

令和 5 年 6 月 13 日現在

機関番号：32689

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2020～2022

課題番号：20H02906

研究課題名(和文) ゲノム編集システムを利用した高効率クエン酸生産系状菌の育種

研究課題名(英文) Breeding of filamentous fungi producing citric acid with high efficiencies by the genome editing system

研究代表者

桐村 光太郎 (Kirimura, Kohtaro)

早稲田大学・理工学術院・教授

研究者番号：90195412

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 10,400,000円

研究成果の概要(和文)：クエン酸高生産系状菌におけるクエン酸生産機構の解明を目指し、ミトコンドリアの有機酸輸送体およびサイトソルのクエン酸排出タンパク遺伝子の機能解析を行った。具体的には、種々の輸送体遺伝子の網羅的な機能解析を可能とする新規ゲノム編集法を開発し、クエン酸生産に寄与するミトコンドリアの輸送体遺伝子を見出した他、クエン酸自体の輸送を担う2種の遺伝子を特定した。また、クエン酸排出タンパク遺伝子を高発現させることで高効率な生産菌の育種にも成功した。さらにクエン酸生産菌の安全性の検証法の確立や新規クエン酸高生産菌のゲノム解析も行った。以上より、工業的クエン酸生産菌に関する育種の基盤技術の整備を成し遂げた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

クエン酸はSDGsの観点から生産・利用が推奨されるバイオベース有機酸の一種であり、その工業的発酵にはアスペルギルス属系状菌が用いられている。クエン酸の需要は近年さらに増加しており、生産菌の育種(改良)は極めて重要である。本研究では、ミトコンドリアでの有機酸の輸送機構および細胞内からのクエン酸排出機構に基づく新規な育種法の指針を示した。また、クエン酸発酵という特異な微生物機能に対する新たな知見を得たことは学術的研究としても意義深い。さらに、本研究では工業的クエン酸発酵菌のリソースの拡大や安全性の評価法を確立している。以上に鑑みて、本研究はクエン酸の工業発酵の将来的な拡大に貢献する成果を挙げた。

研究成果の概要(英文)：The functional analysis of genes encoding mitochondrial organic acid transporters and cytosolic citrate exporter was performed in order to understand the mechanisms underlying citric acid hyperproduction by filamentous fungus. In particular, we identified some mitochondrial transporter genes contributing to citric acid production and the very two genes responsible for the excretion of citric acid, based on the novel genome editing method, which had been developed in this study for a comprehensive analysis of various transporter genes. In addition, the generation of more effective citric acid producing strain was succeeded by overexpression of citrate exporter gene. Finally, we also successfully constructed the method to assess the safety of citric acid producing fungus and determined the genomic sequence of a novel citric acid-hyperproducing fungal strain. Taken together, we prepared the promising fundamental technology to breed the industrial citric acid producers.

研究分野：応用生物化学

キーワード：アスペルギルス属系状菌 クエン酸排出タンパク クエン酸発酵 ゲノム解析 ゲノム編集 マイコトキシン(カビ毒) ミトコンドリア局在型有機酸輸送体 代謝工学

## 様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

近年では SDGs を背景に化石資源からの脱却と低炭素社会への移行のため、バイオマス由来の糖質等から生産されるバイオベース有機酸の需要が増大している。その中でも食品や医薬品の製造過程で酸味料や pH 調整剤、キレート剤などとして利用されるクエン酸は、*Aspergillus section Nigri* の糸状菌 (*A. niger* 等) による工業的発酵生産により供給される代表的なバイオベース有機酸の一種となる。クエン酸の需要は増加傾向にあり、従来研究されていたクエン酸の生産糸状菌の育種 (改良) は依然として重要な課題である。とくに近年では新たな育種の基盤としてクエン酸が生産場であるミトコンドリアからサイトゾルへ、サイトゾルから菌体外 (培養液) へと輸送 (排出) される機構が注目されるようになった。クエン酸を含む種々の有機酸はクエン酸生産菌ゲノムに複数存在する輸送体遺伝子がコードするタンパク質によりミトコンドリア内外を行き来しており、一例としてクエン酸輸送タンパク COCA、CTPA の主要な輸送基質と推定される 2-オキソグルタル酸やリンゴ酸をサイトゾルへ輸送・蓄積することが高生産の鍵と考えられるが、その機構の詳細は明らかになっていない (図 1)。すなわち、クエン酸のミトコンドリアからの排出を理解する際に、それらの網羅的な機能解析が必須であった。また、*Aspergillus* 属糸状菌においては網羅的な遺伝子の機能解析を行うための効率的かつ簡便な遺伝子組換え技術 (例: 当該糸状菌の育種に適したゲノム編集システムの開発) も必要であった。

