

P-060

ブタノール生産性*Clostridium*属細菌のゲノム情報に基づく
発酵代謝系の分子遺伝学的解析

○上原 研人, 秋山 真成美, 金本 美穂, 西澤 智康, 長南 茂, 新田 洋司, 久留主 泰朗, 太田 寛行
茨城大・院農

E-mail: 15am202f@vc.ibaraki.ac.jp

バイオマスの有効利用方法の一つとして、*Clostridium*属細菌のアセトン・ブタノール・エタノール (ABE) 発酵が注目されている。これまでに、茨城大学フィールドサイエンス研究センターの畑地土壌からブタノール生産性*Clostridium beijerinckii* SBP2-HB株を分離し、スイートソルガム搾汁液 (SSJ) からバイオブタノールを生産することに成功している。SSJはスクロース、グルコース、フルクトースを含んでおり、カタボライト抑制によって、グルコースに比べて細菌のスクロース利用性が著しく低い点が課題であった。しかし、SSJに酢酸アンモニウム (AA) を添加することにより、スクロースの利用性が高まり、ブタノールの生産性も向上することわかってきた。そこで、本研究では、*C. beijerinckii* SBP2-HB株の糖類輸送系とABE発酵代謝に関わる遺伝子調節機構を明らかにするため、比較ゲノム情報解析に基づく*C. beijerinckii* SBP2-HB株の分子遺伝学的解析を行った。ゲノム解読されたブタノール生産性*Clostridium*属細菌 (*C. beijerinckii*、*C. acetobutylicum*、*C. saccharobutylicum*、および*C. saccharoperbutylacetonicum*) のABE発酵系の遺伝子をKEGGから取得して代謝経路を推定したところ、ピルビン酸からアセチルCoAの生成には*pflBD*、*por*、*korAB*の3遺伝子が存在し、クロトニルCoAからブチリルCoAの生成には*fabV*と*bcd*が関わる2経路の存在が示唆された。その先のブチリルCoAの変換は、ブタノール生成と酪酸生成に分岐するが、前者は*bdhAB*、後者は*buk*と*atoAD* (*C. acetobutylicum*ではプラスミドに存在) が触媒している。ABE発酵系遺伝子のゲノム中での所在 (染色体またはプラスミド) は菌種によって異なり、ABE代謝遺伝子の発現調節が異なることが推察された。一方、糖の取り込みには、特異性の無いホスホトランスフェラーゼ (PTS) システムのPtsS (*C. beijerinckii* NCIMB8052など) およびグルコース特異的なPTSシステムのPtsG (*C. acetobutylicum* DSM1731) が存在し、その相同性は低かった (Identity 31%, Similarity 76%)。SBP2-HB株では、AA添加条件でスクロース利用性が向上したことから*ptsS*が存在すると推察される。現在、AA添加培地における、これらの遺伝子の転写発現解析を進めている。