

令和 6 年 6 月 17 日現在

機関番号：32659

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2021～2023

課題番号：21H02111

研究課題名（和文）電気化学活性バイオフィルムの制御に関する基盤研究

研究課題名（英文）Research on the regulation of electrochemically active biofilms

研究代表者

高妻 篤史（Kouzuma, Atsushi）

東京薬科大学・生命科学部・助教

研究者番号：20634471

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,400,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、次世代の物質・エネルギー変換システムとして期待される微生物電気化学システムに着目し、その効率向上において鍵となる電気化学活性バイオフィルム（EABF）の形成と活性を制御するための知的・技術的基盤の確立を行った。具体的には、*Shewanella oneidensis* MR-1株のEABF形成を活性化させるシグナル伝達系を解析し、新規転写因子を同定するとともに、本シグナル伝達系を電極電位依存的に活性化することによりEABFの形成を促進させる技術を開発した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では電気化学活性細菌に特有と考えられる環境認識・応答メカニズムの一端を明らかにし、さらにそのメカニズムを応用したバイオフィルム制御技術を開発した。これらの成果は微生物における未知の生理機能と生存戦略の解明につながるだけでなく、産業利用上重要な微生物電気化学プロセスの高効率化にも寄与するものであり、学術的、社会的に意義あるものといえる。

研究成果の概要（英文）：This study established the scientific and technological foundation for controlling the formation and activity of electrochemically active biofilms (EABFs), which are key to improving the performance of bioelectrochemical systems. Specifically, the research identified a novel transcription factor involved in the signal transduction system that activates EABF formation in *Shewanella oneidensis* MR-1 and developed a technique to promote EABF formation by activating this signal transduction system in an electrode potential-dependent manner.

研究分野：環境微生物学

キーワード：微生物電気化学 バイオフィルム 細胞外電子伝達 発現制御

1. 研究開始当初の背景

近年、電気化学的な活性を持ち、電極と電子の授受を行うことのできる細菌（電気化学活性細菌; EAB）が大きな注目を集めている。EAB と電極の電子授受を応用したシステムは微生物電気化学システム（BES）と呼ばれており、微生物燃料電池や電気制御発酵（電極によって発酵生産を促進させるシステム; electro-fermentation）への利用が期待されている（Yamada et al., 2022, *Front Chem* 9: 805597）。しかし、これらのプロセスを実用化するためには、BES の性能を現状よりも大幅に向上させる必要がある。BES は EAB を触媒として電気エネルギーと化学エネルギーを相互変換するシステムであり、その変換速度は EAB と電極間に発生する電流量に依存する。この電流量の不足が、BES における最大の課題である。例えば、電気制御発酵の場合、通常の発酵プロセスに匹敵する物質生産速度を得るには、培養槽 1L あたり約 1A の電流を発生させる必要があると試算される。しかし、現時点での最大電流値はこの目標値の 1/100 程度である。電流値の向上には工学的なアプローチによって培養槽内の電極面積を増加させることも有効であり、これにより 10 倍程度の電流増加が可能と見込まれる。しかし、さらに電流量を増加させるには、触媒となる EAB 自体の高機能化が必須である。EAB は電極上にバイオフィーム（電気化学活性バイオフィーム; EABF）を形成することによって効率的に機能する（Kouzuma et al., 2021, *Biosci Biotechnol Biochem* 85: 1572–1581）。そのため、BES の高性能化には、EABF を適切に制御し、その形成量と電気化学活性を向上させる手法を確立することが重要となる。

