

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成25年 5月16日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究（B）

研究期間：2010～2012

課題番号：22380047

研究課題名（和文）

人為起源物質分解能をモデルとした環境中での細菌の機能進化を司る分子基盤の解明

研究課題名（英文）

Studies on molecular mechanisms for functional evolution of bacteria in the environment

研究代表者

永田 裕二（NAGATA YUJI）

東北大学・大学院生命科学研究科・准教授

研究者番号：30237531

研究成果の概要（和文）：細菌の環境中での機能進化に関する知見を得ることを目的として、完全な人工合成化合物である有機塩素系殺虫剤 γ -HCHを完全分解資化する細菌と、有機塩素系化合物分解の鍵酵素である脱ハロゲン酵素に関する詳細な解析を実施した。その結果、(1)いくつかの脱ハロゲン酵素の構造-機能相関を明らかにし、酵素の機能進化過程に関する知見を得た。また、(2) ゲノム構造の観点から、環境細菌が新規能力を獲得する過程に関する知見を得ると共に、その過程における特定の可動性遺伝因子の重要性を提示した。さらに、(3) 得られた知見を利用して、細菌の環境中での機能進化を実験的に検証する系を構築した。

研究成果の概要（英文）：To get insights into the functional evolution of bacteria in the environment, bacteria, which degrade man-made chlorinated pesticide γ -HCH, and dehalogenases, which are key enzymes for the degradation of chlorinated compounds, were analyzed in detail. (1) structure-function relationships of some dehalogenases were revealed and their evolution process was suggested, (2) the process of appearance and evolution of γ -HCH-degrading bacteria was proposed on the basis of the structure and function of their genomes and mobile genetic elements, and (3) the system for verifying evolution process of bacteria in the environment was constructed.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2010年度	9,300,000	2,790,000	12,090,000
2011年度	2,800,000	840,000	3,640,000
2012年度	2,200,000	660,000	2,860,000
年度			
年度			
総計	14,300,000	4,290,000	18,590,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：農芸化学・応用微生物学

キーワード：環境細菌、自然生態系、人為起源物質、細菌進化、微生物機能開発

1. 研究開始当初の背景

化学合成により生産された有機塩素系殺虫剤 γ -hexachlorocyclohexane (γ -HCH) および反応副産物の各種 HCH 異性体、DDT、ドリッ剤などによる環境汚染は、先進諸国が使用

を禁止している現在においても、残留汚染や一部地域で使用したものが地球レベルで拡散することにより、世界的に深刻な問題となっている。これら難分解性の環境汚染物質の多くは微生物による分解を受けると考えられているが、その過程の知見は限られており、

未だ有効な解決策が見出されていない。我々は、細菌能力の環境浄化への応用と細菌の新規化合物に対する適応・進化機構の解明を目的として、 γ -HCH 分解資化細菌 *Sphingobium japonicum* UT26株を対象とした研究を一貫して実施してきた。その結果、世界的に重要な環境汚染物質である γ -HCH の微生物代謝系の全貌を世界に先駆けて解明し、(i) UT26 の γ -HCH 代謝に直接関与する6つの酵素遺伝子はゲノム上に散在し、その多くは遺伝的に不安定であること、(ii) γ -HCH 分解代謝系の初発分解反応を触媒する2つの脱ハロゲン酵素 LinA と LinB の遺伝子は強い選択圧で現在も進化を続けていること、(iii) UT26 株の γ -HCH 分解資化には、中間代謝産物の毒性の緩和に関わる ABC トランスポーターなど、分解酵素遺伝子以外の要素も必須であることが明らかとなった。さらに、UT26 株の全ゲノム配列を解読した結果、「UT26 株類縁細菌に共通のコア領域」と「UT26 株特異的な領域」に存在する遺伝子が巧みに組み合わせることで本株の γ -HCH 分解代謝系が構成されていることが明確になると共に、UT26 株の持つ γ -HCH 完全分解代謝系は進化的に形成されて間もないものであると結論できた。しかし、環境中での γ -HCH 分解代謝系の形成機構や、LinA と LinB 遺伝子の直接の起源は依然として不明のままである。以上の研究を通じて、完全な人工合成物質の分解代謝能を環境細菌が獲得する過程は、実際の自然生態系での細菌の進化過程を「特定の機能遺伝子」と、それ以外の要素も含めた「ゲノム全体」の両面から実験的に検証し、かつその分子機構を解明するための非常に優れたモデルになりうる、という結論に至った。

