

令和 5 年 6 月 12 日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19H02865

研究課題名(和文)細菌の環境での生き様の理解による有用細菌の実環境利用への展開

研究課題名(英文) Development of practical use of useful bacteria by understanding their behavior in the environment

研究代表者

永田 裕二 (Nagata, Yuji)

東北大学・生命科学研究科・教授

研究者番号：30237531

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,500,000円

研究成果の概要(和文)：従属栄養細菌である有機塩素系殺虫剤gamma-HCH分解細菌株が、アルコールデヒドロゲナーゼをコードするadhX遺伝子の高発現で、低栄養環境下でCO₂固定を伴ない増殖する現象を見出した。さらに、新規qTn-Seq法などを利用して、本現象の機構を推定した。一方、非分解細菌Cupriavidus株がgamma-HCH分解細菌コミュニティ形成の鍵であることを見出した。また、移動性のPaenibacillus株が非移動性のgamma-HCH分解細菌株の棲息領域を拡大するヒッチハイク現象を見出し、本現象がgamma-HCH分解細菌株の土壌環境での生存性を向上させる結果を得た。

研究成果の学術的意義や社会的意義

有機塩素系殺虫剤gamma-HCH分解細菌株をモデルとして、環境汚染物質分解細菌の低栄養環境下での新奇適応現象を見出すと共に、その機構解明に繋がる知見を得た。また、分解細菌単独よりも、非分解細菌を含むコミュニティの方が長期持続的な分解活性を維持する現象を見出し、その鍵となる細菌株を同定した。これら知見は基礎学問的に新奇な知見であるだけでなく、バイオレメディエーションなどの微生物の実環境利用や、微生物の効率的利用による物質生産などにも応用可能である。

研究成果の概要(英文)：An organochlorine pesticide gamma-HCH-degrading bacterium, which is a heterotrophic bacterial strain, was found to grow under oligotrophic conditions with CO₂ fixation by high expression of the adhX gene encoding an alcohol dehydrogenase. The mechanism of this phenomenon was further inferred using a novel qTn-Seq technology, etc. On the other hand, we found that a non-degrading Cupriavidus strain is the key to the formation of gamma-HCH-degrading bacterial community. We also found a hitchhiking phenomenon in which a mobile Paenibacillus strain expand the habitat of a non-migratory gamma-HCH-degrading bacterial strain, and this phenomenon improves the survivability of a gamma-HCH-degrading bacterial strain in the soil environment.

研究分野：応用微生物学

キーワード：環境細菌 極貧栄養環境 細菌コミュニティ バイオレメディエーション 炭酸固定

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

好气的条件下での環境汚染物質分解浄化を目標として、様々な環境汚染物質を唯一の炭素源・エネルギー源として好气的条件下で生育可能な多くの細菌株が純粋分離され、当該分解代謝経路・分解酵素・分解関与遺伝子群に関して詳細な解析がなされてきた。しかし、これら分解能を有する単離細菌株を当該物質汚染環境に接種しても、接種菌が定着せず、定着した場合でも十分な分解能力を発現しないため、期待される効果が得られない問題が判明している。その主因は、細菌の環境での「生き様」が十分に理解されていないことによる。そこで、本研究では、環境を汚染する難分解性有機塩素系殺虫剤である γ -hexachlorocyclohexane (γ -HCH) 分解細菌株をモデルとして、環境細菌の実環境での「生き様」の理解を深め、さらに、得られる知見を元に、分解細菌の効果を最大限に発揮するための具体的接種方法を提示し、実環境での有用細菌株の効率的利用のための理論的基盤を構築することを目指した。具体的には、環境汚染物質分解能を持つ土壌常在細菌の研究を通じて、(1) 従属栄養細菌株が極貧環境下でCO₂の固定を伴って生育する潜在能力を持っていること、(2) 実環境では分解細菌株が非分解細菌株を含むコミュニティ状態で汚染物質の分解代謝を行っていること、に関する一定の知見を得ていた。

○ 従属栄養細菌の極貧栄養環境適応 従属栄養細菌の生育には有機炭素源が必要であり、容易に利用できる有機炭素源の乏しい「極貧栄養環境」は適応すべき重要な環境のひとつである。一般に、細菌は「飢餓応答」により当該環境下での増殖・代謝を制限し、「耐え忍ぶ」ことで「消極的に」凌いでいると考えられており、シグマ因子や(p)ppGppを介した「緊縮応答」の分子機構に関する知見が蓄積されている。一方で、細菌機能の進化には「細胞増殖」と「多様化」、「選択」の過程が必要であり、「耐え忍ぶ」だけでは極貧栄養環境下で「進化」は起こり得ない。しかし、実際に、それまで利用できなかった炭素源を利用可能に「進化」した細菌が出現することを考慮すると、利用可能な有機炭素源が乏しい環境下でも、なんとか「やりくり」して増殖するための「積極的な」適応機構の存在が予想される。環境中の従属栄養細菌は本来、こうした「極貧栄養環境下での増殖システム」を持っており、人間が実験室で純粋分離した株の多くは、純粋分離過程でこのシステム起動のスイッチを失った変異株であるとも考えられる。

