

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		木質系バイオマスを発酵原料としたエタノール生産ーキシロース資化酵母の育種と木質系バイオマス分解酵素の探索ー			
研究テーマ (欧文) AZ		Ethanol production from lignocellulosic biomass as a fermentation feedstock			
研究氏 代表 者	カナ CC	姓) シンタニ	名) タカヒロ	研究期間 B	2006 ~ 2007 年
	漢字 CB	新谷	尚弘	報告年度 YR	2008 年
	ローマ字 CZ	Shintani	Takahiro	研究機関名	東北大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		東北大学大学院 農学研究科・准教授			
<p>概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)</p> <p>現在バイオエタノール生産には、作物から得られるデンプンやショ糖が用いられており、食糧との競合が問題となっている。そのため、建築廃材や農作物非食用部などの廃棄物あるいは未利用バイオマスの利用が必須である。これらの木質系バイオマスは構成糖として五炭糖(主にキシロース)を含むが、エタノール生産に使用される出芽酵母 <i>Saccharomyces cerevisiae</i> は五炭糖を資化できないため、デンプンに対して競争力を持たない。そこで、キシロースを資化できる酵母の育種と木質系バイオマス分解酵素の探索を目的とし研究を行った。</p> <p>出芽酵母はキシロース代謝の第一段階であるキシロース異性化反応を触媒する酵素系を欠いているため、キシロースを資化する事ができないと考えられている。そこで、シロイヌナズナ由来のキシロースイソメラーゼ(XI) 遺伝子あるいは麹かび由来のキシロースレダクターゼ(XR) 遺伝子とキシリトールデヒドロゲナーゼ(XDH) 遺伝子の2遺伝子(これら2遺伝子産物によりキシロース異性化が行われる)を導入した組換え酵母を作製した。しかし、これらの外来遺伝子を導入しただけではキシロースを単一炭素源とした培地で生育できなかった。そこで、キシロース異性化により生じたキシロースのリン酸化を触媒するキシロキナーゼ及び生じたキシロースリン酸を解糖系、エタノール発酵へと導くペントースリン酸経路の鍵酵素トランスアルドラーゼをコードする遺伝子(それぞれ <i>XKS1</i>, <i>TAL1</i>) の発現を強化した酵母株を分子遺伝学的手法により作製した。この株に XI または XR/XDH 遺伝子を導入したところ、XR/XDH 遺伝子を導入した株はキシロースを単一炭素源とした培地で旺盛な生育を示した。今後、この株を用いキシロースからエタノールへの変換効率を解析するとともに、この株をプラットフォームとし、木質系バイオマスに含まれるヘミセルロースを効率よく分解する酵素群の探索を行う。</p>					
キーワード FA	木質系バイオマス	バイオエタノール	キシロース	酵母	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 E Z

So far, major sources for bioethanol production are sucrose and starch that are obtained from sugar cane and corn as energy crops, which has resulted in undesirable competition between food and energy. Therefore, conversion of cellulosic biomass to ethanol has been recognized as one of important technologies for a sustainable society. Compared with energy crops, cellulosic biomasses contain more hemicellulose whose major component is pentose. Since the yeast *Saccharomyces cerevisiae*, used for ethanol production, is not able to ferment pentose, ethanol production from cellulosic biomasses is less efficient than that from energy crops. In this research, we constructed the yeast strain that could grow with xylose as a sole carbon source by molecular breeding.

Because *S. cerevisiae* lacks xylose isomerizing system for the first step of xylose catabolism, it could not ferment xylose. Therefore, we exogenously introduced cDNA(s) coding a plant (*Arabidopsis thaliana*) xylose isomerase (AtXI) or filamentous fungus (*Aspergillus oryzae*) xylose reductase (AoXR) and xylitol dehydrogenase (AoXDH) to *S. cerevisiae* W303-1A. However, it was not enough to support the growth of this strain in a xylose medium. We next constructed the strain simultaneously overexpressing endogenous *XKS1* and *TAL1* genes, coding xylulokinase that converts xylulose to xylulose 5-phosphate and *TAL1* gene coding transaldolase, a key enzyme of pentose phosphate pathway, respectively. When AoXR and AoXDH were introduced, this strain exhibited a significant growth in a xylose medium. We are planning to analyze efficiency for xylose fermentation with this strain. In addition, the strain will be used as a platform to isolate genes coding novel cellulosic biomass degrading enzymes from various organisms.