

麹菌ゲノム科学の産業利用

●前文要旨

麹菌 (*Aspergillus oryzae*) は1000年以上前から、酒・味噌・醤油などの日本の伝統的発酵産業に用いられ、「国菌」とも言われる日本の代表的産業微生物のひとつである。麹菌の最も大きな特徴は、大量の酵素を生産できる能力と、長期間にわたって食品の生産に使われてきた安全性にある。また、これらの優れた性質を利用して、現在ではバイオテクノロジーのための生産宿主としても使われている。

私たちは、この麹菌の優れた性質をさらに改善したり、新しい生産技術に利用することを目的として、産学官連携による麹菌のゲノム解析を行った。現在、麹菌ゲノム科学を基盤とした研究開発を進めるために、様々な解析を行っているところである。

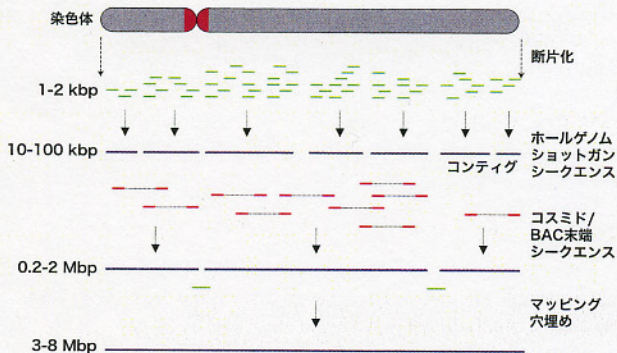


図1 ホールゲノムショットガン法による麹菌のゲノムシーケンス
麹菌のゲノム解析は、産業技術総合研究所、製品評価技術基盤機構、酒類総合研究所、食品総合研究所、東京大学、東京農工大学、東北大学、名古屋大学、天野エンザイム、インテックW&D、大関、キッコーマン、月桂冠、ヒゲタ醤油、日本醸造協会の連携によってなされた。

●技術内容

麹菌のゲノム解析は、ホールゲノムショットガン法によって行われた(図1)。麹菌全ゲノムDNAを1~2 kbの短いDNA断片に断片してクローニングし、約15万個以上のクローンを無作為に選んで挿入断片の両末端をシーケンスした。また、コスミド及びBAC (Bacterial Artificial Chromosome) ライブラリーから約5000個のクローンを無作為に選んで挿入断片の両末端をシーケンスし、ホールゲノムショットガンによって得られたコンティングの連結を行った。

上記によって得られたスーパーコンティングは、8本の核染色対にマッピングされ、種々の解析によって相対位置や向きが決定された。上記によって得られた約37Mbの麹菌の全ゲノム塩基配列より、GeneDecoderによって約12000の遺伝子が予測された。また、既知の遺伝子との配列の相同性や、機能モチーフとの相同性の解析により、約半数以上の遺伝子について機能が明らかになった。これにより、麹菌が有する多数の加水分解酵素、代謝・生合成パスウェイ、プロモーター配列など、有用物質生産に重要な膨大な情報が得られた。さらに、予測された遺伝子の

配列に基づいてプローブDNAを設計し、麹菌のほぼ全ての遺伝子を搭載したDNAマイクロアレイを作製した。これにより、多数の生育条件、変異株などでの麹菌全遺伝子の転写発現情報を蓄積しつつある。

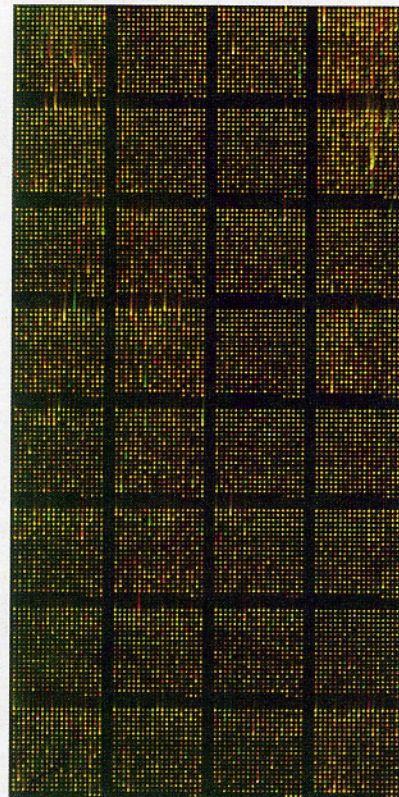


図2 麹菌の全遺伝子を搭載するDNAマイクロアレイ

●用途

上記の麹菌ゲノム科学情報を利用することにより、これまで利用されてこなかった麹菌の潜在能力を引き出すことが可能になると考えている。これにより、バイオマスや廃棄物などの安価な原料を利用したり、高付加価値な物質を生産するなど、ゲノム代謝工学を利用した新たなバイオテクノロジーの展開が期待される。

●特許・文献

- 1) Asai, K., Itou, K., Ueno, Y., and Yada, T., Recognition of human genes by stochastic parsing. *Pac.Symp.Biocomput.*, 228~239 (1998)
- 2) 阿部敬悦、五味勝也、町田雅之、長谷川史彦「糸状菌(カビ)ゲノム情報の産業利用」、ゲノミクス・プロテオミクスの新展開、(株)エヌ・ティー・エス、第1章、第10節
- 3) 関連特許：2002年出願15件、2003年出願2件

■連絡先

〒305-8568 茨城県つくば市梅園1-1-1中央第2
産総研イノベーションズ(経済産業省認定TLO)

Tel:029-861-5210 Fax:029-861-5087/E-mail: aist-innovations@m.aist.go.jp

