

# メタボローム解析を用いた組換え酵母におけるキシロース発酵諸性能に関わる代謝経路の特定

光永 均<sup>1</sup>、Danang Waluyo<sup>1</sup>、畠中 治代<sup>2</sup>、馬場 健史<sup>1</sup>、福崎 英一郎<sup>1</sup>

<sup>1</sup>大阪大学大学院工学研究科生命先端工学専攻、<sup>2</sup>サントリービジネスエキスパート(株)

## Identification of metabolic pathway related to xylose fermentation performances with metabolome analysis in recombinant yeast

Hitoshi Mitsunaga<sup>1</sup>, Danang Waluyo<sup>1</sup>, Haruyo Hatanaka<sup>2</sup>,  
Takeshi Bamba<sup>1</sup>, Eiichiro Fukusaki<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Biotechnology, Graduate school of Engineering, Osaka University,

<sup>2</sup>Suntory Business Expert Limited.

近年植物性バイオマスからバイオエタノールを製造することを目標として、高効率キシロース資化性組換え酵母の開発が行われている。この組換え酵母の構築において、キシロース代謝様式が精査されていないこと、複数の発酵性能の向上が必要なことが課題として挙げられる。キシロース資化能を付与した組換え酵母 *S. cerevisiae* の発酵性能にはキシリトールのような副産物が多く生産されることが問題になっており、そのキシロース資化様式が精査されていないことが戦略的代謝改変を困難にしている。そこで、本研究では、エタノール発酵に関わる諸性能を細胞内代謝物プロファイルで表現し、エタノール発酵性能の向上に重要な代謝経路を特定することを目的とした。異なる6種類の組換え酵母株をエタノール発酵に供し、その細胞内代謝物をGC-MS及びCE-MSで網羅的に分析した。得られた代謝物プロファイルを説明変数、諸性能評価値を応答変数としたOPLS回帰モデルを構築した。その結果、いくつかのアミノ酸生合成経路が発酵性能に深く関与することが示唆された。重要代謝経路関連の遺伝子欠損株を構築し、発酵試験に供した結果、メチオニン生合成経路関連遺伝子破壊株でのキシリトール生産量が減少した。発酵培地へのメチオニン添加による代謝経路の抑制においても、同様の結果が得られたことから、キシリトール生産にはメチオニン生合成経路が関連することが示唆された。