

シンポジウム

※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。

3月5日 16:25-18:25

S-1

細菌異物排出トランスポーターの機能を探る

西野邦彦

大阪大学・産業科学研究所

S-2

抗生物質ホルミシスの分子生物学的機構の理解と放線菌の二次代謝研究への応用

○保坂 毅*1, 越智 幸三*2

*1 信州大・先鋭領域融合研究群, *2 広工大・生命学部

S-3

農業害虫から見つかったオルガネラ様防衛共生体

中鉢 淳

豊橋技科大・EIIRIS

S-4

アーキアにおける特異なペントース代謝機構

○跡見晴幸、青野陸、法土咲菜恵、吉井祐太、佐藤喬章

京大院工・合成・生化、JST

ランチョンセミナー

3月4日 12:30-13:15

東北大地震の被津波土壤に生息する微生物のゲノム解析及びメタゲノム解析

平岡聡史

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（岩崎研究室）

Sponsored by トミーデジタルバイオロジー株式会社

3月5日 12:40-13:25

微生物ゲノム・メタゲノム解析サービス最新トピックのご紹介

上村 泰央

株式会社ジナリスオミックス

Sponsored by 株式会社ジナリスオミックス

口頭発表

※イタリック・上付文字・下付文字等は反映されておりません。

3月4日 9:00-10:36

《ゲノムの構造と進化 / ゲノム情報の活用、ゲノム育種》

101-1 (1P-02)

NIES シアノバクテリアの完全ゲノム解析

○広瀬 侑*1 藤澤 貴智*2 大坪 嘉行*3 片山 光徳*4 三澤 直美*1 若月 幸子*1 志村 遥平*5
中村 保一*2 河地 正伸*5 吉川 博文*6 浴 俊彦*1 兼崎 友*6

*1 豊橋技科大・環境生命/EIIRIS *2 国立遺伝研 *3 東北大・生命科学 *4 日本大・生産工学 *5 国立環境研 *6
東京農大・バイオサイエンス

101-2 (1P-08)

ミトコンドリアおよび葉緑体ゲノム進化のダイナミクス -遺伝子移動とゲノム構造に着目して-

○谷藤 吾朗*1 John Archibald*2 橋本 哲男*1

*1 筑波大学 生命環境系 *2 Dalhousie University (Canada)口頭発表

101-3 (1P-03)

溶菌酵素の生産者 *Lysobacter enzymogenes* のゲノム解析

○高見 英人*1 豊田 敦*2 内山 郁夫*3 伊藤 武彦*4 高木 義弘*1 荒井 渉*1 西 真朗*1
河合 幹彦*1 池田 治生*5

*1 海洋機構 *2 遺伝研・比較ゲノム *3 基生研・比較ゲノム *4 東工大・生命理工 *5 北里大院・感染学府

101-4 (1P-21)

BLSOM 解析による微生物の南極環境への適応戦略の解明

○阿部 貴志*1 中道 真喜*1 吉田 淳一郎*1 仁木 宏典*2 馬場 知哉*3

*1 新潟大工 *2 遺伝研 *3 新領域融合セ

101-5 (1P-14)

エピゲノムとゲノムは独立に進化できるか?

○小島 健司*1*2*3 古田 芳一*1*2 矢原 耕史*1*2*4 福世 真樹*1*2 志波 優*5 西海 信*6
吉田 優*6 東 健*6 吉川 博文*5*7 小林 一三*1*2

*1 東大・院新領域 *2 東大・医科研 *3 GIRI *4 久留米大・バイオ統計セ *5 東農大・ゲノム *6 神戸大・医
*7 東農大・応生

101-6 (1P-22)

An evolutionary trade-off between growth and sustainability accompanied by ribosomal damages

○應 蓓文*1 本田 朋也*2 津留 三良*3 瀬尾 茂人*3 松田 秀雄*3 数田 恭章*4 四方 哲也*3*4

*1 筑波大・生命環境 *2 UCSD *3 阪大院・情報 *4 JST・ERATO

101-7 (1P-72)

超好熱アーキア *Thermococcus kodakarensis* における 2-オキソ酸：フェレドキシン酸化還元酵素パラログの機能解析

○野原 健太*1 中村 聡*1 今中 忠行*2 福居 俊昭*1

*1 東工大院・生命理工・生物プロセス *2 立命館大院・生命科学・生物工学

101-8 (1P-68)

ゲノム比較から紐解くバクテリオクロフィル生合成系の新機軸

○塚谷 祐介*1*2 原田 二郎*3 野亦 次郎*4 山本 治樹*4 藤田 祐一*4 溝口 正*5 民秋 均*5

*1 東工大・地球生命研究所 *2 JST・さきがけ *3 久留米大・医化学 *4 名大院・農 *5 立命館大院・生命科学

3月4日 10:40-12:16

《遺伝子の発現制御 / 真核微生物》

102-1 (1P-61)

