

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 2 年 6 月 22 日現在

機関番号：32675

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2017～2019

課題番号：17K15252

研究課題名(和文) 溶原性ファージと接合伝達因子(ICE)の部位特異的組換え装置は交換可能か？

研究課題名(英文) Analysis of compatibility of site-specific recombination system between mobile genetic elements

研究代表者

鈴木 祥太 (Suzuki, Shota)

法政大学・マイクロ・ナノテクノロジー研究センター・研究員

研究者番号：00792714

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：部位特異的組換え機構(SSR)は溶原性ファージや接合伝達因子などの可動性遺伝因子(MGE)で利用されている。我々は枯草菌のMGEを対象にSSRを交換したキメラ変異体を作製し、溶原性ファージSPと接合伝達因子ICEBs1、SPと欠陥プロファージskinの間でSSRに互換性が有ることを示した。また、ゲノムデータベース解析により*B. subtilis*とその近縁種にSPと相同なゲノム構造で異なるSSRを有する6種のファージ、異なるゲノム構造で同じSSRを有する15種のファージの存在が見出され、SSRは特定のMGEに依存しない独立性の高い機構であることが示された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

可動性遺伝因子間における組換え機構の互換性を示し、異なる組換え機構を有する同種の可動性遺伝因子の存在を見出した本研究成果は、可動性遺伝因子における進化および組換え機構の研究分野のみならず、細菌におけるゲノム進化の研究分野へ新しい知見として貢献できるものであり学術的に意義があると考えられる。また、SPの組換え機構を利用したプラスミドベクターの開発により新たな遺伝子導入法、プロファージ除去法、細菌ゲノムの逆位変異体の作製法が提案され、これらは有用細菌の育種や生産性の低下を引き起こすファージ除去技術などとして工業的な応用が期待される。

研究成果の概要(英文)：Site-specific recombination (SSR) systems are employed for transfer of mobile genetic elements (MGEs), such as lysogenic phages and integrative conjugative elements (ICEs). Here, we demonstrate that the SSR units are compatible and can functionally substitute between phage and ICE and that of defective phage is also exchangeable with active phages by using lysogenic phage SP, a defective phage skin, and an ICE ICEBs1 existing on *B. subtilis* 168. As result of searching the microbial genomes database at NCBI, we found in other *B. subtilis* strains and related species closely related prophages with distinct SSR units that control developmentally regulated gene rearrangements of *kamA* (L-lysine 2,3-aminomutase). These results suggest that the correspondence between MGEs and their cognate SSR units is not absolute. We also developed a site-specific integration and excision vector plasmid based on the SP-SSR system.

研究分野：分子生物学

キーワード：部位特異的組換え integrase excisionase 溶原性ファージ 接合伝達因子 枯草菌 int xis

## 様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

細菌の遺伝子の水平伝播に関わる可動性遺伝因子の代表として、溶原性ファージおよび接合伝達因子 (ICE) が挙げられる。これらの可動性遺伝因子は通常の細胞増殖時では宿主ゲノム上に組み込まれているが、紫外線 (UV) などによる DNA 損傷が生じると、宿主ゲノムから切出しが誘導され、次の宿主細胞へ移動する準備を行う。ICE の切出しは細胞密度でも誘導される (Auchtung et al. PNAS 2005)。その後、ファージゲノムはタンパク質粒子を纏い、ICE ゲノムは接合伝達により新たな宿主細胞へと移動する。新しい宿主へ移動したゲノムは、自らのゲノムにコードされている組換え部位 (*attP*) で Integrase (Int) によって、宿主ゲノム上の標的組換え部位 (*attB*) で特異的に組換えられ、宿主ゲノムに導入される。また、各々の Int が認識する *attB* は異なる。Int に加えて切出し因子 (Xis) が共に働くと宿主ゲノムから切り出される。したがって、両者は全く異なる方法で新しい宿主細菌間を移動する一方、宿主ゲノムへの組込み

