

# プログラム

## プログラム

3月7日(日)

招待講演 1 13:30～14:10

座長：林 哲也 宮崎大学

### 比較ゲノム解析から発見されたグラム陰性細菌の新規タンパク分泌機構

中山 浩次 長崎大学大学院医歯薬学総合研究科

口頭発表 01～03 14:10～14:55

座長：内山 郁夫 基礎生物学研究所

- 14:10 口頭発表 01 酢酸菌のゲノム易変異性  
(P-002) 東 慶直 山口大学大学院医学系研究科 ゲノム・機能分子解析分野
- 14:25 口頭発表 02 転写開始点の塩基種に依存した枯草菌の緊縮転写制御ネットワークの解明  
(P-063) 東條 繁郎 福山大学 生命工学部 生物工学科
- 14:40 口頭発表 03 新規情報学的手法によるインフルエンザ A ウイルスの俯瞰的可視化及び  
(P-006) 新規 H1N1 の変化予測  
岩崎 裕貴 長浜バイオ大学

休 憩 14:55～15:05

口頭発表 04～07 15:05～16:05

座長：藤田泰太郎 福山大学

- 15:05 口頭発表 04 次世代シーケンサ SOLiD3 システムを用いた泡盛実用黒麹菌の比較ゲノム解析  
(P-012) 鼠尾まい子 (株)トロピカルテクノセンター
- 15:20 口頭発表 05 バクテリアゲノムのリシーケンスによる変異解析とその問題点  
(P-017) 吉川 博文 東京農業大学 応用生物科学部
- 15:35 口頭発表 06 多数株の種内比較によるゲノム進化ダイナミクス解析  
(P-020) 小林 一三 東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカルゲノム専攻
- 15:50 口頭発表 07 大腸菌における複製と翻訳の遺伝的ネットワーク解析  
(P-094) 中屋敷 徹 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科

休 憩 16:05～16:15

大学院生発表 SO-01～SO-14 16:15～17:00

ポスター発表 17:00～18:50

評議員会 18:00～19:00

3月8日 月

招待講演 2 9:00～9:40

座長：黒川 顕 東京工業大学

新型シーケンサーを用いた解析事例紹介 ―情報処理の現場から―

伊藤 武彦 東京工業大学生命理工学研究科

口頭発表 08～10 9:40～10:25

座長：久原 哲 九州大学

- 9:40 口頭発表 08 プラスミド pCAR1 が宿主細胞の転写ネットワークに与える影響の経時的検出  
(P-103) 高橋裕里香 東大・生物生産工学研究センター
- 9:55 口頭発表 09 シアノバクテリア *Anabaena* sp. PCC 7120 におけるヘテロシスト分化を  
(P-112) 制御する遺伝子ネットワークの解明  
得平 茂樹 中央大・生命科学
- 10:10 口頭発表 10 大規模なゲノム比較のための統合解析環境 RECOG  
(P-028) 内山 郁夫 基礎生物学研究所

休 憩 10:25～10:35

口頭発表 11～14 10:35～11:35

座長：高見 英人 海洋研究開発機構

- 10:35 口頭発表 11 近縁ゲノム間の遺伝子間距離構造から見えるゲノムの構造的進化  
(P-038) 佐々木直文 東京大学総合文化研究科広域科学専攻
- 10:50 口頭発表 12 高温・高圧の地下原油鉱床における固有微生物群とその特性  
(P-042) 山根 國男 食総研
- 11:05 口頭発表 13 Solexa を用いた土壌メタゲノム解析における情報解析  
(P-047) 森 宙史 東京工業大学大学院生命理工学研究科
- 11:20 口頭発表 14 Solexa を用いた土壌メタゲノム解析における情報解析  
(P-050) ～汚染化に伴う菌叢と代謝遺伝子の変動を追う～  
加藤 広海 東北大学大学院生命科学研究科