○ 細菌のコミュニティ形成 環境試料から特定の物質分解細菌株を単離する場合、通常、当該物質を唯一の炭素源・エネルギー源として含む液体培地で集積培養を行った後、固体培地上で当該物質分解能を示す株を純粋分離する。しかし、一般に、液体培地で特定物質での集積培養を続けても、分解細菌が菌叢の大多数を占めることはない。このような分解コミュニティでは、非分解菌が分解菌に対してポジティブな効果を持つと考えられ、それら関係性の原理を明らかにできれば、実環境で細菌がなぜコミュニティを形成するのか? という問いへの答えに繋がる。

2. 研究の目的

我々は、 γ -HCH 分解細菌株を対象とした研究過程で、(1) 従属栄養細菌である γ -HCH 分解細菌株が「特定の突然変異により有機炭素源非添加無機固体培地上でコロニー形成する現象」と、(2) 「 γ -HCH 分解細菌株単独よりも非分解細菌株を含むコミュニティの方が長期持続的な γ -HCH 分解活性を示す現象」を見出していた。これら現象は、環境細菌の実環境での「生き様」の理解にも直結すると考えられることから、本研究では、これら現象の分子機構の解明を第一の目的とした。さらに、(3) 得られる知見を活かして、分解細菌の効果を実環境で最大限に発揮するための具体的接種方法を提示し、実環境での有用細菌の効率的利用のための理論的基盤を構築することを第二の目的とした。

3. 研究の方法

我々は、 γ -HCH の分解能を示す細菌である *Sphingobium japonicum* UT26 株や *Sphingobium* sp. TKS 株などの研究過程で、「UT26 株で特定遺伝子が高発現すると有機炭素源非添加の無機固体培地上でもコロニー形成能を獲得した oligotrophic growth (OG) 表現型を示す現象」と「TKS 株単独時よりも、分解能を有さない他の細菌株が共存するコミュニティ状態の方が γ -HCH を唯一の炭素源とした固体培地での生育度が上昇する現象」を見出していた。本研究ではこれら現象を主な研究対象とした。

(1) OG 表現型に関する研究 OG 表現型を示す UT26 株のトランスポゾン(Tn)突然変異株の取得を契機に、UT26 株は独立栄養細菌の既知 CO₂ 固定経路の鍵酵素遺伝子ホモログを有していないにもかかわらず、ある種のアルコールデヒドロゲナーゼ(ADH)遺伝子(*adhX*)の高発現で CO₂ 固定を伴う OG 表現型を示す予備的知見を得ていた。また、OG 表現型が多くの環境細菌株が有する普遍性の高い極貧栄養環境適応戦略である可能性を示す結果を得ていた。これらを踏まえ、本研究では、OG 表現型の機構解明を目指して、AdhX の ADH 活性およびその他機能の特性を生化学的手法で検討、次世代型シーケンサーを用いた定量的評価が可能な Tn 突然変異解析法

による OG 表現型に關与する遺伝子の網羅的同定、RNA-Seq 法による OG 表現型を示す際に発現変動する遺伝子の網羅的同定を実施した。

(2) γ -HCH 分解細菌コミュニティに関する研究 環境試料から γ -HCH を唯一の炭素源とした液体培地で集積培養を行った場合に、特定の分解細菌株のみが濃縮されることはなく、数種から構成される「 γ -HCH 分解細菌コミュニティ」が濃縮される。また、(i) 固体培地上で最終的に分離できた γ -HCH 分解細菌 TKS 株単独より、元のコミュニティの方が γ -HCH を唯一の炭素源とした固体培地 (γ -HCH 培地) 上で良好な生育 (巨大コロニー形成) をする現象、(ii) 固体培地上でコミュニティに共存する非分解細菌 *Cupriavidus* sp. TKC 株が TKS 株コロニーに向かって方向性を持ったコロニー生長 (directional colony growth) をする現象 (図 1 : DCG 現象と命名) を見出していた。これらを踏まえ、本研究では、(2-1) γ -HCH 含有固体培地上での長期持続的的巨大コロニーの解析、(2-2) DCG 現象の解析、(2-3) *Paenibacillus* 株が γ -HCH 分解細菌株の培地上での棲息領域を拡大する現象 (ヒッチハイク現象) の解析、を実施した。

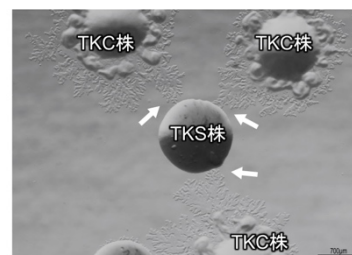


図 1 TKS株のTKS株へのコロニー接近現象

(3) 得られた知見の応用への展開 本研究では、土壤マイクロコズムを用いて、(3-1) γ -HCH 分解細菌株の土壤生残性と *adhX* との関係性の解明、(3-2) 土壤での生残性および γ -HCH 分解活性に対する非分解細菌株との共培養による効果の検証、を実施した。なお、土壤マイクロコズムには、我々が細菌の土壤環境での「ふるまい」に関する研究で使用し、関連情報が蓄積された γ 線滅菌土壤試料を基本的に使用した。

