

日本遺伝学会

第98回大会

プログラム・抄録集



2026年9月9日（水）－11日（金）

東京科学大学 大岡山キャンパス

2026年9月12日（土）公開市民講座

日本遺伝学会第 98 回大会
The 98th Annual Meeting of the Genetics Society of Japan
プログラム・抄録集

ご挨拶	1
開催概要	2
日程表	3
参加者へのご案内	4
座長・口頭発表演者の皆様へ	6
ポスター発表者の皆様へ	7
会場アクセス・案内図	8
日本遺伝学会将来計画アンケートについて	10
日本遺伝学会第 98 回大会 Best Papers 賞	11
日本遺伝学会第 98 回大会 Young Best Poster 賞 (YBP)	12
日本遺伝学会第 98 回大会総会	13
日本遺伝学会木原賞・奨励賞授与式・受賞講演	14
公開市民講座「生命の“不思議”を遺伝子で探る —おもしろ遺伝学と市民が拓く未来—」	15
学会企画フォーラム・ワークショップ	18
発表プログラム	26
ポスター発表リスト	56
協賛企業広告	巻末

ご挨拶

日本遺伝学会第98回大会を、2026年9月9日（水）から11日（金）までの3日間、東京科学大学大岡山キャンパスにおいて開催する運びとなりました。

本大会では、シンポジウム2件、ワークショップ12件を企画しております。学会員の皆様から寄せられた多数のご提案をもとに、大変魅力的なテーマが揃いました。一般講演（口頭発表）に加えて大学院修士課程以下を対象としたポスター発表も実施し、例年通り Best Papers（BP）賞および Young Best Poster（YBP）賞を選出いたします。多くの会員の皆様のご参加を心よりお待ちしております。

また、ランチョンでは、ダイバーシティ・将来計画合同企画フォーラムやマイリサーチヒストリーに加え、初の試みとして初日に企業紹介ランチョンセミナーを開催いたします。これらは、特に若手研究者のキャリアパスの参考や、新たな研究の着想を得る絶好の機会になると確信しております。

大会最終日の翌日、9月12日（土）には、公開市民講座「生命の不思議を遺伝子で探るーおもしろ遺伝学と市民が拓く未来ー」を現地とオンラインのハイブリッド形式で開催いたします。日本人のルーツ、三毛猫、動物の形態進化、熱帯魚、オートファジーなどをテーマに、大隅良典博士をはじめ、第一線で活躍する研究者が、最新の研究成果や研究の舞台裏をわかりやすく紹介します。身近な生き物や生命現象を題材に、遺伝学の魅力と奥深さに触れていただける内容となっています。オンライン配信もいたしますので、遠方の方もぜひご参加ください。

2024年10月の大学統合により、新たに東京科学大学が誕生いたしました。旧・医科歯科大での遺伝学関連学会の開催実績はあるものの、旧・東工大における本学会の開催は145年の歴史のなかで今回が初めてとなります。今大会のモットーは「遺伝学会大会の原点回帰」です。研究発表と活発なディスカッションを中心とした熱意ある大会を目指します。本議論を通じて、世代や分野を超えた深い交流の場を提供できれば幸いです。

本大会が盛大かつ有意義なものとなりますよう、皆様のご支援とご協力をよろしくお願い申し上げます。

日本遺伝学会第98回大会組織委員会を代表して

大会委員長 岩崎博史
東京科学大学・総合研究院・細胞制御工学研究センター

開催概要

- 会期 2026年 9 月 9 日（水）～ 11 日（金）
- 会場 東京科学大学 大岡山キャンパス
- 主催 公益財団法人 遺伝学普及会 日本遺伝学会
- 後援 東京科学大学
文部科学省科学研究費助成事業 学術変革領域(A)
機動性DNAエレメントと宿主がおりなす生物多様性創出：
「宿主対応」と「継世代伝搬」
- 公開市民講座への助成：文部科学省科学研究費助成事業（科学研究費補助金）
研究成果公開促進費（26HP0010）
- 組織委員会

大会委員長	岩崎 博史	東京科学大学	総合研究院細胞制御工学研究センター
組織委員長	二階堂雅人	東京科学大学	生命理工学院
プログラム			
委員長	長澤 竜樹	東京科学大学	生命理工学院
大会委員	相原 光人	東京科学大学	生命理工学院
	相澤 康則	東京科学大学	生命理工学院
	上田 真保子	東京科学大学	生命理工学院
	大里 直樹	東京科学大学	生命理工学院
	梶川 正樹	東京科学大学	生命理工学院
	金子 真也	東京科学大学	生命理工学院
	鈴木 崇之	東京科学大学	生命理工学院
	坪内 英生	東京科学大学	総合研究院細胞制御工学研究センター
	藤 泰子	東京科学大学	生命理工学院
	中戸川 仁	東京科学大学	総合研究院細胞制御工学研究センター

日程表

2026年9月9日（水）-11日（金）

9月9日（水）

A会場 デジタル多目的ホール	B会場 W9-324	C会場 WL2-201	D会場 WL2-301
9:00-12:00 遺伝子発現・翻訳1（一般講演）	9:00-12:00 エピジェネティクス・トランスポゾン・反復配列（一般講演）	9:00-10:45 DNA複製・組換え・修復・変異1（一般講演）	9:00-11:45 集団遺伝学、その他（一般講演）
13:30-16:00 SY1 進化とエピジェネティクスの交差点～オーソロジーを超えて～	14:00-15:45 WS1 性染色体・性決定システムの動的進化（学変A 性染色体サイクル 企画）	10:45-11:45 減数分裂・生殖1（一般講演）	12:15-13:15 企業ランチョンセミナー
	16:00-17:45 WS4 生物選択者激滅の現状と提案 4 ～負のバイアスを取り除く～	14:00-15:45 WS2 遺伝性疾患研究の最前線―病態機序解明から治療展開へ―	14:00-15:45 WS3 染色体恒常性と不安定性：その均衡と破綻の分子機構
		16:00-17:45 WS5 若手の会ワークショップ	

ポスター会場1・2（W9-326/W9-325） 13:00-18:00 ポスター展示
ナイトゼミ会場 18:30-20:30 ナイトゼミ

9月10日（木）

A会場 デジタル多目的ホール	B会場 W9-324	C会場 WL2-201	D会場 WL2-301
9:00-12:00 エピジェネティクス・発生・転写制御（一般講演）	9:00-11:00 分子進化・分子系統1（一般講演）	9:00-10:00 遺伝子発現・翻訳2（一般講演）	9:00-9:45 減数分裂・生殖2
13:30-16:00 SY2 完全長ゲノム時代の到来：ロングリードとパンゲノムが拓く生命科学の新展開	11:00-11:45 方法論・技術（一般講演）	10:00-11:15 DNA複製・組換え・修復・変異2	9:45-11:45 遺伝医学・疾患モデル（一般講演）
	14:00-15:45 WS6 遺伝学×プロテオミクス：遺伝学研究を拓く次世代プロテオミクス	11:15-12:00 分化・発生（一般講演）	12:15-13:15 ダイバーシティ・将来計画合同ランチョンフォーラム
		14:00-15:45 WS7 RNA のダイナミズムによる生命現象の理解	14:00-15:45 WS8 進化脳病態：脳の病・障がいとは進化の過程においていかに生まれたのか

ポスター会場1・2（W9-326/W9-325） 9:00-16:00 展示
ポスター発表 16:00-17:00 奇数コアタイム / 17:00-18:00 偶数コアタイム
ナイトゼミ会場 18:15-20:00 懇親会

9月11日（金）

A会場 デジタル多目的ホール	B会場 W9-324	C会場 WL2-201	D会場 WL2-301
9:00-10:00 ゲノミクス・バイオインフォマティクス	9:00-10:00 細胞周期・染色体機能（一般講演）	10:00-11:45 WS11 リピート配列はジャンクではない！―非散在性リピート配列のゲノム安定性	9:00-10:00 行動・神経科学（一般講演）
10:00-11:45 WS9 動原体/セントロメアを俯瞰する ―多様性・多面性・可塑性―	10:00-11:45 WS10 真核細胞における多様な環状DNAの生成・維持機構と細胞応答		10:00-11:45 WS12 ウイルスと宿主の相互作用から捉え直すゲノムの構造と機能
13:15-14:15 PWS BP賞講演			12:00-13:00 マイリサーチヒストリー
14:15-17:00 総会・受賞講演			

参加者へのご案内

■ 大会受付について

参加者の方は、会場に到着されましたら、まず総合受付（大岡山西9号館2階）にお立ち寄りください。西9号館の正面玄関は2階にあり、玄関を入るとすぐに総合受付がございます。

受付にてネームホルダーをお渡しいたします。事前に印刷していただいた「**参加証**」から「**名札**」部分を折りたたみ、ケースに入れて、大会会場のほか、ナイトゼミナールや懇親会の会場でも常に身につけておいてください。

当日参加登録をされる方は、総合受付に設置されたパソコン、またはご自身のスマートフォン等から参加登録の手続きをお願いいたします。参加費のお支払いはクレジットカードのみとなります（当日の現金のお取り扱いはありません）。

■ 参加証（A4印刷）について

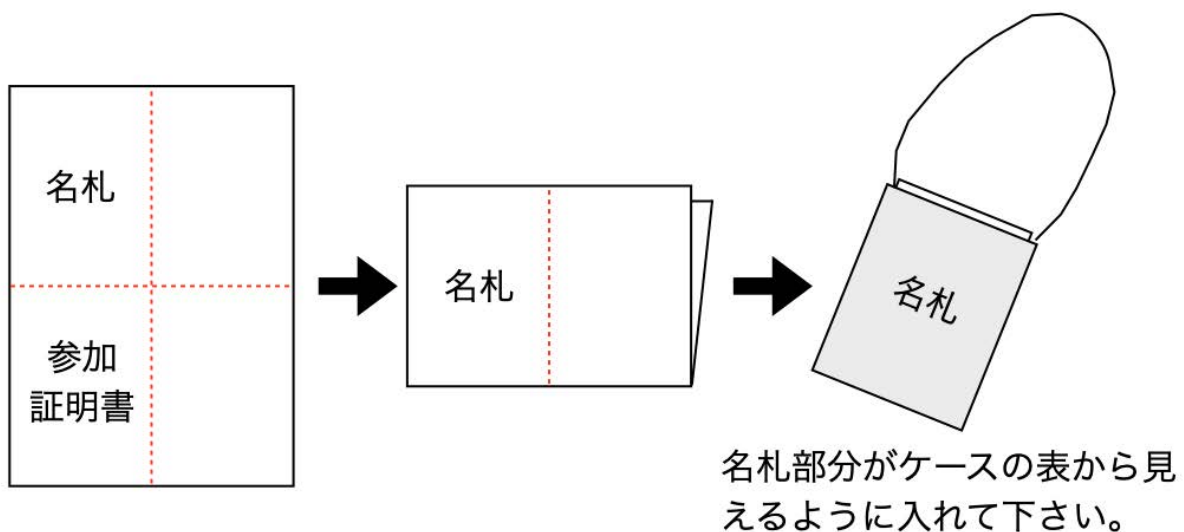
事前登録がお済みの方は、参加登録サイト（confit）より「参加証」をダウンロードし、事前にご自身でA4サイズの用紙に印刷して会場にお持ちください。カラー・モノクロは問いません。

<https://gsj.conf.it.atlas.jp>

※ダウンロードされるA4の用紙1枚の中に、「名札」と「参加証明書」が一緒に印刷されています。

当日参加登録される方は、受付後に専用の名札台紙をお渡しいたしますので、ご自身でお名前をご記入ください。

下図を参考に、印刷した参加証を四つ折りにし、受付でお渡しするホルダーケースに入れてご使用ください。名札部分がケースの表から見えるように入ってください。



■ クロークについて

総合受付付近にクロークをご用意いたします。ご利用の方はクローク受付で番号札と引き換えに荷物等をお預けください。

貴重品はお預かりできませんので、必ずご自身で管理してください。盗難、紛失及び破損等の責任は負いかねます。

お預かりは当日のみとさせていただきます。クロークはその日のすべてのセッション終了後に閉鎖しますので、それまでに必ず荷物等をお引き取りください。

■ 無線ネットワーク

eduroam は、キャンパス内の各会場でご利用いただけます。eduroamをご利用可能な方は、できるだけeduroamをご利用ください。

また、大会会場内では、大会専用の無線ネットワークがご利用いただけます。

SSID : gsj2026tokyo

パスワード : TsubameScience39

同時接続数は最大500台に限られていますので、お一人につき1台のみの接続にご協力ください。PC、スマートフォン、タブレット等、複数端末の同時接続はお控えください。

■ キャンパス内の昼食、サービス等について

- ・大岡山キャンパス内では、以下の食堂・カフェがご利用いただけます。

つばめテラス（西5号館 2階）11:00～14:00

生協第二食堂（本館 地下1階）11:00～14:00

＊夏季短縮営業

シアトルエクスプレスカフェ（Taki Plaza 1階）8:00～17:00

エクセルシオール カフェ（蔵前会館 1階）7:30～21:00

- ・ランチョン形式のワークショップ、フォーラムが毎日開催されます。詳しくは日程表・プログラムのページをご覧ください。

- ・ATM、コンビニエンスストアは、大岡山駅前に複数あります。

■ ナイトゼミナール、懇親会について

ナイトゼミナール、懇親会に参加登録された方は、ネームカードに印をつけています。各会場の受付で、必ずネームカードをご提示ください。

■ その他

会場内でのスライドやポスターの写真・ビデオ撮影はご遠慮ください。

西9号館デジタル多目的ホール内は飲食禁止です。それ以外の講義室（ポスター会場等）では、キャップか蓋のついた飲み物のみ許可されます。

座長・口頭発表演者の皆様へ

■ 座長・世話人の皆様へ

当日は、直接ご担当の会場にお越しください。控室の準備はございません。

セッションの進行は、座長に一任いたしますが、終了時間は厳守をお願いします。

一般口演では各セッション 2～3 名の方に座長をお願いしている場合があります。複数の座長が担当されるセッションについては、座長間でご相談の上、それぞれの担当演題をお決めください。

一般口演において発表の取り消しがあった場合には、繰り上げての進行はせず、プログラム記載の開始予定時刻まで待って次演題に進んでください。

■ 演者の皆様へ

発表は全てパソコンと液晶プロジェクターによるプレゼンテーションとなります。

プロジェクターはHDMI 接続です。ご使用のパソコンに対応する接続端子がない場合は必要な変換アダプターをご自身でご用意ください。なお、ハイブリッド配信対象のセッションでは、配信を円滑に行うため、発表データをセッション開始前に大会側で取りまとめ、大会側で用意した共通のパソコンを使用してご発表いただきます。対象となる演者の方は、発表データを保存したパソコン等をご持参のうえ、セッション開始前のデータ収集にご協力ください。

事務局にてご用意する予備のパソコンはございません。各自パソコン持ち込みでお願いします。また、必ず AC アダプターをご持参ください。パソコントラブルに備え、発表データを USB フラッシュメモリなどに保存して必ずご持参ください。

スクリーンセーバー、省エネ設定等の発表の妨げになるツールはあらかじめ解除してください。

聴衆には日本語の読解が困難な方もおられます。そのような方にも最大限配慮したスライド作成をお願いします。

発表用のレーザーポインターは各会場にご用意しております。

質問をされる際は、各会場に用意された質問者用マイクをご使用ください。

一般口演の講演時間は 15 分（発表 12 分、討論 3 分）です。ベルを鳴らすタイミングは下記の通りです。

- | | | |
|-------------|--------------------|----------------|
| 1 ベル | 発表時間終了 2 分前 | 10 分経過時 |
| 2 ベル | 発表時間終了（討論開始） | 12 分経過時 |
| 3 ベル | 討論時間終了 1 分前 | 14 分経過時 |

3 ベルが鳴ったら討論の終了に向けて準備をお願いします。また、次の演者がパソコンのつなぎ替え作業を始めることをご了承ください。質問にはなるべく簡潔に答えていただき、時間内に多くの質

問ができるようにご配慮ください。

ご自身の前の発表が始まったら、発表者の近くに準備された「次演者席」に移動し、すぐに発表を始められるように準備してください。3ベルが鳴ったら、前の発表者のパソコンから自分のパソコンへのつなぎ替え作業を開始してください。スケジュールがタイトですので、円滑なセッションの進行にご協力をお願いいたします。

指定演題（シンポジウム、ワークショップなど）の講演時間に関しては、演題ごとに異なります。プログラムにて必ずご確認ください。

ポスター発表の皆様へ

■ ポスター会場

西9号館3階 W9-325および W9-326教室

■ ポスター討論

9月10日（木）16:00~18:00（奇数番号 16:00~17:00、偶数番号 17:00~18:00）

■ ポスター作成要領

ポスターは、ポスターパネル（縦175 cm × 横115 cm）に収まるサイズで作成してください。ポスターパネルの左上には、あらかじめ10 cm × 10 cmの演題番号札を掲示しますので、その部分を空けてポスターを掲示してください。掲示用の押しピンは、当日各パネルにご用意します。

ポスターは、大会初日の9月9日（水）13:00以降に掲示し、必ず同日中に掲示を完了してください。大会2日目の9月10日（木）のポスター討論終了時（18:00）まで、引き続き掲示してください。

