

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 22 日現在

機関番号：72801

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26450107

研究課題名(和文) 深海由来放線菌群の偏在性解明と有用性に関する研究

研究課題名(英文) Study on biased species of actinomycetes in deep sea and its metabolites

研究代表者

五十嵐 雅之 (IGARASHI, Masayuki)

公益財団法人微生物化学研究会・微生物化学研究所・部長

研究者番号：40260137

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,900,000円

研究成果の概要(和文)：深海底泥に生息する放線菌群に着目し、分類学的解析、代謝産物解析および生理活性物質解析を実施した。日本海溝、相模湾、沖縄トラフ海底泥より204株の放線菌を分離した。分類学的解析については、16S rDNAによる系統解析及びMALDI-TOF MSによる株間の識別方法を確立するとともに新規放線菌を見出した。代謝産物解析では、LC-HRMSを用いた代謝物解析を基にした多変量解析を行った。新規生理活性物質として新規シデロフォア、新規enediyen化合物および関連化合物5種を見出した。解析の結果、深海棲放線菌と陸上棲放線菌群とでは、分類学的多様性に比べ代謝産物多様性が大きく異なる事が判明した。

研究成果の概要(英文)：We focused on actinomycetes inhabiting deep-sea sediments and analyzed taxonomics, metabolites and bioactive substance production. The Actinomycetes isolated 204 strains from the Japan Trench, Sagami Bay, Okinawa Trough sediments. Taxonomical analysis was performed using phylogenetic analysis with 16S rDNA and MALDI-TOF MS. We also found a new actinomycete and established the evaluation method for actinomycetes by MALDI-TOF MS. For metabolite analysis, multivariate analysis based on metabolite analysis using LC-HRMS was performed. We discovered a new siderophore and a new enediyen including 5 kinds of related new compounds as new bioactive compounds. As a result of the analysis, it was found that metabolic product diversity greatly differs from deep-sea and terrestrial actinomycetes in comparison with taxonomic diversity.

研究分野：天然物化学

キーワード：深海底泥 放線菌 Micromonospora 分類 MALDI-TOF MS 新規代謝物 シデロフォア enediyne

1. 研究開始当初の背景

我が国は、排他的経済水域 (EEZ) の面積で世界第 6 位の海洋国家である。多様な海洋探査の実施により、我が国の海洋権益を確保することは重要であり、生物資源についても探査及び持続的な利用が望まれている。深海底環境は、未知の多様な微生物が存在し、陸上や近海域のそれと異なる独特の微生物叢を形成している。海洋域、特に深海域は人間が踏み入ることができない未開拓なところがほとんどであり、海洋微生物由来の生理活性物質の探索研究は未知有用物質の宝庫であると期待される。海洋から得られる天然物は、強毒性、抗菌性、抗腫瘍性などの生物活性を有し、また、これらの化学構造はこれまで陸上生物から得られた二次代謝産物のものと著しく異なる新奇なものである。これらの化合物は、海洋生物に共生する微細藻類や微生物の生産物である可能性が高いと言われている。また、海洋放線菌群は、多くが好塩性や耐塩性を示し、陸棲の放線菌群と同属であるが異なるクラスターを形成することが知られている。これらの背景から、海洋微生物由来の生理活性物質の探索研究は近年盛んに行なわれている。たとえば、海洋特有の放線菌属としては、*Salinispora* 属や *Verrucosipora* 属などが知られており、salinosporamide や abyssomicin などのユニークな化合物が発見され医薬品のリードとして期待されている。

2. 研究の目的

放線菌群は、抗生物質をはじめとする生理活性二次代謝産物の主要生産微生物であり、その代謝産物から数多くの薬が開発されている。しかし、放線菌の二次代謝物からの薬の開発は、近年困難なものになっている。その理由の一つとして、50 年に渡り陸上棲放線菌から基本的に同一の手法で探索研究が横行された事が考えられる。その打開策の一つとして、未開拓な微生物資源が求められている。我々は、海洋に広く分布している放線菌群に着目し、分類学的解析および代謝産物解析を予備的に行なった結果、深海棲放線菌と陸上棲放線菌群とでは、分類学的多様性に比べ代謝産物多様性が異なる事を見出した。本研の目的は、分類学的解析および代謝産物解析を検証するとともに、新たに生理活性物質探索を実施することにより深海棲放線菌の産業上の有用性を判断するものである。

