

令和 2 年 6 月 19 日現在

機関番号：15501

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2017～2019

課題番号：17K07722

研究課題名(和文) 基質特異性の「ゆるい」酢酸菌キノプロテイン脱水素酵素による新しい酸化物質変換系

研究課題名(英文) Oxidation of various compounds by quinoproteins with broad substrate specificities

研究代表者

薬師 寿治 (Yakushi, Toshiharu)

山口大学・大学院創成科学研究科 ・教授

研究者番号：30324388

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,700,000円

研究成果の概要(和文)：酢酸菌の酸化物質変換能は、お酢づくりに代表されるように、古来より人類に親しまれた安全な微生物利用と言える。本研究では、未開拓のまま残されている酢酸菌の酸化物質変換反応を、未利用の生物資源、酵素資源、遺伝資源の活用という視点から解析することを試みた。まず、野生株の酢酸菌が持つ物質酸化能を落とした変異株を取得した。さらにその変異株に未利用の遺伝資源を強制的に生産させることで、本研究の標的酵素の可能性を解析した。(1)二つの新規酵素の活性を確認、(2)既知酵素を用いた弱い物質変換能の強化、(3)既知酵素の新規基質酸化などを成果として得た。

研究成果の学術的意義や社会的意義

近年、持続可能な開発目標(SDGs)を頻りに耳にするようになり、世界レベルで持続可能な社会づくりの基盤整備が求められている。例えば、地下資源に頼らない化学製品の開発に微生物を利用するということが試みられている。酢酸菌は、高速に化学反応(酸化)を触媒できるので、この力を利用し、かつ今まで知られていなかった物質酸化反応に挑戦した。本研究からいくつかの成果が得られたが、総じてこのような試みによって、新しい可能性を提示することができたことが最大の成果である。

研究成果の概要(英文)：The incomplete oxidation, or referred to as oxidative fermentation, of acetic acid bacteria is a safe microbial use that has been familiar to human since ancient times, typically vinegar making. This study attempted to analyze the incomplete oxidation of acetic acid bacteria, which remains undeveloped, from the viewpoint of utilizing unused biological, enzymatic, and genetic resources. First, we obtained a mutant strain in which the high oxidation ability of the wild-type acetic acid bacteria was reduced. Furthermore, the potential of the target enzyme in this study was analyzed by constructing the mutant strains producing uncharacterized and characterized enzymes. The results confirmed (i) the activity of two new enzymes, (ii) enhanced weak substance conversion ability using known enzymes, and (iii) novel substrate oxidation of a known enzyme.

研究分野：生化学

キーワード：酢酸菌 発酵 酵素 応用微生物 バイオテクノロジー

## 様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

酢酸菌は、他の微生物にはあまり見られない酸化的物質変換能を持ち、古くから酢酸発酵やビタミンC生産におけるソルボース発酵などに用いられてきた。その仕組みは、細胞膜の外側に存在する脱水素酵素の酸化反応によって説明される。これら脱水素酵素は、基質の酸化に伴い、還元力を細胞膜中のユビキノンに伝達する。還元型のユビキノンはユビキノール酸化酵素によって再酸化され、酸素が水へと還元される反応で終結する。物質酸化系呼吸鎖である。その脱水素酵素には、ピロロキノリンキノン (PQQ) を補欠分子族とするキノプロテイン、フラビン (FAD) を補欠分子族とするフラボプロテイン、モリブドプテリン (MCD) を補欠分子族とするモリブドプロテインが含まれる。これらの酵素は細胞質膜のペリプラズム側 (外側) に存在するため、ここでは「表層脱水素酵素」と呼ぶ。この酸化的物質変換系の特徴として、反応物質や反応産物を細胞質内外へ輸送する必要がないこと、それゆえ毒性のある物質や、速やかに代謝される物質も生産できる可能性が高いことが挙げられる。この表層脱水素酵素の中で、キノプロテイン酵素の基質特異性が、フラボプロテインと比較すると寛容である (ここでは「ゆるい」と表現) ことが見いだされ、新規な物質酸化反応が報告された。例として、アルコール脱水素酵素 (ADH) によるグリセロールからのキラル特異的グリセリン酸生産(1)、グルコース脱水素酵素による D-キシロースや L-アラビノースの酸化(2)などが挙げられる。

