

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 10 月 25 日現在

機関番号：82401

研究種目：新学術領域研究(研究領域提案型)

研究期間：2011～2015

課題番号：23117003

研究課題名(和文) 先端ゲノム・トランスクリプトーム解析技術を用いた環境微生物の共生原理の解明

研究課題名(英文) Research about environmental symbiotic system by using of advanced genome and transcriptome analysis

研究代表者

守屋 繁春(Moriya, Shigeharu)

国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・専任研究員

研究者番号：00321828

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 70,200,000円

研究成果の概要(和文)：シロアリ共生原生物の消化共生が糖質が水分分解酵素以外のタンパク質を含む系によって駆動されている知見を得た。また、シングルセルゲノム解析によってシロアリ共生原生物と共生関係にあるバクテリアのホストとの代謝接続点およびゲノムリアレンジメントに関する知見を得た。バイオフィルムを構成する微生物の集団構造や発現遺伝子を解析する新たな手法を開発した。さらに、海洋動物と光合成微生物の共生系において脂質が重要な共生のメディエーターになっている可能性を明らかにした。以上の成果は共生を駆動する因子がその置かれた環境下によって様々であり、その環境中で欠乏した因子を求めて生物が共生を開始する可能性を示唆している。

研究成果の概要(英文)：We obtain the results about non-cellulose type factors affect to ligno-cellulose utilization by termite symbiotic system. Also, our single cell genome analysis revealed that knowledge of genome rearrangement and metabolism of symbiotic bacteria of symbiotic protist of termite. We developed novel total RNAseq analysis pipeline to analyze ecological function of biofilm composing members and mediator for symbiosis between aquatic animal and dinoflagellate. These results show that variety factors affect to drive symbiosis depend on environmental condition.

研究分野：微生物生態学

キーワード：共生 シロアリ共生系 バイオフィルム 海洋生物共生系 メタトランスクリプトーム シングルセルゲノム

1. 研究開始当初の背景

生命圏では限られたリソースを巡って膨大な多様性を持つ生物間相互作用が進化してきた。その中でも、特に興味深いのは競争ではなく共生 = マトリョーシカ的進化というプロセスによって、生物はそのもてる機能を非連続的かつ飛躍的に向上させてきたという事実である。我々自身がエネルギーを獲得するために用いているミトコンドリアや、汎生命圏的な一次生産者である植物が光合成に用いている葉緑体がよく知られた例であるが、環境中を見渡すと、生物の数だけ共生があると言っても過言ではないくらいに非常に様々なマトリョーシカ型生物間インタラクションの例を見ることができる。我々の研究グループにおいてすでに10年以上の研究の蓄積があるシロアリ共生系はその非常によい実例である。リンマーグリスによるミトコンドリア共生説の直接的きっかけとなったこの小さな昆虫の腸の中に形成されている生態系は、陸上植物バイオマスの中でももっとも豊富に存在するリグノセルロースのみをほぼ唯一のインプットとする半閉鎖システムで、難分解性の炭素源、非常に限られた窒素供給源、環境中の大部分の微生物同様に単離培養がほぼ不可能な微生物から構成される(しかしある程度固定された種構成を持つ)共生微生物群といった特徴を持っている。

2. 研究の目的

本研究では共生系、特にその初期過程にあると思われる微生物たちを研究対象とする。我々のグループで開発と解析を続けている、培養を経ずにそれらの遺伝子発現パターンやゲノム情報を読み取ることが可能な独自の先端ゲノム科学的手法によって、これら様々な共生系を構成する個々の生物がどのような代謝パスウェイを持ち、どのように種間相互接続し、またどのように種を超えた遺伝子の転移によって固定されていくのを調べることで、単に競争だけではなく、協調 = すなわちマトリョーシカ化によって飛躍的な機能進化を遂げる、この生命圏の美しい仕組みを包括的に明らかにしていきたい。ここで得られる知見は、単体の生物を調べることに汲々としてきた従来の生物学とは完全に一線を画した、グローバルな新しい生物学の開始を告げる橋頭堡となり得る。同時にその知見は、組み換え遺伝子技術や大型の放射線施設などを使わなくても飛躍的に生物機能を高める革新的な進化工学技術の創成にもつながるだろう。

3. 研究の方法

本研究における最大のポイントはどれだけ様々なマトリョーシカを対象にできるかにかかっている。そこで、本研究では研究グループがすでにデータの蓄積を持っている、陸域生態系のミニチュアモデルともいえるシ

