

令和 6 年 6 月 3 日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2023

課題番号：18K05383

研究課題名(和文) ゲノムマイニングによる真菌類由来のサイレントな新奇バイオマス高分解酵素の探索

研究課題名(英文) Genome mining for silent novel biomass-degrading enzymes from fungi

研究代表者

渡部 昭 (Watanabe, Akira)

東北大学・農学研究科・助教

研究者番号：70302198

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、ゲノムマイニング法で麹菌ゲノム上に存在するセルラーゼをコードすると推定される遺伝子から、各種データベースを用いて未解析な遺伝子を選別し、麹菌での高発現株を作製して解析した。このうち、推定エンドグルカナーゼEglAが、ユニークな活性を保持した酵素であること、推定β-グルコシダーゼ(Bgl)BglU/Bgl5がBglの最大の問題点であるグルコース(反応生成物)による活性阻害に対して耐性が高い酵素であること、さらに推定キシラナーゼのXynBが至適温度、温度安定性がともに高い性質を保持した酵素であることを明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、ゲノムマイニングの手法によって、推定バイオマス分解酵素遺伝子を麹菌ゲノムから網羅的に探索し、EglA、BglU/Bgl5、XynBといった有用な新規バイオマス分解酵素を取得できた。新規有用酵素の探索は、酵素を生産する微生物の発掘が従来研究の主流であったが、新たにゲノムマイニング法によって新規有用酵素の取得が可能であることが判明し、成果の波及効果は極めて大きいものと考えられる。また、本研究で取得できたBglU/Bgl5は、報告例の少ないグルコース(反応生成物)による活性阻害に対して耐性が高い酵素であったことから、今後社会実装化が期待される。

研究成果の概要(英文)：In this study, from the genes presumed to encode cellulases on the *Aspergillus oryzae* genome using the genome mining method, unanalyzed genes were selected using various databases, and high expression strains in *A. oryzae* were generated and analyzed. Among them, we found that the putative endoglucanase EglA was an enzyme that retained unique activity, the putative β-glucosidase (Bgl) BglU/Bgl5 was an enzyme that was highly resistant to activity inhibition by glucose (reaction product), which was the biggest problem of Bgl, and the putative xylanase XynB was an enzyme that retained high properties of both optimum temperature and temperature stability.

研究分野：応用微生物学

キーワード：ゲノムマイニング *Aspergillus oryzae* Glycoside hydrolase エンドグルカナーゼ β-グルコシダーゼ キシラナーゼ タンナーゼ バイオマス

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1. 研究開始当初の背景

近年、地球温暖化対策として未利用のセルロース系バイオマスを効率的に分解し、バイオエタノール生産に利用することが大きな課題となっている。セルロース系バイオマスの分解は、前処理後主に環境負荷が少ない酵素糖化法による糖化が考えられてきたが、難分解性のセルロースを高効率で分解できる酵素が少なく、酵素（セルラーゼ）を大量に必要とし、その高コストが実用化の大きな障害となっている。セルロース高分解活性を持った酵素取得のため、従来は土壌等の自然環境中からこうした有用酵素を生産する微生物の探索が盛んに行われてきたが、今日まで実用可能な酵素はほとんど見出されていないのが現状である。そこで、難分解性セルロースの新規高分解系の構築に際して、これまで行われてきた土壌等自然界からの有用酵素生産菌のスクリーニング以上に効果的な新たな解決法の構築が課題となっている。

一方、近年の次世代シーケンサーの開発による遺伝子配列解読技術の目覚ましい発達によって、多くの微生物のゲノム情報が決定され、こうしたゲノム中には未発現か発現が微弱でこれまで機能の検出が不能であったサイレントで未解析な遺伝子が多数存在することが明らかになっている。

