

一般演題 口頭発表

3月2日(木)

13:00～14:36 ゲノムの構造と進化:101-01～08

14:36～15:00 真核微生物:101-09～10

15:00～15:24 病原微生物:101-11～12

15:35～17:11 環境微生物:102-01～08

17:11～17:23 方法論-1:102-09

3月3日(金)

14:15～15:39 遺伝子の発現制御:201-01～07

15:39～15:51 ゲノム情報の活用、ゲノム育種:201-08

15:51～16:15 方法論-2:201-09～10

3月4日(土)

9:30～9:54 合成生物学:301-01～02

9:54～11:06 細胞増殖と分化の分子機構:301-03～08

11:06～11:54 バイオインフォマティクス:301-09～12

一般演題

口頭発表

3月2日(木)

《ゲノムの構造と進化》 13:00~14:36

1O1-01

酢酸菌から見出した溶原性ファージのゲノム解析

○高野英晃^{1) 2)}、小俣行輝²⁾、日比徳浩³⁾、中野繁³⁾、天野昭一¹⁾、上田賢志^{1) 2)}

1) 日本大学生物資源科学部生命科学研究科、2) 日本大学生物資源科学部応用生物科学科、3) 株式会社 Mizkan Holdings 中央研究所

1O1-02 (1P-04)

シアノバクテリアにおける複数コピーゲノムのDNA複製制御機構

○大林 龍胆¹⁾、中町愛²⁾、兼崎友³⁾、渡辺智²⁾、吉川博文²⁾、宮城島進也¹⁾

1) 遺伝学研究所 細胞遺伝研究系 共生細胞進化部門、2) 東京農業大学 応用生物科学部 バイオサイエンス学科、3) 東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター

1O1-03 (1P-07)

アオコ原因シアノバクテリア *Planktothrix agardhii* NIES-204 株の完全ゲノム解読

○志村遥平¹⁾、藤澤貴智²⁾、広瀬侑³⁾、兼崎友⁴⁾、河地正伸¹⁾

1) 国立環境研究所 生物・生態系環境研究センター、2) 国立遺伝学研究所 生命情報研究センター、3) 豊橋技術科学大学 環境・生命工学系、4) 東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター

1O1-04 (1P-09)

異なる *attB* を認識する新規ファージの構築

○鈴木祥太¹⁾、鈴木颯²⁾、安部公博¹⁾、佐藤勉^{1) 2)}

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 生命科学部 生命機能学科

1O1-05 (1P-11)

種内相互組み換えによって促進される鳥型結核菌の地域適応

○矢野大和¹⁾、丸山史人²⁾、西内由紀子³⁾、中川一路²⁾、中島千絵⁴⁾、鈴木定彦⁴⁾、岩本朋忠⁵⁾

1) 筑波大学 生命環境系、2) 京都大学 医学研究科、3) 大阪市立大学 医学研究科、4) 北海道大学 人獣共通感染症リサーチセンター、5) 神戸市環境保健研究所

1O1-06 (1P-14)

16S rRNA 遺伝子の進化中立性の実験的証明

○野沢汎^{1) 2)}、宮崎健太郎^{1) 2)}

1) 東大院・新領域・メディカル情報生命、2) 産総研・生物プロセス

1O1-07

大腸菌ゲノム縮小における増殖速度と変異率の相関

西村一成、黒川 真臣、○應蓓文

筑波大・生命環境

1O1-08 (1P-20)

ドメインレベルのオーソログ分類に基づく融合遺伝子の進化解析

基礎生物学研究所

○千葉啓和、内山 郁夫

≪真核微生物≫ 14:36~15:00

1O1-09

硫黄欠乏は Ecl1 ファミリー依存的にリボソームを低下させ経時寿命を延長させるシグナルとして作用する

○饗場浩文、大塚 北斗、滝浪 奨洋、島崎 嵩史、日比 駿秀

名古屋大学大学院創薬科学研究科分子微生物学分野

1O1-10 (1P-23)

