

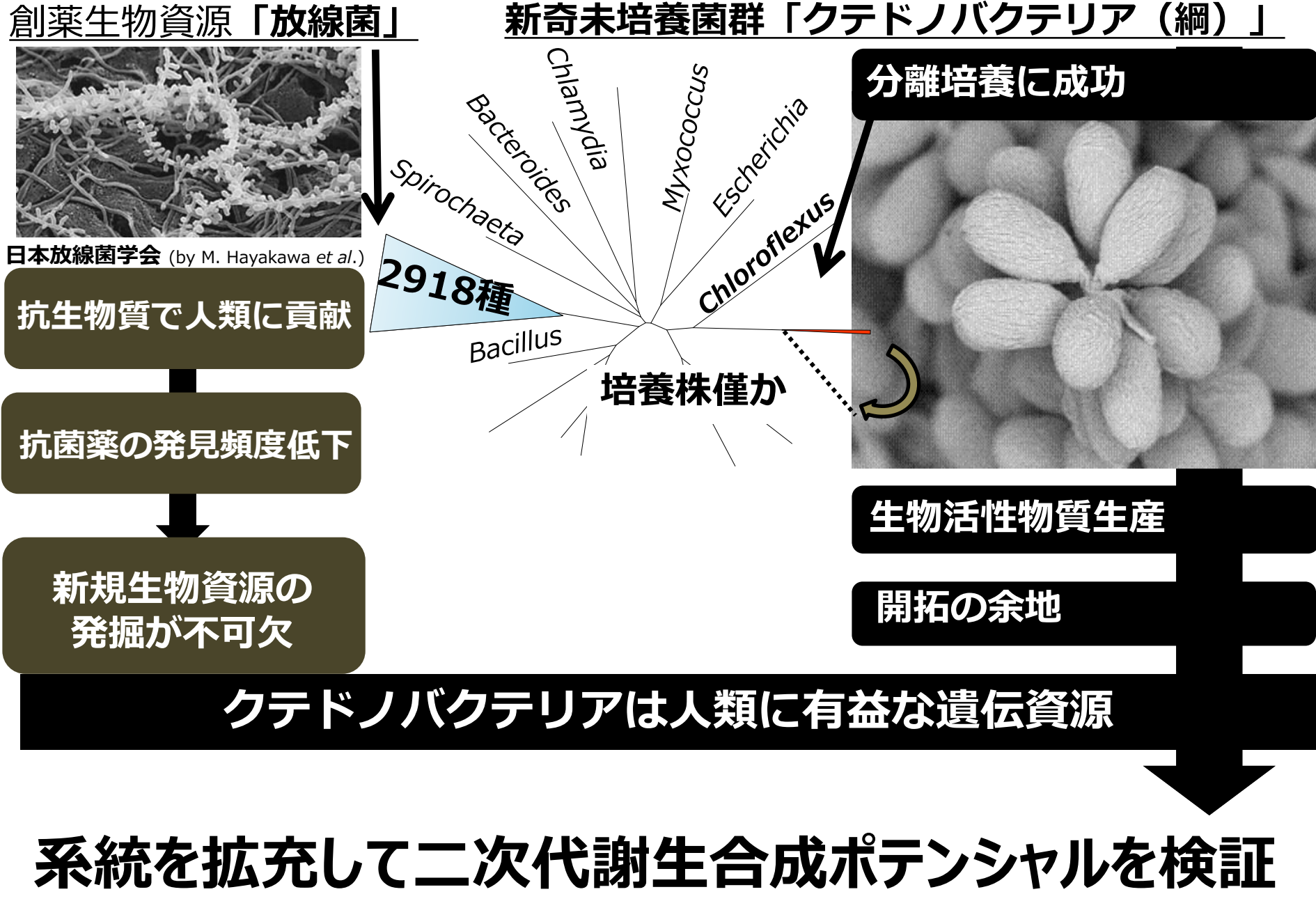
放線菌門に属さない放線菌様系統「クテドノバクテリア」の選択的培養法の確立と分離及び創薬微生物資源としての有効性の検証