4. 研究成果

(1) OG 表現型に関する研究 γ -HCH 分解細菌 UT26 株において *adhX* 遺伝子が高発現すると有機炭素源非添加の無機固体培地上でもコロニー形成する oligotrophic growth (OG) 表現型を示す現象について詳細な解析を実施し、本現象を high-yield growth under oligotrophic conditions (HYGO) 表現型と呼称を変更して、原著論文、および関連総説を複数発表した。その際、固体培地上だけでなく、液体培養でもコロニー形成数を測定することで本現象が観察されることを新たに見出した。また、本現象の分子機構の解明を目指して、定量的な評価が可能な新規 qTn-Seq 法を開発した。本 qTn-Seq 法に用いる約 10,000 クローンからなる HYGO 株の Tn 変異株ライブラリーを完成させ、網羅的解析のための培養条件を検討した後に、qTn-Seq と RNA-Seq を適用した。その結果、HYGO 現象に関わる遺伝子のリストを得た (表 1)。さらに、候補遺伝子の破壊・相補実験の結果も併せて、HYGO 表現型株は、低栄養環境下でグリオキシル酸回路で CO₂ の放出を抑えつつ、環境中に低濃度で存在するエタノールを主な基質として利用して増殖して

表 1. qTn-Seq 法で明らかになった HYGO 表現型関与の候補遺伝子

Chr1			Chr2		
Locus Tag	gene	product	Locus Tag	gene	product
SJA_C1-17770	<i>ppdk</i>	pyruvate, phosphate dikinase	SJA_C2-01170		TonB-dependent receptor
SJA_C1-21600	<i>aceB</i>	malate synthase G	SJA_C2-01390		urea carboxylase
SJA_C1-27790	<i>gcvPB</i>	glycine dehydrogenase	SJA_C2-01660	<i>pntB</i>	NAD(P) transhydrogenase subunit beta
SJA_C1-27800	<i>gcvPA</i>	glycine dehydrogenase	SJA_C2-01670	<i>pntA</i>	NAD(P) transhydrogenase subunit alpha
SJA_C1-28310	<i>aceA</i>	isocitrate lyase	SJA_C2-04280		class II aldolase
SJA_C1-28320		XRE family transcriptional regulator	SJA_C2-05630	<i>acs</i>	acetyl-coenzyme A synthetase
SJA_C1-31210		XRE family transcriptional regulator	SJA_C2-05640		pseudoazurin
SJA_C1-33580	<i>ppc</i>	phosphoenolpyruvate carboxylase	SJA_C2-05740		DNA-binding response regulator
SJA_C1-34420		TonB-dependent receptor	SJA_C2-05750		GCN5 family N-acetyltransferase
			SJA_C2-05790		hybrid sensor histidine kinase/response regulator
			SJA_C2-05800		hypothetical protein
			SJA_C2-05820	<i>aldH</i>	aldehyde dehydrogenase family protein

いる可能性が示唆された (図 2)。また、TonB-dependent receptor-like protein など、代謝とは直接関与しないタンパク質をコードする遺伝子の本現象への関与も示唆された (表 1)。一方、*adhX* 高発現突然変異株のリシーケンス解析により、*adhX* 発現抑制因子の存在が示唆された。

(2) γ -HCH 分解細菌コミュニティに関する研究 液体培地でコミュニティを継代培養し、非分解細菌が半数以上を占める菌叢が 5 回の継代でも安定に維持されることを明らかにすると共に、コミュニティ形成に重要と思われる候補株が見出された。また、 γ -HCH 培地上で形成された巨大コロニーの菌叢解析、および単離したコミュニティ構成菌株を用いた再構成実験の結果から、TKC 株が巨大コロニー形成の鍵であることが明らかになった。また、TKC 株は DCG 現象において、sphingomonad 細菌群特有の膜成分を認識している可能性を示す結果が得られた。一方、ヒッチハイク現象において、運動性を示す *Paenibacillus* 株を新たに複数取得し、固体培地上で運動性を示さない環境汚染物質分解菌株との組み合わせを検討した (表 2)。その結果、「乗せる側」と「乗る側」の特異性があることを示す結果を得た。

(3) 得られた知見の応用への展開 土壤マイクロコズムを用いて、 γ -HCH 分解細菌 UT26 株の

土壌生残性が、ヒッチハイク現象を示す *Paenibacillus* 属株との共培養で顕著に上昇する結果を得た。さらに、UT26株の土壌生残性が *adhX*とも関連性があることを示唆する結果が得られた。

