

ОДЕСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ імені І. І. МЕЧНИКОВА

Біологічний факультет

Кафедра мікробіології, вірусології та біотехнології

Кваліфікаційна робота

на здобуття ступеня вищої освіти «магістр»

на тему «Деградація полімерних сполук морськими споротвірними
бактеріями»

«Degradation of polymeric compounds by marine spore-forming bacteria»

Виконав: здобувач денної форми
навчання

Спеціальності 162

Біотехнології та біоінженерія

ОП Біотехнології та біоінженерія

Чебанов Нікіта Сергійович

Науковий керівник:

кандидат біологічних наук, доцент

Зінченко Оксана Юріївна

Рецензент:

кандидат біологічних наук, доцент

Сорокін Андрій Вікторович

Рекомендовано до захисту:

Захищено на засіданні ЕК № _____

Протокол засідання кафедри

Протокол

№ _____ від «___» _____ р.

№ _____ від «___» _____ р.

Оцінка _____ / _____ / _____
(за національною шкалою, шкалою ECTS, бал)

Завідувач кафедри

Голова ЕК

(підпис)

Зінченко О. Ю.
(прізвище та ініціали)

(підпис)

Ямборко Г.В.
(прізвище та ініціали)

Одеса 2025

АНОТАЦІЯ

Проведено дослідження виділених з Чорного моря спороутворюючих бактерій щодо здатності до деградації синтетичних полімерів. Динаміку активності визначали методом скринінгу на агарових пластинах з додаванням тестових сполук. У геномах найбільш активних штамів проведено пошук за допомогою прихованої марковської моделі з метою виділення послідовностей ферментів, відповідальних за деградацію.

Виявлено 52 культури, здатні до розкладання синтетичних полімерів *in vitro*. Найвищу розкладаючу активність щодо імпранілу показали штами *B. velezensis* та *B. halotolerans* (B103), щодо БГЕТ – два штами *B. atrophaeus* (B82, B86). Установлено, що розкладання імпранілу активніше відбувалося при 30 °C, на розкладання біс(2-гідроксіетил)терефталату впливу температури не зафіксовано. У геномах активних культур виявлено 45 потенційних ПЕТаз, що належать до надродина α/β гідролаз.

Кваліфікаційну роботу викладено на 59 сторінках, вона містить 10 таблиць та 10 рисунків. Наведено посилання на 50 джерел літератури (1 кирилицею та 49 латиницею).

Ключові слова: синтетичні полімери, біодеградація, спороутворюючі бактерії, Чорне море, прихована марковська модель.

A study was conducted on the ability of spore-forming bacteria isolated from the Black Sea to degrade synthetic polymers. The dynamics of activity was determined by screening on agar plates with the addition of test compounds. The genomes of the most active strains were searched using hidden Markov model in order to isolate the sequences of enzymes responsible for degradation.

A total of 52 cultures capable of degrading synthetic polymers *in vitro* were identified. The highest degradative activity toward Impranil was demonstrated by the strains *B. velezensis* and *B. halotolerans* (B103), while two *B. atrophaeus* strains (B82 and B86) showed the strongest activity towards BHET. It was established that Impranil degradation proceeded more actively at 30 °C, whereas no temperature-dependent effect was observed for bis(2-hydroxyethyl) terephthalate degradation. A total of 45 potential PETases belonging to the α/β -hydrolase superfamily were identified in the genomes of the active cultures.

The qualification thesis comprises 59 pages, and includes 10 tables and 10 figures. The reference list contains 50 source (1 in Cyrillic and 49 in Latin script).

Key words: synthetic polymers, biodegradation, spore-forming bacteria, Black Sea, hidden Markov model