9月10日（木）18:00以降、各自でポスターを回収し、必ずお持ち帰りください。

会場アクセス・案内図

最寄り駅

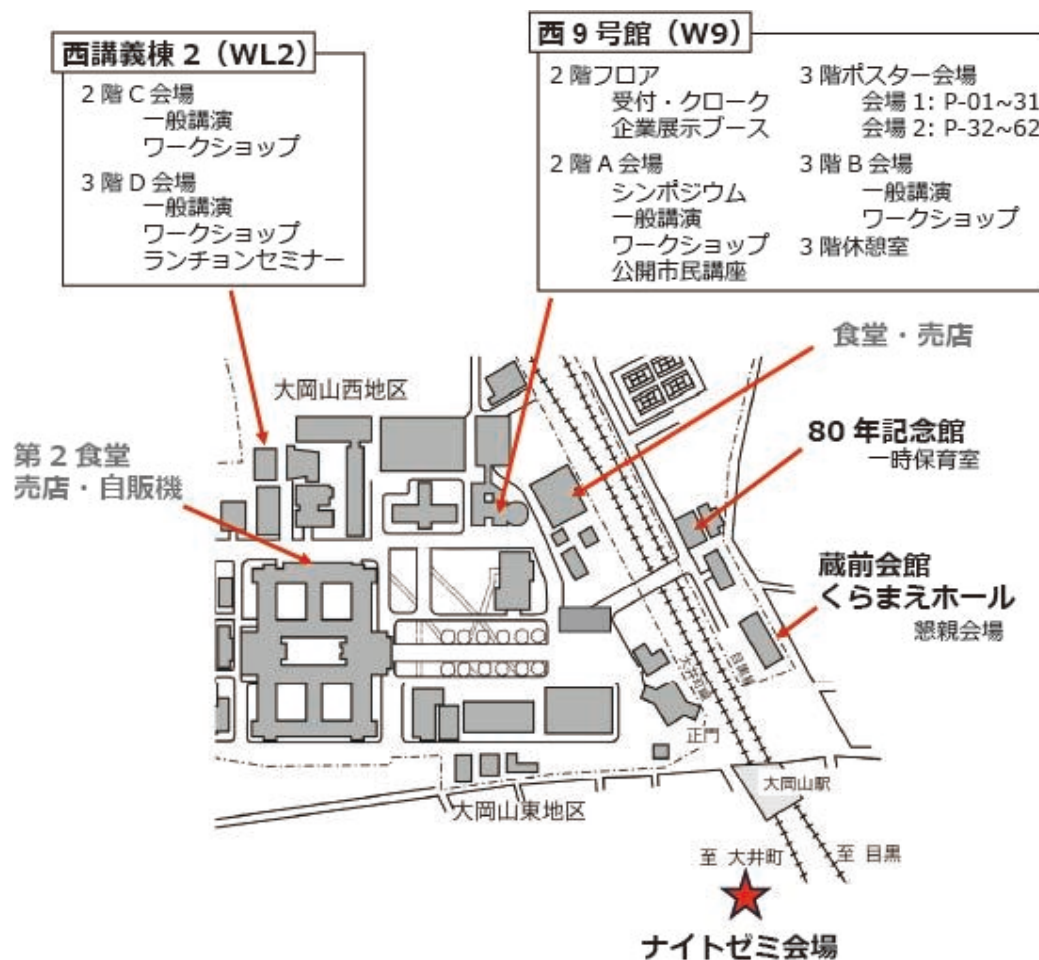
東急大井町線・目黒線 大岡山駅

東京科学大学 大岡山キャンパス

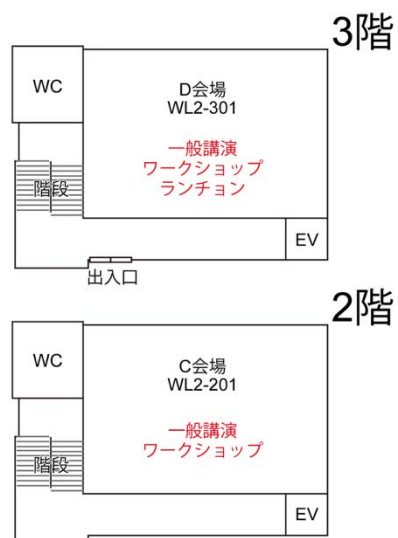
〒152-8550 東京都目黒区大岡山 2-12-1

[会場アクセス](#) [キャンパスマップ](#)

懇親会場 東京科学大学 蔵前会館くらまえホール（大岡山キャンパスに隣接）



西講義棟2（WL2）概略図

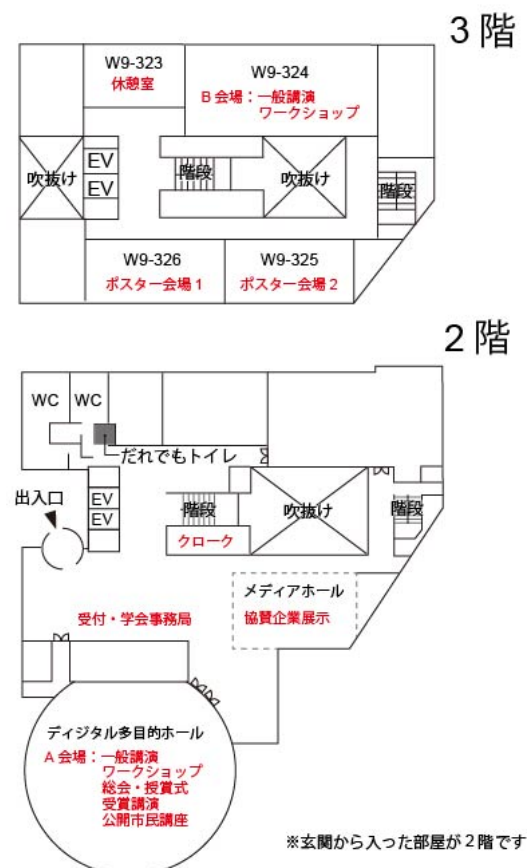


※玄関から入った部屋が3階です

※男子トイレが「1階と2階の間」に

女子トイレは「2階と3階の間」と「3階と4階の間」にあります。

西9号館（W9）概略図



※玄関から入った部屋が2階です

日本遺伝学会将来計画アンケートについて

今後の日本遺伝学会大会をより良いものにしていくため、昨年に引き続き大会会場にて皆様からのご意見を募集したいと思います。今回は、下記の通り「研究におけるAIの活用状況について」、「AI活用に関しての学会の対応について」、「ポスターセッションについて」、「大会のハイブリッド開催について」、ご意見・ご要望をお伺いしたいと思いますので、忌憚のないご意見をぜひお寄せください。

■ 質問内容

- Q1: 皆様が研究を行う際のAIの活用状況についてお教えてください。
- Q2: AIの活用に関して、学会へのご要望をお教えてください。
- Q3: ポスターセッションの改善案へのご意見をお教えてください。
- Q4: 大会のハイブリッド開催についてのご意見をお教えてください。

■ アンケート回答方法

会場にアンケートポスターを大会期間中設置いたします。

場所： 大岡山西9号館（W9）2階 （大会受付・企業展示ブース付近）
シール、付箋紙を貼り付ける形式でのアンケートを行います。お気軽にご回答いただけますと幸いです。

学生の皆様も気兼ねなくご回答ください。

将来計画幹事一同

日本遺伝学会第 98 回大会 Best Papers 賞

■ Best Papers 賞について

全生物に共通する不変原理と、生物種に固有な現象を記載する「遺伝と多様性の科学」としての遺伝学は、ゲノム科学と技術革新に後押しされ、かつてないほど重要性を高めてきました。日本遺伝学会では「21 世紀の遺伝学を切り開く意欲あふれる研究を奨励し、日本の遺伝学の発展に資する」ことを願い、才能と情熱を傾けた結果としての発表を選抜褒賞し、研究者育成の一助となることを目指して2001 年にBest Papers 賞（BP 賞）を開始しました。「BP 賞受賞歴」は特に若手の研究者にとって貴重な一行となるはずです。共著者にも記載の権利があります。

■ 選出方法

BP 賞選出に際しては、公平性の観点から、投票が偏ることのないよう、評議委員、編集顧問、編集委員、幹事、および座長から構成される審査員によって記名投票で行います。各演題の評価を聴講評価者数に対する割合で補正して上位演題を選んだ後、さらに検討を加えることで公平性を担保しています。質疑応答を含めて評価されるので、発表者はもちろん、ほかの皆様も間接的に評価に関わることになります。このほか様々な形で大会に関わる皆様の力によって、本大会とBest Papers 賞は成り立っています。大いに盛り上げていただくようお願いいたします。

■ 受賞の確定について

選出候補者には12月下旬頃を目処にGenes & Genetic Systems (GGS) の付録誌「遺伝学のパラダイムシフトを目指して」（電子版）の研究紹介原稿を依頼し、期日までの原稿提出によって受賞者とします。また、学会ホームページ、あるいは大会ホームページ等に掲載します。

■ プレナリーワークショップについて ～ 昨年度の BP 賞受賞演題から

前大会の Best Papers (BP) 賞から4題がプレナリーワークショップにて講演されます。各分野の最先端を知る上でもぜひご聴講ください。

令和8年9月

沖 昌也 (BP 賞選考委員長)

日本遺伝学会第 98 回大会 Young Best Poster (YBP) 賞

■ YBP賞について

遺伝学会年会では口頭発表を主としてプログラムが組まれています。駆け出し研究者（学部生、博士前期課程）が「まだ、まとまった研究成果がない」、「研究の方向性だけでも議論したい」という状況でも気兼ねなく発表できるよう、ポスターセッションも設けております。YBP賞は、ポスター発表から意欲あふれる研究、将来性に富んだ研究を選抜するもので、以後の研究の励みとしてもらうことを目的としております。また、学生にとって貴重な受賞歴となるはずで

■ 選出方法

YBP賞の選出に際しては、大会参加者全員に投票権が与えられます。ポスター発表会場に掲示されたQRコードを読み取り、投票webページにアクセスし「投票者の所属・氏名」および「優秀ポスター番号」を入力し、その情報を送信してください。厳正なる投票の集計結果をもとに、発表総数の1～2割が受賞できるように選考しますが、分野間のバランスなどを考慮し、受賞者数にはある程度の増減があります。選考には参加者の皆さんの投票が必須であり、ポスター発表時に熱く議論することが評価の重要なポイントとなりますので、口頭発表のみならず、ポスター発表も大いに盛り上げていただくようお願いいたします。

■ 受賞の確定について

YBP賞受賞者は、大会最終日の総会時に発表します。

令和8年9月

大学 保一

鵜木 元香

（遺伝学普及・教育担当幹事）

日本遺伝学会第 98 回大会総会

■ 日時： 2026年9月11日（金） 14時25分～15時00分

■ 場所： 東京科学大学 大岡山キャンパス 西9号館 デジタル多目的ホール

■ 総会次第：

- | | | |
|-------------------------------|-------|------------|
| 1. 大会委員長挨拶 | 委員長 | 岩崎 博史 |
| 2. 日本遺伝学会会長挨拶 | 会長 | 角谷 徹仁 |
| 3. 報告事項 | 会長 | 角谷 徹仁 |
| a) 学会賞選考委員会報告 | 委員長 | 角谷 徹仁 |
| b) 選挙管理委員会報告 | 委員長 | 佐渡 敬 |
| c) その他(2027/2028年度日本遺伝学会会長挨拶) | | |
| 4. 議事 | | |
| a) 2025年度決算、2027年度予算案 | 会計幹事 | 北野 潤 |
| b) 会計監査 | 会計監査 | 藤戸 尚子 |
| c) 第100回大会について | 会長 | 角谷 徹仁 |
| d) その他 | | |
| 5. YBP賞・Best Papers 賞受賞者発表 | | 大学 保一・沖 昌也 |
| 6. 次期（第99回）大会委員長挨拶 | 大会委員長 | 河邊 昭 |

日本遺伝学会木原賞・奨励賞授与式・受賞講演

■ 日 時：2026 年 9 月 11 日（金） 15 時 10 分～16 時 40 分

■ 場 所：東京科学大学 大岡山キャンパス 西9号館 デジタル多目的ホール

【日本遺伝学会木原賞】

立花 誠（大阪大学大学院生命機能研究科 教授）

「哺乳類性決定遺伝子の構造およびそのエピゲノム制御に関する研究」

「Studies on the structure and epigenomic regulation of mammalian sex-determining genes」

田村 浩一郎（東京都立大学理学研究科 生命科学専攻・教授、生命情報研究センター・センター長）

「塩基置換速度推定法と緩和分子時計の開発による遺伝子と生物の分岐年代推定」

「Estimation of divergence times of genes and organisms by developing methods for estimating nucleotide substitution rates and relaxed molecular clocks」

【日本遺伝学会奨励賞】

塚原 小百合（東京大学大学院理学系研究科 特任助教／JSTさきがけ専任研究者）

「アラビドプシス属におけるレトロトランスポゾンの領域特異的転移機構の解明」

「Elucidating the targeting mechanisms of retrotransposons in *Arabidopsis*」

公開市民講座

生命の“不思議”を遺伝子で探る

—おもしろ遺伝学と市民が拓く未来—

- **日時：** 2026 年 9 月 12 日（土） 13 時 00 分～16 時 30 分
- **会場：** 東京科学大学 大岡山キャンパス 西 9 号館デジタル多目的ホール 及びオンライン配信
- **参加費：** 無料
- **定員：** 現地参加 250 名、オンライン参加 500 名
- **主催：** 日本遺伝学会第 98 回大会
公益財団法人 遺伝学普及会 日本遺伝学会
本講座は、令和 8 年度文部科学省科学研究費助成事業（研究成果公開促進費：課題番号 26HP0010）の支援により実施します。

■ プログラム・講演概要：

13:00 はじめに

13:05 講演 1 日本人のルーツの遺伝学

斎藤 成也（国立遺伝学研究所）

日本人の祖先は約 4 万年前、旧石器時代に日本列島へ到来した。その後、縄文土器の登場（約 1 万 6 千年前）、弥生時代における稲作農耕の開始と大陸からの渡来人の移住を経て、縄文人と渡来人が交わり、現代の日本人へとつながっていった。その歩みを、遺伝学の視点から明らかになった最新の知見を平易に紹介する。

13:40 講演 2 三毛猫遺伝子検索プロジェクト

佐々木裕之（九州大学高等研究院）

クラウドファンディングを通じた市民の支援により、三毛猫やサビ猫の毛色を決める X 染色体上の遺伝子を同定した。古典遺伝学の教材として知られながら長く未解明だった「身近なミステリー」に挑む取り組みは、資金確保や研究体制の壁を越えて実現し、2025 年に世界的に大きな注目を集めた。その過程の実体験をあわせて提供する。

14:15 講演 3 動物の“かたち”は何が決めるのか

田中幹子（東京科学大学生命理工学院）

生物は、発生プログラムを変化させることで体の形を進化させてきた。発生プログラムは、DNA に書かれた情報だけでなく、酸素の濃度、温度の変化、体にかかる力などによっても書き換えられる。本講演では、様々な動物の手足を題材に、体の形づくりの不思議をご紹介します。

休憩 14:50～15:00

15:00 講演 4 アフリカの古代湖で起きた熱帯魚の大進化

二階堂雅人（東京科学大学生命理工学院）

タンザニアの古代湖に生息する熱帯魚シクリッドを対象に、「唇の進化」というユニークなテーマに挑んでいる。多様な形態を短期間で獲得する「進化の実験室」と呼ばれるシクリッドの多様性

を、現地の人々の協力を必須とするフィールド調査と最新の分子解析を組み合わせることでその進化の秘密に迫る研究の現場を紹介する。

15:35 講演 5 オートファジーに至る道を振り返る

大隅良典（東京科学大学生命理工学院）

大隅博士は、細胞が自らの成分を分解・再利用する仕組み「オートファジー」を発見し、2016年ノーベル生理学・医学賞を受賞した。発見の経緯から分子機構の解明、そして今なお明らかになりつつある新しい知見を紹介し、基礎研究の積み重ねがいかに学問を発展させるかを若い世代に伝える。また、企業や篤志家が基礎研究をサポートする大隅基礎科学創成財団も紹介する。

16:10 総合討論・おわりに

日本遺伝学会 第98回大会 公開市民講座

生命の“不思議”を遺伝子で探る — おもしろ遺伝学と市民が拓く未来 —

日時：2026年9月12日(土) 13:00 - 16:30

会場：東京科学大学 大岡山キャンパス 西9号館 デジタル多目的ホール（オンライン同時配信）



日本人のルーツの遺伝学

斎藤成也（国立遺伝学研究所名誉教授）

三毛猫遺伝子探索プロジェクト

佐々木裕之（九州大学高等研究院 特別主幹教授、名誉教授）

動物の“かたち”は何か決めるのか

田中幹子（東京科学大学生命理工学院 教授）

アフリカの古代湖で起きた熱帯魚の大進化

二階堂雅人（東京科学大学生命理工学院 教授）

オートファジーに至る道を振り返る

大隅良典（東京科学大学 栄誉教授 ノーベル生理学・医学賞）

主催：公益財団法人 遺伝学普及会 日本遺伝学会

後援：東京科学大学 科研費採択課題：研究成果公開促進費 JP26HP0010

申し込み：<https://forms.gle/PPGDCKiWxAtNYLTT7>

定員：250名(対面)、500名(オンライン)

お問い合わせ：gsj2026tokyo@gmail.com



学会企画フォーラム・
ワークショップ
(ランチョン形式)

日本遺伝学会・初企画

企業紹介ランチョンセミナー

出逢いと気づきとキャリアパス

世話人：相澤康則（東京科学大学）

「日本にこんな企業があるんだ!」「うちも頼んでみようかな〜」「ここで働いたら面白いかも!」

研究者・学生のためのバイオ企業ショートトークセッションを開催します。

日本遺伝学会会員の皆様には馴染みがない企業もあるかもしれませんが、この機会に新しい出逢いを楽しんでみてください。各企業から、製品の紹介、会社の取り組みの紹介、優秀な人材リクルートなどにわたるショートトークをして頂きます。特に大学院生や若手研究者は、キャリアパスの参考にもなるかと思ひますし、研究者には、新しい研究ネタの気づきにもなるかもしれません。ランチを食べながら、ざっくばらんに未来の可能性を広げましょう!

