

一般講演 プログラム 9月24日(困)

	A会場 (C200教室)	B会場 (C201教室)	C会場 (C206教室)
10:30	<p>1A 集団・進化</p> <p>1A-01 日本人1070人の全ゲノム配列から推定したヒトゲノムの負の自然淘汰 ○河合洋介、成相直樹、小島 要、山口由美、佐藤行人、三森隆広、長崎正朗 東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 ゲノム解析部門</p>	<p>1B 集団・分子進化・分子系統</p>	<p>1C 遺伝子発現 (シグナル伝達・転写)</p> <p>1C-01 枯草菌αオペロンの非コード領域の解析 ○白川文教、池田宗太郎、朝井 計 埼玉大学大学院 理工学研究科 分子統御研究室</p>
10:45	<p>1A-02 日本人1070人の全ゲノム解析に基づく疾患変異の頻度推定 ○山口由美^{1,2)}、河合洋介^{1,2)}、小島要^{1,2)}、成相直樹^{1,2)}、三森隆広¹⁾、佐藤行人^{1,2)}、勝岡史城^{1,2)}、安田純^{1,2)}、山本雅之^{1,2)}、長崎正朗^{1,2,3)} 1)東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 2)東北大学大学院 医学研究科 3)東北大学大学院 情報科学研究科</p>		<p>1C-02 植物香気成分の枯草菌ストレス応答に与える影響の解析 ○小澤良基¹⁾、新城 優¹⁾、吉川博文²⁾、長谷川登志夫¹⁾、朝井 計¹⁾ 1)埼玉大学大学院 理工学研究科 2)東京農業大学 応用生物科学科</p>
11:00	<p>1A-03 現生人類のユーラシアへの移住におけるシアル酸転移酵素STXの低活性プロモータータイプの適応拡散 ○藤戸尚子¹⁾、颯田葉子¹⁾、羽根正弥²⁾、松井 淳³⁾、北島 健²⁾、佐藤ちひろ²⁾、早川敏之⁴⁾ 1)総合研究大学院大学 先端科学研究科 2)名古屋大学 生物機能開発利用研究センター 3)京都大学 霊長類研究所 4)九州大学 システム生命科学府</p>	<p>1B-01 テンサイ花粉稔性回復遺伝子<i>Rf1</i>の多様化機構について ○上 幸代、吉田有宇、亀井陽子、久保友彦 北海道大学大学院農学院</p>	<p>1C-03 枯草菌シグマ因子最少化株の表現型の解析 ○吉田早希、植木典子、朝井 計 埼玉大学大学院 理工学研究科 分子統御研究室</p>
11:15	<p>1A-04 鳥類の種間雑種の初期胚におけるトランスクリプトーム解析 ○石下 聡¹⁾、辰本将司²⁾、木下圭司¹⁾、浅野有美³⁾、多田政子³⁾、郷 康広²⁾、松田洋一¹⁾ 1)名古屋大学大学院 生命農学研究科 鳥類バイオサイエンス研究センター 2)自然科学研究機構 新分野創成センター プレインサイエンス研究分野 3)鳥取大学 染色体工学研究センター</p>	<p>1B-02 ミトコンドリアDNAによるクマゲラの遺伝的多様性の解析 ○黒尾正樹¹⁾、十河尚旗¹⁾、藤井忠志²⁾、長井和哉¹⁾、浜加奈恵³⁾、八木橋隼士¹⁾ 1)弘前大学大学院 農学生命科学研究科 分子細胞遺伝学研究室 2)岩手県立博物館 3)弘前大学 農学生命科学部</p>	<p>1C-04 枯草菌SigIの定常期における役割 ○清水葉子、朝井 計 埼玉大学大学院 理工学研究科 分子統御研究室</p>

	A会場 (C200教室)	B会場 (C201教室)	C会場 (C206教室)
11:30	<p>1A 集団・進化</p> <p>1A-05 トゲウオ科魚類近縁種間の雑種不稔とク ロマチン結合タンパク質の機能的分化 ○吉田恒太¹⁾、石川麻乃¹⁾、牧野能士²⁾、 北野 潤¹⁾ 1)国立遺伝学研究所 集団遺伝学研究系 生 態遺伝学研究部門 2)東北大学大学院 生命科学研究所</p>	<p>1B 集団・分子進化・分子系統</p> <p>1B-03 挿入欠失を考慮した遺伝的差異の有用性 ○西巻拓真、佐藤圭子 東京理科大学 理工学部 情報科学科 遺 伝情報研究室</p>	<p>1C 遺伝子発現 (シグナル伝 達・転写)</p> <p>1C-05 枯草菌を用いたシアノバクテリア RNAポリメラーゼの再構成系の構築 ○朝井 計¹⁾、高橋宏輝¹⁾、渡辺 智²⁾、 吉川博文²⁾ 1)埼玉大学 大学院理工学研究科 分子生物学 2)東京農業大学 応用生物科学部 バイオサ イエンス学科</p>
11:45	<p>1A-06 Codon usage biasにかかる弱い自 然選択がMcDonald-Kreitman test による positive selectionの誤検出 を引き起こす ○松本知高¹⁾、Pablo Centurion²⁾、 Boyang Li³⁾、明石 裕¹⁾ 1)国立遺伝学研究所 進化遺伝研究部門 2)Department of Biochemistry, University of Oxford 3)School of Management Science and Engineering, Dongbei University of Finance and Economics</p>	<p>1B-04 進化パターンの変化による分子系統解 析の歪みとデータフィルタリングによ るその抑制 (2) ○岩本栄介¹⁾、田村浩一郎^{1,2)} 1)首都大学東京 理工学研究科 生命科学専 攻 進化遺伝学研究室 2)首都大学東京 生命情報研究センター</p>	<p>1C-06 枯草菌<i>sigI</i>の転写制御解析 ○松岡 聡、松本幸次、原 弘志 埼玉大学大学院 理工学研究科 遺伝情報 研究室</p>
12:00			
12:15			

