

令和 3 年 5 月 17 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(S)

研究期間：2016～2020

課題番号：16H06381

研究課題名(和文) 時空間的探索による一酸化炭素資化菌の包括的研究とその応用基盤の構築

研究課題名(英文) Comprehensive, spatiotemporal study and applied research of carboxydrotrophs

研究代表者

左子 芳彦 (SAKO, Yoshihiko)

京都大学・農学研究科・研究員

研究者番号：60153970

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 134,600,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、好熱性CO資化菌によるバイオ触媒開発に向けた培養条件の最適化や遺伝子組換え株の創出など応用技術基盤の構築に成功した。海洋コアなどの環境試料から11もの新規培養株を確立し、オミクス解析によって多様なCO代謝機構を明らかにした。さらに、これら新規株を含む全原核生物ゲノムのバイオインフォマティクス解析により水素生成を担う多様なCO資化菌が国内の熱水環境に広く分布することを示した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

世界有数の火山大国である我が国の火山帯水圏環境から単離した新規CO資化菌とそのオミクス解析データなどの生物情報資源はCO代謝酵素を用いたC1化学や次世代エネルギーである水素ガス生産における微生物触媒候補を総合的に理解し、将来的なバイオ新技術の開発に資する。さらに本成果は、始原生物が有していたとされる太古のCO代謝経路の多様性やCO資化菌の生存環境やその生態を明らかにし、水圏微生物学全体の発展に大きく貢献する。

研究成果の概要(英文)：In this project, we succeeded in the construction of the basis of developing new technologies for a sustainable low-carbon society, such as the optimization of culture conditions for development of useful biocatalysts, i.e., thermophilic carboxydrotrophs, and the establishment of genetically modified strains. As many as 11 new strains of carboxydrotrophs were isolated from environmental samples such as marine sediment cores, and various CO metabolisms were identified from those by 'omics' analyses. In addition, bioinformatics analyses of all available prokaryotic genome data including the above new strains revealed hydrogenogenic carboxydrotrophs widely distributed in hydrothermal environments in Japan.

研究分野：水圏生命科学

キーワード：一酸化炭素資化菌 CO代謝 ゲノム解析 トランスクリプトーム解析 海洋コア 好熱菌 ミクロコズム

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1. 研究開始当初の背景

有毒ガスである一酸化炭素 (CO) をエネルギー・炭素源として資化可能な微生物は CO 資化菌と総称される。CO 資化には複数の CO デヒドロゲナーゼ (CODH) が関与しており、ATP 合成、炭酸固定や還元力生成といった多岐に渡る代謝に寄与する。中でも水素 (H₂) 生成型 CO 資化菌は合成ガスに含まれる CO を利用して、高効率かつ高純度に H₂ を生成する微生物触媒への応用が期待されている。一方、CO は C1 化学の前駆物質でもあり多種多様な炭素化合物の合成に利用される。そのため CO₂ から CO の可逆反応を行なう CODH は、CO₂ から CO を生成する持続的バイオ触媒としても注目されている。したがって、より高効率なバイオ触媒の開発に向け、CO 資化菌の資源化が望まれている。研究代表者らは、組換え CODH 大量発現系の構築 (Inoue *et al.*, 2011; 2014) や独自の培養技術による H₂ 生成型 CO 資化菌の分離培養 (Yoneda *et al.*, 2012; 2013) を行ってきた。特に、世界でも有数の海底カルデラである鹿児島県鬼界カルデラ海底コアから分離した新属種の細菌は、孢子として堆積コア内で休眠中の古代型 CO 資化菌と予測され、代謝過程に CO を共役させ、直接電子を取り込む強力な CO 利用能を有していた。

2. 研究の目的

本研究では、強力な CO 利用能を有したまま堆積物中で休眠している古代型を中心に CO 資化菌を総合的に理解し、本菌を用いた次世代炭素・エネルギー循環技術の基盤創生を目指すため、以下の3つの大きな研究目標を設定した。(1) **新規 CO 資化菌の分離探索とゲノム・メタゲノム解析による CO 代謝遺伝子群の多様性の解明**、(2) **CO 資化および H₂ 生産を中心とした未知の環境微生物代謝系の解明**、(3) **高性能 CODH の生化学的特性に基づいた効率的 H₂ 生成微生物の作出と CO₂ 還元バイオ触媒開発の基盤構築**、である。

3. 研究の方法

(1) 新規 CO 資化菌の分離探索とゲノム・メタゲノム解析による CO 代謝遺伝子群の多様性の解明

海底、湖底、及び多様な陸上熱水環境から採取した堆積物試料における H₂ 生成型 CO 資化菌の分離探索と次世代シーケンサーを用いた分離株の全ゲノム解読を行った。環境試料の微生物群集構造解析および H₂ 生成型 CODH を標的とした DNA メタバーコーディング解析を行った。