と切出しは共通して *int-xis* のシステムを利用している (図 1)。また、枯草菌 168 株の溶原性ファージ SP と相同なゲノム構造を有する類縁ファージが、*B. subtilis* D12-5 ではゲノムの違う位置に存在しており異なる *int-xis* を持つことを見出しており、自然界において可動性遺伝因子が様々なタイプの *int-xis* を利用できることが示唆された。SP の *int-xis* による切出しが孢子形成に重要な遺伝子の再構築に必要であること (Abe et al. PLoS Genet 2014) 枯草菌の ICE の *int-xis* は、*Bacillus* 属と *Listeria* 属の異種間で機能することから、*int-xis* システムの獲得は可動性遺伝因子のゲノム挿入位置を変えるのみでなく、異種細菌間の遺伝子発現にも影響を及ぼす重要なプロセスであることが示唆された。

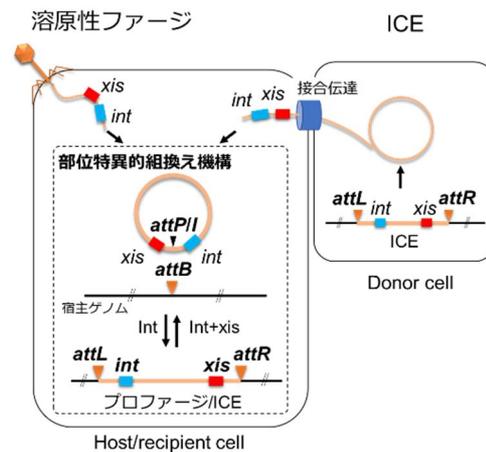


図 1. 溶原性ファージと ICE の組込み機構の共通性

### 2. 研究の目的

本研究は、枯草菌の溶原性ファージと接合伝達因子を対象として合成生物学的手法により異なる可動性遺伝因子における *int-xis* の互換性について調べ、可動性遺伝因子と *int-xis* の相関関係を明らかにすることを目的とする。また、得られた *int-xis* の組換え機構の知見を基に、新たなゲノム改変ツールとしての応用を検討する。

### 3. 研究の方法

#### (1) 溶原性ファージおよび接合伝達因子の *int-xis* 交換による互換性の解析

枯草菌 168 株のゲノムに組み込まれる溶原性ファージ SP と接合伝達因子 ICEBs1 を使い、枯草菌の自然形質転換を利用して *int-xis* を交換したキメラファージおよびキメラ ICE の作製を行い、異なる *int-xis* を獲得したことによる影響について解析する。

#### (2) 溶原性ファージによる欠陥プロファージの *int-xis* の利用についての解析

欠陥プロファージ *skin* の *int-xis* を SP へ導入したキメラファージを作製し、欠陥プロファージの組換え機構が溶原性ファージの内部でどのように振舞うのか調べる。

#### (3) 特定の *attB* を認識する溶原性ファージの検索

国立生物工学情報センター (NCBI) のデータを対象に BLAST による塩基配列およびアミノ酸配列の相同性検索を使い、特定の *attB* を認識するファージをまたは相同性のある Int を有するファージの傾向を把握する。

#### (4) SP 類縁ファージ 3T の組換え機構の解析

孢子形成遺伝子 *kamA* に組み込まれる 3T の組換え機構に関わる *int-xis* の特定、ガラクトシダーゼアッセイによる転写制御の解析を行い、SP との比較により類縁ファージ間における組換え機構の違いを明らかにする。

(5) *int-xis* を利用した部位特異的組込み切出しプラスミドベクター (SIEV) の作製とその応用 *int-xis* による部位特異的な組込みと切出し機構を応用し、特異性の高い組込みと任意のタイミングで除去できるプラスミドベクターの作製を行い、その利用について検討する。

