

先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 実績報告書

本様式の内容は一般に公表されます

研究課題名	複合汚染に対する微生物遺伝子応答の網羅解析による新規毒性影響評価技術の開発
研究機関・ 部局・職名	国立大学法人愛媛大学・沿岸環境科学研究センター・特命准教授
氏名	濱村 奈津子

1. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

2. 収支の状況

(単位:円)

	交付決定額	交付を受けた額	利息等収入額	収入額合計	執行額	未執行額	既返還額
直接経費	100,000,000	100,000,000	21,648	100,021,648	100,021,648	0	0
間接経費	30,000,000	30,000,000	0	30,000,000	30,000,000	0	0
合計	130,000,000	130,000,000	21,648	130,021,648	130,021,648	0	0

3. 執行額内訳

(単位:円)

費目	平成22年度	平成23年度	平成24年度	平成25年度	合計
物品費	0	23,232,815	9,448,089	9,938,371	42,619,275
旅費	88,080	686,010	2,421,120	1,713,237	4,908,447
謝金・人件費等	0	5,775,261	20,826,995	21,464,700	48,066,956
その他	0	271,485	2,271,357	1,884,128	4,426,970
直接経費計	88,080	29,965,571	34,967,561	35,000,436	100,021,648
間接経費計	54,000	12,188,550	7,903,844	9,853,606	30,000,000
合計	142,080	42,154,121	42,871,405	44,854,042	130,021,648

4. 主な購入物品(1品又は1組若しくは1式の価格が50万円以上のもの)

物品名	仕様・型・性能等	数量	単価 (単位:円)	金額 (単位:円)	納入 年月日	設置研究機関名
Quattroアップグレード及びPDA検出器	日本ウォーターズ2998	1	2,998,000	2,998,000	2011/8/18	横浜市立大学
マルチタイプ誘導結合プラズマ発光分光分析装置	パーキンエルマーライフアンドアナリティカルサイエンスOPTIMA7300DV	1	9,450,000	9,450,000	2011/10/31	愛媛大学
超低音フリースー	三洋MDF-U400VX	1	1,439,739	1,439,739	2011/11/15	愛媛大学
微量高速冷却遠心機	日立工機CF16RX II	1	1,291,500	1,291,500	2011/12/7	愛媛大学
超純水製造装置	アドバンテック東洋RFU665DA	1	1,365,000	1,365,000	2011/12/13	愛媛大学
カプトエアフレックス	erlab OM321	1	590,000	590,000	2012/2/28	愛媛大学
リアルタイムPCR	185-5201J1	1	2,850,000	2,850,000	2012/11/8	愛媛大学
小型恒温振とう培養機	BR-23FP-MR	2	584,000	1,168,000	2013/3/12	愛媛大学
紫外可視分光光度計	CHEMUSB4-UV-VIS	1	577,500	577,500	2013/4/5	愛媛大学
バイオハザード対策用キャビネット	MHE-S1300A2-PJ	1	1,086,000	1,086,000	2013/7/9	愛媛大学
D-CodeシステムTTGE	170-9091JA	1	800,000	800,000	2013/8/8	愛媛大学

5. 研究成果の概要

環境を汚染する化学物質は急速に複雑化多様化しており、地球レベルでの汚染被害に対応していくには、複合汚染物質の生態系へ及ぼす影響をより総合的に検出し毒性予測を行う技術開発が必要である。そこで本研究では、汚染による生態毒性を直接検出し長期的影響を予測する新技術を、自然の微生物資源を利用して開発することを目的とし、汚染現場の遺伝子発現応答と遺伝子損傷を直接網羅的に検出する新規手法を確立した。本手法を応用し、環境問題が進んでいるアジア諸国の汚染地域調査を行った。特に汚染の深刻な地域では、現場の生態系機能を阻害する毒性影響が遺伝子レベルで検出され、本解析手法の有用性が示された。今後さらに本手法を長期的モニタリング等に応用することで、様々な環境変動が及ぼす生態系への影響評価や予測への貢献が見込まれる。

課題番号	GS023
------	-------

先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 研究成果報告書

本様式の内容は一般に公表されます

研究課題名 (下段英語表記)	複合汚染に対する微生物遺伝子応答の網羅解析による新規毒性影響評価技術の開発
	Development of ecotoxicological assessment tools to evaluate genotoxicity in mixed contaminant environments by using microbial functional genomics and DNA adductomics
研究機関・部局・ 職名 (下段英語表記)	愛媛大学・沿岸環境科学研究センター・特命准教授
	Ehime University, Center for Marine Environmental Studies, Distinguished Associate Professor
氏名 (下段英語表記)	濱村奈津子
	Natsuko Hamamura

研究成果の概要

(和文):