矢部 修平（東北大学大学院農学研究科）

要 約

クテドノバクテリア（綱）は放射状の菌糸に孢子を着生させ、種々の抗菌活性を示すなど第二の放線菌と称し得る形態分化と性質を持つユニークな分類群であるが、培養株が少ない未開拓遺伝資源である。本研究では、分離培養法を改良しながら本系統を拡充し、有益な遺伝資源と成り得るかを検証した。

国内の火山地帯の堆積物や土壌及び「食べられる土」として知られる微生物塊「天狗の麦飯」から19株のクテドノバクテリア綱に属する菌種の分離に成功した。それらの分類学的性質を解明し、1新科、1新属、6新種を提唱した。また本綱を提唱したCavalettiらとの共同研究で、8株の未分類のクテドノバクテリア株を分譲頂き、それらも分類学的性質を明らかとして2新科、3新属、6新種を提唱予定である。さらに一部の菌種は孢子嚢を形成することを見出した。孢子嚢を形成する細菌系統の存在は放線菌、粘液細菌に次いで3例目である。これら分離株のゲノム中には二次代謝物生合成遺伝子群が最大で22個と放線菌に匹敵するほど多く、それらのほとんどは新規であることが示唆された。分離株はグラム陽性菌から陰性菌まで幅広く抗菌活性を示し、その培養物から新規と推定されるアントラキノン化合物を見出した。以上、本研究により、本系統を拡充することに成功し、その生合成ポテンシャルの高さを証明するに至った。



