

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 30 年 6 月 25 日現在

機関番号：82626

研究種目：若手研究(A)

研究期間：2014～2017

課題番号：26710012

研究課題名(和文) 陸域地下圏の未知アーキア系統群：環境ゲノム情報と培養技術で切り拓くその新生物機能

研究課題名(英文) Ecophysiology of yet-to-be cultured archaea inhabiting subsurface environments using environmental omics and cultivation based approach

研究代表者

玉木 秀幸 (TAMAKI, HIDEYUKI)

国立研究開発法人産業技術総合研究所・生命工学領域・主任研究員

研究者番号：00421842

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 18,300,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は、陸域地下圏環境に棲息する未知・未培養アーキア系統群とその周辺微生物群の実体を明らかにし、メタンフラックス等の重要な生物地球化学プロセスにおいて未知アーキア群が果たす役割を解明することを目的とした。具体的には、深部油ガス田環境、地下湧水環境、氷河堆積物環境等の陸域地下圏環境を研究対象フィールドとし、地下圏試料を採取するとともに、従来の微生物学的手法、地球化学的手法に加えて、環境ゲノム解析技術と高度な培養技術を最大限活用し、陸域地下圏環境に生息する未知アーキア・未知バクテリアの多様性と未知の生理生態機能を解明した。

研究成果の概要(英文)：Deep subsurface microbes likely contribute to global biogeochemical processes. However, very little is known about their biological entity, diversity and function. This study elucidated ecophysiology of uncultured archaea and bacteria inhabiting deep subsurface environments by using the environmental omics and advanced cultivation approaches as well as conventional methods. In particular, we found novel archaeal and bacterial lineages in the subsurface environments. Besides, we successfully reconstructed genomes of the uncultured microbes and revealed their potential metabolisms associated with carbon flux. We were further successful of cultivation of novel archaea and bacteria. One of the isolates is the first methanogenic archaea able to produce methane from coal. This surprising discovery contributes to understanding natural gas origins and formation mechanisms, and infers that cultivation is still necessary to elucidate functions of uncultured microorganisms even in metagenomic era.

研究分野：環境微生物学、微生物生態学、農芸化学

キーワード：未知微生物 アーキア 陸域地下圏 多様性 生物機能 メタゲノム 環境ゲノム 培養

## 1. 研究開始当初の背景

近年、地下圏環境において膨大かつ多様な微生物の存在が明らかにされてきており、地下微生物が地球規模の重要な物質循環プロセスに大きく関与している可能性が示唆されている。地下微生物の実体とその未知の生理生態機能を明らかにするため、地球科学的研究に加え、微生物学的、分子生態学的解析を駆使した研究が行われてきているが、陸上圏や海洋圏などに比べると地下圏微生物の報告例は圧倒的に少なく、地下微生物の生物地球化学的役割については未だ十分に明らかにされていない。中でもアーキアは、メタン生成・消費や硝化作用を司る生物群であり、地球科学的にも非常に重要であるが、そもそも純粋分離株の数がバクテリアに比べ圧倒的に少なく、ゲノム情報、生理・生態学的情報も限られており、地球上で最も未知な生物群である。近年、陸域地下圏においてアーキアの存在量が相対的に高いことがわかってきており、陸域地下圏におけるアーキア的重要性に高い関心が集まっている。

## 2. 研究の目的

本研究は、陸域地下圏環境に棲息する未知・未培養アーキア系統群の実体を明らかにし、メタンフラックス等の重要な生物地球化学プロセスにおいて未知アーキア群が果たす役割を解明することを目的とした。具体的には、深部油ガス田環境、地下湧水環境、氷河堆積物環境等の陸域地下圏環境を研究対象フィールドとし、地下圏試料を採取するとともに、1. シングルセルゲノム解析、2. メタゲノム解析&メタトランスクリプトーム解析、3. 未知アーキア系統群の集積培養ならびに純粋分離、4. 地球化学的解析といった、従来の微生物学的・地球化学的手法とともに次世代シーケンサーを活用した環境オミクス解析技術や高度な微生物培養技術を相互補完的に駆使しながら、陸域地下圏環境に生息する未知アーキアの実態解明に取り組んだ。