2. 研究の目的

本申請課題では、従来実施されてきた土壌等自然界からの有用酵素生産菌のスクリーニングに代わり、我々がこれまで研究し全ゲノム情報が既に解明され推定バイオマス分解酵素遺伝子を多く持っていることが判明した麹菌を対象に、ゲノムマイニングの手法によって、ゲノム中に多数存在し従来研究されてこなかったサイレントな遺伝子を網羅的に探索し、その高発現系を構築することで新規バイオマス高分解酵素の新たな探索・取得を目的とする。

3. 研究の方法

（1）麹菌のサイレントな新規推定セルラーゼ、ヘミセルラーゼ、タンナーゼ遺伝子の網羅的探索・選抜

Glycoside hydrolase family (GHF) 分類データベース (CAZy) 等を用いて、麹菌ゲノム上に存在する推定バイオマス分解酵素群の中からサイレントで未解析な推定セルラーゼ、ヘミセルラーゼ（エンドグルカナナーゼ、 β -グルコシダーゼ、キシラナーゼ）及びタンナーゼ遺伝子を網羅的に選抜した。

次に、既知のセルラーゼ、ヘミセルラーゼ、タンナーゼとの相同性の有無、ドメイン構造の有無、共通配列の有無等を、タンパク質のファミリー・ドメイン・モチーフ検索プログラム (InterProScan) を用いて解析した。

続いて、タンパク質の細胞内外局在部位予測プログラム (PSORT)、分泌シグナル配列予測プログラム (SignalP 4.0) によって解析するタンパク質の発現後の局在部位を推定し、麹菌の菌体外に発現タンパク質が分泌されると予想されるものは、以後の解析が容易となることから優先的に選抜した。

（2）麹菌を宿主とした各新規推定セルラーゼ、ヘミセルラーゼ、タンナーゼ高発現株の作製

（1）で選抜された遺伝子について、麹菌ゲノムデータベースを用いて対象とするタンパク質の構造遺伝子領域を含むプライマーを設計し、PCR 法で麹菌ゲノミック DNA を鋳型として目的断片を増幅させターゲット DNA を作製した。この DNA 断片を、培地中のマルトース存在下で誘導が起る麹菌の改変型グルコアミラーゼ (*glgA*) プロモーターを持った高発現用ベクター pNGA142 に挿入し、研究協力者（五味勝也教授）らの開発した麹菌形質転換法に従い、麹菌 *Aspergillus oryzae* AOK 11 株に導入した。その後、得られた高発現株をマルトースを含む培地で培養しタンパク質を発現誘導させた後、SDS-PAGE を実施して目的のタンパク質が発現しているかどうか確認した。

（3）麹菌で高発現させた各新規推定セルラーゼ、ヘミセルラーゼ、タンナーゼの精製

（2）で取得した各新規推定セルラーゼ、ヘミセルラーゼ、タンナーゼ高発現株をマルトース含有培地で大量培養して、SDS-PAGE において単一バンドとして検出されるレベルの精製標品の獲得を目的に、各種クロマトグラフィー（イオン交換クロマトグラフィー等）を用いて各タンパク質の精製法の確立を行い、各精製タンパク質標品を調製した。

（4）各新規セルラーゼ、ヘミセルラーゼ、タンナーゼの有用性（基質特異性等）の解析

バイオマス分解に関与するセルラーゼ系酵素（エンドグルカナナーゼ (Egl)、 β -グルコシダーゼ (Bgl)、ヘミセルラーゼ系酵素（キシラナーゼ (Xyn)、タンナーゼ (Tan) について、Egl については広範囲の基質に対する分解活性を保持した酵素や結晶性セルロース (Avicel) 分解活性を保有した酵素の取得、Bgl についてはグルコースによる反応生成物阻害に対して既知の酵素よりも高い耐性を有する酵素の取得、Xyn については実用化の際の実際の分解基質となる植物（バガス

など)の主成分であるセルロースの周囲を取り囲んでいるキシランの高分解能を保持した酵素の探索、Tan については、食品添加物の一種であり、植物の細胞壁や果皮、種子、茶葉などに含まれるポリフェノール的一种で、苦味や渋味を持つ物質であるタンニンを分解する酵素で、食品加工において、ビールやワイン、紅茶、コーヒー、チョコレートなどの製造や肉や魚の加工にも使われていることから、反応効率の高い酵素が今日求められており、こうした基質特異性の有無等を中心に解析した。

