

微生物学研究室

Microbiology Laboratory

主任研究員 工藤俊章
KUDO, Toshiaki

当研究室では、環境や生態系における微生物機能を分子生物学的視点から解明していきたいと考え、以下の研究を進めている。(1) 熱帯生態系の物質循環において重要な役割を果たしているシロアリ-微生物共生系の研究を進めている。特に、培養を介さない微生物研究法の開発を行い、これまで培養方法が分からないため研究できなかった膨大な難培養性微生物資源の利用・開発技術の確立を目指している。(2) 多くの芳香族環境汚染化合物は生体機能を攪乱する内分泌攪乱化学物質(環境ホルモン)として働くことが明らかになってきた。このような環境汚染化学物質分解微生物の多能性と進化の研究を進めている。(3) 微生物のイオン環境適応に重要な役割を果たしている Na^+/H^+ アンチポーターシステムの多機能性について研究を進めている。以上、当研究室では環境や生態系における微生物・微生物群集の役割・重要性を明らかにしていきたいと考えている。

1. 共生微生物など微生物の相互作用に関する研究(工藤, 大熊, 守屋, 野田^{*1}, 中鉢^{*1}, 井上^{*2}, 本郷^{*2}, 城島^{*2}, 湯澤^{*2}, 宇井^{*2}, 前田^{*3}, 高木^{*4}, Yaovapa^{*5}, Amornsak^{*6}, Sornnuwat^{*6}, Tantirungkii^{*6}, Kirtibutr^{*6}, Sarnthoy^{*6}, Prathuangwong^{*6}, Vongkaluang^{*6}, Noparatnaraporn^{*6}, Suwanarit^{*6}, Trakulnaleamsai^{*6})

シロアリ腸内に共生する各種原生生物を分子系統学的に解析して、これらが真核生物の進化初期に分岐した生物種であることを明らかにした。これら腸内の共生原生生物には、細胞内および細胞表層に共生する原核生物の存在が確認されたので、それらの生物種の同定・検出を行った。

メタン生成古細菌は特異な蛍光を有するのでその存在を容易に検出できる。メタン生成古細菌が細胞内共生する原生生物 *Dinenympha* sp., *D. parva*, *Microjoenia* sp. の細胞をそれぞれマイクロマニピュレーターを用いて分離・分取し, small subunit rRNA 遺伝子を PCR 増幅して配列を分子系統学的に解析した。同時にシロアリの腸管壁に付着して生息するメタン生成古細菌も, 分画して分子系統学的に解析した。ヤマトシロアリとオオシロアリについて解析した結果, どちらのシロアリに共生するメタン生成古細菌とも *Methanobrevibacter* 属に分類された。しかし, 原生生物の細胞内に共生するメタン生成古細菌は, 腸管壁に付着するものと明らかに異なる系統であった。原生生物の細胞内に共生するメタン生成古細菌は, 原生生物種と 1 対 1 の系統関係にあるというよりもむしろシロアリ種毎に類似の系統が原生生物種を超えて細胞内共生をしている傾向があった。

原生生物の細胞表層に付着して共生するスピロヘータ様細菌についても, マイクロマニピュレーターを用いて分離・分取し分子系統学的に解析した。ヤマトシロアリとオオシロアリについて, 原生生物種 *Dinenympha* sp., *D. porteri*, *Pyrsonympha* sp. の細胞表層の共生スピロヘータはいずれも *Treponema* 属のスピロヘータであったが, 2 種の系統に大別できた。特異的な蛍光プローブを用いた *in situ* ハイブリダイゼーション法により検出した結果, 細胞表層のスピロヘータは少なくとも 3 種のスピロヘータ種から構成され,

それぞれの構成比は原生生物種により異なっていることが明らかとなった。原生生物の細胞内に共生するメタン生成古細菌以外の原核生物についても解析を始めている。以上の結果は, シロアリ腸内共生系は, 原生生物-原核生物の共生などが積み重なってできた多重共生とも呼べるようなシステムから構成されていることを示している。

シロアリ腸内共生原生生物の強力なセルロース分解能は古くからよく知られており, 原生生物のセルラーゼ遺伝子の取得・解析を行った。セルラーゼに共通のアミノ酸配列を利用したコンセンサスプライマー PCR から出発して多数の Glycosyl Hydrolase Family45 に属するセルラーゼ遺伝子を単離し, 超鞭毛虫目原生生物に由来することも確認した。また, シロアリ共生担子菌のリグニン分解系酵素の解析にも着手した。

