

環境汚染物質を分解する微生物を発見

きのこ・微生物工学研究領域

山口 宗義、高野 麻理子、中村 雅哉

要 旨

1980年代に使用禁止となった農薬が、30年経った現在でも自然界に残留し POPs（残留性有機汚染物質）として問題となっています。我々は、これらの汚染を微生物の機能を用いて浄化する方法を研究しています。POPs の1つである DDT を分解する微生物を見つける新たな手法を開発しました。この手法を用いて、新たに3種類の DDT 分解菌を発見しました。分離された分解菌は系統的に大きく異なる種であったことから、この探索手法では広範囲の微生物を選別できると考えられます。また、本手法は POPs 分解微生物だけでなく、ハロゲン化合物の分解微生物の探索にも役立ちます。

背景と目的

1980年代に使用禁止となったディルドリンやヘプタクロルといった農薬が近年になって農地で検出され、POPs（残留性有機汚染物質）として社会問題になりました。広範囲に広がってしまったこれらの物質を除去するためには、膨大な費用がかかります。POPs を分解することができる微生物を見つけることができれば、微生物を使った環境修復技術（バイオレメディエーション）として利用できます。我々は、POPs の1つである DDT を分解する微生物を探索するための新たな手法を開発し、その有効性を調べました。

分解菌の探索方法

POPs のほとんどが塩素化合物であることに着目し（図1）、分解の時に発生する塩素を検出する手法を検討しました。発生する塩素だけを検出したいので、邪魔な塩素を一切含まない人工的な培地を新たに作製しました。この培地中で POPs が唯一の炭素源である状態にし、さまざまな微生物を生育させ、微生物が POPs を分解すれば、塩素が培地中に遊離します。この遊離した塩素を目印に

して、POPs を分解する微生物を探索します。

3種類の菌を発見

この手法を用いて、POPs の一つである DDT を分解できる微生物を探索したところ、3種類の DDT を分解できる微生物を発見しました（図2）。これらの微生物により、DDT は2週間で約60%分解されました。また、これらの微生物の遺伝子を調べると、それぞれ *Sinorhizobium* 属、*Arthrobacter* 属、*Serratia* 属に属する微生物であることがわかりました。

分離された分解菌の分子系統学的な位置づけを調べたところ（図3）、3種の微生物は既に知られている DDT 分解菌とは異なるものでした。また、それぞれかけ離れた種であり、偏った種の微生物が選択的に分離されていないことから、この手法によって広範囲の微生物を検索することができると考えられます。

本研究で開発した手法は、未知の POPs 分解微生物の探索だけでなく、ハロゲン化合物を対象とした分解微生物の探索にも利用できます。

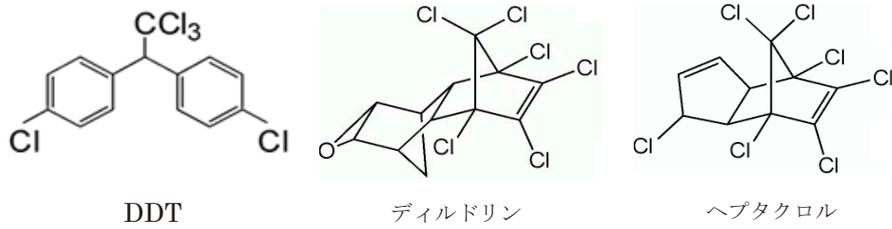


図1 POPs (残留性有機汚染物質) の一例

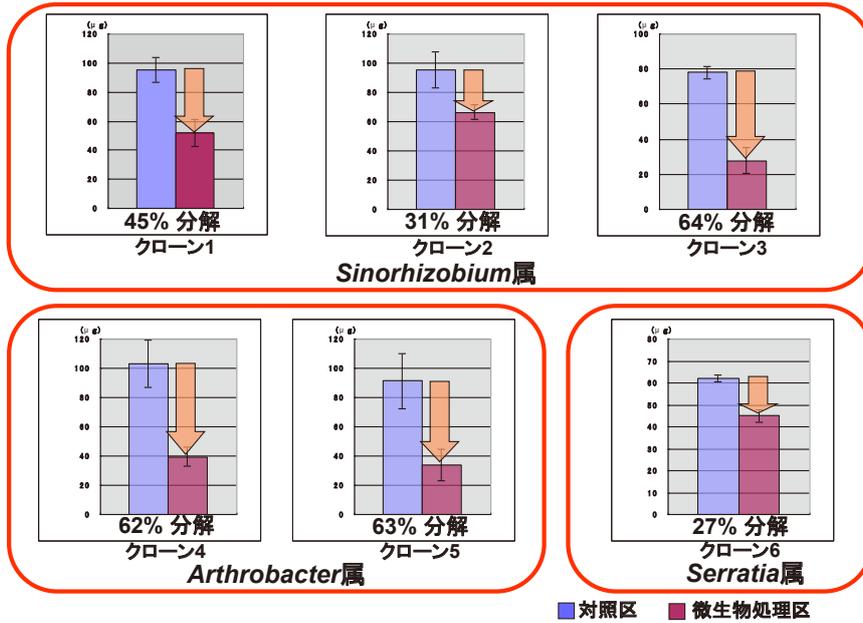


図2 分離された DDT 分解菌の分解能力と同定された属名 (縦軸は2週間微生物処理後の DDT 残量を示す。)

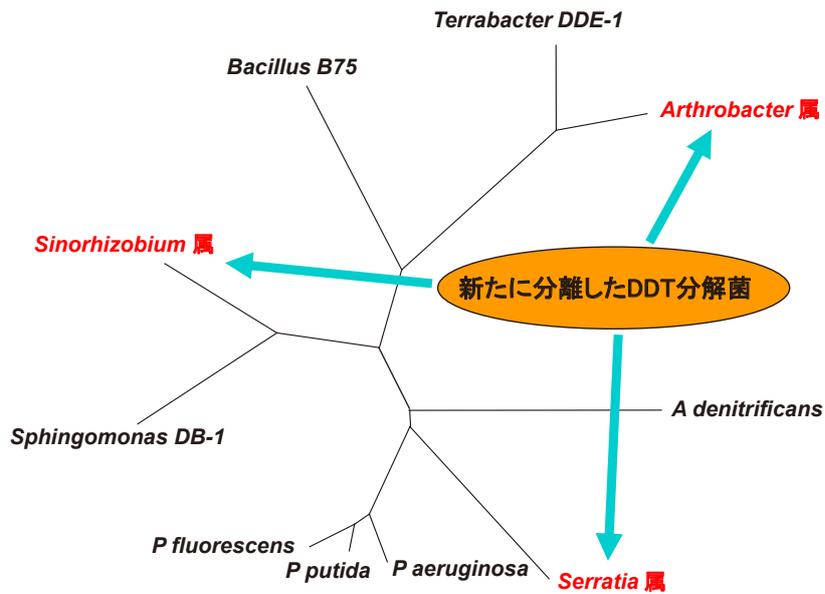


図3 DDT 分解菌の遺伝子配列を基にした系統樹