クテドノバクテリアの分離源



浅間・烏帽子火山群（標高2100m）の荒廃土壌に棲息する。昔、信州地方の修行僧が食べていたとされる微生物塊

標高約1600mの荒廃土壌

温度80℃程度の熱水噴出孔付近の赤色の粘土質土壌

系統分類学的特徴

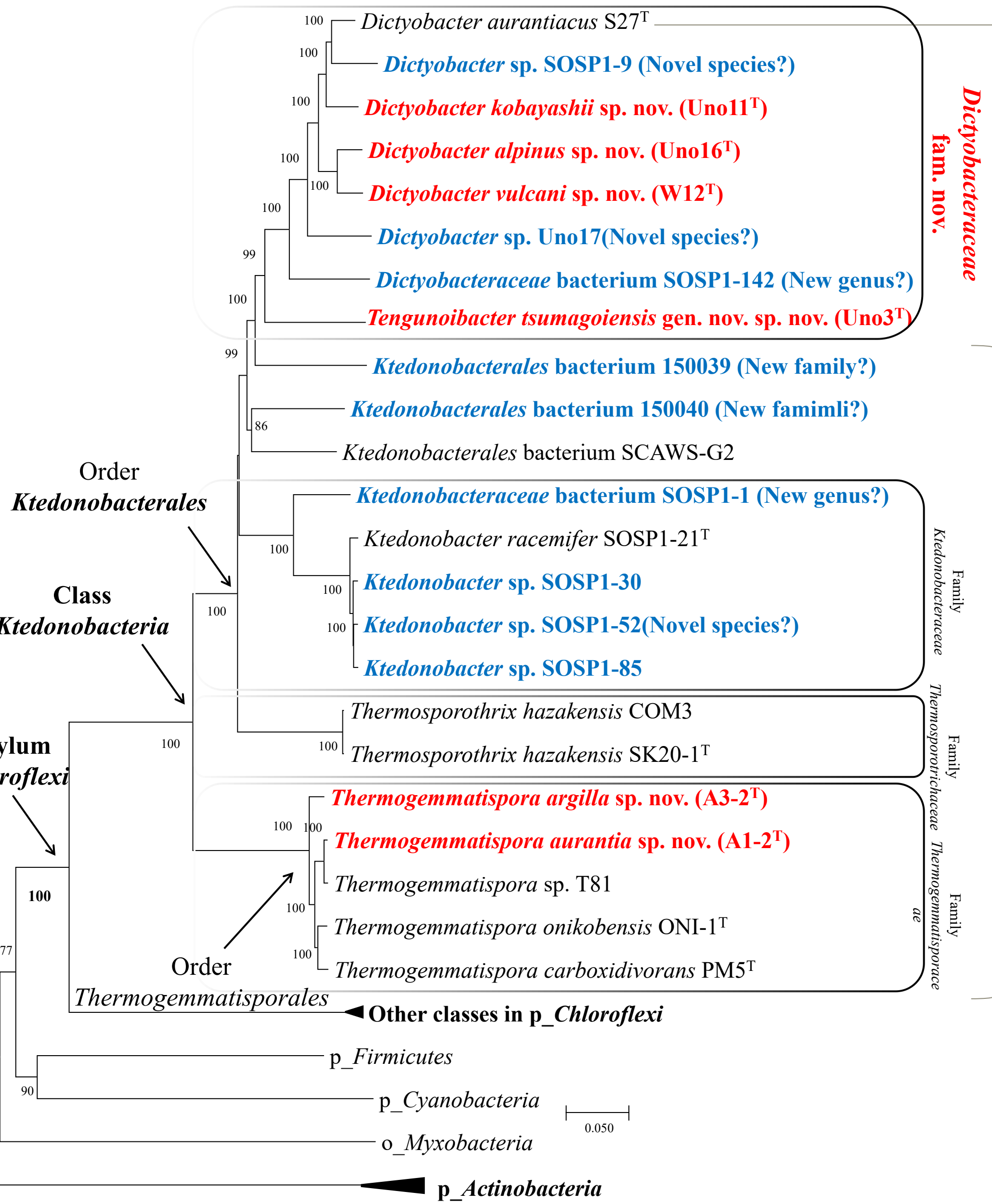


図 1. バングenom解析によるクテドノバクテリア（綱）の系統樹。
The NJ tree was built on the basis of 13 core genes (7321 aligned positions of amino acid sequences) extracted from those genomes using the USEARCH algorithm (50% sequence identity).