他方、ゲノム情報の解析に伴い、多くの「オーファン酵素」が見いだされたが、機能未知のままとなっている。酢酸菌で初めて完全ゲノム配列が発表された *Gluconobacter oxydans* ATCC621H 株では、PQQ-DH1 から PQQ-DH4 と名付けられた4種の「オーファン」キノプロテイン脱水素酵素が見いだされた(3)。その内、PQQ-DH1 はイノシトールを酸化することが報告された(4)が、残りの3酵素については未だ不明のままである。加えて、酢酸菌の完全ゲノムやドラフトゲノムが数多く報告されており、「オーファン」キノプロテイン酵素が広がりを持ち始めている(5)。また最近、新しいタイプの PQQ 依存性脱水素酵素が *Pseudomonas* 属細菌で報告され、そのホモログが酢酸菌の特定の菌株に見いだされた(6)。

### 2. 研究の目的

本研究の目的は、基質特異性の「ゆるい」酢酸菌キノプロテイン脱水素酵素を利用した、新しい酸化的物質変換系の構築である。この目的のために、オーファンキノプロテイン脱水素酵素の機能解析を行う。この構築が完成すれば、その向こうに考えている、基質特異性に関する解析も行いたい。つまり、「ゆるい」ながらも基質特異性を支配している法則を見出したい。例えば、グルコース脱水素酵素 (GDH) の D-マンノースに対する反応性については、近年報告のあった2つのグループ間(2, 7)で結論が異なるので、この点も本研究の課題とする。

### 3. 研究の方法

発現宿主として、耐熱性酢酸菌 *Gluconobacter* sp. CHM43 株を用いた。大腸菌では、補欠分子族の PQQ を生合成できないので、酢酸菌を用いた。CHM43 株は、耐熱性や培養あたりの細胞収量が高く、より安定した物質生産が期待できる菌株であるので、本研究ではこの菌株を用いた。表層脱水素酵素を欠損させた変異株の作製を継続して行った。

CHM43 株の ADH 遺伝子と GLDH 遺伝子の二重欠損変異 ( $\Delta$ ADH  $\Delta$ GLDH) 株を宿主として、本菌のオーファンキノプロテイン酵素 PQQ-DH1 (イノシトール脱水素酵素)、PQQ-DH4、PQQ-DH7、PQQ-DH9 の過剰発現株の作製を試みた。

CHM43 株の GDH 遺伝子欠損変異 ( $\Delta$ GDH) 株を宿主として、本菌の GDH を過剰発現する菌株を作製した。この組み換え *Gluconobacter* を用いて、ラクトースなど二糖類の酸化的物質変換を行った。

グリセロール脱水素酵素 (GLDH) が、これまでに知られていなかった物質を酸化することを見いだした。その生産物の同定を質量分析と NMR を用いて行った。GLDH を精製し、精製酵素でこの酸化的物質変換を試みた。

酢酸菌は、全般的に形質転換効率が悪く、本研究で用いる CHM43 株も例外ではない。これを克服するために、本菌の形質転換の向上を目指した遺伝子工学研究を行った。形質転換に用いるプラスミドを、CHM43 株の制限修飾系酵素を持つ大腸菌で調製することで、本菌での DNA の分解を回避することを試みた。