環境を汚染する化学物質は急速に複雑化・多様化しており、適切な環境保全のためには、個々の物質のリスクのみならず複合的な影響をより総合的に検出する技術開発が必要である。そこで本研究では、汚染による生態毒性の全体像を直接検出するため、環境中の微生物遺伝子発現の迅速な応答と遺伝子損傷の検出を組み合わせた網羅的解析手法を世界に先駆けて確立した。急速な鉱山開発などで汚染被害が深刻化しているアジア諸国の環境調査へ本技術を応用することで、従来のモデル生物を利用した技術に比べ、実際の汚染環境における複合的な毒性影響を遺伝子レベルで検出が可能となった。本技術は今後、環境汚染の毒性評価に役立つものと期待される。

(英文):

Due to rapid industrial development, discharge of a wide range of chemicals into the environment has increased dramatically in recent years. The complexity of mixed chemical contaminants in the environment poses serious risks to ecosystem and human health due to the potential synergetic toxic effects of diverse chemical interactions, including long-term genotoxicity. To assess the overall effects of contaminant mixtures on ecosystems, we have developed ecotoxicological assessment tools to evaluate

long-term genotoxicity by utilizing rapid microbial responses to perturbations detected by functional metagenomic and DNA adductomic approaches. We successfully applied these tools to examine polluted environments (i.e. mine sites, recycling facilities) in the Asian region, and the observed patterns in microbial functional responses and adduct formation were associated with the toxic levels of contaminants. These tools would be useful to predict the overall risks associated with mixed-chemical contaminated environments.

1. 執行金額 130,021,648 円
(うち、直接経費 100,021,648 円、 間接経費 30,000,000 円)

2. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

3. 研究目的

持続的発展が可能な社会の実現には、我々の社会活動において必要不可欠である様々な化学物質の、適切な使用、処理、管理が求められる。環境化学物質の人間や生態系に及ぼす被害は、急速に複雑化・多様化しており、年々増大し続ける化学物質種を検出し、個々の物質のリスクを評価することは容易ではない。また、複合汚染の生態系に及ぼす影響は多岐に渡り、環境汚染の全体像を把握し適切なリスク評価を行うには、多様な化学物質が生態系に及ぼす影響を総合的に評価する毒性影響評価技術の開発が必要であり、複合的な影響や未知の有害物質の毒性予測技術などが求められている。

複合汚染環境中には、汚染物質に耐性を持つ微生物群が優占して存在し、化学物質暴露に対して様々な機能遺伝子(無害化作用や防御機構等)の発現を誘導して対応している。このような、化学物質による遺伝子応答を利用した毒性評価技術は、感受性が高く迅速な手法であり、化学物質の毒性機構の解明や毒性予測に繋がる技術として注目されている。また、複合汚染ではDNA損傷による長期的影響(遺伝毒性)が懸念されることから、短期暴露に対する遺伝子発現の迅速な応答反応から、遺伝子レベルでの長期的な毒性影響を予測する方法の開発が求められる。

そこで本研究では、今後特に複合汚染による被害の深刻化が懸念されているアジア諸国に焦点をあてて、複合汚染物質暴露に対する微生物生態系の遺伝子応答と遺伝子損傷の網羅的解析診断結果から、複合汚染の生態系に及ぼす遺伝毒性影響を予測する新規評価手法の開発を目的とし、以下の3つのサブテーマ:(1)複合汚染環境における汚染実態と汚染環境適応微生物群集の総合的解析、(2)複合汚染暴露によって変化する遺伝子発現応答の機能ゲノムクスによる網羅的解析、(3)環境微生物群集における遺伝子損傷の網羅的検出結果と指標マーカー発現解析に基づく遺伝毒性予測、に沿って研究を遂行した。

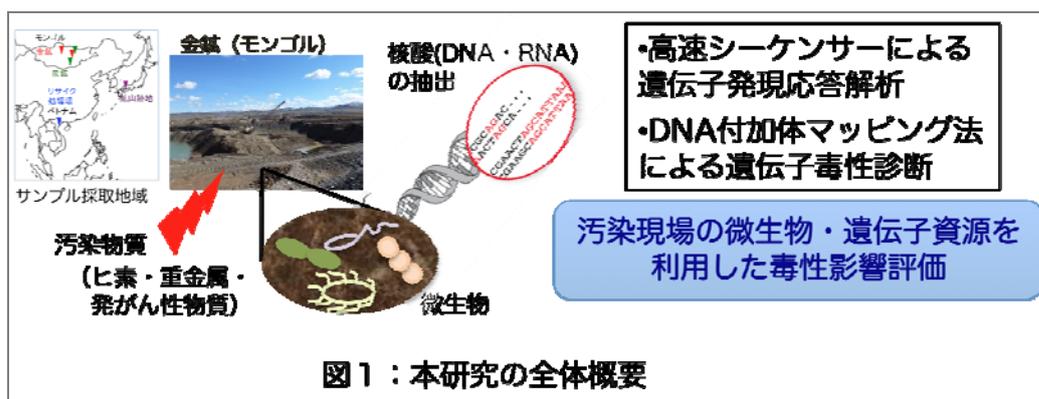
4. 研究計画・方法

本研究では、複合汚染の生態系に及ぼす毒性影響を総合的に予測する新規評価手法を4年の研究期間で開発するため、以下の3つのサブテーマで研究を遂行した。本研究の概要を図1に示す。

