

平成 30 年 6 月 7 日現在

機関番号：17201

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2015～2017

課題番号：15K07362

研究課題名(和文) 白麹菌に特徴的なクエン酸高生産機構の解明

研究課題名(英文) Identification of the genes that involved in the selective production of citric acid by white koji mold *Aspergillus kawachii*

研究代表者

後藤 正利 (Goto, Masatoshi)

佐賀大学・農学部・教授

研究者番号：90274521

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,800,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、焼酎製造に用いられる白麹菌 *Aspergillus kawachii* を特徴づけている性質の一つであるクエン酸の特異的な高生産に関わる遺伝子の同定を目的とした。白麹菌の遺伝子破壊株の解析により、クエン酸とリンゴ酸の生産性に影響を及ぼす遺伝子を見出した。中でもミトコンドリア局在性リンゴ酸-クエン酸輸送体と推定される CtpA は、白麹菌のクエン酸の特異的な生産に関与していることが推察された。イタコン酸生産菌 *A. itaconicus* cadA1 遺伝子が cis-アコニット酸脱炭酸酵素であることを同定して、白麹菌に導入することで、白麹菌にイタコン酸生産能を新たに付与することに成功した。

研究成果の概要(英文)：We attempted to elucidate the mechanism for hyperproduction of citric acid by white koji mold, *Aspergillus kawachii* which has been used for brewing shochu. Omics analyses allowed to predict at least 36 genes of *A. kawachii* that were candidate for the genes that are related with hyper and selective production of citric acid. Thirtysix genes were respectively disrupted in *A. kawachii*. The productivity of organic acids by the disruptants was compared to that by wt strain. We found the genes that affected the production ratio of citric acid and malic acid, the genes that affected the productivity of both citric acid and malic acid. Among 36 genes, the ctpA gene encoding mitochondrial citrate-malate transporter are in part associated with hyperproduction of citric acid by *A. kawachii*. We successfully introduced *A. itaconicus* cadA1 gene into *A. kawachii*, leading to producing valuable organic acid, itaconic acid.

研究分野：応用微生物学

キーワード：Aspergillus 麹菌 有機酸生産 遺伝子破壊 ゲノム

1. 研究開始当初の背景

おもに温暖な地域で製造される焼酎には、糖質分解酵素を高生産することに加え、製造時のもろみの pH を低く保ち雑菌の増殖を防ぐためにクエン酸を高生産する焼酎麹菌、黒麹菌 *A. awamori* あるいはその自然突然変異株である白麹菌 *A. kawachii* が用いられる。この焼酎麹菌によるクエン酸高生産性は、清酒製造に用いられる黄麹菌 *A. oryzae* には見られない性質であり、白麹菌を特徴づけている。一部の糸状菌が大量生産するクエン酸は、産業界において年間約 1400 万トン製品化されている。クエン酸は、黒アスペルギルス *A. niger*、*A. awamori* や *A. kawachii* によって大量につくられる。しかしながら、アスペルギルス属糸状菌がどのような遺伝子の働きによって、またどのような代謝経路の制御によってクエン酸を選択的に大量に生産するのか、そして類似の遺伝的背景を持つ黄麹菌などの菌では、なぜクエン酸が高生産されないのかの分子機構はほとんどわかっていない。先の基盤研究(C)(24580116)における研究成果によって白麹菌 *A. kawachii* を宿主として、分生生物学的手法を導入することが可能になった。また、ゲノム解析及びトランスクリプトーム解析によって、麹菌によるクエン酸高生産性に関与する 36 の遺伝子候補を選抜した。