### 4. 研究成果

#### 4-1. 表層脱水素酵素の多重遺伝子欠損株の作製

CHM43 株の ADH、GLDH、GDH、GADH の遺伝子破壊を行った。それぞれ単独の遺伝子破壊株といくつかの組み合わせで二重破壊株の作製には成功した。しかしながら、三重遺伝子欠損株の成功には至らなかった。理由は明らかではないが、遺伝子欠損を重ねることで形質転換効率が低下した。特に GLDH 遺伝子はその欠損により、抗生物質 (アンピシリン) への耐性能が上昇するなど、菌株の特性を変化させることがわかった。やはり形質転換効率の上昇が重要と考え、その改善を目指した研究を行った。

#### 4-2. 人工的プラスミド修飾法の試み

本研究では、酢酸菌の遺伝子工学は、大腸菌を用いて構築した DNA をもちいるので、酢酸菌

の形質転換には大腸菌で調製したものをを用いる。大腸菌で増幅された DNA には、大腸菌の目印（メチル化）が入っており、*Gluconobacter* のそれとは区別される可能性がある。よって、*Gluconobacter* 細胞内では大腸菌由来の DNA は異分子と見なされ、分解のターゲットとなることが懸念される。この分解が、遺伝子導入の妨げとなっていると考えた。この分解を回避するために、*Gluconobacter* の DNA メチル化酵素候補遺伝子を大腸菌で発現させることによって、大腸菌内で *Gluconobacter* 型のメチル化を施すことを試みた。メチル化候補遺伝子として、*GLF\_0278*, *GLF\_1812*, *GLF\_2487* (*GLF\_2488* 共に) の3つを試みたが、いずれも形質転換効率の上昇には至らなかった。今後は、核酸分解酵素遺伝子の欠失を試みる。

#### 4-3. グルコース脱水素酵素を用いた二糖類の高速酸化

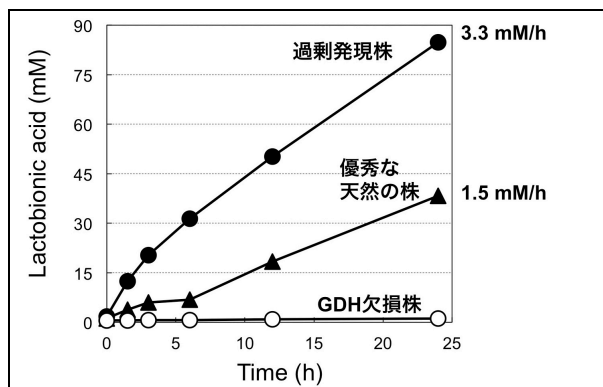


図1. GDH 過剰発現によるラクトースの酸化  
GDH 過剰発現株の休止菌体を用いて、ラクトースからのラクトビオン酸生産を行った。「優秀な天然の株」として、*G. frateurii* NBRC3285 株を用いた。

ラクトースの酸化物であるラクトビオン酸は、保湿剤や整腸剤としてニーズがあり、微生物を用いた生産方法が望まれる。酢酸菌が行うラクトース酸化はGDHが担っており、ラクトースだけでなく、いくつかの二糖類の酸化が報告されている(8, 9)。しかしながらGDHはラクトースに対して1%程度の酸化活性しか示さない。この酸化の速度を上げるために、GDHの過剰発現株を作製し、休止菌体を用いた酸化実験を行った(図1)。過剰発現株はラクトースや他の二糖類の酸化速度が明らかに上昇していた。優れた天然の菌株と比べて、2倍以上の速度でラクトースからのラクトビオン酸生産を示し、100 mMのラクトースから、24時間で90 mM弱のラクトビオン酸を生産した。膜画分を用いてラクトースに

対する親和性を調べたところ、極めて親和性が低いことが分かった。合わせて考えると、親和性が低く反応性が悪い基質であっても酵素の過剰発現によって有用物質の生産の速度を上げることができることを示している。