(1)複合汚染環境における汚染実態と汚染環境適応微生物群集の総合的解析(研究協力者:愛媛大学 田辺信介教授)(研究期間:1~2年目)本サブテーマでは、高濃度の有機汚染物質や重金属類による複合汚染が確認されているアジア諸国(ベトナム、モンゴルなど)の産業廃棄物投棄場やリサイクル処理施設周辺、鉱山跡地などをフィールドとし、汚染状況分析と微生物群集の分子学的及び生理学的解析を行なう。

(2)複合汚染暴露によって変化する遺伝子発現応答の機能ゲノミクスによる網羅的解析(研究期間:2~3年目)本サブテーマでは、上記(1)で解析した複合汚染環境サンプルから抽出したRNAを逆転写酵素でcDNAに変換して、直接マシーケンスで解読することにより、環境中で発現されている遺伝子応答情報を網羅的に検出する(メタトランスクリプトーム解析)。また、疑似環境モデルシステムを用いて、複合汚染物質特有の毒性に応答する遺伝子群を解析し、これら遺伝子発現プロファイルの比較解析により、複合汚染毒性の指標マーカーとして有用な特定遺伝子群を同定する。

(3)環境微生物群集における遺伝子損傷の網羅的検出結果と指標マーカー発現解析に基づく遺伝毒性予測(横浜市立大学 Robert Kanaly 准教授との連携研究)(研究期間:3~4年目)複合汚染物質暴露による遺伝毒性影響を、微生物群集全体の遺伝子損傷としてDNA付加体解析法(DNAアダクトミクス)により定性定量的に検出する。指標マーカーの発現解析と、複合汚染物質により引き起こされる遺伝子損傷の定量的関係を解明することで、複合汚染の生態系に与える遺伝毒性の予測を試みる。



5. 研究成果・波及効果

以下に3つのサブテーマごとの主な成果をまとめる:

(1) リサイクル処理施設や鉱山周辺など汚染が懸念される環境サンプルを分析した所、高

濃度の鉛やヒ素等の重金属による複合汚染、また炭鉱では重金属の他に芳香族などの有機系汚染物質の複合汚染が検出された。特に複合汚染が検出された以下の試料を解析に用いた:リサイクル処理場(ベトナム:鉛、重金属類)、鉱山跡地(モンゴル:ヒ素、重金属類、芳香族炭化水素等)、塩湖(モンゴル:ヒ素、セレン、重金属類、硝酸)。これらの汚染環境からは、猛毒のヒ素やレアメタルを生物変換する新規な細菌の分離にも成功した。これら微生物の機能は、環境浄化技術やレアメタル回収技術への応用など、今後のグリーン・テクノロジーへの微生物利用に向けた波及効果も期待できる。

さらに本研究の特色として、今後特に環境汚染による被害の深刻化が懸念されるアジア諸国との連携の強化が上げられる。本研究では、愛媛大学ですでに実績のある東南アジア諸国の他、鉱山開発が急速に進んでいるモンゴルとの共同研究体制を新たに構築した。本研究の波及効果として、環境汚染が問題となっているアジア諸国との共同研究を通じたネットワーク作りとともに、動植物のみならず微生物多様性への影響や資源利用に向けて有用な基礎情報を提供している点は特記すべき成果である。

(2) 環境サンプルに含まれる遺伝子全体の発現応答を網羅的に検出し、指標マーカーを含む遺伝子発現を定量的に解析する手法、さらに、大量なシーケンスデータを解析するインフォマティクスツールを確立した([http://hamamuralab.com/pages/display/pipe line](http://hamamuralab.com/pages/display/pipe%20line))。このような、汚染土壌試料から抽出した環境 DNA・RNA を直接的に解析する新規手法(図1)は、従来のモデル生物を利用した汚染物質に対する影響評価の手法と比べて、実際の汚染現場における多様な微生物群集の応答を直接検出できる点で新規性が高い。

本手法により、汚染物質暴露した環境サンプルにおける遺伝子発現変動を調べた所、暴露後にまず汚染物質に特異的な解毒・耐性機構や代謝に関与する機能群が発現し、その後より一般的なストレス応答へと発現プロファイルが経時的に推移することが示された(図2)。これら