キノコシロアリと呼ばれる一群のシロアリはその巢内においてある種の菌類を栽培することが知られている。しかし, 実際に巢内でシロアリが栽培している菌類の菌糸の正体とその種類数はまだ明らかではなかった。そこで, タイに棲息する複数種のキノコシロアリの巢内より取り出した菌類の培養基 (fungus comb) から直接抽出した DNA および菌糸塊 (fungus nodule) からの培養菌株から抽出した DNA を材料とし, 共生菌類の分子系統学的な解析を行った。ITS および large subunit ribosomal RNA 遺伝子の部分配列を用いた解析の結果, これらの配列は 1 つのクラスターを形成した。このことから, これらの共生性の菌類は *Tricoloma* 科 *Termitomyces* 属に属する互いに近縁の菌類であることが示唆された。また, このうちのいくつかのシロアリにおいて, T-RFLP 法による comb 上に生育する菌類の集団生物学的な解析を行った。fungus comb および季節的に出現する子実体から抽出した DNA を材料とした解析の結果, fungus comb と fungus nodule からまったく同一の T-RFLP パターンが得られた。この結果は, これらのシロアリの共生性菌類はその培養基上にただ一種類のみが選択されて生育していることを示している。

2. 環境保全と微生物進化に関する研究(工藤, 飯田, 堀之内^{*1}, 田口^{*7}, 林^{*7}, Kim^{*6}, 小林^{*4}, 山本^{*4}, 本山^{*4}, 中村^{*8}, 向坂^{*8}, Park^{*8})

難分解性化合物を分解する微生物を材料に, 分解酵素・遺伝子の解析を通じて微生物の進化適応のメカニズムの解明と, 環境浄化への応用技術の開発を目指す。

近年, 自然環境中の内分泌攪乱化学物質の氾濫が問題視されてきているが, ダイオキシン類もその1つである。これらは燃焼過程などで非意図的に生成し, 低濃度であるが広範囲にわたって環境を汚染している。さらに難分解性で環境中に長期残留し, 脂溶性で食物連鎖を通して生物濃縮されることから, 早急な浄化処理策が求められている。我々は, 微生物の能力を利用したダイオキシン類の分解処理を目指し, ダイオキシン類の骨格である dibenzo-*p*-dioxin, dibenzofuran (DF) を分解し, 唯一の炭素源として利用できる細菌を自然界より単離した。計 17 株の放線菌に属する dibenzofuran 資化性細菌について SSUrRNA 遺伝子配列を解析し, それらを *Terrabacter* 属, *Rhodococcus* 属, *Microbacterium* 属の細菌と同定した。それらのうち一株, *Rhodococcus* sp. YK2 株について DF 代謝経路を解析した結果, DF の 4,4a 部位に酸素添加する angular dioxygenation により, 2,2',3'-trihydroxybiphenyl へと変換した後, salicylic acid, gentisic acid を経て分解されていると示唆された。分解に関与する extradiol dioxygenase 遺伝子の取得を試みた。YK2 株の発現ライブラリーより, 2,3-dihydroxybiphenyl の変換能を有する組換え体を 33 クローン単離した。各々の塩基配列の解析の結果, 5 種類の extradiol dioxygenase 遺伝子を見いだした。それらのうちの 1 種は, 既知の DF 資化性細菌, *Terrabacter* sp. DPO360 株の *bphC* 遺伝子と 99.7% の高い相同性を示した。サザンハイブリダイゼーション解析により, 同遺伝子は本研究で単離した多様な DF 資化性放線菌に広く分布していることを示し, DF 代謝関与遺伝子群が, 放線菌の間で水平伝播により広がっていることを明らかにした。