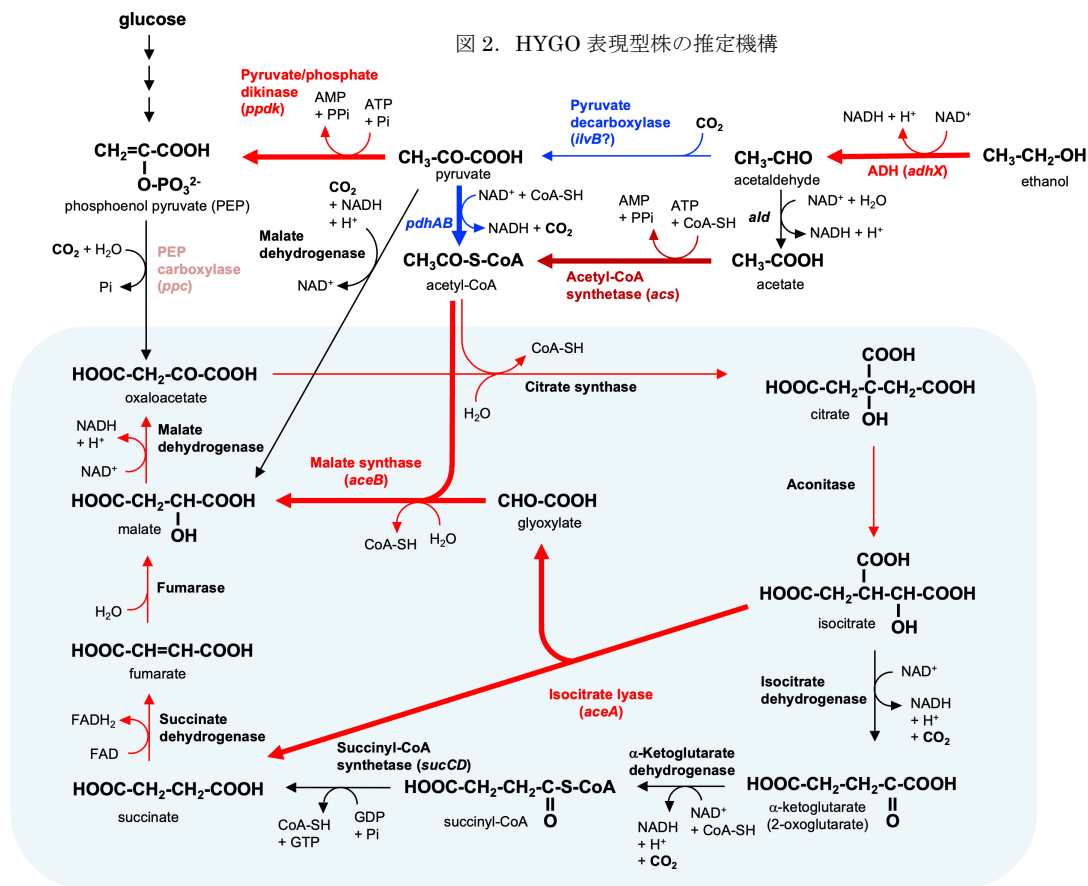


表 2. ヒッチハイク現象の「乗せる側」と「乗る側」の特異性

	α-プロテオバクテリア綱					β-プロテオバクテリア綱		γ-プロテオバクテリア綱	グラム陽性菌	
	<i>S.japonicum</i> UT26	<i>Sphingobium</i> sp. TKS	<i>Sphingobium</i> sp. MI1205	<i>Sphingomonas</i> sp. MM-1	<i>Sinorhizobium meliloti</i> 1021	<i>Cupriavidus</i> sp. TKC	<i>B. multivorans</i> ATCC1716	<i>P.putida</i> KT2440	<i>E.coli</i> MG1655	<i>Rhodococcus</i> sp. RHA1
単独	-	+	-	-	-	+	-	+	+	-
NK-L2	++	++	++	++	+	+++	+	++	+++	+++
TH-K1	+	+	+++	+	+	+	++	+++	+++	+++
TH-K4	+	+	+	+	+	+	+	++	++	+++
TH-K5	-	-	-	+	++	+++	-	+++	-	+++
TH-K6	-	+	-	++	++	+++	-	+++	-	+++
TH-K7	-	+	-	++	++	++	-	+++	-	+++
TH-K8	-	+	-	++	++	+++	-	+++	-	+++
TH-K9	-	+	-	++	++	+++	-	+++	-	+++
TH-K11	-	+	-	+	++	++	-	+++	-	+++

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計15件（うち査読付論文 15件 / うち国際共著 1件 / うちオープンアクセス 5件）