4. 研究成果

(1) 麹菌のサイレントな新規推定セルラーゼ、ヘミセルラーゼ、タンナーゼ遺伝子の網羅的探索・選抜及び麹菌を宿主とした高発現株の作製

エンドグルカナナーゼ(Egl)については、表 1 に示したとおり、麹菌ゲノム上には既知のものを含め 16 個の遺伝子が存在した。このうち、従来未解析な遺伝子について、麹菌を宿主とし「3. 研究の方法の(2)」に従って各高発現株を作製した。

β -グルコシダーゼ(Bgl)については、表 2 に示したとおり既知のものを含め 25 個の遺伝子が存在した。このうち、従来未解析の BglU/Bgl5、B、E、G、I、L、M、X の麹菌での高発現株を同様に作製した。キシランナーゼ(Xyn)については、表 3 に示したとおり既知のものを含め 8 個の遺伝子が存在した。このうち、従来未解析の XynB の麹菌での高発現株を同様に作製した。

タンナーゼ(Tan)については、表 4 に示したとおり既知のものを含め 2 個の遺伝子が存在した。このうち、従来未解析の TanB の麹菌での高発現株を同様に作製した。

表 1 麹菌ゲノムに存在する推定Endo- β -1,4-glucanase (含既報のあるもの)

No.	AO No.	GH family
1	AO090011000715 (EglA)	GH5
2	AO090005000531 (EglD)	AA9
3	AO090103000087 (EglE)	AA9
4	AO090003000905 (EglF)	GH12
5	AO090701000185 (EglG)	GH12
6	AO090001000221 (EglH)	AA9
7	AO090012000090 (EglI)	AA9
8	AO090023000787 (EglJ)	AA9
9	AO090023000056 (EglK)	AA9
10	AO090138000004 (EglL)	AA9
11	AO090023000159 (EglM)	AA9
12	AO090003001341 (EglN)	GH5
13	AO090009000373 (EglO)	GH5
14	AO090038000175 (EglP)	GH12
15	AO090026000102 (CelA)	GH12
16	AO090010000314 (CelB)	GH7

表 3 麹菌ゲノムに存在する推定Endo- β -1,4-xylanase (含既報のあるもの)

No.	Gene No.	GH Family
1	AO090103000326(XynA)	GH10
2	AO090701000887(XynB)	GH10
3	AO090103000423(XynF1)	GH10
4	AO090001000208(XynF3)	GH10
5	AO090001000111(XynG1)	GH11
6	AO090120000026(XynG2)	GH11
7	AO090026000103(XynG3)	GH11
8	AO090103000141(XynG4)	GH11

表 2 麹菌ゲノムに存在する推定 β -glucosidase (含既報のあるもの)

No.	AO No.	GH family
1	AO090009000356 (BglC)	GH3
2	AO090003001511 (BglJ)	GH3
3	AO090001000544 (BglG)	GH3
4	AO090003000497 (BglU/Bgl5)	GH1
5	AO090113000148 (BglV)	GH1
6	AO090001000266 (BglE)	GH3
7	AO090003000741 (BglT)	GH3
8	AO090005000337 (BglS)	GH3
9	AO090009000554 (BglM)	GH3
10	AO090010000034 (BglL)	GH3
11	AO090011000140 (BglX)	GH3
12	AO090012000003 (BglP)	GH3
13	AO090012000135 (BglB)	GH3
14	AO090026000123 (BglQ)	GH3
15	AO090038000223 (BglA)	GH3
16	AO090038000425 (BglH)	GH3
17	AO090103000019 (BglY)	GH3
18	AO090103000120 (BglZ)	GH3
19	AO090103000127 (BglF)	GH3
20	AO090120000075 (BglW)	GH1
21	AO090166000048 (BglN)	GH3
22	AO090166000090 (BglK)	GH3
23	AO090701000244 (BglO)	GH3
24	AO090701000274 (BglD)	GH3
25	AO090701000841 (BglI)	GH3

