

令和 3 年 5 月 31 日現在

機関番号：12301
研究種目：奨励研究
研究期間：2020～2020
課題番号：20H01171
研究課題名 生分解制御手法の確立を目指した海洋環境における微生物ポリエステル周辺微生物叢解明

研究代表者

鈴木 美和 (SUZUKI, Miwa)

群馬大学・食健康科学教育研究センター・助教

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 480,000円

研究成果の概要：微生物産生生分解性プラスチックであるポリヒドロキシアルカン酸(PHA)の海洋分解機構の解明を目的として、海洋中に浸漬させたPHA表面の微生物集団(微生物叢)構造を解析した。その結果、PHA表面には海水と異なる微生物叢が形成されていた。また、PHA表面には特定の微生物群が集積していることがわかった。PHA表面のメタゲノムDNAからは複数のPHA分解酵素遺伝子が検出された。本研究を通じて、PHAの海洋分解に関与する微生物群を特定することができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

プラスチック廃棄物による環境汚染問題の解決策の一つとして、生分解性プラスチック、中でも海洋中での生分解性が担保されているPHAに注目が集まっている。しかし、PHAは使用中の生分解制御が困難なため普及が阻まれている。PHAの実用化のためには、分解開始時期および分解速度制御が不可欠であり、このためにはPHAの海洋分解機構を明らかにする必要がある。本研究の結果、海洋環境中でPHAの分解に関与する微生物群を明らかにすることができた。この微生物群はPHAの海洋環境中での分解速度の制御あるいは予測を行う上で重要な知見となりうる。

研究分野：生分解性プラスチック

キーワード：生分解性プラスチック 微生物産生生分解性プラスチック プラスティスフィア

1. 研究の目的

プラスチックごみの海洋流入量は年々増加している。これらの海洋ごみは、海洋生態系に大きな影響を及ぼしている。この社会的課題に対して、微生物の作用により水と二酸化炭素に分解される生分解性プラスチック、その中でも海洋中で容易に生分解されるポリヒドロキシアルカン酸(PHA)が注目されている。一方で PHA では、使用中の生分解制御が困難なため、普及が阻まれている。すなわち PHA の実用化のためには、分解開始時期および分解速度の制御が不可欠である。このためには、PHA の海洋分解機構を明らかにする必要がある。これまでの海洋環境での PHA 分解機構解明では、分解微生物や加水分解酵素に着目した研究が主流であった。一方、最近の研究により海洋環境中でのプラスチックの生分解では、微生物集団(微生物叢)構造が大きな役割を果たしていることが示唆されている。つまり、PHA の海洋分解機構を解明するためには、PHA 表面の微生物叢を明らかにする必要がある。本申請課題では、海洋中での PHA 表面微生物叢と PHA 分解関連遺伝子量を解析し PHA の生分解性制御のブレイクスルーとなる知見を得ることを目的とした。

2. 研究成果

茨城県ひたちなか市より採取した海水にポリ(3-ヒドロキシブチレート-co-3-ヒドロキシバリラート)(PHBV)フィルムを浸漬させた。1、2、3 カ月後にフィルムを回収し、その重量減少量を測定した。海水への浸漬時間の増加に伴い、PHBV フィルムの重量減少量は増加した。PHBV フィルムの表面積、重量減少量および浸漬時間から算出した重量減少速度は $14.7 \pm 3.0 \mu\text{g}/\text{cm}^2/\text{day}$ であった。この値は、これまで報告されてきた海水環境中での PHA の重量減少速度から推定した PHA の分解速度($40\text{--}90 \mu\text{g}/\text{day}/\text{cm}^2$)より小さい値であり、今回調査した海水は PHA の分解活性が低いことが示唆された。一方で、生物化学的酸素要求量(BOD)に基づく PHBV の生分解度測定の結果から、PHBV が微生物の作用によって無機化されていることが示された。

海水浸漬時間の経過に伴う PHBV 表面の微生物叢および浸漬海水の微生物叢の変化を解析するため、ショットガンメタゲノムシーケンス解析を行った。海水および PHBV 表面の微生物叢はともに Proteobacteria 門に属する細菌種が優占していた。一方、その割合は異なり、海水の微生物叢では約 75 %、PHBV 表面の微生物叢では約 90 %であった。また、海水の微生物叢では -Proteobacteria、 -Proteobacteria および -Proteobacteria に属する細菌種が同比率で存在していたが、PHBV の表面では -Proteobacteria に属する細菌種が全体の 50 %を、 -Proteobacteria に属する細菌種が全体の 30 %をそれぞれ占めていることがわかった。海水および PHBV 表面の多様性指数を比較したところ、PHBV の方が小さい値を示したことから、PHBV 表面にはある種の微生物が集積していることが示唆された。

PHBV 表面のメタゲノムからは P(3HB)分解酵素遺伝子と相同性を持つ遺伝子が複数検出された。これらの P(3HB)分解酵素遺伝子を有する微生物は主に -Proteobacteria 門 *Marinobacter* 属であることがわかった。浸漬 3 ヶ月後の PHBV 表面から PHBV 分解微生物を単離し、16S rDNA に基づく遺伝系統学的解析を行なったところ、これらが *Marinobacter* 属に属することがわかった。これらのことから海洋環境における PHA 分解には *Marinobacter* 属細菌が重要な役割を果たしていることが示唆された。

主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計0件

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

研究組織（研究協力者）

| 氏名 | ローマ字氏名 |
|----|--------|
|----|--------|