

好塩菌ハロモナスの工業利用

河田 悦和

生育環境に3.4 M以上のNaCl濃度（以下、塩濃度）を好む高度好塩性古細菌 *Haloarcula japonica* は有名であるが¹⁾、概して塩濃度0.2 M以上を至適な生育環境とする微生物を「好塩菌」と呼ぶ。それぞれの至適増殖塩濃度の違いにより、①低度好塩菌（0.2～0.5 M）、②中度好塩菌（0.5～2.5 M）、③高度好塩菌（2.5～5.2 M）に分類され、いま工業利用の観点から注目されつつあるハロモナス属は中度好塩菌に属する²⁾。 *Halomonas elongata* をはじめ22種以上、100株以上が報告³⁾されており、たとえば大西洋の海底に沈むタイタニック号の腐食物（鏽）から発見された新種 *Halomonas titanicae* や⁴⁾、ヒ素を生体構成成分とする細菌としてNASAが2011年に報告したGFAJ-1株⁵⁾など、生物学的にも興味深い細菌であるが、本稿では工業利用の観点に絞って、ハロモナスの特長を紹介したい。

第一の特長は、滅菌操作なしで純粋培養できる点にある。培地に含まれる塩分で、他の菌の増殖が抑えられるためである。したがって、塩分を含む海藻をバイオマス原料として糖化液を得た場合、ハロモナスによって、この糖化液から燃料や化成品を効率的に生産できる可能性がある。

次に、多様な炭素源を利用できる点も見逃せない。たとえば現在、木材や農業残渣など非可食バイオマスを原料とする場合、 *Saccharomyces cerevisiae* を用いたバイオエタノール生産ではC6糖のグルコースは利用されるもののC5糖は代謝されず、有効活用されていない。しかしハロモナス属の多くの種がC6糖に加えてC5糖、さらにグリセロールも炭素源とできることをMataらが見いだしており³⁾、このハロモナスのC5糖の代謝能力は、バイオエタノール発酵残渣の利用に有効であると期待されている。

ハロモナスは、廃グリセロール処理にも有望である⁶⁾。いまや世界のバイオディーゼル製造量は年間200万トンを超え、200万トン以上の廃グリセロールが副生しているが、廃グリセロールはアルカリ触媒由来の塩によって高pHであるため処理が難しく、その利用が課題となっている。一方、ハロモナスKM-1株は廃グリセロールを直接添加した培地で生育でき、その際にpH調整も滅菌処理も不要である。これは産業利用上の大きな利点といえる⁶⁾。

ハロモナスのさらなる特長は、培地が低コストで済む点である。一般的な微生物培養では、トリプトンや酵母エキスといった生物由来の高価な成分を添加しないと生

育が遅くなりやすい。しかしハロモナスには、これらを含まない培地で良好に生育する種がある⁶⁾。

その他の特長として、バイオプラスチックPHA（脂肪族のポリエステル）の生産量の多さが挙げられる。その生産性は、産業利用されている菌に匹敵するうえ、PHAが菌体内で顆粒として生産・蓄積されるため分離も容易である。ただし菌体を破碎して回収するため、混入する菌体由来物質、特に臭い物質の精製が必要となる。それゆえ、いかに菌体を潰さず生産物を回収するかが今後の課題となっている。その一つの方法として、現在、PHAのモノマーを分泌させて菌体外で化学的にポリマー化する方法の開発が進められている⁷⁾。

なおハロモナスは、高塩濃度の環境で菌体内の水分が奪われないよう、補償物質としてアミノ酸複合体エクトインも生産・蓄積させているが、エクトインは紫外線や乾燥ストレスから皮膚を守るスキンケア成分として、また日焼け止めの有効成分として広く利用されている化合物であり、上述の回収法の改善が待たれるところである。

今後、ハロモナスのさらなる生理機能解明や産業利用には、遺伝子情報の解読、分析が重要となる。たとえば前述のGFAJ-1株では、ヒ素の代謝系の遺伝子が複数見いだされている。Science誌オンライン版（2012年7月8日付）には、ヒ素をリン代わりに、生体の主成分として利用することは否定的との報告があるが、これらの遺伝子群の詳細な解析から、ヒ素とリンの代謝系の個々のメカニズムの違いも解明されてくるであろう。また、これまでに5種の菌株でゲノム配列が報告されているが、工業応用には、さらなるゲノム情報の拡充が必要であろう。ハロモナスの代謝系に対し、ゲノム情報に基づくシステムバイオロジ的な検討が加えられることによって、再生可能バイオマス資源を原料とした燃料・化成品の新しい生産技術の創出が期待される。

- 1) Hamamoto, T. et al.: *FEMS Microbiol. Lett.*, **56**, 221 (1988).
- 2) Quillaguan, J. et al.: *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, **85**, 1687 (2010).
- 3) Mata, J. A. et al.: *Syst. Appl. Microbiol. USA*, **25**, 360 (2002).
- 4) Sánchez-Porro, C. et al.: *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **60**, 2768 (2010).
- 5) Wolfe-Simon, F. et al.: *Science*, **332**, 1163 (2011).
- 6) Kawata, Y. et al.: *J. Biosci. Bioeng.*, **113**, 456 (2012).
- 7) Kawata, Y. et al.: *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, DOI: 10.1007/s00253-012-4218-6 (2012).