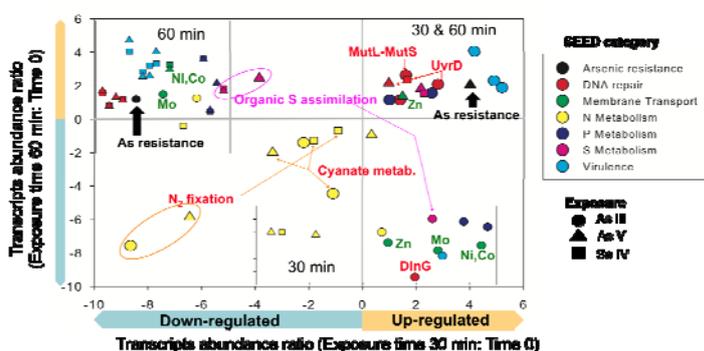


図2：複合汚染試料における遺伝子発現応答の時間変動。毒性に対する耐性機能が誘導されている。

の機能遺伝子群は、より長期的な細胞の応答が検出できるプロテオーム解析でも発現が誘導されており、また環境中に優占している微生物種にかかわらず共通の応答パターンを示しており、複合汚染物質の同定や毒性の評価に有用な指標マーカーとなり得る。

(3) 汚染環境試料へのアダクトミクス法の応用に際して、環境サンプルから抽出できる DNA 量が限られていることが課題となっていた。そこでまず、分析に必要な十分量の DNA 抽出が

可能な単離株や集積培養系を用いて、汚染物質暴露サンプルの DNA アダクトミクス解析により指標マーカーとなる付加体群のデータベースを構築した。これら指標付加体群へと検出範囲を限定することで、分析に必要な DNA 量を低減することが可能となった。本研究は、汚染物質暴露による遺伝毒性影響を、微生物群集全体の遺伝子損傷として DNA 付加体マッピング法により解析した世界初の試みである。

本研究で確立した上記(2)によるメタトランスクリプトーム解析とアダクトミクス解析を組み合わせることで、汚染の毒性影響を直接ゲノムから検出する有効性を検討した。まず、集積培養系を用いた数週間にわたる暴露実験の解析結果から、複合汚染物質の及ぼす毒性影響に対して遺伝子機能群の応答発現と付加体形成のパターンには相関が見られ、本手法の有効性が確認された。さらに、本手法を最終目的である実際の汚染現場サンプルの解析へと応用を試みた。その結果、遺伝子機能群の応答パターンは現場の汚染物質による毒性影響を反映しており、有用な指標マーカーとなり得る事が示された。また、付加体形成パターンから予測される遺伝毒性ポテンシャルには、複合汚染物質の毒性レベルとともに暴露期間など他の環境要因も影響を及ぼすことが示唆された。本手法をさらに評価手法として発展させていくために、今後さらに多くの環境サンプルデータの比較解析を進め、より長期的な汚染暴露にも対応する指標マーカーを検討していくことが有効であると考えられる。

以上、本研究で確立された環境遺伝子解析をより多様な環境の長期的モニタリングに応用することで、化学物質の汚染にとどまらず、様々な環境変動が及ぼす生態系機能への影響評価や予測への貢献がみこまれる。また、本研究で確立した”次世代シーケンス技術を利用した観光遺伝子応答の網羅的解析技術”は注目度も高く、多岐にわたる分野への応用が期待される。さらに、環境ゲノム解析の応用や微生物有用機能の探索利用など、環境分野でのアジア連携強化への寄与も、社会的な課題解決に向けて本研究から得られた成果の 1 つであり、今後さらに積極的に推進すべき分野である。

