

微生物系統分類室

Microbial Culture Collection Division

室 長 辨 野 義 己

BENNO, Yoshimi

当室は、各種微生物の収集と保存を行い、また、微生物の寄託、分譲の受付業務を分担し、微生物系統保存事業（JCM事業）の一端を担っている。同時に、これらの微生物を自然界から分離し系統分類学的に解析することにより、微生物の多様性を調べ、現在の分類体系ならびに指標を評価する研究も行っている。

微生物系統保存事業では、本年度は新たに 369 株を JCM に登録した。年度末の総登録株数（実働数）は 11151 株（細菌 4562、放線菌 2468、古細菌 238、糸状菌 1532、酵母 2330、その他 21）であった。分譲は、1202 件 4099 株（有料分 3403 株、海外向け 483 株）であった。なお、当研究室の室長は 9 月 30 日までは工藤俊章が勤務し、10 月 1 日付けで辨野義己が室長として就任した。

1. 系統保存事業

(1) 系統保存事業支援体制の充実（大和田、草桶^{*1}、鈴^{*1}、可児^{*1}、工藤、高島）

微生物系統保存事業において収集した微生物のうち、新規登録が決定された微生物株に対し、JCM 番号の割り当て、保存受け入れ準備、データ入力を行った。すでに JCM に登録、保存されている微生物株については、在庫管理データベースをもとに、担当者の保存業務を支援した（微生物機能解析室と共同研究）。

(2) 保有 *Bacillus* 属および関連細菌の再同定（押田^{*1}、辨野）

Bacillus 属および関連細菌は、多種多様な場所から分離され、産業上有用な細菌も含まれるが、炭疽菌（*B. anthracis*）や食中毒を引き起こす *B. cereus* も本属に含まれる。そこで、*Bacillus* 属および関連菌株のうち、バイオセーフティーレベルを明らかにするためシーケンスを用いて再同定を行った。当施設に *Bacillus* sp. として保存されている 44 菌株について 16S rDNA 塩基配列による系統解析を行ったところ、38 株が *Bacillus* 属であると推定された。そのうち、JCM 10529 および JCM 10531 は *B. anthracis* および *B. cereus* のクラスターに属していたが、運動性、溶血性やその他の性状から *B. anthracis* ではないことが明らかとなった（微生物機能解析室と共同研究）。

2. 微生物の分類法および同定法の研究

(1) 放線菌類の分類に関する研究

(i) 非臨床由来 *Nocardia* 属放線菌の分離と系統解析（工藤）

昨年度に引き続き、土壌由来の *Nocardia* 属放線菌の分離を試みた。本年度はバングラディッシュのマングローブ土壌試料より新たに 14 株の *Nocardia* を分離し、うち 7 株について 16S rDNA 塩基配列を解析した。その結果、2 株は *N.*

nova に、1 株は *N. carnea* に近縁であったが、残りの 4 株は *N. asteroides* subclade の中に新たな 2 系統枝を形成し、新種（2 種）として記載すべきであると考えられた。

(ii) タイ土壌より分離した *Micromonospora* 属放線菌ならびに *Micromonosporineae* 亜目に属する新属に関する分類学的研究（工藤、伊藤、Thawai^{*2}）

タイ土壌より分離した *Micromonospora* 関連放線菌 34 菌株の分類学的位置を検討した。分離株は生理生化学的性状ならびに 16S rDNA 塩基配列の解析により 18 グループに分類され、うち 17 グループは *Micromonospora* 属に帰属されたが、残る 1 グループは既知のいずれの属にも該当しなかった。*Micromonospora* の 17 グループのうち、9 グループは DNA-DNA 交雑実験等よりそれぞれ新種であることが明らかとなった。また、既知属に該当しない 1 グループは系統解析ならびに形態学的、化学分類学的性状より *Micromonosporineae* 亜目の新科、新属とするのが妥当と考えられた。

