

2026年2月27日

報道関係者各位

慶應義塾大学

石油由来プラスチック「ポリプロピレン」を分解する微生物の分解

メカニズムの一端を解明

— 「末端」と「内部」の両方から分解する、代謝経路を特定—

慶應義塾大学大学院理工学研究科の國分健士郎（修士課程1年）、慶應義塾先端科学技術研究センター研究員の黄穎、同大学理工学部教授の宮本憲二の研究チームは、石油由来の難分解性プラスチックであるポリプロピレン（以下PP）を分解する微生物（PP9株）の全ゲノム解析および遺伝子発現解析を実施し、分解メカニズムの一端を解明しました。

本成果は、難分解性プラスチックの微生物による効率的な分解処理を実現するための基盤となるだけでなく、環境中に流出されたプラスチックが、自然界でどの様に分解されているかを解明する手がかりとなります。

本成果は、2026年3月10日の日本農芸化学会2026年度京都大会で発表されます。

1. 研究のポイント

- 難分解性プラスチックであるPPの分解菌（PP9株）の全ゲノム解析を実施した
- PPと構造が類似したモデル化合物を用いたPP9株の遺伝子発現解析を行った
- PP9株が炭化水素を末端と内部から分解する2つの代謝経路を持つことがわかった

2. 研究の背景

近年、環境中へのプラスチックの流出と蓄積が大きな社会問題となっています。なかでも、ポリオレフィン系プラスチック（注1）は難分解性であり、特にPPは自然界の微生物による分解が非常に困難で数百年にわたり残留し続けると考えられています。本研究チームは昨年度、添加剤を含まないPPフィルムを用いることで、真のPP分解菌（PP9株）の単離に成功しました。本研究では、PP9株のゲノム解析と遺伝子発現解析（注2）を実施し、PP分解のメカニズムの解明を試みました。

3. 研究の内容・成果

本研究では、PP9 株の分解メカニズムを解明するため、全ゲノム解析と遺伝子発現解析を実施しました。PP9 株が無添加 PP フィルムを分解する場合、分解速度は遅く、分解に関連する遺伝子の発現変動が少ないことが推測されているため、PP と構造が類似した炭化水素化合物 (C12、C16、プリスタン) を炭素源として用いた PP9 株を培養して、解析を行いました。

経路	末端/内部	末端/内部	末端	内部
分解酵素	<i>cyp</i>	<i>adh</i>	<i>aldh</i>	<i>est</i>
C12	1.22	1.66	2.34	-
C16	1.08	0.48	-	2.06
プリスタン	0.91	0.23	0.48	1.34

表 1 PP 類似化合物に対する分解酵素遺伝子の発現変動
(単位: $\log_2\text{FoldChange}$ 、 $\text{FDR}<0.05$ 、-: 統計的有意差なし)

その結果、炭化水素の水酸化に関与する遺伝子群 (*cyp* および *ad*) の発現増加を確認しました(表 1)。さらに解析を進めると、炭化水素の末端、または内部から水酸化を行う 2 つの異なる経路の遺伝子 (*lad* や *est*) が活性化していることが判明しました。C12 や C16 の直鎖状の炭化水素は末端から分解されることが知られています。しかし、PP9 株は、炭化水素の長さに応じて末端と内部から水酸化して、代謝分解している可能性が強く示唆されました。特に、PP と似た分岐構造を持つプリスタンにおいて、末端と内部の両方から分解していることが確認されました。この PP に対して、数の多い内部構造からも分解できる特性は、難分解で長い分子である PP を分解する上で有利になると考えられます(図 1)。

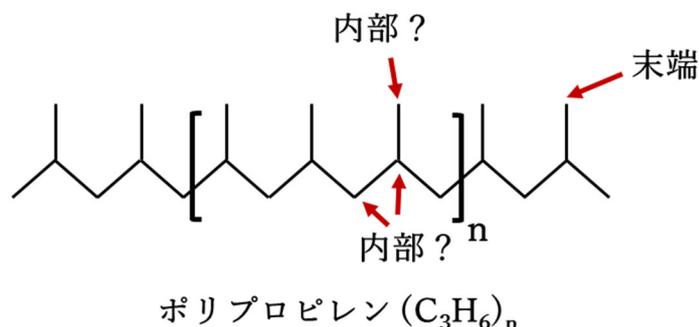


図 1 PP 分解における末端および内部の水酸化部位

4. 今後の展開

PP 9 株の分解経路が遺伝子レベルで明らかになったことで、今後は遺伝子操作などによ

り分解効率を向上させることが可能となります。さらに、PP9 株の代謝経路を改変することで、廃棄されたプラスチックを炭素源として微生物に有用物質を生産させるアップサイクルの実現への基盤技術となることが展望されます。

「学会発表情報」

日本農芸化学会 2026 年度京都大会、3 月 10 日、同志社大学今出川・室町キャンパス
演題：ポリプロピレン分解菌の分解メカニズムの解明に向けた遺伝子発現解析
演者：國分 健士郎、黄 穎、宮本 憲二

「研究費」

本研究は、JST 共創の場形成支援プログラム(COI-NEXT)JPMJPF2111 の支援により行われました。

「用語説明」

- (注 1) ポリオレフィン系プラスチック：単純なオレフィンをモノマーとして合成された高分子化合物の総称です。代表的なものとして、ポリプロピレン (PP) がありますが、微生物による生分解はほぼ起こらないとされています。
- (注 2) 遺伝子発現解析：細胞において、どの遺伝子がどれくらい働いているかを調べる手法です。今回用いた RNA-Seq は、mRNA の塩基配列を次世代シーケンサーで網羅的に読み取ることで、遺伝子の発現量を定量的に解析する手法です。

研究内容に関するお問い合わせ先

慶應義塾大学 理工学部 生命情報学科 教授 宮本 憲二 (みやもと けんじ)

TEL : 045-566-1786 E-mail : kmiyamoto@bio.keio.ac.jp

本リリースの発信元

慶應義塾広報室

TEL : 03-5427-1541 E-mail : m-pr@adst.keio.ac.jp