

令和 3 年 6 月 15 日現在

機関番号：37401

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K05418

研究課題名(和文) 病原性真菌の細胞壁最表層に局在する2種のガラクトマンナン糖鎖生成の全貌解明

研究課題名(英文) Elucidation of the biosynthesis of two types of galactomannan localized at the surface layer of the cell wall of pathogenic fungi

研究代表者

岡 拓二 (OKA, Takuji)

崇城大学・生物生命学部・教授

研究者番号：50510690

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：チャワントケ亜門に属する病原性糸状菌の細胞壁には、ガラクトマンナン(GM)と呼ばれる多糖構造が含まれている。GMは糸状菌の正常な生育に必要な不可欠であることから、その生成酵素は抗真菌薬の標的として期待されている。本研究では、病原性糸状菌 *Aspergillus fumigatus* のGM構造中のガラクトフラノース糖鎖生成を GfsA、GfsB および GfsC が担っていること、マンナン主鎖の生成を CmsA および CmsB が担っていることを明らかにした。特に、cmsA破壊株では著しい生育阻害が認められ、CmsAが抗真菌薬の標的となることが期待された。また、CmsAのタンパク質立体構造を明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

近年、深在性真菌症は増加している。侵襲性肺アスペルギルス症の治療薬であるアゾール系抗真菌薬に対する耐性株が世界的な脅威となっていることから、これまでと異なる作用機序を有する抗真菌薬の開発が急がれている。本研究では、構造の発見から長らく知られていなかった糸状菌のガラクトマンナン生成を担う糖転移酵素群の詳細を明らかにした。特に、cmsAおよびcmsBの遺伝子破壊株では著しい生育阻害が認められたことから、CmsAおよびCmsBが抗真菌薬の標的となることが期待される。また、CmsAのタンパク質立体構造が明らかにされたことから、構造情報を基盤とした本酵素の阻害薬の開発が期待できる。

研究成果の概要(英文)：Many of the fungi that cause diseases to humans and crops are filamentous fungi belonging to the subphylum Pezizomycotina. The cell walls of filamentous fungi belonging to the subphylum Pezizomycotina contain a polysaccharide structure called galactomannan (GM), which is essential for the normal growth of the hyphae, and its biosynthetic enzymes are expected to be new targets for antifungal drugs. In this study, we found that GfsA, GfsB, and GfsC are responsible for the biosynthesis of  $\alpha$ -(1→5)-galactofuranosyl chains in the GM structure of the pathogenic filamentous fungus *Aspergillus fumigatus*, and that CmsA and CmsB are responsible for the biosynthesis of core-mannan by biochemical and reverse genetic approaches. In particular, significant growth inhibition was observed in cmsA and cmsB disrupted-strains, suggesting that CmsA and CmsB may be new targets for antifungal drugs. We also clarified the protein structure of CmsA.

研究分野：糖鎖生物学、応用微生物学

キーワード：糖転移酵素 糸状菌 ガラクトマンナン ガラクトフラノース 細胞壁 抗真菌薬 アスペルギルス症 糖鎖

## 様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

糖鎖は一般的に細胞外や細胞の表層に局在することから、病原性真菌の「宿主細胞と最初に接触する分子」であると言える。このことから細胞表層の糖鎖は、病原性真菌の感染機構や毒性の発揮に関与していると考えられている。ガラクトマンナン (GM) は、糸状菌の細胞壁を構成する糖鎖のうち最表層を覆っている糖鎖の1つとして知られている。また、GM はヒトを含む脊椎動物や植物には存在せず、子囊菌門のうちチャワントケ亜門 (Pezizomycotina) に属する菌種が有する糖鎖である。チャワントケ亜門には、*Aspergillus* 属のみならず、イネいもち病原菌 *Magnaporthe oryzae*、白鮮菌 *Trichophyton rubrum* などの多くの植物病原性真菌や人畜病原性真菌が含まれる。「病原性真菌の感染機構」や「宿主側が有する免疫機構」と GM との関わりを明らかにするためには、GM の生合成に関わる遺伝子や酵素が同定される必要がある。

