

令和 6 年 5 月 10 日現在

機関番号：11301

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2022～2023

課題番号：22K19124

研究課題名（和文）細菌の細胞外遺伝情報記憶システムの実体に迫る

研究課題名（英文）Approach to the substance of bacterial extracellular genetic information storage device

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） 5,000,000円

研究成果の概要（和文）：細菌の細胞外遺伝情報記憶システムの実体とそれを利用する機構を解明することを目的として、 α -HCH分解細菌の膜小胞（MV）および、 α -HCH分解遺伝子の水平伝播機構に関する研究を実施した。その結果、 α -HCH分解細菌がMVを放出することを初めて明示すると共に、本MVがDNaseによる分解を受けにくいlinAを含むことを明らかにし、MVが遺伝情報のリザーバーとして機能する可能性を提示した。一方、 α -HCH分解細菌UT26株のlinBがintegrative and conjugative element（ICE）上に存在することを明らかにした。lin遺伝子群を乗せたICEは初めての発見である。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究の成果は、細菌ゲノムの進化原理に関する新たな重要な知見を提示するものであり、微生物関連分野に与える影響は極めて大きい。また、 α -HCH分解遺伝子のような起源不明な特殊遺伝子は、環境汚染物質分解以外にも、抗生物質耐性や動植物への感染など他の様々な細菌機能にも利用されていることから、微生物の未開拓な新規遺伝子取得法の確立という微生物の機能開発の観点からの応用への展開にも直結し、様々な分野の産業界への幅広い波及効果が期待できる。

研究成果の概要（英文）：To elucidate the substance of the bacterial extracellular genetic information storage device and the mechanism of its utilization, we analyzed membrane vesicles (MVs) of α -HCH-degrading bacteria and the mechanism of horizontal gene transfer of α -HCH-degrading genes. As a result, we clarified for the first time that α -HCH-degrading bacteria release MVs and that these MVs contain linA, which is not easily degraded by DNase, suggesting that MVs can function as a reservoir of genetic information. On the other hand, linB of the α -HCH-degrading bacterial strain UT26 was found to be located on an integrative and conjugative element (ICE). Since all of the linB genes in other α -HCH-degrading strains are flanked by IS6100, this finding will provide new insights into the horizontal gene transfer of the α -HCH-degrading genes.

研究分野：応用微生物学

キーワード：細菌進化 ゲノム 未開拓遺伝子資源 膜小胞 挿入配列 可動性遺伝因子

1. 研究開始当初の背景

人為起源の環境汚染物質分解細菌は、微生物の環境適応・進化機構の解明に適した研究材料である。我々は、環境汚染物質の中でも高度に難分解性の有機塩素系殺虫剤 γ -hexachlorocyclohexane (γ -HCH) 分解細菌の研究に長年従事し、細菌の γ -HCH 分解代謝系の全貌を解明 (1) すると共に、地理的に離れた場所から単離された複数の有機塩素系殺虫剤 γ -HCH 分解細菌株のゲノム解析により、世界各地で見出された複数の γ -HCH 分解細菌株が単一の γ -HCH 分解細菌株から派生したのではなく、比較的類縁性は高いが異なる環境常在細菌が γ -HCH 代謝に必要な特殊性の高い酵素遺伝子群 (*lin genes*) を獲得して世界各地で γ -HCH 分解細菌が「独立に」誕生したというモデルを提唱した (2,3)。しかし、データベース上の膨大なゲノム・メタゲノム情報にも *lin genes* の進化的起源が推察される配列は見出されず、 γ -HCH 分解細菌がそれら遺伝子を「どこから?」「どのように?」獲得したのか全く不明である。地理的に離れた場所で単離され、系統的にもある程度離れた細菌が、ほぼ同一の *lin genes* を利用していることを考えると、 γ -HCH 汚染という環境刺激に対して、細菌は、潜在的なレパートリーとして細胞外に持つ膨大な遺伝子群の中から必要な遺伝子を巧みに取り出し利用していることはほぼ確実である。この環境細菌が利用可能な遺伝情報の総体は漠然と「環境遺伝子プール」とされているが、実体は不明である。環境中には、細菌生細胞や naked DNA だけでなく、休眠状態の細菌細胞、ファージ粒子、膜小胞 (MV) などの DNA 含有構造体が存在し、これらが Extracellular Genetic Information Storage Device (EGISD) として機能している可能性が高い。