休 憩 11:35～11:45

入替時間調整 11:45～11:55

ランチョンセミナー □シュ・ダイアグノスティックス 11:55～12:55

---

休 憩 12:55～13:00

---

総 会・研究奨励賞受賞者講演 13:00～14:30

---

休 憩 14:30～14:40

---

口頭発表 15～18 14:40～15:40

座長：南澤 究 東北大学

- 14:40 口頭発表 15 Comparative community gene expression analysis of Aquificales-dominant  
(P-083) geothermal springs  
濱村奈津子 愛媛大学沿岸環境科学研究センター
- 14:55 口頭発表 16 マルカメムシ類の腸内に存在する必須共生細菌イシカワエラの比較ゲノム解析  
(P-090) 二河 成男 放送大・教養
- 15:10 口頭発表 17 Metagenomics-based 16S ribosomal RNA gene profiling-A new strategy for  
(P-101) the taxonomic analysis of human gut microbiota with high quantification  
金 錫元 東京大学大学院 新領域創成科学研究科
- 15:25 口頭発表 18 OP1 様バクテリアに支持される微生物マットのメタゲノム解析  
(P-051) 高見 英人 海洋研究開発機構

---

休 憩 15:40～15:50

---

大学院生発表 SO-15～SO-28 15:50～16:35

---

ポスター発表 16:35～18:25

---

懇 親 会 18:30～20:00

3月9日 ㊄

招待講演 3 9:00～9:40

座長：五味 勝也 東北大学

ゲノム情報を利用した微生物の新規機能酵素の探索

跡見 晴幸 京都大学大学院工学研究科

口頭発表 19～22 9:40～10:40

座長：二河 成男 放送大学

- 9:40 口頭発表 19 次世代シーケンサーによる新規マラリア原虫ゲノムの解読  
(P-062) 橘 真一郎 大阪大学 微生物病研究所 マラリア学研究グループ
- 9:55 口頭発表 20 メタゲノム解析から見える下北半島沖地下生命圏生態系  
(P-121) 高木 善弘 海洋機構
- 10:10 口頭発表 21 イネ共生細菌の群集構造解析  
(P-054) 南澤 究 東北大学大学院生命科学研究所
- 10:25 口頭発表 22 高温発酵コンポスト及び原料汚泥の細菌群集構造解析  
(P-058) 板原 明日香 九大院・生資環

休 憩 10:40～10:50

口頭発表 23～27 10:50～12:05

座長：野尻 秀昭 東京大学

- 10:50 口頭発表 23 大腸菌多重遺伝子欠損株の解析によって明らかになった中心炭素代謝の新経路  
(P-059) 中東 憲治 慶應義塾大学先端生命科学研究所
- 11:05 口頭発表 24 半定量的発現プロテオミクスによる芳香族分解の代謝経路解析  
(P-088) 笠原 康裕 北海道大学・低温科学研究所
- 11:20 口頭発表 25 トリコスタチン A 処理の *Aspergillus fumigatus* における  
(P-060) ゲノムワイドヌクレオソームマップ解析  
西田 洋巳 東京大学大学院農学生命科学研究科アグリバイオインフォマティクス
- 11:35 口頭発表 26 大規模な逆位による染色体再編を利用した大腸菌の染色体機能領域の解析  
(P-074) 田口 温子 国立遺伝学研究所 原核生物遺伝、総合研究大学院大学
- 11:50 口頭発表 27 非分化性の社会性アメーバ、*Acytostelium* の遺伝子解析  
(P-075) 漆原 秀子 筑波大学大学院生命環境科学研究科