3. 研究の方法

深海底泥および関連する陸上や浅海底泥から放線菌群の分離をおこない分類学的位置付けを明らかにするとともに深海棲放線菌に特徴的な生理活性物質を探索する。分類学的位置付けとしては、(1) 16S rDNA による系統分類、(2) MALDI-TOF MS を用いた株間の識別を行う。探索としては、(3) 代謝物を LC/HRMS による網羅的代謝物データを多変

量解析し深海底泥と陸上の放線菌の代謝物の違いを解析する。(4) LC/HRMS による網羅的解析により特徴的代謝物を検出する。(5) 生物活性として、抗菌活性パターンにより特異的代謝物探索を行なう。

(1) 以下に示した深海底泥サンプル (深度 800~5,000 m) 30 検体を分離源として用いた。分離培地 4 種類を用い培養温度 27、30、37 で培養を行い、合計 239 株の放線菌を分離した。得られた分離株の分類学的多様性は 16S rRNA 約 700 bp を解析することで評価した。

ID	Depth(m)	Sampling site	Latitude(N)	Longitude(E)	Other information
MM369	6980	日本海溝	40° 1.8365'N	144° 12.9636'E	海溝中央軸陸側斜面
MM370	6983	日本海溝	40° 1.7133'N	144° 12.9172'E	海溝中央軸陸側斜面
MM371	6931	日本海溝	39° 18.2473'N	144° 9.0215'E	海溝中央軸陸側斜面
MM453M	5347	日本海溝	39° 6.330'N	143° 53.563'E	Inside of Calyptogenia community
MM454M	5352	日本海溝	39° 6.234'N	143° 53.921'E	Inside of Calyptogenia community
MM455M	1171	相模湾	35° 0.072'N	139° 13.477'E	Inside of Calyptogenia community
MM456M	806	相模湾	35° 0.940'N	139° 13.222'E	Inside of Calyptogenia community
MM457M	1344	沖縄トラフ	27° 15.99'N	127° 05.05'E	Close from Calyptogenia dead body
MM464M	928	相模湾	35° 04.9946'N	139° 13.0143'E	さがみクジラから3m離れたところ
MM465M	928	相模湾	35° 04.9946'N	139° 13.0143'E	さがみクジラ骨横
MM466M	928	相模湾	35° 04.9946'N	139° 13.0143'E	さがみクジラ骨下
MM471M	923	相模湾	35° 04.9295'N	139° 12.9794'E	さがみクジラ鯨ろう横、硫化水素臭
MM472M	927	相模湾	35° 04.9899'N	139° 13.0127'E	さがみクジラ骨横
MM529M	1127	日本海溝	39° 22.8723'N	142° 29.6008'E	
MM530M	1124	日本海溝	39° 22.8656'N	142° 29.5323'E	
MM531M	1112	日本海溝	39° 22.8306'N	142° 29.2904'E	
MM532M	1116	日本海溝	39° 22.8544'N	142° 29.3870'E	
MM533M	1101	日本海	42° 18.0491'N	139° 28.5446'E	
MM534M	1063	日本海	42° 18.1298'N	139° 28.4670'E	
MM536M	1063	日本海	42° 18.1298'N	139° 28.4670'E	
MM538M	1101	日本海	42° 18.0491'N	139° 28.5446'E	
MM563M	3012	日本海溝	38° 39.513'N	143° 33.9213'E	
MM565M	329	日本海溝	39° 26.5346'N	142° 12.8655'E	