## 3. 研究の方法

本研究では、深部油田環境、深部ガス田環境、地下湧熱水環境、氷河堆積物環境等の地下圏環境から試料を採取し、適切に管理・保存した。サンプリングでは、現場温度を維持し、酸素の混入がないように工夫し、地下圏微生物を元の状態を維持しつつ活かすまま回収・保存することを心がけた。またサンプリングと同時に、現場において測定可能な項目については、現場で地球化学分析を行った。具体的には、電気伝導度、酸化還元電位、溶存酸素量、pH、温度等を測定した。

持ち帰った地下圏試料については、さらな

る地球化学分析を実施した。適宜水質分析ならびにガス成分の分析を行うとともに、必要に応じて炭素安定同位体比、水素安定同位体比の測定を実施した。また原油成分については、GC-IRMS等を駆使し、生分解の度合いを調べ、地下微生物による原油成分の分解への寄与度についても調査した。

また採取した各種地下圏サンプルからDNA、RNAの同時抽出・精製を行った。地下圏サンプルはサンプル中の微生物濃度が薄いことから、フィルター濃縮を行った上で全核酸抽出を行った。全核酸抽出は、バイアスを最大限に抑えるよう工夫したラボプロトコルを採用した。得られたDNA、RNAを対象として、Illuminaプラットフォームによる次世代シーケンズ解析を実施し、地下圏微生物の網羅的な多様性解析・メタゲノム解析・メタトランスクリプトーム解析を実施した。最新のゲノム再構築法(genome binning)を活用し、地下圏環境に生息する未知微生物のゲノムを高精度に再構築した。

興味深い未知アーキア系統群やバクテリア系統群が見出された地下圏試料については、一部、米国Bigelow研究所等の協力を得ながらシングルセルの分取、シングルセルからのゲノム増幅、ゲノム解読を実施した。

微生物学的解析では、各種地下圏試料中の微生物活性(メタン生成、メタン酸化、鉄還元、硫酸還元、酢酸酸化、酢酸生成等)について、培養法を用いて測定した。また興味深い未知アーキアや未知バクテリアを含む地下圏試料については、無酸素条件下での培養技術を駆使しながら、集積培養化を試みた。集積培養物や純粋培養物が得られた場合には、必要に応じて、16S rRNA遺伝子を対象としたクローニングならびにサンガーシーケンズ解析を行うとともに取得したほぼ全長の16S rRNA遺伝子配列情報をもとに分子系統学的解析を実施し、未知の微生物系統群を探索、同定した。また集積培養物を対象として上述のようにシングルセルゲノム・メタゲノム・メタトランスクリプトーム解析と各種代謝産物分析を実施することで、地下微生物の未知生理・生態機能の解明に挑戦した。

## 4. 研究成果

### (1) 陸域地下圏環境における未知アーキア系統群とその周辺微生物群の探索

深部油ガス田環境、地下湧水環境、氷河堆積物環境等の各種陸域地下圏環境から採取した試料から全ゲノムDNAを抽出精製し、次世代シーケンサーを活用した16S rRNA遺伝子アンプリコン解析ならびにメタゲノム解析を行った。これらのデータをもとに、未知アーキアならびに未知バクテリア系統群について調べたところ、陸域地下圏環境には未知アーキア・未知バクテリアが多様に存在

することが明らかとなった。例えば、国内の深部油田環境からは、門レベルの未知アーキア系統群である Miscellaneous Crenarchaeotal Group (MCG)や未知のメタン生成アーキア系統群、また JS1、OP8、OP3、OP1 などの門レベルの未知バクテリア系統群、OPB41 等の高レベルの未知バクテリア系統群、さらには科レベルで新規なバクテリア系統群等が多様に生息していることを明らかにした。さらに、地下湧熱水環境においては、門レベルの未知アーキア MCG や KNA 等が存在しており、OD1 等の門レベルの未知バクテリア系統群が存在しうることにも明らかにした。

## (2) 陸域地下圏アーキアならびに周辺微生物群の集積培養とゲノム再構築の試み

上記の通り、陸域地下圏環境には多様な未知アーキアならびに未知バクテリアの存在が示唆されたことから、それらの未知機能を深く探るべく、集積培養化を試みた。特に、地下圏に存在しうる根源有機物のモデル基質等、多様な基質を用いて、絶対嫌気的条件下で集積培養を実施した。その結果、深部油田環境からいくつか興味深い集積培養系を得ることに成功した。