ロアリ共生系を題材として、まずは比較トランスクリプトーム-ゲノム解析により、いくつかの類似した原生生物-バクテリア系より、それらの共生関係成立に重要な役割を果たす共代謝パスウェイの特定と、宿主と共生体の間での遺伝子の相互交通の様態を明らかにすることで、このようなマトリョーシカ化原理を導き出す技術確立する。同時に、それらの知見を順次応用しながら、各種の共生の初期段階にあるシステムに着目して、シロアリシステム研究で培った技術を応用、比較していく。これらの解析の結果から、我々は異なる様態のマトリョーシカ化に潜在する共通性・または共通しなくてもよい性質を導き出すことができると考えられ、このようなマトリョーシカ化に必須である共生系の構築原理に関する情報をもたらすと考えられる。

4. 研究成果

シロアリ共生原生生物の消化共生が糖質が水分解酵素以外のタンパク質を含む系によって駆動されている知見を得て、このシロアリ腸内共生系に駆動される仕組みを産業的に生かすための特許の申請を行った。(特願2014-230027)

共生細菌をセルソーターを用いて、シングルセルに分離して、全ゲノムを増幅後にゲノム解析を実施する技術確立した。

これをシロアリ腸内のセルロース分解性原生生物の細胞内・表層で共生する細菌に適用して、ゲノム概要配列から推定される代謝機能に基づいて、共生関係を推定した。原生生物細胞内の *Treponema* 属細菌では、窒素固定と炭酸固定(酢酸生成)の二つの機能が腸内全体の活性にも大きく貢献していることを明らかにした。また、安定した細胞内共生細菌であるにもかかわらず、ゲノムの縮小化が進んでいない比較的進化初期過程にあることが推定され、細胞内共生のゲノム進化を考察する上で興味深い題材と考えられた。

(Ohkuma et al. 2015)

原生生物細胞表層の *Candidatus Symbiothrix* 属細菌では、これまで想定されていなかった細菌のリグノセルロース分解への関与が示唆された。(Yuki et al. 2015)

シロアリ腸内細菌の分離・新種記載をし、ゲノム解析も実施した。さらに、近縁の細菌群のゲノム解析やデータベース上の遺伝子を検索して、シロアリ共生細菌の窒素固定遺伝子の進化についての考察もした。(Inoue et al. 2015)

シロアリ腸内原生生物の核内に共生する微生物が *Verrucomicrobia* 門の新属細菌であることを分子生態学的手法で解明し、*Candidatus Nucleococcus* と命名した。例えば原生生物 *Trichonympha agilis* には2種の *Nucleococcus* が核内に同時共生している。*Verrucomicrobia* 門細菌は多様なシロアリ腸内原生生物に広範に共生しており、重要な二

ッチを占めていると予想されるが、それだけではなく、宿主原生生物の核内に、同細菌のゲノムの一部が移行していることも明らかとした。

バイオフィーム共生系の解析を進める上で、各種のオミクス情報を統合した BioGeoChemical typing (BGC typing) 法を開発した。これによって環境中の機能微生物集団とそれらにおけるキー化合物等に関する知見を得ることが可能になった。(Ogawa et al. 2014)

さらに微生物集団構造と発現遺伝子プロファイルをハイスループットで解析可能な total RNA seq 法を開発し、アマゾン水圏におけるバイオフィームの共生機能解明へ展開を行っている。(Tsuboi et al. in preparation)

海洋性動物と光合成微生物の共生に関しては、海洋生物全般で重要な機能的炭素キャリアであると考えられる脂肪酸がキーになっていることを、飼育条件変動時のトランスクリプトーム解析によって見いだした。(Moriya et al. in preparation)

以上の成果は共生開始を駆動する因子がその置かれた環境下によって様々であり、その環境中で欠乏した因子を求めて生物が共生を開始する可能性を示唆している。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 28 件)