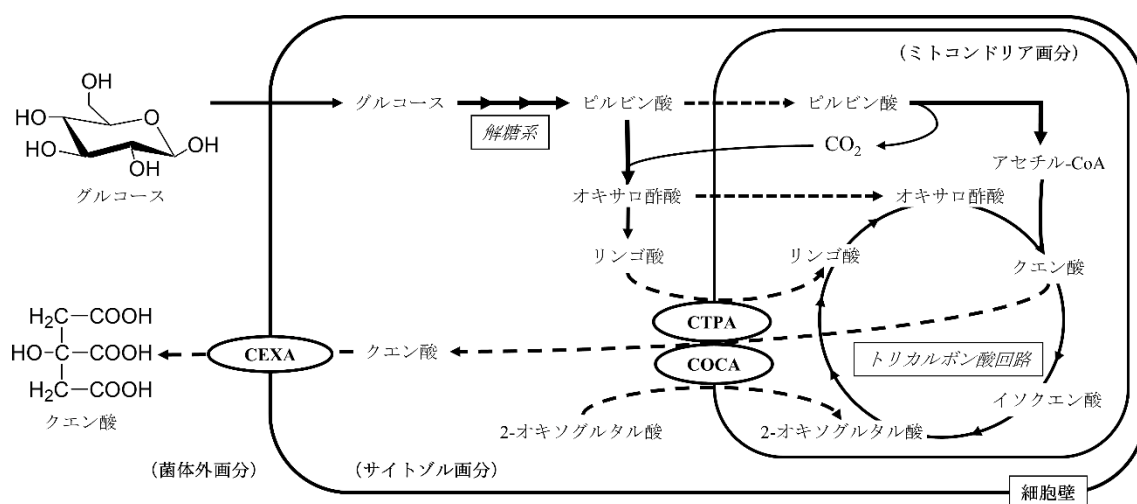


図 1. クエン酸生産菌における生産機構の概略

### 2. 研究の目的

上記の背景をふまえ、本研究ではミトコンドリアおよびサイトゾルにおけるクエン酸輸送に着目したクエン酸高生産機構の解明を目的とした。具体的には、クエン酸生産糸状菌を宿主として、高効率で遺伝子が改変可能なゲノム編集技術を開発し、各種有機酸輸送タンパクをコードする遺伝子の網羅的機能解析へと応用した。また、本研究で供試菌としたクエン酸生産糸状菌における安全性の評価および育種を実施し、新奇な高効率クエン酸生産菌の創製も目的とした。

### 3. 研究の方法

#### (1) クエン酸生産糸状菌を宿主としたゲノム編集技術の開発

研究室保有のクエン酸高生産糸状菌 *Aspergillus tubingensis* WU-2223L を供試菌として、ゲノム編集法を開発した。具体的には、ゲノム編集に必須なガイド RNA を安定で複製が容易な DNA 断片として Cas9 タンパクと共に糸状菌に導入して形質転換を行った。

#### (2) ミトコンドリアにおける有機酸輸送体遺伝子およびサイトゾルにおけるクエン酸排出タンパク遺伝子の網羅的機能解析

(1) にて確立したゲノム編集技術を利用して、クエン酸生産条件下で転写される 8 種のミトコンドリア局在型有機酸輸送体遺伝子のノックアウト株を作製した。また、サイトゾルのクエン酸排出タンパク遺伝子 *cexA* のノックアウトも行った。各ノックアウト株についてクエン酸生産試験および輸送体遺伝子の転写解析を実施し、各輸送体の機能や協調を考察した。

