

一般演題

口頭発表

3月5日(月)

口頭発表 1

- 13:00～14:12 1.ゲノムの構造と進化-1:101-01～06
14:12～14:24 6.真核微生物:101-07
14:24～15:00 7.病原微生物:101-08～10
15:00～15:24 10.方法論:101-11～12

3月6日(火)

口頭発表 2

- 9:30～10:42 1.ゲノムの構造と進化-2:201-01～06
10:42～11:30 5.細胞増殖と分化の分子機構:201-07～10

口頭発表 3

- 13:50～14:26 4.合成生物学:202-01～03
14:26～15:50 9.環境微生物:202-04～10

3月7日(水)

口頭発表 4

- 13:55～14:43 2.遺伝子の発現制御:301-01～04
14:43～15:31 5.細胞増殖と分化の分子機構:301-05～08
15:31～16:19 8.バイオインフォマティクス:301-09～12

一般口頭発表

※演題番号横の「○」ポスター賞応募演題です

◆ 3月5日(月)

≪1.ゲノムの構造と進化-1≫ 13:00~14:12

101-01

全自動培養システムを用いた多種ストレス環境下における大腸菌の大規模実験室進化

○前田智也¹⁾、堀之内貴明¹⁾、阪田奈津江¹⁾、小谷葉月¹⁾、酒井亜希¹⁾、田邊久美¹⁾、古澤力^{1) 2)}

1) 理化学研究所 生命システム研究センター、2) 東京大学 理学系研究科 物理学専攻

101-02

タンパク質の進化速度における進化的制約の持続性

○津留三良¹⁾、芝井厚²⁾、堀之内貴明³⁾、古澤力³⁾

1) 東京大学 理学系研究科、2) 大阪大学 情報科学研究科、3) RIKEN QBiC

101-03 (1P-11) ○

Accelerated laboratory evolution reveals the replication-directed genomic asymmetry in *Escherichia coli*

○河野暢明、富田勝、荒川和晴

慶應義塾大学先端生命科学研究所

101-04

全世代から分離した *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* のゲノム多様性

○小田巻俊孝^{1) 2)}、FrancescaBottacini²⁾、加藤久美子¹⁾、密山恵理¹⁾、吉田圭佑¹⁾、堀米綾子¹⁾、清水金忠¹⁾、Douwévan Sinderen²⁾

1) 森永乳業株式会社 基礎研究所 腸内フローラ研究部、2) APC Microbiome Institute and School of Microbiology, National University of Ireland

101-05

炭疽菌ザンビア分離株の系統分布とゲノム構造

○古田芳一¹⁾、大西なおみ¹⁾、丸山史人²⁾、大崎研³⁾、SquarreDavid⁴⁾、Han g'ombeBernard⁵⁾、東秀明¹⁾

1) 北大・人獣センター、2) 京大・医、3) トミーデジタルバイオロジー株式会社、4) ザンビア野生生物局、5) ザンビア大・獣医

101-06

ピロリ菌多数株ゲノムメチローム解析プロジェクトの現状と展望

○小林一三¹⁾、高橋規子¹⁾、福世真樹²⁾、矢野大和³⁾、矢原耕史⁴⁾、内山郁夫⁵⁾

1) 杏林大学 医学部 感染症学講座、2) 千葉大学 医学部、3) 東北大学 生命科学研究科、4) 国立感染症研究所 薬剤耐性研究センター、5) 基礎生物学研究所

≪6.真核微生物≫ 14:12~14:24

101-07 (1P-31) ○

新旧実験法の融合による、白色腐朽菌ヒラタケにおける効率的な順遺伝学実験系の確立

○中沢威人、伊津野彩子、森本亮太、井鷲裕司、坂本正弘、本田与一

京都大学大学院 農学研究科森林生化学分野

≪7.病原微生物≫ 14:24~15:00

1O1-08

Genome wide assessment of Mycobacterium tuberculosis conditionally essential metabolic pathways.