1. Kawafune K., Hongoh Y., Hamaji T., Sakamoto T., Kurata T., Hirooka S., Miyagishima S., Nozaki H. 2015 Two different rickettsial bacteria invading *Volvox carteri*. *PLoS One* 10: e0116192, doi: 10.1371/journal.pone.0116192 (査読有り)
2. Murakami T., Segawa T., Bodington D., Dial R., Takeuchi N., Kohshima S., Hongoh Y. 2015 Census of bacterial microbiota associated with the glacier ice worm *Mesenchytraeus solifugus*. *FEMS Microbiol Ecol* doi: <http://dx.doi.org/10.1093/femsec/fiv003> (査読有り)
3. Zheng H., Dietrich C., Hongoh Y., Brune A. 2015 Restriction-modification systems as mobile genetic elements in the evolution of an intracellular symbiont. *Mol Biol Evol* 33: 721-725. doi: 10.1093/molbev/msv264 (査読有り)
4. Pramono, A.K., M. Sakamoto, T. Iino, Y. Hongoh, and M. Ohkuma. 2015. *Dysgonomonas termitidis* sp. nov., isolated from the gut of the subterranean termite *Reticulitermes speratus*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 65: 681-685. doi:10.1099/ijs.0.070391-0 (査読有り)
5. Inoue J., K. Oshima, W. Suda, M. Sakamoto, T. Iino, S. Noda, Y. Hongoh, M. Hattori, and M. Ohkuma. 2015. Distribution and evolution of nitrogen fixation genes in the phylum Bacteroidetes. *Microbes Environ.* 30: 44-50. doi:10.1264/jsme2.ME14142 (査読有り)
6. Ohkuma, M., S. Noda, S. Hattori, T. Iida, M. Yuki, D. Starns, J. Inoue, A.C. Darby, and Y. Hongoh. 2015. Acetogenesis from H₂ plus CO₂ and nitrogen fixation by an endosymbiotic spirochete of a termite-gut cellulolytic protist. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 112(33): 10224-10230. doi: 10.1073/pnas.1423979112 (査読有り)
7. Yuki, M., H. Kuwahara, M. Shintani, K. Izawa, T. Sato, D. Starns, Y. Hongoh, and M. Ohkuma. 2015. Dominant ectosymbiotic bacteria of cellulolytic protists in the termite gut also have the potential to digest lignocellulose. *Environ. Microbiol.* 17: 4942-4953. doi: 10.1111/1462-2920.12945 (査読有り)
8. 本郷裕一 2014 「シングルセル・ゲノミクスによる未培養腸内細菌研究の可能性」 *G.I.Research* (先端医学社) 22: 93-98
9. 本郷裕一 2014 「シングルセル・ゲノミクスの現状と展望」 *バイオサイエンスとインダストリー (B&I)* 72: 161-165
10. Segawa T., Ishii S., Ohte N., Akiyoshi A., Yamada A., Maruyama F., Li Z., Hongoh Y., Takeuchi N. 2014. The nitrogen cycle in cryoconites: naturally occurring nitrification-denitrification granules on a glacier. *Environ Microbiol* 16: 3250-3262. doi: 10.1111/1462-2920.12543 (査読有り)
11. Yamaguchi H., Nakayama T., Hongoh Y., Kawachi M., Inoue I. 2014. Molecular diversity of endosymbiotic *Nephroselmis* (*Nephroselmidophyceae*) in *Hatena arenicola* (*Katablepharidophycota*). *J Plant Res* 127: 241-247. doi: 10.1007/s10265-013-0591-1 (査読有り)
12. Sato T., Kuwahara H., Fujita K., Noda S., Kihara K., Yamada A., Ohkuma M., Hongoh Y. 2014. Intranuclear