これまでに、EABF の構造や電気化学的特性に関しては、*Shewanella oneidensis* MR-1 株等のモデル EAB を用いて多くの解析が行われてきた（Borole et al., 2011, *Energ Environ Sci* 4:4813 他）。しかし、EABF の形成プロセスと電気化学活性を制御する分子機構に関する知見は乏しく、電流生成を促進させるための知的基盤は十分に確立されていない。一方、研究代表者らは MR-1 株において EABF の形成と電流生成に関与する細胞内シグナル分子（c-di-GMP と cAMP）を同定することに成功している（Kasai et al., 2019, *Bioelectrochemistry* 129: 100–105; Koga et al., 2020, *Environ Microbiol* 22: 3671–3684; Matsumoto et al., 2021, *Appl Environ Microbiol* 87: e00201-21）。c-di-GMP は細菌によるバイオフィーム形成に中心的な役割を果たすシグナル分子であり、*Shewanella* においても細胞外多糖等のバイオフィーム形成因子の制御に関連することが報告されている（Thormann et al., 2006, *J Bacteriol* 188:2681 他）。一方、cAMP は大腸菌において糖代謝のカタボライト抑制に関与することで知られるが、研究代表者らは本物質が *Shewanella* では細胞と電極をつなぐ導電経路（EET 経路）や乳酸代謝系の発現制御を担うことを明らかにしてきた（Kasai et al., 2015, *BMC Microbiol*; 2017, *Front Microbiol*; 2019, *Appl Environ Microbiol*）。さらに、研究代表者らは MR-1 株において EABF 形成と電流生成に主要な役割を果たす c-di-GMP と cAMP の合成酵素（それぞれ DgcS と CyaC）を同定している。しかし、c-di-GMP と cAMP を介するシグナル伝達カスケードの全容は不明であり、EABF の制御機構を解明するにはさらなる研究が必要であった（図 1）。

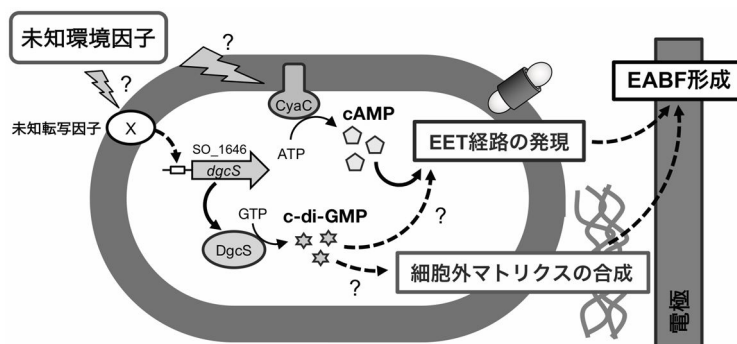


図 1 *S. oneidensis* MR-1 株における EABF の制御系

2. 研究の目的

上記の背景から、本研究では MR-1 株において EABF 形成を制御するシグナル伝達カスケードを解明し、EABF を制御するための知的基盤を確立することを目的とした。さらに、得られた知見を利用して EABF を活性化する技術の開発を目指した。

3. 研究の方法

(1) *dgcS* 発現プラスミドと *dgcS*-OE 株の構築

dgcS (SO_1646) 遺伝子とその上流約 100 bp を含む DNA 断片を PCR 増幅し、pBBR1MCS-2 の NsiI と KpnI サイトにクローニングして *dgcS* 発現プラスミド (pBBR-*dgcS*) を構築した。本プラスミドと嫌気性蛍光タンパク質 (AFP) 発現プラスミド (pMElacZ-AFP; Kitayama et al. 2017, *Appl Environ Microbiol* 83:e00903-17) を MR-1 野生株にそれぞれ大腸菌とのフィルター接合およびエレクトロポレーションによって導入し、*dgcS* 過剰発現株 (*dgcS*-OE 株) を作製した。

(2) EABF の観察

MR-1 株が電極上に形成するバイオフィーム (EABF) の観察は、共焦点レーザー走査型顕微鏡 (CLSM) および電気化学フローセル (electrochemical flow cell; EFC) を用いて、以前に報告した方法 (Kitayama *et al.* 2017) に従って行った。