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ ТА АБРЕВІАТУР

БГЕТ - біс(2-гідроксиетил)терефталат

ЕГ – етиленгліколь

КЕС – карбоксилестераза

ПЕТ (ПЕТФ) – поліетилентерефталат

ПНБ естераза – пара-нітробензил естераза

МАГ ліпаза – моноацилгліцерол ліпаза

МГЕТ – моно(2-гідроксіетил)терефталат

ТК – терефталева кислота

ЗМІСТ

ВСТУП	5
1. ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ	7
1.1. Біодеградація полімерів у морському середовищі	7
1.2. Біодеградація полімерів представниками типу <i>Firmicutes</i>	10
1.3. Метод пошуку потенційних ПЕТаз	13
2. МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ	21
2.1. Місце та матеріали дослідження	21
2.2. Оцінка здатності досліджуваних культур до розкладання полімерів	23
2.3. Пошук потенційних ПЕТаз у секвенованих геномах	24
3. РЕЗУЛЬТАТИ ДОСЛІДЖЕНЬ ТА ЇХ ОБГОВОРЕННЯ	27
3.1. Зміна активності досліджуваних культур протягом двох тижнів	27
3.2. Залежність активності культур від температурного режиму	31
3.3. Залежність динаміки активності досліджуваних культур від складу полімерів та температурного режиму	32
3.4. Видовий склад активних культур	35
3.5. Пошук потенційних ПЕТаз за допомогою ПММ та PlasticDB	38
3.6. Класифікація потенційних ПЕтаз	42
3.7. Схема пошуку генів потенційних ПЕТаз	46
УЗАГАЛЬНЕННЯ	49
ВИСНОВКИ	52
СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ	54

ВСТУП

Поліетилентерефталат або ПЕТ є одним з найважливіших синтетичних полімерів, що використовуються сьогодні. Хоча пластики є корисними, через свою стійкість та інертність вони накопичуються в різноманітних природних середовищах існування, створюючи екологічну загрозу. Механічні та хімічні методи обробки пластмас, що існують на даний момент, мають перелік недоліків, включаючи великі енерговитрати чи утворення забруднюючих газів [Martín-González et al., 2024].

Тому потрібні нові технології для покращення переробки пластмас та зменшення споживання невідновлюваних викопних ресурсів. Наразі багато досліджень зосереджені на концепції біодеградації пластиків. Однак пошук нових ферментів з достатньою гідролітичною активністю є достатньо складним викликом, що створює багато труднощів. Добре охарактеризована лише невелика кількість ефективних ферментів, що розкладають ПЕТ (ПЕТаз). Потрібні додаткові дослідження для розробки ефективних стратегій біодеградації [Méndez-Zamora et al., 2024].

Хоча традиційні методи мікробіологічного культивування і показують певні результати, вони не дозволяють виділяти ПЕТази з мікроорганізмів, що важко піддаються культивуванню в лабораторних умовах та не дають уявлення про розповсюдження ПЕТаз у глобальних екологічних нішах. Тому використовуються підходи на основі прихованих марковських моделей, що відіграють важливу роль у пошуку гомологічних послідовностей. Цей метод доводить свою ефективність у виявленні ПЕТаз після перевірки на лабораторному рівні [Méndez-Zamora et al., 2024].

Серед джерел виділення майбутніх ПЕТаз, перспективним для пошуку вважається морське середовище, оскільки його умови створюють унікальне середовище, що сприяє еволюції мікроорганізмів з унікальними метаболічними профілями. До того ж, значна кількість ПЕТ потрапляє в світовий океан, що сприяє розповсюдженню генів біодеградації [Jasquin et al., 2019].

Представники роду *Bacillus*, крім широкого метаболічного профілю, є стійкими до несприятливих умов навколишнього середовища. Також потенціал штамів *Bacillus* у біодеградації пластиків підтверджується високою швидкістю поділу клітин, секрецією багатьох активних білків поза клітиною, відсутністю токсичності та патогенності цих штамів. Роди *Bacillus* мають гарну здатність до деградації і можуть адаптуватися до різних типів мікропластику [Dąbrowska et al., 2021].

З огляду на вищесказане, **метою** роботи було вивчення здатності спороутворюючих бактерій, виділених з Чорного моря, до біодеградації синтетичних полімерів.

Для досягнення вказаної мети вирішували такі задачі:

1. Визначити досліджуваних культур до біодеградації імпранілу та біс(2-гідроксіетил)терефталату.
2. Дослідити залежність активності від умов культивування.
3. Виявити відповідальні за біодеградацію ферменти за допомогою прихованих марковських моделей.
4. Дослідити поширеність цих ферментів у різних видів.

Об'єкт дослідження – мікробна біодеградація синтетичних полімерів.

Предмет дослідження – біодеградація поліетиентерефталату та імпранілу морськими споротвірними бактеріями.