2. 研究の目的

我々が詳細に解析を行った γ -HCH 分解細菌の γ -HCH 分解代謝系は、まさに進化の初期過程にある特徴を多く有しており、特に「新規分解遺伝子の獲得」と「ゲノム再編成」における可動性遺伝因子の重要性を強く示唆する成果を得た (2,3)。しかし、これらは「推測」の域を出ず、具体的にこのような可動性遺伝因子がどのように細菌の機能進化に関与しているのかは未解明である。また、そもそも特殊な「新規遺伝子」が具体的にどこから来たのかは全く不明である。すなわち、環境中で γ -HCH 分解細菌が出現する際、環境微生物が利用可能な「環境遺伝子プール」から適当な「既存の遺伝子」を必要に応じて取り込んで利用していると考えられるが、「環境遺伝子プール」の実体は不明である。そこで、我々は、人類が未だ認識していない EGISD の存在を推定し、特に MV の EGISD としての機能に着目した。MV が当該機能を有していれば、細菌ゲノムが部分的に混ざり合う「リコンビネーション」や、ゲノム内の互いによく似た配列が維持される「協奏進化」など他の普遍的生命現象の機構解明にも繋がる。さらに、一般に「起源不明な遺伝子」の近傍には挿入配列 (IS) が存在するケースが多く、 γ -HCH 分解遺伝子の近傍にも挿入配列 IS6100 が存在することから、こうした IS が細胞内のゲノム再編成のみならず、起源不明な遺伝子の獲得にも関与している可能性がある。*in vitro* で構成した転移酵素-DNA 複合体を細胞内に電気穿孔法で導入することでゲノムへの DNA 転移反応が起こることを踏まえ、IS の転移酵素が外部 DNA を取り込む機能も担っている可能性は高い。以上を踏まえ、本研究では、「細菌の γ -HCH 代謝系」を利用し、細菌が潜在的に有する「EGISD の実体」と「それを利用する機構」に関する知見を得ることを目的とする。

ゲノム配列から外来領域を推定し、ゲノム進化における水平伝播の重要性を「記載」するのは容易である。また、実験室内での接合伝達性プラスミドや integrative and conjugative element (ICE) の水平伝播性は検証されている。しかし、環境中でのゲノム進化を伴う水平伝播に関する機構はほぼ未解明である。それは、一般に進化の実験的検証は技術的に困難なことに起因する。これに対して、本研究では我々が長年研究対象としてきた γ -HCH 分解細菌という優れた研究対象を用いることで、実験的検証に基づいて新たな概念を提示し、この状況を打破することが可能である。特に、本研究は「細胞外からの遺伝子の取り込みも考慮した対環境の進化実験」という点で極めてチャレンジングである。近年、多くの実験室進化の報告があるが、それらはほぼ全て「外来遺伝子の獲得」は考慮しない条件下での進化実験である。それは、「外来遺伝子」を実験系に加えると、解析および結果の解釈が飛躍的に困難になるからである。本研究では、 γ -HCH 分解という特殊機能に焦点を絞るため、ノイズを極力排除した対環境の進化実験が可能になる。得られる成果は、細菌ゲノムの進化原理に関する極めてインパクトの高い新たな普遍的知見を提示することとなり、微生物関連分野に与える影響は極めて大きい。また、「起源不明な特殊遺伝子」は、環境汚染物質分解以外にも、抗生物質耐性や動植物への感染など他の様々な細菌機能に利用されていることから、本研究の成果は、微生物の未開拓な新規遺伝子取得法の確立という微生物の機能開発の観点からの応用への展開にも直結し、様々な分野の産業界への幅広い波及効果が期待できる。

3. 研究の方法

3-1. 新規キャプチャリング系の構築

我々は、 γ -HCH 代謝遺伝子の一部を欠失させ、 γ -HCH を唯一炭素源として生育できないが、当該遺伝子の外部からの導入で γ -HCH 資化能を回復するキャプチャリング株 (CP 株) を構築し、その有効性を示した (4)。本系はポジティブ選択で大量のスクリーニングが可能であるため、本研究でも基本原理は同様の系を用いた (項目 3-3)。しかし、天然の株は遺伝子の安定性や代謝バランス等で問題があるため、類縁菌株に *lin* genes をクラスター化して導入した人工の γ -HCH 分解細菌株を利用した CP 株を作製し、より高感度の遺伝子獲得検出系の構築を試みた。