(iii) バングラディッシュマングローブ土壌からの放線菌の分離ならびにその多様性と分類学に関する研究（工藤、Ismet^{*3}）

バングラディッシュのマングローブにおける放線菌の多様性解明と新規放線菌の探索を目的に、20 試料の土壌より 241 株の放線菌を分離した。光学顕微鏡下での形態観察による簡易同定の結果、*Micromonospora* 属が 90 株と最も多く、次いで *Actinomadura*、*Microbispora* が多数を占めた。現在、既知属と考えられる株と簡易同定では既知属への帰属が不能であった株について 16S rDNA 塩基配列を解析している。

(2) 古細菌の分離および分類に関する研究

(i) 好熱性古細菌の分離および分類学的研究（伊藤、都筑^{*1}、吉川^{*2}）

これまで日本およびフィリピンの各地の温泉から集積培養法によって分離してきた好熱性古細菌、および新規分離培養法として構築した MPN/PCR 法によって分離した好熱性古細菌について、16S rDNA 部分塩基配列を決定しこれら分離株のグルーピングを行った。既報の株も含め分離株 171 株中（総分離株数 191 株、一部細菌を含む）には少なくとも 4 新属 13 新種の好熱性古細菌が存在するものと推定できた。さらにこれらのうち *Thermoplasmatales* 目の新属に相当すると思われる分離株についてさらに詳細な分類学的研究を行った。この結果、本菌株は系統学的関係のみならず生理生化学的性状においても既知属とは区別することができた。

(3) 細菌の分類に関する研究

(i) タイの魚醤から分離した新規好塩性細菌に関する分類学的研究（伊藤、工藤、Namwong^{*2}）

タイの魚醤発酵に関わる微生物多様性について検討を行うため、魚醤から分離した新規細菌・古細菌の分類学的研究を開始した。本年度は分離株のうち好気性有孢子グラム陽性中等度好塩性細菌 8 株を中心に形態学的、生理生化学的、化学分類学的、系統学的検討を行った。その結果これらは大きく 2 つに分かれ、1 つは既知種である *Lentibacillus salicampi* と同定できた。他方は *Lentibacillus* 属の新種と判断し *Lentibacillus jipiscarius* という学名を提案した (タイ Chulalongkorn 大学 S. Tanasupawat 助教授との共同研究)。

(4) 担子菌系酵母の分類と多様性に関する研究

(i) *Udeniomyces pyricola* の ITS および IGS 領域の DNA 多型 (高島)

昨年に引き続き、*Udeniomyces pyricola* の rDNA の多型解析を行った。供試株 22 株の internal transcribed spacer (ITS) 領域は、大きく 3 つのグループ (group I, II および III) に分かれ、さらに ITS2 領域の 3' 側付近の 2 箇所に存在する多型に基づき Group I はさらに 4 つのタイプ (type 1, 2, 3 および 4) に分かれた。Intergenic spacer region 1 (IGS1) の解析では、供試株の IGS1 領域は、本種と系統的に近縁な *U. puniceus*, *U. megalosporus* および *U. pannonicus* には含まれていない CT rich 配列と (GT)_n の繰り返し配列を含んでいた。アラインメントの後、保存領域の遺伝子の配列に基づき近隣結合法によって系統樹を作成したところ、供試株は 3 つのグループに分かれ、これは ITS の配列に基づくグループ (Group I, II および III) と一致していた (ハンガリー Szent István University Prof. T. Deak, Dr. J. Tornai-Lehoczki, およびタイ BIOTEC 中瀬崇博士との共同研究)。

(ii) 射出孢子形成に関与する遺伝子の探索 (高島)

射出孢子形成酵母 *Bullera oryzae* JCM 5281 を用い、本株から継代培養により自然発生的によって射出孢子を形成しない株を得た。これらを用いて differential display により mRNA の発現の解析を行い、現在のところ 16 クローンを選び解析中である (「微生物機能解析室」と共同研究)。

*1 業務委託, *2 研修生, *3 訪問研究員

The Microbial Culture Collection Division plays an important role in a part of the Japan Collection of Microorganisms (JCM), namely, the collection, preservation and distribution of authentic microorganisms as well as research on microbial taxonomy. The isolation of microorganisms from natural sources, their phenotypic characterization and phylogenetic analyses are carried out to determine the microbial biodiversity and to evaluate the currently recognized taxonomic systems and criteria.