一般講演 プログラム 9月25日(金)

		A会場	B会場	C会場
		(C200教室)	(C201教室)	(C206教室)
14:00	2A 集団・分子進化・行動	2B 複製・組換え・減数分裂・生殖	2C エピジェネティクス/遺伝子発現 (転写後調節・翻訳後修飾)	
	2A-01	2B-01	2C-01	
	日本産クワコ (<i>Bombyx mandarina</i>) の北陸から九州および周辺島嶼におけるミトコンドリアCO1ハプロタイプ の推移 ○行弘研司 ¹⁾ 、河本夏雄 ¹⁾ 、富田秀一郎 ¹⁾ 、阪口洋樹 ²⁾ 、伊藤雅信 ²⁾ 、中島裕美子 ³⁾ 1) 国立研究開発法人農業生物資源研究所 2) 京都工芸繊維大学応用生物学系 応用ゲノミクス 3) 九州大学アイソトープ統合安全管理センター	異質四倍体ラッカセイで見出された同祖染色体間の組換えの痕跡 ○白澤健太 ¹⁾ 、Soraya Leal-Bertioli ^{2,3)} 、Brian Abernathy ³⁾ 、Marcio Moretzsohn ²⁾ 、Carolina Chavarro ³⁾ 、Josh Clevenger ⁴⁾ 、Peggy Ozias-Akins ⁴⁾ 、Scott Jackson ³⁾ 、David Bertioli ^{3,5)} 1) かつさDNA研究所 先端研究部 植物ゲノム・遺伝学研究室 2) Embrapa Genetic Resources and Biotechnology 3) Center for Applied Genetic Technologies, University of Georgia 4) Department of Horticulture, University of Georgia 5) University of Brasilia, Institute of Biological Sciences	SmcHD1機能欠損マウス胚におけるX染色体不活性化 ○榊原祐樹 ¹⁾ 、Blewitt Marnie ²⁾ 、佐々木裕之 ¹⁾ 、佐渡 敬 ³⁾ 1) 九州大学生体防御医学研究所 ゲノム機能制御学部門 エピゲノム制御学分野 2) The Walter and Eliza Hall Institute of Medical Research 3) 近畿大学 農学部 バイオサイエンス学科	
	2A-02	2B-02	2C-02	
	<i>Sophophora</i> 亜属およびその関連分類群における50遺伝子を用いた分子系統学的研究 ○加藤雄大、和多田正義 愛媛大学大学院 理工学研究科 動物遺伝学研究室	MRX複合体はXrs2 FHAドメインに依存したTel1活性化を介してNHEJの正確性を保証する ○篠原美紀 ^{1,2)} 、岩崎大地 ^{1,2)} 1) 大阪大学蛋白質研究所ゲノム染色体機能研究室 2) 大阪大学大学院理学研究科生物科学	ナイーブ型とプライム型を分けるエピジェネティックバリアーにおけるDNAメチル化の役割 ○浦 大樹 ¹⁾ 、阿部訓也 ¹⁾ 、丹羽仁史 ²⁾ 1) 理研バイオリソースセンター 疾患ゲノム動態解析技術開発チーム 2) 理研多細胞システム形成センター 多能性幹細胞研究チーム	
2A-03	2B-03	2C-03		
アカショウジョウバエのNeo-Y染色体の遺伝的多様性 ○里村和浩 ¹⁾ 、田村浩一郎 ^{1,2)} 1) 首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻 進化遺伝学研究室 2) 首都大学東京 生命情報研究センター	大腸菌の <i>recA</i> または <i>dinB</i> 遺伝子の過剰発現による複製フォーク速度の低下 ○秋山昌広、Kang Wei Tan、Tuan Minh Pham、古郡麻子、真木寿治 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 原核生物分子遺伝学研究室	部分的機能欠損 <i>Xist</i> アレルによるX染色体不活性化の異常 ○中島達郎 ^{1,2)} 、保木裕子 ¹⁾ 、佐々木裕之 ¹⁾ 、佐渡 敬 ^{1,3)} 1) 九州大学 生体防御医学研究所 エピゲノム制御学分野 2) 九州大学大学院 医学系学府 医学専攻 3) 近畿大学 農学部 バイオサイエンス学科		
2A-04	2B-04	2C-04		
キハダショウジョウバエ種内における抗菌ペプチド <i>Drosomycin</i> 遺伝子の多様性 ○市川里紗 ¹⁾ 、田村浩一郎 ^{1,2)} 、瀬戸陽介 ¹⁾ 1) 首都大学東京 大学院 理工学研究科 生命科学専攻 進化遺伝学研究室 2) 首都大学東京 生命情報研究センター	大腸菌DNAポリメラーゼIの細胞内機能におけるβクランプの役割 ○山本崇史、真木寿治 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 原核生物分子遺伝学研究室	マウス着床前胚における <i>Xist</i> の差次的発現 ○佐渡 敬 ^{1,2)} 、酒田祐佳 ^{1,2)} 、尼川裕子 ³⁾ 、保木裕子 ²⁾ 、深川竜郎 ³⁾ 、佐々木裕之 ²⁾ 1) 近畿大学 農学部 バイオサイエンス学科 動物分子遺伝学研究室 2) 九州大学 生体防御医学研究所 エピゲノム制御学分野 3) 国立遺伝学研究所 分子遺伝研究部門		

