

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公開特許公報(A)

(11) 特許出願公開番号

特開2010-279337
(P2010-279337A)

(43) 公開日 平成22年12月16日(2010.12.16)

(51) Int.Cl.		F 1			テーマコード (参考)
C 12 N	1/20 (2006.01)	C 12 N	1/20	A	4 B 0 6 5
A 62 D	3/02 (2007.01)	C 12 N	1/20	D	4 D 0 4 0
C 02 F	3/34 (2006.01)	C 12 N	1/20	F	
C 12 R	1/01 (2006.01)	A 62 D	3/02		
A 62 D	101/22 (2007.01)	C 02 F	3/34	Z	

審査請求 未請求 請求項の数 4 O L (全 12 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号	特願2009-137691 (P2009-137691)	(71) 出願人	306037311
(22) 出願日	平成21年6月8日 (2009.6.8)		富士フィルム株式会社
			東京都港区西麻布2丁目26番30号
		(71) 出願人	501273886
			独立行政法人国立環境研究所
			茨城県つくば市小野川16-2
		(74) 代理人	100115107
			弁理士 高松 猛
		(74) 代理人	100132986
			弁理士 矢澤 清純
		(72) 発明者	宮崎 英男
			神奈川県南足柄市中沼210番地 富士フィルム株式会社内

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】新規微生物及びその微生物を含むジクロロメタン処理剤

(57) 【要約】

【課題】DCMを分解活性の高い微生物を単離及び同定すること、さらには、そのような微生物を含むDCM処理剤並びにそのような微生物を用いたDCM分解方法を提供すること。

【解決手段】ジクロロメタン分解能を有する、ハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzini*) に属する微生物。

【選択図】なし

【特許請求の範囲】**【請求項 1】**

ジクロロメタン分解能を有する、ハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzini*) に属する微生物。

【請求項 2】

ハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzini*) DN 58 株 (受領番号: NITE AP-758) 又はその変異株である、請求項 1 に記載の微生物。

【請求項 3】

請求項 1 又は 2 に記載の微生物を含有する、ジクロロメタン処理剤。

【請求項 4】

10

請求項 1 又は 2 に記載の微生物とジクロロメタンとを接触させる工程を含む、ジクロロメタン分解方法。

【発明の詳細な説明】**【技術分野】****【0001】**

本発明は、新規微生物、並びにその微生物を用いたジクロロメタン処理剤及びジクロロメタンを分解する方法に関する。

【背景技術】**【0002】**

揮発性有機塩素化合物は工業的用途に頻用されている。中でもジクロロメタン (DCM 20) は、揮発性を有し、難燃性に優れ、多種の有機化合物を溶解できることから、プリント基板や金属脱脂ための洗浄剤や有機合成の際の溶媒、その他各種溶剤として工業的に広く利用されている。

一方で、DCMは生物に対する毒性が認められており、大気汚染・水質汚濁の環境汚染の懸念がある。DCMは化学物質排出把握管理促進法 (PRT法) により、第一種指定化学物質に定められ、取り扱う事業者には環境中への排出量及び移動量の把握と公表が義務づけられている。

【0003】

DCMの処理方法は種々の方法が知られている。化学・物理的処理法としては、酸化剤と紫外線照射を組み合わせた分解法等が挙げられるが、こうした化学・物理的処理法は、短時間で効果を示す反面、低濃度汚染になると著しく分解効率を落とし、またランニングコストの高さが問題となる。

30

一方、生物的処理法には、処理槽内に形成させた生物膜内の反応によってDCMを分解する生物膜法、曝気によって汚泥中の微生物の活性を上げてDCMを分解する活性汚泥法等が挙げられる。生物的処理法は、そのコストの低さや制御のしやすさ、さらには多様な生物種の代謝を利用するため、馴養によってDCMの他にもさまざまな有機物の分解が可能となる等のメリットがある。

【0004】

DCM分解能を有する微生物としては、*Hyphomicrobium* sp.DM2 (非特許文献1)、*Methylbacterium dichloromethanicum* DM4、*Methylphilus leisingerii* sp.DM11 (非特許文献2) 等が知られている。

