

招待講演 及び 口頭発表 プログラム

■ 3月5日(木曜日)

セッション5-1 遺伝子探索・解析

13:00-13:30 5101 (招待講演)

黒麹菌 *Aspergillus awamori* のゲノム解析と比較ゲノム解析

町田雅之^{1,2}、小池英明^{1,2}、山田修³、神野浩二⁴、堀川博司⁴、細山哲⁴、塚原正俊^{5,2}、照屋盛実^{6,2}、喜久里育也^{7,2}、藤森一浩^{1,2}、今田有美^{5,2}、鼠尾まい子^{5,2}、和地陽二^{7,2}、佐藤友紀^{7,2}、三輪友希乃^{5,2}、矢野修一^{5,2}、河原林裕^{1,2}、服部貴澄⁸、佐野元昭⁹、玉野孝一¹、福田和郎¹⁰、安原貴臣¹⁰、比嘉賢一⁶、大箸信一⁹、桐村光太郎⁸、有田正規¹¹、浅井潔¹¹、阿部敬悦¹²、五味勝也¹²、石川雄章¹³、三上重明³、仲宗根薫¹⁴、藤田信之⁴、平野隆^{1,2}

¹産総研、²沖縄先端ゲノム、³酒総研、⁴製品評価、⁵トロピカルテクノセンター、⁶沖縄工技センター、⁷沖縄科技振センター、⁸早稲田・理工、⁹金沢工大、¹⁰アサヒビール、¹¹東京大院・新領域、¹²東北大院・農、¹³醸造協会、¹⁴近畿大

13:30-14:00 5102 (招待講演)