- verrucomicrobial symbionts and evidence of lateral gene transfer to the host protist in the termite gut. *ISME J* 8: 1008-1019. doi: 10.1038/ismej.2013.222 (査読有り)
13. Kawafune K., Hongoh Y., Nozaki H. (2014) A rickettsial endosymbiont inhabiting the cytoplasm of *Volvox carteri* (Volvocales, Chlorophyceae). *Phycologia* 53: 95-99. doi: 10.2216/13-193.1 (査読有り)
 14. Shintani, M., K. Matsui, J. Inoue, A. Hosoyama, S. Ohji, A. Yamazoe, H. Nojiri, K. Kinbara, and M. Ohkuma. 2014. Single-cell analyses revealed transfer ranges of IncP-1, IncP-7, and IncP-9 plasmids in a soil bacterial community. *Appl. Environ. Microbiol.* 80: 138-145. doi: 10.1128/AEM.02571-13 (査読有り)
 15. Ohkuma, M., M. Yuki, K. Oshima, W. Suda, Y. Oshida, K. Kitamura, T. Iida, and M. Hattori. 2014. Draft genome sequence of an alkaliphilic and xylanolytic *Paenibacillus* sp. strain JCM 10914, isolated from the gut of a soil-feeding termite. *Genome Announc.* 2: e01144-13. doi: 10.1128/genomeA.01144-13 (査読有り)
 16. Yuki, M., K. Oshima, W. Suda, M. Sakamoto, T. Iida, M. Hattori, and M. Ohkuma. 2014. Draft genome sequence of *Bacteroides reticulotermitis* strain JCM 10512T, isolated from the gut of a termite. *Genome Announc.* 2: e00072-14. doi:10.1128/genomeA.00072-14 (査読有り)
 17. Nakabachi, A., K. Ishida, Y. Hongoh, M. Ohkuma, and S. Miyagishima. 2014. Aphid gene of bacterial origin encodes a protein transported to an obligate endosymbiont. *Curr. Biol.* 24: R640-R641. doi: 10.1016/j.cub.2014.06.038 (査読有り)
 18. Ogawa DM, Moriya S, Tsuboi Y, Date Y, Prieto-da-Silva dis-Baptista G, Yamane T, Kikuchi J. 2014. Biogeochemical typing of paddy field by a data-driven approach revealing sub-systems within a complex environment--a pipeline to filtrate, organize and frame massive dataset from multi-omics analyses. *PLoS One.* Oct 20;9(10):e110723. (査読有り)
 19. Tsukagoshi H, Nakamura A, Ishida T, Otagiri M, Moriya S, Samejima M, Igarashi K, Kitamoto K, Arioka M. 2014. The GH26 beta-mannanase RsMan26H from a symbiotic protist of the termite *Reticulitermes speratus* is an endo-processive mannohydrolase: heterologous expression and characterization. *Biochem Biophys Res Commun.* Sep 26;452(3):520-5. (査読有り)
 20. Tokuda G, Tsuboi Y, Kihara K, Saitou S, Moriya S, Lo N, Kikuchi J. 2014. Metabolomic profiling of ¹³C-labelled cellulose digestion in a lower termite: insights into gut symbiont function. *Proc Biol Sci.* Aug 22;281(1789):20140990. (査読有り)
 21. Tsukagoshi H, Nakamura A, Ishida T, Touhara KK, Otagiri M, Moriya S, Samejima M, Igarashi K, Fushinobu S, Kitamoto K, Arioka M. 2014. Structural and biochemical analyses of glycoside hydrolase family 26 木 -mannanase from a symbiotic protist of the termite *Reticulitermes speratus*. *J Biol Chem.* Apr 11;289(15):10843-52. (査読有り)
 22. Otagiri M, Lopez CM, Kitamoto K, Arioka M, Kudo T, Moriya S. 2013. Heterologous expression and characterization of a glycoside hydrolase family 45 endo-beta-1,4-glucanase from a symbiotic protist of the lower termite, *Reticulitermes speratus*. *Appl Biochem Biotechnol.* Mar;169(6):1910-8. (査読有り)
 23. Sakamoto, M., and M. Ohkuma. 2013. *Bacteroides reticulotermitis* sp. nov., isolated from the gut of the subterranean termite (*Reticulitermes speratus*). *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 63: 691-695. doi:10.1099/ijs.0.040931-0 (査読有り)
 24. Nakabachi, A., R. Ueoka, K. Oshima, R. Teta, A. Mangoni, M. Gurgui, N. J. Oldham, G. van Echten-Deckert, K. Okamura, K. Yamamoto, H. Inoue, M. Ohkuma, Y. Hongoh, S. Miyagishima, M. Hattori, J. Piel, and T. Fukatsu. 2013. Defensive bacteriome symbiont with a drastically reduced genome. *Curr. Biol.* 23: 1478-1484. doi:10.1016/j.cub.2013.06.027 (査読有り)
 25. Hattori, S., Y. Hongoh, T. Itoh, P. Deevong, S. Trakulnaleamsai, N. Noparatnaraporn, T. Kudo, and M. Ohkuma. 2013. *Sporomusa intestinalis* sp. nov., a homoacetogenic bacterium isolated from the gut of higher termite, *Termes comis* (Termitinae). *J. Gen. Appl. Microbiol.* 59: 321-324.