表 4 麹菌ゲノムに存在する推定Tannase (含既報のあるもの)

No.	Gene No.
1	AO090103000074(TanA)
2	AO090023000047(TanB)

(2) 麹菌で高発現させた各新規推定セルラーゼ、ヘミセルラーゼの精製及び有用性(基質特異性等諸性質)の解析

① エンドグルカナナーゼ(Egl)

(1) で作製した高発現株 EglA(GH5)、EglG(GH12)、EglO(GH5)、EglP(GH12)について、マルトースを含む培地で培養しタンパク質を発現誘導させた後、SDS-PAGE を実施して目的のタンパク質が発現しているかどうか確認した。図 1 に示したとおり、EglA については親株(WT)と比較して約 97 kDa 付近に高発現させた EglA のバンドが確認できた。本酵素の遺伝子配列から予測される推定分子量は 51.6 kDa であり、糖鎖付加の可能性が考えられた。また、図 1 の EglA タンパク質をゲルから切り出しアミノ酸シーケンセスに供したところ、シグナル配列を除いた N 末端側の 19 残基は YPTRDIKKRGSGF-TWVGVS であり、遺伝子配列から予想される EglA の部分アミノ酸配列と一致したことから、図 1 の約 97 kDa 付近バンドが EglA であると確認された。

また、図 2 のとおり EglG、EglO については、親株と明確な違いがあるバンドは検出されな

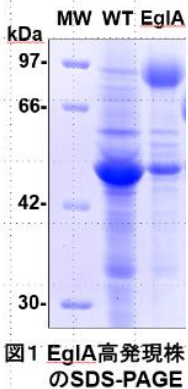


図1 EglA高発現株のSDS-PAGE

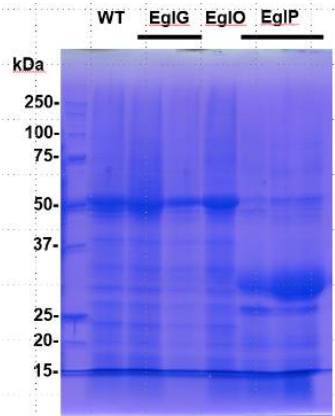


図2 EglG、O、P高発現株 SDS-PAGE

った。EglP については、約 31 kDa 付近に親株には見られないバンドが検出された。そこで、図 3 に示したとおり EglA は C 末端側に、他の Egl が保持していない活性中心とは異なる

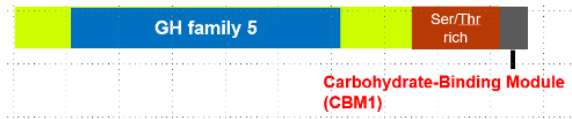


図3 EglA (AO090011000715, GH5, 51.6 kDa)の一次構造

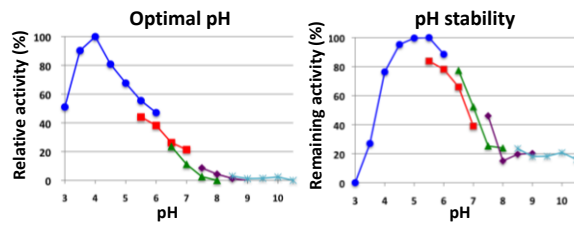


図4 EglAの至適pH、pH安定性

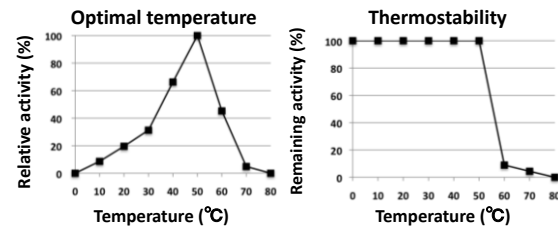


図5 EglAの至適温度、温度安定性

る基質結合ドメイン (Carbohydrate-Binding Module (CBM1)) を有しており、他の Egl よりも基質分解に際して有利であると考えられるため、EglA を優先的に精製しその諸性質を解析した。