一方、イタコン酸は不飽和ジカルボン酸であり、プラスチック、樹脂、合成繊維のモノマー原料として米国 DOE で重要な building block chemical のひとつに認定されている。イタコン酸は *Aspergillus itaconicus* 及び *A. terreus* においてのみ生産されることが知られている。イタコン酸は、TCA 回路中でクエン酸から脱水されて *cis*-aconitic acid へ変換されたのち、さらに細胞質の *cis*-aconitic acid decarboxylase (CAD) によって脱炭酸されることで合成され、最終的に培地へ分泌生産される。*A. terreus* の *cad* 遺伝子は *A. niger* や *A. oryzae* に導入された報告があるが、イタコン酸の生産量は大きくはない。白麹菌は安全な菌であり、クエン酸を高生産するため、イタコン酸生産のための基質の供給にとって適している。また、pH3 程度の酸性条件でも生育する。*A. itaconicus* は生育が著しく悪いため、白麹菌でイタコン酸を生産させることは培養期間を短くするメリットもある。これまでに白麹菌に *A. itaconicus* 由来の推定 *cad* 遺伝子を導入して、イタコン酸生産能を付与する白麹菌の育種を行っていたが、白麹菌によるイタコン酸の生産には至らなかった。

2. 研究の目的

本研究では、焼酎製造に用いられる白麹菌 *A. kawachii* を特徴づけている性質の一つであるクエン酸の高生産機構の解明を目指すため、クエン酸の特異的な高生産に寄与する遺伝子の同定を目的とした。

さらに、本研究では *A. itaconicus* の CAD の同定とともに、イタコン酸を生産する白麹菌の育種も研究目的とした。

3. 研究の方法

(1) 使用菌株及び使用培地

白麹菌 *A. kawachii* NBRC 4308(*ΔligD, sC*) の *argB*⁻ 株、あるいは *argB*⁺ 株を形質転換用宿主菌として使用した。白麹菌遺伝子破壊株の有機酸生産誘導培地として MOA 培地 (0.3% (NH₄)₂SO₄、0.01% KH₂PO₄、0.05% MgSO₄·7H₂O、0.05 mg/l FeSO₄·7H₂O、2.5 mg/l CuSO₄·5H₂O、0.6 mg/l ZnSO₄·7H₂O、10% Glucose、pH4.0)を用いた。必要に応じて 1 mM アルギニン、1mM メチオニンを MOA に添加した。

(2) 白麹菌の遺伝子工学実験

先に公開した *A. kawachii* のゲノム情報をもとにプライマーを作成し fusion PCR 法で、破壊遺伝子の 5' -非翻訳領域配列 (UTR)-選択マーカー遺伝子 (*pyrG* 遺伝子破壊の場合はマーカー遺伝子無し) -3' UTR からなる遺伝子破壊カセットを構築した。選択マーカー遺伝子として、アルギニン合成に関与する ornithine carbamoyltransferase をコードする *argB* を用いた。クエン酸/リンゴ酸輸送体 *ctpB* 遺伝子 (AKAW_10240) 破壊株作成には *sC*⁺ マーカーを用いた。*ctpB* 遺伝子及び *ctpA* (AKAW_03754) 遺伝子の 2 重破壊株の作成には、*ctpA* 破壊株に *sC*⁺ マーカーを保有する *ctpB* 破壊遺伝子ベクターを導入して作成した。*A. kawachii* の形質転換は、プロトプラスト-PEG 法により行った。選抜した形質転換体から genomic DNA を抽出し、PCR 法により、遺伝子破壊を確認した。

(3) 白麹菌破壊株の有機酸生産量測定

白麹菌の孢子懸濁液を調製し、1 x 10⁵ spores/ml となるよう MOA 液体培地に接種した。100 ml MOA培地を含む 500 ml 容バツフルスラスコで 30、160 rpm、7 日間回転培養した。培養上清を Millex-LG PTFE 0.22 μm フィルター (ミリポア製) で濾過して、試料とした。試料を Aminex HPX-87H カラム (300 x 7.8 mm、バイオラド製) を 2本タンデムに連結した HPLC に供し、A210 nm の吸光度を測定することで有機酸を定量した。グルコース量は、同様の HPLC で RID 検出器によって検出、定量した。菌体重量は、培養停止後、菌体を水で洗浄後、凍結乾燥して、重量を測定した。各菌株の培養については、3連で実験を行った。野生株に対する各破壊株の有機酸生産量、残存グルコース量、菌体重量、クエン酸とリンゴ酸の生産量の比率を算出した。統計解析は t 検定を行った。