その一つは、門レベルの未知アーキア MCG の集積培養化である。本集積系は、既知のメタン生成アーキアと未知 MCG アーキアの両者が優占しており、時には MCG アーキアが全細胞の 8 割以上を占めるほど優占していた。また偶然にも、地下湧熱水環境からも、MCG アーキアの集積培養化に成功しており、こちらの培養系にはメタン生成アーキアは存在せず、他の発酵性のバクテリアが存在していることが判明した。いずれの集積培養系も 2 年以上安定して植継できており、安定培養系が確立できている。

また深部地下圏環境に生息する未知バクテリア系統群の集積培養化にも至っている。具体的には、深部油田環境試料から綱レベルの未知バクテリア系統群 OPB41 の集積培養に成功している。また、深部油田環境から、酢酸分解メタン生成コミュニティの集積培養化に至っており、科レベルの未知バクテリアとメタン生成アーキアが優占していることを明らかにしている。からは原油を分解してメタンを生成するコミュニティの安定集積培養化を実現している。本培養では、地下深部を模擬した高温高圧培養システムを駆使しており、より地下環境を再現した培養系において、実際にある地下圏環境の微生物コミュニティに非常に近い組成で、安定培養系をラボ内で実現した。本コミュニティは、複数種の地下メタン生成アーキアに加えて、門レベルや科レベルの未知バクテリア系統群が複数優占していることを明らかにした。

安定な集積培養系が複数得られたことから、この安定培養系を対象として、未知アーキア、未知バクテリアのゲノムの再構築を試みた。バイオマスが十分に存在する集積培養系の場合にはメタゲノム解析を実施し、バイオマスの少ない培養系の場合には、シングルセルゲノム解析を実施し、未知微生物のゲノムの再構築を試みた。その結果、深部油田環境および地下湧熱水環境からそれぞれ MCG アーキア系統群のゲノムを高精度に再構築することができた。その他、OPB41、JS1、OP3、OD1 等の門レベルや高レベル、さらには複数の科レベルの未知バクテリアのゲノムの再構築にも至っている。こうしたゲノム情報をもとに、未知アーキア、未知バクテリアの代謝機能を推定し、これまで全く知られていない酢酸代謝能を有する系統群を見出すなど、陸域地下圏における未知アーキア・バクテリアの役割の一端を明らかにしつつある。

## (3) 純粋分離に成功した地下圏アーキア・バクテリアの生物機能解明

本研究のハイライト的な成果の一つは、石炭から単独でメタンを生成する未知アーキアの発見である。我々は、深部油ガス田環境から分離した新規メタン生成アーキア (*Methermicoccus shengliensis* AmaM 株) が、各種熟成度の異なる石炭(褐炭、瀝青炭、亜瀝青炭等)から直接メタンを生成することを見出した。さらに、石炭のどの成分が基質として利用されているかを調べたところ、石炭に豊富に含まれる 30 種類以上のメトキシ芳香族化合物からメタンを作る能力があることを明らかにした。最初のメタン生成アーキアが分離されて 80 年以上が経ち、150 種類以上のメタン生成アーキアが知られているが、これまで知られている全てのメタン生成アーキアは、水素と二酸化炭素、酢酸、メタノールなどのメチル化合物、といった低分子の限られた単純な化合物しか利用できないことが知られており、メトキシ芳香族化合物のような比較的炭素数の多い化合物から直接メタンを生成できるメタン生成菌の発見は今回が初めてである。

我々はさらに、AmaM 株のゲノムを高精度に解読するとともに、地球化学的アプローチとして安定同位体トレーサー法を活用して、本株のメタン生成代謝経路の解明に取り組んだ。当初、我々は、AmaM 株は、メタノール等のメチル化合物からメタンを生成する代謝経路(メチル化合物分解経路)もしくはその代替経路によりメトキシ芳香族化合物からメタンを生成していると予想していた。しかしながら、非常に驚いたことに、安定同位体トレーサー実験から示唆された結果は、当初の我々の予想と大きく異なり、3つの既知のメタン生成代謝経路(1. 二酸化炭素還元経路、2. 酢酸分解経路、3. メチル化合物分解

経路)のいずれでもなく、全く新しい代謝経路によってメトキシ化合物からメタンを生成していることが明らかとなった。精緻なゲノム解析の結果からも、当該アーキアは、上記3つの代謝経路の大部分を保有するものの、培養実験の結果を裏付けるように、確かにメチル化合物は利用できるものの、水素や酢酸を基質として利用できないことが判明した。一方で、ゲノム配列情報のみから、この新規メタン生成アーキアの全く未知な代謝経路を推定することは困難であった。昨今、世界的に環境ゲノム解析研究が隆盛を極めていの中で、今回の発見は、この環境ゲノム情報解析の時代であってさえも、未知アーキアを含む未知の微生物が本来もつ深淵な未知機能を解き明かすためには、「培養」というアプローチが必要不可欠であるということを示していると言える。

