

ポリエチレンテレフタレート代謝細菌のメカニズムの解明と利用

奈良先端科学技術大学院大学 研究推進機構 吉田昭介

【略歴】

平成19年 京都大学大学院工学研究科合成・生物化学専攻 単位認定退学
平成20年～23年 イリノイ大学 Energy Biosciences Institute 博士研究員
平成23年～26年 慶應義塾大学助教（有期）
平成26年～28年 京都大学 JST-ERATO 秋吉バイオナノトランスポータープロジェクト博士研究員
平成28年～29年 京都大学白眉センター特定准教授
平成29年～ 現職（奈良先端科学技術大学院大学特任准教授、および文部科学省卓越研究員）

研究の背景

ポリエチレンテレフタレート（PET）は、ペットボトルや衣服の繊維などに汎用される主要なプラスチックのひとつである。廃棄された PET の一部はリサイクルされているが、従来のリサイクル手法は、膨大なエネルギーを消費し、激烈な薬剤を使用するなど、高コスト・高環境負荷となっている。また、環境に流出した PET は、化学的に安定で生分解されないため、景観を破壊し、生態系に悪影響を与えている。こうした背景の中、我々は、世界で初めて PET を完全に分解・代謝する新種細菌 *Ideonella sakaiensis* を発見することに成功した。

1. *sakaiensis* の PET 分解メカニズム

I. sakaiensis の PET 分解の仕組みを明らかにするため、本菌のゲノムを解読したところ、それ以前に微小な PET 加水分解活性が報告されていた加水分解酵素と 51% の相同性を有する配列をコードする ORF を見出した。本 ORF の組換えタンパク質は、PET フィルムに対し、無数のクレータ一状分解痕を形成させ、また分解産物としてテレフタル酸、モノヒドロキシエチルテレフタレート（MHET）を遊離した。本酵素と既報の PET 加水分解能をもつ酵素の比較では、*I. sakaiensis* 由来酵素は PET に対して、他酵素よりも高活性であり、且つ PET 分解特異性が高いことが判明した。以上の結果から、本酵素を PET hydrolase（PETase）と命名した。

興味深いことに、PETase が PET から遊離させるエステル化合物 MHET に対して加水分解活性を示さなかった。一方で、*I. sakaiensis* を PET フィルムと培養しても

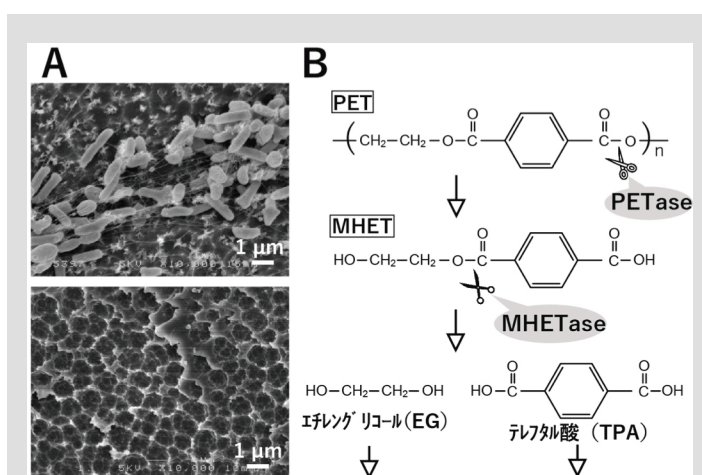


図 1 (A 上)PET フィルムに接着、生育する *I. sakaiensis* (A 下)フィルム表面を洗浄後、観察される分解痕 (B)*I. sakaiensis* は PETase, MHETase により PET を段階的に単量体まで分解する。

MHET は検出されない。これらの事実から、MHET 加水分解酵素の存在を予測し、網羅的な遺伝子発現解析などから、MHET 加水分解酵素遺伝子を探索した。PETase 遺伝子と発現パターンが類似する ORF に着目し、その組換えタンパク質の機能解析を行ったところ、MHET に対し、高い加水分解活性と、親和性を示すことがわかった。これらの性質から、本酵素を MHET hydrolase (MHETase) と命名した。

I. sakaiensis は PETase と MHETase により効率的に PET を単量体に分解可能である。さらにこれら単量体それぞれに対する資化能力を有している。これらのことから、*I. sakaiensis* の PET 資化経路が明らかとなった。

今後の展望

I. sakaiensis の PET 代謝では、PET により発現が誘導される機能未知遺伝子が多く認められることなどから、PET 分解に関与する新たな遺伝子の探索と機能同定を進めている。また、*I. sakaiensis* の PET 代謝を利用した付加価値の高い化合物を発酵生産する株の育種を試みている。

謝辞

本研究は京都工芸繊維大学、慶應義塾大学、京都大学において行われたものであり、小田耕平教授、宮本憲二教授をはじめ、共同研究者の皆様に深く感謝申し上げます。

参考文献

- (1) S. Yoshida, K. Hiraga, T. Takehana, I. Taniguchi, H. Yamaji, Y. Maeda, K. Toyohara, K. Miyamoto, Y. Kimura, K. Oda, *Science*, **351**, 1196 (2016).
- (2) S. Yoshida, K. Hiraga, T. Takehana, I. Taniguchi, H. Yamaji, Y. Maeda, K. Toyohara, K. Miyamoto, Y. Kimura, K. Oda, *Science*, **353**, 759 (2016).
- (3) S. Tanasupawat, T. Takehana, S. Yoshida, K. Hiraga, K. Oda, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **66**, 2813 (2016).