得られた放線菌のうち主要放線菌である *Micromonospora* 属については、16S rRNA の全長を解析し詳細な系統分類を行った。すなわち、*Micromonospora* 属基準株 21 株および *Micromonospora* 属野生株 (*M. aurantiaca* 基準株に対する 16S rRNA 塩基配列相同性 99.5~100%) を試験菌株として用い、2 倍に希釈した ISP No.2 液体培地 (1/2 ISP No.2 液体培地) を用いて 2~4 日間培養した菌体を試料とした。*Micromonospora* 属の分離株は定法に基づき 16S rDNA の塩基配列解析を行い、BLAST による相同性検索を行うことで分類学的位置を推定した。16S rRNA 塩基配列による系統解析の結果、近縁と判断された基準株と分離株 2 株について培養性状、生理学性状試験および DNA-DNA 相同性試験を行った。

(2) 菌体からのタンパク抽出法はエタノール・ギ酸抽出法およびジルコニアピーズを用いた破碎抽出法の両手法を検討した。測定装置は島津製作所・KRATOS 社製 AXIMA-TOF² MALDI-TOF MS を用い、*m/z* 4000~20000 の範囲で測定した。ピーク強度上位 200 ピークをリスト化し、SPECLUS を使用してクラスター解析を行った。

(3) (1) で得られた放線菌 239 株について、液体培養および固体培養を行った。液体培養については、菌体を含む培養液をブタノールにより抽出し、固体培養は、培養終了後エタノール抽出し試験に供した。HRMS は MS : Q Exactive もしくは LTQ Orbitrap XL

mass spectrometer (Thermo Fisher Scientific) を用いた。データの解析は SIMCA13 (Umetrics) を用いて行った。

(4) (3) の条件下で LC/HRMS による網羅的解析により特徴的代謝物を解析し Dictionary of Natural Products で掲載されている微生物代謝物(12 019 化合物)と、分子式、および UV 吸収について比較した。さらに、HPLC 保持時間を参考として特異的ピークの検索を行った。

(5) 239 株の放線菌培養物を用い、薬剤耐性病原細菌に対する抗菌活性を指標にスクリーニングを行った。被験菌として、黄色ブドウ球菌(MRSA, VISA)、腸球菌(VRE)、大腸菌(*Escherichia coli*, NDM-1)、肺炎桿菌等の現在問題になっている多剤耐性菌を用い抗菌化合物の探索を行った。

4. 研究成果

(1) 深海底泥より得られた 239 株の分類学的多様性は 16S rRNA 約 700 bp を解析することで評価した。その結果 *Streptomyces* 属が 28%、*Micromonospora* 属が 54%、その他に *Verrucosipora* や *Plantactinopora* といった種として報告例が少ない希少放線菌を含む 12 属が 18% の割合で存在することが認められ、*Micromonospora* 属が優占種として分離されること、深海底泥が放線菌の分離源として有用であることが示唆された。*Micromonospora* 属についてさらに詳細な分類学的位置を決定するため *Micromonospora* 属と同定された 96 株の 16S rDNA 全長を対象として系統樹を作成した。その結果、一部の野生株は *M. aurantiaca* 基準株に対してクラスターを形成し、他の野生株は比較的分散して存在することが認められた。(図 1)

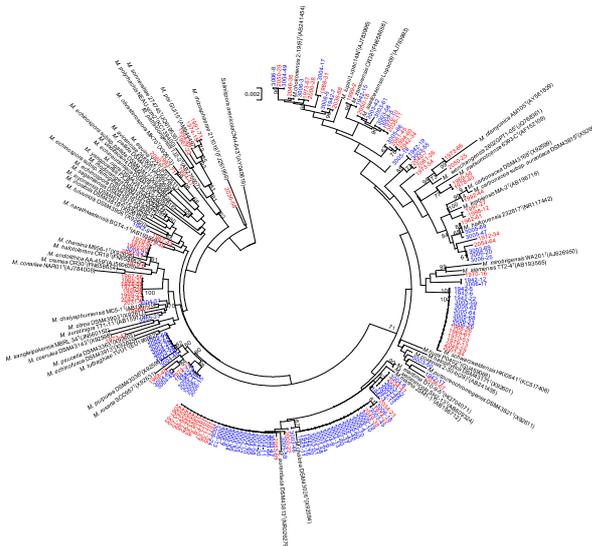


図 1 深海(青)および陸上(赤)より得られた *Micromonospora* 属の 16S rDNA 塩基配列を基にした Neighbor-joining 法による系統樹