### 4. 研究成果

(1) 溶原性ファージおよび接合伝達因子の *int-xis* 交換による互換性の解析

枯草菌 168 ゲノムの *spsM* 遺伝子と *trnS-leu2* 遺伝子に組み込まれる SP と ICEBs1 について、部位特異的組換え機構に利用されている *int* および *xis* 遺伝子は同定されている。まず、ICEBs1 の *int* (*int*<sub>ICEBs1</sub>) と *xis* (*xis*<sub>ICEBs1</sub>) の遺伝子および *attL/R* 配列を SP ゲノムへ導入し、キメラファージ SP<sub>ICEBs1</sub> を作製した。SP<sub>ICEBs1</sub> を DNA 損傷剤マイトマイシン C (MMC) により誘発したところ、宿主細菌の溶菌がみられ、野生型 SP と同様のタイミングで宿主ゲノムから切り出しが行われることが確認された (図 2)。この溶菌液よりファージを調製して宿主へ感染させた結果、野生型 SP と同等の数の感染能を有するファージ粒子が形成されていた。SP<sub>ICEBs1</sub> のエリスロマイシン耐性を利用して溶原化効率を調べた結果、野生型 SP と同等の効率で溶原化されることが示され、この溶原菌のゲノムを調べたところ、SP<sub>ICEBs1</sub> は *trnS-leu2* 遺伝子を認識して組み込まれていることが確認された。次に、ICEBs1 へ SP の *int* (*sprA*) と *xis* (*sprB*) の遺伝子および *attL/R* 配列を導入し、キメラ ICE<sub>ICEBs1SP</sub> を作製した。ICEBs1<sub>SP</sub> を MMC により誘発させた後、ICEBs1 非接合伝達体を受容菌として混合培養することで接合伝達を行わせ、ICEBs1<sub>SP</sub> のクロラムフェニコール耐性を利用して接合伝達効率を測定した結果、野生型 ICEBs1 と同程度の効率で接合伝達されることが示された。そして、接合伝達体のゲノムを調べたところ、ICEBs1<sub>SP</sub> は *spsM* 遺伝子へ組み込まれていた。また、ICEBs1<sub>SP</sub> の MMC 処理後における宿主ゲノムからの切出しのタイミングも野生型 ICEBs1 と比べて変化は見られなかった (図 3)。したがって、部位特異的組換え機構が本来の機能を失うことなく溶原性ファージと ICE の間で交換可能であることから新たな領域を標的とする組換え機構として利用できることが示され、異なる可動性遺伝子間で互換性を有することが示唆された。

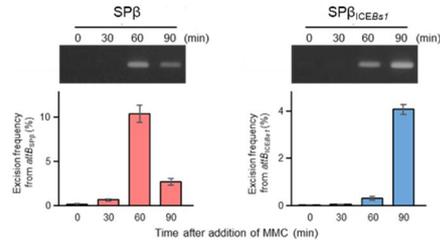


図 2. 定量 PCR による SPβICEBs1 の切出し解析

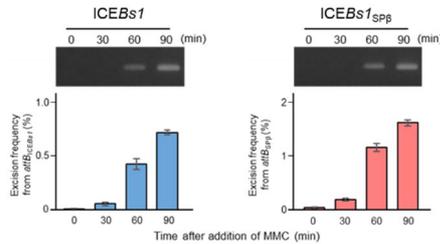


図 3. 定量 PCR による ICEBs1SPβ の切出し解析

(2) 溶原性ファージによる欠陥プロファージの *int-xis* の利用についての解析

ファージ粒子形成能を失った欠陥プロファージ *skin element* (*skin*) は、孢子形成期の転写因子をコードする *sigK* 遺伝子へ組み込まれており、孢子形成期になると *skin* の *int* (*spoIVCA*) と *xis* (*skr*) を発現して切り出される。この機構は SP と類似していることから、欠陥プロファージの組換え機構が溶原性ファージにより利用され得る可能性を考えた。*skin* の *spoIVCA* と *skr* および *attL/R* 配列を SP 導入し、キメラファージ SP<sub>skin</sub> を作製した。SP<sub>skin</sub> を MMC 処理により誘発を行って調べた結果、形成されるファージ粒子数および溶原化効率について野生型 SP と比較して大きな差は見られず、宿主ゲノムからの切り出しのタイミングにもほとんど影響は見られなかった。溶原菌のゲノムを調べたところ SP<sub>skin</sub> が *sigK* 遺伝子を認識して組み込まれることが確認された。また、SP は *skin* と同様に孢子形成期に *spsM* 遺伝子から切出されることが知られており、この制御機構は SP<sub>skin</sub> にも保存されている。そこで、SP<sub>skin</sub> 溶原菌を孢子形成誘導培地 (DSM) にて培養し、孢子形成過程における切出しについて調べた結果、*skin* と同様の時期より切り出しが起きていることが示された (図 4)。これらのことより、欠陥プロファージの部位特異的組換え機構は溶原性ファージにより利用可能であり、それが本質的な機能へ影響することはないことが示唆された。