(3) 遺伝子発現解析

MR-1 及びその変異株における遺伝子発現は、定量的 RT-PCR (qRT-PCR) と DNA マイクロアレイを用いて、以前に報告した方法 (Koga *et al.*, 2020) に従って行った。qRT-PCR の検量線は PCR で増幅した DNA 断片の希釈系列を使用して作製した。増幅断片の特異性は融解曲線分析により確認した。DNA マイクロアレイ解析は 60 mer の DNA プローブが配置されたカスタム DNA マイクロアレイ (8 × 15 K; Agilent Technologies) を用いて行った。cDNA の合成、ラベル化とハイブリダイゼーションは原核生物用の遺伝子発現解析プロトコル (Agilent One-Color Microarray-Based Prokaryote Analysis, version 1.4, <http://www.chem.agilent.com>) に従って行った。遺伝子発現データ (n = 4) は R 用 limma ソフトウェアパッケージ (ver. 3.36.2) を用いて正規化し、統計学的解析を行った。有意差検定にはペアスチューデントの t 検定と Benjamini-Hochberg 偽発見率補正を使用し、各プローブの発現変動量 (fold change; FC) の log₂ 値の絶対値が 1 以上、p 値が 0.05 以下の場合に遺伝子発現の差が統計学的に有意であるとみなした。

(4) 遺伝子破壊株の作製

MR-1 株における遺伝子破壊株の作製は、自殺ベクター (pSMV-10) を用いたダブルクロスオーバー法により、以前に報告した手順 (Matsumoto *et al.*, 2021) に従って行った。

4. 研究成果

(1) c-di-GMP シグナルによる EABF の活性化

c-di-GMP を介したシグナル伝達系によって制御される遺伝子を探索するため、EABF 形成時における主要 c-di-GMP 合成酵素 (DgcS) をコードする遺伝子 (*dgcS*) の過剰発現株 (*dgcS*-OE 株) を作製し、遺伝子発現および表現型の変化を解析した。*dgcS*-OE 株とベクターコントロール株 (MR-1c 株) を EFC に植菌して電極上にバイオフィーム (EABF) を形成させたのち、電極付着細胞から RNA を抽出して DNA マイクロアレイ解析に供し、これらの株の遺伝子発現プロファイルを比較した。その結果、MR-1c 株と比べて *dgcS*-OE 株ではバイオフィーム形成や電流生成に関与する多くの遺伝子の転写量が増加していた (表 1)。また、*dgcS*-OE 株では EFC における電流生成と EABF 形成が顕著に促進されていた。以上の結果から、*dgcS* の過剰発現 (c-di-GMP の合成促進) によって c-di-GMP シグナル下流の遺伝子発現が誘導され、これにより EABF の形成と電気化学活性が促進されることが示唆された (岩波ら、日本農芸化学会 2024 年度大会)。

(2) *dgcS* の転写制御因子の同定

dgcS は EFC において培地流動条件で EABF を形成させた際に、非流動条件と比べて転写量が増加する (Koga *et al.*, 2020)。また、多くの c-di-GMP 合成酵素は N 末端側にシグナル感知ドメインを有しており、これにより酵素活性が制御されるが、DgcS には既知の制御ドメインが含まれていない。これらのことから、DgcS の活性は未知の制御因子によって転写レベルで調節されていると予想された。そこで、本研究では *dgcS* の転写制御因子を探索した。

先行研究 (Koga *et al.*, 2020) において、培地流動条件では *dgcS* の発現とともに鞭毛合成系遺伝子の発現が誘導されており、これらの遺伝子が協調的に制御されている可能性が示唆されていた。また、*dgsS* 上流には σ^{54} 因子の結合モチーフが存在することから、*dgcS* は σ^{54} 依存性転写因子によって発現調節されている可能性が高いと考えられた。以上のことから、鞭毛合成系遺伝子の発現を調節する σ^{54} 依存性転写因子 (論文未発表のため本報告書では X と呼称する) が *dgcS* の転写制御に関与していると予想された。そこで、当該転写因子の遺伝子破壊株 (ΔX 株) および相補株を作製し、これらの変異株と野生株における *dgcS* の発現量を定量的 RT-PCR 法によって比較した。この際、培地流動が *dgcS* の発現に及ぼす影響を明らかにするため、これらの株を嫌気 (フマル酸呼吸) 条件で培養ボトルを振盪もしくは静置して培養した。その結果、野生株では培地振盪条件において *dgcS* の発現量が有意に増加しており、培地流動に伴う物理的刺激によって *dgcS* の発現が誘導されることが支持された。一方、 ΔX 株では振盪、静置条件ともに *dgcS* の発現量が顕著に減少していたが、相補株では発現量が回復した。また、 ΔX 株では EFC における EABF 形成が阻害されていた。以上の結果から、転写因子 X が培地流動条件における *dgcS* の転写活性化と EABF の形成促進に関与することが明らかになった (出水ら、2022 年度環境バイオテクノロジー学会)。