Micromonospora 属 96 株について同源性検

索を行った結果、日本海溝深度 6,931 m より分離された MM371-m1 株、1,116 m より分離された MM532M-173N4 株が既知基準株に対して低い同源性を示し、同源性の値はそれぞれ *M. palomenae* NEAU-CX1T に対して 99.1% であり新種の可能性が示唆された。16S rDNA 塩基配列をもとに系統解析を行った結果、上記の分離株は *M. maerensis* および *M. vulcania* により形成される群と *M. palomenae* および *M. nickelidurans* により形成される群の中間に位置することが認められ新種の *Micromonospora* 属であると考えられた。現在、表現型、遺伝型および MALDI TOF-MS 測定より得られたマススペクトルによるクラスター分析をもとに分類学的位置付けを行っている。(図 2)

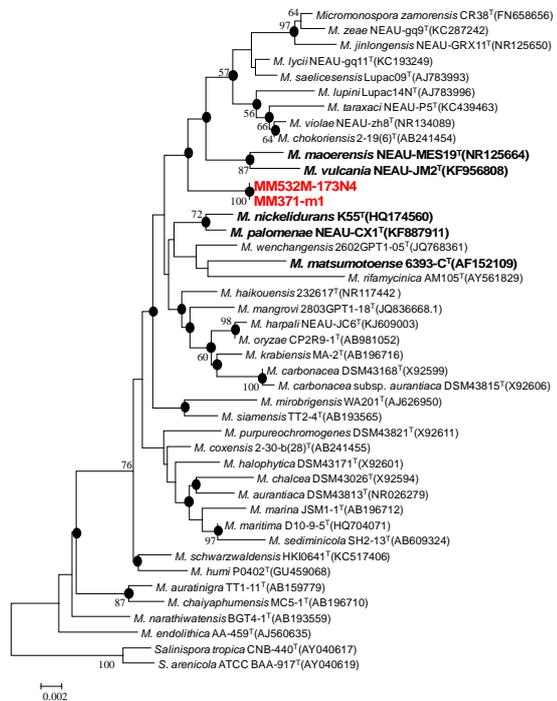
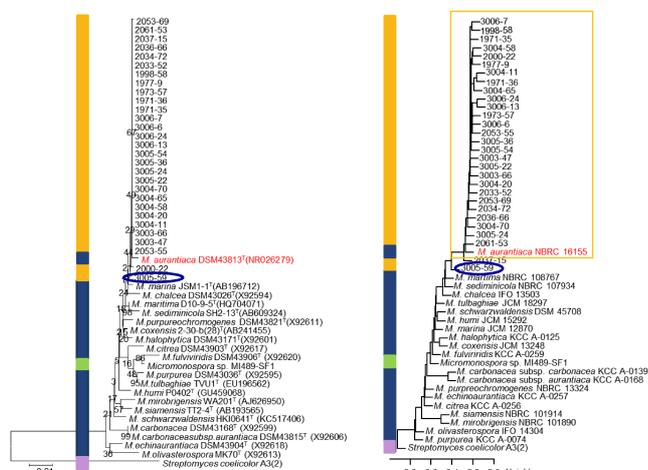


図 2 *Micromonospora* 属 MM371-m1, および MM532M-173N4 株の系統解析.