40

さらに、特許文献1には微生物を用いてDCM分解を行なう方法が開示されている。

【先行技術文献】**【特許文献】****【0005】**

【特許文献1】国際公開第93/22247号パンフレット

【非特許文献】**【0006】**

【非特許文献1】G. Stucki, R. Galli, H. Ebersold and T. Leisinger, Dehalogenation of Dichloromethane by Cell Extracts of *Hyphomicrobium* DM2, Arch. Microbiol., 1 50

32, 366-371(1981)

【非特許文献2】 Scholtz,R., L.P.Wackett, C.Egli, A.M.Cook, and T.Leisinger. Dichloromethane dehalogenase with improved catalytic activity isolated from a fast-growing dichloromethane-utilizing bacterium, J.Bacteriol., 170, 5698-5704(1988)

【発明の概要】

【発明が解決しようとする課題】

【0007】

本発明の目的は、DCMを分解活性の高い微生物を単離及び同定すること、さらには、そのような微生物を含むDCM処理剤並びにそのような微生物を用いたDCM分解方法を提供することである。

10

【課題を解決するための手段】

【0008】

本発明者らによる鋭意検討の結果、DCMを唯一の炭素源とした系内でDCM分解菌の探索・同定を行った結果、ハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzini*) に属し、ジクロロメタン分解能を有する新規微生物を見出した。なお、ハイフォミクロビウム・ザバルジニがDCMを分解することはこれまで知られていない。

すなわち、本発明は以下の構成によるものである。

【0009】

1. ジクロロメタン分解能を有する、ハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzini*) に属する微生物。
2. ハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzini*) DN58株 (受領番号: NITE AP-758) 又はその変異株である、上記1に記載の微生物。
3. 上記1又は2に記載の微生物を含有する、ジクロロメタン処理剤。
4. 上記1又は2に記載の微生物を用いてジクロロメタンを分解する方法。

20

【発明の効果】

【0010】

本発明によれば、これまで分解が困難であったジクロロメタンを安全、簡便に低成本で処理することが可能となる。

【図面の簡単な説明】

【0011】

30

【図1】ジクロロメタン分解能を有するハイフォミクロビウム・ザバルジニに属する微生物の走査型電子顕微鏡写真(図面代用写真)である。

【図2】ジクロロメタン分解活性の測定結果を示すグラフである。

【発明を実施するための形態】

【0012】

<DCM分解能を有する微生物>

本発明に係る微生物は、ジクロロメタン分解能を有する、ハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzini*) に属する微生物であれば特に限定されず、新たにスクリーニングされた新規な微生物も含まれる。

該微生物の代表例は、ハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzini* i) DN58株である。この菌株は、平成21年5月19日付けで、独立行政法人製品評価技術基盤機構(NITE) 特許微生物寄託センター(〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足2-5-8)に寄託されている(受領番号: NITE AP-758)。

40

【0013】

本発明の微生物は、例えば以下のようにしてスクリーニングすることができる。

分離源は、特に制限はないが、土壤、活性汚泥、DCMを廃液槽内に付着した生物膜等とすることができる。これらの分離源を、DCMを唯一の炭素源とする分離用液体培地に接種することにより馴養と段階希釀による純化を行う。具体的には、分離用液体培地を含む容器に土壤懸濁液等を加え、密閉状態で培養することが好ましい。尚、分離用液体培地

50

は後述する培養用の培地、例えばDCMを添加した最少培地が好ましい。その他、後述するPCR-DGGE法等の遺伝子工学的手法を用いてスクリーニングを行うこともできる。

【0014】

純化の推移は、PCR-DGGE法等の分子生物学的手法等により確認することができる。ここで、PCR-DGGE法は、複数の二本鎖DNAを、その塩基配列の違いに基づき分離することにより微生物群集構造解析に用いられる方法である。PCR-DGGE法の詳細は、Muyzer,G., E.C.de Waal, and A.G.Uitterlinden. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. Appl. Environ. Microbiol. 59:695-700, 1993等に記載されている。¹⁰

また、純化の際は後述するような方法でDCM分解活性を測定して活性の高い菌株を選択しながら分離・純化を行うことが好ましい。

【0015】

ジクロロメタン分解活性は、公知の方法に従い、DCMに微生物を接触させてDCM分解の有無又は分解量を調べることによって検知又は測定可能である。DCMの分解の有無又は分解量を測定する方法としては、例えば、後述する実施例（実施例2）に示すDCM分解活性の測定に記載の手順に従うことができる。