#### (3) クエン酸高生産糸状菌の育種基盤の確立と新奇な高効率生産菌の創製

供試菌 WU-2223L 株についてマイコトキシン (カビ毒) の観点からその安全性を精査した。また、WU-2223L 株の輸送体遺伝子を改変し、高効率高生産株の作製・評価を行った。さらに、WU-2223L 株と異なる特長を有するクエン酸生産菌 *Aspergillus lacticoffeatus* WU-2020 のゲ

ノムの解析も行い、クエン酸生産菌の改良の基盤の整理を目指した。

#### 4. 研究成果

##### (1) クエン酸生産系状菌を宿主としたゲノム編集技術の開発

1種類の制限酵素処理によりプロトSpacer配列(ゲノム編集の標的遺伝子を指定する配列)を挿入可能な系状菌用のガイドRNA発現ベクター-DNAを作製した。予想通り、制限酵素処理したベクターにオリゴヌクレオチドを挿入することで90%以上の効率で目的のガイドRNA配列を有する発現ベクターを構築できた。また、ATP-スルフィラーゼをコードする遺伝子(*sC*遺伝子)を対象として、発現ベクターとCas9タンパクをプロトプラスト-PEG法にてWU-2223L株に導入すると目的のゲノム編集株が取得できることを明らかにした。さらに、複数の遺伝子に対するガイドRNAを1つの遺伝子断片として導入することで対象遺伝子を同時に改変可能であることを見出した。以上より、以下で各種ゲノム編集株に用いる新規ゲノム編集法の開発に成功した(I. Yoshioka, et al., J. Biosci. Bioeng., vol. 131, 579-588 (2021))。

##### (2) ミトコンドリアにおける有機酸輸送体遺伝子およびサイトゾルにおけるクエン酸排出タンパク遺伝子の網羅的機能解析

*Aspergillus tubingensis* WU-2223Lのゲノムには、*A. niger* CBS 513.88のゲノム(H. J. Pel. et al., Nature, vol. 25, 221-231 (2007).)でミトコンドリア局在型有機酸輸送体遺伝子と推定されるもののホモログのうち、クエン酸生産条件下での転写が認められるものが7種存在する(表1)(注:研究開始当初は8種としていたがそのうち1つはWU-2223L株のゲノムを精査により有機酸輸送体と異なることを明らかにした)。そこで、確立したゲノム編集法を用いて各種ミトコンドリア局在型有機酸輸送体遺伝子のORF全長を欠失したノックアウト株を作製した。

表 1. WU-2223L 株ゲノムにおける推定ミトコンドリア局在型有機酸輸送体遺伝子

遺伝子名	<i>Aspergillus tubingensis</i> WU-2223L ゲノムにおけるローカスタグ	推定される輸送基質 <sup>1)</sup>
<i>ctpA</i>	AtWU_07281	クエン酸-リンゴ酸
<i>cocA</i>	AtWU_10869	クエン酸-2-オキソグルタル酸
<i>dicA</i>	AtWU_06197	ジカルボン酸
<i>odcA</i>	AtWU_08996	2-オキソジカルボン酸
<i>dicB</i>	AtWU_06565	2-オキソグルタル酸-リンゴ酸
<i>ggcA</i>	AtWU_07325	2-オキソグルタル酸-リンゴ酸
<i>oacA</i>	AtWU_01160	オキサロ酢酸

1) 推定される輸送基質は H. J. Pel. et al., Nature, vol. 25, 221-231 (2007). のデータに準拠

既知の主要なミトコンドリアのクエン酸輸送体遺伝子である *cocA* のノックアウトによりクエン酸生産量が50%以上激減したことを再確認し、本法を用いた遺伝子ノックアウトが有用であることを示した。また、その他の輸送体遺伝子については、*odcA*、*oacA* および *dicA* ノックアウト株ではクエン酸の生産量の減少が認められたが、その他の輸送体遺伝子のノックアウトではクエン酸生産量はほとんど変化しなかった。しかし、クエン酸生産量が変化しないノックアウト株も含めて種々のノックアウト株では、培養各時における各有機酸輸送体遺伝子の転写量は野生株と比較して増減の傾向または転写量自体が様々に変化していることを明らかにした。