■ プログラム

12:15 オープニング

12:20 日研トータルソーシング株式会社

12:30 株式会社バックス・バイオイノベーション

12:40 ヤマト科学株式会社

12:50 株式会社Logomix

13:00 全体質疑応答

13:10 クロージング

■ MC

相澤康則(東京科学大学・生命理工学院)

ダイバーシティ & 将来計画 フォーラム

◆出会いとお金とキャリアパス 第2弾◆

多様な未来を創る！

研究者・学生のためのキャリア&ライフプランニングセッション

「D進するか？就職するか？」「アカデミックで生きる？企業に行く？」「研究者っていつ結婚すればいいの？」「家庭と研究は無理なく両立できる？」

研究者人生には、悩ましい分かれ道がたくさん。先輩はどう乗り越えたのだろうか。昨年の大会にて、そんな“リアル”な声を聞いて、あなたのキャリアと人生設計のヒントを見つけてみよう、という企画を行いました。これが好評だったので、今年もやります！

多様なライフやキャリアを選んだ先輩たちの話を聞いて、アカデミアの研究者と一緒にディスカッションしてみましょう。匿名Q&Aツール「Slido」*で、聞きたいことを直接ぶつけられます！

ランチを食べながら、ざっくばらんに語り合しましょう！

■ プログラム

12:15 委員会活動の紹介（藤 泰子 ダイバーシティ推進委員長）

12:18 オープニング、演者紹介

12:20 トークセッション 多様な進路を選んだ先輩たちの講演

12:40 Slido活用Q&A とパネルディスカッション

13:05 クロージング・アンケート記入

■登壇者

戸田 安香（東京科学大・生命理工・准教授PI）

山吉 麻子（東京科学大・生命理工・教授）

■司会

杉本 道彦（将来計画委員会、兵庫医大）

福田 溪（ダイバーシティ推進委員会、山梨大）

slido.com

#3639 498



*slidoへのアクセスは、右記QRコードを使うか、slido.comにて#を入れてください。

主催：日本遺伝学会ダイバーシティ推進委員会、将来計画委員会

マイ リサーチ ヒストリー

世話人：真木 寿治、平野博之

昨年度末に大学を退職されたシニア会員に、ご自身の 40 年余の研究生活の歴史や所感を語ってもらい、遺伝学の進展・変遷の生き証人のストーリーを会員全体で共有する機会を持つことを目的にしています。若い会員へのメッセージを伝える場となることも狙いにしていますので、学生および若手研究者の皆様の参加を期待します。

■ プログラム

- | | | |
|-------|------|---|
| 12:00 | | はじめに
真木 寿治（日本遺伝学会 シニア活性化幹事） |
| 12:05 | 3D11 | 受精までの精子の長い道のり
高野敏行（京都工芸繊維大学） |
| 12:30 | 3D12 | 常脇恒一郎先生のレガシーを引き継いだ楽しい研究人生
～細胞質置換コムギ系統による唯一無二の研究～
村井耕二（福井県立大学・日本ハイブリッド小麦研究所） |
| 12:55 | | クロージング |

受精までの精子の長い道のり

高野 敏行
京都工芸繊維大学

ショウジョウバエのメスは交尾後、1ヶ月以上にわたって体内に精子を保存できる。貯精により効率的（～10精子/子孫）に子孫を残すことができるだけでなく、精子間競争やメスによる精子選択といった交尾後の性淘汰が働く機会が生まれ、精子や精漿タンパク質など精子とメスとの相互作用に関わる分子の速い進化を駆動していると考えられている。オスからすると子作りは精子を作り、射精して終わりではなく、メスに拒絶されないよう必要に応じた変化を受けながらメス生殖管内を進み、最終的にライバルに打ち勝ち受精するための準備が求められる。しかし、貯精や精子選択の分子機序、その進化には解明されていない課題が数多く残っている。退職前の最後の数年はこの現象に惹かれ、その理解に挑戦してきた。貯精を含む精子とメスとの相互作用、共進化に興味を持ってくれる人がひとりでも増えることを期待して、最近の成果を紹介する。

常脇恒一郎先生のレガシーを引き継いだ楽しい研究人生 ～細胞質置換コムギ系統による唯一無二の研究～

村井 耕二
福井県立大学・日本ハイブリッド小麦研究所

京都大学の常脇恒一郎先生は、40年に及ぶ連続戻し交配により、45種の

*Triticum/Aegilops*属のコムギ近縁野生種の細胞質を10系統の6倍性コムギに導入し、世界的に類をみない細胞質置換コムギ系統群を育成された。私は、常脇先生の門下生の一人として、常脇先生が育成されたいくつかの細胞質置換系統を引き継ぎ、コムギの遺伝育種学研究を生涯にわたって行ってきた。その1つは、*Ae. crassa*細胞質置換系統である。*Ae. crassa*細胞質ゲノムはコムギの核ゲノムとの相互作用により、日長感応性細胞質雄性不稔（photoperiod-sensitive cytoplasmic male sterility: PCMS）を誘発する。PCMSは、長日条件において、コムギの花の雄ずいが雌ずい化（pistillody）する世界的に見ても極めてユニークな現象である。その分子機構はいかに？と30年にわたって研究室の学生さんと研究してきた。また、PCMSはハイブリッドコムギの育成ツールとなり、私自身のライフワークとしてハイブリッドコムギ育種研究を40年にわたって行ってきた。また、直近10年間は、*Ae. mutica/geniculata*細胞質置換コムギ系統を用い、地球規模の気候変動に対するコムギ育種の新しい遺伝子源を開発することに成功した。このように、私の研究生活は、全て常脇先生の細胞質置換系統というレガシーによって成り立ってきたのである。常脇先生には、今も深く深く感謝していることをお伝えしたい。

PWS プレナリーワークショップ ～第97回大会 BP 賞受賞者の講演より～

世話人：沖 昌也（日本遺伝学会 企画集会幹事）

- 13:15 PWS-1 クライオ電子顕微鏡から迫るヌクレオチド除去修復機構の構造基盤
松本 翔太（東京大学）
- 13:30 PWS-2 RecQL4とMcm10は協調的にCMG複製ヘリカーゼを活性化する
照井 利輝(九州大学)
- 13:45 PWS-3 ホンウスグロシヨウジヨウバエ*Drosophila obscura*の性染色体ドライブの原因因子の探索と検証
加藤 雄大（農研機構・都立大）
- 14:00 PWS-4 単一神経における脂肪酸代謝酵素の核内機能が線虫 *C. elegans* の温度順化を制御する
森 雪永（甲南大学）

クライオ電子顕微鏡から迫るヌクレオチド除去修復機構の構造基盤

*松本 翔太¹、滝沢 由政¹、橋本 佳那¹、小笠原 光雄¹、胡桃坂 仁志¹

1) 東京大学)

ヌクレオチド除去修復 (NER) は、紫外線によって生じるDNA損傷を主に除去するDNA修復機構の一つである。NERの開始には、UV-DDB複合体がゲノム上の紫外線損傷を認識して結合することが重要であり、その後、損傷部位が下流のNER因子へと受け渡されることで修復反応が進行する。NERの分子基盤については、これまで主に損傷DNA断片を基質とした生化学的解析により、関与因子や酵素群の同定が進められてきた。一方で細胞内におけるゲノムDNA上でNERがどのように進行するのかについては、未だ多くの不明点が残されている。細胞内ではゲノム DNAはヒストンタンパク質に巻き付いてヌクレオソームを形成し、さらにそれらが数珠状に連なることでクロマチン構造を形成している。このクロマチン構造上のDNA損傷に対してNERがどのように働くのかについては、十分に理解されていない。

我々はクロマチン上のDNA損傷を基質として、UV-DDB複合体がどのように紫外線損傷を認識するのかを解析してきた。クライオ電子顕微鏡解析により、ヌクレオソーム上の紫外線損傷に結合したUV-DDB複合体の立体構造を決定し、UV-DDB複合体がクロマチン構造という物理的障壁を回避して紫外線損傷を認識するメカニズムの一端を明らかにした。本大会では、これらの構造解析を基盤として、UV-DDB複合体が細胞内NERにおいて担う役割について紹介したい。

RecQL4とMcm10は協調的にCMG複製ヘリカーゼを活性化する

*照井 利輝¹、Sambel Larissa²、Park Jinho²、Hwang Elyse²、Duewell Benjamin²、Song Dan²、Chistol Gheorghe²
(1. 九州大学、2. スタンフォード大学)

真核生物のDNA複製は、複製ヘリカーゼであるCMGが活性化しDNA二重鎖を開裂させることから始まる。後生動物では、RecQL4とMcm10がCMG活性化に必要であると考えられている。しかし、CMG活性化は複製開始時の一過的なイベントであり、その反応過程の解析が難しい。そのため、RecQL4とMcm10によるCMG活性化の作用機序はほとんど分かっていない。

我々はツメガエル卵抽出液を用いたリアルタイム一分子イメージングと生化学的解析を組み合わせ、複製開始におけるRecQL4とMcm10の役割を解析した。リアルタイム一分子イメージングにより、RecQL4とMcm10はいずれもCMG集合後、複製開始点に結合し、DNA合成開始前に解離することを見出した。さらに、RecQL4またはMcm10を単独で免疫除去してもDNA複製は部分的に維持されたが、両者を同時に免疫除去すると複製活性が完全に失われた。また、RecQL4のドメインを断片化した解析から、RecQL4のN末領域はMcm10と、RecQL4のC末領域はCMGとの相互作用を介して複製開始点ヘリクルートされることが分かった。これらのRecQL4ドメインはMcm10と相乗的にDNA複製を促進した。これらの結果から、RecQL4とMcm10は部分的に重複した役割を担いながら、協調的にCMGヘリカーゼを活性化すると考えられる。

ホンウスグロシヨウジヨウバエ *Drosophila obscura* の性染色体ドライブの原因因子の探索と検証

*加藤 雄大^{1,2}、堀井 翔²、柳町 悠斗²、永野 佳奈海²、竹田 真優²、武尾 里美²、高鳥 直士²、野澤 昌文^{2,3} (1. 農研機構・生物機能、2. 都立大・院理・生命科学、3. 都立大・生命情報セ)

性染色体ドライブとは、性染色体に連鎖した利己的遺伝因子によって引き起こされる減数分裂ドライブの呼称である。一方の性染色体が他方よりも高頻度で配偶子へ伝達されるため、集団の性比に偏りを生じさせる。性染色体ドライブは、ホンウスグロシヨウジヨウバエ *Drosophila obscura* (以下、ホンウス) において約100年前に初めて報告されて以来、多様な生物種で見いだされてきた。しかし、その原因遺伝子や作用機序が明らかになっている例は限られている。本研究では、性比が著しくメスに偏るホンウスの系統（以下、SR系統）を用い、性染色体ドライブの原因因子を探索するとともに、候補遺伝子の作用機序に関する仮説を構築し、その実験的検証を試みた。飼育・交配実験、遺伝学的マッピングおよびゲノム解析を組み合わせた探索により、X染色体連鎖遺伝子 *Gcna* を有力な候補として見いだした。さらに、*Gcna* の既知の機能と、SR系統特異的な *Gcna* とそのタンパク質ドメイン構造の重複パターンに基づき、作用機序に関する仮説を立てた。機能検証の第一段階として、キイロシヨウジヨウバエの *Gcna* ホモログを過剰発現させ、性染色体ドライブの再現ができるか検証した。その結果、ドライブの再現はされなかった一方で、過剰発現により子孫数が減ることから、過剰な *Gcna* による有害な作用が示唆された。現在はホンウスを用いた直接的な検証も進行中である。

単一神経における脂肪酸代謝酵素の核内機能が線虫 *C. elegans* の温度順化を制御する

*森 雪永¹、福本 晃久¹、三浦 徹¹、中川 れい子⁶、澤田 夏美¹、岡畑 美咲³、水口 洋平²、豊田 敦²、太田 茜^{1,4}、久原 篤^{1,5} (1. 甲南大学 統合ニューロバイオロジー研究所、2. 国立遺伝学研究所、3. 京都大学 医生物学研究所、4. PRESTO, JST、5. PRIME, AMED、6. 理研BDR プロテオミクス・質量分析支援チーム)

我々生物は生存において様々な環境情報を刺激として受け取り応答している。中でも温度情報は絶えず受容し応答する必要がある環境刺激であり、その応答メカニズムには未知の点が多い。当研究室では、線虫 *C. elegans* における温度への適応機構として、温度順化を発見した (Ohta et al., *Nature commun*, 2024)。本研究では、この温度順化において脂肪酸代謝酵素 *hadh* が「核内」で機能することが重要である可能性を示唆した。*hadh* は脂肪酸代謝酵素であるヒトHADHの線虫ホモログであり、*hadh* を欠損した変異体では温度順化が遅れる異常がみられる。この異常は、線虫の頭部にある1対のニューロンにおいて *hadh* をノックダウンすることで再現できた。また、線虫HADHのもつ活性を評価したところ、脂肪酸代謝活性が見られた。しかし驚くことに、線虫HADHは神経細胞の「核」で強い局在が見られた。そこで、*hadh* 変異体において核排出シグナルを用いてHADHを核から強制的に排出させたところ、変異体の温度順化異常の回復レベルが低下した。また、核内でHADHと結合するタンパクをIP-MSを用いて解析した結果、HADHは核内でヒトHADHのオルソログであるF54C8.1と二量体を形成することを見出した。よって、HADHの核内での機能が温度順化に必須であることを示唆した。現在、HADHの核内機能としてエピジェネティクス制御に焦点を当て解析を進めている。

発表プログラム

日別一覧のセッション名から詳細へ移動できます。

9月9日 水曜日 日程一覧

会場	時間	区分	セッション
A	9:00-12:00	一般口頭発表	遺伝子発現・翻訳1
A	13:30-16:00	シンポジウム	進化とエピジェネティクスの交差点～オーソロジーを超えて～
B	9:00-12:00	一般口頭発表	エピジェネティクス・トランスポゾン・反復配列
B	14:00-15:45	ワークショップ	WS1 性染色体・性決定システムの動的進化（学変A 性染色体サイクル 企画）
B	16:00-17:45	ワークショップ	WS4 生物選択者激減の現状と提案 4 ～ 負のバイアスを取り除く ～
C	9:00-10:45	一般口頭発表	DNA複製・組換え・修復・変異1
C	10:45-11:45	一般口頭発表	減数分裂・生殖1
C	14:00-15:45	ワークショップ	WS2 遺伝性疾患研究の最前線―病態機序解明から治療展開へ―
C	16:00-17:45	ワークショップ	WS5 若手の会
D	9:00-11:45	一般口頭発表	集団遺伝学、その他
D	12:15-13:15	ランチョン	企業紹介ランチョンセミナー
D	14:00-15:45	ワークショップ	WS3 染色体恒常性と不安定性：その均衡と破綻の分子機構

会場案内

A会場(デジタル多目的ホール)【W9, 2階】

B会場(W9-324)【W9, 3階】

C会場(WL2-201)【WL2, 2階】

D会場(WL2-301)【WL2, 3階】

9月10日 木曜日 日程一覧

会場	時間	区分	セッション
A	9:00-12:00	一般口頭発表	エピジェネティクス・発生・転写制御
A	13:30-16:00	シンポジウム	SY2 完全長ゲノム時代の到来：ロングリードとパンゲノムが拓く生命科学の新展開
B	9:00-11:00	一般口頭発表	分子進化・分子系統1
B	11:00-11:45	一般口頭発表	方法論・技術
B	14:00-15:45	ワークショップ	WS6 遺伝学×プロテオミクス：遺伝学研究を拓く次世代プロテオミクス
C	9:00-10:00	一般口頭発表	遺伝子発現・翻訳2
C	10:00-11:15	一般口頭発表	DNA複製・組換え・修復・変異2
C	11:15-12:00	一般口頭発表	分化・発生
C	14:00-15:45	ワークショップ	WS7 RNA のダイナミズムによる生命現象の理解
D	9:00-9:45	一般口頭発表	減数分裂・生殖2
D	9:45-11:45	一般口頭発表	遺伝医学・疾患モデル
D	12:15-13:15	ランチョン	ダイバーシティ & 将来計画 フォーラム
D	14:00-15:45	ワークショップ	WS8 進化脳病態：脳の病・障がいは進化の過程においていかに生まれたのか
P1	13:00-18:00	ポスター発表	ポスター展示 (P-01 ~ P-31)
P2	13:00-18:00	ポスター発表	ポスター展示 (P-32 ~ P-62)

会場案内

A会場(デジタル多目的ホール)【W9, 2階】

B会場(W9-324)【W9, 3階】

C会場(WL2-201)【WL2, 2階】

D会場(WL2-301)【WL2, 3階】

ポスター会場1 (W9-326)【W9, 3階】

ポスター会場2 (W9-325)【W9, 2階】

9月11日 金曜日 日程一覧

会場	時間	区分	セッション
A	9:00-10:00	一般口頭発表	ゲノミクス・バイオインフォマティクス
A	10:00-11:45	ワークショップ	WS9 動原体／セントロメアを俯瞰する ― 多様性・多面性・可塑性 ―
A	13:15-14:15	学会企画	PWS BP賞講演
A	14:25-17:00	学会企画	総会・受賞講演
B	9:00-10:00	一般口頭発表	細胞周期・染色体機能
B	10:00-11:45	ワークショップ	WS10 リピータ配列はジャンクではない！―非散在性リピータ配列のゲノム安定性および進化における機能の新知見―
C	10:00-11:45	ワークショップ	WS11 真核細胞における多様な環状DNAの生成・維持機構と細胞応答
D	9:00-10:00	一般口頭発表	行動・神経科学
D	10:00-11:45	ワークショップ	WS12 ウイルスと宿主の相互作用から捉え直すゲノムの構造と機能
D	12:00-13:00	ランチョン	マイリサーチヒストリー