EglA は、至適 pH は 4.0 付近で、pH に対する安定性は 4.0~6.0 の範囲で 80%以上の残存活性を保持した(図 4)。また、反応の至適温度が 50℃、温度安定性は 50℃までであった(図 5)。基質特異性については、可溶性のカルボキシメチルセルロース (CMC) に対して 68.5 U/mg の比活性を有していたが、不溶性(結晶性)セルロースの Avicel、C5 糖のキシラン、グルコースが β -1,3,1,6 結合したラミナリンに対しては活性を示さなかった(表 5)。

表5 EglAの基質特異性

Substrate	Specific activity*(U/mg)
CMC	68.5 $\pm$ 3.9
Avicel (microcrystalline cellulose)	N.D.**
Xylan	N.D.**
Laminarin(β -1,3 and β -1,6-glucan)	N.D.**
Lichenan(β -1,3 and β -1,4-glucan)	1.5 $\pm$ 0.28

② β -グルコシダーゼ (Bgl)

麹菌ゲノム上に存在する Glycoside hydrolase family (GH) タンパク質群の中から推定 β -グルコシダーゼ (Bgl) 遺伝子 25 個を選抜した(表 2)。このうち、22 個が GH3 に、3 個が GH1 に属し、前者 22 個は麹菌

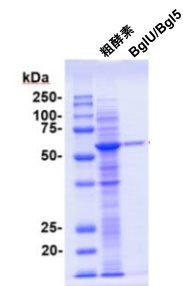


図6 BglU/Bgl5精製前後のSDS-PAGE

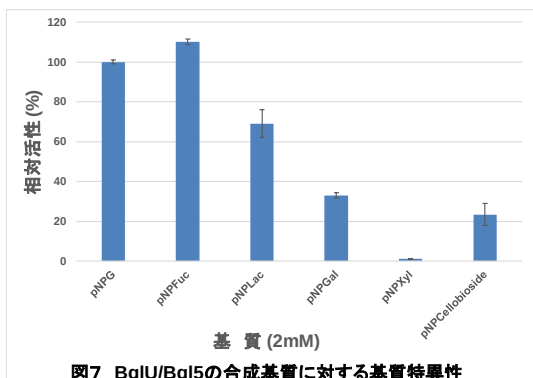


図7 BglU/Bgl5の合成基質に対する基質特異性

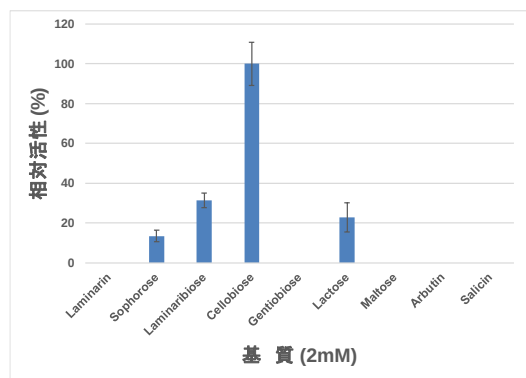


図8 BglU/Bgl5の基質特異性

では菌体外への分泌型、後者 3 個はシグナル配列を有さないことから菌体内局在酵素と推定された。そこで、従来未解析の BglU/Bgl5 (GH1)、B、E、G、I、L、X(以上 GH3) の麹菌での高発現株を作製し解析した。

BglU/Bgl5 については、麹菌菌体内に局在すると推定されたので、大腸菌での高発現株を作製し精製し(図 6)、その酵素学的諸性質を明らかにした。その結果、本酵素は合成基質では pNPG、pNPFuc、pNPLac、pNPGal、pNP-cellobioside(図 7)に反応を示し、天然の二糖類や配糖体ではセロビオースを最もよく分解した(図 8)。また、本酵素は反応系に 200mM のグルコースを含んだ場合に約 80%、500mM のグルコースを含んだ際には約 50%の活性を示すグルコース耐性能を持った有用な酵素であった(図 9)。