6. 研究発表等

雑誌論文 計12件	(掲載済み一査読有り) 計10件 <ol style="list-style-type: none"> 1. <u>Hamamura, N.</u>, Meneghin, J., Reyesnbach, A-L. (2013): Comparative community gene expression analysis of Aquificales-dominated geothermal springs. <i>Environmental Microbiology</i>, 15(4), 1226-1237. ISSN:1462-2920. 2. <u>Hamamura, N.</u>, Fukushima, K., Itai, T. (2013): Identification of arsenite- and antimonite-oxidizing bacteria associated with antimony mine tailings. <i>Microbes and Environment</i>, 28:257-263. ISSN: 1342-6311. 3. Inskeep, W.P., Jay, Z.J., Tringe, S.G., Herrgard, M., Russh, D.B., YNP Metagenome Project Steering Committee and <u>Working Group Members</u>*. (2013): The YNP metagenome project: environmental parameters responsible for microbial distribution in the Yellowstone geothermal ecosystem. <i>Frontier in Microbial Physiology and Metabolism</i>, 4, 67. ISSN: 1664-302X. *Listed as a working group member. 4. Takacs-Vesbach, T., Inskeep, W. P., Jay, Z. J. , Rusch, D. B., Tringe, S. G. Herrgard, M., Kozubal, M. A., <u>Hamamura, N.</u>, Macur, R. E., Fouke, B.W., Reysenbach, A-L., McDermott, T.R., Jennings, R., Hengartner, N.W., Xie, G. (2013): The diversity and function of Aquificales in Yellowstone National Park: Analysis of metagenome sequence across geochemically diverse habitats reveals specialization of major lineages. <i>Frontier in Microbial Physiology and Metabolism</i>, 4, 84. ISSN: 1664-302X. 5. Kunihiro, M., Ozeki, Y., Nogi, Y., <u>Hamamura, N.</u>, Kanaly, R.K. (2013): Benz[a]anthracene biotransformation and production of ring fission products by <i>Sphingobium</i> sp. strain KK22. <i>Applied and Environmental Microbiology</i>, 79, 4410-4420. 6. Kanaly, R.A., <u>Hamamura, N.</u> (2013): 9,10-phenanthrene-dione biodegradation by a soil bacterium and identification of transformation product by LC/ESI-MS/MS. <i>Chemosphere</i>, 92, 1442-1449. ISSN: 0045-6535. ISSN: 0099-2240. 7. Mitsunobu, S., <u>Hamamura, N.</u>, Kataoka, T., Shiraiishi, F. (2013): Arsenic attenuation in geothermal streamwater coupled with biogenic arsenic(III) oxidation. <i>Applied Geochemistry</i>, 35, 154-160. ISSN: 0883-2927. 8. <u>Hamamura, N.</u>, Ward, D. M., Inskeep, W.P. (2013): Effects of hydrocarbon mixture types on alkane degradation and hydrocarbon-degrading microbial populations in different soil environments. <i>FEMS Microbiology Ecology</i>, 85, 168-178. ISSN: 1574-6941. 9. Klatt, C.G., Wood, J.M., Rusch, D.B., Bateson, M., <u>Hamamura, N.</u>, Heidelberg, J.F., Grossman, A.R., Bhaya, D., Cohan, F.M., Kuhl, M., Bryant, D.A., Ward, D.M. (2011): Community ecology of hot spring cyanobacterial mats: Predominant populations and their functional potential. <i>ISME Journal</i>, 5(8), 1262-1278. 10. Sayavedra-Soto, L.A., <u>Hamamura, N.</u>, Liu, C-W., Kimbrel, J.A., Chang, J.H., Arp, D. J. (2011): The membrane-associated monooxygenase in the butane-oxidizing Gram-positive bacterium <i>Nocardioides</i> sp. strain CF8 is a novel member of the AMO/PMO family. <i>Environmental Microbiology Report</i>, 3(3), 390-396. ISSN: 1758-2229.
	(掲載済み一査読無し) 計1件 <ol style="list-style-type: none"> 1. <u>濱村奈津子</u> (2011): 微生物とヒ素: 耐性、代謝、進化適応, <i>日本微生物生態学会誌</i>, 26(2), 57-63.
	(未掲載) 計1件 <ol style="list-style-type: none"> 1. <u>Hamamura, N.</u>, Itai, T., Liu, Y., Damdinsuren, N., Reysenbach, A-L., Inskeep, W.P. (2014): Identification of anaerobic arsenite-oxidizing and arsenate-reducing bacteria associated with a soda lake in Khovsgol, Mongolia. <i>Environmental Microbiology Report</i>, In press: DOI: 10.1111/1758-2229.12144. ISSN: 1758-2229.