(3) 電極と c-di-GMP シグナルを利用した EABF 形成の制御

これまでに、研究代表者らは MR-1 株が電極電位を認識して遺伝子発現を変化させる分子機

構を発見し (Hirose et al., 2018, *Nat Commun* 9: 1083) 本機構を利用した電極電位による遺伝子発現制御法 (“電気遺伝学”) を提案している (Hirose et al., 2019, *Biotechnol Adv* 37: 107351)。また、上記項目 (1) の研究において、c-di-GMP の合成促進により本株の EABF 形成を促進できることが示された。そこで、本研究では BES において効率よく EABF を形成させるための技術を確立するため、これらの知見の組み合わせにより電極電位依存的に EABF 形成を制御できるかを検討した。具体的には、電気制御発酵の高効率化を視野に入れ、低電位条件 (-0.4~0 V vs. 標準水素電極; SHE) において遺伝子発現を誘導するプロモーターを探索し、これにより c-di-GMP 合成遺伝子 (*dgcS*) の発現を活性化することで、EABF の形成が促進されるかを検証した。

先行研究 (Hirose et al., 2018) において実施された MR-1 株の電位依存性トランスクリプトーム変動解析にもとづいて低電位条件で発現誘導されると予想された遺伝子を選定し、その上流プロモーター領域を AFP 遺伝子の上流にクローニングしてレポータープラスミドを作製した。MR-1 株をレポータープラスミドによって形質転換した後、EFC 内で低電位条件 (-0.4 V vs. SHE) にて静置培養し、電極近傍の細胞から生じる AFP の蛍光を CLSM によって検出した。その結果、*nqrA2* 遺伝子のプロモーター (P_{nqr2}) が低電位電極上の MR-1 株細胞において顕著に活性化されることが明らかになった (図 2)。AFP 蛍光強度の垂直分布を解析した結果、AFP の発現は電極近傍の細胞から誘導されることが示され、本プロモーターによる発現誘導は低電位電極からの電子流入に起因することが支持された。以上の結果から、 P_{nqr2} が MR-1 株の EABF 内において低電位応答的に遺伝子発現を誘導できることが示された (Tomita et al., 2023, *J Biosci Bioeng* 136: 28–34)。

次に P_{nqr2} によって *dgcS* の発現を制御することで電位依存的に EABF の形成を促進できるかを検証した。本実験では P_{nqr2} の下流に *dgcS* を連結したプラスミド (pUPN*dgcS*) を作製し、MR-1 株 (AFP 恒常的発現株) に導入した。得られた形質転換体を EFC において高電位条件 (+0.4 V) と低電位条件 (0 V) で連続培養し、培地流動下での EABF の形成過程を観察した。その結果、培養開始 120 時間後の時点で、pUPN*dgcS* 導入株は低電位条件においてベクターコントロール株よりも密なバイオフィームを形成していた。また、pUPN*dgcS* 導入株は低電位時に高電位時よりも密なバイオフィームを形成していた。これらの結果から、 P_{nqr2} を用いて c-di-GMP 合成遺伝子 (*dgcS*) の発現を制御することで、電極電位依存的に EABF を高密度化できることが示された。