一方、従来の細菌研究は純粋培養が容易な細菌を対象とした実験室内の極めて限定された環境での検討がほとんどであり、(i) 環境に棲息する細菌のうち、古典的な手法で容易に培養できるものは1%未満であること、(ii) ゲノムに存在する全遺伝子の約半数が機能未知であること、(iii) 環境細菌ゲノム解析の結果から「環境遺伝子プール」との遺伝子の交換が頻繁に起きていると推定される「痕跡」が見出されること、などを考慮すると、環境細菌の本質の理解には、難培養性細菌の存在も念頭に置き、実際の自然生態系、あるいは再現性を重視して可能な限り自然環境を模した閉鎖系のマイクロコズムでの研究を実施する必要がある。その際、培養を介さず取得した環境 DNA を扱うメタゲノム解析は有効な一手段であるが、現段階ではその膨大な塩基配列情報を直接「機能」と結び付け

ることはできない。

2. 研究の目的

本研究では、以下の3項目の研究を平行して実施し、項目(1)(2)の成果を(3)に反映させながら、最終的に、潜在的微生物機能を開発するための普遍的な方法論の確立を目指す。

(1) 環境中での酵素遺伝子進化に関する研究: 脱ハロゲン酵素 LinA と LinB は、未だ進化的起源が不明である。そこで、申請者らがこれまでに確立した培養非依存的な環境細菌の解析手法や、データベースの情報などを利用して様々な未開拓な環境試料から LinA と LinB 遺伝子の構造的・機能的ホモログを取得・解析し、当該酵素遺伝子ホモログの実際の環境中での分布と多様性を解明する。また、両酵素は数アミノ酸残基の違いが劇的に機能に反映するが、その分子機構の詳細は未解明である。そこで、LinA と LinB およびそれらのホモログの構造-機能相関をタンパク質工学的手法で明らかにし、塩基配列と機能の相関関係を明確化する。

(2) 環境中での環境細菌のゲノム進化に関する研究: 環境中での細菌ゲノムの動態に関する知見は乏しい。そこで、 γ -HCH 分解細菌のゲノム構造およびゲノム動態を解明し、ゲノム再編成を引き起こす直接の環境要因および分子機構を明らかにする。その際、 γ -HCH 代謝系遺伝子の獲得には可動性遺伝因子が重要な役割を果たしていることが強く示唆されていることから、特に、これらゲノム進化に影響を与えると考えられる可動性遺伝因子の動的挙動に注目した解析も実施する。

(3) 環境中での進化機構の実験的検証と新規能力獲得細菌の育種: 上記(1)(2)の成果を踏まえて、環境中での細菌の機能進化過程を実験的に検証する系を構築すると共に、得られる知見を生かして、潜在的微生物能力を開発するための普遍的な方法論を確立する。

3. 研究の方法

(1) 環境中での酵素遺伝子進化に関する研究

(1-1) 未開拓遺伝子資源からの LinA と LinB 遺伝子ホモログの取得と解析: 遺伝子資源を汚染物質完全分解系遺伝子群の一部のみを有する細菌や、実験室内での培養が困難な細菌の遺伝情報も含む土壌環境由来 DNA などの未開拓なものにまで拡大して、進化的起源が不明な LinA と LinB の構造的ならびに機能的ホモログをコードする遺伝子を取得する。