昼 食 12:05～12:55

---

**口頭発表 28～31** 12:55～13:55

座長：大島 拓 奈良先端科学技術大学院大学

- 12:55 口頭発表 28 麹菌転写因子高発現株ライブラリーを用いた有用酵素生産関連転写因子の探索  
(P-076) 五味 勝也 東北大学大学院農学研究科
- 13:10 口頭発表 29 好気性光合成細菌 *Roseobacter denitrificans* OCh114 の環境変化に伴う  
光合成関連遺伝子発現パターンの解析  
(P-077) 木村 真人 東京大学大学院 農学生命科学研究科 応用生命工学専攻
- 13:25 口頭発表 30 劇症型 A 群レンサ球菌のヒト細胞内生存に関わる新規因子の解析  
(P-010) 丸山 史人 東工大・生命理工
- 13:40 口頭発表 31 自己伝達性プラスミドの接合伝達過程において転写活性化されるプロモーター  
の解析  
(P-086) 宮腰 昌利 東北大学大学院生命科学研究科

---

**休 憩** 13:55～14:05

---

**口頭発表 32～36** 14:05～15:20

座長：平川 英樹 かずさ DNA 研究所

- 14:05 口頭発表 32 宿主依存的に大きく転写変動するプラスミド遺伝子の高精度トランスクリプトーム  
解析による探索  
(P-091) 野尻 秀昭 東京大学生物生産工学研究センター
- 14:20 口頭発表 33 プラスミドと宿主染色体にコードされる H-NS 様因子の機能解析  
(P-102) 鈴木 千穂 東京大学生物生産工学研究センター
- 14:35 口頭発表 34 大腸菌 O157:H7 sakai および K12 株の Fur 結合プロファイルの ChIP-chip  
解析による比較  
(P-100) 大島 拓 奈良先端大 情報科学研究科
- 14:50 口頭発表 35 放線菌 *Streptomyces griseus* のグローバル転写因子 AdpA の ChIP-seq 解析  
(P-105) 肥後 明佳 東京大学大学院農学生命科学研究科 応用生命工学専攻
- 15:05 口頭発表 36 分裂酵母の細胞膜タンパク質の局在化に重要なスフィンゴ脂質の機能解析  
(P-118) 中瀬 舞 九州大学大学院生物資源環境科学府

## ポスター発表

ポスター発表時間 偶数番号：3月7日(日) 17:00～18:50  
奇数番号：3月8日(月) 16:35～18:25

- P-001 マラリア原虫のゲノム相同性と異種間感染について  
白川 康一 京大院・医・病原細菌学
- P-002 酢酸菌のゲノム易変異性  
東 慶直 山口大学大学院医学系研究科 ゲノム・機能分子解析分野
- P-003 大腸菌転写因子 CRP のゲノム上結合部位の全体像：Genomic SELEX 法を用いた解析  
島田 友裕 法政大学マイクロ・ナノテクノロジー研究センター
- P-004 深海底熱水活動域からの新奇硫黄酸化細菌の単離と全ゲノム解析  
布浦 拓郎 海洋研究開発機構 深海地殻内生物圏研究プログラム
- P-005 Macintosh 及び Windows パソコンで使える微生物ゲノム配列解析システムの開発  
小山 芳典 産総研・生物機能工学
- P-006 新規情報学的手法によるインフルエンザ A ウイルスの俯瞰的可視化及び新型 H1N1 の変化予測  
岩崎 裕貴 長浜バイオ大学
- P-007 新門 *Caldiserica* 門に属する新規好熱性偏性嫌気性細菌 *Caldisericum exile* AZM16c01<sup>T</sup> のゲノム解析  
山田 佐知子 製品評価技術基盤機構バイオテクノロジー本部
- P-008 遺伝子の属性を考慮した系統プロファイル法による、特徴的な進化パターンを示す遺伝子群の探索  
河合 幹彦 基生研
- P-009 伊万里湾海水試料由来のマンガン(II)酸化細菌の同定と電子顕微鏡観察によるマンガン酸化物の細胞内局在解析  
仲山 英樹 神戸大学自然科学系先端融合研究環重点研究部
- P-010 劇症型 A 群レンサ球菌のヒト細胞内生存に関わる新規因子の解析  
丸山 史人 東工大・生命理工
- P-011 病原性大腸菌 O157:H7 の志賀毒素変換ファージの比較解析  
小椋 義俊 宮崎大学 フロンティア科学実験総合センター
- P-012 次世代シーケンサ SOLiD3 システムを用いた泡盛実用黒麹菌の比較ゲノム解析  
鼠尾まい子 (株)トロピカルテクノセンター
- P-013 次世代シーケンサ SOLiD3 システムのメイトペア情報を用いた *de novo* 解析の試み  
城間安紀乃 財団法人沖縄科学技術振興センター