会場案内

A会場(デジタル多目的ホール)【W9, 2階】

B会場(W9-324)【W9, 3階】

C会場(WL2-201)【WL2, 2階】

D会場(WL2-301)【WL2, 3階】

9月9日 水曜日 A会場

A会場(デジタル多目的ホール)【W9, 2階】

一般口頭発表 遺伝子発現・翻訳 1

座長:茶谷 悠平、上田 真保子、大里 直樹

9:00	1A01	転写一時停止から転写伸長への移行メカニズムとその生理的意義 *梶谷 卓也1 (1. 奈良県立医科大学)
9:15	1A02	Spatial regulation of ribosomal RNA transcription by phase separation and transition *井手 聖1、村山 泰斗2、木村 宏1、前島 一博2 (1. 東京科学大学、2. 国立遺伝学研究所)
9:30	1A03	人工細胞を用いたテラヘルツ波の波長特異的作用点解析 *辻 岳志1,2、山口 裕資3 (1. 福井大学学術研究院工学系部門生物応用化学講座、2. 福井大学ライフサイエンスイノベーションセンター、3. 福井大学遠赤外領域開発研究センター)
9:45	1A04	Volatile Organic Compounds Prime Heat Tolerance Through Chromatin-Dependent Heat Shock Pathways in Arabidopsis *バルバルア バイバブ1、Shuo Feng1、Ito Hidetaka1 (1. Hokkaido University)
10:00	1A05	海浜植物ナガバハマササゲの各葉のNa濃度と遺伝子発現の相関解析 *壹岐 友里恵1、Wang Fanmiao1、田野井 慶太郎2、内藤 健1 (1. 農研機構、2. 東京大学)
10:15	1A06	シロイヌナズナの日周運動に関わる突然変異体の分子遺伝学的解析 *沓名 伸介1、白 宇飛1 (1. 横浜市立大学 大学院 生命ナノシステム)
10:30	1A07	遺伝子発現データとRibo-seqデータに隠された「コドン重み」とリボソーム占有領域の普遍的関係 *津釜 大侑1、神原 昂太1 (1. 東京大学大学院農学生命科学研究科)
10:45	1A08	tRNAの品質管理機構とその意義 *齋藤 都暁1,2 (1. 国立遺伝学研究所、2. 総研大)
11:00	1A09	大腸菌ABCF翻訳促進因子群の「個性」を規定する配列・構造特徴 *茶谷 悠平1、山崎 公平1、河本 昂星1 (1. 岡山大学)

11:15	1A10	大腸菌ArfAとArfBの生理学的機能 *坂本 龍希1、山田 貴宏1、石橋 黎1、阿保 達彦1,2 (1. 岡山大学大学院 環境生命自然科学研究科、2. 岡山大学 理学部 生物学科)
11:30	1A11	Cupriavidus necator のcbbオペロン欠損解析から見えてきた遺伝子必須性とCBBサイクルの制御機構 *山崎 翔太1、相澤 康則1,2 (1. 東京科学大学、2. 神奈川県立産業技術総合研究所・次世代合成生物基盤プロジェクト)
11:45	1A12	合成細菌JCVI-syn3.0を用いたFtsZの局在に關与する最小因子の探索 清水 大輝2、*林 匡史1,2、佐藤 彩翔2、塩見 大輔2 (1. 学習院大学、2. 立教大学)

シンポジウム SY1 進化とエピジェネティクスの交差点～オーソロジーを超えて～
オーガナイザー 藤泰子（東京科学大） 工樂 樹洋（遺伝研）

13:30		挨拶
13:32	SY1-1	“性”と“種”の進化を駆動する遺伝子間・ゲノム間闘争 ―性決定遺伝子の下剋上、利己的DNA、エピゲノム制御― *伊藤 道彦1 (1. 北里大学)
14:03	SY1-2	オーソロジーを超えて読み解くゲノム多様化と機能進化 *福田 湊1、眞貝 洋一2 (1. 山梨大学、2. 理化学研究所)
14:32	SY1-3	栄養環境適応を支えるヘテロクロマチン制御機構：近縁種比較から読み解く栄養適応の多様性 *服部 佑佳子1 (1. 京都大学)
15:01	SY1-4	シマドジョウ属異質4倍体における核型多様化とゲノム再編の進化過程 *三品 達平1、三内 悠吾2、渡辺 勝敏2 (1. 九大院農、2. 京大院理)
15:30	SY1-5	頻繁な平行進化現象から探る適応の遺伝的基盤と選択圧 *土松 隆志1 (1. 東京大学大学院理学系研究科)

9月9日 水曜日 B会場

B会場(W9-324)【W9, 3階】

一般口頭発表 エピジェネティクス・トランスポゾン・反復配列

座長:相澤 康則、殿崎 薫、塚原 小百合

9:00	1B01	H3K9メチル化と核ラミナが制御する核膜近傍クロマチンの構造と配置が核の強度を強くする *川瀬 雅貴1、河野 洋平2、市川 壮彦2、志村 知古1、松田 祐也2、工藤 麻希子2、藤芳 暁4、新井 敏2、宮成 悠介2、木村宏3、福間 剛士2、眞貝 洋一1、志見 剛2 (1. 理化学研究所、2. 金沢大学、3. 東京科学大学、4. 東京大学)
9:15	1B02	マウスrDNAの多様性とエピジェネティック制御：構造バリエーションの染色体分離から加齢動態まで *謝 宇騁1,2、白木 大登1,2、堀 優太郎1、小林 武彦1,2,3 (1. 東京大学定量生命科学研究所、2. 東京大学理学系研究科、3. 東京大学微生物科学イノベーション連携研究機構)
9:30	1B03	マウス雄性生殖細胞の発生過程におけるレトロトランスポゾン制御機構の変遷 下向 結貴1、杉本 大空1、川瀬 雅貴1,2、*一柳 健司1 (1. 名古屋大学・生命農学、2. 理研・和光研究所)
9:45	1B04	類人猿特異的レトロトランスポゾンSVAの新規挿入位置の解析 *北尾 晃一1、三好 知一郎1 (1. 理化学研究所)
10:00	1B05	シロイヌナズナ自然系統で転移するレトロトランスポゾンの解析 *小田 頌子1,2、田原 悠貴1、山口 颯太2、佐藤 友2、塚原 小百合2、豊田 敦3、佐瀬 英俊4、河邊 昭5、藤 泰子1、角谷 徹仁1,2,3 (1. 東京科学大学 生命理工学院、2. 東京大学 理学系研究科、3. 国立遺伝学研究所、4. 沖縄科学技術大学院大学、5. 京都産業大学 生命科学部)
10:15	1B06	シロイヌナズナのde novo DNAメチル化におけるCG・非CG配列間の関連解析 *竹内 峻平1,2、小田 頌子2、富永 さやか2、藤 泰子2 (1. 東京大学大学院新領域創成科学研究科、2. 東京科学大学生命理工学院)
10:30	1B07	Ecotype-Specific Sensitivity to DNA Methylation Inhibitors in Arabidopsis cmt3 Mutants *孫 しん1 (1. 北海道大学 生命科学院)
10:45	1B08	植物の塩ストレス耐性におけるDNAメチル化の機能解析 *川島 莉紗1、富永 さやか1、藤 泰子1 (1. 東京科学大学生命理工学院)

11:00	1B09	Stress-Induced ONSEN Mobilization Generates an Early-Flowering nrpd1 Mutant *SAREN SARI1、Takagi Hiroki2、Miyaki Kaisei2、Ito Hidetaka3 (1. Graduate School of Life Science, Hokkaido University、2. Department of Production Science, Ishikawa Prefecture University、3. Faculty of Science, Hokkaido University)
11:15	1B10	RNA 修飾m6A 関連因子「HAKAI」による開花時期の制御 *野寄 拓海1,2、森 秀世1,3、渡辺 洋1、稲垣 宗一1,2 (1. 東京大学、2. 京都大学、3. University of Cambridge)
11:30	1B11	Brassica rapaにおけるDDM1依存的DNAメチル化によるトランスポゾン由来SLEEPER遺伝子群の発現制御 *村上 千怜1、奥崎 文子2、肥塚 信也2、殿崎 薫3、藤本 龍1 (1. 神戸大学大学院 農学研究科、2. 玉川大学 農学部、3. 横浜市立大学 木原生物学研究所)
11:45	1B12	シロイヌナズナの雑種強勢におけるDDM1依存的エピジェネティック制御の役割 *米地 弘豊1、殿崎 薫2、藤本 龍1 (1. 神戸大学大学院農学研究科、2. 横浜市立大学木原生物学研究所)

ワークショップ WS1 性染色体・性決定システムの動的進化
(学変A 性染色体サイクル 企画)

オーガナイザー 坂本貴洋（九州大学）、桂有加子（総合研究大学院大学）

14:00		緒言
14:05	WS1-1	性決定の仕組みと適応進化に関する数理モデル *山口 幸1 (1. 奈良女子大学 共生科学センター)
14:30	WS1-2	ミジンコの環境依存型性決定の分子機構とその進化 *宮川 一志1 (1. 宇都宮大学)
14:55	WS1-3	ヤマノイモ属植物における性決定機構：XY型とZW型で異なる性決定遺伝因子 *工藤 葵1 (1. 京都大学)
15:15	WS1-4	遺伝子制御ネットワークの進化モデルにおける性決定システムの進化 *坂本 貴洋1、印南 秀樹2 (1. 九州大学、2. 総合研究大学院大学)

ワークショップ WS4 生物選択者激減の現状と提案 4

～ 負のバイアスを取り除く ～

オーガナイザー 崎村 奈央（代々木ゼミナール、駿台予備学校）

吉信 公美子（熊本大）

16:00	WS4-1	生物選択者減少の背景と打開策Why Fewer Choose Biology? An Answer to Turning Around the Decline *崎村 奈央1 (1. 代々木ゼミナール・駿台予備学校)
16:12	WS4-2	生物教育のさまざまな課題と日本遺伝学会ができること *梶屋 啓志1 (1. 理研バイオリソース研究センター)
16:24	WS4-3	生物学で何を学ぶべきか — 生物の創発性と古典科学の還元主義 *遠藤 俊徳1 (1. 北海道大学・情報科学研究院)
16:36	～	総合討論

9月9日 水曜日 C会場

C会場(WL2-201)【WL2, 2階】

一般口頭発表 DNA複製・組換え・修復・変異 1

座長:尾崎 省吾、増田 雄司

9:00	1C01	二方向複製の分子原理：大腸菌染色体の複製起点におけるDnaBヘリカーゼの相互制御機構 *片山 勉1、鶴田 匠1、吉田 竜星1,2、加生 和寿1、尾崎 省吾1 (1. 九州大学、2. (現) 独国フライブルク大学)
9:15	1C02	datA-IHF複合体によるDnaA不活性化機構を制御する、tRNA転写に基づく二段構えのメカニズム *加生 和寿1、中垣 渉1、片山 勉1 (1. 九州大学)
9:30	1C03	大腸菌RarAによるDNA複製制御機構の解析 林 匡史1、田原 大翔1、藤光 和之2、末次 正幸2、赤沼 元気3、*菱田 卓1 (1. 学習院大学理学部生命科学科、2. 立教大学理学部生命理学科、3. 城西大学理学部化学・生命科学科)
9:45	1C04	1000世代の変異蓄積系統が示す温度環境適応の遺伝的基盤 *藤澤 みいな1,2、神野 靖也1,2、豊田 敦3、吉名 佐和子4、キム サンワン5、土井 淳5、三谷 昌平4、平川 英樹5、久原 篤1,2,6、太田 茜1,2,7 (1. 甲南大学・統合ニューロバイオロジー研究所、2. 甲南大学・自然科学研究科、3. 国立遺伝学研究所、4. 東京女子医科大学、5. 九州大学、6. AMED-PRIME、7. PRESTO, JST)
10:00	1C05	ヌクレオチド除去修復を促進するDNAの構造的要因 古園 英嗣1,2、松山 宏生1,2、多田 遥人1,2、大西 優貴1,2、日下部 将之1,2、酒井 恒1,2、横井 雅幸1,2、岩井 成憲1、*菅澤薫1,2 (1. 神戸大学バイオシグナル総合研究センター、2. 神戸大学大学院理学研究科)
10:15	1C06	DNA脱塩基部位のクロスリンクタンパク質HMCEsの活性制御機構 *増田 雄司1,2、杉本 陽平1,2、益谷 央豪1,2 (1. 名古屋大・環医研・ゲノム動態制御、2. 名古屋大院・医)
10:30	1C07	ラギング鎖合成にとどまらないDNAポリメラーゼδの多面的な役割 *山口 貴大1,2、増田 雄司3、Lewis Bainbridge1、南澤 宝美后1、高橋 真美1、益谷 央豪3、Antony Oliver4、大学 保一1 (1. がん研究会・がん研究所、2. 東京理科大学大学院・先進工学研究科、3. 名古屋大学・環境医学研究所、4. Genome Damage and Stability Centre, University of Sussex)

一般口頭発表 減数分裂・生殖 1

座長:河邊 昭

10:45	1C08	イネの生殖特異的small RNA依存的な転写後発現制御を受ける遺伝子の解析 *野々村 賢一 ^{1,2} 、Liu Hua ³ 、三村 真生 ⁴ 、Wu Wenwu ³ 、平塚 理恵 ⁵ 、田中 啓介 ⁶ 、大谷 美沙都 ⁷ 、出村 拓 ⁸ 、Liu Shenkui ³ 、佐々木 卓治 ⁹ (1. 国立遺伝学研究所、2. 総合研究大学院大学、3. 浙江農林大学、4. 東京大学大学院、5. 東京慈恵会医科大学、6. 東京情報大学、7. 東京大学、8. 奈良先端大学院大学、9. 東京農業大学)
11:00	1C09	Rice AGO4A and AGO4B cooperatively regulate meiosis through cis- and trans-methylation of transposable elements and genes *Ta Huong ¹ 、Kawakatsu Taiji ² 、Liu Hua ³ 、Mimura Manaki ⁴ 、Higo Asuka ⁵ 、Tsuji Hiroyuki ⁶ 、Ono Seijiro ⁷ 、Toyoda Atsushi ¹ 、Nakano Mutsuko ¹ 、Nonomura Kenichi ^{1,8} (1. National Institute of Genetics、2. RIKEN、3. Zhejiang A&F Uni、4. Tokyo Uni、5. Kyoto Uni、6. Nagoya Uni、7. Hamburg Uni、8. SOKENDAI)
11:15	1C10	コムギ三倍体雑種の非還元減数分裂で観察された双極紡錘体と紡錘糸の動原体付着様式 野村 大翼 ¹ 、*本吉 央和 ¹ 、辻 健也 ¹ 、長谷川 慶 ¹ 、井上 喜博 ¹ 、森 直樹 ² 、松岡 由浩 ² 、吉田 健太郎 ¹ (1. 京都大学、2. 神戸大学)
11:30	1C11	エピスタシスによる恒常的な減数分裂・孢子形成 *仁木 宏典 ¹ 、野田 俊輔 ¹ 、清家 泰介 ² (1. 国立遺伝学研究所、2. 九州工業大学)

ワークショップ WS2 遺伝性疾患研究の最前線—病態機序解明から治療展開へ— オーガナイザー 荻 朋男 (名古屋大学)

14:00		緒言
14:05	WS2-1	内因性アルデヒドによる遺伝性疾患の病態形成 *岡 泰由 ¹ 、荻 朋男 ¹ (1. 名古屋大学)
14:25	WS2-2	マウスモデルを用いたIKAROS欠損症の病態解明と遺伝子治療開発 *山下 基 ^{1,2} (1. 理化学研究所 生命医学研究センター 免疫転写制御研究チーム、2. 東京科学大学 大学院医歯学総合研究科 小児地域成育医療学講座)
14:45	WS2-3	脳のサイズを規定する小児神経疾患の病態と治療展望 *齋藤 伸治 ¹ (1. 名古屋市立大学)

15:05	WS2-4	難治性ヒト疾患に対するマルチオミクスを活用したアプローチ *才津 浩智 ¹ (1. 浜松医科大学)
15:25	WS2-5	わが国の難病ゲノム研究 *要 匡 ^{1,2,3} (1. 国立成育医療研究センター (NCCHD)、2. 東北大学大学院、3. 熊本大学大学院)

ワークショップ WS5 若手の会

16:00–17:45

9月9日 水曜日 D会場

D会場(WL2-301)【WL2, 3階】

一般口頭発表 集団遺伝学、その他

座長:高橋 文、長田 直樹、颯田 葉子

9:00	1D01	シロイヌナズナ自然系統における揮発性有機化合物応答と耐熱性の多様性 *chen siru1、Barbaruah Baibhav R.1、Ito Hidetaka1 (1. 北海道大学)
9:15	1D02	オオムギのNUDUM (NUD)遺伝子にみられる塩基配列の多様性 *武田 真1、三宅 優美1 (1. 岡山大学 資源植物科学研究所)
9:30	1D03	多変異体競争培養系の集団遺伝学的モデル化と実験設計への応用 *岩永 廣子1、能仲 竜也1、茶谷 悠平1 (1. 岡山大学)
9:45	1D04	遺伝幾何から見たKING血縁係数：血縁関係と集団分化の統一的理解 *三澤 計治1,2 (1. 横浜市立大学大学院、2. 理研AIP)
10:00	1D05	オキナワハツカネズミ (<i>Mus caroli</i>) の全ゲノム配列解析による成立過程の解明と適応関連候補遺伝子の探索 *LI XIAOLIN1、鈴木 仁2、藤原 一道3、遠藤 俊徳1、長田 直樹1 (1. 北大・院情報科学院・情報生物学研、2. 北海道大学、3. 国立遺伝学研究所)
10:15	1D06	Distribution of Skin Color-Related Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) in a Thai Population *Perez Gabriel1、Khacha-ananda Supakit1、Wunnapuk Klintean1、Monum Tawachai1 (1. Chiang Mai University)
10:30	1D07	ゲノム情報を用いたピロリ菌の地域集団分化の評価および自然選択を検出する新規統計量の提案 *森 航大1、福世 真樹2、内山 郁夫3、小林 一三3,4,5、遠藤 俊徳6、長田 直樹6 (1. 北海道大学 情報科学院 情報科学専攻 生体情報工学コース、2. 千葉大学大学院医学研究院、3. 基礎生物学的研究所、4. 杏林大学医学部、5. 法政大学マイクロ・ナノテクノロジー研究センター、6. 北海道大学大学院情報科学研究院)
10:45	1D08	高頻度相同組換えを利用した種内適応変異の大量検出 *小林 一三1,2,3、西出 浩世1、内山 郁夫1、福世 真樹4、長田 直樹5 (1. 基生研・ゲノム情報、2. 法政大・マイクロナノ、3. 東大・メディカル情報生命、4. 千葉大・医、5. 北大・情報)
11:00-	1D09	本邦遺伝学の発展史(2) - 日本遺伝学会設立秘話 *澤村 京一1 (1. 筑波大学)
11:15-	1D10	アカショウジョウバエの進化におけるネオ性染色体の集団動態 *大井 陽平1、田村 浩一郎1 (1. 東京都立大学)