③ キシラーゼ (Xyn)

Xyn については、表 3 のとおり計 8 個が GH10、11 に 4 個ずつ属し全て分泌型と推定された。このうち、XynB が未解析であったのでその麹菌での高発現株を作製し、精製後(図 10)その酵素学的諸性質を明らかにした。その結果、XynB は反応の最適温度が 55℃で(図 11)、60℃、30 分処理まで高い温度安定性を示し(図 12)、至適 pH は 5.5(図 13)であった。また、本酵素はブナ、燕麦、トウモロコシ由来の C5 糖であるキシランに加水分解活性を示し、C6 糖の CMC(カルボキシメチルセルロース)に対しては反応しなかった(図 14)。さらに、XynB の反応産物を TLC で解析したところ、本酵素はキシロテトラオース(X4)以上の鎖長のキシロオリゴ糖に対して加水分解活性を示すエンド型酵素であると判明した(図 15)。

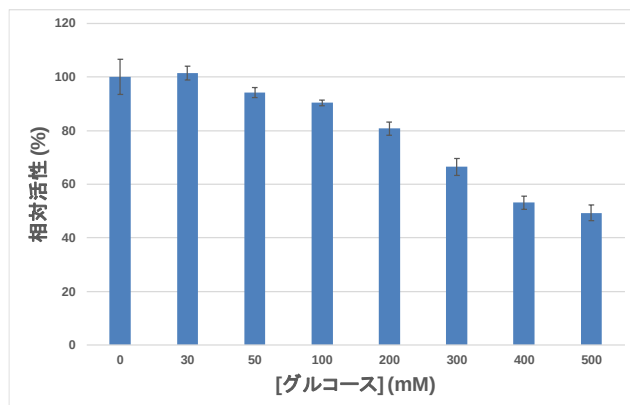


図9 BglU/Bgl5の活性へのグルコースの影響

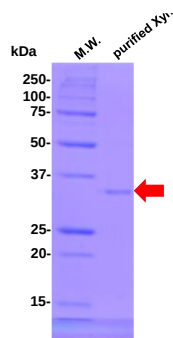


図 10 精製したXynBのSDS-PAGE

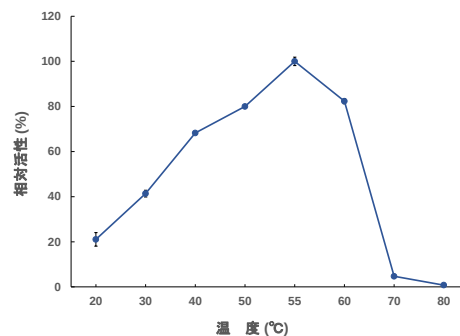


図11 XynBの至適温度

④ タンナーゼ (Tan)

Tan は未解析な TanB について。麹菌発現系 (rAoTanB0)、酵母 (*Pichia pastoris*) 発現系 (rAoTanBP) の両方で高発現させ比較した。精製 rAoTanB0 は 30–35 °C、pH 6.0 で最大活性を示した。精製 rAoTanB0 の天然および人工基質に対するタンナーゼ活性は、rAoTanBP よりも 2–8 倍高かった。速度論的解析の結果、rAoTanB0 は rAoTanBP よりも高い触媒効率 (k_{cat}/K_m) を示した。rAoTanB0 は 60℃まで安定で、rAoTanBP よりも高い耐熱性を示した。