糸状菌の産生する GM の構造には 2 種類がある。この 2 種は長年混同されていたが生合成を研究する上で糖鎖構造の明確さは非常に重要であることから、岡らはこの 2 つの GM を再定義することとした (Katafuchi Y. *et al.*, *Glycobiology*, 2017)。1 つは、真菌型ガラクトマンナン (FTGM) と呼ばれ、 $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 2)-マンノース (Man) のユニットが 9-10 個  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 6)-結合したマンナン主鎖と、 $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 5)-ガラクトフラノース (Gal<sub>f</sub>) オリゴ糖のユニットが  $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 6)-で結合したガラクトフラン側鎖から構成される。ガラクトフラン側鎖は、マンナン主鎖に  $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 2)-、 $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 3)-もしくは  $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 6)-結合している。もう 1 つは、O-マンノース型ガラクトマンナン (OMGM) と呼び、タンパク質に含まれるセリンもしくはスレオニン残基に Man が結合した糖鎖を基本骨格とする O-Man 型糖鎖に  $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 5)-Gal<sub>f</sub> オリゴ糖が  $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 6)-で結合した構造である。

近年、抗がん剤の投与や、骨髄移植・臓器移植に伴う免疫抑制剤の投与、エイズ患者の増加などの要因によって深在性真菌症は増加している。しかし、人類がこれまでに開発できた抗真菌薬は、作用機序を基に分類すれば 20 種類にも満たない。しかも、現在、日本で上市されている医薬品は、たった 6 種類である。侵襲性肺アスペルギルス症の治療薬であるアゾール系抗真菌薬に対する耐性株が世界的な臨床的脅威となっていることから、これまでと異なる作用機序を有する抗真菌薬の開発が急がれている。岡らが 2013 年に *Aspergillus* 属より同定した GfsA は、真核生物で初めての  $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 5)-Gal<sub>f</sub> 転移酵素であり、4 つの既知 Gal<sub>f</sub> 転移酵素とは全く異なる一次構造をしていた (Komachi Y. *et al.*, *Mol. Microbiol.*, 2013; Katafuchi Y. *et al.*, *Glycobiology*, 2017)。gfsA の破壊は菌糸伸長を抑制し、胞子形成能を著しく低下させたことより、GM 生合成酵素の阻害剤は、ヒトや作物に対する副作用のない抗真菌剤として、医薬、農薬としての利用が期待することができると考えている。

本研究の開始当初は、高効率な Gal<sub>f</sub> 転移酵素の酵素活性測定法が確立されていなかった。それ故、GfsA のパラログである GfsB および GfsC の酵素機能や生体内における役割分担の詳細は明らかでなかった。さらに、GM の  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 2)-/ $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 6)-マンナン主鎖の生合成に関わる Man 転移酵素も知られていない状況であった。GM を標的とした抗真菌薬の開発のための基盤を整備するためには、これらの酵素機能の解明や遺伝子の同定が必要不可欠であった。

### 2. 研究の目的

本研究では、試薬として販売されておらず入手困難な糖ヌクレオチドである UDP- Gal<sub>f</sub> を必要としない高効率かつ高感度な Gal<sub>f</sub> 転移酵素活性測定系を開発し、機能未解明な gfsA の 2 つ

のパラログである *gfsB* および *gfsC* の遺伝子機能と酵素機能を明らかにする。また、 $\alpha$ -(1→2)-/ $\alpha$ -(1→6)-マンナン主鎖の生合成に関わると考えている Man 転移酵素遺伝子 (*cmsA*, *cmsB*) の機能解析を進めた。さらに、CmsA のタンパク質立体構造を明らかにする。以上の研究を実施することで、GM を抗真菌薬開発のための基盤とすることを目的とした。