ワークショップ WS3 染色体恒常性と不安定性：その均衡と破綻の分子機構
オーガナイザー 村山泰斗（遺伝研）大学保一（がん研）

14:01	WS3-1	染色体構造の安定性に寄与するSMC複合体の動的構造解析 *村山 泰斗1、梅田 健一2、黒川 裕美子1、古寺 哲幸2 (1. 国立遺伝学研究所、2. 金沢大学)
14:22	WS3-2	テロメア因子TRF1はAurora Kinase B活性の運搬によりM期テロメア脱保護を促進する *小坂 絢彌1、Diana Romero-Zamora1、林 眞理1 (1. 京都大学/IFOM-KU)
14:43	WS3-3	DNAポリメラーゼの協調とその破綻がもたらすゲノム不安定性 大学 保一1 (1. (公財) がん研究会がん研究所がんゲノム動態プロジェクト)
15:04	WS3-4	アセトアルデヒドによるG4構造の安定化とDNA二本鎖切断形成メカニズムの解析 *松寄 健一郎1、熊取谷 健志1、篠原 美紀1,2 (1. 近大・農・生物機能、2. 近大・アグリ技研)
15:25	WS3-5	がん細胞の進化過程において細胞適応を促進する染色体不安定性 *趙 民知1、広田 亨1 (1. 公益財団法人 がん研究会)

9月10日 木曜日 A会場

A会場(デジタル多目的ホール)【W9, 2階】

一般口頭発表 エピジェネティクス・発生・転写制御

座長: 福田 湊、梶谷 卓也、大畑 樹也

9:00	2A01	母親アレル特異的なH3K27me3の過剰蓄積は種間障壁を引き起こす *櫻井 楓也1、佐藤 豊2、木下 哲1、殿崎 薫1 (1. 横浜市大・木原生研、2. 遺伝研・植物遺伝)
9:15	2A02	母性アレル特異的エピゲノム強化によるイネ種間雑種障壁の克服機構 *殿崎 薫1、櫻井 楓也1、佐藤 豊2、木下 哲1 (1. 横浜市大・木原生研、2. 遺伝研・植物遺伝)
9:30	2A03	単為発生系を利用した胎生ヘビのインプリント遺伝子探索 *中谷 庸寿1、原 雄一郎2、関田 洋一3 (1. 慶應義塾大学医学部、2. 北里大学未来工学部、3. 北里大学理学部)
9:45	2A04	H3K9me3とCGIメチル化のいずれかの減退だけではマウス不活性X染色体の安定なヘテロクロマチン構築を損ねない *上村 亮太1、市原 沙也1、長尾 恒治2、佐渡 敬3 (1. 近畿大学大学院 農学研究科 バイオサイエンス専攻、2. 大阪大学大学院 理学研究科 生物科学専攻、3. 近畿大学大学院 農学研究科 バイオサイエンス専攻 アグリ技術革新研究所)
10:00	2A05	個体老化により卵で変化したエピゲノムは初期胚へ伝承される *福島 悠人1、小塚 智沙代1、小口 綾貴子1,2、村川 泰裕1,2,3、井上 梓1 (1. 理化学研究所 生命医科学研究センター、2. 京都大学 WPI-ASHBi、3. 京都大学大学院 医学系研究科)
10:15	2A06	ヒト細胞におけるEZH阻害後のH3K27メチル化動態 *岩谷 優音1,2、山田 亜夕美2、川瀬 雅貴2、堂前 直3、鈴木 健裕3、藤泰子1、眞貝 洋一2 (1. 東京科学大学、2. 理化学研究所 眞貝細胞記憶研究室、3. 理化学研究所 環境資源科学研究センター)
10:30	2A07	大規模ヒトゲノム改変による部分的エピゲノム初期化とその後メチル化再構築過程の解析 *橋本 陽太1、大野 知幸1、相澤 康則1,2 (1. 東京科学大学、2. 神奈川県立産業技術総合研究所)
10:45	2A08	転写共役型de novo DNAメチル化は複製非依存的にCpG両鎖が連動して形成される *大畑 樹也1、山澤 一樹2、堀口 涼1、酒井 聡1、内田 千晴1、丹伊田 浩行1、北川 雅敏1、山中 総一郎1 (1. 浜松医科大学、2. 東京医療センター)

11:00	2A09	出芽酵母レトロトランスポゾンTy1由来サイレンシング配列GAGsiのクロマチン制御機構 *増本 博司1,2、西 多賀子1、武藤 秀樹1 (1. 長崎大学・共同利用研究センター、2. 長崎大学・先端ゲノム研究センター)
11:15	2A10	迅速エピゲノム編集が解き明かす複雑かつ動的な転写制御ネットワーク *夏目 豊彰1、和田 涼子1、川路 英哉1 (1. 東京都医学総合研究所 ゲノム医学研究センター)
11:30	2A11	BRG1量依存的制御機構の解明 *萩原 遥太1、Zhang Chao2、久場 敬司1、Zhang Yi2,3,4 (1. 九州大学、2. ボストン小児病院、3. ハーバード大学、4. ハワードヒューズ医学研究所)
11:45	2A12	ゾウリムシのヒストンH3バリエーションの機能と二核性の制御 川口 隆之1,2、*中山 潤一1,2 (1. 基礎生物学研究所 クロマチン制御研究部門、2. 総合研究大学院大学)

シンポジウム SY2 完全長ゲノム時代の到来：
ロングリードとパンゲノムが拓く生命科学の新展開
オーガナイザー 河合洋介（遺伝研）中村保一（遺伝研）

13:30	SY2-1	日本人パンゲノムグラフの構築と解析技術開発 *片山 俊明1 (1. 国立遺伝学研究所)
13:55	SY2-2	セントロメアの多様性とがんの転座 *白石 友一1 (1. 国立がん研究センター)
14:20	SY2-3	完全長ゲノム時代の到来：ロングリードとパンゲノムが拓く生命科学の新展開JoGo 1.0：ACTG階層命名法と約470万件を収載するヒト遺伝子ハプロタイプデータベース *長崎 正朗1,2 (1. 九州大学 生体防御医学研究所 バイオメディカル情報解析分野、2. 京都大学 大学院医学研究科 京都大学・マギル大学 ゲノム医学国際連携専攻)
14:45	SY2-4	伴侶動物の健康長寿のための完全ゲノム解読とパンゲノム *中村 保一1 (1. 遺伝研)
15:10	SY2-5	植物のハプロタイプレベルでのゲノム解読とパンゲノム解析 *平川 英樹1 (1. 九州大学大学院農学研究院)
15:35	SY2-6	ロングリードを利用した高次倍数性植物種のゲノム構築と遺伝子変異の同定 *門田 有希1 (1. 岡山大学)

9月10日 木曜日 B会場

B会場(W9-324)【W9, 3階】

一般口頭発表 分子進化・分子系統 1

座長:遠藤 俊徳、野澤 昌文

9:00	2B01	ブナ科樹木におけるイソプレン放出性の分子進化 *池崎 由佳1、小板 青空2、工藤 秀一3、中田 泰地1,4、棟方 涼介2、矢崎一史2、鳥丸 猛5、戸丸 信弘6、磯部 祥子7,8、平川 英樹7,9、楠見 淳子10、佐竹 暁子1 (1. 九州大学 理学院 生物科学部門、2. 京都大学 生存圏研究所、3. 九州大学大学院 システム生命科学府、4. 神戸大学大学院 人間発達環境学研究科、5. 三重大学大学院 生物資源学研究科、6. 名古屋大学大学院 生命農学研究科、7. かずさDNA研究所、8. 東京大学大学院 農学生命科学研究科、9. 九州大学大学院 農学研究科 生命機能科学部門、10. 九州大学大学院 比較社会文化研究院)
9:15	2B02	シロイヌナズナの多様化過程において獲得されたde novo遺伝子の配列および転写開始点の特徴 *佐藤 壮一郎1,2、中川 卓也1、中野 俊1、中辻 拓利1、重松 雄成1、森田 重人1,2 (1. 京都府立大学、2. 京都府生物資源研究センター)
9:30	2B03	単子葉植物25種の核コード遺伝子の重複状態の偏り：光合成モジュール別の最終全ゲノム重複からの時間依存性とCyMIRA由来のオルガネラ相互作用クラス間差 *小川 瞬1、長田 直樹2、遠藤 俊徳2 (1. 北海道大学大学院情報科学院、2. 北海道大学大学院情報科学研究科)
9:45	2B04	ヒロハノマンテマのX染色体は雌ずい発達を促進しメス化に寄与する *小林 壮生1、佐藤 杏子2、落合 詩月1、前北 航輔3、風間 裕介1,3,4 (1. 福井県大・院・生物資源、2. 富山大・理、3. 福井県大・生物資源、4. 理研・仁科センター)
10:00	2B05	Drosophila melanogaster雄の副精巣におけるpickpocket 22の機能解析 *赤司 一斗1、佐藤 愛莉2、高橋 文1,3 (1. 都立大・院理・生命、2. Rockefeller Univ.、3. 都立大・生命情報研究センター)
10:15	2B06	Drosophila mirandaにおける即時遺伝子量補償の検証：重イオンビーム照射により作出した染色体部分欠失個体のトランスクリプトーム解析 *山下 永香1、長澤ジョディー 彩2、小川 雅文1、常泉 和秀3、阿部 知子3、野澤 昌文1,2,4 (1. 都立大・院理、2. 都立大・理、3. 理研・仁科センター、4. 都立大・生命情報研究センター)

10:30	2B07	異種交配を伴うXenopus亜属の進化において性決定遺伝子dm-Wはどのようにに誕生したか？ *林 舜1、伊藤 道彦2 (1. 広島大学両生類研究センター、2. 北里大学理学部)
10:45	2B08	ヴィクトリア湖畔シクリッドで拡大した有害なミトコンドリア遺伝子重複 *畑島 諒1、白木 伸明1、二階堂 雅人1 (1. 東京科学大学)

方法論・技術

一般口頭発表

座長:太田 信哉

11:00	2B09	枯草菌を基盤とした長鎖DNA構築と異種宿主へのDNA導入 *金子 真也1、相澤 康則1,2 (1. 東京科学大学 (Science Tokyo)、2. 神奈川県立産業技術総合研究所)
11:15	2B10	高速鋭敏かつ簡便に変異を蓄積検出する方法の開発：低線量放射線被ばく影響を実例として *榎藤 洋一1,2、内村 有邦3、大野 みずき4、角山 雄一5、真木 寿治6、松本 義久7 (1. 東海大、2. 阪大、3. 放影研、4. 九大、5. 京大、6. 奈良先端大院大、7. 東京科学大)
11:30	2B11	20 Mb領域の最小化から見てきたヒトゲノム構造の鍵要因 *赤瀬 太地1,2、倉澤 光1,2、山根 里歩2、川上 恵利2、遠藤 成将2、橋本 陽太2、松浦 優太2、上田 琳太郎2、金子 真也2、大野 智幸3、相澤 康則1,2,3 (1. 神奈川県立産業技術総合研究所、2. 東京科学大学、3. Logomix)

ワークショップ WS6 遺伝学×プロテオミクス：
遺伝学研究を拓く次世代プロテオミクス
オーガナイザー 太田信哉（北海道大）

14:00	WS6-1	脂質修飾アトラスの構築 *今見 考志1 (1. 理化学研究所)
14:21	WS6-2	APEX-Ribo-Seqが切り拓く翻訳の時空間アトラス *七野 悠一1 (1. 筑波大学 医学医療系)
14:42	WS6-3	Sel-TCP-MSが明らかにするリボソーム結合プロテオームの組織・加齢依存性 *白石 千瑳1、白石 大智1、松本 有樹修1 (1. 名古屋大学)
15:03	WS6-4	新規RNA-タンパク質相互作用解析技術による3'UTR機能スクリーニング *小野口 真広1、足達 俊吾2、浜田 道昭1 (1. 早稲田大学、2. 国立がん研究センター)
15:24	WS6-5	大腸菌における未開拓小型タンパク質の探索— 質量分析による未注釈翻訳産物の発見 — *Shin Jihye1,2、田口 英樹1 (1. 東京科学大学、2. 株式会社GxD)

9月10日 木曜日 C会場

C会場(WL2-201)【WL2, 2階】

一般口頭発表 遺伝子発現・翻訳 2

座長:坪内 英生

9:00	2C01	HOG経路におけるクロストークの発見 *岸 努1、鈴木 遼1、鈴木 玲音1 (1. 日本大学)
9:15	2C02	高浸透圧応答を制御するHOG経路の新しい活性制御 *鈴木 玲音1、岸 努1 (1. 日本大学(工))
9:30	2C03	HOG経路を制御する新しい制御因子 *吉川 太智1、岸 努1 (1. 日大・工)
9:45	2C04	枯草菌における増殖-遷移期間のプロテオーム資源分配を制御するSAM量依存的なリボソーム生合成チェックポイント *大坂 夏木1、丹羽 達也2、赤沼 元気3、朝井 計4、田中 寛1 (1. 東京科学大学・総合研究院・化学生命科学研究所、2. 東京科学大学・総合研究院・細胞制御工学研究センター、3. 城西大学・理学部化学・生命科学科、4. 東京農業大学・バイオサイエンス学科)

一般口頭発表 DNA複製・組換え・修復・変異 2

座長:佐々木 真理子、安田 武嗣

10:00	2C05	DPC結合末端修復における3'-5'Mre11エキソヌクレアーゼ活性の役割 *篠原 美紀1,2、井越 郁成1、玉井 智貴1、尾尻 龍星1 (1. 近畿大学・院農・バイオ、2. 近畿大学・アグリ技研)
10:15	2C06	WernerヘリカーゼとMutL α エンドヌクレアーゼは一本鎖アニーリングの正確性を制御する *河添 好孝1、織田 里美2、坂詰 彩1、宮田 太成1、高橋 達郎1 (1. 九州大学、2. 大阪大学)
10:30	2C07	ヒトRAD52の1本鎖DNAアニーリング修復と相同組換え修復に対するDNA結合部位とアセチル化修飾の異なる役割 *安田 武嗣1、中島 菜花子2、谷中 智子1、濱 三知夫3、後藤 孝也4、中沢 由華5,6、荻 朋男6,7、香川 亘8、田嶋 克史9 (1.量子科学技術研究開発機構 量子生命科学研究所、2. 量子科学技術研究開発機構 QST病院、3. 量子科学技術研究開発機構 放射線医学研究所、4. 大東文化大学 スポーツ・健康科学部健康科学科、5. 名古屋大学大学院 医学系研究科分子遺伝学、6. 名古屋大学 環境医学研究所(RIeM)、7. 名古屋大学大学院 医学系研究科 人類遺伝学、8. 明星大学 理工学部、9. 山形県立中央病院 血液内科)

10:45	2C08	複製後の姉妹DNAをつなぐコヒーシオン構造の高速AFM可視化
*黒川 裕美子1,2、梅田 健一3,4、遠藤 静子1、古寺 哲幸3,4、村山 泰斗1,2 (1. 国立遺伝学研究所、2. 総研大、3. 金沢大学、4. ナノ生命科学研究所)		
11:00	2C09	ヒトリボソームRNA反復遺伝子の安定性維持機構の解析
*古林 真樹1、堀 優太郎2、小林 武彦2 (1. 東京大学、2. 定量生命科学研究 所)		

一般口頭発表 分化・発生

座長: 春田 奈美

11:15	2C10	線虫 <i>C. elegans</i> をモデルとした動植物共通の温度耐性関連遺伝子の解析
*仙石 桜1,2、太田 茜1,2、太治 輝昭3、久原 篤1,2,4 (1. 甲南大学大学院 自然科学研究科、2. 甲南大学統合神経生物学研究所、3. 東京農業大学生命 科学部、4. 日本医療研究開発機構AMED-PRIME)		
11:30	2C11	ホヤ胚筋肉の細胞分裂停止におけるAPC/CアクチベータCdh1の役割
*高鳥 直士1、瀬戸口 拓也1 (1. 東京都立大学)		
11:45	2C12	ネッタイツメガエル近交系における表現型多型とその遺伝基盤の解析
島本 百香1,2、井川 武1,2、鈴木 菜花1、荻野 肇1,2、*鈴木 誠1,2 (1. 広 島大学両生類研究センター、2. 広島大学大学院統合生命科学研究科)		