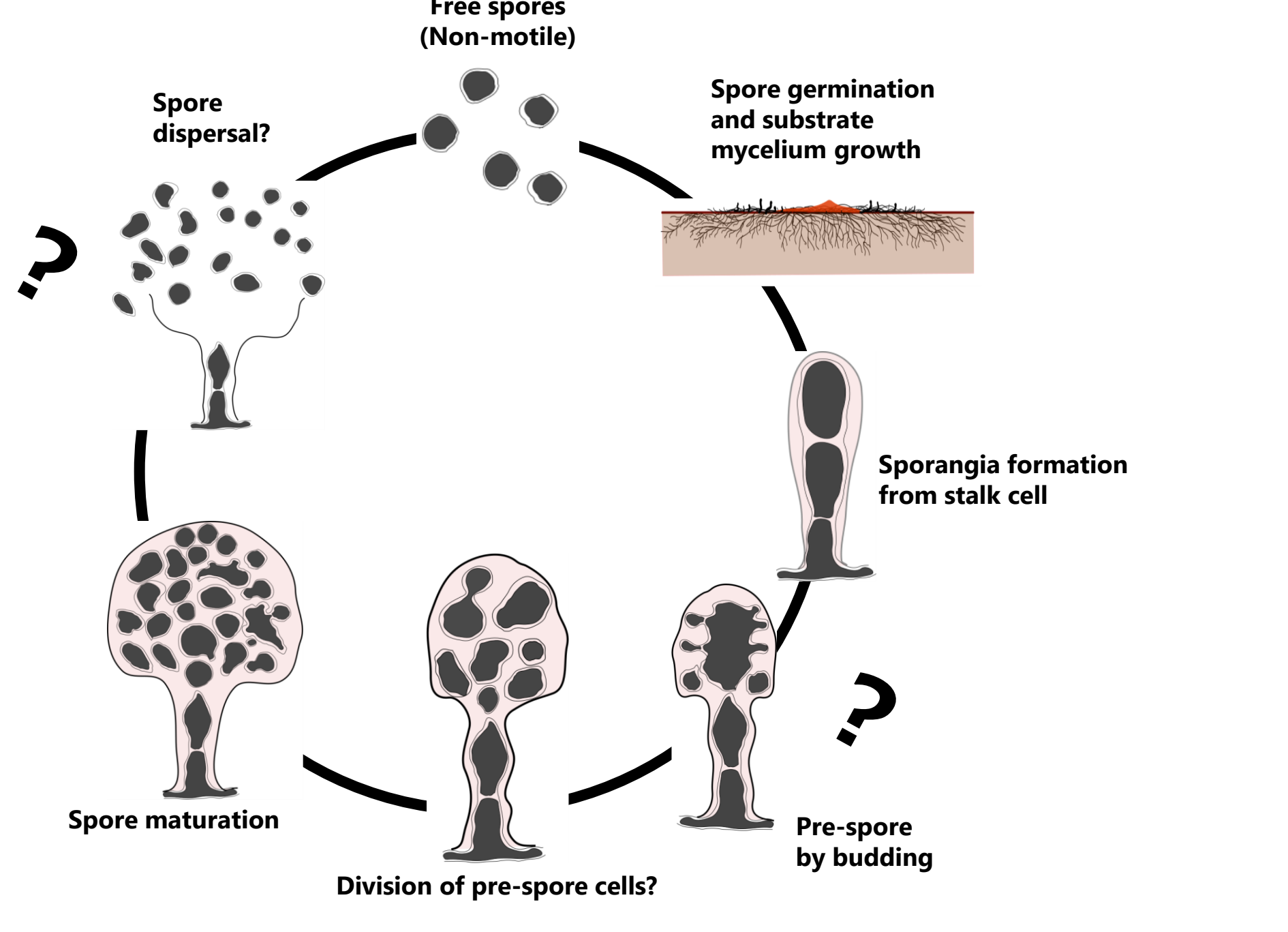
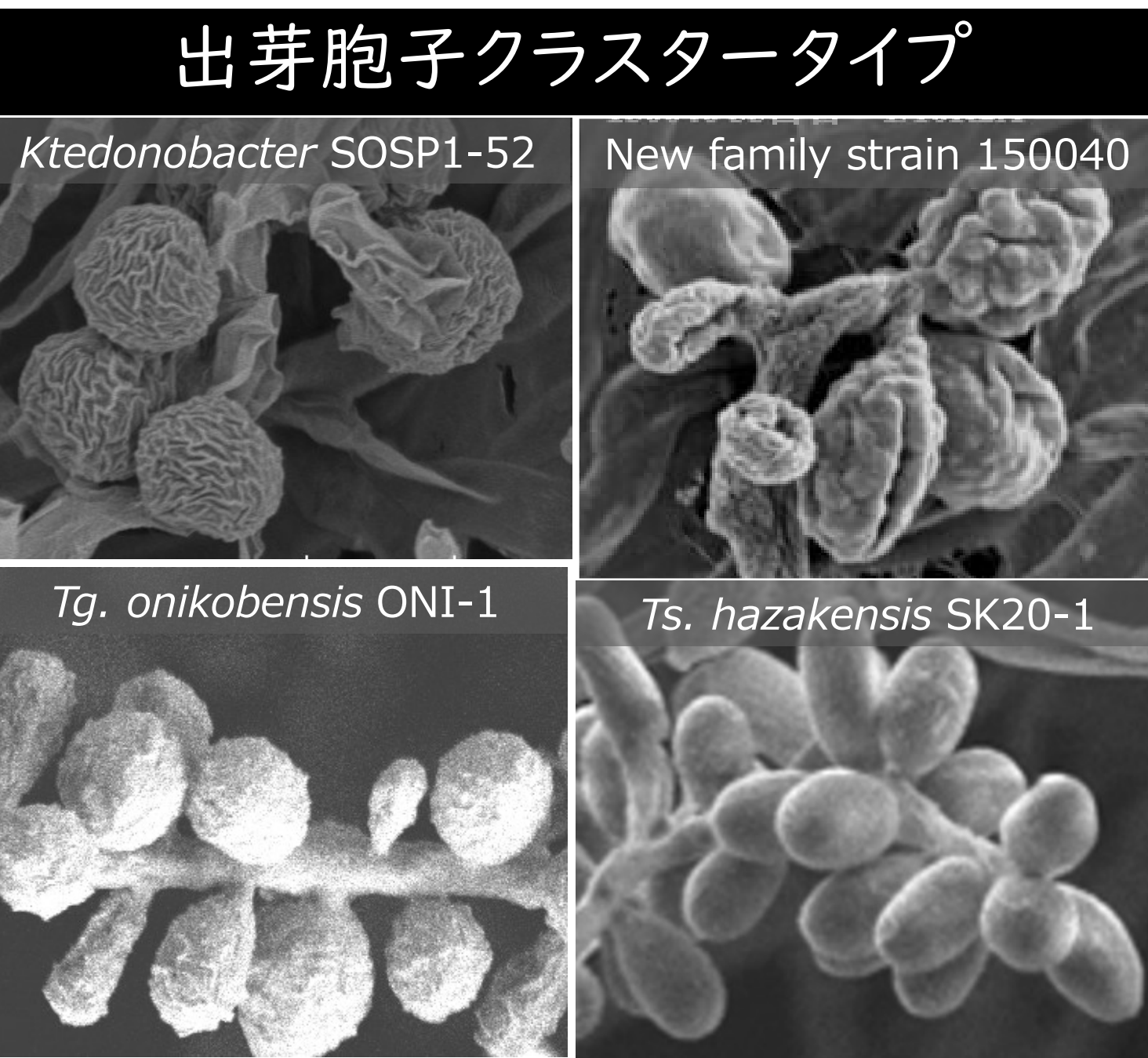