	A会場 (C200教室)	B会場 (C201教室)	C会場 (C206教室)
15:00	2A 集団・分子進化・行動 2A-05 メス化およびオス化がショウジョウバエ Neo性染色体の偽遺伝子化を促進する ○野澤昌文 国立遺伝学研究所 生命情報研究センター 遺伝情報分析研究室	2B 複製・組換え・減数分裂・生殖 2B-05 古細菌複製DNAポリメラーゼのDNA合成/修正反応におけるPCNA-DNA間相互作用の影響 ○西田洋一 ^{1,3)} 、依田卓也 ²⁾ 、田邊麻衣子 ³⁾ 、白井剛 ⁴⁾ 、竹山春子 ²⁾ 、石野良純 ⁵⁾ 1)国立研究開発法人 新エネルギー・産業技術総合開発機構 2)早稲田大学 先進理工学部 生命医科学科 3)(株)日立製作所 研究開発グループ 4)長浜バイオ大学 コンピュータバイオサイエンス学科 5)九州大学大学院 農学研究院 生命機能科学部門	2C エピジェネティクス/遺伝子発現(転写後調節・翻訳後修飾) 2C-05 転写開始点周辺のCpGが性特異的な遺伝子発現に与える効果の推測 ○玉川克典、牧野能士、河田雅圭 東北大学大学院 生命科学研究所 生物多様性進化分野
15:15	2A-06 Pooled RNA-seqを用いたアカショウジョウバエ低温適応進化の検出 ○中村 遥、田村浩一郎 首都大学東京 理工学研究科 生命科学専攻 進化遺伝学研究室	2B-06 出芽酵母における複製ストレス応答に関わる新たな因子の探索 ○石毛大輔 ¹⁾ 、毛谷村賢司 ²⁾ 、長谷川ゆき ²⁾ 、岩崎博史 ¹⁾ 、菱田卓 ²⁾ 1)東京工業大学大学院 生命理工学研究所 生体システム専攻 2)学習院大学大学院 自然科学研究科 生命科学専攻	2C-06 円口類ヌタウナギの生殖細胞におけるDNAメチル化の動態 ○後藤友二、大沢大樹、久保田宗一郎 東邦大学 理学部 生物学科 分子・細胞遺伝学研究室
15:30	2A-07 ショウジョウバエ抗カビ免疫システムの種間比較解析 ○瀬戸陽介 ¹⁾ 、田村浩一郎 ^{1,2)} 1)首都大学東京 理工学研究科 生命科学専攻 進化遺伝学研究室 2)首都大学東京 生命情報研究センター	2B-07 分裂酵母Rad51リコンビナーゼとその活性化因子Swi5-Sfr1、及び、Rad55-Rad57複合体との相互作用 ○岩崎博史 ¹⁾ 、伊藤健太郎 ¹⁾ 、筒井康博 ^{1,2)} 、黒川裕美子 ¹⁾ 、村山泰斗 ¹⁾ 、高橋正行 ¹⁾ 1)東京工業大学大学院 生命理工学研究所 生体システム専攻 2)(現)(株)ロシユ・ダイアグノスティックス	2C-07 野外のキイロショウジョウバエにおけるP因子のpiRNA産生とmRNA発現の多様性 ○脇坂啓子、伊藤雅信 京都工芸繊維大学
15:45	2A-08 日本人における顔面形態解析と関連遺伝子多型の探索 ○木村亮介 ¹⁾ 、渡辺千晶 ¹⁾ 、宮里絵理 ¹⁾ 、伊藤毅 ¹⁾ 、山口今日子 ¹⁾ 、佐藤丈寛 ¹⁾ 、川口亮 ¹⁾ 、石田肇 ¹⁾ 、山口徹太郎 ²⁾ 、山本健 ³⁾ 1)琉球大学大学院 医学研究科 人体解剖学講座 2)昭和大学 歯学部 歯科矯正学講座 3)久留米大学 医学部 医化学講座	2B-08 染色体DNA複製開始反応における律速因子の高発現によるサイレンス化拮抗作用 ○田中誠司 ^{1,2)} 、大浪真由美 ¹⁾ 、荒木弘之 ^{1,2)} 1)国立遺伝学研究所 微生物遺伝研究部門 2)総研大	2C-08 ヒストン脱アセチル化酵素によって制御される植物の新規乾燥耐性機構 ○金鍾明 ^{1,2)} 、藤泰子 ³⁾ 、関原明 ^{1,2,4)} 1)理化学研究所 環境資源研究センター 植物ゲノム発現研究チーム 2)CREST JST 3)国立遺伝学研究所 育種遺伝研究部門 4)横浜市立大学大学院 木原生物学研究所

一般講演 プログラム 9月25日(金)