- P-014 細胞性粘菌 *Dictyostelium discoideum* の生活環周期を調節する新規 *rabGAP* の機能解析  
 桑山 秀一 筑波大学大学院生命環境科学研究科
- P-015 鉄濃度に応答する EHEC 病原性の発現調節  
 戸邊 亨 阪大院・医
- P-016 ゲノムリシーケンスによる枯草菌 WalR (H215P) の温度感受性抑圧変異の解析  
 松本 貴嗣 東京農業大学生物資源ゲノム解析センター
- P-017 バクテリアゲノムのリシーケンスによる変異解析とその問題点  
 吉川 博文 東京農業大学 応用生物科学部
- P-018 微生物ゲノム自動アノテーションパイプライン MiGAP の利用状況と今後の展開  
 菅原 秀明 国立遺伝学研究所
- P-019 病原性大腸菌における 3 型分泌系 (T3SS) の進化  
 大岡 唯祐 宮崎大学医学部感染症学講座微生物
- P-020 多数株の種内比較によるゲノム進化ダイナミクス解析  
 小林 一三 東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカルゲノム専攻
- P-021 ピロリ菌 10 株のゲノム比較によるゲノム再編の検出  
 古田 芳一 東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカルゲノム専攻
- P-022 全ゲノム規模でのアミノ酸配列比較ツール *tmurasakix*  
 長名 保範 成蹊大学理工学部
- P-023 大腸菌の二重欠失株を用いたゲノムワイドな遺伝的相互作用解析  
 竹内 力矢 奈良先端科学技術大学院大学
- P-024 次世代シーケンサーによるラン藻 *Synechococcus elongatus* PCC 7942 のリシーケンス解析  
 兼崎 友 東京農業大学・生物資源ゲノム解析センター
- P-025 中度好塩性細菌 *Halomonas elongata* OUT30018 株のペリプラズムにおける銅恒常性制御機構の解析  
 若松 容子 奈良先端科学技術大学院大学
- P-026 バクテリアエンドファイト *Azospirillum* sp. B510 のゲノム構造解析  
 金子 貴一 京都産業大学 工学部
- P-027 次世代シーケンスデータ解析プラットフォーム GiNeS (ギネス) を利用した微生物変異株の解析  
 竹田 綾 株式会社ジナリス
- P-028 大規模なゲノム比較のための統合解析環境 RECOG  
 内山 郁夫 基礎生物学研究所
- P-029 微生物ゲノム基盤情報の高度化と統合のためのシステム  
 岡本 忍 ライフサイエンス統合データベースセンター