1. 著者名 Marek M, Chaloupkova R, Prudnikova T, Sato Y, Rezacova P, Nagata Y, Smatanova IK, Damborsky J	4. 巻 18
2. 論文標題 Structural and catalytic effects of surface loop-helix transplanted within haloalkane dehalogenase family	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Computational and Structural Biotechnology Journal	6. 最初と最後の頁 1352-1362
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.csbj.2020.05.019	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 Miyakoshi M, Ohtsubo Y, Nagata Y, and Tsuda M	4. 巻 11
2. 論文標題 Transcriptome analysis of zygotic induction during conjugative transfer of plasmid RP4	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	6. 最初と最後の頁 e1125
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fmicb.2020.01125	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 Nonoyama S, Kishida K, Sakai K, Nagata Y, Ohtsubo Y, Tsuda M	4. 巻 171
2. 論文標題 A transcriptional regulator, IscR, of Burkholderia multivorans acts as both repressor and activator for transcription of iron-sulfur cluster-biosynthetic isc operon	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Research in Microbiology	6. 最初と最後の頁 319-330
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.resmic.2020.06.005	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 Kawamoto Y, Kato H, Nagata Y, and Urabe J	4. 巻 16
2. 論文標題 Microbial communities developing within bulk sediments under fish carcasses on a tidal flat	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0247220
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0247220	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 Nagata Y	4. 巻 8
2. 論文標題 Special Issue: Microbial degradation of xenobiotics	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microorganisms	6. 最初と最後の頁 487
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/microorganisms8040487	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 永田裕二	4. 巻 78
2. 論文標題 従属栄養細菌のCO2依存的な極貧栄養環境適応	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 バイオサイエンスとインダストリー	6. 最初と最後の頁 498-500
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	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 Ogawa N., H. Kato, K. Kishida, E. Ichihashi, T. Ishige, H. Yoshikawa, Y. Nagata, Y. Ohtsubo, M. Tsuda	4. 巻 165
2. 論文標題 uppression of substrate inhibition in phenanthrene-degrading Mycobacterium by co-cultivation with a non-degrading Burkholderia strain	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbiology	6. 最初と最後の頁 625-637
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/mic.0.000801	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 Ohtsubo Y, Sakai, K, Nagata Y, Tsuda M	4. 巻 2
2. 論文標題 Properties and efficient scrap-and-build repairing of mechanically sheared 3' DNA ends	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 409
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-019-0660-7	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 Kishida K, Nonoyama S, Lukas T, Kawahara S, Kudo K, Nagata Y, Ohtsubo Y, Tsuda M	4. 巻 85
2. 論文標題 Conjugative transfer of IncP-9 catabolic plasmids requires a previously uncharacterized gene, mpfK, whose homologs are conserved in various MPFT-type plasmids	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Appl Environ Microbiol	6. 最初と最後の頁 e01850-19
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/AEM.01850-19	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 Inaba S, Sakai H, Kato H, Horiuchi T, Yano H, Ohtsubo Y, Tsuda M, Nagata Y	4. 巻 166
2. 論文標題 Expression of an alcohol dehydrogenase gene in a heterotrophic bacterium induces carbon dioxide-dependent high-yield growth under oligotrophic conditions	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microbiology	6. 最初と最後の頁 in press
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/mic.0.000908	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 Nagata Y, Kato H, Ohtsubo Y, Tsuda M	4. 巻 11
2. 論文標題 Lessons from the genomes of lindane-degrading sphingomonads	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Environ Microbiol Rep	6. 最初と最後の頁 630-644
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/1758-2229.12762	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 Kato Hiromi, Su Lijun, Tanaka Ayami, Katsu Honami, Ohtsubo Yoshiyuki, Otsuka Shigeto, Senoo Keishi, Nagata Yuji	4. 巻 86
2. 論文標題 Genome evolution related to γ -hexachlorocyclohexane metabolic function in the soil microbial population	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry	6. 最初と最後の頁 800-809
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bbb/zbac042	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 Yang Dailin, Kato Hiromi, Kawatsu Kazutaka, Osada Yutaka, Azuma Toyohiro, Nagata Yuji, Kondoh Michio	4. 巻 10
2. 論文標題 Reconstruction of a Soil Microbial Network Induced by Stress Temperature	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Microbiology Spectrum	6. 最初と最後の頁 e02748-22
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/spectrum.02748-22	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 Ohtsubo Yoshiyuki, Hirose Yuu, Nagata Yuji	4. 巻 86
2. 論文標題 Algorithms used for in silico finishing of bacterial genomes based on short-read assemblage implemented in GenoFinisher, AceFileViewer, and ShortReadManager	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry	6. 最初と最後の頁 693-703
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bbb/zbac032	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 永田 裕二、加藤 広海、大坪 嘉行	4. 巻 22
2. 論文標題 従属栄養細菌の極貧栄養環境でのCO ₂ 依存的な増殖現象	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 環境バイオテクノロジー学会誌	6. 最初と最後の頁 9-13
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.50963/jenvbio.22.1_9	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 -

