

## 隠れた増殖に潜むもの

花島 大

段ボールの底で眠っていた理科の教科書を久しぶりに手に取る。そこには微生物は「分解者」として紹介されていた。生物工学を学ぶ、またはそれを生業とする多くの読者にとって微生物は発酵食品や有用物質を生み出す「生産者」であり、医療に携わる者にとっては「病原体」、あるいは「善玉菌」かもしれない。しかし自らの専門分野から離れ、マクロな視点から地球を眺めてみると、植物や動物の遺骸は微生物によって分解されて土に還ることを改めて認識する。この生態系の維持に重要な役割を果たしている微生物であるが、「分解者」である彼らも生物である以上、いつしか分解される日を迎える。

我々の生活環境において、微生物の持つ分解能がもっとも活用されている一つが污水处理施設である。污水处理過程では、細菌、菌類、原生動物など多様な生物種が活性汚泥として共生し、水中の汚濁物質を酸化分解することで汚水を浄化している。しかしこの汚濁物質の分解を担う微生物もいつしか死を迎え、有機物として別の微生物に分解される。この菌体の栄養成分を用いて起こる微生物群の増殖は、cryptic growthと呼ばれている。Crypticには、「潜在的な」「隠れた」の意味があり、汚水中に含まれる汚濁物質の有機物でなく、分解者自身の体構成成分に由来する有機物を再利用して起こる“潜在的”な増殖と目されている。しかし“潜在的”ゆえに、このcryptic growthを行う微生物についてはあまり注目されてこなかった。いや、菌体成分が幅広い微生物種に利用されやすい基質であるため、特定するに値しないという理解の方が正しいかもしれない。

污水处理過程において“分解者の分解”に関わる細菌の中で、近年注目されているのがデロビブリオである。デロビブリオは、幅0.2–0.5 μm、長さ0.8–1.2 μmと大腸菌の1/4程度の小さな細菌であるが、鞭毛運動による推進力で獲物となる大腸菌や緑膿菌のようなグラム陰性細菌に衝突し、菌体の内部に侵入、細胞質内の栄養物を分解して取り込み、最後には溶菌させる。彼らは海中、河川、土中、そして污水处理施設からも分離されており、さまざまな環境で生育できる細菌と考えられている。デロビブリオは微細な細菌であるのにも関わらず、ゲノムサイズは3.8 Mbpと相対的に大きく、侵入・増殖・溶菌するためにプロテアーゼ、ペプチターゼ、グリカン分解酵素など、捕食するために必要な多様な酵素を武器として備えていることが大きな特徴である<sup>1)</sup>。デロビブリオ

は、浮遊体の細菌はおろか、凝集体や粒状体の汚泥中の細菌までも捕食し、環境中の菌体バイオマス量を有意に減少させること、また特にプロテオバクテリアやバクテロイデスを捕食することで環境中の細菌叢の構成割合にも影響を及ぼすことが報告されている<sup>2)</sup>。またこのデロビブリオによる捕食作用を利用して、「分解者」の集合体である汚泥の分解・減容や脱水を試みる研究も行われている<sup>3)</sup>。

デロビブリオが能動的に菌体を利用する菌とすれば、その対極にいる菌も存在する。豚の糞尿汚水の処理過程で、細菌の死菌体がいかなる細菌に資化されているかを明らかにする目的で、安定同位体である<sup>13</sup>Cで標識された死菌体を汚水に投入し、その<sup>13</sup>Cを追跡することで死菌体を資化した細菌の探索が行われた<sup>4)</sup>。培養開始から2時間後、死菌体の資化により最初に<sup>13</sup>Cで標識されていたのは、動物、植物、昆虫へ寄生することで知られるアコレプラズマに近縁な細菌であった。アコレプラズマはデロビブリオと同様に微細な(～0.2 μm)細菌であるが、ゲノムサイズは1.5 Mbpとデロビブリオの半分以下と小さく、一般の細菌が保持しているエネルギー合成系、栄養成分合成系遺伝子ならびに核酸前駆物質合成系遺伝子の多くが欠落している<sup>5)</sup>。アコレプラズマは栄養物の多くを宿主に依存する代わりに、生存していくうえで必要最小限の遺伝子のみを残すという退行的進化を遂げてきたと考えられている<sup>5)</sup>。通常なら宿主に依存している栄養物であるが、死菌体由来の成分や低分子化された有機物が豊富な汚水中において、多様なトランスポーターを駆使して生存に必要な栄養や自らの体を構成する“部品”を周辺環境から素早く調達することで生存が可能になったと推測される。

狩りのための武器を持ち、積極的に攻撃を仕掛けることで菌体由来の栄養分を獲得するデロビブリオ、狩りの武器はおろか、単独での生存に必要な装備すらおぼつかないアコレプラズマ。隠れた増殖には、対極的な生存戦略が横たわっている。

- 1) Pérez, J. *et al.*: *Environ. Microbiol.*, **18**, 766 (2016).
- 2) Feng, S. *et al.*: *FEMS Microbiol. Ecol.*, **93**, fix020 (2017).
- 3) Yu, R. *et al.*: *Front. Environ. Sci. Eng.*, **11**(1), 10 (2017).
- 4) Hanajima, D. *et al.*: *Front. Microbiol.*, **6**, 1206 (2015).
- 5) Lazarev, V. N. *et al.*: *J. Bacteriol.*, **193**, 4943 (2011).