)}、細川 正人³⁾、松永 茂樹⁴⁾、Piel Joern⁵⁾、竹山 春子^{1,2,3,6)}

1) 早大院先進理工、2) 早大・産総研 CBBB-OIL、3) 早大先進生命動態研、4) 東大院農学生命科学、5) Dep. Biology, ETH Zurich、6) 早大ナノライフ創新研

13:41 O6-3

キャプチャーシーケンス法によるリケッチアの多様性と宿主マダニとの系統遺伝学的関係の解析

○笠間 健太郎¹⁾、藤田 博己²⁾、山本 正悟³⁾、高野 愛⁴⁾、後藤 恭宏¹⁾、小椋 義俊¹⁾、安藤 秀二⁵⁾、林 哲也¹⁾

1) 九州大学大学院医学研究院細菌学分野、2) 馬原アカリ医学研究所、3) 宮崎大学フロンティア科学実験総合センター、4) 山口大学共同獣医学部病態制御学講座、5) 国立感染症研究所ウイルス1部第5室

13:54 O6-4

anammox 反応の原型は NO を電子受容体として利用していた

○大久保 卓¹⁾、豊田 敦²⁾、福原 康平³⁾、内山 郁夫⁴⁾、黒岩 恵³⁾、針ヶ谷 優生³⁾、鈴木 拓磨³⁾、村上 由夏³⁾、諏訪 裕一³⁾、高見 英人¹⁾

1) 海洋研究開発機構 横浜研究所、2) 国立遺伝学研究所 生命情報研究センター、3) 中央大学大学院 理工学研究科 生命科学専攻、4) 基礎生物学研究所 ゲノム情報研究室

14:07 O6-5

Acropora tenuis サンゴ共在 *Endozoicomonas* の宿主 - 細菌関連戦略の多様性

○井手 圭吾^{1,2)}、西川 洋平^{1,2)}、岩本 栄介²⁾、小川 雅人^{1,2)}、細川 正人³⁾、中野 義勝⁴⁾、須田 彰一郎⁵⁾、竹山 春子^{1,2,3,6)}

1) 早大院先進理工、2) 早大・産総研 CBBB-OIL、3) 早大先進生命動態研、4) 琉大熱生研、5) 琉大理学部、6) 早大ナノライフ創新研

14:20 O6-6

腸内細菌脂質の網羅計測法の開発

○岡橋 伸幸^{1,2)}、安田 柊¹⁾、上田 政宏¹⁾、津川 裕司¹⁾、池田 和貴¹⁾、有田 誠^{1,3,4)}

1) 理化学研究所、2) 大阪大学、3) 横浜市立大学、4) 慶應義塾大学

14:33 O6-7

南北太平洋低緯度域における粒子付着微生物群集の機能的特徴

○高見 英人¹⁾、多田 雄哉¹⁾、荒井 渉¹⁾、大久保 卓¹⁾、小椋 義俊²⁾、林 哲也²⁾、鈴木 翔太郎³⁾、濱崎 恒二³⁾

1) 海洋研究開発機構 横浜研究所、2) 九州大学 医学部、3) 東京大学 大気海洋研究所

14:46 O6-8

スサビノリ共在細菌叢解析におけるブロッキング PCR の応用と網羅的な地域間比較

○實野 佳奈¹⁾、井手 圭吾^{1,2)}、有川 浩司³⁾、松永 浩子³⁾、齋藤 寛⁴⁾、竹山 春子^{1,2,3,5)}

1) 早大院先進工、2) 早大・産総研 CBBB-OIL、3) 早大ナノライフ創新研、4) 東海大院、5) 早大先進生命動態研

ポスター賞表彰・閉会式 15:05 ~ 15:20