

第2回日本ゲノム微生物学会年会 プログラム

3月6日(木)

□ 頭 表

ゲノム解析

13:00-13:15 O-1	金子 貴一	かずさDNA研	アオコ形成シアノバクテリア <i>Microcystis aeruginosa</i> のゲノム構造解析
13:15-13:30 O-2	藤澤 貴智	NITE・バイオ	有用シアノバクテリア <i>Spirulina (Arthrospira) platensis</i> NIES-39 のゲノム解析
13:30-13:45 O-3	後藤 隆次	和医大・微生物学	グラム陽性嫌気性球菌 <i>Fingoldia magna</i> ATCC 29328 株の全ゲノム解析
13:45-14:00 O-4	森田 英利	麻布大・獣医	α 溶血性レンサ球菌 <i>Lactococcus garvieae</i> の比較ゲノム解析によるブリ属魚類への病原性遺伝子の探索
14:00-14:15 O-5	丸山 史人	東大・医科研・細菌学	<i>Streptococcus mutans</i> ゲノム解析に基づく種レベルでの進化機構の解析
14:15-14:30 O-6	小椋 義俊	宮崎大・フロンティア	腸管出血性大腸菌 (O26, O111, O103) の全ゲノム解析
14:30-14:45 O-7	和田 崇之	大阪市立環科研・微生物	結核菌北京型ファミリー内における微小分子進化

□ 頭 表

メタゲノム解析

15:00-15:15 O-8	山根 國男	食総研	原油 <i>n</i> -アルカンの多様性と原油由来DNAから推定される微生物集団のプロファイリング
15:15-15:30 O-9	本郷 裕一	理研・環境分子	偽遺伝子が明らかにしたシロアリ腸内共生未培養新門細菌の適応進化
15:30-15:45 O-10	野田 悟子	理研・環境分子生物	シロアリ共生原生物のメタトランスクリプトーム解析
15:45-16:00 O-11	上原 啓史	長浜バイオ大・バイオサイエンス	持続可能型社会への貢献遺伝子データベース "膨大な環境由来メタゲノム配列からの有用遺伝子探索"
16:00-16:15 O-12	内山 拓	産総研・生物機能	メタゲノムからの未知有用遺伝子スクリーニング法の開発
16:15-16:30 O-13	野口 英樹	三菱総研	プロファージ遺伝子を含む原核生物ゲノムからの遺伝子予測

17:00-19:00

ポスター発表(偶数)

18:00-19:30

日本ゲノム微生物学会 第2回評議委員会

3月7日(金)

□ 頭 表

バイオインフォマティクス

9:00-9:15 O-14	小林 一三	東大院・メディカルゲノム	黄色ブドウ球菌タンデムパラログ遺伝子群における多様性形成モデル
9:15-9:30 O-15	内山 郁夫	基生研	ゲノムアライメントに基づく近縁微生物ゲノムのコア構造の抽出
9:30-9:45 O-16	澤田 隆介	名大・工	248種の原核生物ゲノム間の膜タンパク質割合
9:45-10:00 O-17	阿部 貴志	長浜バイオ大・バイオサイエンス	オリゴペプチド情報を用いた一括学習型の自己組織化マップ法による機能未知のタンパク質類の機能推定法の開発
10:00-10:15 O-18	太田 潤	岡山大院・医歯薬総	代謝ネットワークにおけるノードの「機能」とネットワーク内での「位置」の関係に関する研究
10:15-10:30 O-19	岡本 忍	かずさDNA研	KazusaAnnotation: ゲノム情報への注釈付け、注釈の利用を支援するシステム
10:30-10:45 O-20	大坪 嘉行	東北大院・生命科	GenomeMatcher比較ゲノム用ソフトウェア

□ 頭 表

ゲノム機能(1)

11:00-11:15 O-21	Rikard Drvselius	阪大・微研・ゲノム病原細菌	Replication dynamics of the <i>Vibrio</i> chromosomes affect gene dosage, expression and location
11:15-11:30 O-22	波田野 俊之	国立遺伝学研究所・原核生物遺伝	プラスミド分配の目的地を規定するモータータンパク質、ParA
11:30-11:45 O-23	松尾 芳隆	奈良先端大・情報科学	枯草菌の50Sリボソームサブユニットの生合成におけるGTP結合タンパク質の結合モデルの提案
11:45-12:00 O-24	佐藤 啓子	長大・口腔病原微	Phylum Bacteroidetesに位置する細菌の菌体外タンパク分泌機構と滑走運動機構との関連性
12:00-12:15 O-25	井藤 紗綾香	阪市大・院理	分裂酵母Meu14は前孢子膜開口部を量依存的に制御する