(2) CO 資化および H₂ 生産を中心とした未知の環境微生物代謝系の解明

分離株の比較生理性状解析と比較ゲノム・トランスクリプトーム解析を行った。

(3) 高性能 CODH の生化学的特性に基づいた効率的 H₂ 生成微生物の作出と CO₂ 還元バイオ触媒開発の基盤構築

ゲノム・メタゲノムデータベースを用いて CODH の網羅的分類を行った。分離株を用いた遺伝子組換え体の作製を行った。

4. 研究成果

(1) 新規 CO 資化菌の分離探索とゲノム・メタゲノム解析による CO 代謝遺伝子群の多様性の解明

日本各地の温泉、カルデラ湖、そして海底コアのサンプルから、新規 H₂ 生成型 CO 資化菌 11 株の分離・培養に成功し、これらを含む 10 株について全ゲノム配列を決定した (図 1)。クロストリジウム綱に属する株として *Moorella* 属細菌 5 株、*Carboxydocella* 属細菌 3 株、*Thermanaeromonas* 属細菌 1 株が分離され、*Moorella* 属および *Thermanaeromonas* 属分離株は新種であると考えられた (Fukuyama *et al.*, 2017a; 2019a; Inoue *et al.*, 2020a)。また、パチルス綱に属する株として *Parageobacillus* 属細菌 2 種、TG4 株 (図 2; Inoue *et al.*, 2019a) および G301 株、を分離することに成功した。*Parageobacillus* 属細菌 2 株は絶対嫌気性であるクロストリジウム綱 CO 資化菌とは異なり、酸素存在下での好氣的呼吸による従属栄養増殖能に加え、嫌気 CO 雰囲気下では高い CO 消費活性と H₂ 生成能を有することが明らかとなった。本 2 株は、将来的な CO 活用プラントの開発に有用な成育特性を有する微生物触媒の候補となりうる。*Parageobacillus* 属 (Suzuki *et al.*, 1984) は我が国において初めて分離され、代謝工学のモデル生物として利用されており、これらの株は高性能組換え微生物の作出に応用可能であると考えられた (本株を用いた応用技術開発について下記(3)に記載)。

菌株の分離と並行し、シングルセルゲノミクスを用いた H₂ 生成型 CO 資化菌の時空間的探索

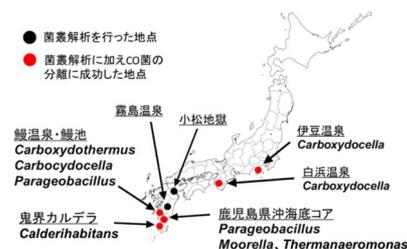


図 1. H₂ 生成型 CO 資化菌の分離及び微生物叢解析を行った地点

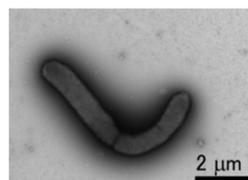


図 2. *Parageobacillus* 属細菌 TG4 株の電子顕微鏡写真

に向けて堆積物中に休眠している本菌胞子の濃縮・単離を試みたが、本菌胞子の濃縮には至らなかった。この原因として、CO 資化菌の存在量が本研究計画当初に想定された以上に低密度である可能性があった。そこで、まずどの環境にどのくらいの相対存在量で本菌が存在するのかを明らかにするため、堆積物試料から本菌を検出する手法の確立を試みた。これまで H₂ 生成型 CO 資化菌が分離されている複数の火山性熱水環境堆積物から得られた 100 を超える環境試料について、次世代シーケンシング技術を用いて微生物群集構造解析を行った (図 1) (Omae *et al.*, 2019)。80°C を超える高温環境や pH 4 を下回る酸性環境といった本菌の増殖に不適な環境においても、全微生物の 0.1% 以下と低密度ではあるが広く分布していたことから、H₂ 生成型 CO 資化菌は胞子を形成して環境中で拡散し、環境変化に応答して発芽し、微生物生態学的ニッチを獲得している可能性を見出した。微生物群集構造解析では既知の H₂ 生成型 CO 資化菌由来の配列しか同定できないという制約はあるため、多様な分類系統に分布する新規 CO 資化菌を網羅的に検出・定量する分子生物学的手法が必要であった。そこで本菌が有する CO 資化酵素 CODH 遺伝子に着目し、本遺伝子を堆積物試料から検出する手法の開発を行った。特に本研究の目的である H₂ 生成型 CODH 遺伝子に特異的な PCR 増幅法を確立した。本遺伝子が検出されるということは、その環境に H₂ 生成型 CO 資化菌が存在することを示す。H₂ 生成型 CODH を標的とした DNA メタバーコーディング解析を行い、これら環境試料には未知の H₂ 生成型 CODH を有する CO 資化菌が存在することが明らかになった (Omae *et al.*, 2021)。一方で、いずれの手法でもメタンハイドレートコアを含む海底堆積物コアからは H₂ 生成型 CO 資化菌を検出することはできなかった。すなわち本環境における CO 資化菌の相対存在量は極めて低いことが示唆された。そこで、存在量の少ない休眠中の本菌を集積するために CO 応答環境マイクロコズムを構築し、上記の分子生物学的手法を適用することで、CO に応答した微生物叢の変遷とこれまで検出できなかった新規な CODH 遺伝子を複数発見することに成功した。これらマイクロコズム試料のショットガンメタゲノム解析によって H₂ 生成型 CO 資化酵素を有する細菌ゲノムの再構築を行ったところ、新科に分類される CO 資化菌の存在が明らかになった。本成果は、CO 資化菌は低密度であるが極めて広範に分布しており、そのような低密度で存在する環境からも微生物触媒候補となる新規 CO 資化菌が分離できる可能性があることと、そのために本研究で行ったマイクロコズム法は有用であることが示された。

