

抗生物質を栄養源として利用する微生物

抗生物質は医療や畜産分野、農薬として利用され、環境中に低濃度で暴露されている。従って、環境中には多くの種類の抗生物質が低濃度ながら検出されている。これらは耐性遺伝子を獲得する原因ともなりえる。筆者らは既に 2008 年サイエンス誌に唯一の炭素源として利用した抗生物質を代謝できる微生物が多く存在していることを明らかにしている。しかし、耐性菌を付与した後の代謝経路など、不明な点も多く疑問の声が上がっていた。今回筆者らは実際にペニシリン G がどのような経路を経て炭素源として使われているかを明らかにした。微生物がペニシリンの存在下で生存、さらには増殖するしくみを理解することは、危険な抗生物質耐性株の拡散への対処に役立つ可能性を有している。筆者らは、今回の研究で同定された知見を利用することにより、新規抗生物質の合成やバイオレメディエーションへ展開できる可能性があると結んでいる。

紹介論文

Shared strategies for β -lactam catabolism in the soil microbiome

Terence S. Crofts, Bin Wang, Aaron Spivak, Tara A. Gianoulis, Kevin J. Forsberg, Molly K. Gibson, Lauren A. Johnsky, Stacey M. Broomall, C. Nicole Rosenzweig, Evan W. Skowronski, Henry S. Gibbons, Morten O. A Sommer & Gautam Dantas *Nat Chem Biol.* 2018 Jun;14(6):556-564.

Abstract

The soil microbiome can produce, resist, or degrade antibiotics and even catabolize them. While resistance genes are widely distributed in the soil, there is a dearth of knowledge concerning antibiotic catabolism. Here we describe a pathway for penicillin catabolism in four isolates. Genomic and transcriptomic sequencing revealed β -lactamase, amidase, and phenylacetic acid catabolon upregulation. Knocking out part of the phenylacetic acid catabolon or an apparent penicillin utilization operon (*put*) resulted in loss of penicillin catabolism in one isolate. A hydrolase from the *put* operon was found to degrade in vitro benzylpenicilloic acid, the β -lactamase penicillin product. To test the generality of this strategy, an *Escherichia coli* strain was engineered to co-express a β -lactamase and a penicillin amidase or the *put* operon, enabling it to grow using penicillin or benzylpenicilloic acid, respectively. Elucidation of additional pathways may allow bioremediation of antibiotic-contaminated soils and discovery of antibiotic-remodeling enzymes with industrial utility.