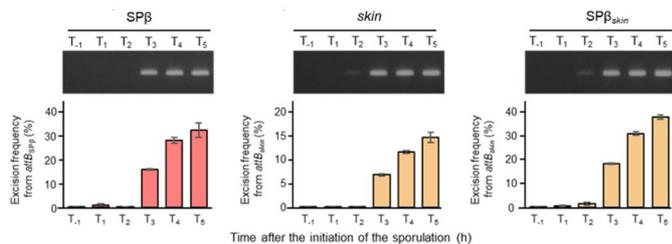


図 4. 定量 PCR による SPβskin の孢子形成期の切出し解析

(3) 特定の *attB* を認識する溶原性ファージの検索

国立生物工学情報センター (NCBI) のデータベースを対象に、特定の *attB* を認識するファージを調べた。まず、*spsM* 遺伝子を標的として組み込まれるファージを調べたところ、*B. subtilis*

種より16種のSP 様ファージが検出され、それらのゲノムにはSP のSprAと相同なアミノ酸配列をコードする遺伝子がコードされていた。一方、近縁種の*B. velezensis*から15種の4 kb-20 kbのゲノムを持つ、SP が縮退化したと考えられる欠陥プロファージが見られた。しかしながら、これらもSprAと相同なアミノ酸配列をコードする遺伝子を有していた。さらに、SP と基本的に同じゲノム配列を有する一方、SP とは異なるLysine 2,3-aminomutaseをコードする*kamA*遺伝子へ組み込まれているSP 類縁ファージが、*B. subtilis*と*B. velezensis*において128-136 kbのもの6種と、11 kbの欠陥プロファージが1種存在することを明らかにした(図5)。これらの中にSP グループファージとして知られている3Tも含まれていた。*kamA*に組み込まれているプロファージのIntは、SprAと全く異なるアミノ酸配列を有するが、*kamA*内部のプロファージ間では同じIntがコードされていた。これらの解析から、部位特異的組換え機構が同種ファージ間において多様性が存在することが明らかにされ、これが個々の可動性遺伝因子固有の機構ではないことが示唆された。

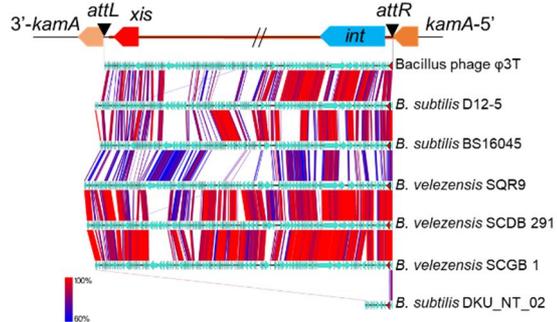


図5. *kamA* 遺伝子に組み込まれるSP 類縁ファージ

#### (4) SP 類縁ファージ 3Tの組換え機構の解析

*kamA* 遺伝子に組み込まれるSP 類縁ファージ 3Tのゲノム情報は明らかにされていたが、組換え酵素(*int*<sub>3T</sub>)と切出し因子(*xis*<sub>3T</sub>)は特定されていなかった。まず、3Tのゲノム配列(KY030782)をSPと比較を行ったところ、アミノ酸配列は全く異なるが、SPの*sprA*と*sprB*と同様のゲノムの位置に*int*<sub>3T</sub>と*xis*<sub>3T</sub>と思われる遺伝子を見つけた。そこで、これらの遺伝子上流にIPTGで制御可能なPspacプロモーターを導入したところ、どちらもIPTG非添加時では3Tの切り出しは見られなかった。一方、IPTG存在下によるInt<sub>3T</sub>遺伝子発現の誘導は野生型3Tと同様に切り出しが見られ、*xis*<sub>3T</sub>遺伝子発現の誘導では常時切り出しが見られた。したがって、候補の遺伝子が*int*<sub>3T</sub>と*xis*<sub>3T</sub>であることを明らかにした。*xis*<sub>3T</sub>の発現が3Tの切り出しを制御していることが示された。次に、胞子形成期にみられるSPの切り出しが

3Tでも同様に起こるのか調べた結果、3Tも胞子形成期に*kamA*遺伝子から切り出されることが明らかになり、*int-xis*のタイプは異なるがSPと同様の発現機構で制御されていることが示された(図6)。また、特定した*int*<sub>3T</sub>と*xis*<sub>3T</sub>をSPへ導入したキメラファージSP<sub>3T</sub>を複製し、SPの内部で*kamA*遺伝子を標的とする組換え機構として働くことを確認した。したがって、同じゲノム配列を持つ類縁ファージの間でも異なる*int-xis*は交換可能であることが示された。