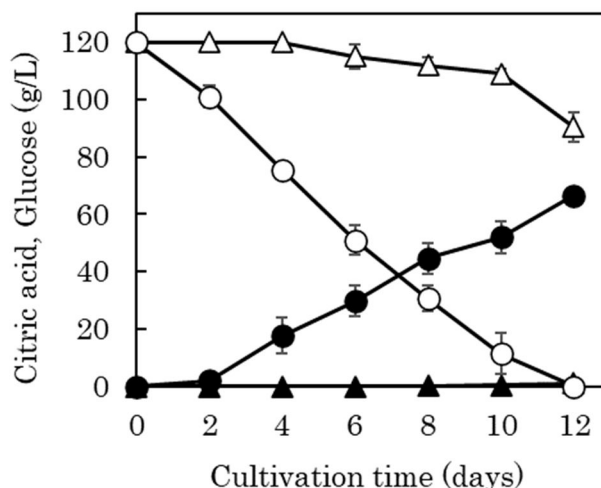


図 2. *cocA ctpA* 2重ノックアウト株によるクエン酸生産。通常のクエン酸生産培地に10 mMの酢酸ナトリウムを補助添加した。凡例:○, WU-2223L株, △, 2重ノックアウト株, 白抜きと黒塗りのシンボルはそれぞれグルコースとクエン酸濃度を表す。

すなわち、各輸送体遺伝子のノックアウトによる細胞内の有機酸の蓄積の変化がそれぞれの有機酸輸送体に影響を与えている、換言すればそれぞれのミトコンドリア局在型有機酸輸送体(遺伝子)が協調して機能していることが示唆された。さらに、ミトコンドリアにおけるクエン酸の輸送(排出)を明らかにするため、既知のクエン酸輸送体遺伝子 *cocA* と *ctpA* の 2 重ノックアウトを実施した。当該遺伝子の 2 重破壊の例は近縁種 *Aspergillus luchuensis* mut. *kawachii* で報告されていたが、WU-2223L 株においても二重ノックアウト株は同様に酢酸要求性を示し、またクエン酸の生産量は 98%減少した(図 2)。すなわち、WU-2223L 株のようなクエン酸高生産菌であっても主要なミトコンドリアのクエン酸輸送体は COCA と CTPA であることを明らかにした(論文投稿中)。

さらに、ミトコンドリアからサイトゾルへと輸送されたクエン酸の菌体外への排出経路についても解析した。*A. niger* ATCC 1015 を始めとするクエン酸生産のモデル菌株で近年同定されたクエン酸排出タンパク遺伝子 *cexA* について、そのノックアウトは WU-2223L 株のクエン酸生産量を激減(95%以上)させた。すなわち、CEXA は唯一のクエン酸輸送体であることを明らかにした。

以上より、本項での主要な成果(発見)は ミトコンドリアにおけるクエン酸輸送体は COCA と CTPA で構成されており、これらでサイトゾルへと汲みだされたクエン酸は CEXA のみで排出される。ミトコンドリアにおける有機酸輸送は互いに協調して働いており、一部の輸送体遺伝子のノックアウトはクエン酸の生産量を減少させる。すなわち、 から考察するに COCA や CTPA と協調してクエン酸高生産に寄与する輸送体が存在する。ということである。とくに興味深い点としてクエン酸高生産菌である WU-2223L 株においてもサイトゾル、ミトコンドリアのいずれのクエン酸輸送(排出)機構も他のモデル菌株と同様の要素(遺伝子)で構成されている点である。今後は本研究の知見を活かして、クエン酸生産菌に寄与するミトコンドリアの輸送機構の全容解明、および生産菌の育種(改良)への応用が期待される。