窒素飢餓環境に対するシアノバクテリアの生存戦略の比較解析

○得平 茂樹*1

*1 首都大・生命

102-2 (1P-60)

非窒素固定性シアノバクテリアにおける **CnfR** 制御を利用した窒素固定遺伝子群の発現

辻本 良真*1 小谷 弘哉*1 ○藤田 祐一*1

*1 名大・院生命農

102-3 (1P-42)

Class III LitR を有する **Burkholderia** 属細菌の光応答制御メカニズムの解析

○角 悟*1 上田 賢志*1 高野 英晃*1

*1 日本大学生物資源科学部生命科学研究センター

102-4 (1P-31)

H-NS ファミリータンパク質 **TurB** の二量体/多量体形成機構

○水口 千穂*1 川妻 孝平*1 松澤 淳*1 ヴァシレヴァ デリアナ*1 藤本 瑞*2 寺田 透*3*4

岡田 憲典*1 野尻 秀昭*1*4

*1 東大・生物工学セ *2 農生資研 *3 東大院農生科・応生工 *4 東大院農生科・アグリバイオ

102-5 (1P-30)

Post-transcriptional regulation of acetyl phosphate pathway by 3'UTR of TCA cycle mRNA

○Masatoshi Miyakoshi*1

*1 Akita Prefectural University

102-6 (1P-33)

転写の細胞周期変動を保証する **DnaA** 活性型特異的な転写抑制/促進機構

○松本 健佑*1 末次 正幸*1

*1 立教大・理・生命理

102-7 (1P-64)

大型二本鎖 **DNA** ウイルスの感染過程の解析

○植木 尚子*1

*1 岡山大・資植研

102-8 (2P-22)

真菌の温度応答関連因子 **Trj** ファミリータンパク質の構造と機能

岡本 尚*1 ○仁木 宏典*1

*1 国立遺伝学研究所

3月4日 15:40-17:16

《細胞増殖と分化の分子機構 / その他》

103-1 (2P-09)

枯草菌におけるリボソームダイマーの形成と利用

○赤沼 元気*1 加増 祐加*1 前橋 真利江*1 田上 和美*1 矢野 晃一*1 鈴木 祥太*1 河村 富士夫*1

*1 立教大学理学部生命理学科

103-2 (2P-08)

枯草菌(p)ppGpp 合成遺伝子欠損株を用いた栄養状態に応じた新規 **GTP** 制御機構の解析

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

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

103-3 (2P-03)

バクテリアアクチンが制御する細胞極性

川面 拓真*1 小島 広樹*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 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター

103-4 (2P-04)

磁性細菌ゲノムに保存されたアクチン様細胞骨格蛋白質 MamK によるマグネトソーム配置調節

○田岡 東*1*2 清河 文子*3 上杉 知佳*3 福森 義宏*1

*1 金沢大・理工・自然システム *2 金沢大・理工・バイオ AFM *3 金沢大院・自然科学

103-5 (2P-16)

核様体因子 IHF による複製開始制御ゲノム因子の統合制御

○片山 勉*1 加生 和寿*1 大島 拓*2

*1 九大院・薬・分子生物 *2 奈良先端大・バイオ

103-6 (2P-05)

細菌の細胞の大きさはどのようにして制御されるか

○加藤 節*1 Manuel Campos*2*3 Ivan V. Surovtsev*2*3 Ahmad Paintdakhi*2*3 Bruno Beltran*1*2*3 Sarah E. Ebmeier*1*2 Christine Jacobs-Wagner*1*2*3*4

*1 Yale University, MCDB *2 Yale University, MSI *3 Yale University, HHMI *4 Yale University, Microbial Pathogenesis

103-7 (2P-81)

大腸菌の酸化ストレス耐性に関与する *ibs-sib Toxin-Antitoxin* システムの解析

○富永 賢人*1 橋本 昌征*1 萩原 進*1 高木 光*1 加藤 潤一*1

*1 首都大院・理工・生命

103-8 (2P-77)

塩基切り出し型制限酵素とそのピロリ菌内進化

○福世 真樹*1*2*3 中野 敏彰*4 小島 健司*1 Yingbiao Zhang*1 古田 芳一*1 石川 健*1 松井(渡部) 美紀*1 矢野 大和*1 濱川 剛士*4 井出 博*4 小林 一三*1

*1 東大院・新領域 *2 総研大・先端科学 *3 千葉大院・医 *4 広大院・理

3月4日 17:20-18:44

《病原微生物 / 環境微生物》

104-1 (1P-82)

Ⅲ型分泌 ATPase の構造と機能の相関による作用メカニズム考察

○加藤 淳也*1 Jorge Galan*1

*1 イェール大・細菌感染

104-2 (2P-61)