環境ホルモンとして問題になっている PCB は, 製造が中止になった今でも, その化学的安定性のため環境を汚染し続けている。PCB 分解菌を様々な環境より単離したところ, 4 種類の *Rhodococcus* 属細菌が含まれていた。これまでに *R. erythropolis* TA421 株において 7 種類の芳香環のメタ開裂酵素が得られ, PCB/ビフェニル分解系が明らかとなっているが, その他の K37 株, HA99 株, TA431 株においては不明であった。*R. rhodochrous* K37 株の PCB/ビフェニル分解系について調べ, 9 種類のメタ開裂酵素遺伝子を取得し解析した。それらのうち, *bphC8* が唯一 PCB/ビフェニル分解系に関与していることを, ノーザンハイブリダイゼーションおよび *bphC8* 遺伝子破壊株の解析により確認した。また, *bphC8* はビフェニル代謝系の上流経路の遺伝子とクラスターをなしており, 線状プラスミド上に存在していた。この遺伝子群は今まで知られている遺伝子群と塩基配列に大きな違いがみられ, 異なった進化の過程を経てきたと考えられる。さらに, 今まで PCB/ビフェニルの代謝系遺伝子が不明であった HA99 株, TA431 株においても, K37 株の *bphC8* と相同性の高い遺伝子を有していた。これらの菌株は他の芳香族環境汚染物質に対する分解能も有しており, その分解能獲得のメカニズムの解明は環

境保全の見地からも期待される。

Comamonas testosteroni TA441 株のテストステロン (Ts) 代謝系酵素遺伝子の全容解明のため, 昨年度は Ts 代謝に必要なメタ開裂酵素遺伝子 *tesB* および下流の 3 個の ORF の取得と解析を行ったが, 本年度はこれらに続く 14 個の ORF, およびメタ開裂後の加水分解酵素遺伝子 *tesD* を含む 10 個の遺伝子の取得と解析を行った。*tesB* 以下の 17 個の ORF はいずれも既知のタンパク質との相同性が低く, 相同性から機能の推定をすることはできなかったが, 遺伝子破壊実験の結果により TA441 株の Ts 代謝に必要なと考えられた。*tesB* 上流にはプロモーター様配列が見つかり, Ts で TA441 株を培養した場合に *tesB* 以下の遺伝子が誘導されることが示された。*tesB* 周辺とは離れた領域に *tesA*, *D*, *E*, *F*, *G* が見いだされ, *tesD* は *tesB* によるメタ開裂の後の加水分解酵素遺伝子, *tesE*, *F*, *G* は加水分解で生じる 2 種の化合物の一方の代謝酵素遺伝子と推測された。*tesA* については遺伝子破壊株の蓄積する代謝中間体の単離・解析により, *tesB* の前の反応を触媒する酵素遺伝子であることが示された。また, すでに報告のある, Ts 代謝の 2 番目の酵素である Δ^1 デヒドロゲナーゼをコードする遺伝子が *tesA*, *D*, *E*, *F*, *G* の上流に逆向きに存在した。この付近に存在する機能未知の ORF も Ts 代謝に必要なことが示された。

3. 細菌の環境適応におけるイオン輸送系の役割(工藤, 古園, 高須^{*8}, 木村^{*4}, 七宮^{*8})

プロトン駆動力を利用してナトリウムイオン (Na^+) とプロトン (H^+) を対向輸送する Na^+/H^+ 対向輸送系は, 細菌から高等生物に至るまで普遍的に存在しており, 様々な環境に応じて細胞内のイオン環境や細胞内外のイオン勾配の維持に寄与している。*Bacillus halodurans* C-125 株の好アルカリ性に関わる因子として発見した Na^+/H^+ 対向輸送系 (Sha) は, 7 つの遺伝子クラスターにコードされており, プロトン駆動力を利用する二次輸送であるにも関わらず各 Sha タンパク質は一次輸送タンパク質に相同性を示すなど, 遺伝子構造やタンパク質配列において他の Na^+/H^+ 対向輸送系には見られない特徴を示す。この Sha システムは好アルカリ性細菌に特異的ではなく, 枯草菌, 根粒菌, 黄色ドウ球菌, 超好熱古細菌, 磁性細菌, 放射線耐性菌など分化能を有していたり特殊な性質を持つ細菌にも見いだされ, 環境適応, 分化や共生に重要な役割を持つことが明らかとなってきた。我々は枯草菌の Sha を材料として, イオン輸送系の未知なる機能を明らかにすることを目指して研究を行っている。