<p>会議発表</p>	<p>専門家向け 計 26 件</p>
<p>計 33 件</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1. <u>濱村奈津子</u> (2013): 変動する環境における微生物生態系: 遺伝子から群集レベルでの機能と応答. 日本微生物生態学会第 29 回大会, 鹿児島, 11 月 23-25. (シンポジウム企画・講演) 2. <u>片岡 剛文・濱村奈津子</u> (2013): 有害元素複合曝露に対する土壌微生物群集の応答とヒ素酸化能への影響. 日本微生物生態学会第 29 回大会, 鹿児島, 11 月 23-25. 3. <u>Hamamura, N.</u>, Fukushima, K., Huang, H., Kataoka, T. (2013): Microbial transformation of toxic elements associated with mine tailing. The 5th Taiwan-Korea-Japan International Symposium on Microbial Ecology, Taipei, Taiwan, October 31-November 1. 4. Huang, H., Takemoto, K., <u>Hamamura, N.</u> (2013) Bioinformatics analysis in meta-transcriptome profiling of microbial response to toxic elements exposure. Annual Convention of Japanese Society for Bioinformatics, Tokyo, Japan, October 29-31. 5. <u>濱村奈津子・黄鶴</u> (2013): 環境錯乱に対する微生物群集応答のメタトランスクリプトーム解析. NGS 現場の会 第 3 回研究会, 神戸, 9 月 4-5. 6. Kanaly, R A., Maeda, A. H., <u>Hamamura, N.</u>, Micheletto, R. (2013): Software-aided processing of DNA adductomics data obtained by liquid chromatography electrospray ionization tandem mass spectrometry. The XII International Congress of Toxicology, Seoul, South Korea. June 30-July 4. 7. <u>Hamamura, N.</u>, Huang, H., Damdinsuren, N. (2013): Meta-transcriptomic analysis of microbial community response to arsenic exposure. American Society of Microbiology 113th Annual Meeting. Colorado, USA, May 18-21. 8. Kanaly, R.A., Micheletto, R., Maeda, A.H., <u>Hamamura, N.</u> (2013): Investigation of DNA modification in a soil bacterium after exposure to organic and inorganic pollutants by LC-tandem mass spectrometry. American Society of Microbiology 113th Annual Meeting. Colorado, USA, May 18-21. 9. 福島江・黄鶴・広瀬侑・<u>濱村奈津子</u> (2013): プロテオーム手法によるヒ素及びアンチモン酸化細菌の細胞応答解析. 第7回日本ゲノム微生物学会年会, 長浜, 3 月 8-10. 10. <u>濱村奈津子・黄鶴</u> (2013): 環境錯乱に対する微生物群集の機能応答解明へのオミックスアプローチ. 第7回日本ゲノム微生物学会年会, 長浜, 3 月 8-10. 11. <u>Hamamura, N.</u> (2013): Biotransformation of Toxic Elements Associated with Contaminated Environments: Cellular to community level function and responses. . 広島大学サステナブル科学セミナー, 広島, 1 月 21 日 (招待講演) 12. Huang, H., <u>Hamamura, N.</u> (2012): Comparative metatranscriptomic analysis of microbial communities associated with an extreme environment. Joint conference on informatics in Biology, Medicine and Pharmacology, Tokyo, Japan, October 14-17. 13. <u>Hamamura, N.</u>, Huang, H., Fukushima, K. (2012): Cellular to community level function and response of microbial populations associated with arsenic-contaminated environments. シンポジウム'金属元素の地球微生物学'企画開催, コンビナー:<u>濱村奈津子</u>・天知誠吾, 日本微生物生態学会第 28 回大会, 豊橋市, 9 月 19-22 日. 14. Fukushima, K., <u>Hamamura, N.</u> (2012): Proteomic analysis of a novel autotrophic arsenite-oxidizing bacterium <i>Sinorhizobium</i> sp. IK-A2. 日本微生物生態学会第 28 回大会, 豊橋市, 9 月 19-22 日. 15. Kataoka, T., <u>Hamamura, N.</u> (2012): Enrichment of arsenic and antimony metabolizing bacteria using solid phase microcosms. 日本微生物生態学会第 28 回大会, 豊橋市, 9 月 19-22 日. 16. <u>Hamamura, N.</u>, Huang, H., Okuda, S., Damdinsuren, N. (2012): Meta-transcriptomic analysis of microbial community associated with a soda lake in Khovsgol, Mongolia. 14th International Symposium on Microbial Ecology, Copenhagen, Denmark, August19-24. 17. <u>Hamamura, N.</u>, Itai, T. (2012): Microbial arsenic and antimony oxidation associated with soil from antimony mine tailings. American Society for Microbiology 112th General Meeting, San Francisco, USA, June16-19.