(2) 種々の条件検討によりスラント保存菌株よりシード培養を行い、一定時間本培養を行った菌体をサンプルとして用いることにより生育速度の異なる菌株においても安定したスペクトルを示すことを認めた。さらに菌体をビーズ破碎することにより S/N 比の向上した良質なスペクトルデータの取得が可能となった。そこで本条件下で、*Micromonospora* 属基準株および野生株についてクラスター解析を行った。その結果、野生株は近縁である *M. aurantiaca* を含むクラスターを形成し、MALDI-TOF MS によるタイピングは種レベルでの識別が可能であることを示した。MALDI マススペクトルの類似度による識別の結果は、16S rRNA 同源性および DNA-DNA 分子交雑法による結果を支持した。このことから MALDI マススペクトルを用いた *Micromonospora* 属放線菌において、既存

種と新種の識別が可能であることを示した。(図3)



All isolates except for the strain 3005-59 were as:
 ■ Type strains of *Micromonospora*, ■ 29 isolates of *M. aurantiaca*, ■ *Micromonospora* sp. M1489-SF1, ■ *S. coelicolor* A3(2)

図3 深海および陸上より得られた *Micromonospora* 属の 16S rDNA 塩基配列を基にした系統樹(左)と MALDI MS を基にした類似係数(右)の比較

(3) MALDI マススペクトルのクラスター分析、16S rRNA 系統解析および代謝物主成分解析を比較した結果、MALDI マススペクトルのクラスターと代謝物主成分解析のスコアプロットでは菌株間の位置関係に相関が見られた。一方で 16S rRNA 系統樹と MALDI マススペクトルのクラスターもしくは代謝物主成分解析のスコアプロットでは乖離している部分が散見された。(図4)

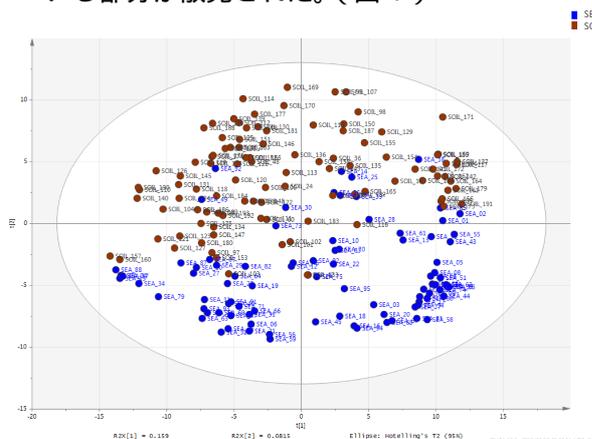


図4 深海および陸上由来放線菌培養物の PCA 解析。

(4) 深海底泥由来放線菌培養物を LC-ESI/MS で分析し、ピーク抽出して得られた精密質量を Dictionary of Natural Products に掲載の既知化合物の精密質量と照合して一致が無いピークを探索した。本探索により、北緯 35°0.940', 東経 139°13.222' の相模湾深度 806 m のシロウリガイ群集内底泥から分離した深海底泥由来放線菌 MM456M-mF7 株の培養物中に目的の化合物 MM456M-mF7 A および B) を見出した。MM456M-mF7 株は、16S rRNA 解析より

Streptomyces fradiae NRRL B-1195 と 99.5% の相同性があったことから本菌株を *Streptomyces fradiae* MM456M-mF7 と同定した。本菌株の麦固体培養サンプル 600 g を EtOH で抽出し、LC/MS で m/z 435.2086 および m/z 449.2242 の Dictionary of Natural Products で未掲載の化合物ピークを見出し、fradiamines A および fradiamines B と命名し、本ピークを指標として C18 および HILIC HPLC を順次行い、A, 10.5 mg および B, 187.3 mg を単離精製した。本物質は、精密質量からそれぞれ $C_{17}H_{30}N_4O_9$, $C_{18}H_{32}N_4O_9$ と決定し。さらに NMR スペクトルの詳細な解析, MS フラグメント解析および呈色反応により、本物質は、クエン酸に A 物質は C4 および C3 の、B 物質は C5 および C3 の 2 種の直鎖ジアミンがペプチド結合し、末端に N ヒドロキシアセチル基を有する構造であると決定した。(図5)

