

補酵素 F430 を経由するメタン生成とメタン酸化の2 核種炭素同位体 フィンガープリント法の展開:地球深部での炭素循環

高野 淑識*1 Takano Yoshinori 浦井 暖史^{*1} Urai Atsushi 金子 雅紀^{*1,2} Kaneko Masanori 大河内直彦^{*1} Ohkouchi Naohiko

はじめに ~ 「アーキア」と「カーボン」 の指紋追跡

カール・ウーズの提唱に始まる第3の生物界[アー キア (Archaea)」(和称:古細菌) の発見は、20 世 紀の科学界を代表する出来事と言われている^{1,2)}。 約40年以上にわたり、先駆者たちによって、アー キアの生化学、生理学、そして多様な生態学的特徴 が明らかにされてきた³⁾。アーキアの多様性は、当 初の2つの門(クレンアーキオータ門,ユーリアー キオータ門)から, 今や約 30 の門 (phyla) に拡大し, その数 (species) は2万種を超える。アーキアは、 進化系統的にも多様な微生物群であることが認識さ れ、地球上のほぼすべての環境に存在し、バクテリ ア(真正細菌)やユーカリア(真核生物)と共存し ている^{4,5)}。アーキアは,培養された種類も少なく, その知見はまさに日進月歩の様相である^{6,7)}。本稿 では、酸素の無い世界で汎世界的にアーキアが駆動 する炭素循環のうち、最も代表的なメタン生成とメ タン酸化^{8,9)}に注目する。補酵素 F430 を経由する 炭素の動態及びプロセス固有の情報を解読するため に,安定炭素(SI: Stable Isotopes)と放射性炭素(RI: Radio Isotopes)からなる多次元同位体フィンガープ リント法の展開について紹介する。

アーキアによるメタン生成 〜メタンを終点にする有機反応

メタン生成アーキアは,陸地と海洋を含む全球的 なメタン生成に大きく貢献している⁹。アーキアに よるメタン生成は、補酵素 F430(以下, F430:図1) が介在する重要な反応ステップになる¹⁰⁾。環境中 あるいは試料中に含まれる F430の濃度を正確に評 価することにより、メタン生成のポテンシャルを数 値化することができる¹¹⁻¹⁴⁾。F430は、物理化学要 因による失活や生化学的なエイジングに伴い、異性 化(エピマー化)が起きる。近年、海底下深部試料 及び室内モデル実験に基づいて、異性化のメカニズ ムと反応速度論の詳細が、数式化されている¹⁴⁾。



図1 アーキアによる微生物学的メタン生成反応の活性中心 (2つのホストスペース)を有するメチルコエンザイムリダ クターゼ(メチル補酵素M還元酵素, MCR: Methylcoenzyme M reductase)

立体構造及び微生物学的メタン生成の最終酵素である補酵素 F430 (Coenzyme Factor 430) とメタン酸化反応を触媒する補酵素メチルチオ - F430 の化学構造と組成式を示す。MCR は、原典 10, 27) を一部引用。 エピマー化に関する反応速度論 (F430, 13-epi-F430, 12,13-diepi-F430) は、 文献 14) を参照 さて、炭素循環の起点になる二酸化炭素の化学式 は、CO₂ であるから、¹²CO₂、¹³CO₂、¹⁴CO₂ という 安定 (SI) 及び放射性炭素同位体 (RI) が存在する。 同様に、メタンは、CH₄ であるから、¹²CH₄、¹³CH₄、 ¹⁴CH₄ が存在する。したがって、¹²C-¹³C の1次元の 関係性に加え、¹²C-¹⁴C の2次元目を合わせた2核 種炭素の規格化が可能になる。

 $\delta^{13}C$ (‰) =

 $[({}^{13}C/{}^{12}C)_{sample}/({}^{13}C/{}^{12}C)_{standard} - 1] \times 1000$ [1] $\Delta^{14}C (\%) =$

$$(e^{-\lambda t} - 1) \times 1000, \lambda = 1/8267, t = \text{yr BP}$$
 [2]