ワークショップ WS7 RNA のダイナミズムによる生命現象の理解

オーガナイザー 内田雄太郎（東京科学大） 上田 真保子（東京科学大）

14:02	WS7-1	免疫細胞のアイソフォーム・ダイナミクス — ロングリードによる全長解析 *上田 真保子1、山口 健介2、高地 雄太1 (1. 東京科学大学総合研究院難治疾患研究所ゲノム機能多様性分野、2. 東京科学大学教育研究組織 総合研究院 生材研・医歯理工融合研究イノベーションセンター)
14:22	WS7-2	ロングリードシーケンサーを用いたRNA修飾検出と応用 *上田 宏生1,2,3、余 拍毅3、山田 恵介4、吉田 滯奈5、吉見 昭秀5、藤山 菜摘7、中條 岳志7、市橋 伯一6、永江 玄太4、油谷 浩幸4、金田 篤志1,2 (1. 千葉大学 健康疾患オミクスセンター、2. 千葉大学 大学院医学研究院 分子腫瘍学、3. 東京大学 先端科学技術研究センター 先端データサイエンス分野、4. 東京大学 先端科学技術研究センター ゲノムサイエンス&メディシン分野、5. 国立がん研究センター研究所 がんRNA研究分野、6. 東京大学大学院総合文化研究科 広域科学専攻 生命環境科学系 先進科学研究機構、7. 熊本大学大学院 生命科学研究部 (医) 分子生理学講座)
14:42	WS7-3	lncRNAによる細胞代謝制御を介した炎症収束機構 *藤生 克仁1 (1. 東京科学大学)
15:02	WS7-4	ヒトiPS細胞を用いた大規模摂動解析基盤の構築とその応用 *山根 万里子1,2,3、笹川 洋平1,2,3、相馬 淳美1,2、岩山 佳美1,2,3、市川 巧1,2,3、的場-磯村 綾子3、二階堂 愛1,2,3 (1. 東京科学大学 総合研究院 難治疾患研究所 ゲノム機能情報分野、2. 理研TRIP・AGIS・オミクス計算モデル開発チーム、3. 理研BDR・バイオインフォマティクス研究開発チーム)
15:22	WS7-5	変形性関節症における半月板・軟骨の組織特異的QTL効果の解明 *内田 雄太郎1,2、藤井 雄太1,2,4、Hannah Swahn1、上田 真保子3、千葉 朋希2、松島 隆英2、内藤 雄樹2、中道 亮1、高橋 謙治4、Merissa Olmer1、Martin Lotz1、高地 雄太3、浅原 弘嗣1,2 (1. Department of Molecular and Cellular Biology, The Scripps Research Institute、2. 東京科学大学 大学院医歯学総合研究科 システム発生再生医学分野、3. 東京科学大学 総合研究院 難治疾患研究所 バイオデータ科学研究部門 ゲノム機能多様性分野、4. 京都府立医科大学整形外科)

9月10日 木曜日 D会場

D会場(WL2-301)【WL2, 3階】

一般口頭発表 減数分裂・生殖 2

座長:鵜木 元香

9:00	2D01	種亜群を超えたショウジョウバエ始原生殖細胞の異種移植の障害 *尾原 優太1、都丸 雅敏2、大迫 隆史2、西村 香里2、高野 敏行2 (1. 京都工芸繊維大学大学院、2. 京都工芸繊維大学)
9:15	2D02	加齢依存的な姉妹染色分体接着の破綻を防ぐ卵母細胞特異的因子 *石黒 啓一郎1 (1. 千葉大学)
9:30	2D03	減数分裂組換えによるレトロトランスポゾン排除機構 *山中 寅彦1、一柳 健司1 (1. 名古屋大学)

一般口頭発表 遺伝医学・疾患モデル

座長:荻 朋男、藤本 明洋

9:45	2D04	Deciphering circular extrachromosomal DNA sequences from cancer cells *韓 佩恂1、何 子易1,2、谷澤 靖洋1,3、豊田 敦1、中村 保一1,2、佐々木 真理子1,2 (1. 国立遺伝学研究所、2. 国立大学法人総合研究大学院大学、3. 理化学研究所)
10:00	2D05	日本人網膜色素変性症患者コホートにおけるEYS遺伝子変異の解釈 *嶽石 あや1、大谷内 梨聖2、重成 敦子1、鈴木 進悟1、椎名 隆1、今西 規1,3,4 (1. 東海大学医学部 基礎医学系 分子生命科学、2. 東海大学大学院 医学研究科、3. 東海大学大学院 医学研究科 ゲノム多様性解析センター、4. 東海大学総合医学研究所)
10:15	2D06	新たに単離された眼皮膚白皮症最小色素型モデルである白雪変異マウスの解析 *阿部 幸一郎1 (1. 東海大学 医学部)
10:30	2D07	網羅的発現変動解析に基づく初期白内障発症におけるAQP1/miR-204制御機構の解明 *大野 颯士1、高村 佳弘2,3、稲谷 大2,3、沖 昌也1,3 (1. 福井大学大学院 工学研究科産業創成工学、2. 福井大学医学部眼科学教室、3. 福井大学ライフサイエンスイノベーションセンター)

10:45	2D08	ロングリードシーケンス技術を用いた成人T細胞白血病のトランスクリプトーム解析 栗林 嶺至1、池本 滉1、鶴木 元香1、松岡 雅雄2、安永 純一郎2、*藤本 明洋1 (1. 東大院医、2. 熊大院医)
11:00	2D09	日本人シスチン尿症におけるSLC7A9 P482L複合ヘテロ接合体の重症化機序 *池原 真衣1、坂本 信一1、佐藤 航大1、若井 健2、山田 康隆1、黒住 顕1、佐塚 智和1、今村 侑佑1、納谷 幸男2 (1. 千葉大学医学部附属病院、2. 帝京大学千葉総合医療センター)
11:15	2D10	糸状菌Aspergillus fumigatusの分離株における有性生殖と遺伝学解析 *内田 百岳1、柴田 紗帆1、荒添 貴之2、鎌倉 高志2、高橋 弘喜1,3,4 (1. 千葉大学 真菌医学研究センター、2. 東京理科大学 創域理工学部 生命生物科学科、3. 千葉大学 分子キラリティー研究センター、4. 千葉大学 植物分子科学研究センター)
11:30	2D11	出芽酵母の寿命におけるメチル化依存性PP2A-TORC1制御について *尾崎 行憲1 (1. 京都大学 理学研究科)

ワークショップ WS8 進化脳病態：
脳の病・障がいは進化の過程においていかに生まれたのか
オーガナイザー 二階堂雅人(東京科学大)

14:05	WS8-1	脳の疾患や障がいの起源はどこか *松井 秀彰1 (1. 新潟大学)
14:30	WS8-2	進化する脳と神経疾患：カニクイザルモデルが拓く「進化脳病態」と認知症研究の最前線 *石垣 診祐1 (1. 滋賀医科大学)
14:55	WS8-3	同じ原因遺伝子、異なる表現型：遺伝性アルツハイマー病・パーキンソン病に見るヒト脳のラビリティ *齋藤 理恵1 (1. 新潟大学脳研究所)
15:20	WS8-4	シクリッドの適応放散メカニズムから読み解くヒト脳疾患 *二階堂 雅人1 (1. 東京科学大学)

9月11日 金曜日 A会場

A会場(デジタル多目的ホール)【W9, 2階】

一般口頭発表 ゲノミクス・バイオインフォマティクス

座長:工樂 樹洋

9:00	3A01	教師なし説明可能型AIによるゲノム解析：オリゴヌクレオチドodds比 (observed/expected)並びに相補対間でskewに着目したヒトゲノム解析 *池村 淑道 ^{1,2} 、岩崎 裕貴 ¹ 、和田 健之介、和田 佳子、阿部 貴志 ³ (1. 長浜バイオ大学、2. (公財) 遺伝学普及会・シニア科学アカデミー日々思考実践院、3. 新潟大学)
9:15	3A02	メタゲノムデータ解析プラットフォームGenomeSync-GSTKの開発と発展 *ソウ イ ¹ 、Kryukov Kirill ² 、Jin Lihua ¹ 、中川 草 ^{1,3} (1. 東海大学、2. 国立遺伝学研究所、3. 広島大学IDEC)
9:30	3A03	HiSpec : HiFiリードグラフのスペクトル分割によるハプロタイプフェージングとレビュー支援 *町田 宗聡 ^{1,2} 、松原 太一 ^{1,2} 、Owusu Samuel Papa Kwesi ¹ 、陳 健東 ¹ 、長崎 正朗 ¹ (1. 九州大学、2. 株式会社BlueMeme)
9:45	3A04	複数細胞種における核酸結合タンパク質の発現制御遺伝子と機能を予測する手法の開発 *大里 直樹 ¹ 、佐藤 健吾 ¹ (1. 東京科学大学)

ワークショップ WS9 動原体／セントロメアを俯瞰する

— 多様性・多面性・可塑性 —

オーガナイザー 長岐 清孝（岡山大）

10:00		緒言
10:05	WS9-1	植物セントロメアの可塑性-サイズ・形状・移動性- *長岐 清孝1 (1. 岡山大学)
10:25	WS9-2	積極的多様化：シロイヌナズナのCENH3はセントロメア配列の更新を駆動する *角谷 徹仁1 (1. 国立遺伝学研究所)
10:45	WS9-3	ニワトリ細胞におけるセントロメア位置決定機構とその意義 *堀 哲也1、真鼻 裕1、有吉 眞理子1、深川 竜郎1 (1. 阪大・生命機能)
11:05	WS9-4	人工ミニ染色体を用いた新規セントロメア形成効率の考察 古川 研人1、*石井 浩二郎1 (1. 高知工科大学)
11:25	WS9-5	分裂酵母のセントロメア領域で起こる染色体再編の分子機構 *中川 拓郎1、Wang Jianfang1、Pan Ziyi1 (1. 大阪大学)

PWS BP賞講演

13:15	PWS-1	クライオ電子顕微鏡から迫るヌクレオチド除去修復機構の構造基盤 *松本 翔太1、滝沢 由政1、橋本 佳那1、小笠原 光雄1、胡桃坂 仁志1 (1. 東京大学)
13:30	PWS-2	RecQL4とMcm10は協調的にCMG複製ヘリカーゼを活性化する *照井 利輝1、Sambel Larissa2、Park Jinho2、Hwang Elyse2、Duewell Benjamin2、Song Dan2、Chistol Gheorghe2 (1.九州大学、2. スタンフォード大学)
13:45	PWS-3	ホンウスグロショウジョウバエ<i>Drosophila obscura</i>の性染色体ドライブの原因因子の探索と検証 *加藤 雄大1,2、堀井 翔2、柳町 悠斗2、永野 佳奈海2、竹田 真優2、武尾 里美2、高鳥 直士2、野澤 昌文2,3 (1. 農研機構・生物機能、2. 都立大・院理・生命科学、3. 都立大・生命情報セ)
14:00	PWS-4	単一神経における脂肪酸代謝酵素の核内機能が線虫 <i>C. elegans</i> の温度順化を制御する *森 雪永1、福本 晃久1、三浦 徹1、中川 れい子6、澤田 夏美1、岡畑 美咲3、水口 洋平2、豊田 敦2、太田 茜1,4、久原 篤1,5 (1. 甲南大学 統合ニューロバイオロジー研究所、2. 国立遺伝学研究所、3. 京都大学 医生物学研究所、4. PRESTO,JST、5. PRIME, AMED、6. 理研BDR プロテオミクス・質量分析支援チーム)

9月11日 金曜日 B会場

B会場(W9-324)【W9, 3階】

一般口頭発表 細胞周期・染色体機能

座長:井手 聖

9:00	3B01	担子菌 <i>Coprinopsis cinerea</i> におけるCdc24の核分裂関連動態と相互作用因子の探索 *野澤 佑斗 ^{1,2,3} 、村口 元 ^{1,2,3} (1. 秋田県立大学、2. 生物資源科学部、3. 応用生物科学科)
9:15	3B02	線虫 <i>Caenorhabditis auriculariae</i> の染色体削減の分子機構 *春田 奈美 ^{1,2} 、上床 直紀 ¹ 、南部 隼真 ¹ 、倉光 浩生 ¹ 、孫 思墨 ³ 、菊地 泰生 ³ 、杉本 亜砂子 ¹ (1. 東北大学生命科学研究科、2. 東北大学高度教養教育学生支援機構、3. 東京大学大学院新領域創成科学研究科)
9:30	3B03	ユリ雄原細胞におけるM期様クロマチン構造と転写非依存的なクロマチン再編成 *澁田 未央 ¹ 、山口 歩乃佳 ¹ (1. 山形大学)
9:45	3B04	3層時系列オミクス解析による細胞老化の分子動態解析とNoss因子の同定 *太田 信哉 ¹ 、谷澤 英樹 ¹ 、鍾 奕洛 ¹ 、川島 祐介 ² 、小迫 英尊 ³ 、野間 健一 ^{1,4} (1. 北海道大学、2. かずさDNA研究所、3. 徳島大学 先端酵素学研究所、4. Institute of Molecular Biology, University of Oregon)

ワークショップ WS10リピート配列はジャンクではない！

—非散在性リピート配列のゲノム安定性および進化における機能の新知見—
オーガナイザー 渡瀬 成治

10:05	WS10-1	ゲノム進化を司る核小体関連リピート配列 *安原 崇哲 ¹ (1. 京都大学大学院生命科学研究科)
10:30	WS10-2	種分化を駆動した染色体進化とリピートとの関係性 *吉田 恒太 ¹ (1. 新潟大学)
10:55	WS10-3	小型齧歯類特異的なリピートクラスター「4.5SH」による染色体安定性制御 *栗原 美寿々 ¹ (1. 北海道大学大学院)
11:20	WS10-4	リボソームを作るだけではない：染色体分配を制御するrDNAリピート *渡瀬 成治 ¹ (1. 熊本大学・発生医学研究所)

9月11日 金曜日 C会場

C会場(WL2-201)【WL2, 2階】

ワークショップ WS11 真核細胞における多様な環状DNAの生成・維持機構と細胞応答

オーガナイザー 佐々木真理子

10:05	WS11-1	転写の停滞はR-loop の形成を介してリボソームRNA反復遺伝子を不安定化する 鐘 子君1,2、横山 正明2,1、*小林 武彦1,2,3 (1. 東大院理学系研究科、2. 東大定量研、3. 東大微生物連携機構)
10:30	WS11-2	染色体環状化が引き起こす細胞応答 金谷 奈央1、大村 拓未1、山下 朗1、飯田 康太1、渡邊 大祐1、中岡 秀憲2、竹中 健人1、山本 唯央1、*加納 純子1 (1. 東京大学、2. 徳島大学)
10:55	WS11-3	新規染色体外環状DNAレポーターシステムを用いたcGAS/STING自然免疫応答経路の解析 Dushimyineza Herve1,2、Cai Jiawei2,3、*林 眞理2,4 (1. 京都大学大学院生命科学研究科、2. 京都大学大学院医学研究科IFOM-KU国際共同ラボ、3. TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich、4. Chromosome Instabilities Unit, IFOM ETS)
11:20	WS11-4	がん化を促進する染色体外ecDNA維持機構の解明 *佐々木 真理子1 (1. 国立遺伝学研究所)

9月11日 金曜日 D会場

D会場(WL2-301)【WL2, 3階】

一般口頭発表 行動・神経科学

座長:平田 たつみ

-
- 9:00 3D01 線虫の温度耐性を司る単一温度感覚ニューロンにおける複数の温度受容体候補 GPCR
- *元武 栞里1、佐藤 夕希1、大西 康平1,2、三浦 徹1,2、太田 茜1,2,3、久原 篤1,2,4 (1. 甲南大学大学院自然科学研究科、2. 甲南大学統合ニューロロジー研究所、3. さきがけ JST、4. PRIME AMED)
-
- 9:15 3D02 単一温度受容ニューロンADLにおけるGPCR、TRP channelに次ぐ新たな温度受容体の探索
- *金村 菜々子1,2、太田 茜2,3,1、佐藤 夕希1,2、川鍋 陽4、藤原 祐一郎4、久原 篤1,2,5 (1. 甲南大学大学院自然科学研究科生物学専攻、2. 甲南大学統合ニューロロジー研究所、3. さきがけJST、4. 広島大学大学院医系科学研究科、5.PRIME AMED)
-
- 9:30 3D03 線虫*C. elegans*のGPCR型温度受容体候補が暑熱適応に関与する
- *上加 浩夢1、森本 千夏1、宮崎 智瑛1、大西 康平1、三浦 徹1、太田 茜1,2、久原 篤1,3 (1. 甲南大学統合ニューロロジー研究所、2. さきがけ JST、3. AMED-PRIME)
-
- 9:45 3D04 線虫*C. elegans*の胚期におけるsmall RNA自然変異がもたらす温度順化の神経回路多様性
- *岡畑 美咲1,2、井木 太一郎6、吉名 佐和子3、水口 洋平4、森 雪永2、澤田 夏美2、三浦 徹2、甲斐 歳恵6、豊田 敦4、三谷昌平3、太田 茜2、久原 篤2,5 (1. 京都大学医生物学研究所、2. 甲南大学大学院自然科学研究科、3. 東京女子医科大学、4. 遺伝学研究所、5. AMED-PRIME、6. 京都大学大学院生命科学研究科)
-

ワークショップ WS12 ウイルスと宿主の相互作用から捉え直すゲノムの構造と機能

オーガナイザー 尾崎省吾（九州大） 渡辺智（東京農業大）

10:00	WS12-1	ファージと細菌が共有する複製ヘリカーゼローダーの進化 *尾崎 省吾1、渡邊 桂都1、佐藤 翔平1、片山 勉1 (1. 九州大学)
10:15	WS12-2	ディフェンスシステムは細菌ゲノムの多様化を促進するか？ *西村 陽介1 (1. JAMSTEC)
10:33	WS12-3	孢子形成細菌におけるファージ由来遺伝子再編成戦略 *佐藤 勉1 (1. 法政大学)
10:51	WS12-4	バクテリオファージが切り拓く共生細菌による宿主操作の進化 *井上 真紀1 (1. 農工大院・農)
11:09	WS12-5	ファージが拓く大型DNA構築とゲノムエンジニアリング *野崎 晋五1 (1. 理化学研究所)
11:27	WS12-6	シアノバクテリアの複製因子CyRep群が支えるゲノム・プラスミド維持機構 *渡辺 智1、松尾 圭祐1、大舘 和真1、坂田 実乃里1、荷村（松根） かおり1 (1. 東京農業大学)