微生物に見出されたメナキノン新規合成経路の解明

平塚知成¹、降旗一夫²、石川 淳³、山下治之⁴、伊藤伸哉¹、瀬戸治男⁵、○大川 徹¹

¹富山県立大学、²東京大学、³国立感染症研究所、⁴(株)ADEKA、⁵東京農業大学

14:00-14:15 5103

エピジェネティックなゲノム・メチル化に対する防御としての利他的な死：メチル特異的 DNA 切断酵素の新たな役割

福田江里^{1,2}、Katarzyna H. Kaminska³、Janusz M. Bujnicki³、○小林一三^{1,2}

¹東大・新領域・メディカルゲノム専攻、²東大・医科研、

³International Institute of Molecular and Cell Biology、Warsaw、Poland

14:15-14:30 5104

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB 8 の DNA 修復系および RNA 分解系

○増井良治^{1,2}、福井健二²、若松泰介³、石川大仁¹、新海暁男²、中川紀子^{1,2}、倉光成紀^{1,2,3}

¹大阪大学大学院理学研究科、²理化学研究所放射光科学総合研究センター、

³大阪大学大学院生命機能研究科

14:30-14:45 5105

マイクロシスチン合成遺伝子クラスターで見出された遺伝子多様性解析

○西澤智康¹、西澤明人²、野口貴彦³、朝山宗彦¹、原田健一⁴、白井誠¹

¹茨城大学農学部、²茨城大学大学院理工学研究科VBL、³鯉淵学園農業栄養専門学校、

⁴名城大学薬学部

14:45-15:00 5106

大腸菌における翻訳と複製の遺伝的ネットワーク

○中屋敷徹¹、森浩禎¹

¹奈良先端科学技術大学院大学

ポスター発表 (偶数) 15:00-16:30

セッション5-2 ゲノム解析

16:30-16:45

5201

海洋植物プランクトンに感染するウイルスのゲノム性状

○外丸裕司¹、白井葉子¹、高尾祥丈²、水本祐之³、長崎慶三¹

¹水産総合研究センター瀬戸内海区水産研究所、²福井県立大学、³東京大学

16:45-17:00

5202

*Acytostelium*属細胞性粘菌のゲノム・cDNA解析

○漆原秀子¹、桑山秀一¹、鹿兒島浩²、新井理²、大石加寿子²、伊藤武彦³、谷口丈晃³、内今日子¹、黒木陽子⁴、小原雄治²、藤山秋佐夫⁵

¹筑波大学、²国立遺伝研、³三菱総研、⁴理研基幹研、⁵国立情報研

セッション5-3 メタゲノム解析

17:00-17:15

5301

メタEST情報から推定したイエシロアリ腸内原生物の主要代謝経路とその特徴

○井上潤一^{1,2}、野田悟子¹、宇井定春²、大熊盛也¹

¹理研環境分子、²山梨大院医工

17:15-17:30

5302

ゲノム解析が明らかにしたシロアリ腸内原生物細胞内共生細菌の空中窒素固定能

○本郷裕一¹、Vineet K. Sharma^{2,3}、Tulika Prakash^{2,3}、榊佳之²、豊田敦^{2,4}、服部正平^{2,5}、大熊盛也¹

¹理化学研究所・基幹研究所・環境分子分解科学研究チーム、

²理化学研究所・ゲノム科学総合研究センター、

³理化学研究所・基幹研究所・メタシステム解析チーム、⁴国立遺伝学研究所・比較ゲノム解析研究室、

⁵東京大学大学院新領域・創成科学研究科・情報生命科学専攻

17:30-17:45

5303

金山地下熱水環境に優占する未培養好熱性*Crenarchaeota*のmetagenomicsによる全ゲノム解析

○布浦拓郎¹、角太淳吾¹、西真郎¹、菅原潤一^{2,3}、風間宏美¹、松井里美¹、金井昭夫^{2,3}、高井研¹、高木善弘¹、高見英人¹

¹海洋研究開発機構・極限環境生物圏研究センター、²慶大・先端生命研、

³慶大・政策メディア・先端生命

17:45-18:00

5304

機能性メタゲノム解析により明らかにされた環境中の芳香環分解遺伝子の実態

○末永光¹、小山芳典¹、宮崎亮²、宮腰昌利²、矢野大和²、曾田匡洋³、津田雅孝²、宮崎健太郎¹

¹産業技術総合研究所 生物機能工学研究部門、

²東北大学大学院 生命科学研究科 生態システム生命科学専攻、

³Department of Biological Sciences, University of Idaho

18:00-18:15

5305

環状DNA増幅法およびcell-free cloning法の開発

○高橋宏和¹、山本公子²、大谷敏郎¹、杉山滋¹

¹食総研・ナノバイオ工学ユニット、²生物研・昆虫ゲノム

18 : 15-18 : 30 5306

Pre-amplified inverse PCRを用いた環境試料からの新規エステラーゼ遺伝子の取得

○寺原 猛^{1,3}、山田 一隆²、常田 聡¹、原山 重明^{3,4}

¹早大・先進理工・生命医科学、²日鉄環境エンジ、³NITE・バイオ、⁴中央大・理工・生命科学

日本ゲノム微生物学会評議員会 18 : 40-20 : 00

■ 3月6日 (金曜日)

セッション6-1 細胞表層と形態

- 9 : 00-9 : 30 6101 (招待講演)
バクテリアの細胞形態はどうやって決まるのか? ~細胞長を制御する細胞骨格性因子について~
○仁木 宏典¹
¹国立遺伝学研究所 情報・システム研究機構

セッション6-2 転写制御

- 9 : 30-9 : 45 6201
pCAR 1 を有することが宿主である*Pseudomonas*属細菌に鉄欠乏を生じさせる
○新谷政己¹、高橋裕里香¹、徳丸裕樹¹、門田幸二²、原啓文³、宮腰昌利¹、西田洋巳²、山根久和¹、野尻秀昭^{1,2}
¹東大・生物工学セ、²東大院農・アグリバイオ、³岡山理大・生医工
- 9 : 45-10 : 00 6202
シアノバクテリアと大腸菌RNA polymerasesの機能比較から見る転写のfidelity維持機構
○今清水正彦¹、嶋本伸雄¹
¹国立遺伝学研究所
- 10 : 00-10 : 15 6203
Control of RNA polymerase dynamics by GreA in *B.subtilis*.
○楠屋 陽子¹、大島 拓¹、石川 周¹、黒川 顕¹、小笠原 直毅¹
¹奈良先端科学技術大学院大学