3-2. MV の EGISD としての可能性の検討

EGISD として、特に細菌が放出する MV (5) に着目し、 γ -HCH 分解細菌 *Sphingobium japonicum* UT26 株、およびその γ -HCH 分解に必須の ABC トランスポーター *LinKLMN* (6) をコードする遺伝子を破壊した Δ *linKLMN* 株が産出する MV の特徴について解析を行った。

3-3. 様々な試料に対するキャプチャリング実験

本研究では、特に γ -HCH の初発分解過程に必要な 2 種類のデハロゲナーゼをコードする *linA* と *linB* 遺伝子の獲得機構に関する知見を得ることを目的として、当該遺伝子のキャプチャリング実験を行った。具体的には、 γ -HCH 分解細菌 *S. japonicum* UT26 株由来の *linA* を欠失しカナマイシン (Km) 耐性マーカーを導入した YO5K2 株と、*linB* を Km 耐性遺伝子の挿入により破壊した UTDB2 株を CP 株として、各種細菌集団、単離細菌株と混合し、Km を含み γ -HCH を唯一の炭素源とする無機塩培地 (γ -HCH プレート) での生育、およびクリアゾーン形成による γ -HCH 分解能を指標にスクリーニングを行った。

3-4. 相補株の解析

項目 3-3 で得られた相補株について、供与菌株の *linA* あるいは *linB* がプラスミド上に存在しているものについては、PCR 解析及びプラスミド抽出実験により、プラスミドの接合伝達の可能性について検証した。また、単純な当該遺伝子を乗せたプラスミドの接合伝達では説明できない組み合わせから得られた株については、どのような遺伝子の伝達が起こったかについて詳細に検討した。

4. 研究成果

4-1. 新規キャプチャリング系の構築

γ -HCH 分解細菌は、 γ -HCH を各種芳香族化合物代謝経路における共通の中間代謝産物である β -keto adipate を経て代謝する。そこで、 γ -HCH を β -keto adipate に変換するのに必要な *LinA* から *LinF* の 6 つの酵素をコードする遺伝子クラスターを作製した。その際、代謝バランスを考慮し *linB* と *linA* をクラスターの先頭と最後尾にそれぞれ配置した。また、プロモーター部位の違いにより発現強度が異なると期待される 3 種のプラスミドを作製し、これらを β -keto adipate 代謝能を有し IS6100 を保持しない様々な環境細菌株に導入した。作製した株のうち、高いレベルでの発現が期待されるプラスミドを導入した *Sphingobium chlorophenolicum* L-1 株と *Sphingomonas sangiunis* IAM12578 株が γ -HCH 分解能を示し、かつ dead-end 産物も蓄積しなかった。この 2 株の *lin* 遺伝子群発現量を qRT-PCR で検討した結果、期待通り γ -HCH 非存在条件で、UT26 株に比べて *linA* に対して *linB* が高発現していた。さらに、この 2 株のうち、L-1 由来株が γ -HCH を資化できることを γ -HCH プレートでの生育で確認した。以上の結果より、天然株より優れた γ -HCH 分解細菌株が作製できたと結論した。次に、*linA* あるいは *linB* を含まない人工 *lin* 遺伝子クラスターを構築し、それらクラスターを有するプラスミドを L-1 株に導入した CP 株を作製した。これら株に *linA* あるいは *linB* を乗せたプラスミドを導入した株は γ -HCH プレートで生育し、新規 CP 株が構築できたと結論した。