- P-030 ウシの趾乳頭腫症 (Papillomatous Digital Dermatitis : PDD) 病変部から分離された *Treponema phagedenis* の全ゲノム解析  
山崎 和子 宮崎大学フロンティア科学実験総合センター
- P-031 オリゴペプチド組成に基づく一括学習型自己組織化マップ (BLSOM) 法を用いた機能未知のタンパク質類の機能推定法の確立  
阿部 貴志 長浜バイオ大学
- P-032 学部教育としての健康への貢献遺伝子データベース  
～抗生物質生産遺伝子を中心とした遺伝子探索～ (URL : <http://dbcls.nagahama-i-bio.ac.jp/>)  
上原 啓史 長浜バイオ大学
- P-033 遺伝子発現プロファイルデータを用いたウェルシュ菌の発現制御ネットワークの構築  
河村 直哉 九州大学システム生命科学府
- P-034 GenomeMatcher の新機能 ContigAligner : 第二世代シーケンスによって得られたコンティグを参照ゲノムに沿って表示する機能  
大坪 嘉行 東北大学生命科学研究科
- P-035 次世代シーケンサーを用いた連続培養系によって育種された実用酵母菌株の全ゲノム解析  
藤森 一浩 産業技術総合研究所
- P-036 有用シアノバクテリア *Arthrospira (Spirulina) platensis* のゲノム解析  
成川 礼 東大・院・総合文化
- P-037 タンパク質末端領域におけるアミノ酸残基の偏りに基づいた微生物の分類  
麻田 道雄 九州大学大学院システム生命科学府システム生命科学専攻
- P-038 近縁ゲノム間の遺伝子間距離構造から見えるゲノムの構造的進化  
佐々木直文 東京大学総合文化研究科広域科学専攻
- P-039 糸状菌 *Trichoderma reesei* セルラーゼ高生産変異株の比較ゲノム解析  
志田 洋介 長岡技術科学大学・生物系
- P-040 産業用酵素生産菌の CGH 解析  
高木 忍 ノボザイムズ ジャパン株式会社
- P-041 焼酎酵母 SH-4 のゲノム解析  
梶原 康博 三和酒類株式会社
- P-042 高温・高圧の地下原油鉱床における固有微生物群とその特性  
山根 國男 食総研
- P-043 根粒菌 *Mesorhizobium loti* NZP2037 株における共生関連領域のアノテーション  
眞板 寛子 かずさ DNA 研究所 植物ゲノム情報研究室
- P-044 From Soil to Transcriptome — the Soil RNA-Centered Study  
王 勇 農業環境技術研究所 生物生態機能研究領域

- P-045 アブラムシゲノムにコードされ、共生器官で高発現する細菌由来水平転移遺伝子群  
中鉢 淳 理研・基幹研
- P-046 吸血衛生害虫トコジラミにおける菌細胞局在性の必須栄養共生細菌ボルバキアの発見  
およびゲノム解析  
深津 武馬 産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究部門
- P-047 Solexa を用いた土壌メタゲノム解析における情報解析  
森 宙史 東京工業大学大学院生命理工学研究科
- P-048 次世代シーケンサーを用いた微生物ゲノムと細菌叢メタゲノム研究  
大島健志朗 東大院・新領域
- P-049 間接タンパク質抽出法を用いた土壌メタプロテオミクスの基盤構築  
森本 一 北海道大学環境科学院生物圏科学専攻
- P-050 Solexa を用いた土壌メタゲノム解析における情報解析  
～汚染化に伴う菌叢と代謝遺伝子の変動を追う～  
加藤 広海 東北大学大学院生命科学研究科
- P-051 OP1 様バクテリアに支持される微生物マットのメタゲノム解析  
高見 英人 海洋研究開発機構
- P-052 菱刈金山微生物生態系に存在する呼吸関連酵素  
小林 英城 海洋研究開発機構
- P-053 16S rRNA 遺伝子のコンセンサス配列の差異に基づく下北半島掘削コアからの  
archaea の探索  
坪内 泰志 海洋機構
- P-054 イネ共生細菌の群集構造解析  
南澤 究 東北大学大学院生命科学研究科
- P-055 下北半島沖掘削コアのメタゲノム解析から見える微生物代謝の可能性  
西 真郎 海洋研究開発機構
- P-056 汚泥コンポストに見出される *Thermaerobacter* 属細菌の分子生態学的研究  
田中 杏奈 九大院・生資環
- P-057 新規酵素探索法としてのメタエンザイム法の開発  
長谷川絵理 九州大学大学院生物資源環境科学府
- P-058 高温発酵コンポスト及び原料汚泥の細菌群集構造解析  
板原明日香 九大院・生資環
- P-059 大腸菌多重遺伝子欠損株の解析によって明らかになった中心炭素代謝の新経路  
中東 憲治 慶應義塾大学先端生命科学研究科