### (3) クエン酸高生産糸状菌の育種基盤の確立と新奇な高効率生産菌の創製

*A. niger* や *A. luchuensis* mut. *kawachii* では *cexA* の高発現によりクエン酸の生産量が增大することが報告されている。換言すれば、*cexA* の発現量はクエン酸の生産量に直接的に影響する。一方で、WU-2223L 株ではメタノールを添加した際にクエン酸の生産量が增大する「メタノール効果」を示すことが知られている。以上より、メタノール効果によるクエン酸の生産の増大を *cexA* の発現量の増大に由来すると仮定して実験を行った。WU-2223L 株はメタノール添加条件では培養初期の *cexA* の転写量が無添加条件と比較して 10 倍以上増大しており、また、*cexA* ノックアウト株を宿主として恒常的に高発現する組換え株を作製してクエン酸生産試験に供したところ、高発現株はメタノールの添加の有無に関わらず親株と同等のクエン酸生産量を示した。すなわち、「クエン酸の高生産菌においてもその高生産には *cexA* の発現量の寄与によるところが大きい」という事実を明らかにしたのみならず、メタノールの添加を必要とせずクエン酸を高生産可能な菌の創製という工業的にも極めて意義深い成果を得られた(図 3; 論文投稿中)。さらに、上述の *cexA* 高発現株のミトコンドリア輸送系について各輸送体遺伝子の転写量の定量解析を実施した。興味深いことに、*cexA* が高発現している株では親株では主要なミトコンドリアのクエン酸輸送体遺伝子であった *cocA* の転写量が約半分に減少し、生産に寄与の小さい *ctpA* の転写量が増大していた。すなわち、*cexA* の高発現株は親株と同等のクエン酸生産量を示す一方で、親株とは対照的に CTPA 輸送系が優位であり、ミトコンドリア輸送系の様相が異なることを明らかにした(論文投稿中)。この知見は今後、ミトコンドリア輸送系の観点からクエン酸生産菌を育種する際に極めて有用である。以上より、*A. tubingensis* WU-2223L を供試菌としてクエン酸生産機構の一端を明らかにしたとともに、工業的に有用なメタノール非依存的発酵菌の創製に成功した。

本研究ではさらにマイコトキシン(カビ毒)産生に着目して、当該菌株の工業的な安全性を検証した。具体的にはゲノム解析によりマイコトキシン生合成遺伝子クラスターの有無による潜在的な産生リスクと代謝産物解析による実際の産生の有無を検証した。これら二つの解析を組み合わせることで WU-2223L 株は *Aspergillus* 属で産生が認められる典型的なマイコトキシン 4 種(フモニシン、オクラトキシン、アフラトキシン、パツリン)が非産生であることを明らかにした(I. Yoshioka et al., JSM Mycotoxins, vol. 72, 75-83 (2022).)。また、本成果は日本マイコトキシン学会第 88 回学術講演会にて論文賞を受賞し、工業生産菌等の有用 *Aspergillus* において

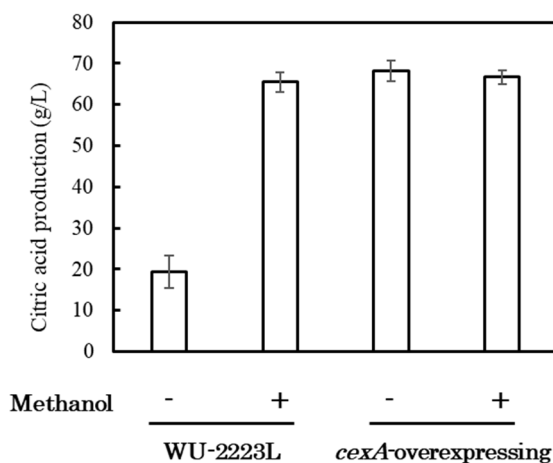


図 3. WU-2223L 株および *cexA* 高発現株におけるメタノール添加のクエン酸生産への影響。

マイコトキシン非産生ならびに安全性を証明するうえで有用な手法であることが認められた。

本研究で供試菌とした *A. tubingensis* WU-2223L は液体培養法で顕著なクエン酸生産能を示す菌株である。一方で、固体培養法でのクエン酸生産はバイオマス原料を分解する酵素の分泌能が向上し、バイオマス中の阻害物質の影響を受けにくいなどの液体培養とは異なる特長を有し、工業的なクエン酸発酵ではこれらの手法をニーズに合わせて選択することが望ましい。そこで、本研究では研究室で保有する固体培養に適した *Aspergillus lacticoffeatus* WU-2020 株においてもゲノム解析を実施した。Illumina 社のシーケンサーによるショートリードと Nanopore 社のシーケンサーによるロングリードを用いたハイブリッドアセンブリにより 11 本の Scaffold から成る 35.9 Mb の染色体ゲノムとミトコンドリアゲノムの高品質なゲノム配列の取得に成功した。また、*A. lacticoffeatus* WU-2020 においても上述の *cexA* やミトコンドリア局在型輸送体遺伝子が存在することを確認した (I. Yoshioka et al., Microbiol. Resour. Announc., vol. 12, e0109322 (2023).)。一方、同じ *Aspergillus* section *Nigri* に属するクエン酸生産系状菌であっても、WU-2223L 株と WU-2020 株ではミトコンドリアゲノムに部分的な相違点も存在する。ミトコンドリアゲノムがクエン酸生産にどれほど関与するのかを考察する必要がある。