		A会場	B会場	C会場
		(C200教室)	(C201教室)	(C206教室)
16:00	2A 集団・分子進化・行動	2B 複製・組換え・減数分裂・生殖	2C エピジェネティクス/遺伝子発現 (転写後調節・翻訳後修飾)	
	2A-09 日本列島人のゲノム史 ○斎藤成也 ^{1,2)} 、Timothy Jinam ^{1,2)} 1)国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門 2)総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻	2B-09 ヒト男性不妊遺伝子のショウジョウバエOrthologの雄の妊性への関与 ○中塚三保子 ¹⁾ 、渡邊昌秀 ²⁾ 、都丸雅敏 ²⁾ 、高野敏行 ²⁾ 1)京都工芸繊維大学大学院 工芸科学研究科 応用生物学専攻 2)京都工芸繊維大学 ショウジョウバエ遺伝資源研究部門	2C-09 シロイヌナズナのレトロトランスポゾン <i>AtRE1</i> の発現制御機構の解析 ○金 晶 ¹⁾ 、山岸祐実 ¹⁾ 、伊藤秀臣 ²⁾ 、加藤敦之 ²⁾ 1)北海道大学 生命科学院大学院 2)北海道大学 大学院理学研究院 生物科学	
	2A-10 ポリグルタミン病発症機序には共通して長いグルタミン反復が要求される過程を含んでいる ○嶋田 誠 ^{1,2,3)} 、三本松良子 ³⁾ 、山口由美 ^{2,3,4)} 、山崎千里 ^{2,3)} 、鈴木善幸 ⁵⁾ 、Ranjit Chakraborty ⁶⁾ 、五條堀孝 ^{2,3,7)} 、今西規 ^{2,3,8)} 1)藤田保健衛生大学 総合医学研究所 遺伝子発現機構学研究部門 2)産業技術総合研究所 3)バイオ産業情報コンソーシアム 4)東北大学 東北メテオカル・メカバンク機構 5)名古屋市立大学 6)ノース・テキサス健康科学センター大学 7)アブドラ国王科学技術大学 8)東海大学 医学部	2B-10 減数分裂期において、シナプトネマ複合体の伸長は染色体サイズ依存的に相同染色体間交叉型組換えの数を制御する ○東出望花 ^{1,2)} 、篠原美紀 ^{1,2)} 1)大阪大学大学院 理学研究科 生物科学専攻 ゲノム-染色体機能研究室 2)蛋白質研究所	2C-10 <i>Brassica rapa</i> におけるゲノムインプリンティング候補遺伝子の探索 ○薄 伊納、吉田貴徳、河邊 昭 京都産業大学大学院 生命科学研究科 生命科学専攻 集団遺伝学研究室	
	2A-11 集団サイズの周期的変動による塩基配列多型への影響 ○中村遥奈 ¹⁾ 、手島康介 ²⁾ 、舘田英典 ²⁾ 1)九州大学 理学部生物学科 進化遺伝学研究室 2)九州大学 理学研究院 生物科学部門	2B-11 大腸菌 <i>oriC</i> での複製開始に必要なDNA開裂複合体の中枢構造の解明 ○崎山友香里、野口泰徳、川上広宣、片山 勉 九州大学大学院 薬学府 分子生物学分野	2C-11 DNA 損傷によりエピジェネティックに発現誘導される遺伝子の発現メカニズム解析 ○沖 昌也 ^{1,2)} 、荻野裕平 ¹⁾ 、内田博之 ¹⁾ 1)福井大学大学院工学研究科 生物応用化学専攻 2)福井大学 生命科学複合研究教育センター	
	2A-12 集団分化の程度を測る指標の挙動パターンに関する研究 ○河村瑳友 ¹⁾ 、手島康介 ²⁾ 1)九州大学 理学部生物学科 進化遺伝学研究室 2)九州大学大学院 理学研究院 生物科学部門	2B-12 高度好熱菌の脱アミノ化ヌクレオチド浄化酵素Ham1の精製と機能解析 ○西村美起 ¹⁾ 、森本絵美子 ²⁾ 、平津圭一郎 ³⁾ 、米良花香 ²⁾ 、布柴達男 ^{1,2)} 1)国際基督教大学大学院 アーツ・サイエンス研究科 2)国際基督教大学 教養学部 3)防衛大学校 応用科学群	2C-12 大腸菌ラクトースリプレッサーの誘導物質に対する感受性の解析 ○阿保達彦 ¹⁾ 、近藤圭一郎 ²⁾ 、小野勝彦 ¹⁾ 、金城実木子 ²⁾ 1)岡山大学 大学院 自然科学研究科 2)岡山大学 理学部 生物学科	
16:15				
16:30				
16:45				

	A会場 (C200教室)	B会場 (C201教室)	C会場 (C206教室)
17:00	<p>2A 集団・分子進化・行動</p> <p>2A-13 ㊦ Experimental evolutionary study based on big data of mouse germline mutations from ENU mutagenesis. ○ Satoshi Oota¹⁾, Ryutaro Fukumura²⁾, Yoichi Gondo²⁾ 1) RIKEN BioResource Center Bioresource Information Division 2) RIKEN BioResource Center Mutagenesis and Genomics Team</p>	<p>2B 複製・組換え・減数分裂・生殖</p>	<p>2C エピジェネティクス/遺伝子発現 (転写後調節・翻訳後修飾)</p> <p>2C-13 枯草菌糖脂質欠損株におけるECFシグマ因子σ^Vの活性化機構の解析 ○ 関 貴洋、松岡 聡、松本幸次、原弘志 埼玉大学大学院 理工学研究所 遺伝情報研究室</p>
17:15	<p>2A-14 野生由来マウスにみられる従順性の系統差とヘテロジニアスストックを用いた遺伝学的解析の試み ○ 小出 剛^{1,2,3)}、後藤達彦^{1,3,4)}、松本悠貴^{1,2)} 1) 国立遺伝学研究所 マウス開発研究室 2) 総合研究大学院大学遺伝学専攻 3) 情報・システム研究機構 新領域融合研究センター 4) 茨城大学農学部</p>		<p>2C-14 ヒト・マイクロRNAの臓器別発現量とターゲット選択特 ○ 岩間久和¹⁾、藤田浩二²⁾、井町仁美³⁾、村尾孝児³⁾、正木 勉²⁾ 1) 香川大学 総合生命科学研究センター 2) 香川大学 医学部 消化器・神経内科学 3) 香川大学 医学部 内分泌代謝内科学</p>
17:30	<p>2A-15 選択交配およびゲノムワイド遺伝解析によるマウスの従順性行動に関わる遺伝子座の同定 ○ 松本悠貴^{1,2,3)}、中岡博史⁴⁾、西野 稯⁵⁾、後藤達彦⁶⁾、小出 剛^{1,2)} 1) 総合研究大学院大学 生命科学研究科 2) 国立遺伝学研究所 マウス開発研究室 3) 日本学術振興会 4) 国立遺伝学研究所 人類遺伝研究部門 5) 名古屋大学大学院 医学系研究科 6) 茨城大学 農学部</p>		
17:45	<p>2A-16 非モデル種<i>Drosophila subobscura</i>でのCRISPR-Cas9による変異誘発 ○ 村上日向¹⁾、田中良弥²⁾、伊藤弘樹²⁾、山元大輔²⁾ 1) 東北大学 理学部生物学科 脳機能遺伝分野 2) 東北大学大学院生命科学研究科 脳機能遺伝分野</p>		

一般講演 プログラム 9月26日(日)