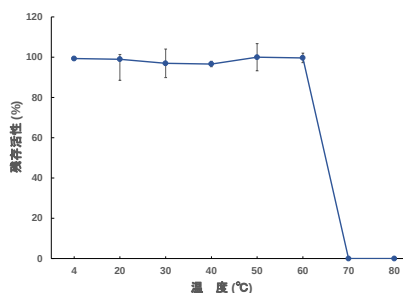


図12 XynBの温度安定性

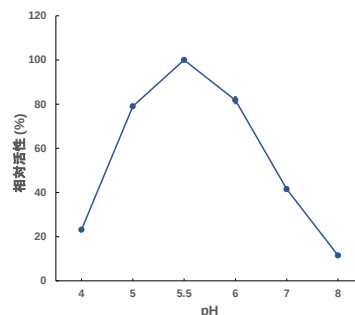


図13 XynBの至適pH

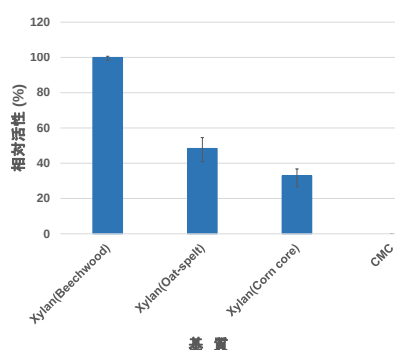


図14 XynBの基質特異性

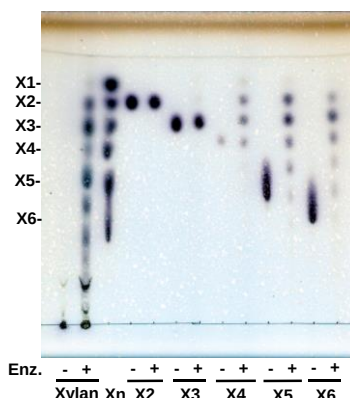


図15 XynBのキシラン、キシロオリゴ糖反応産物のTLCによる解析

最後にまとめると、従来盛んに実施されてきた土壌等自然界からの有用酵素生産菌のスクリーニングに代わり、本課題ではゲノム情報が明らかとなっている麹菌ゲノムからゲノムマイニングの手法によって、未解析な新規バイオマス高分解酵素遺伝子を網羅的に探索しその高発現系を構築した。その結果、基質特異性のユニークな EglA、グルコースによる反応阻害に対して高い耐性能を保持した BglU/Bgl5、高い温度安定性を有する XynB 等の非常に有用な酵素を取得できた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計2件（うち査読付論文 2件／うち国際共著 0件／うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Tomohiko Matsuzawa, Akira Watanabe, Takahiro Shintani, Katsuya Gomi, Katsuro Yaoi	4. 巻 105
2. 論文標題 Enzymatic degradation of xyloglucans by <i>Aspergillus</i> species: A comparative view of this genus	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Applied microbiology and biotechnology	6. 最初と最後の頁 2701-2711
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s00253-021-11236-8	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 Kyotaro Ichikawa, Yoshihito Shiono, Tomoko Shintani, Akira Watanabe, Hiroshi Kanzaki, Katsuya Gomi, and Takuya Koseki	4. 巻 129
2. 論文標題 Efficient production of recombinant tannase in <i>Aspergillus oryzae</i> using an improved glucoamylase gene promoter	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Bioscience and Bioengineering	6. 最初と最後の頁 150-154
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.jbiosc.2019.08.002	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14件（うち招待講演 0件／うち国際学会 0件）

1. 発表者名 渡部 昭、新谷 尚弘、五味 勝也	
2. 発表標題 麹菌のGH1に属するグルコース耐性能を有した新規β-グルコシダーゼの酵素学的諸性質	
3. 学会等名 第19回糸状菌分子生物学コンファレンス（2019）（札幌）	
4. 発表年 2019年	

1. 発表者名 渡部 昭、新谷尚弘、五味勝也	
2. 発表標題 麹菌のGH1 に属する 菌体内局在型新規β-グルコシダーゼの酵素学的諸性質	
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度大会（福岡）	
4. 発表年 2020年	