○港雄介¹⁾、Gohl daryl²⁾、Thiede Joshua¹⁾、Chacon Jeremy³⁾、Harcombe William³⁾、丸山史人⁴⁾、Baughn Anthony¹⁾

1) University Minnesota Medical School, Department of Microbiology and Immunology, 2) University of Minnesota Genomics Center, 3) Biotechnology Institute and Department of Ecology, Evolution and Behavior, University of Minnesota, 4) 京都大学 大学院医学研究科

1O1-9

AI が明らかにした病原性 RNA ウイルスゲノムの方向性と再現性のある変化と薬効性の失われ難い核酸医薬設計

○池村淑道¹⁾、和田健之介¹⁾、和田佳子¹⁾、岩崎裕貴²⁾

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

1O1-10

院内感染疑い事例の全ゲノムシーケンスによる超高解像度分子疫学解析

○後藤恭宏¹⁾、谷口喬子²⁾、吉村大³⁾、桂啓介⁴⁾、佐伯裕二⁵⁾、平原康寿⁵⁾、福田真弓⁵⁾、高城一郎⁵⁾、

小椋義俊¹⁾、伊藤武彦³⁾、三澤尚明^{2) 6)}、岡山昭彦^{5) 7)}、林哲也¹⁾

1) 九州大院・医、2) 宮崎大・農・獣医、3) 東京工業大・生命理工、4) 宮崎大・フロンティア、5) 宮崎大・附属病院・感染制御、6) 宮崎大・CADIC、7) 宮崎大・医

≪10.方法論≫ 15:00~15:24

1O1-11

逆転写酵素を用いたトランスポゾン変異株ライブラリーの定量的解析手法の確立

○大坪嘉行、佐々木春菜、永田裕二、津田雅孝

東北大学大学院生命科学研究所

1O1-12 (1P-51) ○

多断片集積と増幅による長鎖環状 DNA の試験管内合成法

○倉田竜明、末次正幸

立教大学 理学部 生命理学科

◆ 3 月 6 日 (火)

≪1.ゲノムの構造と進化-2≫ 9:30~10:42

2O1-01 (1P-08) ○

クロロフィル *d*をもつシアノバクテリア *Acaryochloris marina* の橙色光への順化・適応機構の解析

○樫本友則¹⁾、兼崎友^{2) 3)}、佐藤繭子⁴⁾、渡邊麻衣⁵⁾、渡辺智⁶⁾、豊岡公德⁴⁾、池内昌彦⁵⁾、成川礼¹⁾

1) 静岡大学 大学院 総合科学技術研究科 理学専攻、2) 静岡大学 グリーン科学技術研究所、3) 東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター、4) 理化学研究所 環境資源科学研究センター、5) 東京大学 大学院 総合文化研究科 広域科学専攻、6) 東京農業大学 生命科学部 バイオサイエンス学科

2O1-02

網羅ゲノムシーケンスによるシアノバクテリアの補色応答の多様性の解析

○広瀬侑¹⁾、米川千夏¹⁾、藤澤貴智²⁾、志村遥平³⁾、兼崎友⁴⁾、渡辺麻衣⁵⁾、中村保一²⁾、河地正伸³⁾、

池内昌彦⁵⁾、浴俊彦¹⁾

1) 豊橋技術科学大学 環境・生命工学系、2) 国立遺伝学研究所、3) 国立環境研究所、4) 静岡大学・グリーン科学技術研究所、5) 東京大学・院・総合文化

201-03

シアノバクテリアにおける窒素固定遺伝子の進化

○堀池徳祐、渡邊知輝

静岡大学農学部

201-04

アーキアのヒストンの分布はアーキアのゲノム塩基組成と関連している

○西田洋巳、大島拓

富山県立大学 工学部 生物工学科 応用生物情報学講座

201-05 (1P-10) ○

人為的 IS 誘導が枯草菌 168 株に与える影響の解析

○徳山麻里^{1) 2)}

1) 東京農業大学大学院 農学研究科 バイオサイエンス専攻、2) ゲノム解析センター

201-06 (1P-12) ○

放線菌において見出した新規 DNA ミスマッチ修復機構の解析

○竹本訓彦¹⁾、沼田格²⁾、末次正幸²⁾、秋山徹¹⁾

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) 立教大学 理学部 生命理学科

≪5.細胞増殖と分化の分子機構≫ 10:42~11:30

201-07

大腸菌染色体の複製開始に対する新たな制御システム：DnaB ヘリカーゼ装着を標的とする新規因子

野口泰徳^{1) 2)}、○片山勉¹⁾

1) 九州大学 大学院薬学研究院 分子生物薬学分野、2) (現) 英国 Imperial College London

201-08 (1P-30) ○

枯草菌の染色体の分離における rRNA 遺伝子の役割

○矢野晃一、仁木広典

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

201-09 (1P-28) ○

The ubiquitous bacterial second messenger cyclic di-GMP drives chromosome replication in the asymmetrically dividing bacterium *Caulobacter crescentus*