を定義する(yr BP は, 1950 年を起点とした年数)¹³。 代表例として, 房総半島地下深部の帯水層から採 取したメタン¹³⁾ について, 安定炭素同位体比 (δ¹³C,‰)と放射性炭素同位体比(Δ¹⁴C,‰)の2 次元プロットを図2に示す。微生物起源を示す δ¹³C_{CH4}のプロファイルと共に, 大気由来の炭素で は無い, 放射性炭素同位体が可視化できている (Δ¹⁴C_{CH4})。この高精度な2次元プロット情報, メタ ン生成アーキアに特有な補酵素 F430の分子情報, 16S リボソーム RNA (16S rRNA)遺伝子による系 統解析の情報の3点を同時に照合¹³⁾ すると, 地下 深部では現在進行形でメタン生成が起きているこ



安定炭素同位体比 (δ¹³C, ‰ vs. VPDB)

図2 房総半島の深部帯水層から採取されたメタン及び無機 態炭素の安定炭素同位体比(δ¹³C)と放射性炭素同位体 比(Δ¹⁴C)の2次元プロット

Δ¹⁴C の最小値は, -1,000‰である。原典 13) に基づいて作成。●と▲は, 既報データ 13) のコンパイルとして示した と、そして、地表の大気や天水由来の炭素供給がほ ぼ無い、独立した地下生命圏を形成していることが 明らかになった。補酵素 F430 のエピマー化がほと んど起きておらず、補酵素の高い活性が示された点 も興味深い。メタン分子レベルの評価には、前処理 や精製法の最適化¹⁵⁾、微量モードでの加速器質量 分析法¹⁶⁾ との相乗的なアプローチが重要になる。

3. アーキアによるメタン酸化 ~メタンを起点にする有機反応

地下深部等で生成したメタンは、一部は、ガスの 安定領域に留まり、一部は、やがて水圏や大気圏に 拡散する⁹⁾。ところが、なぜか大気中へのメタン放 出量は、その収支と釣り合っていないことが、科学 者らにとって長年の謎であった。1970年代後半、 メタンが大気中に拡散する前に、海底下のどこかで、 その大部分が消費・分解されているからではないか、 と報告された¹⁷⁾。メタンが、硫酸等の酸化剤と生 化学的に反応すると、消費・分解が進むという訳で ある。その酸化還元反応を化学式で表すと、

$$CH_4 + SO_4^{2-} \rightarrow HCO_3^{-} + HS^{-} + H_2O$$
[3]

ウーズの提唱(アーキアによるメタン生成を含む) とW.リーバーの提唱(アーキアによるメタン酸化 を含む:ただし,当時はアーキアの正体がよく見え ず,現象記載に留まった)のタイミングが,1970年 代後半のほぼ同時期であることが,興味深い。その 後,2000年代に嫌気的メタン酸化アーキア(ANME: ANaerobic MEthanotroph archaea)と呼ばれる無酸素 下でしか棲息できない始原的なアーキアの役割が, 少しずつ可視化されてきた。硝酸も酸化剤の1つで あるから,近年,嫌気下での以下の酸化還元反応も 議論されている。

$$CH_4 + 4 NO_3^- \rightarrow CO_2 + 4 NO_2^- + 2 H_2O$$
 [4]

ここで、炭素同位体的に軽い(=¹³Cと¹⁴Cに枯 渇した) 微生物起源メタンが、メチルチオ-F430^{10,12)}を経由して、嫌気的なメタン酸化アーキ アに取り込まれた後を追跡してみる。

東ヨーロッパにある黒海 (Black Sea) の深海底は,







地球上で最もさかんに嫌気的メタン酸化が起きてい る場所である^{18,19)}。これは、黒海の深部地下圏の 地質学的セッティング及び半閉鎖的な環境要因が、 強く影響している。図3に示した調査地点の近傍だ けで、メタン湧水サイトは、約2,700箇所を超える。 室内実験系で最も難培養性のアーキアとして知られ る ANME の超高密度(~10¹⁰cell cm⁻³)かつ高純度 (>98%)な試料にアクセスできる唯一の場所と言っ ても過言ではない。