4-2. MV の EGISD としての可能性の検討

UT26 株の培養上清から、超遠心および密度勾配遠心により推定 MV 画分を調製した。本画分の脂質量、粒径分布、TEM による観察結果 (Fig. 1) から、UT26 株が粒径 100~200 nm 程度の MV を放出すると結論した。また、その量は培養後期ほど多くなった。一方、 Δ *linKLMN* 株は、UT26 株に比べて、多量の MV を産出した。次に、MV 画分中に *linA* を含む DNA が存在することを PCR 法により確認した。さらに、MV 画分を DNase で十分時間処理をしても *linA* が PCR 増幅されることから、MV 画分に「DNase が作用できない DNA」が存在することが示された (Fig. 2)。なお、本画分に存在する全 DNA の約 0.1% が分解から保護されると推定された。MV に内部に存在する DNA は DNase による分解から保護されることが報告されていることから (7)、本研究で観察された「DNase が作用できない DNA」も MV に内包されていると

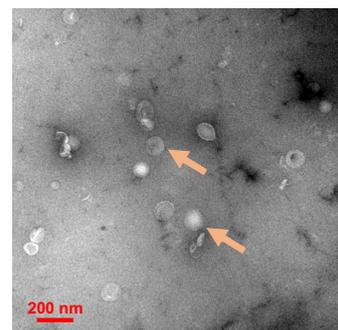


Fig. 1. UT26 株由来の MV の TEM での観察

考えられる。さらに、MVに含まれるDNAの塩基配列決定を試みた。MVに含まれるDNA量が少なく、十分量のリードを得ることができなかったが、可動性遺伝因子関連のDNA領域が他の領域に比べて高比率で存在することを示唆する結果が得られた。

以上、本研究で γ -HCH分解細菌がMVを放出することを初めて明示した。さらに、本MVがUT26株のゲノムDNA由来の*linA*遺伝子を含むことを強く示唆する結果を得、MVが「遺伝情報のリザーバー」として機能し、環境中での*lin*遺伝子の存在と伝播に関与する可能性を提示した。

4-3. 様々な試料に対するキャプチャリング実験

Km耐性を有するYO5K2株とUTDB2株をCP株として、 γ -HCH分解細菌集団EB2、および単離 γ -HCH分解細菌株 (*Sphingobium japonicum* UT26株、*Sphingobium* sp. TKS株、*Sphingobium* sp. MI1205株、*Sphingomonas* sp. MM-1株、*Sphingobium japonicum* TA15株)と混合し、Kmを含む γ -HCHプレートでの生育、および γ -HCHの分解によって生じるクリアゾーンの形成を指標にスクリーニングを行った。その結果、複数の組み合わせで、目的クローンが取得された。

4-4. 相補株の解析

項目4-3で目的クローンが取得された組み合わせのうち、*linA*あるいは*linB*遺伝子が γ -HCH分解細菌のプラスミドに乗っているものは、プラスミドの接合伝達による遺伝子水平伝播が推定され、実際、それを支持するPCR解析及びプラスミド抽出実験の結果が得られた。しかし、TA15株とUTDB2株の組み合わせで得られたクローンは単純なプラスミドの接合伝達では説明できなかったため、詳細な解析を行った。その結果、当初の想定 (TA15株の*linB*がUTDB2株に伝播)とは反対に、UTDB2株のKm耐性遺伝子が挿入された*linB*領域がTA15株に水平伝播したことが明らかになった。そこで、UT26株の*linB*周辺領域を詳細に解析したところ、*linB*がintegrative and conjugative element (ICE)上に存在することが明らかになり、本ICEをICE_{UT26}と命名した (Fig. 3)。これまでに、*lin*遺伝子群の水平伝播にはsphingomonad細菌群特有のプラスミドと挿入配列IS6100の関与が知られているが、*lin*遺伝子群を乗せたICEは初めての発見である。ICE_{UT26}は、宿主細胞内で環状化し、UT26株と遠縁の*Pseudomonas putida* KT2440株にも伝達した。



Fig. 3. UT26株で新たに見出された*linB*を乗せたICE_{UT26}

<引用文献>

1. *Man Environ Microbiol 4th ed*: Chap. 5.1.2, p.1-30, 2016
2. *DNA Res* **23**: 581-599, 2016
3. *Env. Microbiol. Rep.* **11**: 630-644, 2019
4. *Appl Environ Microbiol* **72**: 6923-6933, 2006
5. *Nature Rev. Microbiol.* **17**: 13-24, 2019
6. *J. Bacteriol.* **189**: 3712-20, 2007
7. *Scientific Reports* **7**: 1-11, 2017