これまでに, クラスターの最初の遺伝子にコードされる ShaA がイオン輸送機能に中心的な役割を持つことを明らかにしてきた。しかし, *shaA* 遺伝子の後に続くクラスターの他の遺伝子産物については, イオン輸送への関与, 役割は不明であった。そこで本年度は, イオン輸送機能における各 *sha* 遺伝子産物の役割を知ることを目的として, 各 *sha* 遺伝子破壊を行い, 破壊株の性質を調べた。まず薬剤耐性遺伝子を用いて各 *sha* 遺伝子破壊株の作成を行った。得られた破壊株の生育はすべて Na^+ 感受性を示したことから, *sha* 遺伝子群が 1 つの Na^+ 排出系を構成していることが強く示唆された。*shaE* 破壊株は他の破壊株に比べて Na^+ 感

受性が緩かったことから, ShaE のイオン輸送における役割は他の Sha タンパク質よりもより間接的であることが示唆された。しかし, 薬剤耐性遺伝子を用いた遺伝子破壊は極性効果を見逃すことができないために, 遺伝子が欠損した時の純粋な影響を必ずしも見ることができない。そこで, 薬剤耐性遺伝子を用いない非極性破壊株を作成したところ, 非極性破壊株においても *shaE* 破壊株の NaCl 感受性の緩いことが確認できた。以上の結果から, *sha* 遺伝子群が 1 つの Na⁺ 排出系を構成していると考えられるが, イオン輸送における役割は同等ではなく, ShaE はより間接的な役割を持つことが示唆された。*shaA* 遺伝子破壊株は, 孢子形成誘導条件において, 栄養増殖には影響を受けずに孢子形成のみが特異的に阻害される NaCl 濃度範囲を持ち, 栄養増殖期から定常期(孢子形成期)への遷移に Sha による厳密なイオン環境調節が必要であることが明らかとなってきた。Sha タンパク質の機能欠損はイオン環境の変化を引き起こし, 細胞内で起こる分子間相互作用や酵素活性に広範囲な影響を及ぼしうる。従って, その影響は細胞全体のイベントとして網羅的に捉えなければならない。そこで栄養増殖から孢子形成への遷移期にイオン環境調節を受ける因子を探索する目的として, *shaA* 破壊株のプロテオーム解析を行った。枯草菌野生株と *shaA* 破壊株を NaCl を含まない孢子形成誘導培地で培養し, 栄養増殖の終点にて NaCl を添加し, その 1 時間後の菌体より得た全タンパク質試料を二次元電気泳動で展開し, 比較を行った。発現量に差が認められたタンパク質スポットを TOF-MS 分析にて同定した。その結果, *shaA* 破壊株では一次代謝関連タンパク質やストレス誘導性タンパク質の発現が上昇していることが明らかとなった。以上の結果より, *shaA* 破壊株は準ストレス状態にあり, かつ定常期に入った後も栄養増殖期の代謝状態が続いていることが示唆された。

*¹ 基礎科学特別研究員, *² 訪問研究員, *³ ジュニア・リサーチ・アソシエイト, *⁴ 研修生(東洋大大学院), *⁵ 共同研究員(海外交換研究員), *⁶ 共同研究員, *⁷ 協力研究員, *⁸ 研修生

誌上発表 Publications

(原著論文) *印は査読制度がある論文誌

- Nakabachi A. and Ishikawa H.: "Polyamine composition and expression of genes related to polyamine biosynthesis in an aphid endosymbiont, *Buchnera*", Appl. Environ. Microbiol. **66**, 3305–3309 (2000). *
- Nakasako M., Fujisawa T., Adachi S., Kudo T., and Higuchi S.: "Large-scale domain movements and hydration structure changes in the active-site cleft of unligated glutamate dehydrogenase from *Thermococcus profundus* studied by cryogenic X-ray crystal structure analysis and small-angle X-ray scattering", Biochemistry **40**, 3069–3079 (2001). *
- Kasuya K., Mitomo H., Nakahara M., Akiba A., Kudo T., and Doi Y.: "Identification of a marine benthic P(3HB)-degrading bacterium isolate and characterization of its P(3HB) depolymerase", Biomacromolecules **1**, 194–201 (2000). *