フェロモン/受容体の共進化の解明を目指した 151 株の分裂酵母の比較解析

○清家泰介、仁木 宏典

国立遺伝学研究所 系統生物研究センター 原核生物遺伝研究室

≪病原微生物≫ 15:00~15:24

1O1-11

人類に脅威を与える RNA ウイルス類の弱みを AI で探る：薬効が失われ難い siRNA のデザイン

○池村淑道¹⁾、和田佳子¹⁾、岩崎裕貴²⁾、和田健之介¹⁾

1) 長浜バイオ大学バイオサイエンス学部、2) 国立遺伝学研究所

1O1-12

一塩基変異比較による家畜のパラ結核原因菌の由来の解析

○西森敬、大崎 慎人

農研機構・動衛研 ヨーネ病ユニット

≪環境微生物≫ 15:35-17:23

1O2-01 (1P-31)

雨水細菌叢の季節性変動解析から明らかにする大気中の微生物長距離移動

○平岡聡史¹⁾、宮原雅也¹⁾、藤井和史¹⁾、町山麻子^{2) 3)}、岩崎渉^{1) 2) 3)}

1) 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、2) 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、3) 東京大学大気海洋研究所

1O2-02 (1P-32)

コモンマーモセットの腸内細菌叢のメタゲノム解析

○林樹永¹⁾、小湊みのり¹⁾、長谷純崇¹⁾、井上貴史²⁾、佐々木えりか²⁾、榊原康文¹⁾

1) 慶應義塾大学理工学部、2) 実験動物中央研究所

1O2-03 (1P-33)

大腸菌クローン集団内から生じる抗生物質ストレスに順応した小集団の性質

○梅谷実樹^{1) 2)}、若本祐一^{1) 3)}

1) 東京大学大学院 総合文化研究科、2) 理化学研究所 生命システム研究センター、3) 東京大学 生物普遍性研究機構

1O2-04 (1P-34)

***Nitrospira* の亜硝酸酸化活性を制御する Quorum-sensing 機構の発見**

○牛木章友¹⁾、藤谷拓嗣¹⁾、諸星知広²⁾、常田聡¹⁾

1) 早稲田大学大学院先進理工学研究科、2) 宇都宮大学大学院工学研究科

1O2-05

土着ダイズ根粒菌 USDA110 系統株におけるゲノム多様性とゲノミックアイランド構造の変化

○板倉学¹⁾、三屋公佑²⁾、金原一真²⁾、原新太郎²⁾、渡辺剛²⁾、菅原雅之²⁾、金子貴一¹⁾、南澤究²⁾

1) 京都産業大学 総合生命科学部 生態進化発生学研究センター、2) 東北大学 生命科学研究科

1O2-06

太平洋低緯度海域生態系のメタゲノム解析

○高見英人¹⁾、荒井渉¹⁾、竹本和広²⁾、小椋義俊³⁾、林哲也³⁾、瀨崎恒二⁴⁾

1) 海洋研究開発機構 海底資源研究開発センター、2) 九州工業大学 生命情報工学科、3) 九州大学 医学部、4) 東京大学 大気海洋研究所

1O2-07 (1P-38)

口腔マイクロバイームにおける IgA 結合細菌の探索

○影山伸哉、竹下 徹、朝川 美加李、柴田 幸江、松見 理恵、古田 美智子、竹内 研時、山下 喜久
九州大学大学院歯学府 口腔予防医学分野

1O2-08 (1P-39)

好気性アンモニア酸化細菌による好気条件での hybrid N₂O 生成経路の検討

○菅野麻子¹⁾、岩本茉莉²⁾、久我ゆかり³⁾、諏訪裕一¹⁾、勝山千恵³⁾

1) 中央大学大学院 理工学研究科 生命科学専攻、2) 中央大学 理工学部 生命科学科、3) 広島大学大学院 総合科学研究科

《方法論-1》 17:11~17:23

1O2-09

1細胞レベル・1塩基分解能でのハイスループット細菌叢解析

○城口克之、金 堅石

理化学研究所 生命システム研究センター (QBiC)

一般演題

口頭発表

3月3日(金)