- doi:10.2323/jgam.59.321 (査読有り)
26. Nakabachi, A., N. Nikoh, K. Oshima, H. Inoue, M. Ohkuma, Y. Hongoh, S. Miyagishima, M. Hattori, and T. Fukatsu. 2013. Horizontal gene acquisition of *Liberibacter* plant pathogens from a bacteriome-confined endosymbiont of their psyllid vector. *PLoS ONE* 8: e82612. doi: 10.1371/journal.pone.0082612(査読有り)
 27. Noda, S., C. Mantini, D. Meloni, J.-I. Inoue, O. Kitade, E. Viscogliosi, and M. Ohkuma. 2012. Molecular phylogeny and evolution of Parabasalia with improved taxon sampling and new protein markers of actin and elongation factor-1. *PLoS ONE* 7: e29938. (査読有り) doi:10.1371/journal.pone.0029938
 28. Thong-on, A., K. Suzuki, S. Noda, J. Inoue, S. Kajiwara, and M. Ohkuma. 2012. Isolation and characterization of anaerobic bacteria for symbiotic recycling of uric acid nitrogen in the gut of various termites. *Microbes Environ.* 27: 186-192. doi:10.1264/jsme2.ME11325(査読有り)
- [学会発表](計 21 件)
1. 本郷裕一「ゲノムから読み解くシロアリ腸内難培養微生物群集の多重共生機構」第 89 回日本細菌学会総会(大阪国際交流センター)2016.3.24(招待)
 2. 本郷裕一「ゲノムから解き明かすシロアリ腸内複合共生系」日本農芸化学会 2015 年度大会(岡山大)2015.3.29(招待)
 3. Yuichi Hongoh “Single cell genomics deciphers the complex symbiotic system in the termite gut microbiota” 第 11 回国際ゲノム会議(一橋講堂)2015.5.21(招待)
 4. 日本農芸化学会藪田セミナー、静岡大学大学院工学研究科化学バイオ工学専攻キックオフシンポジウム「生物間コミュニケーション研究の最前線」大熊盛也シロアリ共生微生物群集の代謝機能と共生機構 2015 年 8 月 浜松(静岡大)
 5. 第 38 回日本分子生物学会年会 第 88 回日本生化学会大会 合同大会 ワークショップ「はたらく細胞内共生体」大熊盛也 シロアリ腸内の原生生物の細胞内で効率的に働く共生細菌 (Endosymbioses and efficient metabolic interactions with termite-gut cellulolytic protists) 2015 年 12 月 神戸(神戸ポートピアアイランド)
 6. 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Ohkuma M. CO2- and N2-fixing endosymbionts of termite-gut cellulolytic protists. 2015 年 9-10 月 筑波
 7. シロアリ原生生物由来セルラーゼ活性増幅因子の発現 小田切正人, 岸川昭太郎, 雪真弘, 大熊盛也, 守屋繁春 日本生物工学会大会 2015 年 9 月 鹿児島(鹿児島大)
 8. Hongoh Y. “Evolution of nitrogen-fixing endosymbionts of termite-gut protists” International Union for the Study of Social Insects (IUSSI14) (Cairns, Australia) 2014.7.13-18(招待)
 9. IUSSI 2014, International Union for the Study of Social Insects International Congress. Ohkuma M. Molecular studies of termite-gut protists on cellulose utilization. 2014 年 7 月 Cairns, Australia
 10. National Academy of Science, USA, Arthur M. Sackler Colloquium "Symbioses becoming permanent: The origins and evolutionary trajectories of organelles". Ohkuma M. Metabolic integration across endosymbiotic communities. 2014 年 10 月 Irvine CA, USA
 11. Cellulase and xylanase genes from symbiotic protists of the termites for biomass engineering KISHIKAWA Shotaro, OTAGIRI Masato, MORIYA Shigeharu, OHKUMA Moriya, MURATA Takehide, OBATA Yuichi 日本分子生物学会年会 2014 年 横浜(パシフィコ横浜)
 12. アマゾン川におけるバイオフィルムの構成種とその遺伝子発現及び機能の解明 坪井亜里沙, 守屋繁春 2014 年 10 月 環境微生物系学会合同大会 浜松 (浜松コンgresセンター)
 13. シロアリ腸内共生原生生物の高効率木質バイオマス分解システムの解析 小田切正人, 岸川昭太郎, 雪真弘, 大熊盛也, 守屋繁春 日本生物工学会大会 2014 年 8 月 札幌(札幌コンベンションセンター)
 14. バイオマスとシロアリ共生原生生物 守屋繁春 日本動物学会大会 2014 年 8 月 (招待) 仙台(東北大学)
 15. 日本進化学会第 17 回大会ワークショップ “Endosymbiosis and Organellogenesis” 大熊盛也 シロアリ腸内の原生生物細胞内の細菌の共生と進化 2013 年 12 月 東京(中央大)
 16. シロアリ原生生物由来セルラーゼ活性増幅因子の探索 小田切正人, 岸川昭太