13:30-15:00

日本ゲノム微生物学会第2回総会・学会賞受賞講演

□ 頭 表

ゲノム機能 (2)

15:15-15:30 O-26	戸邊 亨	阪大・院・医	腸管出血性大腸菌の病原性制御因子による遺伝子発現制御機構
15:30-15:45 O-27	朝井 計	埼玉大学・大学院理工	枯草菌の複数シグマ因子による転写制御ネットワーク解明の試み
15:45-16:00 O-28	広岡 和丈	福山大生命工・生物工	枯草菌におけるフラボノイド応答性転写制御系の機能解析
16:00-16:15 O-29	加藤 宏明	東京農大・応生科	シアノバクテリア <i>Synechococcus elongatus</i> PCC 7942 における二成分制御系シグナル伝達ネットワークの解析
16:15-16:30 O-30	新井 博之	東大院・農生科・応生工	<i>Rhodobacter sphaeroides</i> の光合成から好気呼吸へのエネルギー代謝転換時における全ゲノム転写プロファイルの動的変化
16:30-16:45 O-31	成川 礼	東大院・総合文化	構造-機能解析によるシアノバクテリオクロムの多様性と普遍性の理解

17:00-18:45

ポスター発表 (奇数)

19:00-20:30

懇親会 (大阪大学工学部福利厚生棟食堂「ファミリー」)

3月8日 (土)

□ 頭 表

ゲノム機能 (3)

9:00-9:15 O-32	島田 友裕	法政大・工	ウラシル/チミンを感知する転写因子RutRによるピリミジン合成/分解経路に関与する遺伝子群の制御機構の解析
9:15-9:30 O-33	原 啓文	東大院・農生科	DNAマイクロアレイを用いた放線菌 <i>Streptomyces griseus</i> におけるA-ファクター制御カスケードの網羅的解析
9:30-9:45 O-34	内藤 邦彦	東大・生物工学セ	カルバゾール分解プラスミドpCAR1にコードされるMvaT family転写制御因子Pmrの結合サイトの網羅的検出
9:45-10:00 O-35	加藤 明宣	近大・農・バイオ	ゲノムネットワークデザインの進化的比較定量解析
10:00-10:15 O-36	西田 洋巳	東大院・農生科	"シアノバチルス"におけるRNAマッピング
10:15-10:30 O-37	桑山 秀一	筑波大・生命環境	細胞性粘菌の比較ゲノム解析による細胞分化起源の解明

□ 頭 表

応用ゲノム

10:45-11:00 O-38	河目 裕介	奈良先端大・バイオ	塩類集積環境の重金属浄化に有用なセルフクローニング型アーミング <i>Halomonas elongata</i> の作製
11:00-11:15 O-39	森本 拓也	花王 (株)	枯草菌ゲノム縮小株のトランスクリプトーム解析
11:15-11:30 O-40	平沢 敬	阪大院・情報・バイオ情報	DNAマイクロアレイデータ解析に基づいたエタノールストレス耐性を示す酵母菌株の創製
11:30-11:45 O-41	鈴木 俊宏	阪大院・工・生命先端	乳酸耐性酵母の分子育種工学 -欠失により乳酸感受性を付与する出芽酵母遺伝子の網羅的同定と機能解析-
11:45-12:00 O-42	知花 博治	千葉大・真菌センター	カンジダ酵母における病原性ゲノム機能学 (網羅的遺伝子発現制御株の構築と応用)
12:00-12:15 O-43	小俣 せいはい	NITE・バイオ	醤油乳酸菌 <i>Tetragenococcus halophilus</i> NBRC 12172株のゲノム解析