また、本発明において「ジクロロメタン分解能」を有するとは、実施例2に示すDCM分解活性（単位時間に増加したタンパク質当たりの比活性）が、1.0mmol DCM/kg of protein·s以上であることが好ましく、7.0mmol DCM/kg of protein·s以上であることがより好ましい。DCM分解活性は大きければ大きいほど好ましく、特に上限は限定されないが、例えば1000mmol DCM/kg of protein·s以下がより好ましく、300mmol DCM/kg of protein·s以下がより好ましい。²⁰

【0016】

なお、本発明の微生物であるハイフォミクロビウム・ザバルジニの菌的性質は、Staley, J.T., D.R.Boone, D.J.Brenner, P.De Vos, G.M.Garrity, M.Goodfellow, N.R.Krieg, F.A.Rainey, K.H.Schleifer., Bergy's manual of systematic bacteriology, 2,C:476-494, 2005.に記載されているように、以下の菌的性質を有する。本発明のハイフォミクロビウム・ザバルジニ DN58株も、これらの性質を満たすものである。³⁰

(形態学的性質)

細胞形態：細長い菌糸の両端もしくは片端に卵形の極体を有する。体長は、菌糸の長さにもよるがおよそ3~4 μm。

コロニー形態：極めて小さく、薄い褐色

【0017】

(生理学的性質)

- ・グラム染色性：陰性
- ・無機窒素源：利用可
- ・酸素要求性：好気性
- ・栄養要求性：ジクロロメタン資化性

40

【0018】

(分類学的性質)

分類学的には、例えば16S rDNA配列を比較し相同性を確認することができる。例えば、ハイフォミクロビウム・ザバルジニのタイプ・ストレイン（基準株）であるATCC27496株との相同性を指標とすることができる。本発明の微生物は、ATCC27496株と98%以上の相同性を有することが好ましく、98.5%以上の相同性を有することがより好ましい。

尚、ハイフォミクロビウム・ザバルジニ DN58株の16S rDNAの全長の塩基配列を配列番号1に示す。当該配列を国際塩基配列データベースBLASTを利用して相性検索を行ったところ、ハイフォミクロビウム・ザバルジニと近縁であることが示され⁵⁰

たが、既知の微生物で配列が一致するものは見出せなかった。

【0019】

また、本発明の微生物は、上記細胞形態を有することが特徴的であるため、本発明の範囲に含まれる微生物であるか否かの指標となり得る。

また、本発明の微生物がハイフォミクロビウム・ザバルジニに属することの同定ないしは確認の指標として、 16S rRNA に基づく系統分類解析を行うことができる。 16S rRNA に基づく系統分類解析については、杉山純多、渡辺信、大和田絢一、黒岩常祥、高橋秀夫、徳田元／編、新版 微生物学実験法、講談社、pp.234-235、1999等に記載されている。

特に、 16S rRNA の保存性の低い領域（V領域）は生物種間で2次構造が大きくことなることが多く、種や属などの低位分類群の識別に有効である。 10

【0020】

なお、本発明の微生物は、ジクロロメタン分解能を有するものであれば野生株でも、自然変異又は人工的な手段により変異させて得られた変異株であってもよい。人工的な手段としては、紫外線や放射線の照射、N-メチル-N'-ニトロ-N-ニトロソグアニジン、N-エチル-N-ニトロソウレア、エチルメタンスルホン酸等の変異剤による処理、トランスポゾン変異や部位特異的変異などの遺伝工学的変異処理などの方法を適用できる。

【0021】

本発明の微生物を培養に用いる培地としては、本発明の微生物が生育できるものであれば特に制限はないが、液体培地が好ましい。また、DCMを添加した培地が好ましく、DCMを唯一の炭素源とする培地がより好ましい。具体的にはミネラル・塩類のみを含むとする各種最少培地に対しDCMを添加したものが好ましく、例えば後述するDCMを添加したMM培地を用いることが好ましい。DCMを培地に添加する場合、DCMは揮発性であるので密閉容器内で培養を行なうことが好ましい。DCMの培地への添加量は、DCMの飽和水溶液を0.1~200ppmの範囲とすることが好ましく、1~100ppmの範囲とすることがより好ましい。 20