From 1st April, 2003 to 31st March, 2004, JCM accessioned 369 strains, and supplied 4,099 strains to researchers. As of the end of March 2004 a total of 11,151 strains (7,030 bacteria, 238 archaea, 3,862 filamentous fungi and yeasts, and 21 others) was listed in JCM.

1. Culture collection

(1) Management of culture collection

The division supports JCM activity: for a strain which is newly collected/deposited and considered worth being a part of our culture collection, it prepares the accession

and preservation; and for a strain which is already listed in JCM, it helps to manage the strain by using the database of stock and scientific data. The division also provides an interface for access to the culture collection by users by accepting strains for deposit and distributing cultures (JCM homepage and on-line catalogue).

(2) Reidentification of the genus *Bacillus* and related taxa preserved in JCM

The genus *Bacillus* and related taxa have been isolated from various places and thought to be popular species. Some of them are certainly known to be valuable, however, the anthrax bacillus (*B. anthracis*) and *B. cereus*, also belonging to this genus, are known to be pathogenic. To confirm the non-pathogenicity of 44 *Bacillus* strains, of which the taxonomic position at the species level has not been classified, the 16S rDNA sequences were determined and two strains (JCM 10529 and JCM 10531) were found to be phylogenetically close to *B. anthracis* or *B. cereus*. From motility, hemolysis and other characteristics, two strains were not, however, identified as *B. anthracis*.

2. Isolation of microorganisms and their polyphasic taxonomy

(1) Isolation and molecular phylogeny of nocardiae isolated from non-clinical samples

Fourteen strains of nocardiae were isolated from soil samples collected from mangrove in Bangladesh. Phylogenetic analysis of 7 isolates indicated that 2 strains of them were closely related to *Nocardia nova* and 1 strain was related to *N. carnea*. The remaining 4 strains formed 2 new phyletic lines corresponding to 2 new species in the *N. asteroides* subclade.

(2) Taxonomic studies of *Micromonospora* strains and a new genus of the suborder *Micromonosporineae* isolated from Thai soil

Thirty-four strains isolated from Thai soil were studied to determine their taxonomic positions. They were classified in 18 groups on the basis of physiological characterization and 16S rDNA sequence analysis. Seventeen groups of them were assigned to the genus *Micromonospora* and the result of DNA-DNA hybridization experiment indicated the presence of at least 9 new species in the isolates. Characteristics of the remaining 1 group did not coincide with those of any genera described previously and it was considered as a new genus of a new family of the suborder *Micromonosporineae* from molecular phylogenetic analysis and morphological and chemotaxonomic characteristics.

(3) Studies on biodiversity and taxonomy of actinomycetes in Bangladeshi mangrove soil

For the purpose of investigating biodiversity and taxonomy of actinomycetes in Bangladeshi mangroves, 241 strains were isolated from 20 soil samples. As a result of tentative identification at the genus level by using a light microscope, the genera *Micromonospora*, *Actinomadura* and *Microbispora* were dominantly detected. At present, 16S rDNA analysis is advanced both for isolates tentatively identified in previously described genera and for unidentified isolates.

(4) Isolation and systematic studies on thermophilic archaea

We conducted a grouping of the thermophilic archaea that had been isolated from hot springs in Japan and the Philippines through the conventional enrichment method and a newly developed MPN/PCR method, by means of the partial 16S rDNA sequence comparison. Analyzing 171 isolates (out of total 191 strains, including a few bacteria), there were at least four new genera and thirteen

new species of thermophilic archaea. Of those isolates, furthermore, we have characterized an isolate in more detail that would represent a new genus in the order *Thermoplasmatales*.