その ANME-1 及び ANME-2 試料を解析し, 16S rRNA 遺伝子による系統解析の裏付けと共に, 安定 炭素同位体比(δ^{13} Canme)と放射性炭素同位体比 (Δ^{14} Canme)の2次元プロットを図4に示した¹⁹⁾。 ANME は, 大気中の炭素源(二酸化炭素)に依存 する光合成系とは完全に独立して, 海底下のメタン に依存した独自の生態系であった。更に, 図5に示 すように, アミノ酸分子レベルで安定炭素同位体比 (δ^{13} Canme)を見てみると, メチレン基の炭素鎖 ($-^{12}$ CH₂-)の伸長に伴い, アミノ酸分子内 (δ^{13} Camino acids)では, 更に¹²C-炭素が濃集しながら,





ANME は、光合成系(近似地点の海底表層における全有機炭素量と最も 代表的な光合成色素クロロフィル-a で規格化: δ^{13} Cchiorophyll-a 及び Δ^{14} Cchiorophyll-a で規格)と独立しており、海底下のメタンに依存する独立 の生態系であることを明示した¹⁹⁾。光合成系のシグナルとして、既報 29) をコンパイルしてある

ANME の細胞組織を構成していくことが分かった。 この顕著な安定炭素同位体比の傾向は,地球上で最 も「軽い」炭素のダイナミックレンジの領域にプロッ トされる(図6)。



図 5 黒海のメタン及び嫌気的メタン酸化アーキア(ANME-1, ANME-2)によって代謝されたアミ ノ酸及び脂質の炭素同位体比のプロファイル¹⁹⁾

アミノ酸の略記, Gly:グリシン, Ala:アラニン, Phe:フェニルアラニン, Tyr:チロシン, Glu:グルタミン酸, Val:バリン, Asp:アスパラギン酸, Thr:トレオニン, Ile:イソロイシン, Leu:ロイシン, 脂質分子の略記, Ph./Cr.:フィタン/クロセタン, BP:ビフィタン。アミノ酸の生合成経路の略記, A:アスパラギン酸ファミリー, α Kg: α -ケトグルタル酸ファミリー, PEP+E4P:ホスホエノールピルビン酸ファミリー, PGA:3-ホスホグリセリン酸ファミリー, Pyr:ピルビン酸ファミリーの主要経路から構成。ANME-1 は、シングルリビングであるが, ANME-2 は、硫酸還元菌とコンソーシアを作っていることに留意。ANMEの分子系統樹¹⁹⁾ と網羅的なゲノム解析³⁰⁾ を参照

安定炭素同位体比 (δ¹³C, ‰ vs. VPDB)



安定炭素同位体比 (δ¹³C, ‰ vs. VPDB)

図6 地球物質に含まれる代表的な炭素源及び安定炭素同位体比(δ¹³C)のダイナミックレンジ

ANME-1, ANME-2 試料から見出されたアミノ酸分子レベル (δ^{13} CAmino acid) 及び脂質分子レベル (δ^{13} Clipid) の安定炭素 同位体比の比較 ^{19,31}

4. 展望 ~多次元同位体フィンガー プリント法の深化

本稿では、安定及び放射性炭素からなる2核種炭 素で解読する多次元同位体フィンガープリント法を 用いて、地球深部や海底下での炭素循環に関与する メタン動態を追跡した研究例を解説した。近年、地 球表層でのメタン研究でも新しい知見の現象理 解²⁰⁻²²⁾が進んでいる。総じて、「何かが分かると、 新たに未知の領域が見える」現場である。起源やプ ロセスの真正性(authenticity)を確証する意味で、 元素及び分子情報を相乗的に深化できる多次元同位 体フィンガープリント法は、これからも威力を発揮 するだろう。

炭素同位体分別が伴う個々の反応経路の追跡に加 え、含窒素分子レベル(δ¹⁵N)の動態も報告され ており²³⁻²⁶⁾,必要に応じて、2核種炭素にδ¹⁵Nを 加えた3次元プロファイルが可能となる。誌面の都 合上、すべてを列挙できなかったが、先駆者たちの 礎^{23,26)}があって現在の最先端がある。これら一連 の技術開発の要素は、異分野横断の波及にとどまら ず、社会への知識・技術還元にも貢献すると期待さ れる。