上述の AmaM 株の他にも、本研究を通じて深部地下圏から未知微生物の純粋分離と機能解明に成功してきている。例えば、国内の水溶性天然ガス環境から新規なメタン生成アーキアを純粋分離し、同アーキアが水素還元性(二酸化炭素還元型メタン生成経路)のメタン生成菌であることを明らかにした。また詳細な分子系統学的・生理生化学的諸性質と系統分類学的な新規性を明らかにし、本分離株 *Methanomicrobium* 属の新種として新学名 *Methanomicrobium antiquum* を提案し、国際細菌学命名委員会により認定されている。深部地下圏からのメタン生成アーキアの単離例は非常に少なく、本株の純粋分離は陸域地下圏におけるメタンフラックス等炭素循環に寄与する微生物生態系の解明に寄与しう、学術的に価値の高い基盤的成果である。

本研究を通じて、深部地下圏から未知バクテリアの純粋分離にも至っている。特に、国内の深部油田環境から、酢酸を水素と二酸化炭素に分解する未知バクテリアと、水素からメタンを生成するメタン生成アーキアの集積培養系を確立し、本集積培養系から未知バクテリア ANA 株の純粋分離に成功した。この未知バクテリア ANA 株の 16S rRNA 遺伝子を解読し、分子系統解析を実施したところ、本株は *Deferribacteres* 門という一般的に培養頻度が低い細菌門として知られる系統群に属すること、また既知細菌種との相同性が 89.5% 以下と極めて低く、系統学的な新規性が非常に高いことが明らかとなった。さらに、ANA 株の形態学的・生理生化学的諸性質を調べたところ、興味深いことに、本株は、鉄、マンガン、硝酸、硫酸等の複数の電子受容体を利用可能な絶対嫌気性細菌であることが判明した。その他詳細な生理性状解析を行い、*Deferribacteres* 門の新属新種 *Petrothermobacter organivorans* として新学名提案を行い、国際細菌学命名委員会により既に認定されている。

以上のように、本研究を通じて、深部陸域地下圏環境において、メタンフラックス等の

重要な物質循環プロセスに関与しうる中核的微生物群の純粋分離に成功し、その生理生態機能を明らかにした。

## 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16件)

玉木秀幸、川崎公誠、鎌形洋一：古典的手法の再考がもたらす難培養・未知微生物の培養化、*バイオサイエンスとインダストリー* 75: 310-314 (2017)

Tamazawa S, Mayumi D, Mochimaru H, Sakata S, Maeda H, Wakayama T, Ikarashi M, Kamagata Y, Tamaki H: *Petrothermobacter organivorans* gen. nov., sp. nov., a novel thermophilic, strictly anaerobic bacterium of the phylum *Deferribacteres* isolated from a deep subsurface oil reservoir, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 67: 3982-3986 (2017)

Mochimaru H, Tamaki H, Katayama T, Imachi H, Sakata S, Kamagata Y: *Methanomicrobium antiquum* sp. nov., a hydrogenotrophic methanogen isolated from deep sedimentary aquifers in a natural gas field, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 66: 1-5 (2016)

Mayumi D, Mochimaru H, Tamaki H(co-1<sup>st</sup> author), Yamamoto K, Yoshioka H, Suzuki Y, Kamagata Y and Sakata S: Methane production from coal by a single methanogen, *Science*, 354:222-225 (2016)

Patrick Browne, Hideyuki Tamaki, Nikos Kyrpides, Tanja Woyke, Lynne Goodwin, Hiroyuki Imachi, Suzanna Brauer, Joseph Yavitt, Wen-Tso Liu, Stephen H Zinder, and Cadillo-Quiroz H: Genomic composition and dynamics among *Methanomicrobiales* predict adaptation to contrasting environments, *The ISME J*, 11: 87-99 (2017)

Sun L, Toyonaga M, Ohashi A, Tourlousse DM, Matsuura N, Tourlousse DM, Meng XY, Tamaki H, Hanada S, Cruz R, Yamaguchi T, Sekiguchi Y: *Lentimicrobium saccharophilum* gen. nov., sp. nov., a strictly anaerobic bacterium representing a new family in the phylum Bacteroidetes, and proposal of Lentimicrobiaceae fam. nov., *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 66: 2635-2642 (2016)