gDNAおよびMV画分に対するDNase処理・qPCR

UT26-gDNA or MV画分 → DNase処理 → *linA*特異的なプライマーでqPCR

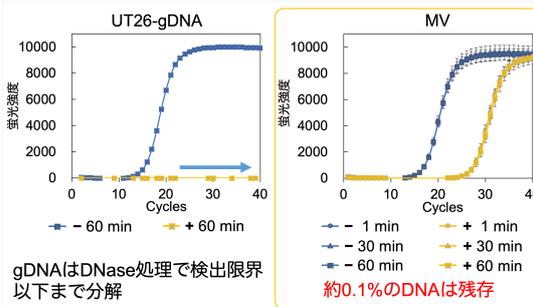


Fig. 2. ゲノムDNA (gDNA)およびMV画分に存在するDNAに対するDNaseの効果をqPCRで評価

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計9件（うち査読付論文 9件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 8件）

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、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 オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Idola Desmila, Mori Hiroshi, Nagata Yuji, Nonaka Lisa, Yano Hirokazu	4. 巻 14
2. 論文標題 Host range of strand-biased circularizing integrative elements: a new class of mobile DNA elements nesting in Gammaproteobacteria	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Mobile DNA	6. 最初と最後の頁 7
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s13100-023-00295-5	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 Kato Hiromi, Ohtsubo Yoshiyuki, Hirano Shoko, Masuda Sachiko, Shibata Arisa, Shirasu Ken, Nagata Yuji	4. 巻 12
2. 論文標題 Draft genome sequence of <i>Cupriavidus</i> sp. strain TKC, isolated from a hexachlorocyclohexane-degrading community	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 00567-23
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1128/MRA.00567-23	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 Yusuf Habibullah Kafayat Olaide, Ito Ren, Stari Leonardo, Kishida Kouhei, Ohtsubo Yoshiyuki, Masai Eiji, Fukuda Masao, Miyauchi Keisuke, Nagata Yuji	4. 巻 88
2. 論文標題 Degradation of DDT by <i>-hexachlorocyclohexane dehydrochlorinase LinA</i>	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry	6. 最初と最後の頁 123 ~ 130
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bbb/zbad141	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 Sakai Keiichiro, Kishida Kouhei, Matsumoto Satoshi, Nagata Yuji, Tsuda Masataka, Ohtsubo Yoshiyuki	4. 巻 88
2. 論文標題 Three distinct metabolic phases of polychlorinated biphenyls/biphenyl degrader <i><i>Acidovorax</i> sp. KKS102 in nutrient broth</i>	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry	6. 最初と最後の頁 305 ~ 315
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bbb/zbad178	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 Ohtsubo Yoshiyuki, Kawahara Syoutaro, Nagata Yuji	4. 巻 14
2. 論文標題 Clamping-mediated incorporation of single-stranded DNA with concomitant DNA synthesis by Taq polymerase involves nick-translation	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 2030
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-024-52095-3	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、加藤広海、大坪嘉行	4. 巻 48
2. 論文標題 土壌微生物による化学合成農薬分解のフロンティア	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 農業学会誌	6. 最初と最後の頁 125-131
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1584/jpestics.W23-22	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 永田 裕二	4. 巻 101
2. 論文標題 たったひとつの遺伝子の発現でかすみを食べる細菌に	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 生物工学会誌	6. 最初と最後の頁 554 ~ 554
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.34565/seibutsukogaku.101.10_554	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36件(うち招待講演 4件/うち国際学会 1件)