なお、培地のpHは、例えば5.5~8.0とすることができます、好ましくは6.0~7.5の範囲とする。

【0022】

培養は、好気条件で行なうことができ、静置培養でも振盪培養でもよいが、回転振盪を行なうことが好ましい。培養温度は25~30℃程度の範囲が好ましい。培養時間も菌体量等に応じて適宜設定することができ、24時間から3週間程度、好ましくは5日から7日とすることができます。 30

【0023】

本発明の微生物の保管は、常法に従って行なうことができ、例えば凍結法で保管することができる。保管条件は適宜設定し得るが、例えば、凍結法であれば、終濃度20%グリセロール存在下、-80℃の条件で保管し得る。

【0024】

<DCM処理剤>

本発明のDCM処理剤は、本発明に係る微生物を含有し、そのほかに適宜担体等を含有することができる。 40

微生物の含有形態としては、特に限定されず、生菌体、凍結菌体等とすることができる。

処理剤中の微生物濃度は、 $1 \times 10^7 \sim 1 \times 10^{12}$ CFU/mLの範囲であることが好ましく、 $1 \times 10^8 \sim 1 \times 10^{11}$ CFU/mLの範囲であることがより好ましく、 $1 \times 10^9 \sim 1 \times 10^{10}$ CFU/mLの範囲であることがさらに好ましい。

担体としては液状、固形状のもので微生物が担持・保持されるものであれば何でも良いが、例えば多孔性セラミクス、活性炭、多孔性ポリマー、キトサン、おがくず、穀物殻、動植物纖維、砂、珪藻土、粉ミルク、及びそれらをスラリー化したもの等を用いることができる。DCM処理剤中の担体量は、担体の種類等によって適宜設定することができる。 50

その他、DCM処理剤は、緩衝剤、MM培地成分の塩類等を含むことができる。

【0025】

<DCM分解方法>

本発明のDCM分解方法は、本発明の微生物を用いる。具体的には、本発明の微生物をDCMと接触させることにより行うことができる。

接触の方法は、いわゆるバッチ処理方式であっても連続処理方式であってもよい。バッチ処理方式としては、具体的には、本発明の微生物又はこれを含むDCM処理剤を、DCMを含む廃液槽等に投入する等の方法で行うことができる。なお、連続処理方式の場合には適当な固定担体に本発明の微生物を担持させることが好ましい。

処理条件は、処理するDCM量等に応じて適宜設定することができ、例えば常温・常圧で行うことができるが、通常1～35℃、好ましくは15～35℃、より好ましくは25～30℃である。
10

また、DCM分解方法における微生物の使用量は、DCM処理剤で述べた範囲と同様のものとすることができる。

【実施例】

【0026】

以下に実施例により本発明をさらに具体的に説明するが、本発明の範囲は以下の実施例に限定されるものではない。

【0027】

実施例1 微生物のスクリーニング

20

DCMを唯一の炭素源とした系内でDCM分解菌の同定を行った。詳細は以下の通りである。

(試薬)

DCMは和光純薬工業社製特級試薬を使用し、飽和水溶液を作製して用いた。飽和水溶液は、69ml容のバイアルビンに飽和量以上の原液及び滅菌水を添加し、シリコン栓及びアルミニウムシールで完全に密封後、手でよく攪拌し1晩静置したものを使用した。

【0028】

(供試培地)

培地にはMM培地を用いた。培地組成を以下に示す。

・MM培地の組成

30

NH ₄ Cl	214.0 mg
K ₂ HPO ₄	117.0 mg
KH ₂ PO ₄	45.0 mg
MgSO ₄ · 7H ₂ O	120 mg
FeSO ₄ · 7H ₂ O	28 mg
Ca(NO ₃) ₂ · 4H ₂ O	4.8 mg
下記微量元素	1.0 ml
脱イオン水	1 L

【0029】

・微量元素(1L)

40

MnSO ₄ · 4 - 6H ₂ O	6.0 mg
H ₃ BO ₃	5 mg
ZnSO ₄ · 7H ₂ O	10 mg
Na ₂ MoO ₄ · 2H ₂ O	1 mg
Co(NO ₃) ₂ · 6H ₂ O	6.0 mg
NiSO ₄ · 7H ₂ O	6 mg
CuSO ₄ · 7H ₂ O	6 mg
H ₂ SeO ₄	4 mg

【0030】

(スクリーニング)