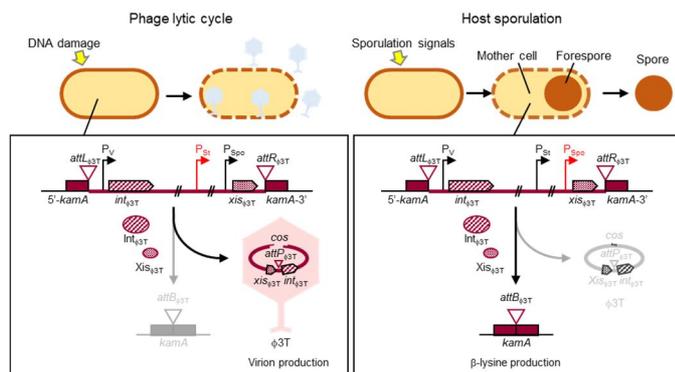


図6. ファージ誘発時および胞子形成期における3Tの切り出し

(5) *int-xis*を利用した部位特異的組込み切出しプラスミドベクター(SIEV)の作製とその応用  
これまでに溶原性ファージの*int*を利用した部位特異的組換えプラスミドは作製されていた。本研究は、*int*に加えて*xis*も利用することで部位特異的組込みと切出しが可能なプラスミドベクター(SIEV)の作製を試みた。SPと3Tの*int-xis*を利用し、*int*は構成的プロモーターの、*xis*をキシロース誘導プロモーター(Pxy1)の下流に配置することで、キシロースによる切出し誘導できるように設計した。しかしながら、3Tの*int*<sub>3T</sub>-*xis*<sub>3T</sub>を導入すると大腸菌の細胞内で小型化した不完全なものしかできず、SPの*sprA-sprB*を利用したSIEV<sub>SP</sub>のみが作製できた。このSIEV<sub>SP</sub>を自然形質転換で枯草菌へ導入すると、*spsM*遺伝子へ特異的に組み込まれ、キシロース処理後2時間で約8割が切り出され、24時間後にはほとんどの細胞からSIEV<sub>SP</sub>が失われていた。次に、キシロース存在下でSIEV<sub>SP</sub>の*sprB*を発現させた状態でSP溶原菌の形質転換を行うことで、SPの切り出しを誘導することができ、SP非溶原菌を効率的に取得可能であ

ることが示された。さらに、SprB が SprA の *attB/attP* 組換え反応を阻害することを利用して、宿主ゲノムの一部を導入した SIEV<sub>SP</sub> が相同組換えで組み込まれることを確認した。この組換えにより宿主のゲノム上には *attB* と SIEV<sub>SP</sub> 由来の *attP* が存在することとなり、さらに SprB の発現を抑制することで SprA による *attB/attP* の組換えが誘導される。この方法により、*trpC-spsM* 間のおよそ 88 kbp における長距離ゲノムの逆位変異体の作製が可能であることが確認された。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Suzuki Shota, Yoshikawa Miki, Imamura Daisuke, Abe Kimihiro, Eichenberger Patrick, Sato Tsutomu	4. 巻 23
2. 論文標題 Compatibility of Site-Specific Recombination Units between Mobile Genetic Elements	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 100805 ~ 100805
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.isci.2019.100805	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 該当する

1. 著者名 Akanuma Genki, Tagana Tomoaki, Sawada Maho, Suzuki Shota, Shimada Tomohiro, Tanaka Kan, Kawamura Fujio, Kato-Yamada Yasuyuki	4. 巻 8
2. 論文標題 C-terminal regulatory domain of the subunit of FoF1 ATP synthase enhances the ATP-dependent H <sup>+</sup> pumping that is involved in the maintenance of cellular membrane potential in <i>Bacillus subtilis</i>	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 MicrobiologyOpen	6. 最初と最後の頁 e00815 ~ e00815
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1002/mbo3.815	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 Suzuki Shota, Kondo Naoko, Yoshida Minoru, Nishiyama Makoto, Kosono Saori	4. 巻 165
2. 論文標題 Dynamic changes in lysine acetylation and succinylation of the elongation factor Tu in <i>Bacillus subtilis</i>	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbiology	6. 最初と最後の頁 65 ~ 77
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1099/mic.0.000737	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27件（うち招待講演 0件/うち国際学会 1件）