《遺伝子の発現制御》 14:15~15:39

2O1-01 (1P-61)

微生物の硫黄同化と炭素同化の協調的な制御メカニズムの解析

○氏本貴仁¹⁾、田中尚志²⁾、尾崎由佳梨³⁾、河野祐介²⁾、阿部哲也³⁾、大津巖生^{1) 2)}

1) 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科、2) 筑波大学 国際産学連携本部 高細精医療イノベーション研究コア、3) 協和発酵バイオ株式会社 生産技術研究所

2O1-02

大腸菌における小分子 RNA CsrB の分解制御機構

○鈴木一史^{1) 2)}、天木拓海²⁾、坂井航²⁾、杉本華幸^{1) 2)}、渡邊剛志^{1) 2)}

1) 新潟大学 農学部 応用生物化学科、2) 新潟大学大学院 自然科学研究科

2O1-03 (2P-01)

Burkholderia multivorans における葉酸合成の光誘導メカニズムの解析

○角悟¹⁾、高野(白鳥) 初美²⁾、上田賢志^{1) 2)}、高野英晃^{1) 2)}

1) 日本大学生物資源科学部応用生物科学科、2) 日本大学生物資源科学部生命科学研究科

2O1-04 (2P-08)

Corynebacterium glutamicum における転写終結因子 Rho と RNase E/G によるゲノムワイドな antisense RNA の産生抑制

○竹本訓彦¹⁾、田中裕也²⁾、秋山徹¹⁾、前田智也²⁾、濱本渚³⁾、乾将行^{2) 3)}

1) 国立国際医療研究センター研究所 病原微生物学研究室、2) RITE、3) 奈良先端大・バイオ

2O1-05 (2P-10)

紅色光合成細菌 *Rhodovulum sulfidophilum* の細胞外核酸放出メカニズムの解析

○長尾信義¹⁾、広瀬侑¹⁾、米川千夏¹⁾、梅影創¹⁾、菊池洋²⁾

1) 豊橋技術科学大学 環境・生命工学系、2) 早稲田大学 大学院 先進理工学研究科 生命理工学専攻

2O1-06 (2P-15)

枯草菌分子シャペロン GroES/L による変異の蓄電池機能

○北村夏美、法花津 匠、大塚 まみ、武井 若紗、小菅 是子、吉川 博文
東京農大・院・バイオ

2O1-07 (2P-18)

超好熱性アーキア由来 Pf-Nob1 及び Pf-Dim2 による 16S rRNA 前駆体切断部位の制御

○今井淳之介^{1) 2)}、佐藤朝子¹⁾、野呂絵美子¹⁾、金井昭夫^{1) 2) 3)}

1) 慶應義塾大学 先端生命科学研究科、2) 慶應義塾大学 政策・メディア研究科・先端生命、3) 慶應義塾大学 環境情報学部

《ゲノム情報の活用、ゲノム育種》 15:39~15:51

201-08 (1P-54)

ゲノムマッピングによるダイズ根粒菌接種株の追跡

○金原一真、原 新太郎、菅原 雅之、南澤 究

東北大学 生命科学研究科 地圏共生遺伝生態分野

《方法論-2》 15:51~16:15

201-09 (2P-23)

ブドウ球菌属におけるライブラリ調製キット Nextera XT による GC 含有量と関連した

シーケンスバイアス

○佐藤光彦¹⁾、小椋義俊¹⁾、中村佳司¹⁾、西田留梨子¹⁾、後藤恭宏¹⁾、久恒順三²⁾、菅井基行²⁾、伊藤武彦³⁾、林哲也¹⁾

1) 九州大学大学院 医学研究院 細菌学分野、2) 広島大学大学院 医歯薬保健学研究院 細菌学研究室、3) 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生命情報専攻

201-10

逆転写酵素の強い tailing 活性と解析ソフト TraceViewer

○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

一般演題

口頭発表

3月4日(土)

《合成生物学》 9:30~9:54

301-01 (2P-29)