○尾崎省吾^{1) 2)}、Lori Christian²⁾、Jenal Urs²⁾

1) 九州大学 薬学研究院 分子生物薬学分野、2) Biozentrum, University of Basel

201-10

細胞成長に伴うゲノムコピー数の増加とその制御機構

○大林龍胆¹⁾、中町愛²⁾、渡辺智²⁾、吉川博文²⁾、宮城島進也¹⁾

1) 国立遺伝学研究所 共生細胞進化研究部門、2) 東京農業大学 応用生物科学部 バイオサイエンス学科

≪4.合成生物学≫ 13:50~14:26

2O2-01

シアノバチルス 1.0 に学ぶゲノム合成への道

○板谷光泰

慶應大学先端生命科学研究所

2O2-02 (2P-23) ○

ミニマムゲノム細菌の遺伝子機能解明に向けた CRISPRi による遺伝子ノックダウン系の開発

○柿澤茂行^{1) 2)}、田中一己^{1) 3) 4)}、Yo Suzuki¹⁾

1) Synthetic Biology Group, J. Craig Venter Institute、2) 産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門、
3) 慶應義塾大学 先端生命科学研究所、4) 慶應義塾大学 環境情報学部

2O2-03

フィコビリソームの人工改変による細胞の色調制御

○渡辺智¹⁾、川口毅¹⁾、渡辺麻衣²⁾、池内昌彦²⁾、成川礼³⁾

1) 東京農業大学 生命科学部、2) 東京大学 大学院総合文化研究科、3) 静岡大学 理学部

≪9.環境微生物≫ 14:26~15:50

2O2-04

環境オミックス解析によるソルガム根の窒素固定 Bradyrhizobium 属細菌の同定

原新太郎¹⁾、森川峻志¹⁾、新井沙和¹⁾、笠原康裕²⁾、小柴太一³⁾、山崎清志⁴⁾、藤原徹⁴⁾、徳永毅³⁾、○南澤究¹⁾

1) 東北大学大学院生命科学研究科地圏共生遺伝生態分野、2) 北海道大学低温科学研究所、3) 株式会社アース
ノート、4) 東京大学大学院農学生命科学研究科

2O2-05 (2P-53) ○

日本酒の発酵スターターと、製造から製品化におけるバクテリア DNA 多様性

○寺嶋桃香¹⁾、福山明香利¹⁾、宮川沙也加¹⁾、山田雅人²⁾、西田洋巳¹⁾

1) 富山県立大学 工学部 生物工学科 応用生物情報学講座、2) 成政酒造株式会社

2O2-06 (2P-57) ○

シロアリ腸内原生生物の核内に共生する未培養 Verrucomicrobia 門細菌の多様性とゲノム解析

○名倉有一

東京工業大学大学院 生命理工学院 生命理工学系 生命理工学コース

2O2-07 (2P-61) ○

大型藻類を対象とした RNA ウイルスの網羅的探索

○千葉悠斗^{1) 2)}、外丸裕司⁴⁾、木村圭⁶⁾、島袋寛盛⁵⁾、高木善弘¹⁾、平井美穂¹⁾、浦山俊一^{1) 7)}、布浦拓郎^{1) 3)}

1) 国立研究開発法人海洋研究開発機構 生命理工学研究開発センター 生命機能研究グループ、2) 公立大学法
人横浜市立大学 国際総合科学部 理学系 生命環境コース、3) 公立大学法人横浜市立大学 大学院 生命ナ
ノシステム科学研究科 生命環境システム科学専攻、4) 国立研究開発法人 水産研究開発・教育機構 瀬戸内
海区水産研究所 環境保全研究センター 有害・有毒藻類グループ、5) 国立研究開発法人 水産研究開発・教育
機構 瀬戸内海区水産研究所 生産環境部藻場生産グループ、6) 国立大学法人佐賀大学 低平地沿岸海域研究
センター、7) 国立大学法人筑波大学生命環境系 糸状菌相互応答講座