(2) CO 資化および H₂ 生産を中心とした未知の環境微生物代謝系の解明

H₂ 生成型 CO 資化菌には CODH/ヒドロゲナーゼ (ECH) 遺伝子クラスターが保存されており、同一遺伝子クラスターとして存在していることが H₂ 生成を伴う CO 代謝に必須であると考えられていた。しかし、我々が分離培養に成功した *Carboxydotherrnus pertinax* のゲノムには CODH 遺伝子が ECH 遺伝子と異なる遺伝子クラスターに存在しており、CO 酸化から H₂ 生成に至る代謝経路の遺伝子発現制御機構の多様性が示された (Fukuyama *et al.*, 2017b; 2018)。ECH 遺伝子と異なる遺伝子クラスターに存在する CODH 遺伝子の発現パターンを観察するため、*C. pertinax* において、RNA-Seq を用いた CO 応答トランスクリプトーム解析を行った。その結果、本菌が異なる遺伝子クラスター上の CODH と ECH を共役させる新規な CO 代謝調節機構を有することを見出した (Fukuyama *et al.*, 2019)。異なる遺伝子クラスター上に存在していても CODH と ECH が共役するという発見は、将来的な遺伝子改変技術による CODH 遺伝子導入とそれによる高効率 CO 資化菌作出のための技術基盤となる。また、本菌は CO 酸化で得られた還元力の一部をチオ硫酸還元と共役させることで熱力学的に有利な CO 代謝を行うことを示した (図 3)。

さらに、古代型 CO 資化菌 *Calderihabitans maritimus* の詳細なゲノム解析を行った (Omae *et al.*,

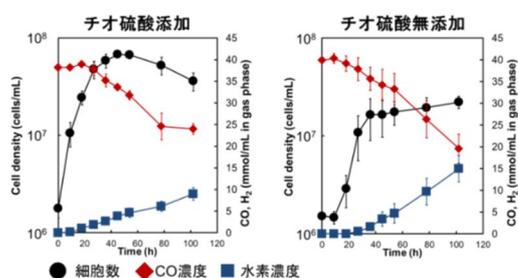


図 3. *C. pertinax* のチオ硫酸添加及び無添加区における増殖曲線と CO 資化・H₂ 生成能

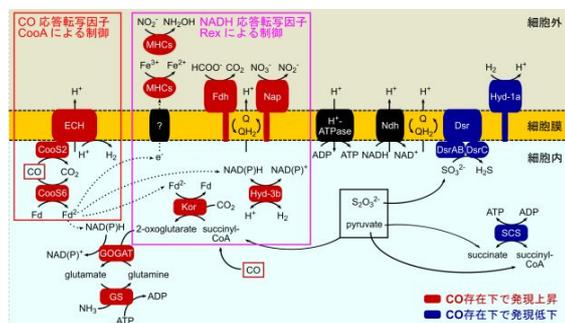


図 4. 古代型 *C. maritimus* の CO 代謝とその応答機構

2017)。 *C. maritimus* は、CODH/ECH を含む全微生物で最多の 7 つの CODH を有し、それぞれの CODH は異なる機能を有すると考えられた。最近縁種である *Moorella* 属細菌との比較ゲノム解析により、CO 代謝に特化したゲノム構造が明らかとなり古代型 CO 資化菌として強力な CO 代謝能を有すると予測され、本論文は米国微生物学会刊行の著名な学術誌 *Applied Environmental Microbiology* の表紙を飾った。そこで、*C. maritimus* の CO 応答トランスクリプトーム解析を行ったところ、これまで知られていなかった CO の還元力を利用したアミノ酸合成や細胞外への電子伝達など、新規共役機構の存在を明らかにした (Inoue *et al.*, 2020b)。加えて、CO 酸化で得ら

