

「木を食べる」貝とその共生菌：バイオ燃料研究との関連

小西 正朗

筆者は「しんかい6500」を保有する研究所で、海洋・深海微生物の応用研究を職務としている。海洋や深海の特異な生態系を応用微生物分野の視点で眺めてみると、新しい研究分野が切り開けるのではないかと思ひ日々研究活動をしている。本稿では筆者が考えるバイオ燃料研究と海洋・深海生態系の関連性を紹介する。

近年、化石燃料の枯渇や地球温暖化問題への対応のため、特に食料と競合しない木質系バイオマスの活用に関する革新的な基盤技術の開発が求められている。木質系バイオマスを活用する上での問題点の一つとして、糖化プロセスの効率化が挙げられる。バイオエタノール生産などで検討されている糖化プロセスは、酸処理による加水分解やセルラーゼによる酵素消化もしくはこれらを組み合わせた方法がよく検討されているようだ。酵素消化は温和な条件で消化することができ、発酵阻害物質の生成も少ないが、酵素製造コストが高いことや、酸処理と比べて反応効率が悪いことがしばしば問題点として挙げられる。そこで、酵素反応に要する時間を短縮するため、酵素反応と同時にエタノール発酵を行う同時糖化発酵（SSF方式）が検討されている。

SSF方式のプロセスの問題点として、セルラーゼの糖化最適温度と酵母の発酵温度にギャップがあることが挙げられる。一般的に、エタノール製造に用いられる *Saccharomyces cerevisiae* の発酵温度は30°C付近、一方、工業用セルラーゼの最適温度は55°C付近である。同時糖化発酵を効率的には、高価な酵素剤を過剰に投入する必要がある。この温度ギャップを解消する方法として、酵母の耐熱化が挙げられる。最近、Shahasavaraniらは、41°Cで増殖ならびに発酵可能な株を作出したことを報告している¹⁾。しかしながら、発酵温度の高温化のみではこの温度ギャップを埋めるのは難しいと思われる。このような状況を鑑みると、低温性の工業用セルラーゼの研究の必要性を感じる。

一方、熱水噴出域など特殊な環境を除き、海洋・深海環境は低温環境であり、低温適応の生命圏といえる。特に海底に沈んだ木には、特異な生物が住み着き、木材を一次的な栄養源とする微小な生態系ができる。その分解者のひとつとして、木材穿孔性の二枚貝フナクイムシ類、キクイガイ類が存在することが知られている。これらの貝は貝殻が非常に小さく、長い水管や足を持ち、木造船を食害するため、英語ではShip wormと呼ばれる。約20種が知られ、生息域は浅海から深海まで幅広く、そのエ

ラ組織中には、共生菌が存在することが知られている。共生菌の中でも特に、*Teredinibacter* 属細菌は古くから知られており、増殖は緩慢であるが、純粋培養が可能であり、数株が分離培養されている²⁾。そのひとつ *Teredinibacter tarneae* のドラフトゲノム解析も完了している³⁾。*T. tarneae* は、セルロースの分解のほか、窒素固定を行うことができ、窒素供給を通して宿主と共生関係を築いていると考えられる。共生菌ゲノムには10種類以上の糖質分解酵素がコードされており、複数の活性中心が特異なポリセリンリンカーで繋がった多機能酵素として作用する。セルビオハイドラーゼ活性中心を持つポリペプチドの部分配列が酵母による異種発現系で解析されており、その酵素活性の最適反応温度は40°Cで、活性の温度依存性は、工業用セルラーゼより遥かに低温域に対応している⁴⁾。このような酵素を網羅的かつ大量生産可能な異種発現系が構築できれば、中低温での糖化反応への利用や、低温適応機構の解明のための研究材料として有用であろう。

海洋生物はサンプリングが難しいため、十分な生物試料を得られないことが多々ある。したがって、宿主の「木を食べる」貝類のセルラーゼに関する知見はほとんどないのが現状である。一方で、最近の大量シーケンズ技術の画期的な進歩により、少量の環境生物サンプルから、遺伝子資源の探索や活用が容易になりつつある。ここまで、宿主の貝のゲノム解析について何も触れていないが、実は貝類のゲノムサイズは非常に大きく、解析例は未だ少ない。解析されているアコヤガイの場合⁵⁾、1.15 Gb（ヒトの1/3程度）である。今後、貝類のゲノム解析研究が増えれば、貝類が生産するセルラーゼの機能解明や応用研究が進むと思われる。セルラーゼの研究はカタツムリ（陸生貝類）の消化酵素の研究から始まったとされるが、低温で優れた特性を示すバイオ燃料用糖化酵素の探索源として、再び貝類由来セルラーゼが脚光を浴びる日がくるかもしれない。

- 1) Shahasavarani, H. *et al.*: *Biotechnol. Adv.* (2011). [Published online]
- 2) Distel, D. L. *et al.*: *Appl. Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **52**, 2261 (2002).
- 3) Yang, J. C. *et al.*: *PLoS One*, **4**, e6085 (2009).
- 4) Ekborg, N. A. *et al.*: *Appl. Environ. Microbiol.*, **73**, 7785 (2007).
- 5) Takeuchi, T. *et al.*: *DNA Res.* (2012). [Published online]