#### 4-4. オーファンキノプロテイン脱水素酵素

*Gluconobacter* の主要膜酵素であるADHとGLDHの二重欠損株( $\Delta$ ADH  $\Delta$ GLDH株)を構築できたので、この株を宿主として、4つのオーファンキノプロテイン脱水素酵素、PQQ-DH1(イノシトール脱水素酵素)、PQQ-DH4、PQQ-DH7、PQQ-DH9の過剰発現とその機能解析を行った。まず、PQQ-DH1とPQQ-DH7については明らかな活性上昇が認められなかったので、過剰発現そのものを確認する必要があると感じている。一方、PQQ-DH4(図2)とPQQ-DH9(図3)はいずれも二級アルコール脱水素酵素の活性が確認され、それぞれ、イソプロパノールとL-リボースが特徴的な基質であった。特にPQQ-DH4は、末端の炭素に水酸基がない方が良い基質となり、グリセロールの酸化は認められなかった。D-アラビトールなどのGLDHが良く酸化する物質の酸化がとても弱く、明らかにGLDHとは異なる基質特性と言える。他方、PQQ-DH9は概ねGLDHと基質特異性は似ていたが、グリセロールやリビトール、D-マンニトールをあまり酸化できないなど、GLDHとは識別できる特徴を持っていた。本研究で調べた範囲で、GLDHが最も基質特性がゆるく、次いでPQQ-DH9、最後にPQQ-DH4、すなわちPQQ-DH4が最も厳しい基質特異性であると判断できた。今後、基質に対する親和性の評価や反応産物の同定などを行う予定である。

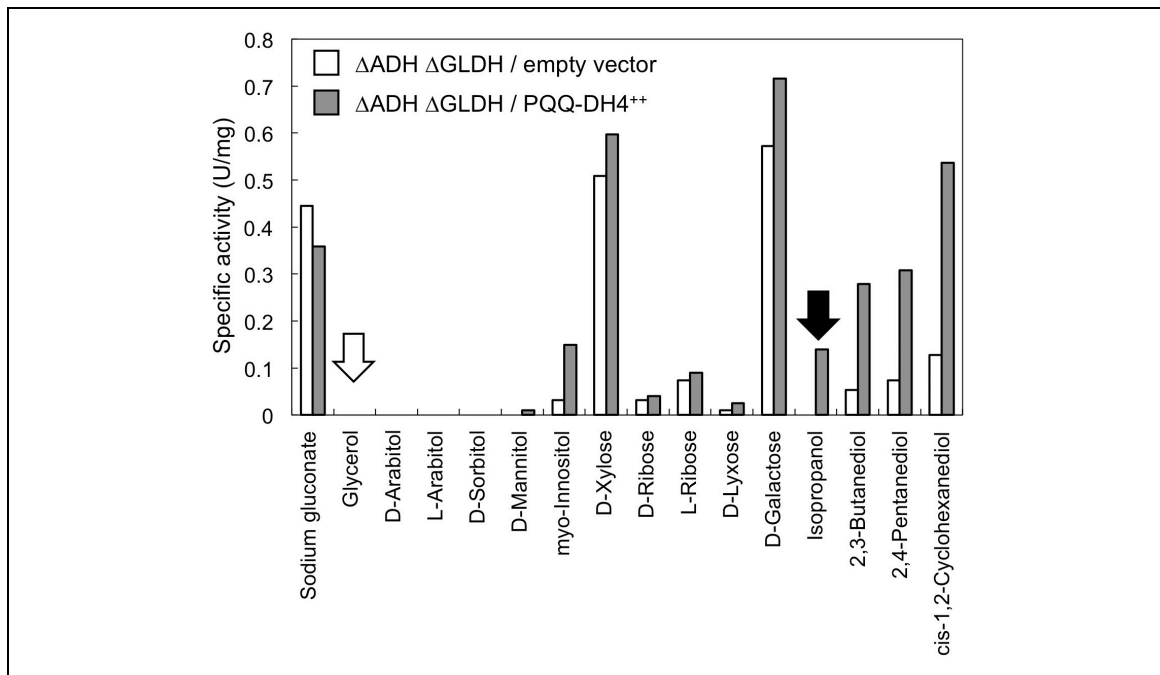


図2. PQQ-DH4の基質特異性

ベクタープラスミド(白バー)とPQQ-DH4プラスミド(グレーバー)を持つ $\Delta$ ADH  $\Delta$ GLDH株の、膜画分の脱水素酵素活性。二つのデータの比較から、PQQ-DH4の基質特異性を考察すると、二級アルコールの酸化を行うことが分かる。イソプロパノール(黒矢印)を酸化するが、グリセロール(白矢印)はほとんど酸化しないという特徴を持つ。