れた還元力に応答した新規 CO 転写応答機構を発見した (図 4)。以上の結果から、CO 代謝・応答機構は菌によって異なっており、CO 代謝の高い可塑性と CO 資化菌の CO への適応進化の多様性が示唆された。

(1) で新たに分離した酸素耐性を有する *Parageobacillus* 属 G301 株は CODH/ECH の他に CO 代謝酵素遺伝子として CO 酸化と好気呼吸を共役させる好気型 CODH を有していた。そこで、電子受容体を変えて G301 株の CO 酸化能を調べた結果、本株は電子受容体が存在しない発酵条件下では H₂ 生成型 CO 酸化を、酸素存在下では好氣的 CO 酸化を、嫌気呼吸時の電子受容体である硝酸存在下では硝酸呼吸型 CO 酸化を行うことが明らかになった。本株は CODH/ECH と好気型 CODH の両方の酵素を用いる初めての CO 資化菌であり、G301 株は本株が有するすべての呼吸と CO 酸化を共役させることができる CO の利用に特化した菌株であることが明らかになった。

本研究では種々の CO 資化菌が行う CO 酸化が複数の代謝経路と共役して機能していることが明らかになった。このことは、CO 酸化と他の有用物質生産経路との共役による炭素・エネルギー循環技術の可能性をより強固なものにすると考えられる。

(3) 高性能 CODH の生化学的特性に基づいた効率的 H₂ 生成微生物の作出と CO₂ 還元バイオ触媒開発の基盤構築

本菌の鍵酵素である CODH に関して、130,000 を超える原核生物ゲノム・メタゲノムデータベースを用いて、1,942 個の CODH 様タンパク質の構造的特徴と関連遺伝子群の網羅的な分類を行った (図 5) (Inoue *et al.*, 2019b)。CODH は幅広い生物群 (バクテリア 27 門、アーキア 9 門) に含まれており、これらの CODH は新規な系統群を含む 7 つのサブグループに分類することができ、そのうちの 1 つは新規な CODH グループであった。これらをさらに構造モチーフに従って 24 のグループに細分化することにも成功している。その結果、CODH の活性に重要なアミノ酸残基の多様性を明らかにし、新規な金属配位モチーフを持つ CODH を見出した。また既知の H₂ 生成や CO₂ 固定に加え、その構造的な特徴に応じて同一遺伝子領域にコードされるタンパク質と共役する多数の機能未知 CODH を見出した。本成果は、CODH 遺伝子を遺伝子資源として活用していくための情報基盤となりうる。さらに、メタゲノム由来の CODH について生物圏の分布を解析したところ、CODH の系統によって存在する生物圏が異なることが明らかとなったが、H₂ 生成型 CODH はメタゲノムデータベース中にはほとんど存在しなかった。この結果は (1) の微生物群集構造解析の結果を支持するものであった。

効率的 H₂ 生成微生物の作出と CO₂ 還元バイオ触媒開発のモデル生物として、(2) で H₂ 生成型 CO 酸化と好氣的 CO 酸化の両方を行うことが明らかになった *Parageobacillus* 属 G301 株を選択し、本株の遺伝子改変を試みたが、本株は形質転換効率が極めて低く遺伝子組換え体の作製には至らなかった。一方で、*Parageobacillus thermoglucosidasius* においては高い CO 消費 H₂ 生成活性と好気条件下での良好な生育が認められたことから、本株をバイオ触媒開発のモデル生物として選択し、CO 代謝系の遺伝子組換えを行った (Adachi *et al.*, 2020)。まず、本菌の内在性 CODH/ECH 遺伝子の欠損株を作製した。遺伝子欠損株の表現型を解析したところ、本菌の CO 消費 H₂ 生成活性は CODH と ECH の両方に依存しており、CODH/ECH は呼吸を介して本菌の発酵条件における増殖をサポートすることが明らかとなった。これらの遺伝子欠損株を宿主とした、異なる CODH 遺伝子を導入することによる高効率な CO 酸化能を有する微生物触媒を作出するための基盤となることを期待できる。