- 郎, 雪真弘, 守屋繁春, 大熊盛也 日本生物工学会大会 2013年8月 広島(広島国際会議場)
17. シロアリ共生微生物の遺伝子資源によるバイオマス利活用の可能性(極限環境微生物を用いた動植物の機能向上と環境負荷低減の可能性, シンポジウム) 守屋 繁春 日本生物工学会大会 65 2013年8月 広島(招待)(広島国際会議場)
 18. 環境微生物の代謝産物をシングルセルで観察できるか~ムカシシロアリの腸内共生原生動物ミクソトリカを例に~ 木原久美子, 中西裕美子, LO Nathan, 本郷裕一, 福田真嗣, 守屋繁春 日本微生物生態学会 2013年11月 鹿児島(鹿児島大)
 19. 3rd RIKEN-Liverpool Symposium, Ohkuma M. Symbioses between termite-gut cellulolytic flagellates and their associated bacteria. 2013年7月 Liverpool, UK
 20. ICOP XIV International Congress of Protistology. Ohkuma M. Metabolic coordinations between termite-gut cellulolytic flagellates and their endosymbiotic bacteria. 2013年7月 Vancouver, Canada
 21. Physicochemical, Metabolic and Microbial Profile Analysis on Paddy Field: Study Case OGAWA Diogo, MORIYA Shigeharu, TSUBOI Yuuri, DATE Yasuhiro, PRIETO Alvaro, BAPTISTA Gandhi, YAMANE Tetsuo, KIKUCHI Jun 日本生物工学会大会 2012年9月 神戸

〔図書〕(計7件)

1. 守屋繁春 2012 シロアリの辞典 編集 吉村剛ら 海青社
2. 井上潤一, 大熊盛也. 2012. 環境遺伝子の網羅的解析と植物バイオマス分解酵素 近藤昭彦, 天野良彦, 田丸 浩(監修)「バイオマス分解関連酵素研究の最前線」シーエムシー出版, pp. 92-97.
3. 大熊盛也. 2014 88. シロアリと微生物 「環境と微生物の事典」日本微生物生態学会編 朝倉書店 pp. 198-199.
4. 野田悟子, 大熊盛也. 2014. メタトランスクリプトーム研究の現状 大野博司, 服部正平(編集)「常在細菌叢が操るヒトの健康と疾患」実験医学増刊 vol.32, No.5, pp. 693-698.
5. 本郷裕一 2014 「環境と微生物の事典」(朝倉書店, 微生物生態学会編)の「環境ゲノミクス」「メタゲノム」「一細胞ゲノミクス」の各項目の執筆を担当
6. 雪 真弘, 大熊盛也. 2015. シングルセルゲノム解析技術の現状と展望 大熊盛也, 野田悟子(監修)「難培養微生物研究の最新技術 III-微生物の生き様に迫り課題解決へ-」シーエムシー出版

pp. 30-40.

7. 雪 真弘, 大熊盛也. 2015. 1細胞ゲノム解析によるシロアリ腸内共生系の解明 日本微生物生態学会誌 vol. 30, No. 1, pp.2-4.

〔産業財産権〕

出願状況(計 1件)

名称: セルラーゼ賦活剤及びそれを用いたリグノセルロース系バイオマス糖化方法
 発明者: 守屋繁春, 小田切正人, 雪真弘, 大熊盛也, 岸川昭太郎
 権利者: 理化学研究所
 種類: 特許
 番号: 特願 2014-230027
 出願年月日: 11月12日
 国内外の別: 国内・PTC

取得状況(計 0件)

名称:
 発明者:
 権利者:
 種類:
 番号:
 取得年月日:
 国内外の別:

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1) 研究代表者

守屋繁春(理化学研究所)
 (Shigeharu Moriya)

部局: 環境資源科学研究センター
 職名: 専任研究員
 研究者番号: 00321828

(2) 研究分担者

大熊盛也(理化学研究所)
 (Moriya Ohkuma)

部局: バイオリソースセンター
 職名: 室長
 研究者番号: 10270597

本郷裕一(東京工業大学)
 (Yu-ichi Hongoh)

部局: 東京工業大学・生命理工学研究科
 職名: 教授
 研究者番号: 90392117

(3) 連携研究者

木原久美子(熊本高等専門学校)
 (Kumiko Kihara)

部局: 生物化学システム工学科
 職名: 准教授
 研究者番号: 50622916