### 3. 研究の方法

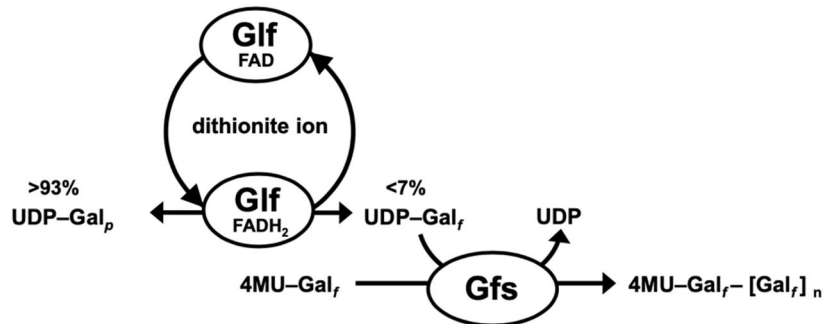
本研究では、*A. fumigatus* における標的遺伝子の単独および多重破壊株を取得し、その欠損糖鎖構造を明らかにする遺伝学的なアプローチによる解析と標的遺伝子の組換え酵素を大腸菌発現系を用いて取得し、組換え酵素の *in vitro* における機能を明らかにする生化学的なアプローチを駆逐することで進めた。*A. fumigatus* の GfsA、GfsB、GfsC、CmsA および CmsB の発現プラスミドを構築した。大腸菌発現プラスミド pET15b-kai、pET50b-AMP および pCold-II に *gfsA*、*gfsB*、*gfsC*、*cmsA* および *cmsB* の cDNA を連結することで発現プラスミドを構築した。各 cDNA は、N-末端に存在する膜貫通領域を除去するような形で挿入した。発現タンパク質は、Ni-アガロースアフィニティークロマトグラフィーおよびゲル濾過クロマトグラフィーを用いて精製した。活性測定を行い、必要に応じて生成物質の構造を LC-MS および <sup>1</sup>H-NMR 解析およびメチル化分析によって決定した。 $\Delta$ *gfsA* 株、 $\Delta$ *gfsB* 株、 $\Delta$ *gfsC* 株、 $\Delta$ *gfsAC* 株および $\Delta$ *gfsABC* 株は、以前に構築済みの株を用いた。 $\Delta$ *cmsA* 株、 $\Delta$ *cmsB* 株および $\Delta$ *cmsAB* 株の構築を行った。さらに、それぞれの相補株も構築した。各遺伝子破壊株より GM を抽出し、<sup>1</sup>H-NMR、<sup>13</sup>C-NMR およびメチル化分析による構造解析を行った。CmsA は Ni-アガロースアフィニティークロマトグラフィーおよびゲル濾過クロマトグラフィーを用いて精製した。13mg/ml に濃縮した CmsA を 0.9M クエン酸ナトリウムと 100 mM HEPES-Na (pH7.0) の溶液条件下で結晶化した。X 線データの収集は、SPring-8 のビームライン 44XU を用いて、100 K、波長 0.9000Å の条件で行った。XDS を用いて回折データの統合とスケーリングを行った。CCP4 の MOLREP を用いて分子置換を行い、結晶構造を決定した。