(1-2) LinA と LinB, およびそのホモログのタンパク質工学的研究: γ -HCH の工業原体には α -, β -, δ -立体異性体も含まれ、LinA と LinB の variants (95%以上の identity) はこれら異性体に対する酵素活性がそれぞれ劇的に異なる。特にこの点に注目し、既存の LinA と LinB, およびそのホモログと、(1-1)で新たに取得したホモログの構造-機能相関を部位指定変異導入、X線結晶構造解析、*in silico* 解析などのタンパク質工学的手法で解析し、それぞれ特有の機能を司る構造的要因を明らかにする。また、LinA と LinB, およびそのホモログによる DDT やドリ剤など、有効な分解酵素遺伝子が知られていない有機塩素化合物の分解の可能性についても検討する。

(2) 環境中での環境細菌のゲノム進化に関する研究

(2-1) UT26 株ゲノムの類縁菌との比較および γ -HCH 分解遺伝子群の周辺配列の解析: いわゆる sphingomonads と総称される *Sphingobium* 属細菌が含まれる細菌群で全ゲノム配列が公開されている株と UT26 株の全ゲノム配列を比較し、特異的領域の境界周辺の特徴的な配列を詳細に検討する。また、UT26 の γ -HCH 分解酵素遺伝子の多くは遺伝的に不安定であり、申請者らは既にこれら遺伝子の自然欠失突然変異株を取得している。そこで、これら突然変異株の欠失領域と境界領域の関係についても検討を加える。

(2-2) UT26 株以外の γ -HCH 分解細菌のゲノムの決定と比較解析: 我々は UT26 株以外の γ -HCH 分解細菌 3 株を保有している。本研究では、これらの株の全ゲノム配列を完全決定し、 γ -HCH 分解細菌同士、および、類縁菌株と比較することで、 γ -HCH 分解能獲得機構に関する知見を得る。

(2-3) 可動性遺伝因子の動態に関する研究: これまでに世界各地で γ -HCH 分解菌が取得され、(i) それらが UT26 のものとほぼ同一の *lin* 遺伝子群を有すること、(ii) *lin* 遺伝子群近傍に特定の挿入配列 IS6100 が高頻度で見出されるが、その相対的位置関係は多様であること、(iii) UT26 では染色体支配の *lin* 遺伝子が他菌株ではプラスミド上に存在するケースが多いこと、が示されている。本研究では、これら特定の可動性遺伝因子の動的挙動が UT26 株のゲノム再編成を司る分子機構を解明する。

(3) 環境中での進化機構の実験的検証と新規能力獲得細菌の育種

(3-1) LinA と LinB の酵素遺伝子進化の実験的検証: LinA と LinB で、それぞれ数種の天然の variants が報告されているが、それらの

DNA レベルの変異はいずれも非同義置換であることから、これら酵素遺伝子は自然生態系で強い選択圧の元で進化を続けていると示唆されている。しかし、その実験的検証は皆無である。そこで、UT26 の *linA* や *linB* の欠失株に UT26 型の *linA* と *linB* および、variants の配列情報から推定した祖先型遺伝子をそれぞれ導入し、各種 HCH 異性体を添加した際の変化の様式を経時的に追跡し、細胞内の特定の遺伝子の変異が細菌細胞全体の生理にとって有利であることを実験的に証明する。

(3-2) 潜在的微生物能力開発系の構築: DDT やドリ剤等の有機塩素系化合物は、有効な分解菌および分解酵素遺伝子が知られていないが、(i) LinA が微弱だが DDT 分解活性を持つこと、(ii) ドリ剤分解菌が存在する可能性、などが示されており、自然環境はこれら高度に難分解性の有機塩素系化合物の分解菌を産み出す潜在能力を有していると考えられる。すなわち、環境細菌の環境中での進化機構を理解し、その速度を早めることで、これら高度に難分解性の有機塩素系化合物を効率的に分解する細菌の創出も可能であると予測される。そこで、(1)(2)の成果も踏まえて、分解菌を育種する系の構築を試みる。