(5) Systematic studies on moderately halophilic bacteria isolated from fish sauce in Thailand

To reveal the microbial diversity in the fish-sauce fermentation in Thailand, we have characterized bacterial and archaeal strains isolated from the fish sauce samples. At present, we are focusing on eight strains of aerobic, spore-forming halophilic bacilli to elucidate their taxonomic positions. According to our taxonomic works, they were divided into two groups representing *Lentibacillus salicampi* and *Lentibacillus jipiscarius* sp. nov. (in collaboration with Dr. S. Tanasupawat, Chulalongkorn University, Thailand)

(6) Population structure analysis of *Udeniomyces pyricola* based on the sequence polymorphism of ITS and IGS1 region

Based on the sequences of the internal transcribed spacer (ITS) region, twenty-two *Udeniomyces pyricola* strains including type strain JCM 2958, type strain, were divided into three groups (Group I, II and III). In group I, four or one base insertions/deletions were detected at two positions, respectively, near the 3' end of ITS2 region and the strains were further divided into four types (type 1, 2, 3 and 4) based on these insertions/deletions. The intergenic spacer region 1 (IGS1) of *U. pyricola* were found to contain a CT rich region and (GT)_n short sequence repeat (SSR), although this SSR was not included in the type strain of other species of the genus, *U. puniceus*, *U. megalosporus* or *U. pannonicus*. After alignment, based on the sequences of the conserved region of IGS1, strains were divided into three groups that corresponded to the previously obtained DNA groups based on their sequences of the ITS regions.

(7) A molecular approach for elucidating the ballistoconidium formation using by differential display method

For elucidating the ballistoconidium formation, a molecular approach using by differential display method was studied. Total RNAs were obtained from *Bullera oryzae* JCM 5281 and its ballistoconidium-forming activity deficient mutant, which was obtained by the repetitive subculture of the strain, and the differential display was performed using Gene image kit (GenHunter) according to the manufacturer. Since now, we have found 16 bands that differ between JCM 5281 and the deficient culture.

Research Subjects and Members of Microbial Culture Collection Division

1. Development and evaluation of taxonomic criteria
2. Studies on microbial diversity of natural sources
3. Management of culture collection

Head

Dr. Yoshimi BENNO

Members

Dr. Masako TAKASHIMA
Dr. Takuji KUDO
Dr. Takashi ITOH
Mr. Tsutomu OOWADA

Ms. Yuki UEKI*

* Contract Researcher

in collaboration with

Dr. Gen OKADA (Molecular Microbial Functions Div.)
Dr. Mitsuo SAKAMOTO (Molecular Microbial Functions Div.)
Dr. Hidenori HAYASHI (Molecular Microbial Functions Div.)

Visiting Members

Dr. Isao BANNO
Dr. Ara ISMET (Bangladesh Council Sci. Ind. Res., Bangladesh)
Mr. Jun-ichi KANI (Meitec Co., Ltd.)
Ms. Kayo KUSAOKE
Ms. Yumi OSHIDA
Prof. Junta SUGIYAMA
Mr. Kouji SUZU (Meitec Co., Ltd.)
Ms. Satoko TSUZUKI

Trainees

Mr. Takeshi KAMIYAMA (Fac. Eng., Toyo Univ.)
Ms. Sirilak NAMWONG (Fac. Pharm. Sci., Chulalongkorn Univ., Thailand)
Mr. Thitti THAWAI (Fac. Pharm. Sci., Chulalongkorn Univ., Thailand)
Mr. Naoto YOSHIKAWA (Fac. Life Sci., Toyo Univ.)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

Hongo Y., Ohkuma M., and Kudo T.: "Molecular analysis of bacterial microbiota in the gut of the termite *Reticulitermes speratus* (Isoptera; Rhinotermitidae)", FEMS Microbiol. Ecol. **44**, 231–242 (2002). *

Bai F., Takashima M., Zhao J., and Nakase T.: "*Bullera anomala* sp. nov. and *Bullera pseudovariabilis* sp. nov., two new ballistoconidium-forming yeast species from Yunnan, China", Antonie van Leeuwenhoek **83**, 257–263 (2003). *