1. 発表者名 鈴木祥太、茶谷朋哉、今村大輔、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 可動性遺伝因子における部位特異的組換え機構の互換性
3. 学会等名 第14回日本ゲノム微生物学会年会（SGMJ）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 松岡聡、鈴木祥太、河村富士夫
2. 発表標題 ジアシルグリセロール高蓄積納豆菌の創生の試み
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 茶谷朋哉、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌ファージSP の相同組換えによる溶原化
3. 学会等名 第18回微生物研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 小笠原太軌、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌溶原性ファージ 105の機構解析
3. 学会等名 第18回微生物研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 桂美貴、中谷優星、今村大輔、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌母細胞への異種タンパク質の蓄積
3. 学会等名 第18回微生物研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宮崎悠貴、濱野茉里、鈴木桜花、河原光辰、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 遺伝子を分断する新規溶原性ファージの探索
3. 学会等名 第18回微生物研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 高知聡、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌溶原性ファージSP とその類縁ファージ 3Tとの競合
3. 学会等名 第18回微生物研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 中谷優星、安部公博、今村大輔、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌孢子多糖層形成に関与するタンパク質の解析
3. 学会等名 第18回微生物研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宮崎悠貴、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌新規溶原性ファージの探索
3. 学会等名 令和元年度グラム陽性菌ゲノム微生物会議
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 小笠原太軌、新木翔之、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌溶原性ファージ 105の 機能解析
3. 学会等名 令和元年度グラム陽性菌ゲノム微生物会議
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 鈴木 祥太、吉川 実季、安部 公博、佐藤 勉
2. 発表標題 可動性遺伝因子間における組換えユニットの互換性に関する解析
3. 学会等名 第13回ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宮崎悠貴、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌の新規溶原性ファージの探索と標的attBの解析
3. 学会等名 第13回ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 鈴木祥太、吉川実季、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 溶原性ファージとICEの部位特異的組換え機構の互換性について
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 高橋由紀子、橋口優一朗、鈴木祥太、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌skin elementのExcision機構
3. 学会等名 第17回微生物研究会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 吉川実季、鈴木祥太、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌ファージ 3Tの組換えユニットと遺伝子再編成
3. 学会等名 第17回微生物研究会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 鈴木祥太、吉川実季、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 溶原性ファージDNA組換えユニットの互換性
3. 学会等名 第7回ファージ研究会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小笠原太軌、新木翔之、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌溶原性ファージ 105 の機能解析
3. 学会等名 第7回ファージ研究会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 鈴木祥太、吉川実季、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 可動性遺伝因子間における部位特異的組換え機構の互換性
3. 学会等名 グラム陽性菌ゲノム機能会議
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 宮崎悠貴、津田高平、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌新規溶原性ファージの探索
3. 学会等名 グラム陽性菌ゲノム機能会議
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 鈴木祥太、鈴木颯、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 キメラファージ構築から見える組換えユニットの共通性
3. 学会等名 日本ゲノム微生物学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 住吉泰樹、鈴木祥太、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌胞子形成母細胞の脱分化
3. 学会等名 微生物研究会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 井上陽菜乃、澤田燎、鈴木祥太、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌による -PGA生産の向上
3. 学会等名 微生物研究会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 高橋由紀子、橋口優一朗、鈴木祥太、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌skin elementのexcision機構
3. 学会等名 微生物研究会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 吉川実季、鈴木祥太、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌ファージ 3Tが介在するkamA遺伝子の再編成
3. 学会等名 微生物研究会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 鈴木祥太、鈴木颯、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 異なるattBを認識するキメラファージの作製
3. 学会等名 グラム陽性菌ゲノム機能会議
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 宮崎悠貴、鈴木祥太、佐藤勉
2. 発表標題 枯草菌新規ファージのスクリーニング
3. 学会等名 グラム陽性菌ゲノム機能会議
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 鈴木祥太、鈴木颯、安部公博、佐藤勉
2. 発表標題 Construction of chimeric lysogenic phages integrated at distinct target (attB) sites in Bacillus subtilis
3. 学会等名 International Conference on Bacilli & Gram-Positive Bacteria (国際学会)
4. 発表年 2017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