- Kitada M., Kosono S., and Kudo T.: "The Na⁺/H⁺ antiporter of alkaliphilic *Bacillus* sp.", Extremophiles **4**, 253–258 (2000). *
- Ohtoko K., Ohkuma M., Moriya S., Inoue T., Usami R., and Kudo T.: "Diverse genes of cellulase homologues of glycosyl hydrolase family 45 from the symbiotic protists in the hindgut of the termite *Reticulitermes speratus*", Extremophiles **4**, 343–349 (2000). *
- Tokura M., Ohkuma M., and Kudo T.: "Molecular phylogeny of methanogens associated with flagellated protists in the gut and with the gut epithelium of termites", FEMS Microbiol. Ecol. **33**, 233–240 (2000). *
- Iida T., Ohkuma M., Ohtoko K., and Kudo T.: "Symbiotic spirochetes in the termite hindgut: Phylogenetic identification of ectosymbiotic spirochetes of oxymonad protists", FEMS Microbiol. Ecol. **34**, 17–26 (2000). *
- Nakabachi A. and Ishikawa H.: "Expression of host *S*-adenosylmethionine decarboxylase gene and polyamine composition in aphid bacteriocytes", Insect Biochem. Mol. Biol. **31**, 491–496 (2001). *
- Otagiri M., Kurisu G., Ui S., Takusagawa Y., Ohkuma M., Kudo T., and Kusunoki M.: "Crystal structure of meso-2,3-butanediol dehydrogenase in a complex with NAD⁺ and inhibitor mercaptoethanol at 1.7 Å resolution for understanding of chiral substrate recognition mechanisms", J. Biochem. **129**, 205–208 (2001). *
- Ohkuma M., Ohtoko K., Iida T., Tokura M., Moriya S., Usami R., Horikoshi K., and Kudo T.: "Phylogenetic identification of hypermastigotes, *Pseudotrichonympha*, *Spirotrichonympha*, *Holomastigotoides*, and parabasaliansymbionts in the hindgut of termites", J. Euk. Microbiol. **47**, 249–259 (2000). *
- Moriya S., Tanaka K., Ohkuma M., Sugano S., and Kudo T.: "Diversification of the microtubule system in the early stage of eukaryote evolution: Elongation factor 1 α and α -tubulin protein phylogeny of termite symbiotic oxymonad and hypermastigote protists", J. Mol. Evol. **52**, 6–16 (2001). *
- Arai H., Ohishi T., Chang M., and Kudo T.: "Arrangement and regulation of the genes for meta-pathway enzymes required for degradation of phenol in *Comamonas testosteroni* TA441", Microbiology **146**, 1707–1715 (2000). *
- Ohta Y., Maeda M., and Kudo T.: "*Pseudomonas putida* CE2010 can degrade biphenyl by a mosaic pathway encoded by the *tod* operon and *cmtE*, which are identical to those of *P. putida* F1 except for a single base difference in the operator-promoter region of the *cmt* operon", Microbiology **147**, 31–41 (2001). *
- Otagiri M., Kurisu G., Ui S., Ohkuma M., Kudo T., and Kusunoki M.: "Crystallization and preliminary X-ray studies of L-(+)-2,3-butanediol dehydrogenase from *Brevibacterium saccharolyticum* C-1012", Protein Pept. Lett. **8**, 57–61 (2001). *
- Kadokura T., Ito T., Takano S., Nakazato A., Hara H.,

Watanabe S., Kudo T., Takeda M., and Kaneko T.: "Divergence of glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase isozymes in *Saccharomyces cerevisiae* complex", Syst. Appl. Microbiol. **23**, 198–205 (2000). *

(総説)

工藤俊章, 守屋繁春, 井上徹志: "バイオマスリサイクルの隠れた主役: シロアリ共生系によるセルロース分解について", バイオインダストリー **18**, No. 3, pp. 39–46 (2001).

(その他)

工藤俊章: "kil 遺伝子", 生化学辞典第3版, 東京化学同人, p. 375 (1998).

工藤俊章: "好アルカリ性(細菌)", 生化学辞典第3版, 東京化学同人, pp. 482–483 (1998).

大熊盛也, 工藤俊章: "シロアリ腸内の微生物共生システム", バイオサイエンスとインダストリー **58**, 763–764 (2000).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

Moriya S. and Kudo T.: "Molecular phylogenetic analysis of symbiotic protists of termite", 13th Int. Symp. of Evolutionary Protistology, Ceske Budejovice, Czech, July-Aug. (2000).

Sukhumavasi J., Pattanasupong A., Kudo T., Ikura Y., and Kosono S.: "Biodegradation of aromatic compounds by microorganisms, styrene", Int. Workshop on Asian Network on Microbial Research, Bangkok, Thailand, Aug. (2000).