本稿は,海洋研究開発機構 生物地球化学センター (BGC),ドイツ連邦地質調査所,マックスプラン ク研究所・マールブルグ,住友重機械工業(株),関 東天然瓦斯開発(株),信州大学理学部,名古屋大学 農学部,静岡大学理学部,北海道大学低温科学研究 所,東京大学大気海洋研究所との共同研究の成果の 一部をまとめた。各機関及び共同研究者一同に謝意 を表する。

本研究の一部は、科研費(20H02019, 21J00787) によって行われた。

参考文献

- 1) Woese, C.R. and Fox, G.E., PNAS, 74, 5088-5090 (1977)
- Tahon, G., et al, Annual Review of Microbiology, 75, doi: 10.1146/annurev-micro-040921-050212 (2021)
- 古賀洋介・亀倉正博(編集),『古細菌の生物学』, 東京大学出版会(1998);石野良純(編集),『アー キア:第3の不思議な生物』,蛋白質核酸酵素(2009)
- 4) Offre, P., et al,. Annual Review of Microbiology, 67, 437-

457 (2013)

- 5) Baker, B.J., et al., Nature Microbiology, **5**, 887-900 (2020)
- 6) Imachi, H., et al., Nature, 577, 519-525 (2020)
- Lewis, W.H., et al., Nature Reviews Microbiology, 19, 225-240 (2020)
- Thauer, R.K., Annual Review of Microbiology, 69, 1-30 (2015)
- 9) Thauer, R.K., et al., Nature Reviews Microbiology, 6, 579-591 (2008)
- 10) Thauer, R.K., *Biochemistry*, **58**, 5198-5220 (2019)
- 11) Takano, Y., et al., Organic Geochemistry, **58**, 137-140 (2013)
- 12) Kaneko, M., et al., Analytical Chemistry, **86**, 3633-3638 (2014)
- 13) Urai, A., et al., ACS Earth and Space Chemistry, 5, 1-11 (2021)
- 14) Kaneko, M., et al., JACS Au, in press (2021)
- 15) Kawagucci, S., *et al.*, *Geochemical Journal*, **54**, 129-138 (2020)
- 16) Yokoyama, Y., et al., Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section B, **455**, 311-316 (2019)
- 17) Reeburgh, W.S., and Heggie, D.T., *Limnology and Oceanography*, **22**, 1-9(1977)
- 18) Knittel, K., and Boetius, A., Annual Review of Microbiology, 63, 311-334 (2009)
- 19) Takano, Y., et al., Scientific Reports, 8, 14070 (2018)
- 20) Yip, D.Z., et al., New Phytologist, 222, 115-121 (2019)
- 21) Bižić, M., et al., Science Advances, 6, eaax5343 (2020)
- 22) Urai, A., et al., Progress in Earth and Planetary Sciences, in press (2021)
- 23) Hayes, J.M., *Reviews in Mineralogy and Geochemistry*, 43, 225-277 (2001)
- 24) Chikaraishi, Y., et al., Treatise on Geochemistry, **12**, 95-123 (2014)
- 25) Takizawa, Y., et al., Progress in Earth and Planetary Science, 7, Article number: 50(2020)
- 和田英太郎, 地球化学, 47: 129-138(2013);
 Ohkouchi, N., et al., Progress in Earth and Planetary Science, 2, Article number: 1 (2015)
- 27) Ermler, U., et al., Science, **278**, 1457-1462 (1997)
- 28) Naudts, L., et al., Marine Geology, 227,177-199 (2006)
- 29) Kusch, S., et al., Biogeosciences, 7, 4105-4118 (2010)
- Meyerdierks, A., et al., Environmental Microbiology, 12, 422-439 (2010)
- 31) Hoefs, J., Stable Isotope Geochemistry, Springer (2018)

(*1(国研)海洋研究開発機構, *2(国研)産業技術総 合研究所)