### 4. 研究成果

**GfsA、GfsB および GfsC は  $\beta$ -ガラクトフラノシド  $\beta$ -(1→5)-ガラクトフラノース転移酵素である**

Gal<sub>f</sub> 転移酵素の活性測定には UDP-Gal<sub>f</sub>が必要不可欠である。しかし、UDP-Gal<sub>f</sub>は市販されていない。これまでは、大腸菌由来の UDP-ガラクトピラノース (Gal<sub>p</sub>) ムターゼである Glf を用いて生化学的に UDP-Gal<sub>f</sub>を合成し、高速液体クロマトグラフィー (HPLC) で精製して Gal<sub>f</sub> 転移酵素の活性測定に用いていた。しかし、可逆的な酵素である Glf の酵素平衡は約 93%が UDP-Gal<sub>p</sub> 側に大きく傾いているため十分な量の UDP-Gal<sub>f</sub>を生成することは困難であった。そこで、Gal<sub>f</sub> 転移酵素の活性測定法の改良を試み、酵素反応系に Gal<sub>f</sub> 転移酵素と共に Glf を添加することを考案した。受容基質には、化学合成した 4-メチルウンベリフェリル- $\beta$ -ガラクトフラノシド (4MU- $\beta$ -Gal<sub>f</sub>)を用いた。Gal<sub>f</sub> 転移酵素の活性測定反応系において、生成された少量の UDP-Gal<sub>f</sub>が Gal<sub>f</sub> 転移酵素によって消費されると、Glf は UDP-Gal<sub>f</sub>を再度生成して平衡状態を保とうとする。Glf は、UDP-Gal<sub>p</sub>を UDP-Gal<sub>f</sub>に変換する際に、FADH<sub>2</sub>を FAD に酸化させる。そのため、FAD を FADH<sub>2</sub> に還元することが、連続した反応には不可欠である。そこで、ジチオニン酸ナトリ

ウム(SD)を還元剤として反応系に添加した。SDはFADをFADH<sub>2</sub>に還元することでGal<sub>f</sub>転移の駆動力となり、この反応はUDP-Gal<sub>p</sub>がほぼ枯渇するまで続いた(図



1)。この反応系を用いて、GfsA、GfsB および GfsC の Gal<sub>f</sub> 転移活性を検出したところ、GfsA では 7 糖まで (AG2 から AG7)、GfsB では 3 糖まで (BG2 と BG3)、GfsC では 5 糖まで (CG2 から CG5) の Gal<sub>f</sub> 転移が確認された。全ての酵素反応産物は LC-MS 解析によって分子量が推定分子量と一致することが確認できた(図2)。また、<sup>1</sup>H-NMR およびメチル化分析により AG3 および CG3 は Gal<sub>f</sub>-β-(1→5)-Gal<sub>f</sub>-β-(1→5)-Gal<sub>f</sub>-β-4MU 構造であること、BG2 は Gal<sub>f</sub>-β-(1→5)-Gal<sub>f</sub>-β-4MU 構造であることが明らかになった。このことは、GfsA、GfsB および GfsC が全て、β-ガラクトフラノシド β-(1→5)-Gal<sub>f</sub> 転移酵素であることを示していた。また、GfsA および GfsC が比較的長鎖の β-(1→5)-Gal<sub>f</sub> オリゴマーを合成可能であるのに対して、GfsB は短鎖の β-(1→5)-Gal<sub>f</sub> オリゴマーしか合成することが出来ないことを示していた。