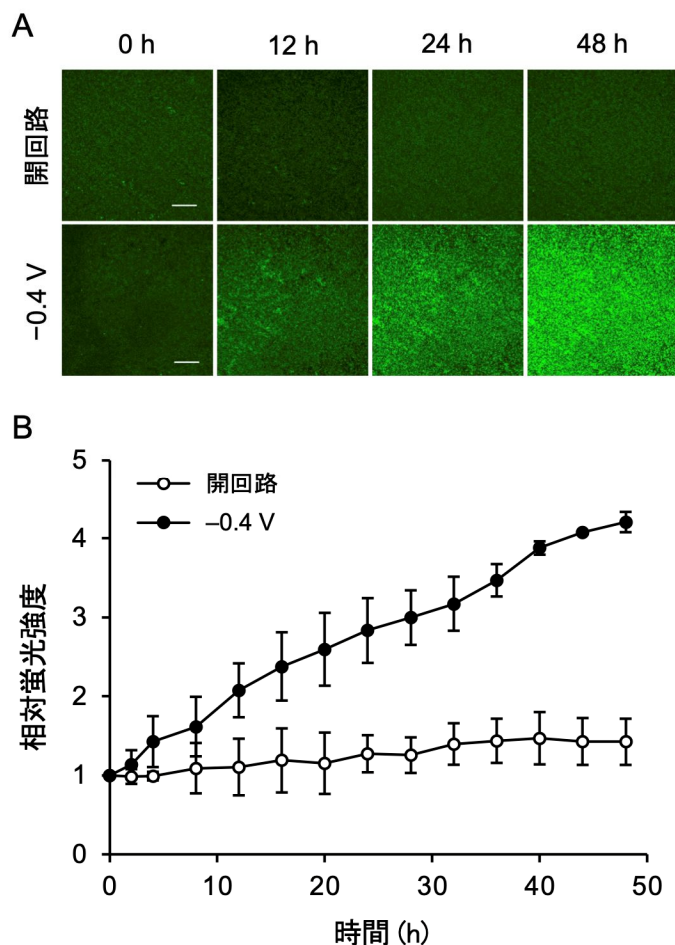


図 2. MR-1 株の EABF における P_{nqr2} から AFP 発現の *in situ* モニタリング。(A) 低電位電極 (-0.4 V vs. SHE) または開回路電極上で培養したレポーター株の CLSM 像。(B) AFP 蛍光強度の経時変化。

表 1. *dgcS*-OE 株で発現変動した遺伝子のリスト (一部抜粋; $p < 0.05$)