- P-060 トリコスタチン A 処理の *Aspergillus fumigatus* におけるゲノムワイドヌクレオソームマップ解析  
西田 洋巳 東京大学大学院農学生命科学研究科アグリバイオインフォマティクス
- P-061 Genomic mutation analysis on a laboratory evolved thermal adaptive *Escherichia coli* strain  
應 蓓文 大阪大学大学院 情報科学研究科
- P-062 次世代シーケンサーによる新規マラリア原虫ゲノムの解読  
橋 真一郎 大阪大学 微生物病研究所 マラリア学研究グループ
- P-063 転写開始点の塩基種に依存した枯草菌の緊縮転写制御ネットワークの解明  
東條 繁郎 福山大学 生命工学部 生物工学科
- P-064 糸状性ラン藻 *Anabaena* sp. strain PCC 7120 における細胞外タンパク質とストレス防御機構の解析  
吉村 英尚 東京大学 総合文化
- P-065 シアノバクテリアの補色順化を制御する光受容体の解析  
広瀬 侑 東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻 池内研究室
- P-066 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 における酸素および二酸化炭素への転写応答  
神邊 悠奈 東京大学大学院農学生命科学研究科応用生命工学専攻
- P-067 酢酸菌 *Acetobacter aceti* のドラフトゲノム解析とエタノール代謝時のトランスクリプトーム解析  
桜井 健太 東大院農生科・応生工
- P-068 枯草菌転写因子 DegU による motility の制御  
小倉 光雄 東海大学・海洋研究所
- P-069 ラン色細菌 *Synechocystis* sp. PCC6803 の酸耐性における mannose-1-phosphate guanylyltransferase をコードする *sll1558* と *sll1496* 遺伝子の関与の可能性  
喜多山秀一 東京理科大学
- P-070 シアノバクテリア *Synechococcus elongatus* PCC 7942 株における複製開始点の同定  
渡辺 智 東京農大・バイオ
- P-071 次世代シーケンサーを用いた耐熱性酢酸菌 *Acetobacter pasteurianus* SKU1108 株の耐熱化機構の解析  
松谷峰之介 山口大農・生物機能
- P-072 緑膿菌の一酸化窒素に応答する遺伝子の網羅的解析  
黒木 美帆 東京大学大学院農学生命科学研究科
- P-073 病原細菌と共生細菌のⅢ型分泌装置のエフェクタータンパク質を区別する特徴は何か？  
矢原 耕史 久留米大学医学研究科

- P-074 大規模な逆位による染色体再編を利用した大腸菌の染色体機能領域の解析  
田口 温子 国立遺伝学研究所 原核生物遺伝、総合研究大学院大学
- P-075 非分化性の社会性アメーバ、*Acytostelium* の遺伝子解析  
漆原 秀子 筑波大学大学院生命環境科学研究科
- P-076 麹菌転写因子高発現株ライブラリーを用いた有用酵素生産関連転写因子の探索  
五味 勝也 東北大学大学院農学研究科
- P-077 好気性光合成細菌 *Roseobacter denitrificans* OCh114 の環境変化に伴う  
光合成関連遺伝子発現パターンの解析  
木村 真人 東京大学大学院 農学生命科学研究科 応用生命工学専攻
- P-078 A 群レンサ球菌プロファージによる CRISPR 制御機構の解析  
森 宏員 東京大学大学院・新領域創成科学研究科・メディカルゲノム専攻
- P-079 *Porphyromonas gingivalis* の conjugative transposon CTnPg1 の伝達機構の解析  
内藤真理子 長崎大・院・医歯薬・口腔病原微生物学
- P-080 シアノバクテリアにおける AbrB 型転写制御因子の機能解析  
山内 優輝 埼玉大学大学院理工学研究科
- P-081 シアノバクテリア *Synechococcus elongatus* PCC 7942 における分子シャペロン DnaK と  
DnaJ のパートナーシップ  
葉山 綾乃 東京農大 バイオ
- P-082 新規好熱性偏性嫌気性細菌 *Caldisericum exile* AZM16c01<sup>T</sup> の複製、翻訳機構について  
中村 早苗 製品評価技術基盤機構バイオテクノロジー本部
- P-083 Comparative community gene expression analysis of Aquificales-dominant  
geothermal springs  
濱村奈津子 愛媛大学沿岸環境科学研究センター
- P-084 大腸菌をプラットフォームにした光合成機能の再構成  
岩本 明 首都大学東京 理工学研究科 分子遺伝学研究室
- P-085 大腸菌の機能未知必須遺伝子 *yqgF* の解析  
加藤 潤一 首都大・理工・生命
- P-086 自己伝達性プラスミドの接合伝達過程において転写活性化されるプロモーターの解析  
宮腰 昌利 東北大学大学院生命科学研究科
- P-087 *Thermus thermophilus* の光誘導性カロテノイド生産に関わる cAMP レセプター様蛋白の解析  
高野 英晃 日本大学生物資源科学部生命科学研究センター
- P-088 半定量的発現プロテオミクスによる芳香族分解の代謝経路解析  
笠原 康裕 北海道大学・低温科学研究所