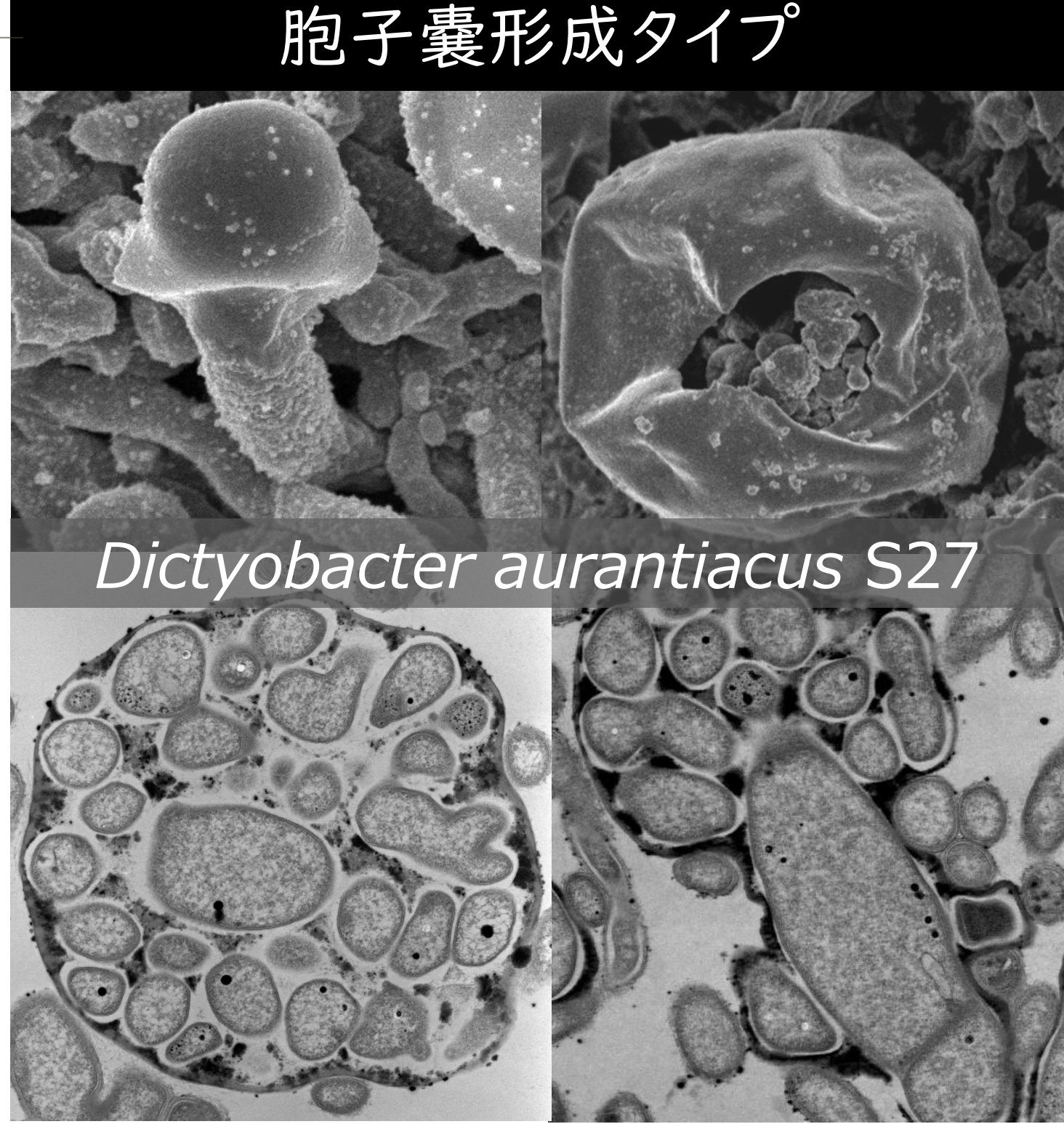