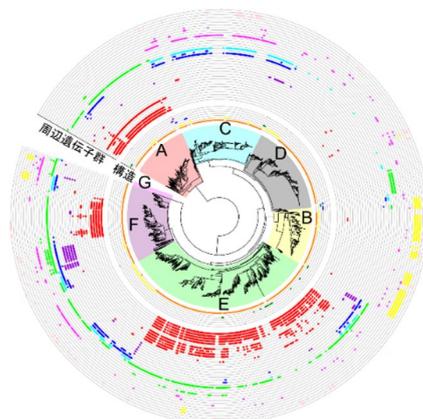


図 5. 大規模ゲノムデータ解析による CODH の系統樹とその分類。1,942 個の CODH を A から G の 7 つの系統群に分類し、それぞれについて構造的特徴と周辺遺伝子群の機能をマッピングした。

以上の研究成果の多くは国際誌に発表済みであり、これまでに海外からも高く評価されている。その一部を分かりやすく解説した総説および図書も出版しており (Fukuyama *et al.*, 2020; 井上ら, 2020)、本研究で得られた成果を社会に広く還元することにも尽力してきた。加えて、未発表の研究成果についてもすでに論文発表に向けて準備を進めており、同様に海外から高い評価を受けることが期待できる。

< 引用文献 >

- Inoue *et al.* (2011) *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **75**, 1392–1394.; Inoue *et al.* (2014) *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **78**, 582–587.; Yoneda *et al.* (2012) *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **62**:1692–1697.; Yoneda *et al.* (2013) *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **63**, 3602–3608.; Fukuyama *et al.* (2017) *Genome Announc.* **5**, e00242-17.; Fukuyama *et al.* (2019) *Microbiol. Resour. Announc.* **8**, e00663-19.; Inoue *et al.* (2020) *Microbiol. Resour. Announc.* **9**, e00608-20.; Inoue *et al.* (2019) *Microbiol. Resour. Announc.* **8**, e01666-18.; Suzuki *et al.* (1983) *Syst. Appl. Microbiol.* **4**, 487–495.; Omae *et al.* (2019) *Arch. Microbiol.* **201**, 969–982.; Omae *et al.* (2021) *Extremophiles* **25**, 61–76.; Fukuyama *et al.* (2017)

Genome Announc. **5**, e01648-16.; Fukuyama *et al.* (2018) *Appl. Environ. Microbiol.* **84**, e00458-18.; Fukuyama *et al.* (2019) *Extremophiles* **23**, 389–398.; Omae *et al.* (2017) *Appl. Environ. Microbiol.* **83**, e00832-17.; Inoue *et al.* (2020) *Extremophiles* **24**, 551–564.; Inoue *et al.* (2019) *Front. Microbiol.* **9**, 3353.; Adachi *et al.* (2020) *Microbes Environ.* **35**, ME20101.; Fukuyama *et al.* (2020) *Adv. Appl. Microbiol.* **110**, 99–148.; 井上真男ら (2020) 脱石油に向けた CO₂ 資源化技術—化学・生物プロセスを中心に—, 第 III 編, 第 11 章, 331–338, シーエムシー出版.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計13件（うち査読付論文 13件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 13件）