4. 研究成果

(1) 白麹菌の破壊遺伝子

白麹菌 *A. kawachii* のゲノム解析やマイクロアレイ解析によって、白麹菌によるクエン酸の高生産性に寄与する 36 の候補遺伝子を選抜し、それらの破壊株が先の研究で構築さ

れ、一部の破壊株のクエン酸生産量が調べられた。新たに AKAW_10240 (推定ミトコンドリア局在クエン酸輸送体 (CtpB) の破壊株を構築した。破壊遺伝子は、推定ミトコンドリア局在性輸送体 (15)、代謝酵素 (7)、転写制御因子 (8)、機能未知 (3)、植物の有機酸輸送体オソログ (4) である。さらに AKAW_03754 (*ctpA*) と AKAW_10240 (*ctpB*) を同時に破壊した 2 重破壊株を構築した。

(2) 白麹菌の遺伝子破壊株の有機酸生産性
白麹菌の遺伝子破壊株をクエン酸生産用の液体培地にて 7 日間培養して、クエン酸及びリンゴ酸の生産量に加えて、グルコース残量、菌体量を測定した。また、破壊株のクエン酸とリンゴ酸の生産量バランス (C/M) を野生株と比較して、クエン酸生産の特異性を評価した。

白麹菌-黄麹菌間での比較ゲノム解析により選抜された遺伝子破壊株について野生株との代謝物の比較を行ったところ (図 1)、C4 ジカルボン酸輸送体 AKAW_02799、推定ミトコンドリア輸送体 AKAW_05736、ミトコンドリア局在ピルビン酸カルボキシラーゼ (AKAW_08633) をコードする遺伝子の破壊によって、グルコース消費量、菌体量、有機酸量 (リンゴ酸、クエン酸) が増加する傾向にあった。クエン酸量とリンゴ酸量の比はほとんど変化がなかった。従って、これらの遺伝子の破壊は解糖系やクエン酸回路を強化することに関係するが、クエン酸生産の特異性には関与しないことが示唆された。

酵母菌の転写因子 *RTG2* は、その遺伝子破壊によりクエン酸生産量の減少、高発現によりクエン酸生産量の増加が報告されている。白麹菌オソログ AKAW_02165 の破壊株の培養液の代謝物について調べた (図 1)、AKAW_02165 の破壊株のグルコース消費量や菌体量は野生株と変わらず、またクエン酸の生産量は野生株と変わらずに、リンゴ酸の生産量が約 1/2 に低下しており、クエン酸/リンゴ酸の生産バランスがよりクエン酸高生産側に変動していた。すなわち酵母 *rtg2* 破

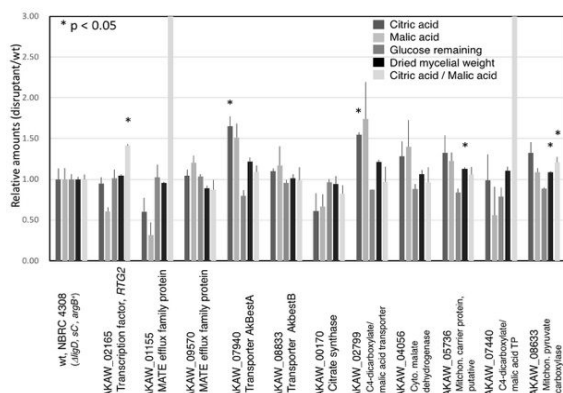


図 1. 白麹菌野生株と遺伝子破壊株による代謝物量の比較 (比較ゲノムおよび研究報告例を参考に選抜した遺伝子の破壊株)

壊とは異なったクエン酸生産性を示した。AKAW_02165 は、解糖系の制御ではなく、有機酸生産バランスを制御している転写因子であることが示唆された。

植物での細胞膜でのクエン酸の輸送に関与する MATE efflux protein と *A.nidulans* でクエン酸の細胞膜輸送に関与していると報告されているベストロフィンタンパク質 (Best1) の白麹菌オソログの遺伝子破壊株については、MATE efflux protein、AKAW_01155 破壊株でグルコース消費量や菌体量は変わらず、統計的有意差がないがクエン酸量、リンゴ酸の生産量がより減少する傾向にあった。植物同様に有機酸の細胞外への排出に関与している可能性が示唆された。一方、AKAW_07940 (*bestA*) 破壊株においては、グルコース消費量と菌体量が増加するに伴い、クエン酸、リンゴ酸の生産量がともに増加した。本破壊株では、解糖系が強化され TCA 回路が活性化されて、有機酸生産量が増加した可能性が高い。