表1. クテドノバクテリア綱の培養生理・化学分類学的特徴

Order	Ktedonobacterales			Thermogemmatisporales
Family	Dictyobacteraceae	Ktedonobacteraceae	Thermosporotrichaceae	Thermogemmatisporaceae
Spore formation	Sporangiospore			
Oxygen demand	Aerobic			
Gram stain	Positive			
G+C (mol%)	50			60
Optimal temp. (°C)	25-30			50
Optimal pH	6.0-7.0			
Nutrition metabolism	Heterotrophic			
Cellulose hydrolysis	Variable			Cellulolytic
Major menaquinone	MK-9(H ₂) or MK-9			MK-9(H ₂)
Cell wall amino acids	Variable			Ser, Glu, Gly, Ala, β-Ala, Orn
Cell wall sugars	Complex mix			Man, Ara, Xyl
Major cellular fatty acid	C _{16:0} , C _{16:1} -2OH, iso-C _{17:0} , iso-C _{17:1}			iso-C _{17:0} , iso-C _{19:0} , 12,17-dimethyl C _{18:0}

天狗の麦飯から16株、蔵王山荒廃土壌から1株、鬼首温泉地熱地帯から2株の分離に成功し、**1新科、1新属、6新種を樹立し、2新科、3新属、6新種を提唱予定**である。多くは出芽孢子クラスタータイプであるがD. aurantiacusは孢子嚢を形成する。孢子嚢を持つ細菌系統は放線菌、粘液細菌に次いで3例目、70年ぶりの発見となる。本綱の共通して細胞壁ペプチドグリカンにβ-アラニン有するなどユニークな化学分類学的特徴を持つ。

今後の展望

クテドノバクテリアは未だ系統分類学的知見の乏しい系統である。引き続き、本系統の拡充して分類学的特徴を包括的に明らかとしたい。また本系統の分布と生態及び分化プロセス全貌（細胞内微細構造や孢子や隔壁の形成、染色体の分配プロセス）などは全く分かっておらず今後の研究課題である。本系統は原核生物における新しい生命現象を切り拓く可能性を秘めた原石であり、近い将来、基礎・応用両面で人類にとって有益な遺伝資源と成り得る。