システイン生産大腸菌を利用したエルゴチオネインの発酵生産

○西口みゆ¹⁾、田中尚志²⁾、三浦雅史¹⁾、河野祐介²⁾、大津巖生^{1) 2)}

1) 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究、2) 筑波大学高細精医療イノベーション研究コア

301-02

酵母を用いた HMG-CoA reductase 阻害剤 FR901512 生合成遺伝子クラスター解析と新規物質生産の可能性

○伊東広哉¹⁾、宮村由紀²⁾、松井真^{1) 2)}、竹田至^{2) 3)}、石井純^{2) 4)}、熊谷俊高⁵⁾、町田雅之^{2) 3)}、有田正規^{2) 6)}、柴田孝^{1) 2)}

1) アステラス製薬、2) TRAHED、3) 産総研・生物プロセス、4) 神戸大院・イノベ、5) (株)ファームラボ、6) 国立遺伝研・DDBJ 研究セ

《細胞増殖と分化の分子機構》 9:54~11:06

3O1-03 (2P-36)

大腸菌の染色体配置制御に関わる新因子 CrfC の細胞両極近傍への局在制御機構の解析

○谷口紗輝、加生 和寿、片山 勉

九州大学 大学院薬学府 分子生物薬学分野

3O1-04

大腸菌染色体の複製開始複合体の全体構造とその機能的意義

○片山勉¹⁾、清水将裕²⁾、野口泰徳^{1) 3)}、崎山友香里¹⁾、川上広宣¹⁾、加生和寿¹⁾、高田彰二²⁾

1) 九州大学 大学院薬学研究院 分子生物薬学分野、2) 京都大学 大学院理学研究科 生物物理教室、3) (現) 英国 Imperial College London 医学部

3O1-05

バクテリアアクチンとリン脂質による細胞極性制御

川面拓真¹⁾、松本夏音¹⁾、加藤郁也¹⁾、金井友美¹⁾、仁木宏典²⁾、○塩見大輔¹⁾

1) 立教大学 理学部 生命理学科、2) 遺伝研 系統生物研究センター

3O1-06

バクテリア SMC 複合体のリング開閉機構

○鎌田勝彦¹⁾、末次正幸²⁾、高田啓²⁾、宮田真人³⁾、平野達也¹⁾

1) 理化学研究所 平野染色体ダイナミクス研究室、2) 立教大 理学部、3) 大阪市大 理学部

3O1-07 (2P-40)

大腸菌の定常期における過酸化水素耐性に関与する PhoB レギュロンの機能未知遺伝子 *ytfK*

○岩館佑未、植木 晃弘、加藤 潤一

首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻

3O1-08 (2P-42)

シアノバクテリア *Anabaena* sp. PCC 7120 におけるヘテロシスト分化にともなう窒素固定能の発現制御機構

○小池洋輔

首都大学東京

《バイオインフォマティクス》 11:06~11:54

3O1-09

ゲノムワイド関連解析による水平伝達に由来しカルバペネム耐性株に広く保存された細胞表面接着因子の発見

○矢原耕史、鈴木 仁人、柴山 恵吾

国立感染症研究所細菌第二部

3O1-10 (2P-45)

Anammox 活性を有する微生物叢のメタゲノム解析

○福原康平¹⁾、村上由夏¹⁾、荒井渉²⁾、豊田敦³⁾、小椋義俊⁴⁾、林哲也⁴⁾、黒川顕³⁾、諏訪裕一¹⁾、高見英人²⁾

1) 中央大学 生命科学専攻、2) 海洋機構・資源、3) 遺伝研・生命情報、4) 九州大院・医

3O1-11

Genome Identifier: ゲノム情報を用いた系統解析ツール

○堀池徳祐¹⁾、下山祐紀²⁾

1) 静岡大学農学部、2) 静岡大学大学院総合科学技術研究科

3O1-12 (2P-57)

Classifying metagenomic reads using Centrifuge, GenomeSync and Genome Search Toolkit

○Kryukov Kirill、Mitsubishi Satomi、Nakagawa So、Watanabe Nobuo、Inoue Shigeaki、Imanishi Tadashi

Tokai University School of Medicine