図 1 ガラクトフラノース転移酵素活性測定法

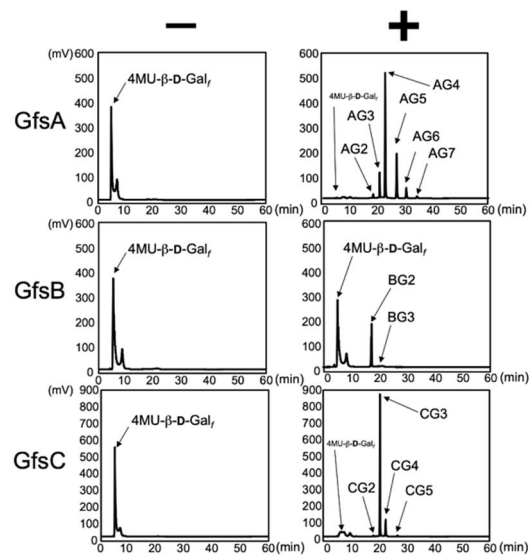


図 2 GfsA、GfsB および GfsC のガラクトフラノース転移酵素活性

$\Delta gfsA$  株、 $\Delta gfsB$  株、 $\Delta gfsC$  株、 $\Delta gfsAC$  株および $\Delta gfsABC$  株から GM を抽出し、<sup>13</sup>C-NMR によって-Gal<sub>f</sub>-β-(1→5)-Gal<sub>f</sub>-の存在を示すケミカルシフト(107.87 ppm)を検出したところ、 $\Delta gfsAC$  株および $\Delta gfsABC$  株においてケミカルシフトが検出されなくなることが示された。さらに、ガラクトフラン側鎖を TFA 処理によって切り出し、ゲル濾過クロマトグラフィーによって鎖長を調べたところ、 $\Delta gfsAC$  株由来のガラクトフラン側鎖の鎖長は 1 に減少していた。これらのことは、GfsA および GfsC が Gal<sub>f</sub>-β-(1→5)-Gal<sub>f</sub>-糖鎖合成に必要な不可欠であることを示していた。また、 $\Delta gfsAC$  株および $\Delta gfsABC$  株では、菌糸の伸長速度が親株の 68%程度にまで減少し、単位面積あたりの分生子形成数も 30%程度にまで減少していた。さらに、菌糸の分岐点の増加、細胞表面の疎水性度の増加が観察された。 $\Delta gfsABC$  株では、アンフォテリシン B およびミコナゾールに対する感受性がわずかではあるが増加していた。しかし、マウスモデルを用いた病原性試験においては有意差が認められなかった。本研究における β-(1→5)-Gal<sub>f</sub> 残基の生合成に関する新たな理解は、チャワンタケ亜門に属する糸状菌の複雑な細胞壁構造の形成と病原性についての重要な新知見を提供するものである (Chihara Y. et al., *mSphere*, 2020)。

**CmsA および CmsB は真菌型ガラクトマンナンのマンナン主鎖生合成を担う α-マンノピラノシド α-(1→2)-マンノース転移酵素である**

大腸菌発現系を用いて CmsA および CmsB の組換えタンパク質を取得を試みた。CmsA は、可用性の組換えタンパク質を得ることが出来たが、CmsB は不溶化タンパク質としてしか得るこ

とが出来なかった。そこで、CmsA に関してマンノース転移酵素活性を調べた。酵素反応系に CmsA、糖供与体として GDP-Man、受容基質には、4-ニトロフェノール- $\alpha$ -マンノピラノシド (pNP- $\alpha$ -Man) を用いた。反応産物を HPLC によって分離検出したところ、*product-cmsA* が得られた。反応産物 *product-cmsA* を  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 2)-特異的マンノシダーゼによって消化したところ、pNP- $\alpha$ -Man へと変化した。よって、反応産物 A は  $\alpha$ -Man-(1 $\rightarrow$ 2)- $\alpha$ -Man-pNP であり、CmsA は  $\alpha$ -マンノピラノシド  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 2)-マンノース転移酵素であることが明らかになった。また、CmsA は  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 2)-マンノピオースおよび  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 6)-マンノピオースも受容基質とすることができ、 $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 6)-マンノピオースに対する比活性は  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 2)-マンノピオースの 31 倍であった。さらに、 $\Delta$ *cmsA* 株、 $\Delta$ *cmsB* 株および  $\Delta$ *cmsAB* 株のより FTGM を抽出し、 $^1$ H-NMR による構造解析を行ったところ、すべての遺伝子破壊株由来の FTGM ではマンナン主鎖構造が失われていた。以上のことから、CmsA はマンナン主鎖の生合成を担う  $\alpha$ -マンノピラノシド  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 2)-マンノース転移酵素であることが明らかになった。また、CmsB もマンナン主鎖の生合成に関わる重要な役割を果たしていることが明らかになった。

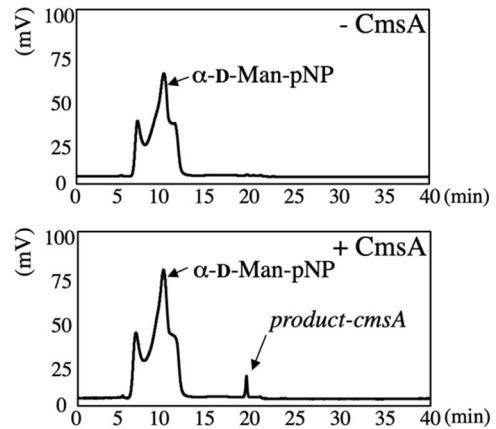


図 3 CmsA のマンノース転移酵素活性

$\Delta$ *cmsA* 株および  $\Delta$ *cmsB* 株では、菌糸の伸長速度が親株の 8-10% 程度にまで減少し、単位面積あたりの分生子形成数も 2.5% 程度にまで減少していた。また、菌糸の一部が膨らむ構造 (バルーン構造) が認められ、頂のうには水泡様構造が観察された。さらに、 $\Delta$ *cmsAB* 株では、フルシトシンに対する感受性が 16 倍に増加していた (Onoue T. *et al.*, *Sci. Rep.*, 2018)。