Jojima T., Ohkuma M., and Kudo T.: "Isolation and a cDNA cloning of novel peroxidase that lack the consensus motif from the basidiomycete *Termitomyces aluminosus*", Appl. Microbiol. Biotechnol. **61**, 220–225 (2003). *

Itoh T., Nomura N., and Sako Y.: "Distribution of 16S rRNA introns among the family *Thermoproteaceae* and their evolutionary implications", Extremophiles **7**, 229–233 (2003). *

Nagahama T., Hamamoto M., Nakase T., and Horikoshi K.: "*Rhodotorula benthica* sp. nov. and *Rhodotorula calyptogenae* sp. nov., novel yeast species from ani-

- mals collected from the deep-sea floor, and *Rhodotorula lysiniphila* sp. nov., which is related phylogenetically”, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. **53**, 897–903 (2003). *
- Itoh T., Suzuki K., Sanchez P., and Nakase T.: “*Caldisphaera lagunensis* gen. nov., sp. nov., a novel thermoacidophilic crenarchaeote isolated from a hot spring at Mt Maquilung, Philippines”, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. **53**, 1149–1154 (2003). *
- Takashima M., Sugita T., Shinoda T., and Nakase T.: “Three new combinations from the *Cryptococcus laurentii* complex: *Cryptococcus aureus*, *Cryptococcus carnescens* and *Cryptococcus peneaus*”, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. **53**, 1187–1194 (2003). *
- Matsuyama H., Yumoto I., Kudo T., and Shida O.: “*Rhodococcus tukisamuensis* sp. nov. isolated from soil”, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. **53**, 1333–1337 (2003). *
- Kurosawa N., Itoh Y. H., and Itoh T.: “Reclassification of *Sulfolobus hakonensis* Takayanagi et al. 1996 as *Metallosphaera hakonensis* comb. nov. based on phylogenetic evidence and DNA G+C content”, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. **53**, 1607–1608 (2003). *
- Sugita T., Takashima M., Kodama M., Tsuboi R., and Nishikawa A.: “Description of a new yeast species, *Malassezia japonica*, and its detection in patients with atopic dermatitis and healthy subjects”, J. Clin. Microbiol. **41**, 4695–4699 (2003). *
- Moriya S., Dacks J. B., Takagi A., Noda S., Ohkuma M., Doolittle F., and Kudo T.: “Molecular evolution of three oxymonad genera: *Pyrsonympha*, *Dinenympha* and *Oxymonas*”, J. Euk. Microbiol. **50**, 190–197 (2003). *
- Nakajima Y., Ho C. C., and Kudo T.: “*Microtetraspora malaysiensis* sp. nov., isolated from Malaysian primary dipterocarp forest soil”, J. Gen. Appl. Microbiol. **49**, 181–189 (2003). *
- Hamana K., Tanaka T., Hosoya R., Niitsu M., and Itoh T.: “Cellular polyamines of the acidophilic, thermophilic and thermoacidophilic archaeobacteria, *Acidilobus*, *Ferroplasma*, *Pyrobaculum*, *Pyrococcus*, *Staphylothermus*, *Thermococcus*, *Thermoplasma* and *Vulcanisaeta*”, J. Gen. Appl. Microbiol. **49**, 287–293 (2003). *