本項では、*A. tubingensis* WU-2223L においてクエン酸排出タンパク遺伝子 *cexA* を高発現させることでメタノール非依存的なクエン酸高生産菌の創製に成功し、工業的に重要な成果を挙げた。また、このような生産株では親株と異なるミトコンドリア輸送系が構成されていることを示唆する結果が得られた。すなわち、*cexA* を基盤とした高効率クエン酸生産菌の創製において今後の育種法の方針となる重要な知見を明らかにした。さらに、WU-2223L 株とは異なる特性を有するクエン酸生産菌 *A. lacticoffeatus* WU-2020 の高品質ゲノムを明らかにした他、マイコトキシン産生に着目した安全性の評価方法を確立し、種々のクエン酸生産系状菌に関する育種の基盤を整理することができた。今後は WU-2223L 株や WU-2020 株を含む様々なクエン酸生産菌の比較解析により普遍的なクエン酸高生産機構を明らかにすること、あるいは各株の特長を明確にすることが重要である。また、ミトコンドリアおよびサイトゾルのクエン酸の輸送(排出)に着目した育種法を確立し、クエン酸生産菌の「高効率化(底上げ)」も重要な課題である。また、各クエン酸生産菌の工業発酵への利用においては、本研究で確立したマイコトキシン産生に基づく安全性の検証法が活用されることが期待される。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計6件（うち査読付論文 6件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Yoshioka Isato, Takahashi Hiroki, Kusuya Yoko, Yaguchi Takashi, Shibata Akira, Kirimura Kohtarō	4. 巻 12
2. 論文標題 Draft genome sequence of <i>Aspergillus lacticoffeatus</i> WU-2020, a citric acid producer suitable for solid culture that belongs to <i>Aspergillus</i> section <i>Nigri</i>	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e0109322
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1128/mra.01093-22	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 桐村 光太郎	4. 巻 36
2. 論文標題 ゲノム編集システムを利用した有機酸輸送機構の改変による高効率クエン酸生産系菌株の育種	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 IFO Research Communications	6. 最初と最後の頁 51-61
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 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 Yoshioka Isato, Nakagawa Hiroyuki, Kirimura Kohtarō	4. 巻 72
2. 論文標題 Non-production of mycotoxins by citric acid hyperproducer <i>Aspergillus tubingensis</i> (A. niger) WU-2223L: Evidence for its biosafety based on genome sequence and metabolite analyses	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 JSM Mycotoxins	6. 最初と最後の頁 75-83
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.2520/myco.72-2-3	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 Yoshioka, I. and Kirimura, K.	4. 巻 in press
2. 論文標題 Rapid and marker-free gene replacement in citric acid-producing <i>Aspergillus tubingensis</i> (A. niger) WU-2223L by the CRISPR/Cas9 system-based genome editing technique using DNA fragments encoding sgRNAs	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Bioscience and Bioengineering	6. 最初と最後の頁 579-588
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.jbiosc.2021.01.011	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 Takiguchi Arisa, Yoshioka Isato, Oda Yunosuke, Ishii Yoshitaka, Kirimura Kohtaro	4. 巻 131
2. 論文標題 Constitutive production of aconitate isomerase by <i>Pseudomonas</i> sp. WU-0701 in relation to trans-aconitic acid assimilation	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Bioscience and Bioengineering	6. 最初と最後の頁 47-52
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.jbiosc.2020.09.003	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 Yoshioka, I., Takahashi, H., Kusuya, Y., Yaguchi, T., and Kirimura, K.	4. 巻 9
2. 論文標題 Draft genome sequence of <i>Aspergillus tubingensis</i> WU-2223L, a citric acid-producing filamentous fungus belonging to <i>Aspergillus</i> section <i>Nigri</i>	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e00702-20
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/MRA.00702-20	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10件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 吉岡 育哲, 中川 博之, 桐村 光太郎,
2. 発表標題 代謝産物とゲノム解析ゲノムに基づいたクエン酸高生産菌 <i>Aspergillus tubingensis</i> WU-2223L のカビ毒非生産の検証
3. 学会等名 日本マイコトキシン学会第88回学術講演会 (茨城)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 吉岡 育哲, 岡村 隼杜, 桐村 光太郎
2. 発表標題 糸状菌 <i>Aspergillus tubingensis</i> WU-2223L におけるクエン酸排出タンパク遺伝子 <i>cexA</i> の高発現によるメタノール効果非依存性のクエン酸高生産
3. 学会等名 第74回 (2022年) 日本生物工学会大会 (大阪, オンライン開催)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 柴田 朗, 吉岡 育哲, 高橋 弘喜, 矢口 貴志, 桐村 光太郎,
2. 発表標題 固体培養に適したクエン酸高生産系状菌 <i>Aspergillus lacticoffeatus</i> WU-2020 のゲノム配列の決定
3. 学会等名 第74回 (2022年) 日本生物工学会大会 (大阪, オンライン開催)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 吉岡 育哲, 桐村 光太郎
2. 発表標題 クエン酸高生産系状菌 <i>Aspergillus tubingensis</i> (A. niger) WU-2223L の育種を目的とした CRISPR/Cas9 システムを利用した遺伝子置換法の開発
3. 学会等名 日本生物工学会大会 (沖縄, オンライン開催) 講演要旨集 G2H1 (0310), p. 103, 2021年10月.
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 曹 偉, 神戸 友美, 石井 義孝, 桐村 光太郎
2. 発表標題 <i>Xanthomonas campestris</i> WU-9701由来グルコース転移酵素XgtAの固定化および Ethyl-D-glucoopyranosideの選択的生産への応用
3. 学会等名 第73回 (2021年) 日本生物工学会大会 (沖縄, オンライン開催) 講演要旨集 G2H4 (0113), p. 122, 2021年10月.
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 曹 偉, 渡邊 理沙, 石井 義孝, 桐村 光太郎
2. 発表標題 <i>Xanthomonas campestris</i> WU-9701由来グルコース転移酵素XgtAによるalkyl -D-glucoopyranosidesの酵素的生産
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会 (京都) 講演要旨集 3C05-03, 2022年3月
4. 発表年 2021年 ~ 2022年