### CmsA のタンパク質立体構造

CmsA の可溶性触媒ドメインの立体構造を X 線結晶構造解析により決定した。決定された立体構造は 1.95Å の分解能であり、また、CmsA と  $Mn^{2+}$  および GDP 複合体の立体構造の分解能は 1.90Å であった (図 4)。CmsA は、GT15 マンノース転移酵素ファミリータンパク質において高度に保存された GDP-マンノースに対する結合部位を有していた。また、それだけでなく N-末端領域と C-末端領域によって形成される特有の広域な溝構造を持っていた。この溝構造は、受容基質であるマンナン鎖を認識する

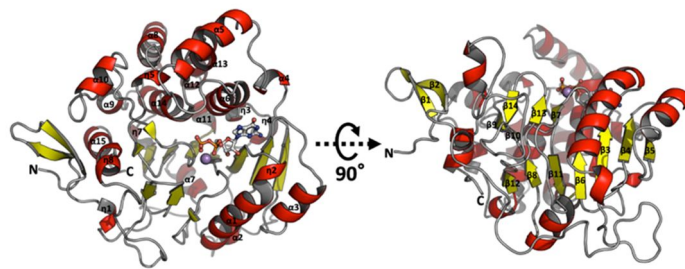


図 4 CmsA の立体構造

ことが期待される。さらに、結晶構造をもとに、受容基質のモデル構造として  $\alpha$ -Man-(1 $\rightarrow$ 6)- $\alpha$ -Man-(1 $\rightarrow$ 2)- $\alpha$ -Man-OMe を用いて、ドッキングおよび分子動力学シミュレーションにより酵素-基質複合体の 3 次元構造モデルを明らかにした。CmsA は、これまでに知られていた GT15 ファミリーに属する  $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 2)-マンノース転移酵素とは異なり、その糖鎖認識部位に大きな溝構造を持つことで比較的長い鎖長の糖鎖を認識していることが示唆された。さらに、その溝構造と受容基質末端の  $\alpha$ -Man-(1 $\rightarrow$ 6)- $\alpha$ -Man 構造との親和性も高いことが示唆された。これらの結果は、医薬品や農薬として利用できる特異的な  $\alpha$ -マンナン生合成阻害剤を開発するための基礎情報となると考えている (Hira D. *et al.*, *J. Biol. Chem.*, 2020)。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Hira Daisuke, Onoue Takuya, Oka Takuji	4. 巻 295
2. 論文標題 Structural basis for the core-mannan biosynthesis of cell wall fungal-type galactomannan in <i>Aspergillus fumigatus</i>	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Biological Chemistry	6. 最初と最後の頁 15407 ~ 15417
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1074/jbc.RA120.013742	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 Chihara Y, Tanaka Y, Izumi M, Hagiwara D, Watanabe A, Takegawa K, Kamei K, Shibata N, Ohta K, Oka T.	4. 巻 5
2. 論文標題 Biosynthesis of $\alpha$ -(1 $\rightarrow$ 5)-Galactofuranosyl Chains of Fungal-Type and O-Mannose-Type Galactomannans Within the Invasive Pathogen <i>Aspergillus Fumigatus</i> .	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 mSphere	6. 最初と最後の頁 e00770-19
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/mSphere.00770-19	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Ota R, Okamoto Y, Vavricka CJ, Oka T, Matsunaga E, Takegawa K, Kiyota H, Izumi M.	4. 巻 473
2. 論文標題 Chemo-enzymatic synthesis of p-nitrophenyl $\alpha$ -D-galactofuranosyl disaccharides from <i>Aspergillus sp. fungal-type galactomannan</i> .	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Carbohydr Res.	6. 最初と最後の頁 99-103
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.carres.2019.01.005.	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 Onoue T, Tanaka Y, Hagiwara D, Ekino K, Watanabe A, Ohta K, Kamei K, Shibata N, Goto M, Oka T.	4. 巻 8
2. 論文標題 Identification of Two Mannosyltransferases Contributing to Biosynthesis of the Fungal-type Galactomannan $\alpha$ -Core-Mannan Structure in <i>Aspergillus fumigatus</i> .	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Sci Rep.	6. 最初と最後の頁 16918
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-018-35059-2.	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Oka T.	4. 巻 82