休憩

- 10 : 30-10 : 45 6204
Genomic SELEXを用いた大腸菌転写因子LeuOの転写制御機構解析
○島田友裕^{1,2}、山本兼由^{1,2}、石浜明^{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法政大学生命機能学部
- 10 : 45-11 : 00 6205
Anabaena sp. PCC 7120のヘテロシスト分化におけるパターン形成の研究
○豊島正和¹、佐々木直文¹、藤原誠¹、佐藤直樹¹
¹東京大学
- 11 : 00-11 : 15 6206
枯草菌をモデルとした新規抗菌薬剤の作用メカニズム解析
○吉田健一¹、熊田祐士¹、芦田均¹
¹神戸大学大学院農学研究科
- 11 : 15-11 : 30 6207
単細胞性シアノバクテリア*Synechococcus elongatus*における暗誘導遺伝子群の解析
○畠山哲央¹、細川徳宗¹、岩崎秀雄¹
¹早大・先進理工・電気情報生命

11:30-11:45

6208

シアノバクテリア *Synechocystis sp.* PCC 6803における光合成電子伝達に依存的な転写因子 PedR の解析

堀内真由美¹、中村絹¹、小島幸治¹、西山佳孝¹、畠山和佳子²、久堀徹²、○日原由香子¹

¹埼玉大・院・理工、²東工大・資源研

Luncheon Seminar- 1

12:00-12:45

High Resolution Strain Characterization Using Whole Genome Optical Mapping (ゲノム全体のオプティカルマッピングによる、高解像度な菌株の特性解析)

Colin Dykes, Ph.D

OpGen Inc.

共催：株式会社エムエステクノシステムズ

セッション6-3 環境・ストレス応答

13:00-13:30

6301 (招待講演)

メタン発酵共生系の進化と生存戦略

○渡邊 一哉^{1,2}

¹東京大学先端研、²JST ERATO

13:30-13:45

6302

原始的な真核藻類 *Cyanophora paradoxa* のフィコビリソームの解析

佐藤桃子¹、成川礼¹、○池内昌彦¹

¹東京大学大学院総合文化研究科

13:45-14:00

6303

Quality control of thylakoid membrane proteins by a small heat shock protein under oxidative stress