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 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 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 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 細菌由来のデハログ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 混合無菌土壤に移植した土壤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 土壤細菌の機能と進化
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」
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 混合無菌土壤における細菌叢形成
3. 学会等名 環境バイオテクノロジー学会2023年度大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 岸田 康平、熊谷 連、大坪 嘉行、永田 裕二
2. 発表標題 接合伝達を阻害するペプチド創薬のデザインとスクリーニング
3. 学会等名 環境バイオテクノロジー学会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 Tracking Community Succession in Soil Bacterial Populations Cultured with Different Carbon Sources
3. 学会等名 環境バイオテクノロジー学会2023年度大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 加藤広海・南澤究・永田裕二
2. 発表標題 土壌環境の細菌叢は移植できるのか？
3. 学会等名 土壌微生物学会2023年度大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 矢野大和, Idola Desmila, 森宙史, 永田裕二, 野中里佐
2. 発表標題 原核生物における新しい可動遺伝因子グループ SE (Strand-biased Circularizing Integrative Element) の発見
3. 学会等名 日本遺伝学会95回大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Yuji Nagata
2. 発表標題 Evolution of Bacteria Degrading Artificially Synthesized Environmental Pollutants
3. 学会等名 International Symposium on Advanced and Sustainable Science and Technology (National Chung Hsing University, Taiwan) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 矢野 大和, イドラ デスマラ, 森田史, 永田裕二, 野中 里佐
2. 発表標題 新しい可動遺伝因子グループSEの転移経路と宿主域
3. 学会等名 日本微生物生態学会36回大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 平野 翔子、Xiong Zhiyu、佐子川 さやか、加藤 広海、大坪 嘉行、永田 裕二
2. 発表標題 Cupriavidus-Sphingobium 属細菌株間の相互作用
3. 学会等名 日本微生物生態学会36回大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Leonardo Stari, Hiromi Kato, Yoshiyuki Ohtsubo, Yuji Nagata
2. 発表標題 Temporal Evolution and Forces Shaping Bacterial Populations in Cultured Soil Consortia
3. 学会等名 日本微生物生態学会36回大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Leonardo Stari, Shoko Hirano, Kouhei Kishida, Yoshiyuki Ohtsubo, Yuji Nagata
2. 発表標題 Elucidating Soil Carbon Sequestration: A Shotgun Metagenome Study of Kyushu Forest Soils in Relation to Soil Characteristics and Tree Species Diversity
3. 学会等名 第18回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 松本 哲、岸田 康平、永田 裕二、大坪 嘉行
2. 発表標題 IV 型分泌装置 (T4SS) の内膜コンポーネント ICEKKS102Tn4677 環状化への関与
3. 学会等名 第18回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 平野 翔子、Stari Leonardo、Xiong Zhiyu、加藤 広海、岸田 康平、大坪 嘉行、永田 裕二
2. 発表標題 Cupriavidus sp. TKC 株のDCG現象に関わる遺伝子の探索
3. 学会等名 第18回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 松本 哲、岸田 康平、永田 裕二、大坪 嘉行
2. 発表標題 IV 型分泌装置の構成因子 TrbB は TraR による ICEKKS102 Tn4677 の切り出し活性化に関与する
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 松添 華子, 岸田 なつみ, 加藤 広海, 岸田 康平, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 移動性細菌 Paenibacillus sp. NK-L2 株が有機塩素系殺虫剤分解細菌株を運ぶヒッチハイク現象
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 鄧 文昊, 高田 美信, 岸田 康平, 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 -HCH 分解酵素を発現する形質転換シロイヌナズナの作製と評価
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 熊谷 連, 大坪 嘉行, 永田 裕二, 岸田 康平
2. 発表標題 接合伝達における細胞膜リン脂質の役割
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 岡 俊璃, 岸田 康平, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 様々な細菌集団および単離細菌株に対する有機塩素系殺虫剤分解酵素遺伝子のキャプチャリング実験
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 伊藤 蓮, Stari Leonardo, 岸田 康平, 大坪 嘉行, 永田 裕二
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 の基質の検討
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 XIONG ZHIYU, 平野 翔子, 岸田 なつみ, 加藤 広海, 岸田 康平, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 Sphingobium-Cupriavidus 属細菌株による有機塩素系殺虫剤分解細菌コミュニティ形成
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 平野 翔子, Xiong Zhiyu, 加藤 広海, 岸田 康平, 大坪 嘉行, 永田 裕二
2. 発表標題 Cupriavidus 属細菌株のコロニー周辺部が大きく広がる 突然変異株の取得と解析
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 手塚 隆博, 岸田 なつみ, 加藤 広海, 岸田 康平, 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コミュニティの再構築
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 Leonardo Stari , Hiromi Kato , Yoshiyuki Ohtsubo , Yuji Nagata
2. 発表標題 Deterministic Shaping of Soil Bacterial Communities: Interplay of Rare Species and Environmental Selection
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会
4. 発表年 2024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)	

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