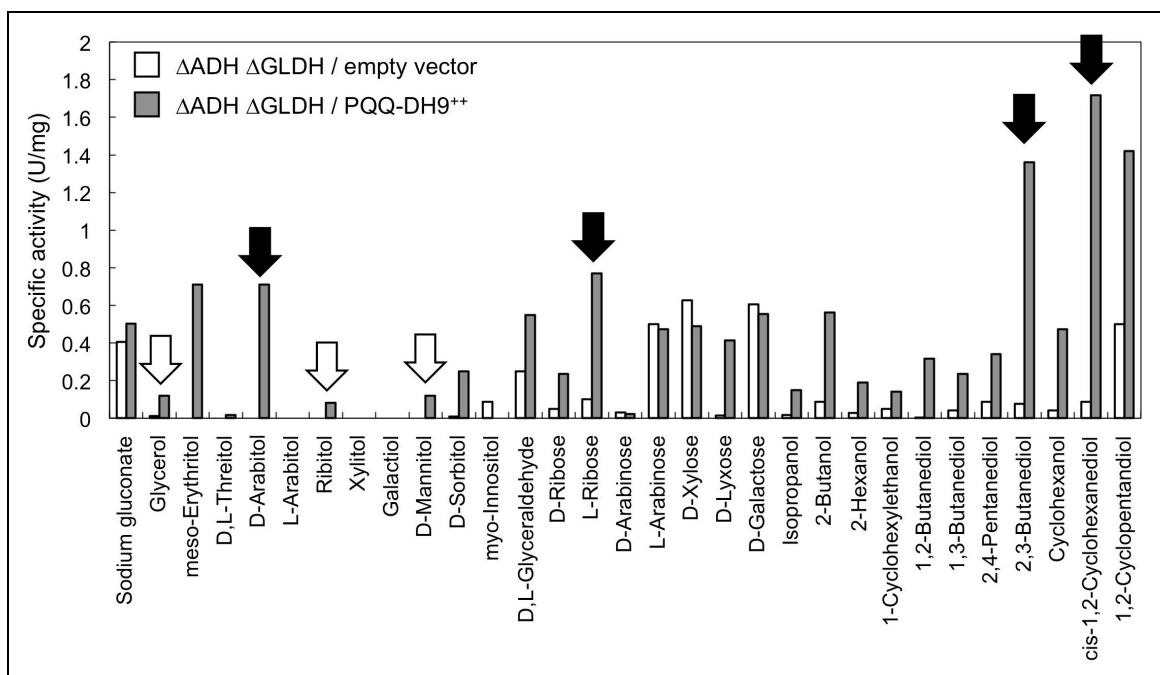


図3. PQQ-DH9の基質特異性

ベクタープラスミド(白バー)とPQQ-DH9プラスミド(グレーバー)を持つ $\Delta$ ADH  $\Delta$ GLDH株の、膜画分の脱水素酵素活性。二つのデータの比較から、PQQ-DH9の基質特異性を考察すると、GLDHと似たスペクトルであることが分かる。GLDHと同様、ジオール類、D-アラビトール、L-リボース(黒矢印)を良く酸化するが、GLDHの良い基質となるグリセロール、リビトール、D-マンニトール(白矢印)の酸化は弱いという特徴を持つ。

