

# 今こそ微生物！ 微生物を活用するための実践的技術

世界最大級の微生物保存機関が紹介する微生物の取り扱い技術（培養・保存からゲノム解析まで）

| 日時 | 平成 28 年 1 月 15 日（金）13:00-17:00

| 会場 | ベルサール八重洲 2F roomA（東京駅徒歩 3 分）

## プログラム <講演タイトル一覧>

13:00-13:10	ご挨拶	能登 靖
13:10-13:40	<b>【講演 1】微生物を生かすも殺すも培養したい</b> - 難培養性細菌（嫌気性細菌や独立栄養細菌等）の取り扱い - NBRC ユーザーの皆様から嫌気性細菌や独立栄養細菌等の取り扱い方法について、多くのお問い合わせを頂いております。そこで、上記のような難培養性微生物を取り扱う上で必要な技術（培地調製、培養、保存方法等）について基礎から解説します。	内野佳仁
13:40-14:10	<b>【講演 2】糸状菌を観る</b> - 分離、培養、保存、観察 - 糸状菌の取扱いには、実験書に載っていないいくつかのコツがあります。そこで、培地作製から分離、培養、保存、観察、胞子形成等の方法について、これまでの演者の経験にもとづいたノウハウを解説します。	山口 薫
14:10-14:30	<b>【講演 3】次世代シーケンサーを使いこなす</b> - 微生物ゲノム配列の決定法 - 微生物研究において、まずはゲノム解析を行うという時代になってきました。NBRC ではノーベル生理学・医学賞を受賞した北里大学の太田智教授との共同事業をはじめ、様々な研究機関と共同で微生物ゲノムを解析した実績があります。そこで、これまでのノウハウをもとに、本講演では次世代シーケンサーを用いた微生物のゲノム塩基配列を決定するための一連の作業：DNA 切断等の前処理からシーケンス・アセンブルまでの工程について解説します。	細山 哲
14:30-14:40	休憩	
14:40-15:05	<b>【講演 4】環境微生物の見える化</b> - 明日からはじめる 16S rRNA メタゲノム解析 - 腸内フローラ、土壌、海洋などに存在する微生物を網羅的にモニタリングする手法として、次世代シーケンサーを用いた 16S rRNA メタゲノム解析が注目を集めています。本講演では、DNA 抽出方法から菌種組成データの取得まで、16S rRNA メタゲノム解析に必要な一連の作業におけるポイントを解説します。	山副敦司
15:05-15:25	<b>【講演 5】ゲノムからイノベーション</b> - 微生物の機能を遺伝子から探索する - ゲノム情報から微生物の有用機能を推定するには、バイオインフォマティクスに関する専門知識が必要です。本講義では、微生物のゲノム情報付加（アノテーション）についての基礎的な解説に加え、弊所で開発した専門知識がなくても手軽に微生物の機能推定が可能なデータベース「MiFuP」について紹介します。	木村明音
15:25-15:40	<b>【講演 6】病原微生物情報の一元化</b> - 学名から病原性細菌の検索が可能に - 微生物を取り扱う際には、利用する微生物の危険度（リスク）に応じた適切な管理を行う必要があります。そこで、我々は既知の病原性細菌に関わる法規制等の情報を集約した「病原微生物リスト」を作製しました。講演では、「病原微生物リスト」を使用し、学名から細菌の法規制や病原性情報について検索する方法を紹介します。	黄地祥子
15:40-15:50	これまでの微生物活用事例の紹介とお知らせ	川崎浩子
15:50-16:00	休憩	
16:00-17:00	個別相談会（参加ご希望の方は、事前にお申し込みください。）	

\*当日のプログラムは予告なく変更となる場合もございます。ご了承ください。

### <お問い合わせ先>

独立行政法人 製品評価技術基盤機構 (NITE) バイオテクノロジーセンター (NBRC)  
産業連携推進課 NBRC ワークショップ担当係

Tel : 0438-20-5764 E-mail : bio-sangyo-inquiry@nite.go.jp (\*フリーメールは受信できません)

Web ページ : <http://www.nite.go.jp/nbrc/industry/other/workshop.html>

\*ワークショップに関するお問い合わせは、原則 E-mail のみで承ります。