サンゴと共生藻の相互作用をトランスクリプトームから読み解く

○丸山 徹*1 伊藤 通浩*2 若王子 智史*1 新里 宙也*3 藤村 弘行*4 中野 義勝*5 須田 彰一郎*4 竹山 春子*1*2

*1 早大院・生命医科 *2 早大・ナノ理工 *3 OIST・マリングゲノミックス *4 琉大・理 *5 琉大・熱帯生物圏研究センター

104-3 (2P-51)

比較メタゲノム解析による日本人腸内細菌叢の特徴解明

○西嶋 傑*1 須田 互*1*2 大島 健志朗*1 金 錫元*3 広瀬 侑*4 飯岡 絵里香*1 進藤 智絵*1 山下 直子*1 黒川 李奈*1 森田 英利*5 服部正平*1*6

*1 東大院・新領域 *2 慶應大・医 *3 理研・IMS *4 豊橋技大・工 *5 岡山大・環境 *6 早大・理工

104-4 (2P-53)

長野県白馬地域の蛇紋岩熱水系における微生物生態系の解明

○西山 依里*1 森 宙史*1 黒澤 晋*1 東 光一*1 須田 好*1 丸山 史人*2 上野 雄一郎*1
大森 聡一*3 丸山 茂徳*1 豊田 敦*4 太田 啓之*1 藤山 秋佐夫*4 本郷 裕一*1 黒川 顕*1

*1 東工大 *2 京大 *3 放送大 *4 遺伝研

104-5 (2P-54)

Synthetic spike-in controls for 16S-Seq based microbiome profiling

○Dieter Turlousse*1 Akiko Ohashi*1 Satowa Yoshiike*1 Satoko Matsukura*1 Norihisa Matsuura*1
Naohiro Noda*1 Yuji Sekiguchi*1

*1 National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST), Biomedical Research Institute,
Tsukuba, Ibaraki 305-8566, Japan

104-6 (2P-57)

国内初の新規ミミウイルス科・マルセイユウイルス科「巨大ウイルス」についての報告

○武村 政春*1*2 室野 晋吾*2

*1 東京理科大学・理学部第一部・教養学科 *2 東京理科大学・院・科学教育

104-7 (2P-60)

リサイクル活動による大腸菌細胞集団の飢餓耐性のモデル化

○高野 壮太郎*1 Bogna J. Pawlowska*2 Ivana Gudelj *2 津留 三良*1

*1 大阪大学 情報科学研究科 *2 University of Exeter, Biosciences

3月5日 9:00-10:24

《バイオインフォマティクス / 方法論》

205-1 (2P-30)

ヒト腸内細菌オミックスデータを用いた超早期大腸がんマーカーの探索

○西本 悠一郎*1 水谷 紗弥佳*2 伊東 泰雄*3 谷内田 真一*4 山田 拓司*5

*1 東工大・生命情報 *2 東工大・生命情報 *3 東工大・生命情報 *4 がんセンター *5 東工大・生命情報

205-2 (2P-25)

微生物統合データベース MicrobeDB.jp の検索システムの高度化と新解析パイプライン

○森 宙史*1 藤澤 貴智*2 千葉 啓和*3 山本 希*4 内山 郁夫*3 菅原 秀明*2 中村 保一*2
黒川 顕*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 遺伝研 *3 基生研 *4 東工大・地球生命研

205-3 (2P-31)

ITS 配列解析による P. acnes 株群集構造解析

○渡邊 日佳流*1 森 宙史*1 黒川 顕*1*2 山田 拓司*1

*1 東工大・院・生命理工 *2 東工大・ELSI

205-4 (2P-32)

エボラ・インフルエンザウイルスの方向性のあるゲノム配列変化

和田 佳子*1*2 和田 健之介*1 岩崎 裕貴*1 金谷 重彦*2 ○池村 淑道*1

*1 長浜バイオ大学 *2 奈良先端大

205-5 (2P-35)

次世代シーケンサーを使った病原菌タイピングツール

○宮本 真理*1 斎藤 賢治*1

*1 株式会社キアゲン

205-6 (2P-37)

低コスト・高精度なバクテリアゲノム配列構築手法の開発

○梶谷 嶺*1 小椋 義俊*2 林 哲也*2 伊藤 武彦*1

*1 東京工業大学 *2 九州大学

205-7 (2P-68)

宿主病徴に依存しない網羅的 RNA ウイルスゲノム決定手法の確立

○浦山 俊一*1 吉田 (高島) ゆかり*2 高木 善弘*1*2 高井 研*2 布浦 拓郎*1

*1 JAMSTEC 海洋生命理工学研究開発センター *2 JAMSTEC 深海・地殻内生物圏研究分野