4. 研究成果

(1) 環境中での酵素遺伝子進化に関する研究

・LinA と LinB, およびそのホモログに関する反応機構、構造-機能相関に関する知見を得た。

・LinB の構造的ホモログをデータベースの情報から取得し、人工合成した遺伝子を用いて機能解析を行い、これらが新規の反応特性を持つことを明らかにした。

・LinB_UT とわずかに 7 アミノ酸残基の違いにもかかわらず、 β -HCH 分解能が大きく異なる LinB_MI の詳細な解析を実施し、LinB_UT から LinB_MI への機能進化に関わる知見を得た。

(2) 環境中での環境細菌のゲノム進化に関する研究

・UT26 およびその類縁菌が有するプラスミドや挿入配列などの可動性遺伝因子が、ゲノム進化に重要な役割を果たしていることを強く示唆する知見を得た

・UT26 以外の γ -HCH 分解細菌 3 株の全ゲノム配列を完全決定し、複数の γ -HCH 分解細菌株が特有のプラスミドと挿入配列を介して独立に出現したことを強く示唆する知見を得

た。

(3) 環境中での進化機構の実験的検証と新規能力獲得細菌の育種

・LinBおよびそのホモログの酵素進化の実験的検証系を構築した。

・環境中での進化機構を利用した新規能力獲得細菌の育種のための基礎的知見を得ると共に、UT26株近縁株を利用して、細菌の環境中での機能進化を利用した新規能力獲得系を構築した。

(4) 総括

本研究を通じて、環境細菌のゲノム進化および酵素遺伝子進化に関する重要な知見を得ることができた。残念ながら研究期間内に進化過程の実験的検証には至らなかったが、そのための系の構築には成功し、当初の目的はほぼ達成できたと考えている。本研究で得られた成果には、現時点ではまだ学会誌に未発表のものも含まれるが、これらについては今後発表していく予定である。

また、環境細菌を対象とした関連研究に関する成果も得られた。今回の科学研究費の受領が研究代表者らの行っている研究をさらに進展させる上で多大な援助になったことはいうまでもなく、ここに心から感謝の意を表したい。また、本研究に携わった大学院学生および研究協力者の諸氏にもこの機会にあわせて謝意を表したい。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計24件) (全て査読有り)