ついで白麹菌のクエン酸高生産誘導条件下で発現変動した遺伝子の破壊株について代謝物量を野生株と比較した (図 2、3)。転写因子と推定されている *rasA* (AKAW_03658) 及び *nosA* (AKAW_09811) の各遺伝子の破壊株については、グルコース消費量や菌体量は変わらず、クエン酸とリンゴ酸の生産量がともに増加しており、TCA 回路の活性化が見られた。一方、推定 C6 transcription factor (AKAW_02766) の遺伝子破壊株については、グルコース消費量や菌体量は変わらず、上記 2 つの転写因子破壊株とは逆にクエン酸とリンゴ酸の生産量がともに減少しており、TCA 回路の抑制が見られた。したがって、AKAW_3658 及び AKAW_09811 は、クエン酸とリンゴ酸の生産バランスには関与しないが TCA 回路の活性化に負に制御、AKAW_02766 は正に制御している可能性が示唆された。bZip transcription factor (AKAW_06968) の破壊株は、グルコース消費量と菌体量が増加して、

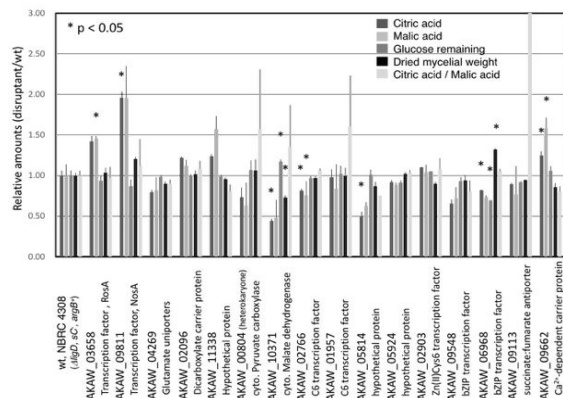


図 2. 白麹菌野生株と遺伝子破壊株による代謝物量の比較 (クエン酸生産誘導時に発現変動した遺伝子の破壊株)

クエン酸とリンゴ酸がともに減少した。したがって、解糖系及び解糖系から分岐する菌体

生合成経路の活性化の制御から、TCA 回路への活性発現の制御に関係していることが推定された。すなわち、AKAW_06968 は解糖系及び解糖系から分岐する菌体生合成経路の活性化を負に制御して、TCA 回路の活性化を正に制御していることが示唆された。

発現変動遺伝子のうち、TCA 回路中及び代謝マップ上の TCA 回路近傍で作用する代謝酵素をコードする遺伝子の破壊株と野生株の代謝物の比較を行った。ホスホグリセリン酸ムターゼ (AKAW_03245)、細胞質ピルビン酸カルボキシラーゼ (AKAW_00804、ヘテロカリオンのためデータにばらつきあり) の破壊株は、グルコース消費量や菌体量が減少する傾向を示し、クエン酸量とリンゴ酸量が減少し、それらの生産バランスが減少する傾向にあった。これらの代謝酵素は解糖や細胞質での還元的 TCA 回路において直接的に反応に関わるものであり、遺伝子の破壊によりカーボンフローが変わり、TCA 回路での有機酸の合成量に影響を及ぼしたものと推察した。

発現変動が認められた 3 種の機能未知遺伝子の破壊株については、AKAW_05814 破壊株においてのみ、代謝物特性が野生株のものとなった。AKAW_05814 破壊株では、グルコース消費量や菌体量は野生株と変わらないものの、特にクエン酸量とリンゴ酸量が減少し、それらの生産バランスにおいてクエン酸比が減少する傾向にあった。