50

DCM分解菌の分離源として、茨城県内で採取した土壤及び神奈川県内の工場内のDCMを含有する廃液槽の壁面に付着した生物膜を懸濁したものを分離源とした。

100mlのMM培地を含む1200ml角型培地ビンに、土壤は3g、廃液槽の生物膜懸濁物は10mlを加え、DCM5ppmを添加した後、30℃、120rpm、2週間回転振盪による培養を行なった。2週間後にそれぞれの培養液を10mlずつ植え継いだ。この植え継ぎを繰り返した。

【0031】

植え継ぎ8回目から、オートクレーブ処理したMM培地30mlを含む155ml容バイアルビンに各サンプルを3ml加えて、ブチルゴム栓及びアルミニウムシールで密閉し、DCM5ppmを添加した後、30℃、120rpm、2週間回転振盪による培養を行なった。同様の条件でサンプルの植え継ぎを繰り返し、さらに植え継いだサンプルに対して段階希釈法による培養を行なった。段階希釈後、後述に記載のDCM分解活性を測定し、高いDCM分解性能を示したサンプルをさらに前記と同様の培養条件で植え継ぎを行なった。
10

【0032】

培養後、各サンプルの走査型電子顕微鏡(SEM)による細胞形態の形態観察を行なったところ、全てのサンプルでよく似た形態の菌体が観察された。サンプルのSEM画像の典型例を図1(a)～(e)に示す。なお、SEM画像の撮影は、凍結したサンプルを臨界点乾燥にかけた後、蒸着して、SEMを用いて10,000～15,000倍で行った。

他の菌体は観察されず、形態的特徴のよく似た菌体が多く観察されたため、この菌がDCM分解菌である可能性が示唆された。分子生物学的にDCM分解菌の純化を確認するため、PCR-DGGE法による解析を行なった。その結果、単一バンドとなったサンプルから本菌株(DN58株)を取得した。
20

【0033】

(微生物の同定)

1. 形態学的・生理学的性質

本菌株(DN58株)の細胞形態のSEM画像を図1(d)及び(e)である。図1(d)及び(e)に示すように、細長い菌糸の両端もしくは片端に卵形の極体を有する細胞が観察された。体長は、菌糸の長さにもよるがおよそ3～4μmであった。

また、本菌株のコロニー形態は極めて小さく、うすい褐色であった。

さらに、グラム染色は陰性であった。

【0034】

30

2. 16S rDNA配列

本菌株(DN58株)からtotalDNAを抽出し、抽出したゲノムDNAを鋳型としてPCRにより增幅し、シークエンス解析により16S rDNA全長のうち1460bpを決定した。この配列を配列番号1に示す。また、決定した塩基配列について、BLASTによる相同意検索にかけた結果を下記表に示す。

【0035】

【表1】

Definition	Accession No.	ATCC No.	Comparative Bases	Similarity (%)
<i>Hyphomicrobium zavarzinii</i> 16S rRNA gene, strain ZV-580	Y14306	—	1434	98.5
<i>Hyphomicrobium zavarzinii</i> 16S rRNA gene, strain ZV-622	Y14305	27496	1445	98.6
<i>Hyphomicrobium vulgare</i> 16S rRNA gene, strain IFAM MC-750	Y14302	27500	1436	97.2
<i>Hyphomicrobium</i> sp.PVC(14d)3 16S rRNA gene	AM421799	—	747	99.2
<i>Hyphomicrobium aestuarium</i> 16S rRNA gene, strain DSM1564	Y14304	—	1428	97.0
<i>Hyphomicrobium</i> sp.WG6 16S rRNA gene	AY934488	—	1360	94.4
<i>Hyphomicrobium</i> sp.SLG5B-19 16S rRNA gene	EF117253	—	1464	92.6
<i>Hyphomicrobium hollandicum</i> 16S rRNA gene, strain IFAM KB-	Y14303	27498	1438	96.7
<i>Hyphomicrobium zavarzinii</i> 16S rRNA gene, strain ZV-620	U59506	27495	1436	97.7
<i>Hyphomicrobium</i> sp.WI-1B 16S rRNA gene	U59505	—	1389	96.0

10

【0036】

上記表に示すように、本菌株はハイフォミクロビウム・ザバルジニ (*Hyphomicrobium zavarzinii*) と98%以上の相同意を示していた。(なお、ハイフォミクロビウム・ザバルジニがDCMを分解するとの報告はされていない。)