1. **Yano, H., H. Genka, Y. Ohtsubo, Y. Nagata, E.M. Top, M. Tsuda**: Coincidence-resolution of toluene-catabolic transposon Tn4651. *Plasmid*. **69**: 24-35 (2013) Doi: 10.1016/j.plasmid.2012.07.004
2. **Ohtsubo, Y., F. Maruyama, H. Mitsui, Y. Nagata, M. Tsuda**: Complete genome sequence of *Acidovorax* sp. KKS102, a polychlorinated biphenyl-degrading strain. *J Bacteriol* **194**: 6970-6971 (2012) Doi: 10.1128/JB.01848-12
3. **Miyakoshi, M., M. Shintani, K. Inoue, T. Terabayashi, F. Sai, M. Ohkuma, H. Nojiri, Y. Nagata, M. Tsuda**: ParI, an orphan ParA family protein from *Pseudomonas putida* KT2440-specific genomic island, interferes with the partition system of IncP-7 plasmids. *Environ Microbiol.* **14**: 2946-2959 (2012) Doi: 10.1111/j.1462-2920.2012.02861.x
4. **Mase, T., H. Yabuki, M. Okai, J. Ohtsuka, F. L. Imai, Y. Nagata, and M. Tanokura**. Crystallization and preliminary X-ray analysis of the haloalkane dehalogenase DatA from *Agrobacterium tumefaciens* C58. *Acta Crystallographica Section F* **F68**: 652-654 (2012) Doi: 10.1107/S1744309112013942
5. **Ohtsubo Y., Y. Ishibashi, H. Naganawa, S. Hirokawa, S. Atobe, Y. Nagata, M. Tsuda**: Conjugal transfer of polychlorinated biphenyl/biphenyl degradation genes in *Acidovorax* sp. strain KKS102, which are located on an integrative and conjugative element. *J Bacteriol* **194**:4237-4248. (2012) Doi: 10.1128/JB.00352-12
6. **Ito, M., A. Ono, Y. Ohtsubo, M. Tsuda, and Y. Nagata**. Cloning of γ -hexachlorocyclohexane dehydrochlorinase gene with its flanking regions from soil by activity-based screening techniques. *European J. Soil Biology* **52**: 16-19 (2012) Doi: 10.1016/j.ejsobi.2012.05.001
7. **Nishiyama, E., Y. Ohtsubo, Y. Yamamoto, Y. Nagata, and M. Tsuda**. Pivotal role of anthranilate dioxygenase genes in the adaptation of *Burkholderia multivorans* ATCC 17616 in soil. *FEMS Microbiology Letters* **330**: 46-55 (2012) (May) Doi: 10.1111/j.1574-6968.2012.02532.x
8. **Kimura, A., S. Yuhara, Y. Ohtsubo, Y. Nagata, and M. Tsuda**. Suppression of pleiotrophic phenotypes of *Burkholderia multivorans fur* mutant by *oxyR* mutation. *Microbiology* **158**: 1284-1293 (2012) Doi: 10.1099/mic.0.057372-0
9. 佐藤優花里、夏目亮、Zbynek Prokop, Jan Brezovsky, Radka Chaloupkova, Jiri Damborsky、永田裕二、千田俊哉 ハロアルカン脱ハロゲン酵素 DbjA の鏡像異性体選択性機構の解明 日本結晶学会誌 **53**: 124-129 (2011) Doi: 10.5940/jcersj.53.124
10. **Nagata, Y., S. Natsui, R. Endo, Y. Ohtsubo, N. Ichikawa, A. Ankai, A. Oguchi, S. Fukui, N. Fujita, and M. Tsuda**. Genomic organization and genomic structural rearrangements of *Sphingobium japonicum* UT26, an archetypal gamma-hexachlorocyclohexane-degrading bacterium. *Enzyme and Microbial Technology* **49**: 499-508 (2011) Doi: 10.1016/j.enzmictec.2011.10.005
11. **Chaloupkova, R., Z. Prokop, Y. Sato, Y. Nagata, and J. Damborsky**. Stereoselectivity and conformational stability of haloalkane dehalogenase DbjA from *Bardyrhizobium japonicum* USDA110: the effect of pH and temperature. *FEBS J.* **278**: 2728-2738 (2011)