Щиро вдячний наступним особам та організаціям, завдяки яким була проведена ця робота:

к.б.н., доц. Зінченко О.Ю.

к.б.н. Штеніков М.Д. та. Сащук О.В.

Germans Trias i Pujol Research Institute (IGTP), Бадалона, Іспанія

проф. Рут Шмітц-Штрайт, Christian Albrecht University of Kiel, Німеччина.

ВИСНОВКИ

1. Серед 56 культур спороутворюючих бактерій, виділених з Чорного моря, 52 були здатні до розкладання імпранілу та біс(гідроксіетил)терефталату. Найвищу розкладаючу активність щодо імпранілу показали штами *B. velezensis* (B98) та *B. halotolerans* (B103), щодо БГЕТ – два штами *B. atrophaeus* (B82, B86).

2. Майже для всіх культур з плином часу на середовищі з імпранілом незалежно від температури культивування спостерігали помітне збільшення зон просвітлення, але нових активних штамів з'являлося значно менше. На середовищі з БГЕТ, навпаки, з часом все більше нових культур починали проявляти активність, проте у вже активних культур розміри зон просвітлення, в основному, зростала незначно.

3. Протягом обох тижнів більшість високо- та середньоактивних культур проявляли значно вищу активність щодо імпранілу, тоді як активних щодо БГЕТ було у 2–2,5 рази менше. Натомість кількість низькоактивних штамів, більш активних до БГЕТ, на другому тижні зростала вдвічі порівняно з імпранілом. Для імпранілу температурний режим не впливав на активність у перший тиждень, але на другому при 30 °С активних штамів було у чотири рази більше, ніж при 37 °С. Для БГЕТ упродовж обох тижнів температурний ефект не виявлено; високоактивні штами демонстрували ту саму тенденцію.

4. Здатність до розкладання пластиків проявили представники п'яти родів мікроорганізмів (*Bacillus*, *Shouchella*, *Neobacillus*, *Peribacillus* та *Priestia*). Найбільш кількість високоактивних та середньоактивних штамів належала до роду *Bacillus*. Найчастіше активність проявляли представники видів *B. atrophaeus* та *P. frigoritolerans*.

5. У геномах активних культур виявлено 45 потенційних ПЕТаз. Усі знайдені в результаті пошуку ПММ та анотації PlasticDB ферменти мають α/β гідролазну складку, відносяться до надродини α/β гідролаз та двох родин. Родина естераз/ ліпаз включає шість груп: КЕС BACSU, КЕС GEOSE, МАГ ліпази, ліпази EstA, естерази EstB, ПНБ естерази. Родина MenH включає

СГЦГК синтази. Найбільша кількість потенційних ПЕТаз (15) була виявлена у представників виду *B. halotolerans*. Найбільш розповсюдженою потенційною ПЕТазою є КЕС BACSU – гени її синтезу зустрічаються серед представників шести видів.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

1. Іваниця В. О., Штеніков М. Д., Остапчук А. М. Факультативно-анаеробні спороутворювальні бактерії глибоководних відкладень чорного моря. *Мікробіологія і біотехнологія*. 2017. № 4. С. 94-103. DOI: 10.18524/2307-4663.2017.4(40).119560
2. Abueg L. A. L., Afgan E., Allart O. et al. The Galaxy platform for accessible, reproducible, and collaborative data analyses: 2024 update. *Nucleic Acids Research*. 2024. Vol. 52. P. 83-94. Doi: 10.1093/nar/gkae410
3. Biffinger, J. C., Barlow, D. E., Cockrell A. et al. The applicability of Impranal®DLN for gauging the biodegradation of polyurethanes. *Polymer Degradation and Stability*. 2015. Vol. 120. P. 178-185. Doi: 10.1016/j.polymdegradstab.2015.06.020
4. Bollinger A., Thies S., Katzke N., Jaeger K. E. The biotechnological potential of marine bacteria in the novel lineage of *Pseudomonas pertucinogena*. *Microb Biotechnol*. 2020. Vol. 13. P. 19-31. Doi: 10.1111/1751-7915.13288.
5. Buchholz P. C. F., Feuerriegel G., Zhang H. et al. Plastics degradation by hydrolytic enzymes: The plastics-active enzymes database-PAZy. *Proteins*. 2022. Vol. 90. P. 1443-1456. Doi: 10.1002/prot.26325
6. Chen J., Jia Y., Sun Y. et al. Global marine microbial diversity and its potential in bioprospecting. *Nature*. 2024. Vol. 633. P. 371–379. Doi: 10.1038/s41586-024-07891-2
7. Danso D., Schmeisser C., Chow J. et al. New Insights into the Function and Global Distribution of Polyethylene Terephthalate (PET)-Degrading Bacteria and Enzymes in Marine and Terrestrial Metagenomes. *Appl Environ Microbiol*. 2018. Vol. 84. P. 773-17. Doi: 10.1128/AEM.02773-17
8. Danso D., Chow J., Streit W. R. Plastics: Environmental and Biotechnological Perspectives on Microbial Degradation. *Appl Environ Microbiol*. 2019. Vol. 85. P. 95-119. Doi: 10.1128/AEM.01095-19