特別シンポジウム

ゲノムからひも解く産業微生物の特性

13:30-14:00 S-1	安枝 寿	味の素株式会社・ライフサイエンス研究所	メタノール資化性菌 <i>Methylophilus methylotrophus</i> AS1 のアミノ酸生産菌への分子育種
14:00-14:30 S-2	岩下 和裕	独立行政法人酒類総合研究所	実用菌株を中心とした麹菌のゲノム進化の解析と醸造特性との関連について
14:30-15:00 S-3	下飯 仁	独立行政法人酒類総合研究所	ゲノム解析に基づいた清酒酵母の醸造特性の解析
15:00-15:30 S-4	小林 統	キリンホールディングス株式会社・フロンティア技術研究所	下面発酵酵母の減数分裂分離体を用いたQTL解析
15:30-16:00 S-5	布浦 拓郎	独立行政法人海洋開発研究機構	地下生命圏におけるメタゲノム解析
16:00-16:30 S-6	深尾 匡憲	カゴメ株式会社・総合研究所・プロバイオティクス研究部	<i>Lactobacillus brevis</i> KB290のゲノム解析、および抗生物質耐性試験

ポスター発表

- P-1 赤尾 健 酒類総合研究所・基盤
P-2 荒木 直人 長岡技科大・生物
P-3 麻田 道雄 九州大学大学院
P-4 Asadulghani 宮崎大・フロンティア
P-5 跡見 晴幸 京大院・工
P-6 馬場 知哉 情報・システム機構
／新領域融合
P-7 Ebru Uyar 奈良先端大・バイオ
P-8 萩原 大祐 東北大・未来研
P-9 橋本 昌征 信州大・繊維・若手
P-10 肥後 明佳 埼玉大・理
P-11 井口 純 宮崎大・フロンティア
P-12 今中 忠行 京大院・工
P-13 石川 大仁 阪大院・理・生物
P-14 井筒 香織 阪大・微研・ゲノム病原細菌
P-15 片岡 正和 信州大・工
P-16 加藤 宏明 東京農大・応生科・バイオ
P-17 加藤 潤一 首都大・理工
P-18 金 相完 九大院・遺資工
P-19 金 錫元 東大院・新領域
P-20 来住 絵美 NITE・バイオ
P-21 木浦 義明 奈良先端大・情報科学
P-22 高坂 智之 湘洋バイオ
P-23 楠屋 陽子 奈良先端大・情報科学
P-24 牧 泰史 大阪医大・物理
P-25 松本 貴嗣 東大院・農生科
P-26 皆川 周 京都薬大・微生物・感染制御
P-27 宮腰 昌利 東北大院・生命科学
P-28 宮崎 亮 東北大院・生命科学
P-29 百瀬 祐子 産総研・寄託センター
P-30 森 宙史 奈良先端大・情報科学
P-31 永田 裕二 東北大学・院生命
P-32 内藤 真理子 長崎大・院・医歯薬・
口腔病原微生物学
P-33 中川 幸雄 奈良先端大・情報科学
P-34 中西 典子 阪大院・医・感染防御
P-35 仲山 英樹 奈良先端大・バイオ
P-36 中山 恵介 宮崎大・医・微生物
P-37 西田 孝三 奈良先端大・情報科学
P-38 布浦 拓郎 海研機構・極限環境
P-39 小笠原 寛 法政大・工・生命機能学科
P-40 小倉 光雄 東海大・海洋
P-41 大森 正之 埼玉大院・理工
P-42 大野 真人 九大院・遺伝子制御
P-43 奥村 元 奈良先端大・情報科学
P-44 奥田 潤 京都薬大・微生物
P-45 大岡 唯祐 宮崎大・医・微生物
P-46 長名 保範 慶應大・生命情報
P-47 大島 健志朗 東大院・新領域
P-48 齋 史哉 東大生物工学セ
P-49 下平 潤 長岡技科大・生物
清酒酵母*Saccharomyces cerevisiae* きょうかい7号株のゲノム構造の特徴
Rhodococcus jostii RHA1株におけるビフェニル分解遺伝子群の転写抑制に関わる糖
の取り込み遺伝子の探索と解析
遺伝子末端領域のアミノ酸組成に基づいた微生物の系統解析
A Genome-wide Survey on Phage Induction and Propagation Revealed Defective Prophages
Spread Virulence determinants from Sakai Prophage Pool