Narihiro T, Nobu M, Tamaki H, Kamagata Y, Liu WT: Draft Genome Sequence of *Syntrophomonas wolfei* subsp. methylbutyrica strain 4J5T, a mesophilic butyrate- and 2-methylbutyrate-degrading syntrophs, *Genome Announcements* 4: e0047-16 (2016)

Tamazawa S, Yamamoto K, Takasaki K, Mitani Y, Hanada S, Kamagata Y, Tamaki H: In situ gene expression responsible for sulfide oxidation and CO<sub>2</sub> fixation of an uncultured large sausage-shaped Aquificae bacterium in a sulfidic hot spring, *Microbes Environ.* 31: 194-198 (2016)

Narihiro T, Nobu MK, Tamaki H, Kamagata Y, Sekiguchi Y, Liu WT: Comparative Genomics of Syntrophic Branched-Chain Fatty Acid Degrading Bacteria, *Microbes Environ.* 31: 288-292 (2016)

Sun L, Toyonaga M, Ohashi A, Matsuura N, Tourlousse DM, Meng XY, Tamaki H, Hanada S, Cruz R, Yamaguchi T, Sekiguchi Y: Isolation and characterization of *Flexilinea flocculi* gen. nov., sp. nov., a filamentous anaerobic bacterium belonging to the class Anaerolineae in the phylum Chloroflexi, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 66: 988-996 (2016)

Narihiro T, Kusada H, Yoneda Y, Tamaki H: Draft Genome Sequences of *Methanoculleus horonobensis* strain JCM15517, and *Methanofollis ethanolicus* strain JCM15103, hydrogenotrophic methanogens belonging to the family Methanomicrobiaceae, *Genome Announcements*, 4: e00199-16 (2016)

Kanno M, Katayama T, Morita N, Tamaki H, Hanada S, Kamagata Y: *Catenisphaera adipataaccumulans* gen. nov., sp. nov., a member of the family *Erysipelotrichaceae* isolated from an anaerobic digester, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 65: 805-810 (2015)

Takeuchi M, Yamagishi T, Kamagata Y, Oshima K, Hattori M, Katayama T, Hanada S, Tamaki H, Marumo K, Maeda H, Nedachi M, Iwasaki W, Suwa Y, Sakata S: *Tepidicaulis marinus* gen. nov., sp. nov., a novel marine bacterium reducing nitrate to nitrous oxide strictly under microaerobic conditions, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 65: 1749-1754 (2015)

Tanaka T, Kawasaki K, Daimon S, Kitagawa W, Yamamoto K, Tamaki H, Tanaka M, Nakatsu CH, Kamagata Y: A hidden pitfall in agar media preparation undermines cultivability of microorganisms, *Appl. Environ. Microbiol.*, 80: 7659-7666 (2014)

田中靖浩, 玉木秀幸: 未知微生物を分離培養するテクニック, *The Chemical Times*, 239 (1): 26-31 (2016)

玉木秀幸: 培養アプローチで切り拓く未知微生物の新機能, *環境バイオテクノロジー学会誌*, 14(2): 87-98 (2015)

[学会発表](計14件)(招待講演9件)

玉木秀幸: 未知の微生物を”培養”して新たな生命機能を探る, 第91回日本細菌学

会総会シンポジウム、福岡国際会議場、2018/03/27

玉木秀幸: 培養技術と環境ゲノム情報で紐解く未知アーキアの新機能, 第12回日本ゲノム微生物学会シンポジウム、京都大学、2018/03/05

玉木秀幸: 未知の微生物を”培養”して生命の新機能を探る, 環境微生物系合同大会2017 シンポジウム「”培養”技術で紐解く生物界の暗黒物質の正体」, 東北大学, 仙台, 2017/8/31

玉木秀幸: 未知微生物を”培養”して深遠な生物機能を探る, 第16回微生物研究会, 東京工業大学, 東京, 2017/11/18

玉木秀幸: 「微生物界の暗黒物質」: 環境オミクス情報と培養技術で解き明かすその存在と未知機能, 生命医薬情報学連合大会2015年大会、京都大学宇治キャンパス, 京都府, 2015/10/30