○Sakthivel, Kollimalai¹、仲本 準¹

¹埼玉大学大学院理工学研究科

14:00-14:15

6304

緑色硫黄細菌 *Chlorobaculum tepidum* におけるチオレドキシソーム標的タンパク質の網羅的解析

松田直美¹、久堀徹²、○井上和仁¹

¹神奈川大学理学部生物科学科、²東京工業大学資源化学研究所

14:15-14:30

6305

シアノバクテリアの翻訳因子 EF-G のレドックス制御

○小島幸治¹、諸田拓哉²、日原由香子¹、本橋健³、畠山和佳子³、久堀徹³、林秀則⁴、西山佳孝¹

¹埼玉大院・理工、²埼玉大・理・分子生物、³東工大・資源研、⁴愛媛大・無細胞センター

14:30-14:45

6306

植物内生細菌 *Azospirillum sp.* B510 のゲノム構造解析

○金子 貴一¹、南澤 究²、佐藤 修正¹、中務 弘基¹、三井 久幸²、川原田 泰之²、中村 保一¹、田畑 哲之¹

¹かずさDNA研、²東北大・院生命

14 : 45-15 : 00 **6307**

植物生息微生物の群集構造に対する根粒共生系の影響

○南澤 究¹、池田成志¹、大久保卓¹、金子貴一²、Lynn Ester E. Rallos¹、江田志摩¹、
三井久幸¹、佐藤 修正²、中村 保一²、田畑 哲之²

¹東北大学大学院生命科学研究科、²かずさDNA研究所

15 : 00-15 : 15 **6308**

改良型汎用RIVET (Recombinant *in vivo* expression technology) による根粒菌共生遺伝子の新規検出

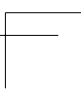
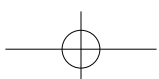
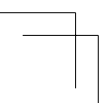
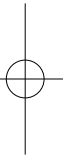
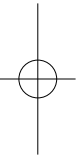
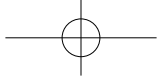
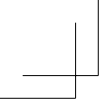
石田英里子¹、三島絵里奈^{1,2}、東未来¹、岡崎伸¹、佐藤修正³、田畑哲之³、○佐伯和彦¹

¹奈良女子大・理、²大阪大・院理、³かずさDNA研

ポスター発表 (奇数) 15 : 15-16 : 45

総会・奨励賞受賞講演 16 : 45-18 : 15

18 : 15-20 : 15 懇親会 (中央大学 5 号館学生食堂)



■ 3月7日(土曜日)

セッション7-1 クロマチン・核様体と遺伝子発現

9 : 15-9 : 45 7101 (招待講演)

ChIP-chip法による大腸菌・枯草菌の核様体タンパク質の研究

大島 拓¹、石川 周¹、Ebru Uyar¹、Onuma Chumsakul¹、戸邊 亨²、黒川 顕³、
○小笠原 直毅¹

¹奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科、²大阪大学大学院医学研究科、
³東京工業大学大学院生命理工学研究科

9 : 45-10 : 00 7102

カビの全ゲノムワイドヌクレオソームマップ解析

○西田洋巳¹、本山高幸²、山本尚吾³、油谷浩幸³、長田裕之²

¹東京大学大学院農学生命科学研究科、²理化学研究所長田抗生物質研究室、
³東京大学先端科学技術研究センター

10 : 00-10 : 15 7103

枯草菌染色体のDnaA結合配列の機能

○奥村元¹、吉村美香¹、石川周¹、小笠原直毅¹

¹奈良先端科学技術大学院大学

10 : 15-10 : 30 7104

超好熱アーキア*Thermococcus kodakaraensis*の染色体高次構造とDNA結合タンパクTK0471の役割

○円山由郷¹、大庭良介²、松見理恵³、岩野さやか¹、跡見晴幸⁴、今中忠行⁵、竹安邦夫¹

¹京都大学・生命科学研究科、²筑波大学・人間総合科学研究科、

³Wageningen Univ. The Netherlands、⁴京都大学・工学研究科、⁵立命館大学・生命科学部

休憩

セッション7-2 ゲノム再編成

10 : 45-11 : 00 7201

高温適応させた大腸菌のゲノム変異およびトランスクリプトーム解析

○イン ベイウエン¹、飯島 玲王²、北原 和樹¹、鈴木 真吾¹、岸本 利彦⁴、小野 直亮¹、
古澤 力^{1,3}、四方 哲也^{1,2,3}

¹阪大院・情報・バイオ情報、²阪大院・生命機能、³ERATO, JST、⁴東洋大・理

11 : 00-11 : 15 7202

位置プロファイル法に基づく海洋性シアノバクテリアのゲノム構造進化の可視化

○佐々木 直文¹、佐藤 直樹¹

¹東京大学大学院 総合文化研究科

セッション7-3 病原微生物

11:15-11:30

7301

次世代シーケンサを用いた感染症のメタゲノミック診断

○飯田 哲也¹

¹大阪大学微生物病研究所 感染症国際研究センター ゲノム病原細菌学

11:30-11:45

7302

タイリングアレイによるらい菌ゲノム全域の網羅的発現解析

○赤間剛¹、鈴木幸一¹、谷川和也¹、川島晃¹、Huhehasi Wu¹、林もゆる¹、石藤雄子¹、石井則久¹

¹国立感染症研究所ハンセン病研究センター生体防御部

Luncheon Seminar- 2

12:00-12:45

司会：服部正平（東京大学大学院新領域創成科学研究科 生命システム観測分野）

次世代シーケンサの可能性

○大島健志朗¹

¹東京大学大学院新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻

沖縄先端バイオ事業で見いだされてきたSOLiDの新たな可能性

○照屋 盛実^{1, 2}、塚原 正俊^{3, 2}、喜久里 育也^{4, 2}、藤森 一浩^{5, 2}、町田 雅之^{5, 2}、河原林 裕^{5, 2}、平野 隆^{5, 2}

