

植物ゲノム・遺伝子源解析センター 月例セミナー

とき 令和3年12月10日（金）16時～17時
ところ 農学部 A302 講義室

題目 「希少糖生産微生物のゲノム解析と応用事例」

講師 農学部（国際希少糖研究教育機構）准教授
望月 進 博士

概略

香川大学国際希少糖研究教育機構希少糖生産技術部門では、地域イノベーション・エコシステム形成プログラム（文部科学省）の一環として、生産性向上可能な希少糖生産酵素の探索を行ってきた。一般的に微生物酵素の探索では、微生物粗抽出酵素の活性試験と目的精製酵素のペプチドマスフィンガープリント（PMF）解析によって酵素遺伝子を同定する。このとき得られたペプチド情報をリファレンスゲノムと比較して検索を行うが、希少糖生産酵素のような特徴的な酵素の場合、データベース上の配列情報から目的酵素を同定することが困難なことも多い。そこで我々のグループでは、希少糖生産能を持つスクリーニングされた有用微生物の全ゲノム解析を行い、ゲノム情報を蓄積してきた。今回の月例セミナーでは、Mauveを用いたこれらのゲノム情報と一般的に公開されている近縁種のゲノム情報間のシンテニー解析（クラスター比較）により、従来の相同性検索とは異なる方法で遺伝子探索を行った事例を紹介する。

また、スクリーニングにより得られた酵素はそのままでも十分に高活性なものであるが、より生産性の高い酵素を得るためには酵素遺伝子の改変が必須である。しかしながら、一般的なランダム変異での酵素改変では解析効率が悪いだけでなく、立体構造が改悪されて不活化することも多い。この問題を回避する手段として、MEGAXを用いた分子系統解析と祖先配列予測を行い、活性を維持したまま生産性を向上した酵素の取得を試みた。本セミナーでは変異酵素を取得した実際の事例を併せて紹介する。

主催：香川大学農学部 植物ゲノム・遺伝子源解析センター
(<http://www.ag.kagawa-u.ac.jp/phytogene/index.html>)