1. 発表者名 柴田 朗, 吉岡 育哲, 中川 博之, 桐村 光太郎
2. 発表標題 ゲノムおよび代謝産物の分析に基づくクエン酸高生産菌 <i>Aspergillus tubingensis</i> WU-2223L のマイコトキシン非生産性の検証
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会 (京都) 講演要旨集 4B02-11, 2022年3月.
4. 発表年 2021年 ~ 2022年

1. 発表者名 吉岡 育哲, 高橋 弘喜, 楠屋 陽子, 矢口 貴志, 桐村 光太郎
2. 発表標題 クエン酸高生産菌 <i>Aspergillus tubingensis</i> WU-2223L のドラフトゲノムの決定 (Draft genome sequencing of <i>Aspergillus tubingensis</i> WU-2223L, a citric acid hyperproducer)
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会 (仙台)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大浦 智之, 吉岡 育哲, 脇本 紗梨, 桐村 光太郎
2. 発表標題 ゲノム編集システムを用いたクエン酸生産系状菌におけるミトコンドリア局在型クエン酸輸送体遺伝子ノックアウト株の作製と性能評価 (Properties of knock-out strains generated by the genome editing system in relation to genes encoding mitochondrial organic acid transporter proteins in citric acid-producing <i>Aspergillus tubingensis</i> WU-2223L)
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会 (仙台)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 飯塚 恭平, 石井 義孝, 桐村 光太郎
2. 発表標題 III 型PKS を利用したmethylmalonyl-CoA からの新規多置換芳香族化合物の合成 (Synthesis of novel polysubstituted aromatic compounds from methylmalonyl-CoA by a type III polyketide synthase)
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会 (仙台)
4. 発表年 2021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
---------	---------