	A会場 (C200教室)	B会場 (C201教室)	C会場 (C206教室)
9:00	3A 集団・分子進化・分子系統 3A-01 環境応答遺伝子と生命維持に関わる遺伝子の進化と多様性 ○岩崎理紗、五條堀淳、颯田葉子 総合研究大学院大学 先端科学研究科 生命共生体進化学専攻	3B 変異・修復 3B-01 植物におけるDNA損傷応答の統括因子SOG1の制御メカニズム ○愿山(岡本)郁、木村成介 京都産業大学 総合生命科学部 生命資源環境学科	3C 遺伝子機能・遺伝子発現(シグナル伝達・転写) 3C-01 大腸菌Rcs系におけるRcsFとRcsCの相互作用解析 ○佐藤貴皓、高野 晃、松本幸次、松岡 聡、原 弘志 埼玉大学大学院理工学研究科生命科学系専攻分子生物学コース遺伝情報研究室
9:15	3A-02 オリゴヌクレオチドのビッグデータ解析が検出する人獣共通感染症RNAウイルスゲノムの方向性のある変化 ○池村淑道 ¹⁾ 、和田佳子 ^{1,2)} 、岩崎裕貴 ¹⁾ 、和田健之介 ¹⁾ 、金谷重彦 ²⁾ 1)長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 2)奈良先端大 情報	3B-02 大腸菌の栄養環境が酸化DNA損傷と活性酸素種に与える影響 ○布瀬翔平、Tom Conrad、安藤さやか、豊本奈美江、中村 葵、秋山昌広、真木寿治 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 原核生物分子遺伝学研究室	3C-02 大腸菌Rcsシグナル伝達系におけるRcsFの役割 ○伊沢朋子、高野 晃、松本幸次、松岡 聡、原 弘志 埼玉大学大学院 理工学研究科 生命科学系専攻 分子生物学コース 遺伝情報研究室
9:30	3A-03 有櫛動物ミトゲノムの分子進化的特徴 ○半澤直人 ¹⁾ 、斉藤貴彦 ²⁾ 、後藤 亮 ³⁾ 、望月翔太 ²⁾ 、奥泉和也 ⁴⁾ 、関澤実玖 ⁵⁾ 、三宅裕志 ⁶⁾ 1)山形大学理学部生物学科 2)山形大学大学院理工学研究科 3)千葉県立中央博物館 4)鶴岡市立加茂水族館 5)北里大学大学院海洋生命科学研究所 6)北里大学海洋生命科学部	3B-03 出芽酵母における新規酸化ストレス応答遺伝子の同定 ○山崎 晃、真田悠生、秋山(張)秋梅 京都大学大学院 理学研究科 環境応答遺伝子科学研究室	3C-03 脊椎動物の中内胚葉分離における時空間的制御機構の解析 ○穂積俊矢、青木 駿、菊池 裕 広島大学大学院 理学研究科 生物科学専攻 発生生物学研究室
9:45	3A-04 後生動物の初期進化における有櫛動物の系統的位相 ○高橋慶祐 ¹⁾ 、加藤和貴 ²⁾ 、岩部直之 ¹⁾ 1)京都大学 大学院理学研究科 生物科学専攻 生物物理学教室 2)大阪大学 免疫学フロンティア研究センター	3B-04 紫外線損傷修復におけるXPCタンパク質の脱ユビキチン化制御機構の解析 ○酒井 恒 ^{1,2)} 、岸本藍子 ^{1,2)} 、松井豪志 ^{1,2)} 、赤木純一 ¹⁾ 、菅澤 薫 ^{1,2)} 1)神戸大学 バイオシグナル研究センター 2)神戸大学大学院 理学研究科 生物学専攻	3C-04 花卉運動突然変異体における概日時計遺伝子群の発現解析 ○沓名伸介 ¹⁾ 、瀬川祐貴 ¹⁾ 、小池杏奈 ¹⁾ 、小内 清 ²⁾ 、石浦正寛 ²⁾ 1)横浜市立大学大学院 生命ナノシステム科学研究科 2)名古屋大学 遺伝子実験施設