#### 4-5. GLDHの新たな基質(10)

野生株とGLDH欠損株( $\Delta$ GLDH株)の膜画分を用いた活性測定の比較から、新たな基質としてアルドペントースであるL-リボースを見いだした。反応産物を同定したところ、L-リボン酸であったので、環状のL-リボースの1位を酸化しL-リボノラクトンを生じると考察した。L-リボノラクトンは酵素の介在なしに、加水分解を受けL-リボン酸となると考察した。すなわち、GLDH単独でL-リボースからL-リボン酸を生むことになる。この仮説を実証するため、高発現株からGLDHを精製し、精製酵素を用いた物質酸化を行った。精製酵素を用いてもL-リボン酸

の生成が認められたため、上記の仮説を支持する結果となった。

<引用文献>

1. Habe H, Shimada Y, Yakushi T, Hattori H, Ano Y, Fukuoka T, Kitamoto D, Itagaki M, Watanabe K, Yanagishita H, Matsushita K, Sakaki K. 2009. Microbial production of glyceric acid, an organic acid that can be mass produced from glycerol. *Appl Environ Microbiol* 75:7760-6.
2. Peters B, Mientus M, Kostner D, Junker A, Liebl W, Ehrenreich A. 2013. Characterization of membrane-bound dehydrogenases from *Gluconobacter oxydans* 621H via whole-cell activity assays using multideletion strains. *Appl Microbiol Biotechnol* 97:6397-412.
3. Prust C, Hoffmeister M, Liesegang H, Wiezer A, Fricke WF, Ehrenreich A, Gottschalk G, Deppenmeier U. 2005. Complete genome sequence of the acetic acid bacterium *Gluconobacter oxydans*. *Nat Biotechnol* 23:195-200. Epub 2005 Jan 23.
4. Hölscher T, Weinert-Sepalage D, Görisch H. 2007. Identification of membrane-bound quinoprotein inositol dehydrogenase in *Gluconobacter oxydans* ATCC 621H. *Microbiology* 153:499-506.
5. Matsutani M, Kawajiri E, Yakushi T, Adachi O, Matsushita K. 2013. Draft Genome Sequence of Dihydroxyacetone-Producing *Gluconobacter thailandicus* Strain NBRC 3255. *Genome Announc* 1:e0011813.
6. Umezawa K, Takeda K, Ishida T, Sunagawa N, Makabe A, Isobe K, Koba K, Ohno H, Samejima M, Nakamura N, Igarashi K, Yoshida M. 2015. A novel pyrroloquinoline quinone-dependent 2-keto-D-glucose dehydrogenase from *Pseudomonas aureofaciens*. *J Bacteriol* 197:1322-9.
7. Meyer M, Schweiger P, Deppenmeier U. 2013. Effects of membrane-bound glucose dehydrogenase overproduction on the respiratory chain of *Gluconobacter oxydans*. *Appl Microbiol Biotechnol* 97:3457-66.
8. Kiryu T, Kiso T, Koma D, Tanaka S, Murakami H. 2019. Identifying membrane-bound quinoprotein glucose dehydrogenase from acetic acid bacteria that produce lactobionic and cellobionic acids. *Biosci Biotechnol Biochem* 83:1171-1179.
9. Kiryu T, Kiso T, Sato H, Murakami H. 2020. Oxidation of isomaltose, gentiobiose, and melibiose by membrane-bound quinoprotein glucose dehydrogenase from acetic acid bacteria. *Biosci Biotechnol Biochem* 84:507-517.
10. Yakushi T, Terada Y, Ozaki S, Kataoka N, Akakabe Y, Adachi O, Matsutani M, Matsushita K. 2018. Aldopentoses as new substrates for the membrane-bound, pyrroloquinoline quinone-dependent glycerol (polyol) dehydrogenase of *Gluconobacter* sp. *Appl Microbiol Biotechnol* 102:3159-3171.