1. 著者名 Fukuyama Yuto, Omae Kimiho, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 23
2. 論文標題 Transcriptome analysis of a thermophilic and hydrogenogenic carboxydrotroph <i>Carboxydotherrmus pertinax</i>	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Extremophiles	6. 最初と最後の頁 389 ~ 398
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00792-019-01091-x	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Omae Kimiho, Fukuyama Yuto, Yasuda Hisato, Mise Kenta, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 201
2. 論文標題 Diversity and distribution of thermophilic hydrogenogenic carboxydrotrophs revealed by microbial community analysis in sediments from multiple hydrothermal environments in Japan	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Archives of Microbiology	6. 最初と最後の頁 969 ~ 982
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00203-019-01661-9	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Fukuyama Yuto, Tanimura Ayumi, Inoue Masao, Omae Kimiho, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 8
2. 論文標題 Draft Genome Sequences of Two Thermophilic <i>Moorella</i> sp. Strains, Isolated from an Acidic Hot Spring in Japan	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e00663-19
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/MRA.00663-19	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Inoue Masao, Tanimura Ayumi, Ogami Yusuke, Hino Taiki, Okunishi Suguru, Maeda Hiroto, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 8
2. 論文標題 Draft Genome Sequence of <i>Parageobacillus thermoglucosidasius</i> Strain TG4, a Hydrogenogenic Carboxydrotrophic Bacterium Isolated from a Marine Sediment	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e01666-18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/MRA.01666-18	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Inoue Masao, Nakamoto Issei, Omae Kimiho, Oguro Tatsuki, Ogata Hiroyuki, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 9
2. 論文標題 Structural and Phylogenetic Diversity of Anaerobic Carbon-Monoxide Dehydrogenases	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	6. 最初と最後の頁 3353
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fmicb.2018.03353	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fukuyama Yuto, Omae Kimiho, Yoneda Yasuko, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 84
2. 論文標題 Insight into Energy Conservation via Alternative Carbon Monoxide Metabolism in Carboxydotherrmus pertinax Revealed by Comparative Genome Analysis	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Applied and Environmental Microbiology	6. 最初と最後の頁 e00458-18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/AEM.00458-18	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Omae Kimiho, Yoneda Yasuko, Fukuyama Yuto, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 83
2. 論文標題 Genomic Analysis of Calderihabitans maritimus KKC1, a Thermophilic, Hydrogenogenic, Carboxydrotrophic Bacterium Isolated from Marine Sediment	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Applied and Environmental Microbiology	6. 最初と最後の頁 e00832-17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/AEM.00832-17	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fukuyama Yuto, Oguro Tatsuki, Omae Kimiho, Yoneda Yasuko, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 5
2. 論文標題 Draft Genome Sequences of Two Hydrogenogenic Carboxydrotrophic Bacteria, Carboxydocella sp. Strains JDF658 and UL01, Isolated from Two Distinct Volcanic Fronts in Japan	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Genome Announcements	6. 最初と最後の頁 e00242-17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/genomeA.00242-17	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fukuyama Yuto, Omae Kimiho, Yoneda Yasuko, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 5
2. 論文標題 Draft Genome Sequences of Carboxydotherrmus pertinax and C. islandicus, Hydrogenogenic Carboxydrotrophic Bacteria	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Genome Announcements	6. 最初と最後の頁 e01648-16
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/genomeA.01648-16	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Inoue Masao, Izumihara Hikaru, Fukuyama Yuto, Omae Kimiho, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 24
2. 論文標題 Carbon monoxide-dependent transcriptional changes in a thermophilic, carbon monoxide-utilizing, hydrogen-evolving bacterium Calderihabitans maritimus KKC1 revealed by transcriptomic analysis	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Extremophiles	6. 最初と最後の頁 551 ~ 564
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00792-020-01175-z	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Inoue Masao, Tanimura Ayumi, Fukuyama Yuto, Okunishi Suguru, Maeda Hiroto, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 9
2. 論文標題 Draft Genome Sequence of Thermanaeromonas sp. Strain C210, Isolated in the Presence of Carbon Monoxide	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e00608-20
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/MRA.00608-20	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Adachi Yuka, Inoue Masao, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 35
2. 論文標題 Genetic Engineering of Carbon Monoxide-dependent Hydrogen-producing Machinery in <i>Parageobacillus thermoglucosidasius</i>	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	6. 最初と最後の頁 ME20101
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1264/jsme2.ME20101	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Omae Kimiho, Oguro Tatsuki, Inoue Masao, Fukuyama Yuto, Yoshida Takashi, Sako Yoshihiko	4. 巻 25
2. 論文標題 Diversity analysis of thermophilic hydrogenogenic carboxydrotrophs by carbon monoxide dehydrogenase amplicon sequencing using new primers	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Extremophiles	6. 最初と最後の頁 61~76
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00792-020-01211-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

[学会発表] 計32件(うち招待講演 1件/うち国際学会 10件)