推定ミトコンドリア局在性輸送体をコードする遺伝子の破壊株の代謝物を野生株のものと比較した(図2、3)。推定ミトコンドリアキャリアタンパク質 (AKAW_05213) 遺伝子破壊株はグルコース消費と菌体量が増加して、クエン酸とリンゴ酸がともに増加したが、そのバランスに変化はなかった。一方、推定Ca²⁺依存性キャリアタンパク質 (AKAW_09662) 及び推定キャリアタンパク質 (AKAW_00314) の遺伝子破壊株では、グルコース消費量や菌体量は野生株と変わらないものの、クエン酸量と特にリンゴ酸量が増加し、それらの生産バランスにおいてクエン

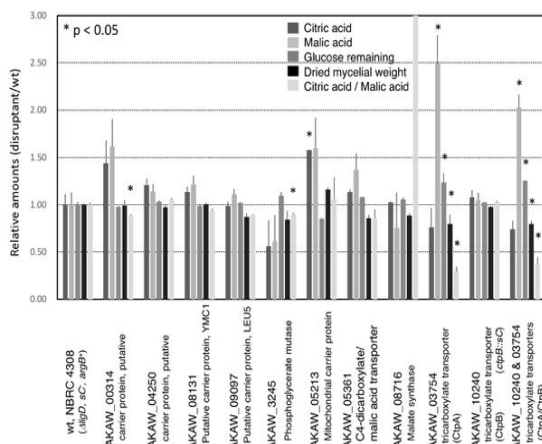


図 3. 白麹菌野生株と遺伝子破壊株による代謝物量の比較

酸が減少する傾向にあった。遺伝子破壊によ

て、ミトコンドリアマトリックスでのこれらの輸送化合物量の変化が、有機酸生産バランスに小さい影響を与えているものと推察した。白麹菌にはミトコンドリア膜に局在するクエン酸-リンゴ酸シャトル (Ctp、リンゴ酸をミトコンドリアマトリックスへ輸送してクエン酸をミトコンドリア外へ排出する) が2つ存在する。発現変動を示した AKAW_03754 (*ctpA*) と発現変動を示さないが黄麹菌の *ctp* オルソログとは異なった構造の AKAW_10240 が存在する。AKAW_03754 破壊株では、野生株に比べグルコース消費と菌体量が減少して、クエン酸量が25%程度減少傾向にあり、リンゴ酸が250%へ増加し、クエン酸/リンゴ酸比が25%に低下した。AKAW_10240の代謝物量については、親株と相違はなかった。さらに2つの *ctp* 遺伝子を同時に破壊した AKAW_03754 / AKAW_10240の二重破壊株を構築して、その代謝物量を調べた。AKAW_03754 / AKAW_10240破壊株の代謝物量はAKAW_03754のものと同様であった。クエン酸-リンゴ酸シャトルをコードする遺伝子は *A. niger* においてクエン酸の特異的な高生産に重要な遺伝子と予想されていたが、実験的には証明されていなかった。AKAW_03754は本研究で見出した中で最もクエン酸とリンゴ酸の生産バランスに影響を及ぼす遺伝子であった。AKAW_03754がクエン酸-リンゴ酸シャトルであれば、AKAW_03754の破壊により、細胞質のリンゴ酸がミトコンドリアマトリックスへ輸送されず、逆にミトコンドリアマトリックスのクエン酸がミトコンドリア外に排出されずAKAW_03754破壊株では細胞外のリンゴ酸の上昇、クエン酸の減少が生じたことと矛盾しない。

以上の破壊株を用いた実験結果より、クエン酸/リンゴ酸の生産バランスに影響を及ぼす遺伝子として、転写因子Rtg2 (AKAW_02165)、MATE efflux protein (AKAW_01155)、機能未知遺伝子 (AKAW_05814)、推定Ca²⁺依存性キャリアタンパク質 (AKAW_09662)、推定キャリアタンパク質 (AKAW_00314) が、CtpA (AKAW_03754) に比べその影響は小さいが見出された。