<p>18. Kanaly, R.A., <u>Hamamura, N.</u> (2012): Investigation of a microbial community exposed to potentially genotoxic pollutants during growth on a defined hydrocarbon NAPL . American Society for Microbiology 112th General Meeting, San Francisco, USA, June16-19.</p> <p>19. Huang, H., <u>Hamamura, N.</u> (2012): Development of practical tools for the analyses of metagenome and metatranscriptome datasets. NGS 現場の会 第2回研究会, 大阪, 5月23-25.</p> <p>20. <u>濱村奈津子</u>・奥田修二郎 (2012):ヒ素含有塩湖における微生物ヒ素代謝及び遺伝子発現応答の網羅的解析,第6回日本ゲノム微生物学会年会, 東京,3月10-12日,講演要旨集, 53.</p> <p>21. <u>濱村奈津子</u>・板井啓明・奥田修二郎・Reysenbach, A-L. (2011): モンゴル炭酸塩湖のヒ素代謝に関与する微生物群集の機能ゲノミクス解析, 日本微生物生態学会第27回大会, 京都, 10月7-10日, 講演要旨集, 53.</p> <p>22. Kanaly, R. A., Kunihiro, M. and <u>Hamamura, N.</u> (2011): Effects of potential oxidative damage on bacterial populations caused by fullerene exposure. International Union of Microbiological Societies 2011 Congress: XIII International Congress of Bacteriology and Applied Microbiology, Sapporo, Japan, September 6-11, Abstract Book, 206.</p> <p>23. <u>Hamamura, N.</u>, Itai, T., Damsinsuren, N., Reysenbach, A-L. and Inskeep, W. P. (2011): Microbial arsenic transformation associated with soda lake in Khovsgol, Mongolia. Goldschmidt 2011, Prague, Czech Republic, August 14-19, Mineralogical Magazine, 968.</p> <p>24. <u>Hamamura, N.</u> (2011): Functional analysis of microbial communities associated with arsenic cycling in the environment. The 6th Global COE International Symposium on Advanced Studies by Young Scientists on Environmental Pollution and Ecotoxicology, Matsuyama, Japan, August 4-6, Abstract Book, 25.</p> <p>25. <u>Kanally, R.A.</u> (2011). Biotransformation of hazardous pollutants by bacteria and application of DNA adductomics. The 6th Global COE International Symposium on Advanced Studies by Young Scientists on Environmental Pollution and Ecotoxicology, Matsuyama, Japan, August 4-6, Abstract Book, 27.</p> <p>26. <u>Hamamura, N.</u> (2011): Functional analysis of microbial communities associated with arsenic cycling in the environment. The 4th Joint Forum of Environmental Sciences 2011, Ehime University, Matsuyama, Japan, June 20-21, Abstract Book, 46-47.</p> <p>一般向け 計7件</p> <p>1. <u>濱村奈津子</u> (2014): 環境攪乱後の修復過程における微生物代謝機能及び遺伝子多様性のダイナミクス. 第61回日本生態学会大会 自由集会「生態系の物質循環の仕組みを記述する微生物生態学」, 広島, 3月17日</p> <p>2. ランチョンシンポジウム(2013)「アクティブな研究生活をサポート! 育児・キャリアアップ世代を生き抜く仕事術」企画開催. コンビナー:<u>濱村奈津子</u>・山本智子, 日本微生物生態学会第29回大会, 鹿児島市, 11月23日.</p> <p>3. <u>Hamamura, N.</u> (2013): Promotion of diversity and gender equality in science and technology and academia in Japan: prospective and activities of the Japanese Society of Microbial Ecology. The 5th Taiwan-Korea-Japan International Symposium on Microbial Ecology, "Woman Scientist Roundtable: Network for Asian Woman Microbiologists", Jhongli, Taiwan, November 1. (Invited speaker)</p> <p>4. Hamamura, N. (2012): Biotransformation of toxic elements associated with contaminated environments. International Conference "Effects of climate change and land use on biodiversity and ecosystems", Ulaanbaatar, Mongolia, October 1-3. (Invited speaker)</p> <p>5. <u>濱村奈津子</u> (2011): バイオレメディエーションエコロジー:複合汚染環境における微生物群集応答 分子レベルから網羅的解析まで, 第10回微生物生態合同実習, 小浜, 8月30日,研修資料,10-16.</p> <p>6. <u>濱村奈津子</u> (2011): 多様で刺激の多い社会で生きている~微生物も私たちも, 微生物生態学会若手交流会, 京都,10月6日.</p>