9. Dąbrowska G. B., Janczak K., Richert A. Combined use of *Bacillus* strains and *Miscanthus* for accelerating biodegradation of poly(lactic acid) and poly(ethylene terephthalate). *PeerJ*. 2021. Vol. 9. Doi: 10.7717/peerj.10957
10. Ercolano C., Letizia E., Biagioni C. et al. Biochemical characterisation of Sis: a distinct thermophilic PETase with enhanced nanoPET substrate hydrolysis and thermal stability. *International Journal of Molecular Sciences*. 2024. Vol. 25. Article 8120. Doi: 10.3390/ijms25158120
11. Fischer M., Pleiss J. The Lipase Engineering Database: a navigation and analysis tool for protein families. *Nucleic Acids Research*. 2003. Vol. 31. P. 319-321. Doi: 10.1093/nar/gkg015
12. Galarza-Verkovitch D., Turak O., Wiese J. et al. Bioprospecting for polyesterase activity relevant for PET degradation in marine Enterobacterales isolates. *AIMS Microbiol*. 2023. Vol. 9. P. 518-539. Doi: 10.3934/microbiol.2023027
13. Gambarini V., Pantos O., Kingsbury J.M., Weaver L., Handley K.M., Lear G. PlasticDB: a database of microorganisms and proteins linked to plastic biodegradation. *Database*. 2022. Vol. 2022. Article baac008. Doi: 10.1093/database/baac008
14. Gao R., Sun C. A marine bacterial community capable of degrading poly(ethylene terephthalate) and polyethylene. *J Hazard Mater*. 2021. Vol. 416 P. 125-128. Doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.125928
15. Gonzalez G., Chacón M., Butterfield T., Dixon N. Tuning the performance of a TphR-based terephthalate biosensor with a design of experiments approach. *Metab Eng Commun*. 2024. Vol. 19 P. 25. Doi: 10.1016/j.mec.2024.e00250
16. Han Y., Kinfu B. M., Blombach F., Cackett G. et al. A novel metagenome-derived viral RNA polymerase and its application in a cell-free expression system for metagenome screening. *Sci Rep*. 2022. Vol. 12. P. 82-96. Doi: 10.1038/s41598-022-22383-x
17. Jacquin J., Cheng J., Odobel C. et al. Microbial Ecotoxicology of Marine Plastic Debris: A Review on Colonization and Biodegradation by the "Plastisphere". *Front Microbiol*. 2019. Vol. 10. P. 865-882. Doi: 10.3389/fmicb.2019.00865