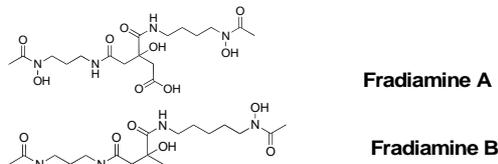


図5 Fradiamine A および B の構造

fradiamines A は新規化合物であったが、fradiamines B は、甘味増強剤の特許既知化合物であることが判明した。化合物名 A, B は *Clostridium* 属および *Blautia* 属の菌株に対して中程度の抗菌活性を示した。(表1)

Test microorganisms	MIC (μg/ml)	MIC (μg/ml)	
		Fradiamine A	Fradiamine B
<i>Megasphaera elsdenii</i>	JCM 1772T	128	16
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	JCM 1769	128	16
<i>Blautia productus</i>	JCM 1471T	64	8
<i>B. hydrogenotrophicus</i>	JCM 14656T	8	4
<i>B. hansenii</i>	JCM 14655T	8	4
<i>B. coccoides</i>	JCM 1395T	>128	16
<i>Veillonella parvula</i>	JCM 12972T	>128	>128
<i>Clostridium bifermens</i>	JCM 1386T	64	128
<i>C. butyricum</i>	JCM 1391T	16	8
<i>C. difficile</i>	JCM 1296	64	16
<i>C. difficile</i>	BAA-1382	32	8
<i>C. nodosus</i>	JCM 1380T	>128	16
<i>C. innocuum</i>	JCM 1292T	>128	32
<i>C. limosum</i>	JCM 1427T	>128	128
<i>C. perfringens</i>	PB6K	>128	>128
<i>C. ramosum</i>	JCM 1298T	>128	64

表1 Fradiamine A および B の抗菌活性

(5) 薬剤耐性腸内細菌科細菌 (*Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*) を用いて抗菌活性を指標に探索を行なった。日本海溝(北緯 39°26.5346', 東経 142°12.8655', 深さ 329 m) から採取した底泥より分離した一放線菌 *Nonomuraea* sp. MM565M-173N2 株の培養液より Slutomicin 類を見出した。活性物質の精製・単離は、以下に行なった。即ち、MM565M-173N2 株の培養液 220 リットルより、菌体を MeOH で抽出し濃縮後、培養上清とともに EtOAc 抽出を行なった。活性画分は、ゲル濾過および HPLC を用いて精製し、MM565M-173N2 A (1.8 mg)、B (1.5 mg)、C (0.8 mg) および D (0.8 mg) をそれぞれ単離し、Slutomicin A, B, C, D と命名した。

Slutomicin A, B, C および D は、高分解

能 ESIMS より、それぞれ $C_{29}H_{20}NO_8$ 、 $C_{28}H_{20}NO_8$ 、 $C_{29}H_{24}NO_8$ および $C_{28}H_{20}NO_7$ と決定し、4 種ともに新規物質であった。本物質の平面構造は、各種 NMR スペクトルの解析により、A は新規 enediyne 系抗生物質であると決定した。また、B、C および D は、A の芳香環化体であることが判明した。さらに A、B、C および D の立体化学構造の解析は、NOE および CD スペクトルの解析から図に示す構造であると決定した。(図 6)

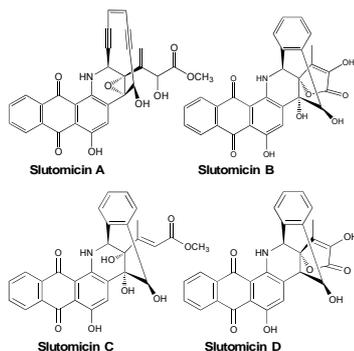


図 6 Slutomicin 類の構造

Slutomicin A および B について抗菌活性を測定した。その結果、A および B は、MRSA などの多剤耐性グラム陽性菌、CRE および NDM-1 を含む多剤耐性グラム陰性菌に対し抗菌活性を示し、特に A 物質は強い活性を示した。(表 2)