〔学会発表〕 計66件（うち招待講演 6件／うち国際学会 0件）

1. 発表者名 逸見裕太郎、永田裕二、大坪嘉行
2. 発表標題 新規qTnSeq法の開発:PCB/ビフェニル分解菌への適用と2つの指標値の導入
3. 学会等名 第15回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 野々山翔太、逸見裕太郎、永田裕二、大坪嘉行
2. 発表標題 qTnSeq法を用いたBurkholderia属細菌における潜在的抗生物質耐性遺伝子の網羅的同定
3. 学会等名 第15回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 平野彰大、山本達也、仁平賢、野村暢彦、永田裕二、矢野大和
2. 発表標題 平板培地を用いた実験進化により構築したモデル細菌集団内の多様性維持機構
3. 学会等名 第15回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 永田裕二
2. 発表標題 従属栄養細菌の極貧栄養環境でのCO2依存的な増殖現象
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会シンポジウム「細菌の低栄養環境に対する増殖を伴う適応機構」(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 陳 楠楠, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 実験進化系で得られた人工殺虫剤分解に関与する進化型ハロアルカンデハロゲナーゼ
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 鈴木 達也, 相馬 隆光, 加藤 広海, 豊福 雅典, 野村 暢彦, 永田 裕二
2. 発表標題 有機塩素系殺虫剤分解能を持つスフィンゴモナッド細菌株のmembrane vesicle形成とvesicleが有するDNA
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 高橋 由紀子, 佐藤 優花里, 中鉢 千尋, 野々山 翔太, 永田 裕二
2. 発表標題 ハロアルカンデハロゲナーゼ及びデアミナーゼからなる融合酵素DahXのtRNA編集活性
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 加藤 広海, 田中 彩美, 永田 裕二
2. 発表標題 -Hexachlorocyclohexane(HCH)汚染土壌のメタゲノム解析
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 松本 哲, 永田 裕二, 大坪 嘉行
2. 発表標題 ICEKKS1024677の接合伝達を制御する遺伝子発現制御機構
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 新型コロナウイルスを認識するDNAアプタマーの作製と迅速検出法の構築
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 野々山 翔太, 岸田 康平, 酒井 啓一郎, 永田 裕二, 津田 雅孝, 大坪 嘉行
2. 発表標題 土壌細菌Burkholderia multivoransにおける転写制御因子IscRの解析
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 川原 昌太郎, 永田 裕二, 大坪 嘉行
2. 発表標題 Taq DNA polymeraseによる新規タイプのCIS反応
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 尾形拓哉, 佐藤優花里, 永田裕二
2. 発表標題 Sphingobium japonicum UT26株の有機塩素系殺虫剤分解に関わるABCトランスポーターの解析
3. 学会等名 日本生化学会東北支部会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 蘇 立俊 , 加藤 広海 , 大坪 嘉行 , 津田 雅孝 , 永田 裕二
2. 発表標題 人工の代謝酵素遺伝子クラスターを利用した高機能有機塩素殺虫剤資化細菌の育種
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 仁平 賢 , 山本 達也 , 平野 彰大 , 野村 暢彦 , 永田 裕二 , 矢野 大和
2. 発表標題 微生物はなぜ群れを作るのか? : 平板培地実験進化系を用いたBHQの検証
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 酒井 洋範 , 加藤 広海 , 大坪 嘉行 , 津田 雅孝 , 永田 裕二
2. 発表標題 環境細菌におけるadhX遺伝子が関与する貧栄養環境適応機構の普遍性
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 東 豊浩 , 加藤 広海 , 長田 穰 , 永田 裕二 , 近藤倫生
2. 発表標題 土壌細菌叢の液体培養系における遷移の動態解析
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 加藤 広海 , 津田 雅孝 , 永田 裕二
2. 発表標題 土壌細菌叢の初期形成過程における移動性細菌の役割
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 近藤 倫生、東 豊浩、加藤 広海、川津 一隆、長田 穰、永田 裕二
2. 発表標題 生態学は生物群集デザインに活用できるか？
3. 学会等名 日本生物工学会第71回大会シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 大坪 嘉行、永田 裕二、津田 雅孝
2. 発表標題 キャピラリーシーケンサーと TraceViewer を用いた DNA 解析のススメ
3. 学会等名 第14回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 蘇 立俊、加藤 広海、大坪 嘉行、津田 雅孝、永田 裕二
2. 発表標題 有機塩素殺虫剤分解酵素遺伝子取得のための人工キャプチャリング株の構築
3. 学会等名 第14回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 野々山 翔太、佐藤 拓哉、永田 裕二、大坪 嘉行、津田 雅孝
2. 発表標題 Burkholderia 属へム獲得系転写活性化因子 HemP の普遍的機能の解析
3. 学会等名 第14回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 逸見 裕太郎、永田 裕二、津田 雅孝、大坪 嘉行
2. 発表標題 qTnSeq法を利用したPCB/ピフェニル分解菌の分解制限要因の同定と排除
3. 学会等名 第14回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 仁平 賢、山本 達也、平野 彰大、野村 暢彦、永田 裕二、矢野 大和
2. 発表標題 農薬分解細菌を用いた平板培地実験進化系の構築
3. 学会等名 第14回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 蘇 立俊、加藤 広海、大坪 嘉行、津田 雅孝、永田 裕二
2. 発表標題 人工遺伝子クラスターを利用した有機塩素殺虫剤分解酵素遺伝子キャプチャリング株の作製
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	鄧 文昊、Annapoorni Lakshman Sagar、陳 楠楠、加藤 広海、大坪 嘉行、津田 雅孝、Dayanannda Siddavattam、永田 裕二
