

研究成果概要

一酸化炭素 (CO) 酸化菌と呼ばれる原核生物は、ニッケル含有一酸化炭素デヒドロゲナーゼ (Ni-CODH) を用いてCOを代謝する。本代謝はCOおよび二酸化炭素 (CO₂) を用いた炭素・エネルギー代謝を駆動するため進化研究にも応用研究にも重要である。本研究では、気相をCOに置換した集積培養法を用いて未記載のCO酸化菌を分離探索し、遺伝子資源としての培養株コレクションを拡充することを目的とした。

まず、静岡県慈雲寺温泉より採取した堆積物をCO存在下で集積培養し、メタゲノムシーケンスに供した。その結果、CO酸化菌の高品質なメタゲノム由来ゲノム (MAGs) を5個構築した。16S rRNAおよびコア遺伝子を用いた系統解析の結果、2 MAGsは*Thermolithobacter*属、1 MAGは*Geoglobus acetivorans*の近縁種、2 MAGsは*Desulfotomaculum kuznetsovii*であった。ここから、本培養系によりCO酸化菌が効果的に集積され、分離培養株の確立に至らなくとも遺伝情報を得てその系統や性状を明らかにできると示された。

鹿児島県鰻池湖底堆積物より水素 (H₂) 生成と共役したCO酸化を行う*Parageobacillus*属細菌G301株の分離に成功した。G301株は*Parageobacillus toebii*と同種と判断されたが、本種のうちG301株のみがNi-CODHおよびH₂生成の鍵酵素であるヒドロゲナーゼECHをコードする遺伝子群を有した。さらに、G301株ゲノムにはNi-CODHとは系統が異なるモリブデン含有CODH (Mo-CODH) の遺伝子群がコードされていた。培養実験により、本株はNi-CODHを用いた水素生成と共役した(嫌氣的) CO酸化およびMo-CODHを用いた酸素の還元と共役した(好氣的) CO酸化のいずれも可能である唯一の分離株であることを実証した。

水深70 mの琵琶湖湖底から採取した堆積物より、CO酸化能を有する分離株を2株得た。このうち1株は既報CO酸化菌*Parageobacillus thermoglucosidasius*とゲノム相同性98.9%を示し、1株はCO酸化能の報告がない*Thermolongibacillus altinsuezensis*とゲノム相同性99.1%を示した。両株は、Ni-CODHおよびECHをコードする遺伝子群を有し、CO酸化菌の培養株コレクションおよびCO酸化菌を含む細菌分類群を拡張した。

以上の研究成果は、Ni-CODHに関する情報資源を大幅に拡張し、遺伝子資源として活用するだけでなく、CO酸化菌の代謝と周囲に及ぼす生態学的機能の解明に向けた基礎となると期待される。

発表論文 (謝辞あり)

1. Imaura, Y., Okamoto, S., Hino, T., Ogami, Y., Katayama, A.Y., Tanimura, A., Inoue, M., Kamikawa, R., Yoshida, T., Sako, Y. Isolation, genomic sequence and physiological characterization of *Parageobacillus* sp. G301, an isolate capable of both hydrogenogenic and aerobic carbon monoxide oxidation. *Appl. Environ. Microbiol.*, 89, e00185-23, 2023. DOI: 10.1128/aem.00185-23

2. Suzuki, J., Imaura, Y., Nishida, S., Kamikawa, K., Yoshida, T. Draft genome sequence of *Thermolongibacillus altinsuensis* strain B1-1: A novel hydrogenogenic CO oxidizer isolated from a sediment of Lake Biwa in Japan. *Microbiol. Resour. Announc.* 12, e00334-23, 2023. DOI: 10.1128/mra.00334-23
3. Nishida, S., Omae, K., Inoue, M., Sako, Y., Kamikawa, R., Yoshida, T. Construction of multiple metagenome assembled genomes containing carbon monoxide dehydrogenases from anaerobic carbon monoxide enrichment cultures. *Arch. Microbiol.* 205, 292, 2023. DOI: 10.1007/s00203-023-03635-4
4. Nishida, S., Suzuki, J., Inoue, M., Kamikawa, R., Yoshida, T. Draft genome of *Parageobacillus thermoglucosidasius*, a member of hydrogenogenic carbon monoxide utilizers, isolated from a freshwater lake sediment. *Microbiol. Resour. Announc.* 13, e00795-23, 2024. DOI: 10.1128/mra.00795-23