超好熱始原菌の薬剤耐性に基づいた遺伝子破壊系の構築
1細胞からのゲノムDNA増幅の技術開発に向けた取り組み
Distribution of StpA across the *E. coli* genome and its functional relationship with H-NS
糸状菌*Aspergillus nidulans*のHis-Aspリン酸リレー系に依存した農薬応答因子の解析
枯草菌細胞分離酵素および細胞分離阻害タンパク質の機能
糸状性ラン藻*Anabaena* sp. PCC 7120の乾燥回復過程におけるcAMP信号伝達系
大腸菌におけるO抗原をコードする領域の組換え過程の解析
始原菌由来Type III Rubiscoの*in vivo*機能解析
*Thermus thermophilus*を用いた生物界に普遍的な新規RNA分解系の探求
DNAマイクロアレイを用いたO3:K6血清型腸炎ビブリオの比較ゲノム解析
放線菌遺伝子水平移動因子の解析
シアノバクテリア*Synechococcus elongatus* PCC 7942におけるブリーチング誘導機構
に関する二成分制御系の解析
大腸菌の染色体大規模欠失変異株の作製とその性質
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
構造に基づく分類と機能に関する解析
A large-scale analysis of 16S ribosomal RNA gene profiling for the human gut microbiota
嫌気性糸状細菌*Anaerolinea thermophila* UNI-1Tのゲノム解析
タイリングアレイ情報に基づく枯草菌のRNAポリメラーゼシグマサブユニットSigA
の結合配列の推定
生育環境に適応し進化した*Pelotomaculum thermopropionicum*のゲノム
転写伸長因子NusAとGreAの枯草菌ゲノム上での分布
大腸菌増殖再開時のトランスクリプトーム解析
カルバゾール代謝系制御遺伝子*antR*の発現調節機構
カイコ生体内で特異的に発現するセラチア菌の嫌気的環境適応遺伝子の探索
Pseudomonas putida KT2440株のゲノミックアイランドに存在する*parA*ホモログの
IncP-7群プラスミドによる転写誘導
プラスミドの接合伝達に関与する受容菌側因子の同定
凍結保護剤トレハロースとDMSOの機能解明のためのマイクロアレイによる網羅的
解析
バクテリアにおける16S rRNA遺伝子のコピー間配列保存性解析
スフィンゴモナス属類縁細菌群の多彩な難分解性物質分解能を支えるゲノムの基盤
*Porphyromonas gingivalis*のtransposable elementsの解析
微生物必須遺伝子とホモログ関係にある高等植物遺伝子の多様性
腸管出血性大腸菌O157:H7におけるLrpによる病原性遺伝子群の発現制御
中度好塩性細菌*Halomonas elongata* OUT30018株における銅応答遺伝子の発現解析
オリエンチア・ツツガムシ株間における比較ゲノム解析
グラフ理論に基づいたバイクラスターリング法による枯草菌転写制御ネットワークの
推定
菱刈金山地下熱水環境に優占する未培養好熱性*Crenarchaeota*の全ゲノム解析
大腸菌金属感知転写因子群のGenomic SELEX法による機能解析
枯草菌レスポンスレギュレーターDegUの自己制御系
宇宙環境におけるゲノム微生物研究
複数のマイクロアレイの発現データによるウェルシュ菌の共発現・逆相関遺伝子群
のグルーピング
枯草菌染色体のDnaA結合配列の機能
セラチア菌の血清抵抗メカニズムの解析
腸管出血性大腸菌O157の小規模ゲノム構造多型の形成機構に関する詳細な解析
比較ゲノム解析ツールMurasaki/GMVによる微生物ゲノム比較
微生物ゲノムシーケンシングプロジェクト
IncP-7群カルバゾール分解プラスミドpCAR1の動原体様配列*parS*の同定
PCB分解菌*Rhodococcus jostii* RHA1におけるBphS-BphT転写制御機構の解明