1. 発表者名 Shunsuke Okamoto, Masao Inoue, Ayumi Tanimura, Yusuke Ogami, Taiki Hino, Suguru Okunishi, Hiroto Maeda, Takashi Yoshida and Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Isolation, growth profile, and genome sequence of Parageobacillus thermoglucosidasius strain TG4, a thermophilic, hydrogenogenic, carboxydrotrophic bacterium, first isolated from a marine sediment
3. 学会等名 Thermophiles 2019 15th International Congress on Thermophiles (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yuto Fukuyama, Kimiho Omae, Takashi Yoshida and Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Insight into Hydrogenogenic Carbon Monoxide Metabolism in Carboxydotherrmus pertinax Revealed by Comparative Genomic Analysis, Growth Experiments and Whole Transcriptome Analysis
3. 学会等名 Thermophiles 2019 15th International Congress on Thermophiles (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Masao Inoue, Hikaru Izumihara, Yuto Fukuyama, Kimiho Omae, Takashi Yoshida and Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Redox-balancing in carbon monoxide-utilization of a thermophilic, hydrogenogenic carboxydrotroph Calderihabitans maritimus KKC1 revealed by a comparative transcriptomic study
3. 学会等名 Thermophiles 2019 15th International Congress on Thermophiles (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 日野 太貴、井上 真男、谷村 あゆみ、岡元 俊輔、吉田 天士、左子 芳彦
2. 発表標題 水素生成一酸化炭素酸化細菌 <i>Parageobacillus</i> sp. G301株の生理性状およびゲノム解析
3. 学会等名 日本微生物生態学会第33回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 足立 夕花、井上 真男、吉田 天士、左子 芳彦
2. 発表標題 <i>Parageobacillus thermoglucosidasius</i> における水素生成型一酸化炭素酸化関連酵素群の機能解明に向けた遺伝子組換え研究
3. 学会等名 極限環境生物学会2019年度（第20回）年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 岡元 俊輔、井上 真男、吉田 天士、左子 芳彦
2. 発表標題 <i>Parageobacillus</i> 属細菌におけるH ₂ 取り込み型ヒドロゲナーゼ を介したエネルギー獲得機構に関する研究
3. 学会等名 極限環境生物学会2019年度（第20回）年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 井上 真男、日野 太貴、吉田 天士、左子 芳彦
2. 発表標題 <i>Parageobacillus</i> 属細菌における一酸化炭素利用能の多様性
3. 学会等名 極限環境生物学会2019年度（第20回）年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 野澤 理香、福山 宥斗、西田 志穂、奥西 将之、前田 広人、吉田 天士、左子 芳彦
2. 発表標題 海底堆積物を用いた集積培養系における一酸化炭素酸化菌の動態解析
3. 学会等名 日本水産増殖学会第18回大会・令和元年度日本水産学会近畿支部例会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 井上 真男、日野 太貴、岡元 俊輔、吉田 天士、左子 芳彦
2. 発表標題 好気・嫌気型の両一酸化炭素脱水素酵素を唯一保有する 好熱菌の発見と諸性状
3. 学会等名 令和2年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 左子芳彦
2. 発表標題 ゲノム情報を用いた海洋微生物の生理・生態学的研究
3. 学会等名 平成31年度日本水産学会春季大会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Masao Inoue, Issei Nakamoto, Kimiho Omae, Tatsuki Oguro, Hiroyuki Ogata, Takashi Yoshida and Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Phylogenetic diversity of anaerobic carbon monoxide dehydrogenase, an ancient enzyme in carbon fixation and energy conservation
3. 学会等名 International workshop on 50th anniversary of Thermus thermophilus discovery (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 井上真男、谷村あゆみ、大神優祐、日野太貴、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 火山帯水圏環境由来 Parageobacillus 属水素生成型一酸化炭素 (CO) 資化菌のゲノム解析
3. 学会等名 平成31年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 大前公保、福山宥斗、大黒達希、大神優祐、安田尚登、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 全原核生物の 16S rRNA 系統における一酸化炭素 (CO) デヒドロゲナーゼの分布パターンを利用した水素生成型 CO 資化菌の分子生態
3. 学会等名 平成31年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 福山宥斗・大前公保・吉田天士・左子芳彦
2. 発表標題 クロスオミックス解析を用いた水素生成型一酸化炭素 (CO) 資化性菌のCO代謝の解明
3. 学会等名 平成31年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 和泉原光、井上真男、福山宥斗、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 網羅的転写解析による海洋性一酸化炭素 (CO) 資化性菌のCO代謝経路の探索
3. 学会等名 平成30年度日本水産学会秋季大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 中元一星、井上真男、大前公保、大黒達希、緒方博之、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 一酸化炭素 (CO) 資化性菌の鍵酵素、COデヒドロゲナーゼの系統学的多様性
3. 学会等名 平成30年度日本水産学会秋季大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 日野太貴、谷村あゆみ、井上真男、大神優佑、福山宥斗、大黒達希、前田広人、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 鹿児島湾海底堆積物からの水素生成型一酸化炭素 (CO) 資化性菌の分離と性状解析
3. 学会等名 平成30年度日本水産学会秋季大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 大前公保、福山宥斗、大黒達希、大神優祐、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 水素生成型一酸化炭素資化性菌の生態学的機能解明に向けた陸上熱水環境における微生物群集構造解析
3. 学会等名 第19回マイリンバイオテクノロジー学会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 福山宥斗、大前公保、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 オーミックス解析を用いた水素生成型一酸化炭素 (CO) 資化性菌のCO代謝とその制御系の解明
3. 学会等名 第19回マイリンバイオテクノロジー学会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kimiho Omae, Yasuko Yoneda, Yuto Fukuyama, Takashi Yoshida, Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Genomic analysis of <i>Calderihabitans maritimus</i> KKC1, a thermophilic hydrogenogenic carboxydophilic bacterium isolated from marine sediment
3. 学会等名 二国間国際交流事業（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Comprehensive, spatiotemporal study and applied research of carboxydophils
3. 学会等名 日本水産学会創立85周年記念国際シンポジウム（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kimiho Omae, Yasuko Yoneda, Yuto Fukuyama, Takashi Yoshida and Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Genomic analysis of <i>Calderihabitans maritimus</i> KKC1, a thermophilic hydrogenogenic carboxydophilic bacterium isolated from marine sediment
3. 学会等名 日本水産学会創立85周年記念国際シンポジウム（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Yu Oinishi, Shin Fujiwara, Maho Yumiya, Yuto Fukuyama, Kimiho Omae, Takashi Yoshida and Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Isolation and characterization of a novel aerobic and hyperthermophilic archaeon isolated from a hot spring in Japan
3. 学会等名 日本水産学会創立85周年記念国際シンポジウム（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Yusuke Ogami, Kimiho Omae, Tatsuki Oguro, Yuto Fukuyama, Takashi Yoshida, Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Isolation and characterization of a new carboxydophilic bacterium
3. 学会等名 日本水産学会創立85周年記念国際シンポジウム (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 井上真男、中元一星、大前公保、大黒達希、吉田天土、左子芳彦
2. 発表標題 一酸化炭素 (CO) 資化性菌の鍵酵素, CO デヒドロゲナーゼにおける構造と機能の多様性
3. 学会等名 平成30年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 大前公保、福山宥斗、大黒達希、大神優祐、安田尚登、吉田天土、左子芳彦
2. 発表標題 火山性環境における一酸化炭素資化性菌の分布および多様性の解明
3. 学会等名 平成30年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Yuto Fukuyama, Kimiho Omae, Yasuko Yoneda, Takashi Yoshida, Yoshihiko Sako
2. 発表標題 Genome sequence and transcriptome analysis of hydrogenogenic carboxydophilic bacterium, Carboxydothemus pertinax
3. 学会等名 Extremophiles 2016 (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 大黒達希、福山宥斗、大前公保、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 水素生成型一酸化炭素資化性好熱菌の分離およびゲノム解析
3. 学会等名 日本微生物生態学会 第31回大会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 福山宥斗、大前公保、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 網羅的転写解析による一酸化炭素 (CO) 資化性菌のCO代謝制御系の解明
3. 学会等名 平成29年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 大前公保、福山宥斗、大黒達希、大神優祐、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 一酸化炭素資化性菌の生態学的機能解明に向けた火山性環境における微生物群集構造解析
3. 学会等名 平成29年度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 西田志穂、大前公保、井上真男、神川龍馬、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 集積培養系による新奇水素生成型一酸化炭素酸化菌のゲノム構築
3. 学会等名 令和2年度日本水産学会近畿支部例会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 足立夕花、井上真男、吉田天士、左子芳彦
2. 発表標題 始原的呼吸機構の遺伝学的解析に向けたParageobacillus thermoglucosidasiusにおける一酸化炭素酸化能欠失株の創出とその性状
3. 学会等名 日本地球化学会第67回オンライン年会
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 Yuto Fukuyama, Masao Inoue, Kimiho Omae, Takashi Yoshida and Yoshihiko Sako	4. 発行年 2020年
2. 出版社 ELSEVIER	5. 総ページ数 217
3. 書名 Anaerobic and hydrogenogenic carbon monoxide-oxidizing prokaryotes: Versatile microbial conversion of a toxic gas into an available energy in "Advances in Applied Microbiology Vol 110"	