1. 発表者名 高橋千尋、市川響太郎、塩野義人、新谷智子、渡部 昭、神崎 浩、五味勝也、小関卓也
2. 発表標題 成熟タンパク質へのアミノ酸付加が ³ Aspergillus oryzae由来タンナーゼTanB の酵素学的性質に及ぼす影響
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度大会（福岡）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 渡部 昭，小幡公平，笹嶋由佳，氏家成隆，新谷尚弘，五味勝也
2. 発表標題 ゲノムマイニングによって新たに見出した麹菌のキシラナーゼ（XynB）の酵素学的諸性質
3. 学会等名 第18回糸状菌分子生物学コンファレンス（2018）（長岡）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 渡部 昭、新谷 尚弘、五味 勝也
2. 発表標題 大腸菌で高発現させた麹菌由来のGH1 に属する新規β-グルコシダーゼ(BglU/Bgl5)の酵素学的諸性質
3. 学会等名 日本農芸化学会2019年度大会（東京）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 市川 響太郎，佐々木 克仁，塩野 義人，新谷 智子，渡部 昭，五味 勝也，小関 卓也
2. 発表標題 Aspergillus oryzae で高発現させたタンナーゼAoTanB0 の酵素学的諸性質
3. 学会等名 日本生物工学会大会2018年度大会（大阪）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 市川響太郎, 塩野義人, 新谷智子, 渡部 昭, 神崎 浩, 五味勝也, 小関卓也
2. 発表標題 Aspergillus oryzae によるタンナーゼの高発現とその酵素学的諸性質
3. 学会等名 第18回糸状菌分子生物学コンファレンス (2018) (長岡)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 笹嶋由佳, 太田夏野子, 新谷智子, 渡部 昭, 新谷尚弘, 五味勝也
2. 発表標題 セルフクローニングによるバイオマス分解酵素高生産麹菌の造成
3. 学会等名 第18回糸状菌分子生物学コンファレンス (2018) (長岡)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小野 菜摘, 塩野 義人, 新谷 智子, 渡部 昭, 五味 勝也, 小関 卓也
2. 発表標題 麹菌Aspergillus oryzae 由来の新規タンナーゼ遺伝子の発現
3. 学会等名 2018年度日本生物工学会北日本支部シンポジウム
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 渡部 昭, 松沢 智彦, 氏家 成隆, 新谷 尚弘, 五味 勝也
2. 発表標題 ゲノムマイニングで取得した麹菌由来のエンドグルカナーゼに新たに見出されたマンナナーゼ活性について
3. 学会等名 日本農芸化学会2024年度大会 (東京)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 森瀬 太一, 橋本 渉, 渡部 昭, 水谷 治, 山田 修, 新谷 尚弘, 五味 勝也
2. 発表標題 黒麹菌 <i>Aspergillus luchuensis</i> とその近縁種におけるアミラーゼ生産制御機構の解析
3. 学会等名 第20回糸状菌分子生物学コンファレンス (2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Yahong Zou, Silai Zhang, Akira Watanabe, Shoki Fujita, Takahiro Shintani, Katsuya Gomi
2. 発表標題 Accumulation and assimilation process of maltose that inhibits the growth of the malt deletion mutant in <i>Aspergillus oryzae</i>
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会 (京都)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 森瀬 太一, 橋本 渉, 塚原 正俊, 水谷 治, 山田 修, 渡部 昭, 藤田 翔貴, 新谷 尚 弘, 五味 勝也
2. 発表標題 黒麹菌 <i>Aspergillus luchuensis</i> とその近縁種におけるAmyRの特性解明
3. 学会等名 日本農芸化学会2023年度大会 (広島)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 青西 洋平, 大沼 司, 渡部 昭, 新谷 尚弘, 五味 勝也
2. 発表標題 麹菌の固体培養特異的発現を示すグルコアミラーゼ遺伝子glaB プロモーターに存在するAmyR のシスエレメントの同定
3. 学会等名 日本生物工学会大会2023年度大会 (名古屋)
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

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
研究協力者	五味 勝也 (Gomi Katsuya)		

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------