- Doi: 10.1111/j.1742-4658.2011.08203.x
12. Prudnikova, T., R. Chaloupkova, Y. Sato, Y. Nagata, O. Degtjarik, M. Kutty, P. Rezacova, J. Damborsky, and I. Kuta Smatanova. Development of a crystallization protocol for the DbeA1 variant of novel haloalkane dehalogenase from *Bradyrhizobium elkanii* USDA94. *Crysta Growth & Design* **11**: 516-519 (2011) Doi: 10.1021/cg1013363
 13. Hasan, K., A. Fortova, T. Koudelakova, R. Chaloupkova, M. Ishitsuka, Y. Nagata, J. Damborsky, and Z. Prokop. Biochemical characteristics of the novel haloalkane dehalogenase DatA isolated from the plant pathogen *Agrobacterium tumefaciens* C58. *Appl. Environ. Microbiol.* **77** (5): 1881-1884 (2011) Doi: 10.1128/AEM.02109-10
 14. Tabata, M., R. Endo, M. Ito, Y. Ohtsubo, A. Kumar, M. Tsuda, and Y. Nagata. The *lin* genes for γ -hexachlorocyclohexane degradation in *Sphingomonas* sp. MM-1 proved to be dispersed across multiple plasmids. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **75** (3): 466-472 (2011) Doi: 10.1271/bbb.100652
 15. 加藤広海、大坪嘉行、永田裕二、津田雅孝 芳香族化合物による土壌攪乱における微生物遺伝子プールの変動 環境バイオテクノロジー学会誌 **10** (2): 63-70 (2010)
 16. 永田裕二 特集「生態機能と環境保全」に寄せて 環境バイオテクノロジー学会誌 **10** (2): 52 (2010)
 17. 永田裕二 環境バイオテクノロジー学会シンポジウム「生態機能と環境保全」微生物生態学会誌 **25** (2): 77-78 (2010)
 18. 大坪嘉行、大坪和香子、永田裕二、津田雅孝 ゲノム解析ソフトウェア GenomeMatcher 化学と生物 **48** (5): 313-319 (2010)
 19. Nagata, Y., Y. Ohtsubo, R. Endo, N. Ichikawa, A. Ankai, A. Oguchi, S. Fukui, N. Fujita, and M. Tsuda. Complete genome sequence of the representative γ -hexachlorocyclohexane-degrading bacterium *Sphingobium japonicum* UT26. *J. Bacteriology* **192**: 5852-5853 (2010) Doi: 10.1128/JB.00961-10
 20. Okai, M., K. Kubota, M. Fukuda, Y. Nagata, K. Nagata, and M. Tanokura. Crystal structure of γ -hexachlorocyclohexane dehydrochlorinase LinA from *Sphingobium japonicum* UT26. *J. Mol. Biol.* **403**: 260-269 (2010) Doi: 10.1016/j.jmb.2010.08.043
 21. Yano, H., M. Miyakoshi, K. Ohshima, M. Tabata, Y. Nagata, M. Hattori, and M. Tsuda. Complete nucleotide sequence of TOL plasmid pDK1 provides evidence for evolutionary history of IncP-7 catabolic plasmids. *J. Bacteriol.* **192**: 4337-4347 (2010) Doi: 10.1128/JB.00359-10
 22. Prokop, Z., Y. Sato, J. Brezovsky, T. Mozga, R. Chaloupkova, T. Koudelakova, P. Jerabek, V. Stepankova, R. Natsume, J. G.E. van Leeuwen, D. B. Janssen, J. Florian, Y. Nagata, T. Senda, and J. Damborsky. Enantioselectivity of Haloalkane Dehalogenases and its Modulation by Surface Loop Engineering. *Angewandte Chemie.* **49**: 6111-6115 (2010) Doi: 10.1002/ange.201001753
 23. Nishiyama, E., Y. Ohtsubo, Y. Nagata, and M. Tsuda. Identification of *Burkholderia multivorans* ATCC 17616 genes induced in soil environment by in vivo expression technology. *Environmental Microbiology* **12**(9): 2539-2558 (2010) Doi: 10.1111/j.1462-2920.2010.02227.x
 24. Matsushima, R., H. Danno, M. Uchida, K. Ishihara, T. Suzuki, M. Kaneniwa, Y. Ohtsubo, Y. Nagata, and M. Tsuda. Analysis of extracellular alginate lyase and its gene from a marine bacterial strain, *Pseudoalteromonas atlantica* AR06. *Appl Microbiol Biotechnol.* **86**: 567-576 (2010) Doi: 10.1007/s00253-009-2278-z
- [学会発表] (計 12 2 件)
(招待講演、シンポジウム、国際学会等、主な発表 11 件のみを記載)
1. 永田裕二「人為起源物質分解細菌の出現と進化」日本農芸化学会第 20 回記念フロンティアシンポジウム 2013 年 3 月 27-28 日 仙台 (招待講演)
 2. 永田裕二、田端理朗、大畑智史、大坪嘉行、津田雅孝「人為起源環境汚染物質分解能を有するスフィンゴモナス細菌群のゲノムと可動性遺伝因子に関する研究」日本農芸化学会 2013 年大会 2013 年 3 月 24-27 日東北大学 (仙台) (口頭発表)
 3. 永田裕二、大畑智史、田端理朗、大坪嘉行、津田雅孝「人為起源物質分解能を有する sphingomonad 細菌群のゲノムと可動性遺伝因子」第 7 回日本ゲノム微生物学会 2013 年 3 月 8-10 日長浜バイオ大学 (長浜) (口頭発表)
 4. 永田裕二、田端理朗、大畑智史、大坪嘉行、津田雅孝「有機塩素系殺虫剤 gamma-HCH 分解細菌のゲノムと可動性遺伝因子に関する研究」第 64 回日本生物工学会大会 2012 年 10 月 23-26 日、神戸 (口頭発表)
 5. Y. Nagata, M. Tabata, S. Ohhata, Y. Ohtsubo, and M. Tsuda. Genomes and mobile genetic elements of gamma-hexachlorocyclohexane-degrading bacterial strains. 15th International Biotechnology Symposium and Exhibition (IBS