Kudo T., Iida T., and Kosono S.: "Microbial and genetic diversity on biodegradation", Int. Workshop on Asian Network on Microbial Research, Bangkok, Thailand, Aug. (2000).

(国内会議)

小林祥之, 北田牧夫, 宇佐美論, 掘越弘毅, 工藤俊章: "Burkholderia 属 Ac-7 によるアセトンの代謝", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

堀之内正枝, 山本貴子, 田口勝彦, 新井博之, 宇佐美論, 掘越弘毅, 工藤俊章: "Comamonas testosteroni TA441 のテストステロン代謝系遺伝子群の単離と解析", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

田口勝彦, 工藤俊章: "Rhodococcus 属細菌のポリ塩化ビフェニル (PCB)/ビフェニル分解系", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

野田悟子, 大熊盛也, 辻村優, 工藤俊章: "シロアリ共生系における窒素固定遺伝子 *nifH* の発現定量解析と窒素固定遺伝子群の構造", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

大床国世, 大熊盛也, 守屋繁春, 宇佐美論, 掘越弘毅, 工藤俊章: "シロアリ腸内共生原生動物のセルラーゼ遺伝子", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

小田切正人, 栗栖源嗣, 楠木正巳, 宇井定春, 大熊盛也, 工藤俊章: "ジアステレオマーの立体特異的認識能を有する 2, 3-ブタンジオール脱水素酵素の X 線構造解析", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

木村昌司, 古園さおり, 宇佐美論, 掘越弘毅, 工藤俊章: "枯草菌の Na⁺/H⁺ antiporter 遺伝子 (*shaA*) の発現に関

する研究", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

古園さおり, 大橋由明, 河村富士夫, 北田牧夫, 工藤俊章: "枯草菌の孢子形成初期には複数の Na⁺ に感受性を示す段階が存在する", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

守屋繁春, 大熊盛也, 工藤俊章: "培養を介さない遺伝情報解析技術の開発: シロアリ腸内共生原生動物の cDNA 情報へのアクセス", 日本農芸化学会 2000 年度大会, 東京, 3-4 月 (2000).

古園さおり, 七宮英晃, 河村富士夫, 工藤俊章: "枯草菌の孢子形成開始期における Na⁺/H⁺ 対向輸送系 (Sha) の役割", 枯草菌研究会, 焼津, 8 月 (2000).

野田悟子, 大熊盛也, 工藤俊章: "シロアリ共生系の窒素固定に関する alternative nitrogenase 遺伝子の解析", 第 1 回極限環境微生物学会年会, 東京, 9 月 (2000).

清水一, 大熊盛也, 森屋和仁, 工藤俊章: "シロアリ腸内からの xylanase 生産菌, 新規好アルカリ性 Paenibacillus 属細菌の単離と解析", 第 1 回極限環境微生物学会年会, 東京, 9 月 (2000).

大熊盛也, 十倉充範, 工藤俊章: "シロアリ腸内共生メタン生成古細菌: Microecology in the termite gut", 第 1 回極限環境微生物学会年会, 東京, 9 月 (2000).

工藤俊章: "共生微生物の世界: シロアリ—難培養性微生物共生系", 新ミレニアムに向かう微生物の世界, (日本生物工学会九州支部), 福岡, 11 月 (2000).

野田悟子, 大熊盛也, 工藤俊章: "シロアリ共生系における窒素固定遺伝子の多様性と共生窒素固定への寄与", 日本微生物生態学会第 16 回大会, 土浦, 11 月 (2000).

大熊盛也, 飯田敏也, 工藤俊章: "シロアリ腸内共生原生動物の細胞表層に共生するスピロヘータの解析", 日本微生物生態学会第 16 回大会, 土浦, 11 月 (2000).

工藤俊章: "シロアリ: 微生物共生系", 平成 12 年度富山県立大学秋季公開講座, 富山, 11 月 (2000).

大熊盛也: "シロアリ腸内共生系 Culture-Independent Molecular Approaches", 理研シンポジウム「分子的手法を用いた微生物群集の解析」, 和光, 11 月 (2000).

大熊盛也: "昆虫と微生物のマイクロワールド: シロアリの腸内共生系", むさしのサイエンス&テクノロジーフォーラム, (むさしの研究の郷構想県市連絡協議会), 川越, 12 月 (2000).