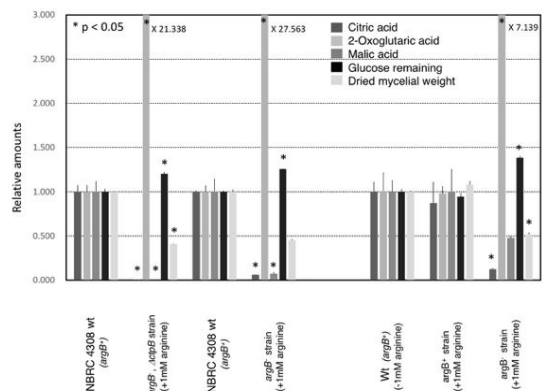


図 4. 白麹菌 argB 破壊株 (argB⁻) と野生株 (argB⁺) による代謝物量の比較

(3) アルギニン代謝と有機酸生産

上記研究の進行中、構築した破壊株 (AKAW_10240::sC, *argB* 株) がクエン酸やリンゴ酸をほとんど生産せず、代わりに 2-オキソグルタル酸を野生株に比べおよそ 20 倍も著量生産することを見出した (図 4)。また、この際にグルコース消費は抑制されており、菌体量も野生株に比べて半分以下に低下していた。すなわち解糖や TCA 回路が抑制されていることがわかった。さらにこの現象は AKAW_10240 の破壊によるものではなく、単に *argB* 株に特有な表現型であり、*argB* 株を培養する際に添加したアルギニンによるものではないことも確認した。*argB* はオルニチンカルバモイルトランスフェラーゼ (OCTase) をコードしており、OCTase は 2-オキソグルタル酸から生じたオルニチンとカルバモイルリン酸からアルギニンの前駆体であるシトルリンを合成する反応を触媒する。アルギニン合成系と TCA 回路のフロー制御、有機酸バランスとの関係について明らかにする必要がある。

(4) *A. itaconicus* の *cad* 遺伝子の同定

既に同定されている *A. terreus* NIH2624 株の *cad* 遺伝子の配列と、*A. itaconicus* NBRC 4336 株のドラフトゲノム配列をプラストにより比較した結果、二つの相同配列が見つかった。*AtCad* と 68%、45% のアミノ酸配列相同性を示すものを、それぞれ *CadA1*、*CadA2* とした。各 *Cad* のいずれかが *cis*-アコニット酸脱炭酸活性を示すか否かを明らかにするために、*cadA1* および *cadA2* 遺伝子 (cDNA) をそれぞれ発現ベクター pET22b に挿入して、大腸菌で発現させた。SDS-PAGE により、*CadA1* 及び *CadA2* の目的のサイズに明瞭なバンドが検出され発現を確認できた。しかし、ともに不溶化した。培養条件の検討を行い *CadA1* のみ可溶化に成功した。*CadA1* 発現菌体破碎物の可溶化画分を用いて *cis*-アコニット酸を基質として酵素反応を行った結果、*CadA1* 発現可溶化画分において活性は弱いがいタコン酸への変換活性が検出された (図 5)。従って、少なくとも *CadA1* は *A. itaconicus* の *cis*-aconitic acid decarboxylase であるこ

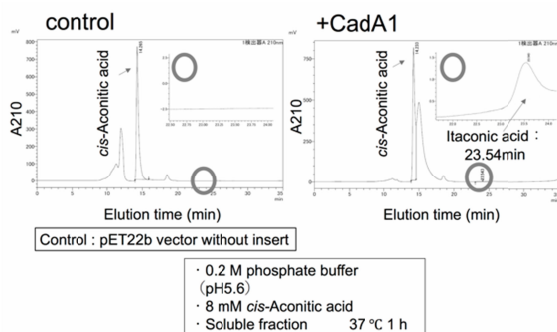


図 5. HPLC による *CAD1* 発現菌体抽出液の *CAD* 活性測定

とを明らかにした。

(5) イタコン酸を生産する白麹菌の育種

これまでに、*cadA1* と *cadA2* を *gpdA* (glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase) 遺伝子のプロモーター下流に挿入して白麹菌に導入した。しかしながら、*cadA1* と *cadA2* のそれぞれの導入株の細胞内外でイタコン酸生産は認められなかった。そこで、*cadA1* と *cadA2* を *tetON* プロモーターを保有する pVG2.2ANsC ベクターに挿入して、白麹菌 *A. kawachii* の *argB* 株と *argB*⁺ 株に導入した。