- Nakase T., Tsuzuki S., Lee F., Sugita T., Jindamorakot S., Jang-ngam H., Potacharoen W., Tanticharoen M., Kudo T., and Takashima M.: “*Sporobolomyces magnisporus* sp. nov., a new yeast species in the *Erythrobacterium* cluster isolated from plants in Taiwan”, J. Gen. Appl. Microbiol. **49**, 337–344 (2003). *
- Fungsin B., Takashima M., Bai F., Artjariyasripong S., and Nakase T.: “*Bullera panici* sp. nov. and *Bullera siamensis* sp. nov., two new yeasts in the *Bullera variabilis* cluster isolated in Thailand”, Microbiol. Cult. Coll. **19**, 23–32 (2003). *
- Fungsin B., Takashima M., Artjariyasripong S., Potacharoen W., and Nakase T.: “*Bullera sakaeratica* sp. nov., a new species of ballistoconidium-forming yeast found in Thailand”, Microbiol. Cult. Coll. **19**, 33–39 (2003). *
- Kageyama A., Yazawa K., Kudo T., Taniguchi H., Nishimura K., and Mikami Y.: “First isolates of *Novorhombium abscessus* from humans and soil in Japan”, Jpn. J. Med. Mycol. **45**, 17–21 (2004). *
- 田中武彦, 浜名康米, 伊藤隆: “Polyamine analysis of extremely halophilic archaeobacteria and methanogenic archaeobacteria”, Ann. Gunma Health Sci. **23**, 137–143 (2002). *
- (総説)
- Itoh T.: “Taxonomy of nonmethanogenic hyperthermophilic and related thermophilic archaea”, J. Biosci. Bioeng. **96**, 203–212 (2003).
- [単行本・Proc.]**
- (総説)
- 杉山純多, 岡田元: “下等菌類: 主要な菌群と分類”, 微生物利用の大展開, 加藤千明ほか (編), エヌ・ティー・エス, 東京, pp. 57–64 (2002).
- 岡田元, 杉山純多: “高等菌類: 分類と主要な菌群”, 微生物利用の大展開, 加藤千明ほか (編), エヌ・ティー・エス, 東京, pp. 73–86 (2002).
- (その他)
- Belloch C., Hamamoto M., Eliskases-Lechner F., and Prillinger H.: “Encyclopedia of dairy sciences *Kluyveromyces* spp.”, Encyclopedia of Dairy Sciences, edited by Roginski H., Fuquay J., and Fox P., Academic Press, London, pp. 1417–1428 (2002).
- Itoh T.: “Diversity and evolutionary implication of Archaea, the third domain of life”, Proc. 9th Int. Symp. on Artificial Life and Robotics (AROB 9th '04), Vol. 2, Beppu, 2004–1, edited by Sugisaka M. and Tanaka H., Artificial Life and Robotics, Beppu, pp. 437–439 (2004).
- 工藤俊章, 高島昌子: “一般の微生物の培養・保存および廃液・廃棄物の処理”, これからの大学等研究施設 第2編: 「生命科学編」, 霜田昌 (編), 文教施設協会, 科学新聞社, 東京, pp. 5-1–5-10 (2003).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Hongo Y., Deevong P., Trakulnaleamsai S., Inoue T., Moriya S., Ohkuma M., Noparatnaraporn N., and Kudo T.: “Examination of consistency of gut bacterial microbiota within one termite species”, 103rd General Meet. of the American Soc. for Microbiology, Washington DC, USA, May (2003).
- Moriya S. and Kudo T.: “Pyruvate: ferredoxin oxidoreductase of oxymonads and evolution of anaerobic energy generating system of eukaryotes”, 103rd General Meet. of the American Soc. for Microbiology, Washington DC, USA, May (2003).
- Takashima M., Nakase T., Tornai-Lehoczi J., Deck T., and Kudo T.: “DNA polymorphism found in the internal transcribed spacer (ITS) region of *Udeniomyces pyricola*”, FEMS 2003: 1st Congr. of European Microbiologists, Ljubljana, Slovenia, June–July (2003).

