

水素酸化細菌の生態および進化系統と利用の可能性

にしはら ひろふみ
西原 宏史

茨城大学農学部資源生物科学科

水素酸化細菌は水素を好氣的に酸化してエネルギーを獲得し、炭酸固定を行って生育することができる独立栄養細菌である。水素酸化細菌の生態的意義や水素酸化能の生理的重要性については長い間、疑問視されてきた。主な理由は①嫌氣的環境で生産された水素は嫌氣呼吸を行う微生物(いわゆる CO_2 呼吸を営むメタン生成菌や、硫酸呼吸を営む硫酸還元菌など)や光合成細菌によって競合的に消費されるため、好氣的環境に存在する水素は微量である② *Hydrogenobacter (Hb.) thermophilus* が 1984 年に分離されるまで、自然界(主に土壌)から取得された全ての水素酸化細菌は有機物を利用できる通性独立栄養性であったなどである。従って、水素酸化細菌が実際に水素を利用して生息している環境は有機物が少なく、かつ比較的水素が豊富に存在する好氣的環境に限られると思われる。そのような環境として海洋表層や、火山活動により水素が供給される高熱環境が考えられ、実際に海洋表層水と温泉水からそれぞれ絶対独立栄養性の水素酸化細菌 *Hydrogenovibrio (Hv.) marinus* および *Hb. thermophilus* が分離された。海洋表層水の水素濃度は大気中の濃度に対して過飽和である現象が報告されており、さらに海水中に水素酸化活性が検出されていたため、水素酸化細菌の存在は以前から推測されていた。海洋表層における水素の供給源としては嫌氣性細菌やシアノバクテリアによる生物的生産、長鎖アルデヒドの光分解などが考えられている。

16S rRNA 遺伝子配列に基づく系統解析によると、*Hb. thermophilus* はその後分離された *Aquifex* 属細菌とともにドメイン Bacteria の最も深い位置で分岐するクラスターを形成する。*Hb. thermophilus* の炭酸固定経路は糖類の関与しない還元的 TCA 回路であり、このこともより原始的な独立栄養の形態をもつことを示している。火山活動が盛んだった古代地球にはこれら好熱性水素酸化細菌の祖先が広く分布していたのが、現在の高熱地帯で生存し続けているように思われる。海水から分離された *Hv. marinus* はカルビン回路により炭酸固定を行う。16S rRNA 遺伝子配列の解析によると、海洋環境に広く分布する絶対独立栄養性の硫黄酸化細菌である *Thiomicrospira* 属細菌と最も近縁であり、また硫黄酸化細菌 *Thiobacillus* や紅色硫黄細菌 *Chromatium*・*Ectothiorhodospira* と近縁であることが示された。カルビン回路の鍵酵素である ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase(RuBisCO)の遺伝子配列でも高い類縁関係が示され、これら γ -Proteobacteria に属す独立栄養細菌が共通の祖先をもつことが推測される。*Hv. marinus* は水素と同様に、還元型硫黄化合物を唯一のエネルギー源として利用することができる。一方、*Thiobacillus* の中には水素酸化能のあるものが知られ、*Chromatium* からも嫌氣的な光合成代謝において水素・硫黄を利用する。さらに *Chromatium* らの中には好氣的化学合成によって独立栄養的に生育できるものも存在するなど、生理的に見ても水素と硫黄の代謝を行うこれらの独立栄養細菌は類似している。シンポジウムでは最近の研究に基づく水素酸化細菌の生態や進化系統に関する考察のほか、利用の可能性について紹介する予定である。