マイリサーチヒストリー

12:00-13:00 ランチオンセミナー

真木 寿治、平野博之

12:00		緒言
12:00	3D11	受精までの精子の長い道のり 高野 敏行（京都工芸繊維大学）
12:30	3D12	常脇恒一郎先生のレガシーを引き継いだ楽しい研究人生～細胞質置換コムギ系統による唯一無二の研究～ 村井 耕二（福井県立大学・日本ハイブリッド小麦研究所）
12:55		クロージング

ポスター発表リスト

【ポスター会場1】 W9-326／P-01～P-31

P-01 CDK1によるPHC2のリン酸化を介したポリコーン崩壊機構の解析

*宗安 麻衣1、浅井 裕一郎1、谷川 佳樹1、淡路 茉里奈1、清野 淳司1、寺田 泰比古1 (1. 早大、院先進、化学・生命化学)

P-02 HslOとROS軽減との関係解明に向けたH₂O₂応答レポーター系の構築と候補化合物の探索

*郭 雲凡1、海藤 晃弘1 (1. 東海大学)

P-03 酸化ストレスによる致死・生育遅延の解析— SrpA (YrfG) の機能解析

*林 宏楠1、海藤 晃弘1 (1. 東海大学)

P-04 DIV-38のG1/SサイクリンおよびDNA修復因子としての機能解析

*白石 紗雪1、阿久津 真悠1、栗原 真央子1、田部 博也1、吉原 亮平1、畠山 晋1、田中 秀逸1 (1. 埼玉大学大学院 理工学研究科 遺伝学研究室)

P-05 Synechocystis sp. PCC 6803の持つ巨大プラスミドpSYSGの複製機構について

*松尾 圭祐1、坂田 実乃里1、荷村 (松根) かおり1、渡辺 智1 (1. 東京農業大学)

P-06 G4構造の安定化を評価する実験系の構築

*栗林 美柚乃1、林 匡史1、中村 顯1、白木 美紗1、赤沼 元気2、菱田 卓1 (1. 学習院大学大学院 自然科学研究科、2. 城西大学 理学部 化学・生命科学科)

P-07 Mgs1過剰発現による増殖阻害に耐性を示すmec1Δサプレッサー株の表現型解析

*飯塚 洸貴1、林 匡史1、遠山 萌恵1、赤沼 元気2、菱田 卓1 (1. 学習院大学大学院 自然科学研究科、2. 城西大学 理学部 化学・生命科学科)

P-08 Rubrobacter radiotoleransの赤色色素が紫外線感受性に及ぼす影響

*鈴木 日菜恵1、畠山 晋1、田中 秀逸1、吉原 亮平1 (1. 埼玉大学大学院 理工学研究科 遺伝学研究室)

P-09 DNAポリメラーゼγのエキソヌクレアーゼの機能欠損がアカパンカビの寿命及び変異原感受性に与える影響

*山縣 美月1、北村 智2、佐藤 勝也2、畠山 晋1、田中 秀逸1、吉原 亮平1 (1. 埼玉大学大学院 理工学研究科 遺伝学研究室、2. 量子科学技術研究開発機構 (QST) 高崎研)

P-10 dnt-3欠損がアカパンカビの寿命に与える影響

*荒井 晶子1、畠山 晋1、田中 秀逸1、吉原 亮平1 (1. 埼玉大学大学院 理工学研究科 遺伝学研究室)

P-11 長期培養がアカパンカビの菌糸伸長およびゲノム安定性に与える影響

*大越 海翔1、畠山 晋1、田中 秀逸1、吉原 亮平1 (1. 埼玉大学遺伝学研究室)

P-12 炭素イオンビーム照射により誘発されたシロイヌナズナ染色体数変異系統の核型解析
*加藤 碧1、鵜飼 優葉2、佐藤 杏子3、江守 祐汰郎2、白川 侑希4、阿部 知子4、風間 裕介1,2,4 (1. 福井県大・生物資源、2. 福井県大・院・生物資源、3. 富山大・理、4. 理研・仁科センター)

P-13 Ca^{2+} は植物の誤りやすいDNA二重鎖切断修復を促進する。
*江守 祐汰郎1、黛 隆宏1、Alvin Sanjaya1、坂口 実夢1、高城 啓一2、風間 裕介1,3 (1. 福井県大・院・生物資源、2. 若エネ研・生物資源、3. 理研・仁科センター)

P-14 IEEによって誘起される反復配列の完全欠失反応の分子機構の解析
*磯辺 大河1、岸野 廉1、佐倉 沙耶香1、佐藤 来夢1、関根 靖彦1 (1. 立教大・理)

P-15 出芽酵母におけるヒトDNA修復系の構築
*二口 彩奈1、大屋 恵梨子1、小林 武彦1 (1. 東京大学)

P-16 マボヤにおいて受精直後に転写されるCdc20の役割
*瀬戸口 拓也1、高鳥 直士1 (1. 東京都立大学)

P-17 精母細胞におけるCTCF結合のエピジェネティック制御機構の解析
*今野 基泰1、一柳 健司1 (1. 名古屋大学生命農学研究科(一柳研))

P-18 最小リボソームの構築と解析
*菅野 真未1、赤沼 元気1、相馬 亜希子2、河村 富士夫3,2 (1. 城西大学理学研究科物質科学専攻、2. 千葉大学大学院園芸学研究科、3. 立教大学理学部生命科学科)

P-19 転写活性化に伴うコヒーシンローディングの解析
*石羽 夕姫1、谷 直紀2、石黒 啓一郎3、高橋 達郎4 (1. 九州大学 システム生命科学府、2. 熊本大学 発生医学研究所、3. 千葉大学 大学院医学研究院、4. 九州大学 理学研究院)

P-20 大腸菌-枯草菌間の脂質合成酵素局在の差異の解析
*シン キュヨン1、松岡 聡1 (1. 埼玉大学大学院 理工学研究科 分子生物学PG)

P-21 枯草菌の糖脂質欠損によるFtsHプロテアーゼおよびMgtEトランスポーターへの影響はPI流入を引き起こす
*長沼 柚希1、岡戸 智明1、松岡 聡1 (1. 埼玉大学大学院理工学研究科分子生物学PG)

P-22 シロイヌナズナの不正確なスプライシングにおけるジャンクション上および周辺配列の影響
*中野 俊1、森田 重人1,2、佐藤 壮一郎1,2 (1. 京都府立大学、2. 京都府生物資源研究センター)

P-23 シアノバチルスにおける外来シアノバクテリア遺伝子発現に向けた転写-翻訳機構の導入
*小笠原 礼宰1、森田 昂大1、渡辺 智1、板谷 光泰2、朝井 計1 (1. 東京農業大学 細胞ゲノム生物学的研究室、2. 慶応大学・理工学部)

P-24 大腸菌ユビキノン合成経路変異株におけるHfq要求性に関する解析

*河野 天音1、渡瀬 桃子1、須藤 直樹2、寺島 楽1、関根 靖彦1 (1. 立教大・理、2. 杏林大・医)

P-25 tRNAレパートリーの変化が枯草菌のタンパク質発現に及ぼす影響の解析

*猿渡 亜海1、山口 千裕1、朝井 計1 (1. 東京農業大学)

P-26 *Drosophila mauritiana* における産卵基質選択機構の進化一糖に対する産卵応答と感覚応答の種間比較—

高島 侑子1、*中山 ひろ子2、近藤 るみ1,2,3 (1. お茶の水女子大学 大学院 ライフサイエンス専攻、2. お茶の水女子大学 理学部 生物学科、3. お茶の水女子大学 基幹研究院 自然科学系)

P-27 ショウジョウバエ幼虫において嗅覚受容体Or85cが宿主選択行動に与える影響

*福 紗矢香1、木村 葵衣2、諏訪部 優菜1、中村 文花1、近藤 るみ1,2,3 (1. お茶の水女子大学・院・ライフサイエンス、2. お茶の水女子大学・理・生物、3. お茶の水女子大学・基幹研究院・自然科学系)

P-28 ショウジョウバエ複眼腫瘍が選食行動および生理状態に与える影響の解析

*亀田 心都美1、近藤 るみ1,2 (1. お茶の水女子大学・院・ライフサイエンス、2. お茶の水女子大学・基幹研究院・自然科学系)

P-29 ショウジョウバエがんモデル特異的な産卵基質濃度選好性の解析

*田畑 穂夏1、近藤 るみ2 (1. お茶の水女子大学・院・ライフサイエンス、2. お茶大・基幹研究院・自然科学系)

P-30 若者世代の遺伝学リテラシー向上に導くカードゲームの開発

*横川 幸奈1 (1. 岡山県立岡山操山高等学校)

P-31 From Codon Usage Data to Data-Centric Biological AI: Exploring Applications of Large-Scale Sequence Resources from DDBJ

*何 子易1,2、中村 保一1,2 (1. 国立遺伝学研究所、2. 総合研究大学院大学)

【ポスター会場2】 W9-325／P-32～P-62

P-32 PCA-UMAPは真の集団構造を反映するか:真の構造と偽のクラスターを分ける条件の検討
*宋 心怡1、手島 康介1、早川 敏之1 (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)

P-33 アカショウジョウバエのネオY染色体の集団内固定と遺伝的多様性維持のメカニズム

*藤岡 桜愛1、萩野 里奈1、植田 泰地1、田村 浩一郎1,2,3 (1. 東京都立大学理科学研究科生命科

学専攻、2. 東京都立大学理学部生命科学科、3. 東京都立大学生命情報研究センター)

P-34 自殖性生物における祖先組換えグラフ推定手法の適用可能性：シミュレーションによる評価

*坂本 健介1、渡邊 日出海2、小柳 香奈子2 (1. 北大・情報科学院、2. 北大情報科学研究院)

P-35 魚類におけるV1R発現細胞の遺伝子発現解析および哺乳類との比較

*佐藤 誠1、滝 隼輔1、長澤 竜樹1、二階堂 雅人1 (1. 東京科学大学)

P-36 ナミトビハネショウジョウバエにおける性染色体異数体形成の遺伝基盤

*大沢 彩乃1、野澤 昌文1,2 (1. 都立大・院理、2. 都立大・生命情報セ)

P-37 脊椎動物フェロモン受容体V1Rの転写調節領域の探索

*小林 愛実1、長澤 竜樹1、二階堂 雅人1 (1. 東京科学大学 生命理工学院)

P-38 枯草菌シグマ因子縮小株・SigA-SigI only(AI)株を使った定常期生存機構の解析

*伊藤 大和1、朝井 計1 (1. 東京農業大学 細胞ゲノム生物学研究室)

P-39 ゲノム制御ブロックの密集性変化と表現型との関連解析

*佐伯 宜幸1、戴 藝娉1、岩崎 航1、上坂 将弘1、田村 宏治1、牧野 能士1 (1. 東北大学 大学院 生命科学研究科)

P-40 A TAD-guided fragmentomics approach for identifying cancer-associated signals in cfDNA

*大川 洋輝1、三澤 計治1 (1. 横浜市立大学データサイエンス学部)

P-41 de novo gene birth機序解明に向けた環境応答的な転写活性化領域の解析

*齋藤 千晶1、遠藤 俊徳2、長田 直樹2 (1. 北海道大学大学院情報科学院、2. 北海道大学大学院 情報科学研究院)

P-42 ホヤ初期発生における遺伝子制御情報に基づく高速な遺伝子制御ネットワーク推定方法の開発

*齋藤 亮生1、佐藤 ゆたか2、長田 直樹3、遠藤 俊徳3 (1. 北海道大学 大学院情報科学院 情報科学専攻 生体情報工学コース 情報生物学研究室、2. 京都大学 大学院理学研究科 生物学専攻 動物学系 動物発生学研究室、3. 北海道大学 大学院情報科学研究院 情報生物学研究室)

P-43 マボヤ胚の脊索の形態形成におけるRyk遺伝子の機能解析

*滝田 耕1、高鳥 直士1 (1. 東京都立大学大学院 理学研究科 生命科学専攻)

P-44 齧歯類リボソームRNA遺伝子(rDNA)の構造とDNAメチル化の種間比較

*白木 大登1,2、堀 優太郎1、小林 武彦1,2 (1. 東京大学定量生命科学研究所、2. 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻)

P-45 ミトコンドリア一本鎖DNA結合タンパク質SSBP1によるLINE-1転移促進機構の解析

*菊地 永作1,2、杉野 海斗3、渡邊 祐三3、今見 考志2、天野 翔太3,2、三好 知一郎2、加納 純

子4 (1. 東京大学大学院理学系研究科、2. 理化学研究所生命医科学研究センター、3. 京都大学大学院生命科学研究科、4. 東京大学大学院総合文化研究科)

P-46 植物におけるrDNA領域に集積するトランスポゾンの分布特性

*川北 晴1、河邊 昭1 (1. 京都産業大学生命科学研究科)

P-47 分裂酵母で創成した人工レトロトランスポゾンの転移特性

*松田 成実1、中川 真一2、石井 浩二郎1 (1. 高知工科大学 染色体機能制御学研究室、2. 北海道大学・大学院薬学研究院)

P-48 シロイヌナズナにおけるトランスポゾンの新規挿入位置と宿主エピゲノム情報との関連解析

*大井 悠輔1、島田 篤1、富永 さやか1、塚原 小百合2,3、藤 泰子1 (1. 東京科学大学生命理工学院、2. 東京大学大学院理学系研究科、3. 京都大学大学院理学研究科)

P-49 シロイヌナズナ野生系統におけるレトロトランスポゾンの発現解析

*田原 悠貴1、小田 頌子1,2、山口 颯太2、佐藤 友2、塚原 小百合2、豊田 敦3、佐瀬 英俊4、河邊 昭5、藤 泰子1、角谷 徹仁1,2,3 (1. 東京科学大学 生命理工学院、2. 東京大学大学院 理学系研究科、3. 国立遺伝学研究所、4. 沖縄科学技術大学院大学、5. 京都産業大学 生命科学部)

P-50 加齢を引き起こすヒストン修飾の不等分配メカニズムの解明

*後藤 雪琉1、山室 賀知生2、柳 秀一1、小林 武彦1 (1. 東京大学、2. 公益財団法人 放射線影響研究所)

P-51 細胞老化に伴うヒトリボソームDNAのDNAメチル化解析

*露木 孝樹1、堀 優太郎2、小林 武彦1,2 (1. 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、2. 東京大学定量生命科学研究科)

P-52 染色体断片化によるハプロ不全遺伝子の探索

*佐々木 萌1、吉村 明1、関 政幸1、阿部 拓也1 (1. 東北医科薬科大学)

P-53 Type I-D CRISPR-Cas (TiD-X) を用いたイメージング解析技術の確立

*小山 浩明1、城所 聡1、和田 直樹2、刑部 敬史2、刑部 祐里子1 (1. 東京科学大学、2. 徳島大学)

P-54 イネ胚乳におけるシングルセルメチローム解析手法の確立

*大東 優紀1、木下 哲1、殿崎 薫1 (1. 横浜市大・木原生研)

P-55 接合伝達を用いた異種Bacillus 属へのプラスミド導入の検証

*吉原 正太郎1、加藤 緋莉1、井上 瑞花1、森田 昂大1、須田 和奏1、朝井 計1 (1. 東京農業大学)

P-56 S-adenosylmethionine(SAM)トランスポーターを介した枯草菌におけるSAM高生産化

*大脇 拓也1、磯崎 龍之介1、朝井 計1、小椋 義俊2 (1. 東京農業大学大学院 細胞ゲノム生物

学研究室、2. 久留米大学 医学部)

P-57 *Corynebacterium glutamicum*に対する精油の抗菌作用の解析

*浅沼 菜々海1 (1. 東京農業大学)

P-58 TiD-Xを用いた大腸菌におけるゲノム編集技術の確立

*上田 幸太郎1、丸井 和也2、刑部 敬史2、刑部 祐里子1 (1. 東京科学大学、2. 徳島大学)

P-59 ユビキチン結合酵素E2と小分子抗体による細胞内標的タンパク質分解系の開発

*木田 純平1、西村 浩平1、小原 圭介1、嘉村 巧1 (1. 名古屋大学)

P-60 100kbスケール欠損によるヒトゲノム20 Mb領域の必須性評価

*遠藤 成将1、赤瀬 太地1,2、倉澤 光1,2、山根 里歩2、川上 恵利2、橋本 陽太1、松浦 優太1、上田 琳太郎1、金子 真也1、大野 智幸3、相澤 康則1,2,3 (1. Science Tokyo・生命理工、2. 神奈川県立産業技術総合研究所、3. Logomix)

P-61 ショウジョウバエにおける脂肪分解酵素brummerの組織特異的発現制御が老化に伴う脂質動態へ及ぼす影響

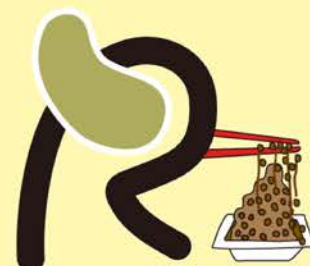
*枋岡 璃咲1、近藤 るみ1,2 (1. お茶の水女子大学・院・ライフサイエンス、2. お茶の水女子大学・基幹研究院・自然科学系)

P-62 化学独立栄養細菌におけるカルビン回路の酵素間相互作用の同定

*山本 和輝1、山崎 翔太1、橋本 陽太1、相澤 康則1,2 (1. 東京科学大学 (Science Tokyo) 生命理工学院、2. 神奈川県立産業技術総合研究所)