表 2 Slutomicin A および B の抗菌活性

Test organisms	MIC ($\mu\text{g/ml}$)			
	Comp.A	Comp.B	MEPM	Colistin
<i>Staphylococcus aureus</i> FDA 209P	0.00625	0.2	0.05	>25.6
<i>Staphylococcus aureus</i> MS15009 GMr	MDR	0.0125	0.2	0.025
<i>Staphylococcus aureus</i> MRSA No.5	MRSA	0.0125	0.4	6.4
<i>Staphylococcus aureus</i> MRSA No. 17	MRSA	0.0125	0.4	0.1
<i>Escherichia coli</i> K-12		0.05	6.4	0.0125
<i>Escherichia coli</i> DH5 α β UC57	MCR-1	0.05	>6.4	0.025
<i>Escherichia coli</i> DH5 α β UC57	MCR-2	0.1	>6.4	0.025
<i>Escherichia coli</i> NDM-1 Dok01	NDM-1	0.1	>6.4	3.2
<i>Enterobacter cloacae</i> ATCC BAA-2468	NDM-1	0.1	>6.4	>6.4
<i>Klebsiella pneumoniae</i> NDM-1 Sal01	NDM-1	0.2	>6.4	3.2
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> A3		0.1	3.2	0.4
<i>Acinetobacter baumannii</i> NCGM237	ArmA	0.2	3.2	>6.4

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 2 件)

著者名: Takehana Y, Umekita M, Hatano M, Kato C, Sawa R, Igarashi M.

論文標題: Fradiamine A, a new siderophore from the deep-sea actinomycete *Streptomyces fradiae* MM456M-mF7.

雑誌名: J Antibio.

巻: 70

発行年: 2017

最初と最後の頁: 611-615

査読の有無: 有

Doi: 10.1038/ja.2017.26.

著者名: Wada S, Sawa R, Ohba S, Hayashi

C, Umekita M, Shibuya Y, Iijima K, Iwanami F, Igarashi M.

論文標題: Stability and Bioavailability of Lentztrehaloses A, B, and C as Replacements for Trehalose.

雑誌名: J Agric Food Chem.

巻: 64

発行年: 2016

最初と最後の頁: 7121-7126

査読の有無: 有

Doi: 10.1021/acs.jafc.6b02782.

〔学会発表〕(計 11 件)

1 発表者名: 高橋裕子, 波多野和樹, 五十嵐雅之, 澤竜二, 梅沢洋二, 加藤千明

発表標題: MALDI-TOF MS を用いた放線菌の識別

学会等名: 日本農芸化学会 2017 年度大会

発表年月日: 2017/3/19

発表場所: 京都女子大学(京都府京都市)

2 発表者名: 五十嵐雅之, 澤竜二, 梅北まや, 林千草, 波多野和樹, 加藤千明

発表標題: 深海底泥由来放線菌の生産する新規 enediyne 系抗生物質に関する研究

学会等名: 日本農芸化学会 2017 年度大会

発表年月日: 2017/3/19

発表場所: 京都女子大学(京都府京都市)

3 発表者名: 和田俊一, 澤竜二, 大庭俊一, 林千草, 梅北まや, 渋谷優子, 飯島希昌子, 五十嵐雅之

発表標題: *Lentzea* 属放線菌由来 lentztrehalose 類の trehalose 改良品としての安定性評価

学会等名: 第 31 回日本放線菌学会大会

発表年月日: 2016/9/9

発表場所: 東京大学(東京都文京区)

4 発表者名: 波多野和樹, 高橋裕子, 澤竜二, 五十嵐雅之, 加藤千明

発表標題: 深海由来 *Micromonospora* 属の分類学的研究

学会等名: 第 31 回日本放線菌学会大会

発表年月日: 2016/9/9

発表場所: 東京大学(東京都文京区)