2. 論文標題 Biosynthesis of galactomannans found in filamentous fungi belonging to Pezizomycotina.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Biosci Biotechnol Biochem.	6. 最初と最後の頁 183-191
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/09168451.2017.1422383.	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 2件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 甲斐万紀子, 守田湧貴, 千原由莉亜, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 Aspergillus nidulansのゴルジ体に局在する機能未知なII型膜タンパク質遺伝子破壊株ライブラリーの構築
3. 学会等名 第19回糸状菌分子生物学コンファレンス
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 千原由莉亜, 田中大, 泉実, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 逐次反応によるガラクトフラノース転移酵素活性測定法を用いたGfsA, GfsB及びGfsCの機能解析
3. 学会等名 第19回糸状菌分子生物学コンファレンス
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 甲斐万紀子, 守田湧貴, 千原由莉亜, 田中大, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 Aspergillus fumigatusのガラクトマンナン生合成に関わる新規な $\alpha$ -マンノピラノシド : $\alpha$ -ガラクトフラノース転移酵素の同定
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度福岡大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 千原由莉亜, 田中大, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 Aspergillus fumigatus の -(1 5)-ガラクトフラノース糖鎖生成の同定と欠損による表現型への影響
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度福岡大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 岡拓二
2. 発表標題 糸状菌と宿主の相互作用を明らかにするためのガラクトマンナン生合成研究
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度福岡大会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 岡拓二
2. 発表標題 糸状菌のガラクトマンナンは「糸状化」に必要な？ーガラクトマンナンの生合成と役割についてー
3. 学会等名 第22回酵母合同シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 尾上拓哉, 田中大, 後藤正利, 柴田信之, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 Aspergillus fumigatus の産生する真菌型ガラクトマンナンの生合成酵素の同定と機能解析
3. 学会等名 平成30年度日本農芸化学会西日本支部大会
4. 発表年 2018年



1. 発表者名 千原由莉亜, 尾上拓哉, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 逐次反応系を用いたガラクトフラノース転移酵素の新規活性測定法の確立と機能解析
3. 学会等名 平成30年度日本農芸化学会西日本支部大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 守田湧貴, 尾上拓哉, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 Aspergillus nidulansにおける新規ガラクトフラノース転移酵素の同定の試み
3. 学会等名 平成30年度日本農芸化学会西日本支部大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 尾上拓哉, 田中大, 後藤正利, 柴田信之, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 Aspergillus fumigatus が産生する真菌型ガラクトマンナンマンナン主鎖生成酵素に寄与する2つのマンノース転移酵素の同定
3. 学会等名 第18回糸状菌分子生物学コンファレンス
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 千原由莉亜, 尾上拓哉, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 新規なガラクトフラノース転移酵素活性測定法を用いたGfsAおよびGfsCの機能解析
3. 学会等名 第18回糸状菌分子生物学コンファレンス
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 守田湧貴, 尾上拓哉, 太田一良, 岡拓二
2. 発表標題 糸状菌の真菌型ガラクトマンナン生合成に関与する新規ガラクトフラノース転移酵素の同定の試み
3. 学会等名 第18回糸状菌分子生物学コンファレンス
4. 発表年 2018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

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