	D会場 (C202教室)	E会場 (C301教室)	F会場 (C302教室)
9:00	3D 染色体の構造と動態・ゲノム構造・機能解析・遺伝統計 3D-01 DNA二本鎖切断領域の核膜近傍への係留と損傷誘導的な姉妹染色分体接着に関する解析 ○尾間由佳子 ¹⁾ 、折原行希 ¹⁾ 、堀籠智洋 ^{2,3)} 、Susan Gasser ²⁾ 、原田昌彦 ¹⁾ 、小西辰紀 ¹⁾ 1)東北大学大学院 農学研究科 分子生物学研究室 2)FMI, Basel 3)現東京大学 分子細胞生物学研究所	3E 分化・発生／方法論・技術・遺伝学教育 3E-01 メラノサイトが関わる蝸牛血管条形成過程の発生遺伝学的解析 ○澁谷仁寿 ¹⁾ 、渡邊隆太郎 ¹⁾ 、前野哲輝 ²⁾ 、田村 勝 ³⁾ 、若菜茂晴 ³⁾ 、城石俊彦 ²⁾ 、山本博章 ¹⁾ 1)長浜バイオ大学大学院 バイオサイエンス研究科 2)国立遺伝学研究所 哺乳動物遺伝 3)理化学研究所 バイオリソースセンター	3F トランスポゾン・反復配列・ゲノム再編成・バイオリソース 3F-01 熱ショックタンパク質はマウス雄性生殖細胞においてレトロトランスポンを制御する ○一柳健司 ¹⁾ 、一柳朋子 ²⁾ 、小川阿弥子 ¹⁾ 、宮川さとみ ³⁾ 、仲野 徹 ³⁾ 、中馬新一郎 ⁴⁾ 、佐々木裕之 ¹⁾ 、鶴殿平一郎 ²⁾ 1)九州大学 生体防御医学研究所 エピゲノム制御学分野 2)岡山大学大学院 医歯薬学総合研究科 免疫学 3)大阪大学大学院 医学研究科 病理学 4)京都大学 再生医科学研究所 発生分化研究分野
9:15	3D-02 イネにおける人工環状染色体作出の試み ○村田 稔、金谷麻加、柏原吉成、長岐清孝 岡山大学 資源植物科学研究所 核機能分子解析グループ	3E-02 新規多能性がもたらす異種間キメラ形成能 ○岡村大治 ¹⁾ 、ウー ジュン ²⁾ 、リー モー ²⁾ 、鈴木啓一郎 ²⁾ 、ベルモンテファンカルロス ²⁾ 1)近畿大学 農学部 バイオサイエンス学科 動物分子遺伝学研究室 2)ソーク研究所 (GEL-B)	3F-02 SINE増幅による宿主のCTCF結合サイトの獲得とゲノム多様化機構 ○岡田典弘 ¹⁾ 、津久井隆裕 ^{1,2)} 、黒川 顕 ²⁾ 、西原秀典 ²⁾ 、平川美夏 ³⁾ 1)国際科学振興財団 2)東京工業大学 3)生命誌研究館
9:30	3D-03 ㊦ Chromosome mapping by flow cytometry ○Takashi Endo Department of Plant Life Science, Faculty of Agriculture, Ryukoku University	3E-03 EpiSC樹立におけるWntシグナル抑制の効果 ○杉本道彦 ^{1,2)} 、近藤昌代 ²⁾ 、古賀裕美子 ²⁾ 、池田理恵子 ²⁾ 、Susana M. Chuva de Sousa Lopes ³⁾ 、阿部訓也 ²⁾ 1)熊本大学 生命資源研究・支援センター 疾患モデル分野 2)理化学研究所 バイオリソースセンター 疾患ゲノム解析技術開発チーム 3)ライデン大学メディカルセンター	3F-03 乳腺由来細胞でシス制御機能を持つ転移因子群 ○西原秀典 東京工業大学 大学院生命理工学研究科
9:45	3D-04 古代魚の比較染色体マッピングによる脊椎動物のマイクロ染色体の進化過程の解析 ○宇野好宣 ¹⁾ 、西田千鶴子 ²⁾ 、豊田 敦 ³⁾ 、藤山秋佐夫 ³⁾ 、岡部正隆 ⁴⁾ 、松田洋一 ¹⁾ 1)名古屋大学 大学院生命農学研究科 動物遺伝制御学研究室 2)北海道大学 理学研究院 生物科学部門 3)国立遺伝学研究所 比較ゲノム解析研究室 4)東京慈恵会医科大学 解剖学講座	3E-04 生物種間比較プロテオミクスデータベース構築と遺伝子スペクトル比較解析 ○遠藤俊徳 ¹⁾ 、小柳 亮 ²⁾ 、新里宙也 ²⁾ 、佐藤矩行 ²⁾ 1)北海道大学大学院情報科学研究科情報生物学研究室 2)沖縄科学技術大学院大学マリンゲノミクスユニット	3F-04 ゼブラフィッシュ生体内でのLINE新規転移部位のDNAメチル化状態の解析 ○山口勝己、梶川正樹 東京工業大学大学院 生命理工学研究科

一般講演 プログラム 9月26日(土)

		A会場 (C200教室)	B会場 (C201教室)	C会場 (C206教室)
		3A 集団・分子進化・分子系統	3B 変異・修復	3C 遺伝子機能・遺伝子発現 (シグナル伝達・転写)
10:00		3A-05 棘皮動物におけるTRP遺伝子族のコピー数の進化 ○五條堀淳 ¹⁾ 、濱中 玄 ²⁾ 、河合成道 ³⁾ 、古川亮平 ^{4,5)} 、金子洋之 ³⁾ 、齋藤茂 ⁶⁾ 、富永真琴 ⁶⁾ 、颯田葉子 ¹⁾ 1)総合研究大学院大学 先導科学研究科 2)お茶の水女子大学 湾岸生物教育研究センター 3)慶應大学 自然科学研究教育センター 4)岩手医科大学 5)いわて東北メディカル・メガバンク機構 6)岡崎統合バイオサイエンスセンター(生理学研究所)	3B-05 低pH培養環境は大腸菌細胞内の酸化DNA損傷レベルを上昇させる ○宮原亮太、真木寿治 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 原核生物分子遺伝学研究室	3C-05 緑藻クラミドモナスの時計タンパク質ROC15の光誘導性分解に関わる遺伝子の同定 ○松尾拓哉 ^{1,2)} 、木下亜有美 ¹⁾ 、丹羽由実 ¹⁾ 、山野隆志 ³⁾ 、福澤秀哉 ³⁾ 、石浦正寛 ¹⁾ 1)名古屋大学 遺伝子実験施設 2)名古屋大学大学院 理学研究科 3)京都大学大学院 生命科学研究所
10:15		3A-06 刺胞動物門クラゲ類のミトゲノムに特徴的な領域に関する分子進化学的研究 ○後藤 亮 ¹⁾ 、船橋杏奈 ²⁾ 、半澤直人 ³⁾ 1)千葉県立中央博物館 2)山形大学大学院理工学研究科 3)山形大学理学部生物学科	3B-06 カタウレイボヤAPサイト修復酵素が及ぼす初期発生への影響 ○船越昌史、五十嵐健人、秋山(張)秋梅 京都大学大学院 理学研究科生物科学専攻動物学教室 環境応答遺伝子科学研究室	3C-06 モノグルコシルジアシルグリセロールによる大腸菌の主要膜脂質欠損の相補検討 ○上野通宗、松本幸次、松岡 聡、原弘志 埼玉大学大学院 理工学研究科 遺伝情報研究室
10:30		3A-07 シーラカンス、肺魚、四足動物の系統関係 ○竹崎直子 ¹⁾ 、西原秀典 ²⁾ 1)香川大学 総合生命科学研究センター 2)東京工業大学 大学院生命理工学研究科 生体システム専攻	3B-07 線虫 <i>C. elegans</i> における酸化防御遺伝子 <i>OXR1</i> と他の酸化防御因子との機能的関連解析 ○宮路将弘、秋山(張)秋梅 京都大学大学院 理学研究科 環境応答遺伝子科学研究室	3C-07  Rodent phenotypic diversity: insights from conserved noncoding evolution ○Isaac Adeyemi Babarinde ^{1,2)} 、Naruya Saitou ^{1,2,3)} 1) Department of Genetics, The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI) 2) Division of Population Genetics, National Institute of Genetics 3) University of Tokyo
10:45		3A-08 南極海に生息するノトセニア亜目魚類におけるATP合成酵素の分子進化 ○永田 健、大田竜也 総合研究大学院大学 先導科学研究科 生命共生体進化学専攻	3B-08 次世代ゲノム遺伝情報維持におけるミスマッチ修復の役割 ○大野みずき、鷹野典子、佐々木史子、中津可道、續 輝久 九州大学大学院 医学研究院 基礎放射線医学分野	3C-08 大腸菌の鉄硫黄クラスター生合成欠損株の解析から新たに判明したISCマシナリーの特性 ○金澤美秋 ¹⁾ 、田中尚志 ¹⁾ 、高橋康弘 ¹⁾ 、葛山智久 ²⁾ 1)埼玉大学大学院 理工学研究科 分子統御研究室 2)東京大学 生物生産工学研究センター