- 18.Lam K. N., Cheng J., Engel K. et al. Current and future resources for functional metagenomics. *Front Microbiol.* 2015. Vol. 6. P. 196-202. Doi: 10.3389/fmicb
- 19.Martín-González D., de la Cruz J., Reyes C. Genetic modifications in bacteria for the degradation of plastic polymers: Cut to the chase! *Microbial Biotechnology.* 2024. Vol. 17(3). P. 668-694. Doi: 10.1111/1751-7915.14694
- 20.Martín-González D., Tagarro C., Lucas A. et al. Genetic Modifications in Bacteria for the Degradation of Synthetic Polymers: A Review. *Int J Mol Sci.* 2024. Vol. 25. P. 36-55. Doi: 10.3390/ijms25105536
- 21.Méndez-Zamora A., Diaz-Vidal T., Robles-Machuca M. et al. Unveiling potential PET degrading eukaryotes through in silico bioprospecting of PETases. *Science of The Total Environment.* 2024. Vol. 948. P. 48-97. Doi: 10.1016/j.scitotenv.2024.174978
- 22.Meyer Cifuentes I. E., Wu P., Zhao Y. et al. Molecular and Biochemical Differences of the Tandem and Cold-Adapted PET Hydrolases Ple628 and Ple629, Isolated From a Marine Microbial Consortium. *Front Bioeng Biotechnol.* 2022. Vol. 10. P. 93-140. Doi: 10.3389/fbioe.2022.930140
- 23.Möller L., Vainshtein Y., Meyer B. et al. Rich microbial and depolymerising diversity in Antarctic krill gut. *Microbiol Spectr.* 2024. Vol. 12. P. 403-523. Doi: 10.1128/spectrum.04035-23
- 24.Oliveira J., Belchior A., Verônica D. et al. Marine Environmental Plastic Pollution: Mitigation by Microorganism Degradation and Recycling Valorization. *Frontiers in Marine Science.* 2020. Vol. 7. P. 526-567. Doi: 10.3389/fmars.2020.567126
- 25.Ozhelvaci F., Steczkiewicz K. α/β Hydrolases: Toward Unraveling Entangled Classification. *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics.* 2025. Vol. 93. P. 855-870. Doi: 10.1002/prot.26776
- 26.Perz V., Baumschlager A., Bleymaier K. et al. Hydrolysis of synthetic polyesters by *Clostridium botulinum* esterases. *Biotechnology and Bioengineering.* 2016. Vol. 113(5). p. 1024-1034. Doi: 10.1002/bit.25874

27. Perez-García P., Danso D., Zhang H. et al. Exploring the global metagenome for plastic-degrading enzymes. *Methods Enzymol.* 2021. Vol. 648. P. 137-157. Doi: 10.1016/bs.mie.2020.12.022
28. Perez-Garcia P., Chow J., Costanzi E. et al. An archaeal lid-containing feruloyl esterase degrades polyethylene terephthalate. *Communications Chemistry.* 2023. Vol. 6. Article 193. Doi: 10.1038/s42004-023-00998-z
29. Purohit J., Chattopadhyay A., Teli B. Metagenomic Exploration of Plastic Degrading Microbes for Biotechnological Application. *Curr Genomics.* 2020. Vol. 4. P. 253-270. Doi: 10.2174/1389202921999200525155711
30. Qi X., Ji M., Yin C. F. et al. Glacier as a source of novel polyethylene terephthalate hydrolases. *Environ Microbiol.* 2023. Vol. 12. P. 2822-2833. Doi: 10.1111/1462-2920.16516
31. Ribitsch D., Heumann S., Trotscha E. et al. Hydrolysis of polyethyleneterephthalate by p-nitrobenzylesterase from *Bacillus subtilis*. *Biotechnol Prog.* 2011. Vol 27. P. 951-60. Doi: 10.1002/btpr.610
32. Ridley R. S. Jr., Conrad R. E., Lindner B. G. et al. Potential routes of plastics biotransformation involving novel plastizymes revealed by global multi-omic analysis of plastic associated microbes. *Sci Rep.* 2024. Vol. 14. P. 87-98. Doi: 10.1038/s41598-024-59279-x
33. Roberts C., Edwards S., Vague M. et al. Environmental Consortium Containing *Pseudomonas* and *Bacillus* Species Synergistically Degrades Polyethylene Terephthalate Plastic. *mSphere.* 2020. Vol. 5. P. 151-20. Doi: 10.1128/mSphere.01151-20
34. Sayers E. W., Beck J., Bolton E. et al. Database resources of the National Center for Biotechnology Information in 2025. *Nucleic Acids Research.* 2025. Vol. 53. P. 0-29. Doi: 10.1093/nar/gkae979
35. Sievers F., Higgins D. G. Clustal Omega for making accurate alignments of many protein sequences. *Protein Science.* 2018. Vol. 27. P. 135-145. Doi: 10.1002/pro.3290