この16S rDNA配列の相同意と、前記SEMによる形態学的性質から、本菌株はハイフォミクロビウム・ザバルジニに属することを同定した。

また、*Hyphomicrobium*属のなかで、DCMを分解することが報告されている、*Hyphomicrobium denitrificans*、*Hyphomicrobium* sp.GJ21、*Hyphomicrobium* KDM2、*Hyphomicrobium* sp.KDM2、*Hyphomicrobium* sp.KDM4、*Hyphomicrobium* sp.MC8b、*Hyphomicrobium* sp.DM2とGENETYXによる塩基対合を行った結果、それぞれ91–92%の相同意であった。

【0037】

実施例2 DCM分解活性の測定

MM培地30mLを含む155mL容バイアルビンに、DN58株の培養液3mLを加えた後、DCM100ppmを添加して30℃、120rpmで振盪条件で前培養を4日間行なった。DCMの完全分解を確認した後、オートクレーブ処理したMM培地600mLを含む1リットル容メディウムビンに前培養を行った培養液99mL添加してよく混合した後、155mL容バイアルビンに33mLずつ分注してブチルゴムとアルミシールで密封したのち、DCM100ppmを添加して30℃、120rpmで回転振盪を行なった。振盪開始から0.5、8、12、16、18、20.5、22.5、24.5、26.5、29.5、32、36、40、42、44時間後にDCM分解量を測定した。

【0038】

なお、DCM分解量は、バイアルビン上部ヘッドスペース部分のガスを採取し、ガスクロマトグラフィーで測定することにより行った。ガスクロマトグラフはGC-7AG(島津製作所製)、検出器は水素炎イオン化検出器(Flame Ionization Detector:FID)を用いた。カラムにはジーエルサイエンス社製のsiliconeDC550を直徑3mm×長さ2mのガラスカラムに充填し空焼き後に使用した。また、ピークの定量には島津製作所製クロマトパック(モデルC-R6A)を使用した。DCMの測定におけるガスクロマトグラフィーの条件を下記表に示す。

30

40

【0039】

【表2】

Detector	FID
Column	Silicon DC550(3mm×2m)
Carrier gas	N ₂ (30ml/min)
Column temp.	120°C
Injection temp.	250°C
Attenuation	4
Range	10
Injection volume	200 μl

10

【0040】

さらに、ガスクロマトグラフィーで定量したDCMの系内の気相濃度を下記式から換算することにより、DCMの液相濃度を求めた。DCMのヘンリ－定数は2.68atm·l/molである。

【0041】

【数1】

$$X = C_G \cdot V_G + C_L \cdot V_L$$

$$C_L = 24.46 C_G / H$$

$$C_L = 24.46 / 10^{-3} X / (2.446 / 10^{-2} V_L + V_G / 10^{-3} \cdot H)$$

20

X:系内の総量(mg) H:ヘンリ－定数(l·atm/mol)

C_G:気相濃度(mg/l) C_L:液相濃度(mg/l)

V_G:気相体積(l) V_L:液相体積(l)