2. 発表標題	有機リン系殺虫剤分解細菌 <i>Sphingopyxis wildii</i> 株由来の2種の八口アルカンデハロゲナーゼの解析
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	鈴木 達也、相馬 隆光、加藤 広海、豊福 雅典、野村 暢彦、永田 裕二
2. 発表標題	有機塩素系殺虫剤分解能を持つスフィンゴモナッド細菌株のmembrane vesicle形成
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	酒井 洋範、加藤 広海、大坪 嘉行、津田 雅孝、永田 裕二
2. 発表標題	培養条件検討からadhX遺伝子依存的貧栄養環境生育機構に迫る
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	高橋 由紀子、中鉢 千尋、野々山 翔太、佐藤 優花里、永田 裕二
2. 発表標題	<i>Acidovorax</i> sp. KKS102株が有する融合酵素DahXのtRNA編集活性
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 Nannan CHEN, Yoshiyuki Ohtsubo, Masataka Tsuda, Yuji Nagata
2. 発表標題 Construction of experimental evolution system of haloalkane dehalogenases and characterization of the evolved enzymes
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 Kafayat YUSUF, Hiromi Kato, Masataka Tsuda, Yuji Nagata
2. 発表標題 Survivability of a gamma-hexachlorocyclohexane-degrading sphingomonad strain in soil.
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 大坪 嘉行、酒井 啓一郎、永田 裕二、津田 雅孝
2. 発表標題 超音波で断片化したDNAの3'端と効率的修復
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 松本 哲、酒井 啓一郎、永田 裕二、津田 雅孝、大坪 嘉行
2. 発表標題 PCB/ビフェニル分解菌Acidovorax sp. KKS102株が有するICEの接合伝達に関するtraR遺伝子の機能解析
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 野々山 翔太、岸田 康平、永田 裕二、大坪 嘉行、津田 雅孝
2. 発表標題 Burkholderia multivorans の鉄硫黄クラスター生合成遺伝子群における転写活性化機構の解析
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 酒井 啓一郎、永田 裕二、津田 雅孝、大坪 嘉行
2. 発表標題 PCB分解菌Acidovorax sp. KKS102株が示す多段階増殖とレスポンスレギュレーターBphQの翻訳後修飾
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 岩本和音、Kafayat Olaide Yusuf Habibullah、加藤広海、永田裕二
2. 発表標題 バクテリアにおけるヒッチハイク現象の環境浄化技術への応用
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 佐子川 さやか 羽賀千晃 加藤広海 永田裕二
2. 発表標題 -HCH分解細菌コミュニティの固体培地上での異種複合コロニー形成
3. 学会等名 微生物生態学会34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 勝 保奈実 , 田中 彩美 , 加藤 広海 , 永田 裕二
2. 発表標題 土壌環境中での α -HCH 分解細菌の多様性と進化
3. 学会等名 微生物生態学会34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 加藤 広海, 勝 保奈実 , 永田 裕二
2. 発表標題 メタゲノムから見た土壌環境の α -HCH 分解細菌の多様性
3. 学会等名 微生物生態学会34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 笹川 航 , 加藤 広海 , 大塚 重人 , 永田 裕二
2. 発表標題 Burkholderia 株由来の細胞外多糖類による土壌細菌の選択的培養
3. 学会等名 微生物生態学会34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Hiromi Kato, Tatsuya Suzuki, Tomoyuki Ishihara, Takamitsu Soma, Masanori Toyofuku, Nobuhiko Nomura, and Yuji Nagata
2. 発表標題 Membrane vesicle production and vesicle-related DNA of sphingomonad strain capable of degrading organochlorine pesticide
3. 学会等名 EMBO Workshop Bacterial membrane vesicles: Biogenesis, functions and medical applications
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 勝 保奈実、蘇 立俊、田中 彩美、加藤 広海、大坪 嘉行、永田 裕二
2. 発表標題 -HCH 分解細菌の多様性と進化
3. 学会等名 第16回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大坪嘉行、永田裕二
2. 発表標題 二価サブライブラリ構築による新型コロナウイルスに結合する DNA アプタマーの取得と展開
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会シンポジウム「機能性核酸の創製と生命科学応用に向けた新展開」
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 笹川 航, 加藤 広海, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 Burkholderia株由来の細胞外多糖類画分による難培養 性 Verrucomicrobia門細菌の集積培養
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 岩本 和音, 加藤 広海, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 ヒッチハイク現象の環境汚染物質分解細菌への応用
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐子川 さやか, 羽賀 千晃, 加藤 広海, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 -HCH 分解細菌コミュニティ形成におけるCupriavidus 株の重要性
