

助成年度：平成5年度

[所属] 東京大学 農学部

[役職] 教授

[氏名] 二村義八郎 (他計3名)

[課題]

メタン資化最近増殖の地球生理学的研究

[内容]

メタンを利用して増殖する細菌を沿岸海洋環境から分離した。集積には完全無機合成培地を用い、メタンと空気とを1:1にした密閉容器で培養を行った。沿岸底泥から、高率に集積培養が得られたが、これは沿岸海洋にメタン資化細菌がかなり普遍的に存在していることを示唆する。続いて、純粋分離のため寒天平板培地で培養を試みたが、通常の寒天濃度の半分程度の濃度の半固形状にしたとき、増殖が得られるものがあった。分離できた株を、増殖の特性及びグループ分けについての実験に用いた。

Strain 9232 の増殖の測定を異なるメタン分圧、培養温度、培地中のナトリウムイオン濃度でおこなった。その結果、9232 株は絶対好氣的にメタンを利用し、メタン濃度が 33% の時、最終増殖量が得られた。至適条件で培養中のメタンの消費速度は 10^7 cells の培養液で、 $1.4 \text{ mmol/ml}^{-1} \text{d}^{-1}$ であった。15°C から 35°C の温度範囲で増殖可能であり、増殖速度はこの範囲で温度の上昇にほぼ比例して速くなった。塩分濃度は Na^+ 濃度 0.1M から 0.5M の範囲でよく増殖し、 Na^+ が 0 の時、また 0.8 の時にはほとんど増殖が見られなかった。

メタン資化細菌の純粋培養中での活性が明らかになり、環境中のメタン資化細菌の依存量が明らかになると、環境のメタン資化能力を知ることができるが、活性あるいは増殖特性などはメタン資化資源の種類によって異なることが予想される。したがって、存在量もそれぞれの種類につけて明らかにしてゆく必要がある。この方針に沿って、まず、メタン資化細菌のグループ分けを行うために、16srRNA 遺伝子の塩基配列を調べることが試みた。DNA は凍結-リゾチーム破壊-SDS 処理-フェノール抽出によって抽出した。M13 を用いたサブクローニングにより 9232 株等の海産メタン資化細菌の 16SrDNA の塩基配列を決定した。

本研究で得られた種々の条件化での増殖速度を用いると、環境中のメタン資化細菌の種別の分布を明らかにすることにより、沿岸環境のメタンの資料及び酸化速度を予測することができると考えられる。これは、今後の課題としたい。