2012) Daegu, Korea, September 16-21, 2012
(口頭発表)

6. 永田裕二、遠藤諒、大坪嘉行、津田雅孝
「細菌の有機塩素系殺虫剤分解資化能力を支えるABCトランスポーター」第7回トランスポーター研究会年会 京都、2012年6月9-10日(招待講演)
7. 永田 裕二「人為起源の環境汚染物質分解能を有する細菌ゲノムのダイナミズム」理研シンポジウム「微生物研究の潮流とそれを支えるリソース基盤」平成23年3月11日 理研和光キャンパス 鈴木梅太郎ホール(招待講演)
8. Y. Nagata, Y. Ohtsubo, and M. Tsuda. Aerobic degradation of lindane (γ -hexachlorocyclohexane) in *Sphingobium japonicum* UT26 and its biochemical and molecular basis "Indo-Swiss-Collaboration in Biotechnology" International Conference "Recent Trends in Developing Bioremediation Strategies for Hexachlorocyclohexane (HCH) & Other Chlorinated Contaminants" February 9-11, 2011 University of Delhi, Delhi, India (基調講演)
9. Y. Nagata, S. Natsui, Y. Ohtsubo, N. Ichikawa, A. Ankai, A. Oguch, N. Fujita, and M. Tsuda. Genomic organization and its structural dynamism of *Sphingobium japonicum* UT26, an archetypal γ -hexachlorocyclohexane-degrading bacterium. "Indo-Swiss-Collaboration in Biotechnology" International Conference "Recent Trends in Developing Bioremediation Strategies for Hexachlorocyclohexane (HCH) & Other Chlorinated Contaminants" February 9-11, 2011 University of Delhi, Delhi, India (招待講演)
10. Y. Nagata, S. Natsui, Y. Ohtsubo, N. Ichikawa, A. Ankai, A. Oguchi, N. Fujita, and M. Tsuda. Organization and dynamism of gamma-hexachlorocyclohexane-degrading bacterium *Sphingobium japonicum* UT26 genome. 14th International Biotechnology Symposium and Exhibition Biotechnology for the Sustainability of Human Society 14-18 September 2010, Rimini, Italy. (口頭発表)
11. 永田裕二、大坪嘉行、津田雅孝「微生物遺伝子資源の活用技術」東北大学産総研連携公開講演会 平成22年7月28日 東京・アキバホール

[図書] (計0件)

[産業財産権]

○出願状況 (計0件)

○取得状況 (計0件)

[その他]

ホームページ等

6. 研究組織

(1) 研究代表者

永田 裕二 (NAGATA YUJI)

東北大学・大学院生命科学研究科・准教授

研究者番号：30237531

(2) 研究分担者

津田 雅孝 (TSUDA MASATAKA)

東北大学・大学院生命科学研究科・教授

研究者番号：90172022

大坪 嘉行 (OHTSUBO YOSHIYUKI)

東北大学・大学院生命科学研究科・助教

研究者番号：40342761

(3) 研究協力者

Jiri Damborsky (Jiri Damborsky)

マサリク大学 (チェコ共和国)・理学部・教授

千田 俊哉 (SENDA TOSHIYA)

産業技術総合研究所・バイオメディシナル情報研究センター・主任研究員

田之倉 優 (TANOKURA MASARU)

東京大学・大学院農学生命科学研究科・教授