中鉢淳, 工藤俊章, 石川統: "アブラムシ菌細胞内共生系における特殊なポリアミン組成", 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).

古園さおり, 七宮英晃, 河村富士夫, 工藤俊章: "枯草菌の孢子形成開始期にイオン環境調節を受ける因子の解析", 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).

大熊盛也: "共生微生物の世界: シロアリの腸内微生物生態系の解析", 第 2 回微生物情報システム研究会, (国立遺伝学研究所), 三島, 2 月 (2001).

中鉢淳, 石川統, 工藤俊章: "抗生物質処理後のアブラムシ体内におけるヒスタミンの蓄積と微生物相の変化", 日本農芸化学会 2001 年度大会, 京都, 3 月 (2001).

Research Subjects and Members of Microbiology Laboratory

1. Study on Termite-Microorganisms Symbiotic System Using Culture-Independent Approaches
2. Study on the Diversity and Evolution of Aromatic Compound Degradation Bacteria
3. Studies on the Role of Ion Transport Systems in Bacterial Adaptation to the Environment

Head

Dr. Toshiaki KUDO

Members

Dr. Moriya OHKUMA
Dr. Saori KOSONO
Dr. Shigeharu MORIYA
Dr. Toshiya IIDA
Dr. Masae HORINOUCHI^{*1}
Dr. Atsushi NAKABACHI^{*1}
Dr. Satoko NODA^{*1}
Dr. Toshiaki HAYASHI^{*2}
Dr. Katsuhiko TAGUCHI^{*2}

^{*1} Special Postdoctoral Researcher

^{*2} Contract Researcher

Visiting Members

Dr. Weerawan AMORNSAK (Dept. Entomol., Kasetsart Univ., Thailand)
Dr. Yuichi HONGO (Bio-Recycle Project, JST)
Dr. Tetsushi INOUE (Bio-Recycle Project, JST)
Dr. Toru JOJIMA (Bio-Recycle Project, JST)
Dr. Chi-Kyung KIM (Dept. Microbiol., Chungbuk Natl. Univ., Korea)
Dr. Nit KIRTIBUTR (Dept. Entomol., Kasetsart Univ., Thailand)

Mr. Toshinori MAEDA (Grad. Sch. Sci. Tech., Tokyo Inst. Technol.)
Dr. Napavarn NOPARATNARAPORN (Res. Dev. Inst., Kasetsart Univ., Thailand)
Dr. Sutrudee PRATHUANGWONG (Dept. Plant Pathol., Kasetsart Univ., Thailand)
Dr. Ouab SARNTHOY (Dept. Entomol., Kasetsart Univ., Thailand)
Dr. Yupapoon SORNNUWAT (Royal Forest Dept., Thailand)
Dr. Poonpilai SUWANARIT (Dept. Microbiol., Kasetsart Univ., Thailand)
Dr. Manee TANTIRUNGKII (Dept. Microbiol., Kasetsart Univ., Thailand)
Ms. Yaovapa TAPRAB (Dept. Microbiol., Kasetsart Univ., Thailand)
Dr. Savitr TRAKULNALEAMSAI (Dept. Microbiol., Kasetsart Univ., Thailand)
Dr. Sadaharu UI (Fac. Eng., Yamanashi Univ.)
Dr. Charunee VONGKALUANG (Royal Forest Dept., Thailand)
Ms. Hiroe YUZAWA (Bio-Recycle Project, JST)

Trainees

Mr. Masashi KIMURA (Fac. Eng., Toyo Univ.)
Mr. Yoshiyuki KOBAYASHI (Fac. Eng., Toyo Univ.)
Mr. Masaki MOTOYAMA (Fac. Eng., Toyo Univ.)
Ms. Yuki MUKOUZAKA (Coll. Bioresource Sci., Nihon Univ.)
Ms. Kaoru NAKAMURA (Sci. Serv. Co., Inc.)
Mr. Hideaki NANAMIYA (Coll. Sci., Rikkyo Univ.)
Mr. Dong-Woo PARK (Dept. Microbiol., Chungbuk Natl. Univ., Korea)
Ms. Aika TAKAGI (Fac. Eng., Toyo Univ.)
Mr. Hirotohi TAKASU (Coll. Bioresource Sci., Nihon Univ.)
Ms. Takako YAMAMOTO (Fac. Eng., Toyo Univ.)