	D会場 (C202教室)	E会場 (C301教室)	F会場 (C302教室)
10:00	3D 染色体の構造と動態・ゲノム構造・機能解析・遺伝統計 3D-05 バクテリアのrRNA遺伝子の新たな役割—複製新生鎖分離のための染色体凝縮への寄与 ○仁木宏典、矢野晃一 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター	3E 分化・発生／方法論・技術・遺伝学教育 3E-05 三胚葉分化過程における細胞運命決定の可塑性制御機構の解明 ○塩見太志 ¹⁾ 、武藤彰彦 ¹⁾ 、木村 宏 ²⁾ 、菊池 裕 ¹⁾ 1) 広島大学大学院 理学研究科 生物科学専攻 発生物学研究室 2) 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生体システム専攻 木村研究室	3F トランスポゾン・反復配列・ゲノム再編成・バイオリソース 3F-05 シロイヌナズナエコタイプをもちいた熱活性型レトロトランスポソンの転写制御解析 ○野沢紘佑 ¹⁾ 、升田誠二 ¹⁾ 、加藤敦之 ²⁾ 、伊藤秀臣 ²⁾ 1) 北海道大学 生命科学院 形態機能学講座Ⅲ 2) 北海道大学理学研究院
10:15	3D-06 日本固有の毒蛇ハブ (<i>Protobothrops flavoviridis</i>) の全ゲノム配列決定と遺伝子モデルの作製 ○柴田弘紀 ¹⁾ 、千々岩崇仁 ²⁾ 、上田直子 ³⁾ 、服部正策 ⁴⁾ 、小柳 亮 ⁵⁾ 、久田香奈子 ⁶⁾ 、佐藤矩行 ⁶⁾ 、大野素徳 ²⁾ 、服巻保幸 ¹⁾ 、小川智久 ⁷⁾ 1) 九州大学 生体防御医学研究所 ゲノミクス分野 2) 崇城大学 生物生命学部 3) 崇城大学 薬学部 4) 東京大学 医科学研究所 5) 沖縄科学技術大学院大学(OIST) DNA シークエンシングセクション 6) 沖縄科学技術大学院大学(OIST) マリンゲノミクスユニット 7) 東北大学大学院 生命科学研究所	3E-06 新しい学習指導要領下での「高校生物」教科書における遺伝学用語について、その現状と問題点 ○池内達郎 元・東京医科歯科大学	3F-06 イネ非自律性転移因子 <i>mPing</i> は選択スプライシングを誘発する ○琴 梨世 ¹⁾ 、築山拓司 ¹⁾ 、稲垣晴香 ¹⁾ 、齊藤大樹 ¹⁾ 、寺石政義 ¹⁾ 、奥本 裕 ¹⁾ 、谷坂隆俊 ^{1,2)} 1) 京都大学大学院 農学研究科 育種学研究室 2) 吉備国際大学 地域創成農学科
10:30	3D-07 ゲノム解析の基盤となるゲノムDNA参照配列の再検討 ○榎藤洋一 理化学研究所バイオリソースセンター	3E-07 自己圧縮BLSOM (一括学習型自己組織化マップ) による水平伝播領域検出法の開発 ○松本光司 ¹⁾ 、菊池亮仁 ¹⁾ 、池村淑道 ²⁾ 、阿部貴志 ¹⁾ 1) 新潟大学大学院 自然科学研究科 バイオインフォマティクス研究室 2) 長浜バイオ大学	3F-07 植物ゲノムにおけるAu SINEレトロトランスポソンの進化 ○Jeffrey Fawcett, Hideki Innan 総研大
10:45	3D-08 ヒト転写標的遺伝子の機能の偏りと転写標的遺伝子予測への応用 ○大里直樹 ^{1,2)} 1) 東京大学 先端科学技術研究センター システム生物医学 2) 東京大学 生物医学と数学の融合拠点	3E-08 オリゴペプチド組成類似性に基づく機能未知のタンパク質の機能推定法の確立 ○五十嵐諒 ¹⁾ 、池村淑道 ²⁾ 、阿部貴志 ¹⁾ 1) 新潟大学大学院 自然科学研究科 バイオインフォマティクス研究室 2) 長浜バイオ大学	3F-08 メダカコンソミック系統の樹立 ○酒泉 満、明正大純、佐藤 忠 新潟大学 理学部

一般講演 プログラム 9月26日(土)