	7. <u>濱村奈津子</u> (2011): 複合汚染環境における微生物生態学:汚染物質代謝・耐性機構の機能ゲノミクス解析, 愛媛大学と松山大学との連携事業, 愛媛微生物学ネットワーク(NAME)第 2 回フォーラム, 松山大学, 松山, 11 月 26 日, 要旨集,9-10.
図書 計 2 件	1. <u>Hamamura, N.</u> , Liu, Y. and Inskeep, W. P. (2012): Identification of bacterial community and arsenate-reducing bacteria associated with a soda lake in Khovsgol, Mongolia. Interdisciplinary Studies on Environmental Chemistry, Vol. 6, Advanced Environmental Studies by Young Scientist. Kawaguchi, M., Misaki, K., Sato, H., Yokokawa, T., Itai, T., Tue, N. M., Ono, J. and Tanabe, S. (Eds), TERRAPUB, Tokyo, Japan, 79-88. 2. Kanaly, R. A., Maeda, A. H., Kunihiro, M. and <u>Hamamura, N.</u> (2012): Application of denaturing gradient gel electrophoresis as an ecotoxicological tool to investigate the effects of aquifullerene on a bacterial community. Interdisciplinary Studies on Environmental Chemistry, Vol. 6, Advanced Environmental Studies by Young Scientist. Kawaguchi, M., Misaki, K., Sato, H., Yokokawa, T., Itai, T., Tue, N. M., Ono, J. and Tanabe, S. (Eds), TERRAPUB, Tokyo, Japan, 99-107.
産業財産権 出願・取得状況 計 0 件	(取得済み) 計 0 件 (出願中) 計 0 件
Webページ (URL)	<ul style="list-style-type: none"> 学報トピックス: 沿岸環境科学研究センター濱村奈津子准教授が最先端・次世代研究開発プログラムへ採択, 愛媛大学, https://www.ehime-u.ac.jp/information/about/publicity/newsletter/detail.html?new_rec=7909 愛媛大学 沿岸環境科学研究センター 生態系解析部門 濱村グループホームページ: www.hamamuralab.com/jpn/
国民との科学・技術対話の実施状況	<ol style="list-style-type: none"> 最先端研究開発支援プログラム FIRST シンポジウム「科学技術が拓く 2030 年へのシナリオ」でポスター展示による研究成果紹介を行った。実施日:2014 年 3 月 1 日, 場所:ベルサール新宿グランド(東京)。http://www.first2030.jp/ 愛媛大学主催「愛大博 2013 新たなる絆の結束」に参加。'環境を守る小さな生物たち ~自然の微生物資源を利用した先端研究'と題して研究紹介を行った。実施日:2013 年 11 月 9-10 日, 2013. 場所:愛媛大学博物館 愛大ミュージズ(愛媛県松山市)、中高生や一般対象。一般の方々、家族連れなどが来場。 愛媛大学主催「サイエンスプリンセスプロジェクト」(女子中高生の理系進路選択支援事業)にて、研究内容の紹介や研究室見学・実験デモ等を行った。実施日:2013 年 8 月 7 日, 2013. 場所:愛媛大学(愛媛県松山市)、中高生 63 名、保護者教員 12 名、当日参加者 9 名の合計 84 名が参加。http://hime.adm.ehime-u.ac.jp/news/detail.html?rec=272 愛媛大学主催「愛大博 2012」に参加。'汚染環境中の微生物資源を利用した最先端技術の開発'と題して研究紹介を行った。実施日:2012 年 11 月 10-12 日, 場所:愛媛大学博物館 愛大ミュージズ(愛媛県松山市)、中高生や一般対象。一般の方々、家族連れなど 1000 名強が来場。 福井県立大学・日本微生物生態学会教育研究部会共催 オープンカレッジ「小さな生き物の世界 ~身近にいる微生物をみてみよう!~」(講師), 実施日:2012 年 8 月 28 日,場所:小浜市 福井県立大学, 対象者:小学生以上, 参加者(人数):小中学生親子(17 名), 内容:環境中や身近にいる微生物に関する講義と顕微鏡を用いた微生物の観察を行った。 愛媛大学・女性未来育成センター主催「輝く! 愛大理系ウーマン展」に参加。研究内容や女性研究者としての経歴紹介等を行った。実施日:2012 年 8 月 16-23 日, 場所:愛媛大学博物館 愛大ミュージズ(愛媛県松山市)、中高生や一般対象。女子中高生や保護者、親子連れなど 639 名が来場。愛媛 CATV や NHK で地域のニュースとして取り上げられた。 愛大サイエンスカフェ サイエンス女子会「環境について考えよう~環境を守る小さな生き物たち」(講師), 実施日:2011 年 3 月 17 日,場所:松山市カフェ シエル・ド・フェリブル,対象者:中高校生以

様式21

	<p>上,参加者(人数):高校生・社会人(理科教員,技術職,一般事務等)(16名),内容:環境中の微生物,汚染化学物質を分解する微生物に関する最新の研究成果や海外での研究活動についての紹介、クイズやディスカッションタイムを通じた双方コミュニケーションを行った。</p>
新聞・一般雑誌等掲載計3件	<ol style="list-style-type: none"> 1. 愛媛大学ロールモデル集, 2011年10月1日発行,p8-9,センター長対談 x 濱村奈津子「微生物が語る、わたしたちの多様性」 http://hime.adm.ehime-u.ac.jp/materials/pdf/rolemodel.pdf 2. CMES ニュース No.24, 2011年7月21日,p3-4,科学研究費等採択課題研究進捗報告 最先端・次世代研究開発支援プログラム「複合汚染に対する微生物遺伝子応答の網羅解析による新規毒性影響評価技術の開発」濱村奈津子 http://ehime-u.cyber-earth.jp/g-coe2007/jp/report/pdf/index_newsletter_jp_008.pdf 3. 愛媛新聞, 2011年4月8日,総合3,「微生物遺伝子で環境汚染影響予測」
その他	<p>第2回四国女性研究者フォーラム, 開催日:2012年1月27日,場所:松山市 愛媛大学, パネルディスカッション「若手研究者が輝く大学とは」にパネリストとして参加。研究内容や研究環境等について発表・コメント。第2回四国女性研究者フォーラム報告書: http://hime.adm.ehime-u.ac.jp/materials/pdf/houkoku01.pdf</p>

7. その他特記事項

特になし。