1. 著者名 井上真男、吉田天士、左子芳彦	4. 発行年 2020年
2. 出版社 シーエムシー出版	5. 総ページ数 375
3. 書名 脱石油に向けたCO2資源化技術	

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>京都大学大学院農学研究科 応用生物科学専攻海洋分子微生物学分野ホームページ http://www.microbiology.marine.kais.kyoto-u.ac.jp/</p>

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
研究分担者	吉田 天士 (YOSHIDA Takashi) (80305490)	京都大学・農学研究科・教授 (14301)	
研究分担者	神川 龍馬 (KAMIKAWA Ryoma) (40627634)	京都大学・農学研究科・准教授 (14301)	
研究分担者	緒方 博之 (OGATA Hiroyuki) (70291432)	京都大学・化学研究所・教授 (14301)	
研究分担者	安田 尚登 (YASUDA Hisato) (90175646)	高知大学・教育研究部自然科学系理工学部門・教授 (16401)	
研究分担者	奥西 将之 (OKUNISHI Suguru) (70373090)	鹿児島大学・農水産獣医学域水産学系・助教 (17701)	
研究分担者	前田 広人 (MAEDA Hiroto) (80238873)	鹿児島大学・農水産獣医学域水産学系・教授 (17701)	
研究分担者	五斗 進 (GOTO Susumu) (40263149)	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構(機構本部施設等)・大学共同利用機関等の部局等・教授 (82657)	

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
---------	---------