謝辞

本研究は公益財団法人発酵研究所の一般研究助成の支援のもと行われました。心から感謝申し上げます。

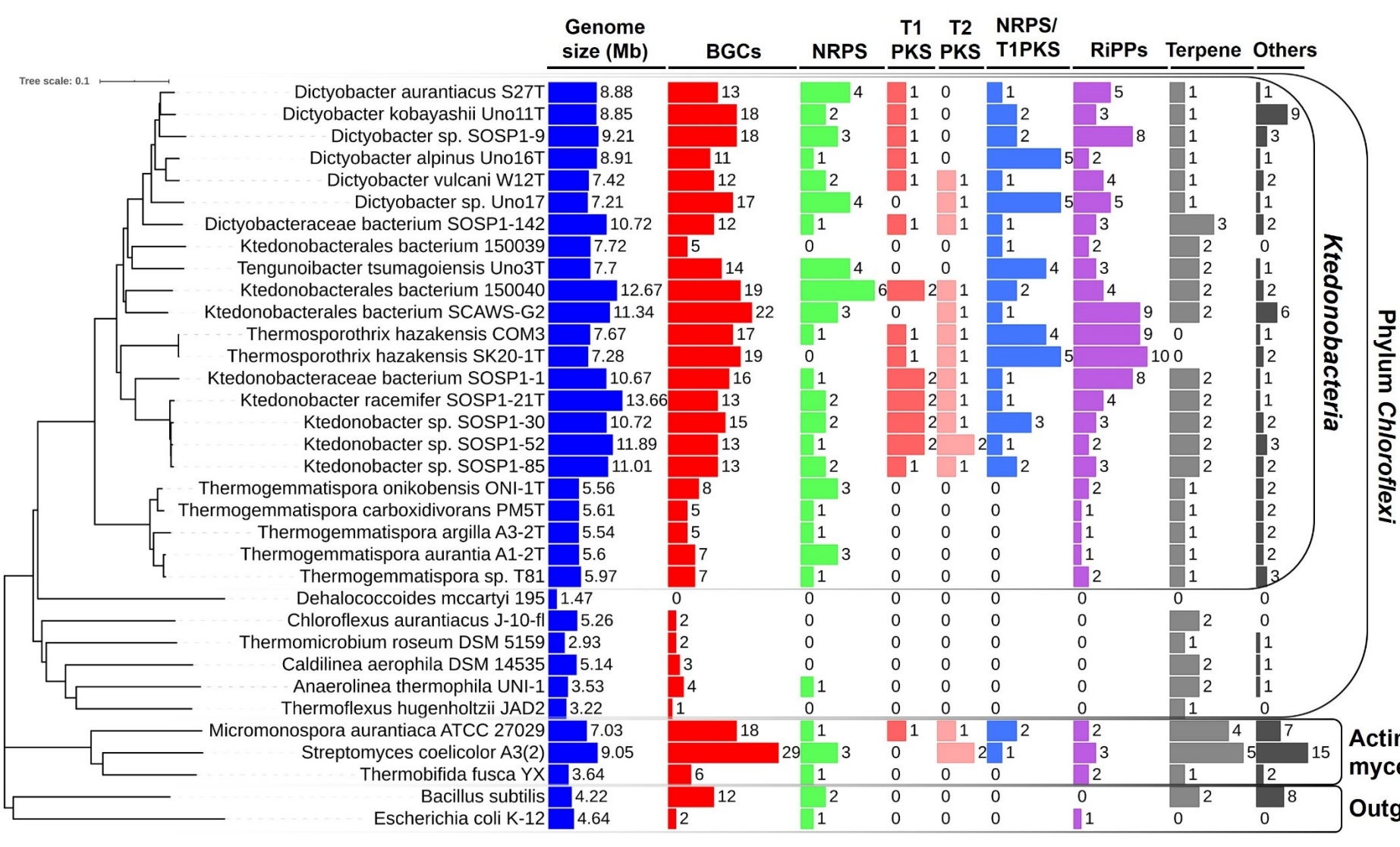


図 2. クテドノバクテリア23株のゲノム中の二次代謝生合成遺伝子クラスター

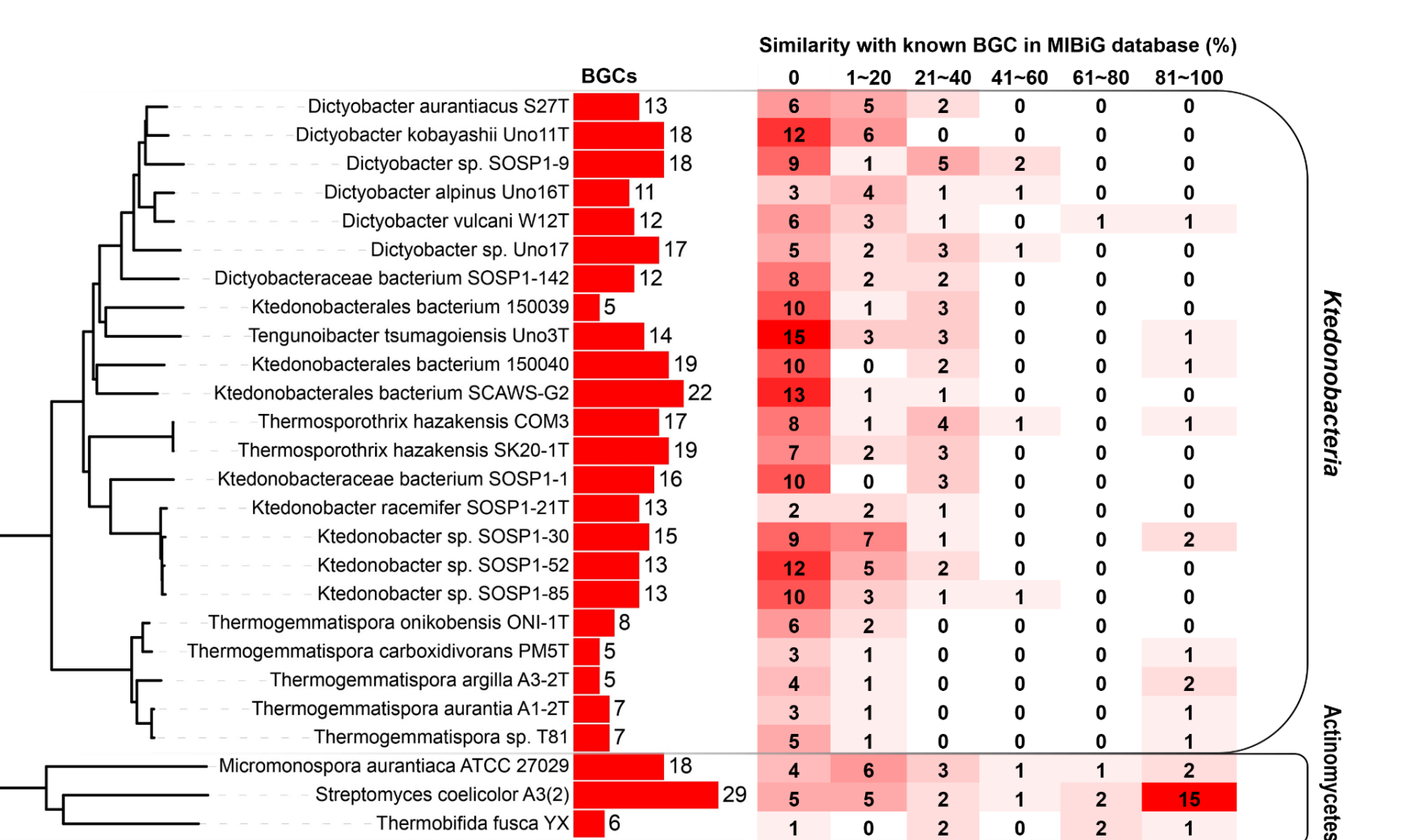


図 3. クテドノバクテリア由来二次代謝生合成遺伝子クラスターのMIBiGデータベースに基づく既知遺伝子との相同性

本系統のゲノム中には二次代謝物生合成遺伝子群が最大で22個と放線菌に匹敵するほど多く、それらのほとんどは既知のものとの相同性が極めて低く新規であることが示唆された。