- Takashima M., Benno Y., and Kudo T.: “Expanding the biodiversity of microorganisms in Japan Collection of Microorganisms”, FEMS 2003: 1st Congr. of European Microbiologists, Ljubljana, Slovenia, June–July (2003).
- Takashima M., Nakase T., Kudo T., Tornai-Lehoczki J., Deak T., and Suzuki M.: “Intraspecies phylogeography of *Udeniomyces pyricola* based on the sequences of intergenic spacer region 1 of rDNA”, 23rd Int. Specialised Symp. on Yeasts, Hungary, Budapest, Aug. (2003).
- Takashima M., Sugita T., Benno Y., and Kudo T.: “Intraspecies diversity and population structure of non-neoformans *Cryptococcus* spp.”, Int. Symp. of Research Center for Pathogenic Fungi and Microbial Toxicoses, Chiba: Frontier Studies and Int. Networking of Genetic Resources in Pathogenic Microorganisms, Tokyo, Nov. (2003).
- Itoh T.: “Diversity and evolutionary implication of Archaea, the third domain of life”, 9th Int. Symp. on Artificial Life and Robotics (AROB 9th '04), Beppu, Jan. (2004).
- (国内会議)
- 高島昌子, 中瀬崇, Tornai-Lehoczki J., Deak T., 工藤俊章: “*Udeniomyces pyricola* の ITS 領域の DNA 多型”, 日本農芸化学会 2003 年度大会, 横浜, 藤沢, 3–4 月 (2003).
- 浅見行弘, 掛谷秀昭, 小野瀬利恵, 岡田元, 戸井雅和, Chang Y. H., 長田裕之: “新規血管新生阻害剤 RK-95113 の単離・構造解析および生物活性”, 日本農芸化学会 2003 年度大会, 横浜, 藤沢, 3–4 月 (2003).
- 伊藤隆, 都筑智子, 辨野義己: “箱根の温泉から分離した好熱性古細菌の多様性について”, 日本農芸化学会 2003 年度大会, 横浜, 藤沢, 3–4 月 (2003).
- 伊藤隆, 都筑智子, 辨野義己: “箱根の温泉から新規好熱性古細菌の分離について”, 日本 Archaea 研究会第 16 回講演会, 横須賀, 6 月 (2003).
- 伊藤隆, 野村紀通, 左子芳彦: “*Thermoproteaceae* 科における 16S rRNA イントロンの分布とその進化的動態について”, 日本微生物資源学会第 10 回大会, つくば, 6 月 (2003).
- 本堂朋子, 守屋繁春, 工藤俊章: “Beta-actin および EF-2 遺伝子を用いた Oxymonads 目原生生物の分子系統学的解析”, 日本進化学会第 5 回大会, 福岡, 8 月 (2003).
- 戸高眠, 守屋繁春, 工藤俊章: “シロアリ腸内共生原生生物におけるセルロース分解機構の分子進化的解析”, 日本進化学会第 5 回大会, 福岡, 8 月 (2003).
- 守屋繁春, 工藤俊章: “真核生物の Pyruvate: ferredoxin oxidoreductase 遺伝子の分子進化的解析”, 日本進化学会第 5 回大会, 福岡, 8 月 (2003).
- 高島昌子: “酵母の種の分類と種内構造研究の現状”, 日本生物工学会平成 15 年度大会, 熊本, 9 月 (2003).
- 小川裕由, 鈴木基文, 杉山純多: “Mix によって分離された ‘*Taphrina*’ 属 3 株の分子系統解析に基づく再同定”, 第 23 回日本微生物系統分類研究会年次大会, 静岡, 10 月 (2003).
- 高島昌子, 中瀬崇, Tornai-Lehoczki J., Deak T., 工藤俊章: “*Udeniomyces pyricola* の IGS1 領域の塩基配列に基づく集団構造解析”, 第 23 回日本微生物系統分類研究会年次大会, 静岡, 10 月 (2003).
- 高島昌子, 鈴木基文, 池田玲子, 杉田隆: “Non-neoformans *Cryptococcus* spp. の多様性”, 第 47 回日本医真菌学会総会, 東京, 10 月 (2003).
- 影山亜紀子, 矢沢勝清, 谷口ヒロ子, 工藤卓二, 西村和子, 三上襄: “*Nocardia abscessus* と *Nocardia beijingensis* の日本における初めての報告例”, 第 47 回日本医真菌学会総会, 東京, 10 月 (2003).
- 伊藤隆: “超好熱性古細菌 (アーキア) の多様性と系統分類”, 超好熱古細菌の構造ゲノミクスのためのワークショップ, (RIKEN HTPF), 播磨, 11 月 (2003).