cadA1 及び *cadA2* を導入した形質転換体をそれぞれ 24 株、18 株取得した。形質転換体を発現誘導物質であるドキシサイクリン存在下で有機酸生産培地にて培養を行い、培養上澄のイタコン酸生産性を HPLC によって調べた (図 6)。その結果、宿主として使用した *argB*⁻ 株、*argB*⁺ 株のいずれにおいても、イタコン酸の生産は確認できなかつた。また、白麹菌宿主菌と同様に *cadA2* を導入した形質転換体でもイタコン酸の生産を確認できなかった。*cadA2* では、大腸菌にて可溶化発現できず、*CAD* 活性の確認ができなかつたが、*CadA2* は *cis*-aconitic acid を基質とする脱炭酸酵素ではないことが示唆された。*cadA1* を導入した形質転換体では、生産量に変化があるが、イタコン酸の生産が認められた。すなわち *A. itaconicus* の *CadA1* が真の *cis*-aconitic acid decarboxylase であることが明らかになった。

培養開始時よりも、72 時間後に Dox を添加した方がより高いイタコン酸生産量を示す形質転換体の割合が高い傾向にあった。最も高いイタコン酸生産量を示したもので宿主 *argB*⁻ 株では 1 週間培養で 0.34g/l、2 週間後で 1.00g/l、宿主 *argB*⁺ 株では 1 週間後 0.58g/l、2 週間後で 1.65g/l のイタコン酸を生産した (図 6)。

白麹菌形質転換体 *cadA1*+3 株のイタコン酸の生産量とともに、他の有機酸の生産量を経時的に調べた。*Cad* の基質である *cis*-aconitic acid の濃度は培養期間中低く維持されており、クエン酸が大量に残存していた (図 7)。イタコン酸は、クエン酸、*cis*-aconitic acid、イタコン酸とへ変換されることで生産される。クエン酸から *Cad* の基質である *cis*-アコニット酸への変換効率の向上と細胞質内での *cis*-アコニット酸を維持させることで、残存クエン酸の消費促進

Itaconic acid production by *A. kawachii* transformants

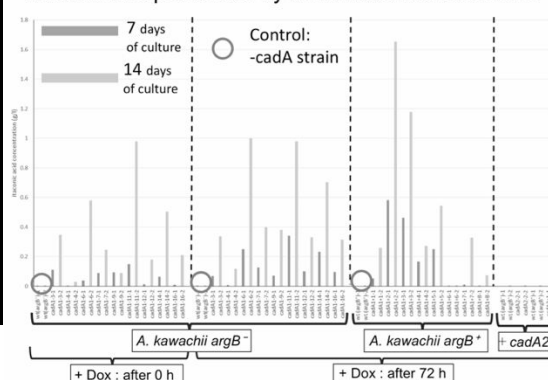


図 6. 白麹菌形質転換株のイタコン酸生産性

とイタコン酸の生産量向上につなげることができると推察した。

以上 *A. itaconicus* の *cis*-aconitic acid decarboxylase が CadA1 であることを同定して、白麹菌に初めてイタコン酸を生産させることに成功した。

Production of various organic acids by strain cadA1+3

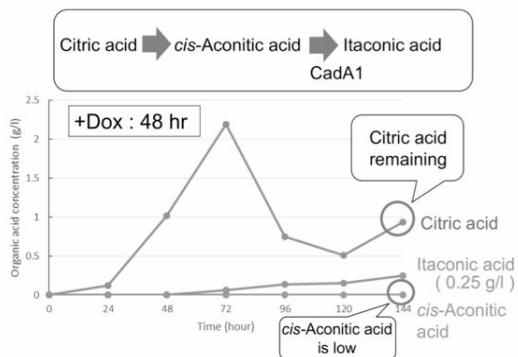


図7. 白麹菌形質転換体 cadA1+3 によるイタコン酸、*cis*-アコニット酸、クエン酸の生産

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 4件)

二神泰基, 後藤正利. (2016) 焼酎製造に用いられる白麹菌のゲノム解析と育種基盤の開発. *バイオサイエンスとインダストリー*, 査読無, 74(5): 402-405.