- P-089 ゲノム未解析株のプロテオーム解析の評価  
桑野 晶喜 北海道大学低温科学研究所
- P-090 マルカメムシ類の腸内に存在する必須共生細菌イシカワエラの比較ゲノム解析  
二河 成男 放送大・教養
- P-091 宿主依存的に大きく転写変動するプラスミド遺伝子の高精度トランスクリプトーム解析による探索  
野尻 秀昭 東京大学生物生産工学研究センター
- P-092 有機塩素系殺虫剤 gamma-HCH 分解細菌 *Sphingobium japonicum* UT26 株における gamma-HCH 分解酵素遺伝子欠落株の変異様式の解明  
夏井 俊介 東北大学院・生命
- P-093 海洋性多環芳香族炭化水素 (PAHs) 石油分解菌 *Cycloclasticus* のプロテオーム解析  
岩淵 範之 日本大学
- P-094 大腸菌における複製と翻訳の遺伝的ネットワーク解析  
中屋敷 徹 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科
- P-095 海洋性マンガン (II) 酸化細菌 *Bacillus* sp. NI-1 株のマンガン酸化 *mnx* オペロンの同定  
浦部 俊寛 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 植物代謝調節学講座
- P-096 病原大腸菌が産生する細胞壊死因子 CNF3 をコードするプラスミドの性状解析  
久恒 順三 広島大学大学院医歯薬学総合研究科細菌学教室
- P-097 光化学系 II 電子伝達における機能未知遺伝子の機能解析  
伊藤 史紘 筑波大学 生命環境学群 生物学類
- P-098 大腸菌の栄養環境応答のトランスクリプトーム解析  
牧 泰史 大阪医大・物理
- P-099 黄色ブドウ球菌表皮剥脱毒素の新規転写制御因子の探索  
加藤 文紀 広島大学大学院医歯薬学総合研究科細菌学
- P-100 大腸菌 O157:H7 sakai および K12 株の Fur 結合プロファイルの ChIP-chip 解析による比較  
大島 拓 奈良先端大 情報科学研究科
- P-101 Metagenomics-based 16S ribosomal RNA gene profiling -A new strategy for the taxonomic analysis of human gut microbiota with high quantification  
金 錫元 東京大学大学院 新領域創成科学研究科
- P-102 プラスミドと宿主染色体にコードされる H-NS 様因子の機能解析  
鈴木 千穂 東京大学生物生産工学研究センター
- P-103 プラスミド pCAR1 が宿主細胞の転写ネットワークに与える影響の経時的検出  
高橋裕里香 東大・生物生産工学研究センター