| Locus tag | Gene | Annotation | COG |
|---|--------------|--|-----|
| Up-regulated in <i>dgcS</i>-OE | | | |
| SO_0260 | <i>ccmD</i> | ABC-type heme export system CcmE-interacting component CcmD | U |
| SO_0261 | <i>ccmC</i> | ABC-type heme export system permease component 2 CcmC | O |
| SO_0266 | <i>ccmF</i> | cytochrome c synthetase cytochrome b containing quinol-haem oxidoreductase subunit CcmF | O |
| SO_0267 | <i>ccmG</i> | cytochrome c maturation system membrane anchored thioredoxin CcmG | O |
| SO_0968 | <i>ldhA</i> | fermentative lactate dehydrogenase NADH dependent LdhA | C |
| SO_0970 | <i>fccA</i> | periplasmic fumarate reductase FccA | C |
| SO_1051 | <i>opgD</i> | periplasmic glucan biosynthesis protein OpgD | P |
| SO_1342 | <i>rpoE</i> | RNA polymerase sigma factor 24 RpoE | K |
| SO_1520 | <i>lldE</i> | L-lactate dehydrogenase complex protein LldE | C |
| SO_1646 | <i>dgcS</i> | diguanylate cyclase | T |
| SO_1776 | <i>mtrB</i> | extracellular iron oxide respiratory system outer membrane component MtrB | - |
| SO_1777 | <i>mtrA</i> | extracellular iron oxide respiratory system periplasmic decaheme cytochrome c component MtrA | - |
| SO_1779 | <i>omcA</i> | extracellular iron oxide respiratory system surface decaheme cytochrome c component OmcA | - |
| SO_1825 | <i>ttpC</i> | TonB2 energy transduction system inner membrane component TtpC | U |
| SO_1826 | <i>exbB</i> | TonB2 energy transduction system inner membrane component ExbB | U |
| SO_2107 | <i>opgG</i> | periplasmic glucan biosynthesis protein OpgG | P |
| SO_2491 | <i>pykA</i> | pyruvate kinase II PykA | G |
| SO_2644 | <i>ppsA</i> | phosphoenolpyruvate synthase PpsA | G |
| SO_2731 | <i>mdoG</i> | periplasmic glucan biosynthesis protein MdoG | P |
| SO_2913 | <i>pflA</i> | pyruvate formate-lyase 1 activating enzyme PflA | O |
| SO_4105 | <i>mshA</i> | MSHA major pilin subunit MshA | - |
| SO_4106 | <i>mshB</i> | MSHA minor pilin protein MshB | - |
| SO_4113 | <i>mshK</i> | MSHA biogenesis protein MshK | - |
| SO_4114 | <i>mshJ</i> | MSHA biogenesis protein MshJ | - |
| SO_4115 | <i>mshI1</i> | MSHA biogenesis protein MshI1 | - |
| SO_4509 | <i>fdhA</i> | formate dehydrogenase molybdopterin-binding subunit FdhA | C |
| SO_4511 | <i>fdhC</i> | formate dehydrogenase cytochrome b subunit FdhC | C |
| SO_4512 | <i>fdhX</i> | Fnr-inducible formate dehydrogenase accessory protein FdhX | - |
| SO_4513 | <i>fdhA</i> | Fnr-inducible formate dehydrogenase molybdopterin-binding subunit FdhA | C |
| SO_4514 | <i>fdhB</i> | Fnr-inducible formate dehydrogenase FeS subunit FdhB | C |
| SO_4515 | <i>fdhC</i> | Fnr-inducible formate dehydrogenase cytochrome b subunit FdhC | C |
| Down-regulated in <i>dgcS</i>-OE | | | |
| SO_3213 | <i>flhA</i> | flagellar export protein FlhA | N |
| SO_3215 | <i>flhB</i> | flagellar export protein FlhB | N |
| SO_3216 | <i>fliR</i> | flagellar export protein FliR | N |
| SO_3222 | <i>fliL</i> | flagellar basal body protein FliL | N |
| SO_3225 | <i>fliI</i> | flagellar protein export ATPase FliI | N |
| SO_3229 | <i>fliE</i> | flagellar basal-body component FliE | N |
| SO_3230 | <i>fliC</i> | two component signal transduction system controlling flagella biosynthesis Sigma54-dependent response regulator FliC | T |
| SO_3239 | <i>flgL</i> | flagellar hook-associated protein FlgL | N |
| SO_3240 | <i>flgK</i> | flagellar hook-filament junction protein FlgK | - |
| SO_3241 | <i>flgJ</i> | flagellar rod cap protein and peptidoglycan hydrolase FlgJ | N |
| SO_3242 | <i>flgI</i> | flagellar P-ring protein FlgI | N |
| SO_3243 | <i>flgH</i> | flagellar L-ring protein FlgH | N |
| SO_3244 | <i>flgG</i> | flagellar component of cell-distal portion of basal-body rod FlgG | N |
| SO_3245 | <i>flgF</i> | flagellar component of cell-proximal portion of basal-body rod FlgF | N |
| SO_3247 | <i>flgE</i> | flagellar hook protein FlgE | N |
| SO_3248 | <i>flgD</i> | flagellar hook assembly protein FlgD | N |
| SO_3253 | <i>flgA</i> | assembly protein for flagellar basal-body P ring FlgA | N |
| SO_3258 | <i>flgT</i> | flagella assembly protein FlgT | - |

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 0件）

| | |
|--|---------------------------|
| 1. 著者名 Tomita Keisuke, Hirose Atsumi, Tanaka Yugo, Kouzuma Atsushi, Watanabe Kazuya | 4. 巻 136 |
| 2. 論文標題 Electrogenetic control of gene expression in <i>Shewanella oneidensis</i> MR-1 using Arc-dependent transcriptional promoters | 5. 発行年 2023年 |
| 3. 雑誌名 Journal of Bioscience and Bioengineering | 6. 最初と最後の頁 28 ~ 34 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.jbiosc.2023.05.001 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |
| 1. 著者名 Kouzuma Atsushi | 4. 巻 85 |
| 2. 論文標題 Molecular mechanisms regulating the catabolic and electrochemical activities of <i>Shewanella oneidensis</i> MR-1 | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry | 6. 最初と最後の頁 1572 ~ 1581 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bbb/zbab088 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |
| 1. 著者名 Yamada Shohei, Takamatsu Yuki, Ikeda Sota, Kouzuma Atsushi, Watanabe Kazuya | 4. 巻 9 |
| 2. 論文標題 Towards Application of Electro-Fermentation for the Production of Value-Added Chemicals From Biomass Feedstocks | 5. 発行年 2022年 |
| 3. 雑誌名 Frontiers in Chemistry | 6. 最初と最後の頁 - |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fchem.2021.805597 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |
| 1. 著者名 Ikeda Sota, Tomita Keisuke, Nakagawa Gen, Kouzuma Atsushi, Watanabe Kazuya | 4. 巻 89 |
| 2. 論文標題 Supplementation with Amino Acid Sources Facilitates Fermentative Growth of <i>Shewanella oneidensis</i> MR-1 in Defined Media | 5. 発行年 2023年 |
| 3. 雑誌名 Applied and Environmental Microbiology | 6. 最初と最後の頁 e0086823 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/aem.00868-23 | 査読の有無 無 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