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7件（うち査読付論文 6件/うち国際共著 3件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Yakushi T, Takahashi R, Matsutani M, Kataoka N, Hours RA, Ano Y, Adachi O, Matsushita K	4. 巻 137
2. 論文標題 The membrane-bound sorbosone dehydrogenase of <i>Gluconacetobacter liquefaciens</i> is a pyrroloquinoline quinone-dependent enzyme	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Enzyme and Microbial Technology	6. 最初と最後の頁 109511
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.enzmictec.2020.109511	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Matsutani M, Yakushi T	4. 巻 102
2. 論文標題 Pyrroloquinoline quinone-dependent dehydrogenases of acetic acid bacteria	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Appl Microbiol Biotechnol	6. 最初と最後の頁 9531-9540
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s00253-018-9360-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 阿野 嘉孝, 薬師 寿治	4. 巻 56
2. 論文標題 ゲノム情報を活用する <i>Gluconobacter</i> 属酢酸菌の分子生物学研究	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 化学と生物	6. 最初と最後の頁 414-421
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Yakushi T, Terada Y, Ozaki S, Kataoka N, Akakabe Y, Adachi O, Matsutani M, Matsushita K	4. 巻 102
2. 論文標題 Aldopentoses as new substrates for the membrane-bound, pyrroloquinoline quinone-dependent glycerol (polyol) dehydrogenase of <i>Gluconobacter</i> sp.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Appl Microbiol Biotechnol	6. 最初と最後の頁 3159-3171
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s00253-018-8848-1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Yakushi T, Komatsu K, Matsutani M, Kataoka N, Vangnai AS, Toyama H, Adachi O, Matsushita K	4. 巻 145
2. 論文標題 Improved heterologous expression of the membrane-bound quinoprotein quinate dehydrogenase from <i>Gluconobacter oxydans</i>	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Protein Expr Purif	6. 最初と最後の頁 100-107
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.pep.2018.01.007	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Yakushi T, Fukunari S, Kodama T, Matsutani M, Nina S, Kataoka N, Theeragool G, Matsushita K	4. 巻 102
2. 論文標題 Role of a membrane-bound aldehyde dehydrogenase complex AldFGH in acetic acid fermentation with <i>Acetobacter pasteurianus</i> SKU1108	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Appl Microbiol Biotechnol	6. 最初と最後の頁 4549-4561
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00253-018-8940-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Matsumoto N, Hattori H, Matsutani M, Matayoshi C, Toyama H, Kataoka N, Yakushi T, Matsushita K	4. 巻 -
2. 論文標題 A single-nucleotide insertion in a drug transporter gene induces a thermotolerant phenotype of <i>Gluconobacter frateurii</i> by increasing the NADPH/NADP+ ratio via metabolic change	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Appl Environ Microbiol	6. 最初と最後の頁 AEM.00354-18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/AEM.00354-18	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計12件 (うち招待講演 1件 / うち国際学会 1件)

1. 発表者名 グエン ミン ツイ, 後藤 勝, 野田 将平, 片岡 尚也, 足立 収生, 松下一信, 薬師 寿治
2. 発表標題 <i>Gluconobacter</i> 属酢酸菌由来 5-ケト-フルクトース還元酵素の構造と機能
3. 学会等名 日本生化学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 薬師 寿治, 片岡 尚也, 松下 一信
2. 発表標題 Two tales of the respiratory chain: 呼吸鎖が物質生産に直接的に関わるお話と間接的に関わるお話
3. 学会等名 日本生物工学会大会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 トラボン ケオケン, 内田 侑里, 桐生 高明, 松谷 峰之介, 片岡 尚也, 松下 一信, 薬師 寿治
2. 発表標題 Gluconobacter属酢酸菌の膜結合型グルコース脱水素酵素の高発現によるラクトースの高速酸化
3. 学会等名 日本農芸化学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 薬師寿治, 向井妃奈, ニタヤ ピティウィッタヤクル, 松谷峰之介, ポーンチャノック タウィーチープ, 片岡尚也, ガンジャンナ ティーラーグール, 松下一信
2. 発表標題 Komagataeibacter属酢酸菌の膜結合型アルコール脱水素酵素の機能解析
3. 学会等名 日本農芸化学会中四国支部
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 高橋亮太, 松谷峰之介, 片岡尚也, 薬師寿治, 松下一信
2. 発表標題 Gluconacetobacter属酢酸菌のピロロキノリンキノン依存型ソルボソン脱水素酵素の解析
3. 学会等名 日本農芸化学会中四国支部
4. 発表年 2018年