36. Stevensen J., Janatunaim R. Z., Ratnaputri A. H. et al. Thermostability and Activity Improvements of PETase from *Ideonella sakaiensis*. *ACS Omega*. 2025. Vol. 10. P. 6385–6395. Doi: 10.1021/acsomega.4c05142
37. Sui B., Xu Y., Zhang D. et al. Recent advances in the biodegradation of polyethylene terephthalate (PET) by microbial and enzymatic means. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2023. Vol. 234. P. 123–149. Doi: 10.1016/j.ijbiomac.2023.123156
38. Turak O., Gagsteiger A., Upadhyay A., Kriegel M., Salein P., Böhnke-Brandt S., Agarwal S., Borchert E., Höcker B. A third type of PETase from the marine Halopseudomonas lineage. *Protein Science*. 2025. Vol. 34(10). Doi: 10.1002/pro.70305
39. Skowron-Kandzia K., Mielczarek-Wróblewska A., Walczak-Lukaszewska D. et al. Environmental Airborne Fungi in Oleophobic and Chemical Protective Clothing Used in Industrial Environments. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 2022. Vol. 19(11). P. 63-82. Doi: 10.3390/ijerph19116382
40. Vidal P., Martínez-Martínez M., Fernandez-Lopez L. et al. Metagenomic Mining for Esterases in the Microbial Community of Los Ruedos Acid Mine Drainage Formation. *Front Microbiol.* 2022. Vol. 13. P. 868-839. Doi: 10.3389/fmicb.2022.868839
41. Vidal P., Robles-Martín A., Fernandez-Lopez L. et al. Unlocking a Key Residue in a Lipase for Efficient Polyethylene Terephthalate (PET) Hydrolysis and Influencing Depolymerization Product Profiles. *ChemCatChem*. 2024. Vol. 16. P. 224-265. Doi: 10.1002/cctc.202400765
42. Weber G., Bornscheuer U. T., Wei R. Enzymatic Plastic Degradation. *Elsevier Science*. 2021. Vol. 7. P. 145–151. DOI: 10.1016/S0076-6879(21)00076-8
43. Weigert S., Perez-Garcia P., Gisdon F. J. et al. Investigation of the halophilic PET hydrolase PET6 from *Vibrio gazogenes*. *Protein Sci.* 2022. Vol. 31. P. 4500-4517. Doi: 10.1002/pro.4500

44. Welden N. A., Cowie P. R. Degradation of common polymer ropes in a sublittoral marine environment. *Mar Pollut Bull.* 2017. Vol. 118. P. 248-253. Doi: 10.1016/j.marpolbul.2017.02.072
45. Wright R. J., Bosch R., Langille M. G. I. et al. A multi-OMIC characterisation of biodegradation and microbial community succession within the PET plastisphere. *Microbiome.* 2021. Vol. 9. P. 141. Doi: 10.1186/s40168-021-01054-5
46. Yoshida S., Hiraga K., Takehana T. et al. A bacterium that degrades and assimilates poly(ethylene terephthalate). *Science.* 2016. Vol. 351. P. 1196-9. Doi: 10.1126/science.aad6359
47. Zhang H., Dierkes R. F., Perez-Garcia P. et al. The metagenome-derived esterase PET40 is highly promiscuous and hydrolyses polyethylene terephthalate (PET). *FEBS J.* 2024. Vol. 291. P. 70-91. Doi: 10.1111/febs.16924
48. Zhou H., Shi S., You Q. et al. Polyethylene Terephthalate Hydrolases in Human Gut Microbiota and Their Implications for Human Health. *Microorganisms.* 2024. Vol. 12. P.138. Doi: 10.3390/microorganisms12010138
49. Zinchenko O. Yu., Chebanov N. S., Shtenikov M. D. Screening of marine spore-forming bacteria degrading polymer materials. *MICROBIOLOGY & BIOTECHNOLOGY.* 2024. Vol. 62. P. 33-49. Doi: 0.18524/2307-4663.2024.3(62).316747
50. Zrimec J., Kokina M., Jonasson S. et al. Plastic-Degrading Potential across the Global Microbiome Correlates with Recent Pollution Trends. *mBio.* 2021. Vol. 12. P. 155-121. Doi: 10.1128/mBio.02155-21