後藤正利. (2016) 焼酎麹菌らしさを知り、さらに活用する. *温古知新*, 査読無, 53:43-49.

Kadooka, C, Onitsuka, S, Uzawa, M, Tashiro, S, Kajiwara, Y, Takashita, H, Okutsu, K, Yoshizaki, Y, Takamine, K, Goto, M, Tamaki, H, Futagami, T. (2016) Marker recycling system using the *sC* gene in the white koji mold, *Aspergillus luchuensis* mut. *kawachii*. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 査読有 62(3)160-163.

Futagami, T., Mori, K., Wada, S., Ida, H., Kajiwara, Y., Takashita, H., Tashiro, K., Yamada, O., Omori, T., Kuhara, S., and Goto, M. (2015) Transcriptomic analysis of temperature responses of *Aspergillus kawachii* during barley koji production. *Appl. Environ. Microbiol.* 査読有, 81 (4) 1353-1363.

[学会発表](計 9件)

野中咲希, 久保真紀, 二神泰基, 高下秀春, 小林元太, 後藤正利. *Aspergillus itaconicus* の *cad* 遺伝子の同定と白麹菌のイタコン酸生産能の獲得. 日本農芸化学会 2018 年度大会(名古屋). 2018.3.16.

門岡千尋, 泉津弘佑, 奥津果優, 吉崎由美子, 高峯和則, 後藤正利, 玉置尚徳, 二神泰基. 白麹菌におけるミトコンドリア局在型ク

エン酸輸送体 CtpA と YhmA の機能解析. 第 17 回糸状菌分子生物学コンファレンス, 佐賀市立東与賀文化ホール. 2017.11.16.

(口頭発表及びポスター発表)

後藤正利. ゲノム情報をもとに焼酎麹菌らしさを明らかにする. 単式蒸留焼酎業伝統技術継承発展勉強会. 福岡県中小企業振興センター. 2017.8.30.

門岡千尋, 泉津弘佑, 奥津果優, 吉崎由美子, 高峯和則, 後藤正利, 玉置尚徳, 二神泰基. 白麹菌における推定クエン酸輸送体 YhmA と CtpA の機能解析. 日本農芸化学会 2017 年度大会(京都). 2017.3.17-20.

後藤正利. 麹菌の魅力と産業利用. 九州醤油醸造協会技術部会講演会. 福岡商工会議所. 2017.1.27.

門岡千尋, 泉津弘佑, 奥津果優, 吉崎由美子, 高峯和則, 後藤正利, 玉置尚徳, 二神泰基. 白麹菌 *Aspergillus kawachii* における推定クエン酸輸送体 CtpA と YhmA の機能解析. 第 16 回糸状菌分子生物学コンファレンス, 京都大学宇治キャンパス. 2016.11.17.

後藤正利. 大分から世界へ～麹菌と最新バイオテクノロジーのお話～日本農芸化学会サイエンスカフェ 大分県日田市いいちこ日田蒸留所. 2016.2.6.

後藤正利. 焼酎麹菌らしさを探るオミックス研究. 清酒酵母・麹研究会. 東京都北区北とぴあ. 2015.10.5.

後藤正利. 焼酎麹菌らしさを探り、産業利用する. 第 2 回西日本食品産業創造展セミナー. 福岡市マリンメッセ福岡. 2015.5.20.

[図書](計 1件)

後藤正利. 焼酎麹菌「食と微生物の事典」北本勝ひこ、春田伸、丸山潤一、後藤慶一、尾花望、齋藤勝晴編、朝倉書店、pp 18-19 (2017.7)

[産業財産権]

出願状況(計 0件)

取得状況(計 0件)

[その他]

ホームページ等

<http://www.ag.saga-u.ac.jp/japanese/microbiology/microbiology.html>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

後藤 正利 (GOTO MASATOSHI)

佐賀大学・農学部・教授

研究者番号: 90274521

(2) 研究分担者

小林 元太 (KOBAYASHI GENTA)

佐賀大学・農学部・教授

研究者番号: 40291512