1. 発表者名 Toshiharu Yakushi, Yuka Terada, Seishiro Ozaki, Naoya Kataoka, Yoshihiko Akakabe, Osao Adachi, Minenosuke Matsutani, and Kazunobu Matsushita
2. 発表標題 New substrates and products on the action of PQQ-dependent glycerol dehydrogenase of <i>Gluconobacter</i> sp.
3. 学会等名 5th International Conference on Acetic Acid Bacteria (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 高橋 亮太, 松谷 峰之介, 片岡 尚也, Roque A. Hours, 足立 収生, 松下一信, 薬師 寿治
2. 発表標題 <i>Gluconacetobacter</i> 属酢酸菌の膜結合型ソルボソン脱水素酵素はピロロキノリンキノン依存酵素である
3. 学会等名 日本生化学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 一木 愛, 新納 俊, 松谷峰之介, 片岡尚也, 薬師寿治, ガンジャンナ ティーラグール, 松下一信
2. 発表標題 アセトバクター属酢酸菌の細胞表層ではたらく膜結合型アルデヒド脱水素酵素の機能解析
3. 学会等名 日本生化学会中国四国支部
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 高橋 亮太, 松谷 峰之介, 片岡 尚也, 薬師 寿治, 松下一信
2. 発表標題 <i>Gluconacetobacter</i> 属酢酸菌の膜結合型ソルボソン脱水素酵素の解析
3. 学会等名 日本生物工学会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 寺田 優花, 尾崎 聖士朗, 片岡 尚也, 足立 収生, 赤壁 善彦, 薬師 寿治, 松下 一信
2. 発表標題 Gluconobacter属酢酸菌から精製したPQQ依存型グリセロール脱水素酵素を用いたL-リボースの酸化
3. 学会等名 日本農芸化学会中四国支部
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 薬師 寿治, Soemphol Wichai, Phong Xuan Huynh, 片岡 尚也, 外山 博英, 松下 一信
2. 発表標題 酢酸菌膜結合型ヘテロ三量体ソルビトール脱水素酵素の分子構築: 小サブユニットの役割
3. 学会等名 日本生化学会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 福成 聖也, 松谷 峰之介, 薬師 寿治, 片岡 尚也, ガンジャン ティーラグール, 松下 一信
2. 発表標題 酢酸菌の膜結合型アルデヒド脱水素酵素の分子種と発現: 酢酸発酵との関連
3. 学会等名 日本農芸化学会
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

山口大学農学部応用微生物学研究室 <a href="http://web.cc.yamaguchi-u.ac.jp/~oubi/">http://web.cc.yamaguchi-u.ac.jp/~oubi/</a> 酢酸菌研究会 <a href="http://web.cc.yamaguchi-u.ac.jp/~jaab/">http://web.cc.yamaguchi-u.ac.jp/~jaab/</a> 山口大学農学部応用微生物学研究室 <a href="http://web.cc.yamaguchi-u.ac.jp/~oubi/">http://web.cc.yamaguchi-u.ac.jp/~oubi/</a> 酢酸菌研究会 <a href="http://web.cc.yamaguchi-u.ac.jp/~jaab/">http://web.cc.yamaguchi-u.ac.jp/~jaab/</a>
--

## 6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担者	片岡 尚也  (Kataoka Naoya)  (50713509)	山口大学・大学院創成科学研究科 ・助教    (15501)	
連携 研究者	赤壁 善彦  (Akakabe Yoshihiko)  (20274186)	山口大学・大学院創成科学研究科 ・教授    (15501)	