¹沖縄県工業技術センター、²沖縄先端ゲノム、³(株) トロピカルテクノセンター、⁴OSTC、⁵産総研

共催 アプライド バイオシステムズ ジャパン株式会社

セッション7-4 バイオインフォマティクス

13:00-13:30

7401 (招待講演)

Structure evaluation using the consensus and quality assessment for protein modeling

寺師玄記¹、酒井博子¹、加納和彦¹、平田朋子¹、竹田一志鷹真由子¹、岩館満雄²、

○梅山秀明¹

¹北里大学薬学部、²中央大学理工学部

13:30-13:45

7402

新代謝経路探索のための化学量論的代謝ネットワーク拡張

○太田潤¹

¹岡山大学

13:45-14:00

7403

一括学習型自己組織化マップ法による全ゲノム・全タンパク質配列を対象にした大規模ボストゲノム解析

○阿部貴志¹、金谷重彦²、池村淑道¹

¹長浜バイオ大学、²奈良先端科学技術大学院大学

14 : 00-14 : 15

7405

GenomeMatcher : 比較ゲノムソフトウェアとその付属機能

○大坪嘉行¹、大坪和香子¹、永田裕二¹、津田雅孝¹

¹東北大学生命科学研究科

14 : 15-14 : 30

7406

大量オーソログデータを用いた原核生物の系統樹解析

○堀池徳祐¹、宮田大輔²、舘野義男³

¹静岡大学 創造科学技術大学院、²千葉商科大学 商経学部、

³国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター

休憩

セッション7-5 データベース

14 : 45-15 : 00

7501

エキスパートがキュレートしたtRNA遺伝子データベース

阿部貴志¹、○池村淑道¹、小原康雄¹、上原啓史¹、中泉友紀¹、平野晋也¹、木ノ内誠²、金谷重彦³、山田優子¹、武藤昱⁴、井口八郎¹

¹長浜バイオ大学、²山形大学、³奈良先端科学技術大学院大学、⁴弘前大学

15 : 00-15 : 15

7502

CyanoBase と RhizoBase : 新型微生物ゲノムデータベース

○中尾光輝¹、金子貴一¹、小原光代¹、岡本忍¹、藤澤貴智¹、田畑哲之¹、中村保一^{1,2}

¹かずさディー・エヌ・エー研究所、²国立遺伝学研究所

15 : 15-15 : 30

7503

Diversity of the Shine-Dalgarno sequence in prokaryotes

○So Nakagawa¹、Yoshihito Niimura²、Jose C. Clemente¹、Kin-ichiro Miura³、Takashi Gojobori¹

¹Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan、
National Institute of Genetics、²Medical Research Institute、
Tokyo Medical and Dental University、³Graduate School of Frontier Sciences、
The University of Tokyo

15 : 30-15 : 45

7504

原核生物由来の可動性遺伝因子の命名法

○津田雅孝¹、A. P. Roberts²、M. Chandler³、P. Courvalin⁴、G. Guedon⁵、
P. Mullany²、T. Pembroke⁶、J. I. Rood⁷、C. J. Smith⁸、A. O. Summers⁹、
D. E. Berg¹⁰

¹東北大学、²University College London、³University of Paul Sabatier、
⁴Institut Pasteur、⁵Nancy University、⁶University of Limerick、⁷Monash University、
⁸East Carolina University、⁹University of Georgia、
¹⁰Washington University School of Medicine

事務局よりのご案内

閉会