

環境ゲノミクスが見いだした「謎の微生物」の存在

鈴木 志野

「自然科学の理解が進んだこの世の中で、人類がまったくその存在を認知していない事象がこの地球上にどれだけ残されているのだろうか？」と考えることがある。もちろん「存在を認知していないもの」なので知る由もないのだが、私は環境微生物を専門としているため、微生物種の多様性に関してはほぼすべて炙り出されていると思っていたし、ゲノム情報さえ得られれば、培養例のない、いわゆる「未培養の系統門」に属する微生物であったとしても、おおよそのエネルギー代謝機構を予測できる程度には、遺伝子機能の知見はすでに蓄積されていると考えていた。

実際、微生物学者は、地球上のありとあらゆる環境へ出向き、サンプルを採取し、DNAを抽出した。そこから分子マーカーである16S rRNA遺伝子の配列を決定し、その配列に基づく分子系統学的解析からバクテリアやアーキアの種を網羅的に推定してきた。一方、生化学者、分子生物学者は、培養された微生物の遺伝子破壊株や発現株を用いた表現型解析、分離精製されたタンパク質の活性や構造解析などを通し、ゲノムにコードされている莫大な数の遺伝子配列情報に注釈を加えていった。これらの「科学者の多大な努力から得られた知」のデータベース化により、微生物の種や代謝の多様性に関する理解は飛躍的に進んだ。

しかし2015年、Brownらは16S rRNA遺伝子配列に基づく解析では、その系統の全容が把握しきれなかったバクテリア系統群が、バクテリアの多様性の少なくとも15%以上を占めると報告した¹⁾。Candidate Phyla Radiation (CPR) と名付けられたこの系統群に属する細菌は²⁾、環境微生物の細胞回収に慣習的に用いられてきた0.2 μm孔の膜フィルターを通り抜けるほど細胞サイズが小さく、またその多くがrRNA遺伝子内にイントロンを持つというバクテリアとしては稀有な特徴を持っていたため、これまでのrRNA配列に基づく多様性解析でその大部分が見逃されてきていたのだった。

このCPR細菌を見いだすきっかけとなった環境ゲノムの解析手法は「メタゲノム」および「ビニング」とよばれるものである³⁾。メタゲノムとは、環境中の微生物群集から直接ゲノムDNAを調製し、そのヘテロなゲノムDNAをそのまま用い、網羅的に塩基配列を決定したものである。しかし、環境中で微生物は群集で存在しているとは言え、生命活動そのものはそれぞれの個体で完

結するプロセスである。よって、微生物群集の機能や役割の全体像は、個々の微生物の代謝能から理解する必要がある。そこで開発されたのがビニングという手法である。ビニングとは、メタゲノムから、同一微生物由来の配列断片をグループ化し、構成する個々の微生物のゲノムを再構築する手法である。Brownらは地下水の0.2 μm孔の濾液のメタゲノムに対して、網羅的なビニングによるゲノム再構築を行い、CPRという新しい微生物群を炙り出すことに成功した。

さて、このCPR細菌であるが、そのゲノム上に「転写、翻訳、複製に関する一連の遺伝子、線毛や細胞壁（ペプチドグリカン）の合成経路を持つ」という点では一般的なバクテリアと同様であるが、一方で「アミノ酸、核酸、脂肪酸の完全な生合成経路や、電子伝達系、呼吸代謝系、時にはATP合成酵素すら持たない」という特異な性質を有する細菌であることが明らかになった。つまり、ゲノムから見えるCPR細菌の姿は「外界と隔てる殻はあり、次世代を残す能力がある」一方で「材料、エネルギーを作る術を持たない」というもので、現時点では「謎の微生物」と位置付けられている。

このCPR細菌は、土壌、海洋堆積物、廃水処理槽、人体などさまざまな環境に存在するため、地球、人体システムにおいて一定の役割を担うと思われるが、それぞれの環境のマイナー種として存在していることが多い。しかし近年、初期地球の類似環境とされる強アルカリ、超還元性で、貧栄養な蛇紋岩湧水中に、このCPR細菌の一つであるOD1細菌が70%以上を占める微生物叢が存在することが見いだされた⁴⁾。これまで「死菌食い」や単純な「共生」が想定されていたCPR細菌であるが、この発見により「事はそう単純ではないのかもしれない」と思われ始めている。

現時点では、CPR細菌は、生存戦略や進化的意義がまったく不明な謎の微生物である。しかし、我々がその存在を認知した以上、新たな「生命の生き様」に関する人類の知がまた一つ増える日もそう遠くないのかもしれない。

- 1) Brown, C. *et al.*: *Nature*, **523**, 208 (2015).
- 2) Hug, L. *et al.*: *Nat. Microbiol.*, **1**, 16048 (2016).
- 3) Albertsen, M. *et al.*: *Nat. Biotechnol.*, **31**, 533 (2013).
- 4) Suzuki, S. *et al.*: *ISME J.*, **11**, 2584 (2017).