P-50	新谷 政己	東大・生物工学セ	IncP-7群カルバゾール分解プラスミドpCAR1のモデル環境中における動態モニタリング
P-51	菅原 秀明	遺伝研・DDBJ	DDBJにおける微生物ゲノム情報の受付、蓄積、編集から公開システム
P-52	立川 智章	首都大・理工・生命	大腸菌の外膜タンパク質の膜局在化に必須な <i>yfiO</i> 遺伝子の遺伝学的解析
P-53	和地 正明	東工大院・生命理工	アクチン様タンパク質MreB阻害剤による遊走性の阻害
P-54	高橋 弘喜	奈良先端大・情報科学	Elucidation of stage-specific metabolites in <i>Escherichia coli</i> based on FT-ICR/MS and bioinformatics
P-55	高橋 裕里香	東大・生物工学セ	宿主染色体に規定される細胞内環境に適応した分解プラスミドの遺伝子構造変化
P-56	竹内 力矢	奈良先端大・バイオ	合成致死解析による大腸菌の遺伝的ネットワーク解析
P-57	手島 光平	奈良女子大・理	ミヤコグサ根粒菌MAFF303099株マイクロアレイを用いた <i>Mesorhizobium</i> 属根粒菌の比較ゲノム解析
P-58	藤 英博	理研GSC	ヒト腸内常在大腸菌のゲノム解析
P-59	徳丸 裕樹	東大・生物工学セ	Inc P-7群プラスミドpCAR1を保持する異種ホストの染色体のトランスクリプトーム比較
P-60	Yong Wang	NIAES	Detection of <i>bphAa</i> Gene Expression of <i>Rhodococcus</i> sp. Strain RHA1 in Soil Using a New Method for RNA Preparation from Soil
P-61	山倉 健	奈良先端大・情報科学	制限酵素の認識配列におけるゲノム戦略
P-62	山野井 玲	埼玉大・理工学	枯草菌グルコマンナン利用オペロンの解析
P-63	矢野 晃一	埼玉大院・理工学	枯草菌と好熱性細菌 <i>Geobacillus kaustophilus</i> におけるECFシグマ因子の比較解析
P-64	安井 一将	岐阜大・連農	ゲノム情報に基づく人工的DNA修飾による形質転換効率の向上
P-65	Yee Lii Mien	埼玉大理工学研究科	バクテリオファージSP10の増殖に関する <i>nonA</i> 遺伝子の解析
P-66	中村 太郎	阪市大・院理	酵母のポストゲノム研究をささえる遺伝資源の整備：文部科学省NBRP（酵母）の現状
P-67	仁木 宏典	国立遺伝学研究所・原核生物遺伝	NBRP 中核的拠点整備プログラム 原核生物遺伝資源（大腸菌・枯草菌）の整備と活用

以下、口頭発表のポスター発表

P-68	金子 貴一	かずさDNA研	アオコ形成シアノバクテリア <i>Microcystis aeruginosa</i> のゲノム構造解析
P-69	藤澤 貴智	NITE・バイオ	有用シアノバクテリア <i>Spirulina (Arthrospira) platensis</i> NIES-39のゲノム解析
P-70	後藤 隆次	和医大・微生物学	グラム陽性嫌気性球菌 <i>Fingoldia magna</i> ATCC 29328株の全ゲノム解析
P-71	森田 英利	麻布大・獣医	α 溶血性レンサ球菌 <i>Lactococcus garvieae</i> の比較ゲノム解析によるブリ属魚類への病原性遺伝子の探索
P-72	丸山 史人	東大・医科研・細菌学	<i>Streptococcus mutans</i> ゲノム解析に基づく種レベルでの進化機構の解析
P-73	小椋 義俊	宮崎大・フロンティア	腸管出血性大腸菌（O26, O111, O103）の全ゲノム解析
P-74	和田 崇之	大阪市立環科研・微生物	結核菌北京型ファミリー内における微小分子進化
P-75	山根 國男	食総研	原油 <i>n</i> -アルカンの多様性と原油由来DNAから推定される微生物集団のプロファイリング
P-76	本郷 裕一	理研・環境分子	偽遺伝子が明らかにしたシロアリ腸内共生未培養新門細菌の適応進化
P-77	野田 悟子	理研・環境分子生物	シロアリ共生原生生物のメタトランスクリプトーム解析
P-78	上原 啓史	長浜バイオ大・バイオサイエンス	持続可能型社会への貢献遺伝子データベース "膨大な環境由来メタゲノム配列からの有用遺伝子探索"
P-79	内山 拓	産総研・生物機能	メタゲノムからの未知有用遺伝子スクリーニング法の開発
P-80	野口 英樹	三菱総研	プロファージ遺伝子を含む原核生物ゲノムからの遺伝子予測
P-81	小林 一三	東大院・メディカルゲノム	黄色ブドウ球菌タンデムパラログ遺伝子群における多様性形成モデル
P-82	内山 郁夫	基生研	ゲノムアライメントに基づく近縁微生物ゲノムのコア構造の抽出
P-83	澤田 隆介	名大・工	248種の原核生物ゲノム間の膜タンパク質割合
P-84	阿部 貴志	長浜バイオ大・バイオサイエンス	オリゴペプチド情報を用いた一括学習型の自己組織化マップ法による機能未知のタンパク質類の機能推定法の開発
P-85	太田 潤	岡山大院・医歯薬総	代謝ネットワークにおけるノードの「機能」とネットワーク内での「位置」の関係に関する研究
P-86	岡本 忍	かずさDNA研	KazusaAnnotation: ゲノム情報への注釈付け、注釈の利用を支援するシステム
P-87	大坪 嘉行	東北大院・生命科	GenomeMatcher比較ゲノム用ソフトウェア
P-88	Rikard Dryselius	阪大・微研・ゲノム病原細菌	Replication dynamics of the <i>Vibrio</i> chromosomes affect gene dosage, expression and location
P-89	波田野 俊之	国立遺伝学研究所・原核生物遺伝	プラスミド分配の目的地を規定するモータータンパク質、ParA
P-90	松尾 芳隆	奈良先端大・情報科学	枯草菌の50Sリボソームサブユニットの生合成におけるGTP結合タンパク質の結合モデルの提案
P-91	佐藤 啓子	長大・口腔病原原	Phylum Bacteroidetesに位置する細菌の菌体外タンパク分泌機構と滑走運動機構との関連性
P-92	井藤 紗綾香	阪市大・院理	分裂酵母Meu14は前胞子膜開口部を量依存的に制御する