		A会場 (C200教室)	B会場 (C201教室)	C会場 (C206教室)
		3A 集団・分子進化・分子系統	3B 変異・修復	3C 遺伝子機能・遺伝子発現 (シグナル伝達・転写)
11:00		3A-09 アンプリコンシーケンス解析による塩基配列多型データに基づく針葉樹スギ (<i>Cryptomeria japonica</i>) の集団構造の推定 ○森口夏季 ¹⁾ 、内山憲太郎 ²⁾ 、宮城竜太郎 ³⁾ 、高橋文 ³⁾ 、田村浩一郎 ³⁾ 、津村義彦 ⁴⁾ 、手島康介 ⁵⁾ 、楠見淳子 ⁵⁾ 、鎧田英典 ⁶⁾ 1)九州大学大学院 システム生命科学府 進化遺伝学研究室 2)森林総合研究所 森林遺伝研究領域 3)首都大学東京 理工学研究科生命科学専攻 進化遺伝学研究室 4)筑波大学生命環境系 農林技術センター演習林 5)九州大学大学院 比較社会文化研究院 環境変動部門 生物多様性講座 6)九州大学大学院 理学研究院 生物科学部門	3B-09 慢性的な低線量率紫外線照射下における出芽酵母NER欠損株の動態解析 ○塩入拓馬、毛谷村賢司、田中修平、菱田 卓 学習院大学大学院 自然科学研究科 生命科学専攻	3C-09 上流ORF44から翻訳されるタンパク質のマウス個体解析 ○北野翔平 ¹⁾ 、相澤康則 ^{1,2)} 1)東京工業大学大学院 生命理工学研究科 相澤研究室 2)東京工業大学 バイオ研究基盤支援総合センター
11:15		3A-10 タイ国石灰岩カルスト地帯に見出されたVigna属雑種集団 ○内藤 健 ¹⁾ 、高橋 有 ¹⁾ 、井関洸太郎 ¹⁾ 、北澤久美子 ²⁾ 、入江憲二 ²⁾ 、友岡憲彦 ¹⁾ 1)農業生物資源研究所 遺伝資源センター 2)東京農業大学 国際食料情報学部	3B-10 大腸菌DNAグリコシラーゼKsgAのヒトホモログDIMT1L及びTFB1MのBERにおける役割 ○林悠一郎、宮路将弘、秋山(張)秋梅 京都大学大学院 理学研究科 環境応答遺伝子科学研究室	3C-10 ショウジョウバエのヒストン遺伝子の構造と進化：H4とH4r遺伝子 ○松尾義則 ¹⁾ 、山本厳稚 ²⁾ 、渡邊 徹 ²⁾ 、中村真悠 ²⁾ 、角林則和 ²⁾ 、齋藤祐介 ²⁾ 1)徳島大学大学院 ソシオ・アーツ・アンド・サイエンス研究部 適応進化学研究室 2)徳島大学 総合科学部 適応進化学研究室
11:30		3A-11 シロイヌナズナ属における葉緑体のRNAエディティングの種間変異 ○河邊 昭、降旗初佳、吉田貴徳 京都産業大学 総合生命科学部	3B-11 放射線誘発突然変異頻度を定量評価可能な線量率をあらわに取り入れた数理モデル ○真鍋勇一郎 ¹⁾ 、和田隆弘 ²⁾ 、角山雄一 ³⁾ 、中島裕夫 ⁴⁾ 、坂東昌子 ^{5,6)} 1)大阪大学 大学院工学研究科 環境・エネルギー工学専攻 量子エネルギー工学講座 2)関西大学システム理工学部 3)京都大学環境安全保健機構 4)大阪大学大学院医学系研究科 5)京都大学基礎物理学研究所 6)大阪大学核物理研究センター	3C-11 キイロショウジョウバエ種内体色変異の適応的意義と関与する分子機構の解明 ○秋山礼良 ¹⁾ 、宮城竜太郎 ¹⁾ 、高橋文 ^{1,2)} 1)首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻 2)首都大学東京 生命情報研究センター
11:45		3A-12 E Characterisation of major histocompatibility complex class II (MHCII) in Japanese frogs ○Quintin Lau ¹⁾ 、Takeshi Igawa ²⁾ 、Yoko Satta ¹⁾ 1) Sokendai (The Graduate University for Advanced Studies) 2) Hiroshima University		

	D会場 (C202教室)	E会場 (C301教室)	F会場 (C302教室)
11:00	3D 染色体の構造と動態・ゲノム構造・機能解析・遺伝統計 3D-09 タンパク3次構造を考慮した、がんのドライバー遺伝子の検出 ○藤本明洋 ¹⁾ 、岡田随象 ²⁾ 、キース ポロエビッチ ¹⁾ 、角田達彦 ¹⁾ 、谷口浩章 ¹⁾ 、中川英刀 ¹⁾ 1)理化学研究所 統合生命医科学研究センター 2)東京医科歯科大学 大学院医歯学総合研究科	3E 分化・発生／方法論・技術・遺伝学教育 3E-09 Gli転写因子の可視化の試み：CRISPR/Casシステムによる <i>Gli3</i> 遺伝子のノックダウン ○牧野 茂、権藤洋一 理化学研究所 バイオリソースセンター 新規変異マウス研究開発チーム	3F トランスポゾン・反復配列・ゲノム再編成・バイオリソース 3F-09 ヒト化ショウジョウバエを用いた脊椎動物の超保存配列の機能解析 ○大迫隆史 ¹⁾ 、松田 健 ²⁾ 、都丸雅敏 ³⁾ 、高野敏行 ³⁾ 1)京都工芸繊維大学 高度技術支援センター 2)京都工芸繊維大学 応用生物学専攻 3)京都工芸繊維大学 ショウジョウバエ遺伝資源研究部門
11:15	3D-10 Haplotype関連解析の検出力のシミュレーション研究 ○三澤計治 ^{1,2)} 、河合洋介 ^{1,2)} 、小島 要 ^{1,2)} 、長谷川高矩 ^{1,2)} 、長崎正朗 ^{1,2)} 1)東北大学東北メディカル・メガバンク機構 2)東北大学大学院医学系研究科		
11:30			
11:45			