〔学会発表〕 計11件（うち招待講演 1件 / うち国際学会 2件）

| |
|---|
| 1. 発表者名 出水智樹, 高妻篤史, 渡邊一哉 |
| 2. 発表標題 Shewanella oneidensisによる電極バイオフィーム形成に関する 54依存性転写因子の同定 |
| 3. 学会等名 2022年度環境バイオテクノロジー学会大会 |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|-------------------------------|
| 1. 発表者名 高妻篤史 |
| 2. 発表標題 鉱物と相互作用する細菌の環境認識機構 |
| 3. 学会等名 日本微生物生態学会（招待講演） |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 池田壮汰, 高妻篤史, 渡邊一哉 |
| 2. 発表標題 Shewanella oneidensis MR-1株における発酵経路の同定 |
| 3. 学会等名 日本農芸化学会2023年度大会 |
| 4. 発表年 2023年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 富田啓介, 田中勇吾, 高妻篤史, 渡邊一哉 |
| 2. 発表標題 微生物電気化学システムの効率化に向けた電極電位誘導性遺伝子発現系の構築 |
| 3. 学会等名 日本農芸化学会2023年度大会 |
| 4. 発表年 2023年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 Sota Ikeda, Atsushi Kouzuma, Kazuya Watanabe |
| 2. 発表標題 Supplementation with amino acid sources facilitates fermentative growth of <i>Shewanella oneidensis</i> MR-1 in laboratory media |
| 3. 学会等名 ISME18 (国際学会) |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 Yugo Tanaka, Atsumi Hirose, Atsushi Kouzuma, Kazuya Watanabe |
| 2. 発表標題 Development of Electrogenetics for Facilitating Electro-fermentation |
| 3. 学会等名 World Microbe Forum (国際学会) |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 田中勇吾, 廣瀬篤弥, 高妻篤史, 渡邊一哉 |
| 2. 発表標題 電気遺伝学の開発に向けた電極電位応答性プロモーターの同定 |
| 3. 学会等名 環境バイオテクノロジー学会2021年度大会 |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 富田啓介, 廣瀬篤弥, 田中勇吾, 高妻 篤史, 渡邊一哉 |
| 2. 発表標題 電気遺伝学の基盤確立に向けた電極電位応答性プロモーターの探索 |
| 3. 学会等名 環境バイオテクノロジー学会2023年度大会 |
| 4. 発表年 2023年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 富田啓介, 池田壮汰, 高妻篤史, 渡邊一哉 |
| 2. 発表標題 アミノ酸源の添加は <i>Shewanella oneidensis</i> MR-1 株の嫌気条件での増殖を促進する |
| 3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会 |
| 4. 発表年 2024年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 岩波奈那江, 松元陽歩, 高妻 篤史, 渡邊一哉 |
| 2. 発表標題 <i>Shewanella oneidensis</i> MR-1株におけるc-di-GMPシグナルによる電気化学活性バイオフィルムの活性化 |
| 3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会 |
| 4. 発表年 2024年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 出水智樹, 松元陽歩, 高妻篤史, 渡邊一哉 |
| 2. 発表標題 <i>Shewanella oneidensis</i> の電極バイオフィルム形成制御における鞭毛の関与 |
| 3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会 |
| 4. 発表年 2024年 |

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

| 氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号) | 所属研究機関・部局・職 (機関番号) | 備考 |
|---------------------------|-----------------------|----|
|---------------------------|-----------------------|----|

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

| 共同研究相手国 | 相手方研究機関 |
|---------|---------|
|---------|---------|