

# 大気中のうすい水素を利用する微生物がいた！

菅野 学

唐突であるが、大村智先生がノーベル賞を受賞された抗寄生虫薬エバメクチンの生産菌である *Streptomyces avermitilis* が、大気中の水素を利用する特異な能力を持つことをご存知だろうか？微生物が水素を利用すること自体は、好気性微生物の水素酸化細菌、嫌気性微生物の硫酸還元菌やメタン菌などですでに知られており、驚くことではない。一方で、土壌や海洋から高濃度に発生した水素が大気中に一旦拡散してしまうと、これら既知の微生物の持つ酵素では反応は不可能である。すなわちここでは、大気中の“きわめて希薄な”ガスを *S. avermitilis* が“高親和に”直接消費することが驚くべきことなのである。本稿では、大気水素を酸化する微生物群（高親和性水素酸化細菌）の発見からこれまでの間に得られた知見をご紹介します。

大気中の水素は、濃度が約0.00005%と微量ながら、将来にもし燃料電池車の普及などに伴って水素濃度が上昇した場合には、地球温暖化の促進やオゾン層の破壊を引き起こすと懸念されており、地球環境への影響は無視できない。さて、大気中に存在する水素の約80%にも相当する量（年間0.4-0.9億トン）が、なぜか陸地表層で取り込まれる不思議な現象がこれまでに観測されている。しかし、観測から数十年の間、この消費過程が解明されることはなく、“プレーヤー不在”の生態系機能とされてきた。このミステリーに終止符を打ったのが、2008年の高親和性水素酸化細菌の発見である<sup>1)</sup>。土壌から分離されたこの *Streptomyces* 属放線菌株は、既知の酵素の下限からさらに100倍低濃度の水素を酸化可能な新しいヒドロゲナーゼを有していた。後に、この酵素の遺伝子が *S. avermitilis* のゲノムから特定され、第5グループの [NiFe] ヒドロゲナーゼとして新規に分類された<sup>2)</sup>。この酵素遺伝子を持つ微生物株の約90%（12属）は放線菌であり、これまでに放線菌（アクチノバクテリア門）とアシドバクテリア門の細菌のみから、高親和な水素酸

化を示す分離株が報告されている<sup>3)</sup>（図1）。

高親和性ヒドロゲナーゼ遺伝子を対象とした分子生態学的解析により、大気水素を酸化する微生物群は、森林や農耕地、泥炭地、砂漠などあらゆる生態系の土壌に普遍的に存在することが明らかとなった。さらに、この微生物群は、植物体にも広く棲息し、植物との共生時に大気水素を消費することが確認された<sup>4)</sup>。以上より、高親和性水素酸化細菌は、地球上の陸地表層に広く分布して、グローバルな大気水素の循環にきわめて重要な役割を果たす鍵微生物群と考えられている。

さて、従属栄養生物として知られる放線菌やアシドバクテリア門の細菌は、そもそも何のために大気中の水素を利用するのだろうか？非常に興味深いことに、栄養制限下の細胞や非増殖期の細胞、*Streptomyces* 属の胞子において、特に顕著な高親和性ヒドロゲナーゼ遺伝子の発現と水素消費が観察されている。また、高親和性ヒドロゲナーゼの遺伝子破壊株の解析より、*Mycobacterium* 属細菌の栄養制限下の生存率や、*Streptomyces* 属胞子の発芽率は、それぞれ野生株と比較して60%、24%に低下することが報告された<sup>5,6)</sup>。以上より、栄養制限下や胞子の状態で生き延びるために大気水素を酸化する可能性が考えられ、大気水素をエネルギー獲得のセーフティネットとして利用する高親和性水素酸化細菌の巧みな生存戦略が見えてきた。これは、多くの環境微生物学者が抱く、「なぜ放線菌やアシドバクテリア門の細菌は自然界に広く分布して優占しているのか？」の疑問に対する一つの答えになるかもしれないと考えている。

余談になるが、大気濃度レベルのメタンや一酸化炭素といった水素以外のガスを、好气的環境で高親和に酸化する微生物や酵素も、近年に相次いで発見されている。大気中の希薄なガスを利用する微生物の全容解明はまだ始まったばかりである。さて、あなたの研究する微生物はいかがだろうか？

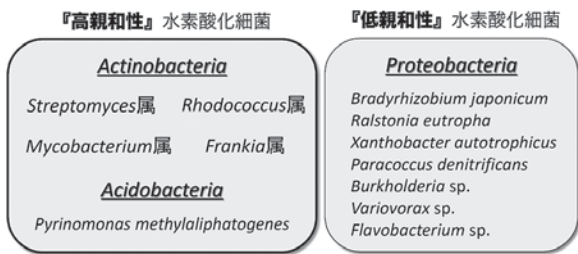


図1. 好气的な水素酸化細菌の一例

- 1) Constant, P. et al.: *ISME J.*, **2**, 1066 (2008).
- 2) Constant, P. et al.: *Appl. Environ. Microbiol.*, **77**, 6027 (2011).
- 3) Greening, C. et al.: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **112**, 10497 (2015).
- 4) Kanno, M. et al.: *Environ. Microbiol.*, (2016) in press.
- 5) Berney, M. and Cook, G. M.: *PLoS One*, **5**, e8614 (2010).
- 6) Liot, Q. and Constant, P.: *Microbiologyopen*, **5**, 47 (2015).