P-93	戸邊 亨	阪大・院・医	腸管出血性大腸菌の病原性制御因子による遺伝子発現制御機構
P-94	朝井 計	埼玉大学・大学院理工	枯草菌の複数シグマ因子による転写制御ネットワーク解明の試み
P-95	広岡 和丈	福山大生命工・生物工	枯草菌におけるフラボノイド応答性転写制御系の機能解析
P-96	加藤 宏明	東京農大・応生科	シアノバクテリア <i>Synechococcus elongatus</i> PCC 7942 における二成分制御系シグナル伝達ネットワークの解析
P-97	新井 博之	東大院・農生科・応生工	<i>Rhodobacter sphaeroides</i> の光合成から好気呼吸へのエネルギー代謝転換時における全ゲノム転写プロファイルの動的変化
P-98	成川 礼	東大院・総合文化	構造-機能解析によるシアノバクテリオクロムの多様性と普遍性の理解
P-99	島田 友裕	法政大・工	ウラシル/チミンを感知する転写因子RutRによるピリミジン合成/分解経路に関する遺伝子群の制御機構の解析
P-100	原 啓文	東大院・農生科	DNAマイクロアレイを用いた放線菌 <i>Streptomyces griseus</i> におけるA-ファクター制御カスケードの網羅的解析
P-101	内藤 邦彦	東大・生物工学セ	カルバゾール分解プラスミドpCAR1にコードされるMvaT family転写制御因子Pmrの結合サイトの網羅的検出
P-102	加藤 明宣	近大・農・バイオ	ゲノムネットワークデザインの進化的比較定量解析
P-103	西田 洋巳	東大院・農生科	"シアノバチルス"におけるRNAマッピング
P-104	桑山 秀一	筑波大・生命環境	細胞性粘菌の比較ゲノム解析による細胞分化起源の解明
P-105	河目 裕介	奈良先端大・バイオ	塩類集積環境の重金属浄化に有用なセルフクローニング型アミン型 <i>Halomonas elongata</i> の作製
P-106	森本 拓也	花王(株)	枯草菌ゲノム縮小株のトランスクリプトーム解析
P-107	平沢 敬	阪大院・情報・バイオ情報	DNAマイクロアレイデータ解析に基づいたエタノールストレス耐性を示す酵母菌株の創製
P-108	鈴木 俊宏	阪大院・工・生命先端	乳酸耐性酵母の分子育種工学 -欠失により乳酸感受性を付与する出芽酵母遺伝子の網羅的同定と機能解析-
P-109	知花 博治	千葉大・真菌センター	カンジダ酵母における病原性ゲノム機能学 (網羅的遺伝子発現制御株の構築と応用)
P-110	小俣 せいはい	NITE・バイオ	醤油乳酸菌 <i>Tetragenococcus halophilus</i> NBRC 12172株のゲノム解析