NBRP 大腸菌・ 枯草菌リソース



— 大腸菌・枯草菌の遺伝資源をあなたの研究に —

国立遺伝学研究所はNBRP（National BioResource Project）の担当機関として、原核生物の代表的なモデル生物である大腸菌と枯草菌の高品質かつ豊富な微生物リソースを研究者の皆様に向けて提供しています。

提供中の主なリソース

【NBRP大腸菌】

- ・ KEIOコレクション
単一遺伝子欠失株ライブラリー
(約4,000株)
- ・ ASKAコレクション
全遺伝子の高発現クローンライブラリー
- ・ HoSel法：新規ゲノム編集技術
(Homology-independent gene Set Integration)
- ・ iVEC法
高効率なin vivo DNAアセンブリー技術
- ・ 多様なプラスミドベクター群

【NBRP枯草菌】

- ・ BKEコレクション
約4,000の遺伝子破壊株
(抗生物質耐性マーカー付き)
- ・ ゲノム欠失変異株コレクション

💡 リソースの特徴

- 詳細なアノテーション情報・全ゲノム配列
- オンラインカタログと検索システム完備
- 国内外の研究者に多数の提供実績あり
RRC成果論文データベースよりNBRPリソースを使用して行われた研究の検索可能



ウェブサイト・お申し込み

📌 大腸菌リソース（KEIO・ASKA・HoSel・iVEC ほか）

👉 <https://nbrp.ecoli.nig.ac.jp/>

📌 枯草菌リソース（BKE・ベクター等）

👉 <https://bacillus.nbrp.jp/>



問い合わせ先 genkaku@nig.ac.jp



NBRPは、あなたの研究の加速を支援します！

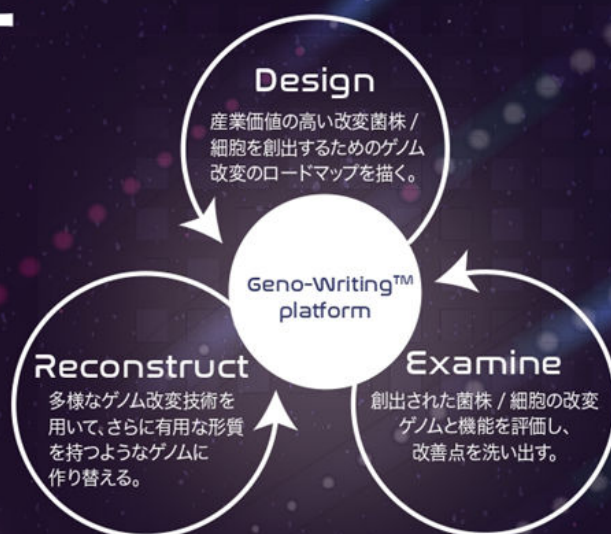
Bioresources for Your Research

ゲノム構築で細胞の可能性を 最大限に引き出す

大規模なゲノム構築技術

Geno-Writing™

Geno-Writing™プラットフォームは、パートナー企業が望む機能を細胞に付与するためのゲノム（遺伝子）設計技術、設計通りに長鎖 DNA を合成する技術、合成された長鎖 DNA を使って生きている細胞内でゲノムを正確に改変する技術といった、様々なゲノム改変技術の集合体です。これまでにバクテリア、酵母、動物培養細胞、ヒト幹細胞など多様な細胞種に対して適用し、その試行錯誤の過程でさらに汎用性と応用性が高まっています。今後もこのプラットフォームを活用することで、製薬や化学・素材など幅広い産業分野の企業ニーズに合わせた合成生物学的ソリューションを提供します。



Logomix

日々アップデートされているゲノム構築技術群を駆使して
革新的な創薬・バイオものづくり研究に取り組む仲間を募集しています。
お気軽にお問い合わせください：info@logomix.bio

(本社) 〒113-0023 東京都文京区向丘二丁目3番10号
(研究開発部) 〒226-0026 神奈川県横浜市緑区長津田町4259-3 Science Tokyo 横浜ベンチャープラザ
(米国拠点) 1030 Brittan Avenue, San Carlos, CA 94070 USA (MBC BioLabs)

ACTIVE MOTIF®

Enabling Epigenetics Research

Express RNA-Seq

受託解析サービス開始

国内トップクラスの費用対効果

【エピジェネティクス x Tn5 タグメンテーション】

遺伝子発現解析に、今までにない効率と新しい選択肢を。

まずはご相談ください。



バックスが目指すバイオものづくりの“未来”

バックス・バイオイノベーションは2020年に日本初の“統合型バイオファウンドリ®”として創業したスタートアップ企業です。“発酵”の神様であるバックス神にあやかり、バイオものづくりに基づく新しい産業の創造を目指しております。

デジタル×バイオの時代に向けて、会社概要をはじめ、開発技術やプロジェクトの紹介を行います。

当社に興味がある方や
バイオものづくりで活躍したい方
ぜひご参加ください！



株式会社バックス・バイオイノベーション

〒650-0047 兵庫県神戸市中央区港島南町6-3-7

H P : <https://www.b2i.co.jp/>

Mail: saiyou@b2i.co.jp (求人応募窓口)

info@b2i.co.jp (その他、問い合わせ先)



Copyright 2026 © Bacchus Bio innovation Co., Ltd.

Lonza

ロンザジャパン株式会社

Edit more. Discover More.

ーゲノム編集で、細胞の未知を解き明かすー

難導入細胞へのゲノム編集を、もっと確実に。

研究成果を加速するには、目的の細胞にあわせた遺伝子導入技術と高品質な細胞・培地の選択が重要です。Lonza は、ゲノム編集から機能解析まで、細胞実験を多面的にサポートします。

どのようなことでも、展示会場でお気軽にご質問ください！

遺伝子導入
に関するご
相談

技術サポート
の仕事ってど
んな仕事？

外資系企
業ってどん
な職場？



4D-Nucleofector® Platform

- Cas9 RNP・mRNA・プラスミド DNA などあらゆる基質を導入
- 難導入細胞(初代細胞・iPS 細胞・免疫細胞)にも対応可



Primary Cells & Cell Culture Solutions

- PMBCをはじめ多様なヒト初代細胞
- 初代細胞専用培地
- マイコプラズマ迅速検査キット



ロンザジャパン株式会社 バイオサイエンス事業部

〒103-0027 東京都中央区日本橋 2-1-14

日本橋加藤ビルディング 9F

電話：03-6264-0663(技術サポート直通)

e-mail: bioscience.technicalsupport.jp@lonza.com

日本遺伝学会の皆様へ。 受託解析で研究を加速する、 マクロジェンのシーケンスソリューション



次世代シーケンス解析 (NGS)



NovaSeqX Plus PacBio Revio

ショートリードシーケンス
ロングリードシーケンス
全ゲノム解析 (WGS)、RNA-Seq など
実績多数

サンガーシーケンス解析



Applied Biosystems 3730xl
DNA analyzer

高精度、迅速対応
一般シーケンス、Premix シーケンス
最長 1200 bp まで解析可能

お客様のニーズにあわせた柔軟な選択が可能



【国内ゲノムセンター】

東京・お台場
スピード、安心感



【韓国ラボ】

コストパフォーマンス、
大規模解析、
特殊解析可能

✉ お問い合わせ

詳しい仕様や費用、ご相談などについては弊社代理店も
しくは QR コードからお問い合わせください。

株式会社マクロジェン・ジャパン
Tell : 03 (5962) 1124
Mail : ngs@macrogen-japan.co.jp
〒135-0064

東京都江東区青海 2 丁目 4 番 32 号 タイム 24 ビル 16F

パンフレット



お問い合わせ



お得な情報などは
X でお知らせして
おります！



PacBio Revioを使用したロングリード解析をもっと身近に

ロングリードRNA解析(Iso-Seq)

(対象: 真核生物のみ)

通常150,000円～ ➡ **50,000円～**
(税別)

納期: 30営業日

ロングリードゲノム解析 **100,000円～** (税別)

納期: 35営業日

ロングアンプリコン解析 **13,000円～** (税別)

納期: 30営業日

Iso-Seq 期間限定
キャンペーン中!
(2026年10月末まで)

出展ブースへお立ち寄りください!

解析内容のご相談・お見積りを承ります



お見積依頼フォーム

株式会社 **生物技研**
Bioengineering Lab

〒252-0154 神奈川県相模原市緑区長竹657
TEL 042-780-8333
Mail: dna@gikenbio.com



創業10周年



その作業、 「自動化」をあきらめていませんか?

煩雑な前処理、危険な物質のハンドリング、長時間の連続作業など今まで諦めていたラボのルーティンワークを自動化。分析作業や培養実験にも精通したスタッフがお客様のご要望に沿った自動化システムをご提案します。



リクルート担当者による
会社説明も実施します。

展示品 (是非ご来場ください)

AAW™ Automated Assay Workstation **NEW**

自動化を簡単にカスタマイズ



- 60秒以内で試料を96ウェルプレートに自動分配可能
- 96ウェルプレート、384ウェルプレートに対応可能
- 多量試料を自動分配可能
- 30秒以内で試料を96ウェルプレートに自動分配可能
- 30秒以内で試料を384ウェルプレートに自動分配可能
- 30秒以内で試料を96ウェルプレートに自動分配可能
- 30秒以内で試料を384ウェルプレートに自動分配可能

製品仕様

製品名	AAW™ Automated Assay Workstation
型番	AAW-100
サイズ(幅×奥行き×高さ)	400×400×1200mm
重量	約100kg
電源	AC100V 50/60Hz 10A
動作温度	15℃～30℃
動作湿度	40%～80%
動作圧力	常圧
動作速度	約60秒/96ウェル
動作精度	±0.5%



科学・技術の未来のために

ヤマト科学株式会社

本社 〒104-6136 東京都中央区臨海1-8-11 横浜トリトンスクエアY棟36階

お客様総合サービスセンター

0120-405-525

受付時間 9:00～12:00、13:00～17:00 (土日祝除く)

ヤマト科学ウェブサイト

www.yamato-net.co.jp

メールでのお問い合わせは、ヤマト科学ウェブサイトより
発行しております



このカタログの記載内容は2026年8月現在のものです。

見つける、広げる、私らしい働き方。

NIKKEN
TOTAL SOURCING

45th
Anniversary

R&D

日本の 研究開発業務を

人材サービスと教育研修で

サポートします

1 若くて優秀な人材を派遣します

キャリア人材・新卒者を積極的に採用し、約300名のスタッフがR&D事業部に在籍しています！

全国 227 拠点の採用網

全国の拠点ネットワークと約 1,200 社の人材エージェント連携。全員正社員雇用による安定したサポート

手厚いフォロー体制

専任営業一名につき 20~40 名の少人数担当制。定期的な面談でミスマッチを防ぎ高い定着率を実現

産学連携ネットワーク

かながわ再生・細胞医療産業化ネットワーク (RINK) 正会員。大学・研究機関等との連携を推進

2 東京・神奈川で【バイオ・化学の教育研修】を行っています

バイオ・ライフサイエンス分野

東京 R&D 研修センター バイオ研修サイト

東京都千代田区神田



- 実機を使った 20 日間集中研修
Hela/Jurkat/CHO 細胞の培養・継代
ストック作製、**NEW** GMP 学習を導入
- 評価技術
細胞毒性試験、生存率マルチプレックスアッセイ
- 活用領域
再生医療関連業務、創薬研究補助、
ゲノム編集補助、生化学試験等

バイオ・ライフサイエンス分野

神奈川 R&D 研修センター バイオ研修サイト

神奈川県川崎市



- 実機を使った 20 日間集中研修
遺伝子操作→タンパク質検出→細胞
培養などの技術を全網羅、
NEW GMP 学習を導入
- 遺伝子解析
DNA/RNA 抽出、定量、PCR 反応
- タンパク解析
溶解と定量、電気泳動、抗原抗体
反応、発現量測定

化学・分析分野

神奈川 R&D 研修センター

神奈川県川崎市



- 実機を使った 20 日間集中研修
島津製 HPLC・GC 実機を使用し、
前処理、ピーク解析まで自律習得、
NEW GMP 学習を導入
- 医薬品 QC・品質保証
原料・製品の受入試験、妥当性確認
- 環境・食品分析
残留農薬分析、機器分析評価、
微量分析

日研トータルソーシング株式会社

R&D 事業部

〒144-0051 東京都大田区西蒲田7-23-3 日研第一ビル
www.nikken-totalsourcing.jp

【お問い合わせ先】 月曜日～金曜日 08:30～17:30 祝日は除きます

人材をお探しの方

R&D事業部 次長 菊池宛

0120-458-149

お仕事をお探しの方

エンジニア技術開発部 次長 宗田宛

0120-476-834

CHEMICAL DOJIN Co. Ltd.

未来へ続くバイオサイエンスのベストサポーターを目指し一歩一歩を誠実に歩みたい....。
我々はそんな会社です。

ラボ機材や試薬の購入、受託解析サービスのお取次ぎ、ラボの立ち上げやお引越し....。
大切なご研究のサポートは弊社にお任せください。



[本社] 〒862-0967 熊本市南区流通団地1-44-2 / TEL : 096-377-2277 (代)
[東京オフィス] 〒113-0023 東京都文京区向丘1-9-22 / TEL : 03-3814-8161 (代)
[Web site] <http://www.chemical-dojin.com>
[Mail] info@chemical-dojin.com

ものづくりに、まだ見ぬ選択肢を。 人と地球に、持続する活力を。

今までハードルが高かった新規酵素開発や改良を
パイオインフォマティクスを用いた独自のソリューションで可能に。



株式会社digzyme

〒105-0001 東京都港区虎ノ門二丁目2番1号
住友不動産虎ノ門タワー 6階 Room4

Official Website



Contact Form



Linkedin



研究をつなぎ、ひらめきを加速する Innovation × Inspiration

01 研究に役立つ情報を検索



02 中古理化学機器の無料検索サイト



03 活用方法が選べるEコマース！



04 理化学機器の保守・管理サポート



05 消耗品や資産をクラウド一元管理



06 研究現場でエコを始める！



07 環境負荷の低減とGX推進を支援



08 研究を支えるラボ用品



情報収集から資材調達、運用管理、リユース・環境支援まで研究活動をトータルでサポートするサービスを展開しています

研究者・開発者のひらめきを育むプラットフォーム

理科研株式会社

本社
〒113-0033 東京都文京区本郷三丁目44番2号
TEL. 03-3815-8951 (代)

各サービスの詳細や最新情報をチェック/
研究者向けサービス一覧はこちら ▶



見落とされてきた短鎖・一本鎖DNAを逃さずNGSへ

ssDNA-Seq Kit

- ✓ 独自のSingle strand DNA Ligase技術を採用
- ✓ ssDNA、dsDNAの両方からイルミナ社NGS用ライブラリーを調製
- ✓ 50 base、10 pg~250 ngの超微量DNAサンプルに対応
- ✓ 断片化や損傷、分解を受けたDNAにも最適
- ✓ 簡単なワークフローで、2時間以内にライブラリー調製が完了

★ こんなサンプルにおすすめ ★

FFPE由来DNA

cell-free DNA

合成オリゴ

DNAアプタマー

環境DNA

古代DNA

ultra-short ssDNA

など

菌叢解析の絶対定量をスタンダードに 16S DNA Quantitative Standard for Microbiome

- ✓ 12種類の既知配列の核酸を異なる存在比率で混合
- ✓ 可変領域(V1~V9)は自然界に存在しない人工配列のため
解析サンプルの菌叢解析結果への影響なし
- ✓ どの可変領域についても定量解析可能
- ✓ 多様な生体/環境サンプルにスパイクイン可能

that's
GOOD
science!

★ 異なるサンプル間における菌量比較や、試験ごとの精度管理におすすめ ★

Clontech TaKaRa cellartis

タカラバイオ株式会社

<https://www.takara-bio.co.jp>

遺伝学会会員様は直売限定で特別価格にて販売！！

Taq DNA polymerase

Pfu DNA polymerase

高品質製品が前代未聞の価格！（オススメ商品ピックアップ）

お勧め	品 名	品番	容量	遺伝学会会員価格
ルーティン PCR	Taq DNA polymerase (+ dNTPs)	02-001	200 U	¥ 3,920 (¥ 19.6/U)
長鎖 DNA の正確な増幅	Pfu Super DNA polymerase (+ dNTPs)	02-022	200 U	¥ 6,400 (¥ 32.0/U)
ジェノタイピングやコロニーPCR	Taq Blend with Pfu	02-120	200 U	¥ 4,720 (¥ 23.6/U)
PCR の簡便操作	Taq Premix	02-100	100 反応	¥ 4,880 (¥ 48.8/反応)
非特異増幅反応の低減	Hot Start Taq	02-004	200 U	¥ 5,840 (¥ 29.2/U)

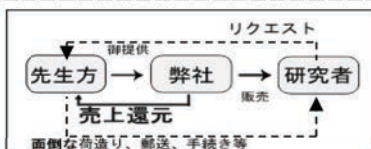
すべての PCR 用酵素 及び 抗体製品を
希望小売価格から **「20% OFF」!!**

ご注文の際にキャンペーンコード「IG2026」をお伝えください

【ご注文金額合計が 10,000 円以上の場合、送料は弊社が負担いたします】

抗血清、ハイブリドーマ、組換えタンパク質発現系をバイオアカデミアにご提供ください。ご連絡をお待ちしております!!

論文発表後のリクエストに対応する時間と手間が省けます。さらに売上の一部還元、または弊社製品の無償提供により、研究費にもお役に立てます。各大学の有体物管理関係部署との研究試料提供契約(MTA)の締結に関する手続き等につきましても、弊社にお任せください。



バイオアカデミア株式会社

<https://www.bioacademia.co.jp/>



〒565-0871 大阪府吹田市山田丘 3-1 大阪大学微生物病研究所北館 代表取締役社長 品川日出夫（大阪大学名誉教授、理学博士）
TEL：06-6877-2335 FAX：06-6877-2336 お問い合わせ info@bioacademia.co.jp ご注文 order@bioacademia.co.jp