5 発表者名: 高橋裕子, 波多野和樹, 五十嵐雅之, 澤竜二, 梅沢洋二, 加藤千明

発表標題: MALDI-TOF MS を用いた放線菌の識別

学会等名: JASIS コンファレンス

発表年月日: 2016/9/7

発表場所: 幕張メッセ国際会議場(千葉県千葉市)

6 発表者名: 高橋裕子, 波多野和樹, 五十嵐雅之, 澤竜二, 梅沢洋二, 加藤千明

発表標題: MALDI-TOF MS を用いた放線菌の識別

学会等名：第 43 回 BMS コンファレンス
発表年月日：2016/7/5
発表場所：ホテル ニューアカオ(静岡県熱海市)

7 発表者名：竹花康弘、澤竜一、五十嵐雅之、波多野和樹、梅北まや、林千草、梅沢洋二、加藤千明
発表標題：深海底泥由来放線菌二次代謝産物からの新規シデロフォアの発見
学会等名：日本農芸化学会 2016 年度大会
発表年月日：2016/03/29
発表場所：札幌コンベンションセンター(北海道札幌市)

8 発表者名：波多野和樹、高橋裕子、澤竜一、五十嵐雅之、加藤千明
発表標題：深海底泥からの放線菌の分離、分類と代謝物の多様性
学会等名：日本農芸化学会 2016 年度大会
発表年月日：2016/03/29
発表場所：札幌コンベンションセンター(北海道札幌市)

9 発表者名：波多野和樹、高橋裕子、澤竜一、五十嵐雅之、加藤千明、柴崎正勝
発表標題：MALDI-TOF MS を用いた深海由来 *Micromonospora* 属菌種の識別
学会等名：第 30 回日本放線菌学会大会
発表年月日：2015/9/8
発表場所：富山国際会議場(富山富山市)

10 発表者名：高橋裕子、澤竜一、波多野和樹、五十嵐雅之、梅沢洋二、加藤千明、柴崎正勝
発表標題：MALDI-TOF MS を用いた放線菌の分類の試み
学会等名：第 42 回 BMS コンファレンス
発表年月日：2015/7/7
発表場所：岐阜グランドホテル(岐阜県岐阜市)

11 発表者名：澤竜一、高橋裕子、波多野和樹、五十嵐雅之、梅沢洋二、加藤千明、柴崎正勝
発表標題：MALDI-TOF MS を用いた有用微生物である放線菌の識別について
学会等名：第 42 回 BMS コンファレンス
発表年月日：2015/7/7
発表場所：岐阜グランドホテル(岐阜県岐阜市)

12 発表者名：五十嵐雅之、波多野和樹、澤竜一、木下直子、加藤千明、野本明男
発表標題：深海底泥棲 *Micromonospora* 属放線菌と陸棲 *Micromonospora* 属放線菌の多様性
学会等名：第 41 回 BMS コンファレンス
発表年月日：2014/7/8
発表場所：能登ロイヤルホテル(石川県羽咋

郡)

〔その他〕
ホームページ等
<http://www.bikaken.or.jp>

6 . 研究組織
(1)研究代表者
五十嵐 雅之 (IGARASHI, Masayuki)
公益財団法人微生物化学研究会・微生物化学研究所・部長
研究者番号：40260137

(3)連携研究者
澤 竜一 (SAWA, Ryuichi)
公益財団法人微生物化学研究会・微生物化学研究所・主席研究員
研究者番号：50235454

和田 俊一 (WADA, Syunichi)
公益財団法人微生物化学研究会・微生物化学研究所・上級研究員
研究者番号：40450233

波多野 和樹 (HATANO, Masaki)
公益財団法人微生物化学研究会・微生物化学研究所・上級研究員
研究者番号：40414106

加藤 千明 (KATO, Chiaki)
国立研究開発法人海洋研究開発機構・海洋生物多様性研究分野・シニアスタッフ
研究者番号：90360750