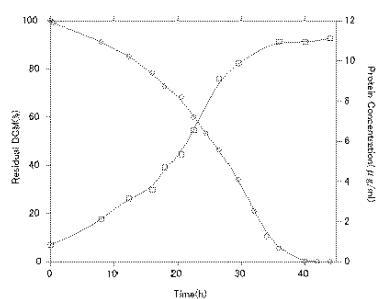
【0042】

以上の結果を図2に示す。図2中、○は液相中のDCM濃度(%)、□はタンパク質濃度(g/m²)の増減を示す。

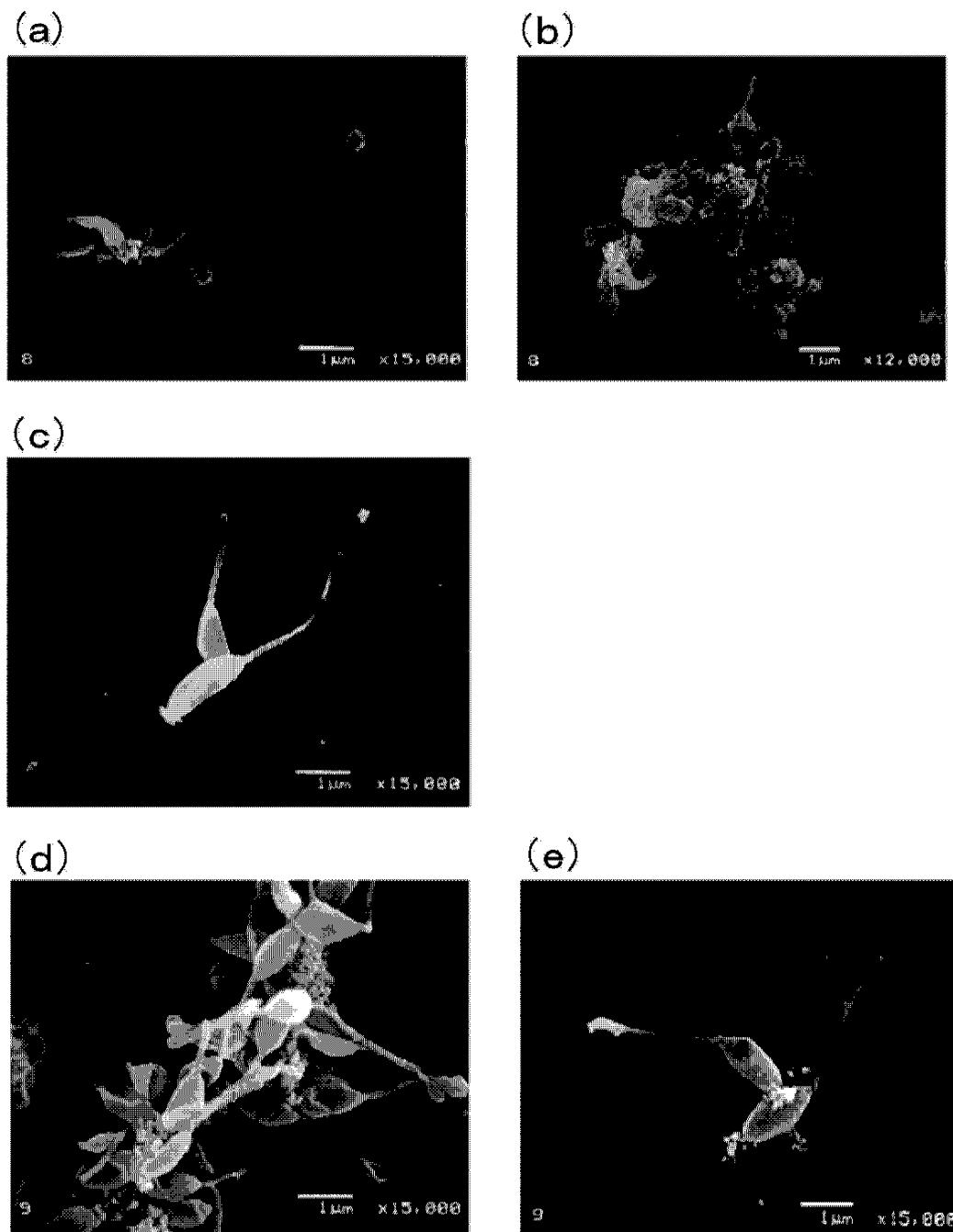
本菌株において、単位時間に増加したタンパク質当たりの比活性を算出した結果、DN58株が18.79 mmol DCM/kg of protein·s、であった。文献(G. Stucki, R. Galli, H. Ebersold and T. Leisinger, Dehalogenation of Dichloromethane by Cell Extracts of Hyphomicrobium DM2, Arch. Microbiol., 132, 366-371(1981))に記載のHyphomicrobium DM2株の単位時間に増加したタンパク質当たりの比活性は6.45 mmol DCM/kg of protein·sであることから、本菌株のDCM分解特性はDM2株より高いことが認められた。

30

【図 2】



【図1】



【配列表】
2010279337000001.app

フロントページの続き

(51)Int.Cl.

F I

テーマコード(参考)

C 1 2 N 1/20

A

C 1 2 R 1:01

A 6 2 D 101:22

(72)発明者 坂間 至朗

東京都港区赤坂9丁目7番3号 富士フィルム株式会社内

(72)発明者 長山 修

東京都港区赤坂9丁目7番3号 富士フィルム株式会社内

(72)発明者 岩崎 一弘

茨城県つくば市小野川16-2 独立行政法人国立環境研究所内

F ターム(参考) 4B065 AA01X AC20 CA54 CA55

4D040 DD03 DD11