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 伊藤 蓮, カファヤ ユスフ, 宮内 啓介, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 gamma-HCH 脱塩化水素酵素 LinA による DDT の分解
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 鄧 文昊, 高田 美信, 大坪 嘉行, 渡辺 正夫, 永田 裕二
2. 発表標題 細菌由来の有機塩素系殺虫剤分解に関わるデハロゲナーゼを発現するシロイヌナズナ植物の作製
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 石原 知行, 加藤 広海, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 有機塩素系殺虫剤分解細菌が産生する membrane vesicle に含まれる DNA
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 野々山 翔太, 柳 熙盟, 加藤 広海, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 qTn-Seq 法を用いた <i>Sphingobium japonicum</i> UT26 株 の超低栄養環境での増殖に関わる遺伝子の同定
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松本 哲, 永田 裕二, 大坪 嘉行
2. 発表標題 ICE 接合伝達に関する推定転写因子 TraR の標的遺伝子の探索
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 永田裕二
2. 発表標題 細菌の環境適応・機能進化機構の 包括的理解と環境細菌の高度利用および未開拓潜在機能開発への応用
3. 学会等名 公益財団法人発酵研究所 (IFO) 第16回助成研究報告会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 平野 翔子, 加藤 広海, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 異なる無菌土壌への細菌集団移植時の菌叢形成
3. 学会等名 微生物生態学会35回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Stari Lazo Leonardo Alfredo, Hiromi Kato, Yoshiyuki Ohtsubo, Yuji Nagata
2. 発表標題 Community succession of a soil bacterial population cultured with different carbon sources
3. 学会等名 環境バイオテクノロジー学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐子川さやか、加藤広海、大坪嘉行、永田裕二
2. 発表標題 Cupriavidus株が長期持続的g-HCH分解細菌集団形成の鍵である
3. 学会等名 環境バイオテクノロジー学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 永田裕二
2. 発表標題 土壌細菌機能発現を支える種間相互作用
3. 学会等名 大隅基礎科学創成財団微生物コンソーシアム定例会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 永田裕二
2. 発表標題 土壌細菌の進化と種間相互作用
3. 学会等名 第34回加藤記念研究助成贈呈式特別講演会（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 永田裕二
2. 発表標題 土壌圏微生物による人工農薬分解のフロンティア
3. 学会等名 日本農薬学会第48回大会 未来開拓シンポジウム「将来の植物保護に向けた応用微生物学」(招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Leonardo Stari, Hiromi Kato, Yoshiyuki Ohtsubo, Yuji Nagata
2. 発表標題 Uncovering the Dynamics of Microbial Genomic Structure and Function in Relation to Carbon Source Variation: An Investigation of Taxonomic Succession and Metagenome Composition
3. 学会等名 第17回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 平野 翔子、加藤 広海、Leonardo Stari、大坪 嘉行、永田 裕二
2. 発表標題 土壌の違いが細菌叢形成に与える影響
3. 学会等名 第17回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 鄧 文昊、高田 美信、大坪 嘉行、渡辺 正夫、永田 裕二
2. 発表標題 細菌由来のデハロゲナーゼを発現するシロイヌナズナ植物の人工農薬分解活性
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 Leonardo Stari、Hiromi Kato、Yoshiyuki Ohtsubo、 Yuji Nagata
2. 発表標題 The succession of taxonomic structure and metagenome composition of bacterial community cultured with different carbon sources
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 伊藤 蓮、永田 裕二、大坪 嘉行
2. 発表標題 従属栄養細菌の超低栄養環境での増殖を引き起こすAdhXは promiscuousなアルコール脱水酵素である
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 平野 翔子、加藤 広海、大坪 嘉行、永田 裕二
2. 発表標題 混合無菌土壌に移植した土壌細菌集団の菌叢形成
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 松本 哲、永田 裕二、大坪 嘉行
2. 発表標題 PCB分解細菌の可動性遺伝因子ICEKKS102Tn4677 の oriT における TraR標的の探索
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 永田裕二、Stari Leonardo、加藤広海、大坪嘉行
2. 発表標題 土壌細菌の機能と進化
3. 学会等名 第70回日本生態学会大会シンポジウム「土壌圏の複雑性と適応性を明らかにする総合科学」（招待講演）
4. 発表年 2023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
研究分担者	大坪 嘉行 (Ohtsubo Yoshiyuki) (40342761)	東北大学・生命科学研究科・准教授 (11301)	
研究分担者	加藤 広海 (Kato Hiromi) (90727265)	東北大学・生命科学研究科・助教 (11301)	
研究分担者	津田 雅孝 (Tsuda Masataka) (90172022)	東北大学・生命科学研究科・教授 (11301)	定年退職のため2020年度より分担者から外す。

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