玉木秀幸: 培養法で切り拓く未知微生物の新機能, 日本農芸化学会2014大会, 明治大学, 東京 2014/03/30

玉木秀幸: Cultivation-based approach for elucidating ecophysiological functions of uncultured microbes in the serpentinite-hosted and other hydrothermal systems, 2<sup>nd</sup> Symposium for Hadean Bioscience, Hakuba (Japan), 2015/03/14

玉木秀幸: Serpentinization Microbiome: Cultivation of the yet-to-be cultured microorganisms and acetogens in serpentinizing hot springs and other extreme environments, Hadean Bioscience Forum on the origin of the Earth, ELSI, Tokyo Institute of Technology, Tokyo, Japan, 2017/01/06

玉木秀幸: Cultivation and metagenomics of yet-to-be cultured acetogens in natural ecosystems including terrestrial serpentinizing hot springs, Workshop on The Origin of Life, Newcastle University, Newcastle, UK, 2017/01/18

以上が招待・依頼講演

Kyosuke Yamamoto, Keith C. Hackley, Walton R. Kelly, Samuel V. Panno, Yuji Sekiguchi, Robert A. Sanford, Wen-Tso Liu, Yoichi Kamagata, Hideyuki Tamaki: Geochemistry-driven community assembly processes of the rare biosphere in a pristine subsurface aquifer ecosystem. *International Society for Subsurface Microbiology(ISSM) 2017, NewZealand, 2017/11/7*

Mayumi D, Mochimaru H, Tamaki H, Yamamoto K, Sakata S, Kamagata Y: Novel mode of methanogenesis by a methanogen isolated from a deep subsurface oil reservoir, *International Society for Subsurface Microbiology(ISSM) 2017, NewZealand, 2017/11/7*

Mayumi D, Mochimaru H, Tamaki H, Yamamoto K, Sakata S, Kamagata Y:

Novel mode of methanogenesis by a methanogen isolated from a deep subsurface oil reservoir, 6th International Symposium on Applied Microbiology and Molecular Biology in Oil Systems (ISMOS6), San Diego, USA, 2017/06/8

Masayuki Ikarashi, Tatsuki Wakayama, Haruo Maeda, Hideharu Yonebayashi, Daisuke Mayumi, Satoshi Tamazawa, Hideyuki Tamaki, Susumu Sakata, Yoichi Kamagata, Takeshi Iida, Noriko Osaka: Important role of porous environment and nutrients in subsurface methanogenic crude oil degradation, 6th International Symposium on Applied Microbiology and Molecular Biology in Oil Systems (ISMOS6), San Diego, USA, 2017/06/8

H. Mochimaru, S. Sakata, H. Yoshioka, D. Mayumi, H. Tamaki, Y. Kamagata: METHANOGENIC ACTIVITY AND MICROBIAL DIVERSITY IN A HIGH-TEMPERATURE BIODEGRADED OIL RESERVOIR, IMOG 2017 – 28th International Meeting on Organic Geochemistry, Florence, Italy, 2017/9/20

〔図書〕(計1件)

玉木秀幸：バクテリア、アーキアの分子系統樹，環境と微生物の事典，朝倉書店 (2014)

〔産業財産権〕

出願状況(計2件)

名称：新規微生物および当該微生物を用いたメトキシ化合物からメタンを製造する方法  
発明者：持丸華子、眞弓大介、坂田将、玉木秀幸、鎌形洋一

権利者：国立研究開発法人 産業技術総合研究所

種類：

番号：特願 2015-242322

出願年月日：2015年12月11日

国内外の別：国内

名称：微生物を用いた地層内メタン生成方法  
発明者：眞弓大介、坂田将、玉木秀幸、鎌形洋一（産総研発明者のみ記載）

権利者：国立研究開発法人 産業技術総合研究所、国際石油開発帝石株式会社、東京ガス株式会社

種類：

番号：特願 2016-42738

出願年月日：2016年3月4日

国内外の別：国内

〔その他〕

プレスリリース：石炭を天然ガスに変えるメタン生成菌を発見

[http://www.aist.go.jp/aist\\_j/press\\_release/pr2016/pr20161014/pr20161014.html](http://www.aist.go.jp/aist_j/press_release/pr2016/pr20161014/pr20161014.html)

ISMOS6 最優秀ポスター賞受賞

6. 研究組織

(1) 研究代表者

玉木秀幸 (HIDEYUKI TAMAKI)

国立研究開発法人 産業技術総合研究所、  
生命工学領域、主任研究員

研究者番号：00421842