- P-104 プラスミド上のカルバゾール分解系マスター転写因子をコードする *antR* の種々宿主における転写制御機構  
岩田 修 東大生物工学センター
- P-105 放線菌 *Streptomyces griseus* のグローバル転写因子 AdpA の ChIP-seq 解析  
肥後 明佳 東京大学大学院農学生命科学研究科 応用生命工学専攻
- P-106 G 型ボツリヌス毒素遺伝子をコードするプラスミドの解析  
阪口 義彦 岡山大学大学院医歯薬学総合研究科 病原細菌学
- P-107 枯草菌孢子形成期の遺伝子再編成を仲介する *skin element* の構造  
佐藤 勉 法政大学・生命科学部
- P-108 窒素固定時の耐乾燥性に関与する陸生ラン藻の乾燥応答遺伝子から、その窒素固定可能な陸生ラン藻の有効利用法を検討する  
加藤 浩 三重大学 生命科学研究支援センター 植物機能ゲノミクス部門
- P-109 大腸菌の中央代謝系酵素遺伝子発現調節株の構築—遺伝子摂動が代謝におよぼす影響の解析に向けて  
平沢 敬 大阪大学大学院情報科学研究科バイオ情報工学専攻
- P-110 核様体タンパク質 LRP と H-NS 間の協同的な働き  
上田 剛士 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科システム細胞学講座
- P-111 Chromosome of the hyperthermophilic archaeon *Thermococcus kodakaraensis* is organized into heterogeneous structure  
円山 由郷 京大大学生命科学研究科
- P-112 シアノバクテリア *Anabaena* sp. PCC 7120 におけるヘテロシスト分化を制御する遺伝子ネットワークの解明  
得平 茂樹 中央大・生命科学
- P-113 歯肉縁下プラーク細菌の構成の解析  
永井 淳 福岡歯科大学
- P-114 麹菌ポリケチドの構造に基づく分類  
有田 正規 東京大学大学院新領域創成科学研究科
- P-115 分裂酵母ガラクトース資化株の取得とガラクトース代謝関連遺伝子の発現解析  
松沢 智彦 九州大学大学院生物資源環境科学府
- P-116 出芽酵母の乳酸耐性に重要な細胞機構  
鈴木 俊宏 大阪大学大学院工学研究科生命先端工学専攻
- P-117 tRNADB-CE を用いたバクテリアの tRNA 遺伝子構造の解析  
三崎 優香 長浜バイオ大学

- P-118 分裂酵母の細胞膜タンパク質の局在化に重要なスフィンゴ脂質の機能解析  
中瀬 舞 九州大学大学院生物資源環境科学府
- P-119 分裂酵母ゲノム上の2つのUDP-グルコース/UDP-ガラクトース4-エピメラーゼ遺伝子の機能解析  
竹川 薫 九州大学大学院農学研究院
- P-120 Functional single cell 分離法による水田土壌からの新規脱窒細菌株の取得  
石井 聡 東京大学大学院農学生命科学研究科
- P-121 メタゲノム解析から見える下北半島沖地下生命圏生態系  
高木 善弘 海洋機構
- P-122 種々の大腸菌株を用いた溶血毒素遺伝子の解析  
村瀬 一典 宮崎大学 医学部 感染症学講座微生物学分野
- P-123 IncP-9 プラスミド NAH7 の接合伝達を制御する受容菌染色体支配因子の解析  
井上 慧 東北大学大学院 生命科学研究科
- P-124 二成分制御系に関わるセンサータンパク質とレギュレータータンパク質のドメイン構造に基づく同定と分類に関する解析に関する研究  
金 相完 九州大学大学院 生物資源環境科学府
- P-125 好熱性 L- 乳酸生産菌の遺伝的多様性および通気条件変化における発酵特性の変化  
和田 祐 九州大学生物資源環境科学府
- P-126 *Thermus* 属細菌による生物鉱化現象の分子機構  
藤野 泰寛 九州大学大学院 生物資源環境科学府