2O2-08 (2P-67) ○

マーモセット腸内細菌叢のメタトランスクリプトーム解析

○上原美夏¹⁾、小湊みのり¹⁾、長谷純崇¹⁾、井上貴史²⁾、佐々木えりか²⁾、豊田敦³⁾、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、3) 国立遺伝学研究所生命情報研究センター

202-09 (2P-55) ○

PacBio Sequel を用いた琵琶湖水圏微生物のメタゲノム・メタエピゲノム解析

○平岡聡史¹⁾、岡崎友輔²⁾、中野伸一²⁾、岩崎渉^{1) 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) 京大大学生態学研究センター、3) 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻

202-10 (2P-59) ○

細菌のヒト常在能力の解明

○渡邊日佳流、鈴木真也、山田拓司

東京工業大学 生命理工学院 生命理工学系

◆ 3月7日(水)

≪2.遺伝子の発現制御≫ 13:55~14:43

301-01 (2P-10) ○

Class III LitR の光感知におけるシステイン残基の役割

○角悟、高野(白鳥)初美、上田賢志、高野英晃

日本大学 生物資源科学部 生命科学研究所

301-02

Pseudomonas 属細菌のクラス II LitR を介した光応答メカニズム

丸山貴史¹⁾、小林暢¹⁾、角悟¹⁾、高野(白鳥)初美¹⁾、兼崎友²⁾、吉川博文³⁾、上田賢志¹⁾、○高野英晃¹⁾

1) 日大・生物資源生命研、2) 東農大・生物資源ゲノム解析セ、3) 東農大・生命科

301-03

ダイズ根粒菌の PHB 蓄積制御を司る PhaR の多面的遺伝子発現調節

○吉田健一、田中耕生、石川周、近藤隆彦

神戸大学 大学院 科学技術イノベーション研究科

301-04 (2P-12) ○

枯草菌における集団の一部を犠牲にしたメンブランベシクル生産

○山本達也、豊福雅典、野村暢彦

筑波大学生命環境系

≪5.細胞増殖と分化の分子機構≫ 14:43~15:31

301-05 (2P-26) ○

RodZ タンパク質は細胞分裂面で MreB アクチンと FtsZ チューブリンを協調させる

○吉井佑介¹⁾、阿合理沙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

301-06

グラム陽性細菌における孢子形成期特異的な遺伝子再編成の普遍性と分子メカニズム

○安部公博¹⁾、高橋匠²⁾、清水慎哉²⁾、高松拓夫³⁾、津田嵩平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 生命科学部 生命機能学科、3) 法政大学院 理工学研究科

3O1-07 (2P-28) ○

大腸菌の定常期における酸化ストレス耐性に関与する遺伝子群の遺伝学的解析

○岩館佑未、植木晃弘、原田京香、船迫紀之、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

シアノバクテリアにおける多様な分化細胞を生み出す分子機構の解明

○得平茂樹、肥田真太郎

首都大学東京理工学研究科生命科学専攻

《8. バイオインフォマティクス》 15:31~16:19

3O1-09

ゲノム配列および反応データベースを用いた有用物質生産の主要バクテリア宿主の代謝モデル構築

○厨祐喜¹⁾、大山彰²⁾、荒木通啓^{1) 3)}

1) 神戸大学大学院 科学技術イノベーション研究科、2) インシリコバイオロジー株式会社、3) 京都大学 医学研究科 臨床システム腫瘍学

3O1-10

メタノール利用反応を含む糖質代謝モデルネットワークにおけるメタノールからグルコースへの経路の検討

○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

3O1-11 (2P-34) ○

Network analysis reveals the relationship between eukaryotic viruses and the biological carbon pump

○金子博人、ブランマチュー ロマン、遠藤寿、緒方博之

京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター

3O1-12 (2P-36) ○

メタゲノム解析からあきらかになった滋賀県伝統発酵食品鮎寿司の細菌と真菌のインタラクトーム

○鎌田恵輔、後藤由佳、市川涼太、嶺井隆平

長浜バイオ大学 学生活動 iGEM Nagaha