第 66 回日本生物工学会大会講演要旨集　出典

細菌由来メバロン酸経路遺伝子群を利用した大腸菌におけるテルペン基本代謝のパスウェイエンジニアリング

○千田　大樹[1], 播本　孝史[2], 岡本　賢治[1], 簗瀬　英司[1], 原田　尚志[1]
([1]鳥取大・工・生応工、[2]神戸天然物化学)

＜研究背景＞

テルペン化合物は、これまでに植物や微生物等から約 4 万種類が単離されており、自然界で最も複雑かつ多様な化合物群である。その多くは化学合成が困難かつ天然賦存量が稀少なことから、植物や微生物を利用したバイオテクノロジーによるテルペン化合物の効率的生産技術の開発が期待されている。これまでの研究により、本来非メバロン酸(MEP)経路のみを有する大腸菌に対して放線菌や酵母由来のメバロン酸(MVA)経路遺伝子群を導入する試みにより、テルペン生産能が十倍以上向上することを報告している。本研究では細菌由来の MVA 経路遺伝子群に注目し、その機能比較と最適化を行うことにより、既存生産系よりも高効率な生産システムの開発を目指した。

＜方法・結果＞

MVA 経路を有する 7 種の細菌について、ゲノム配列情報を基に MVA 経路遺伝子群の PCR クローニングを行った。これらの遺伝子群を用いて、*in vitro* 相同組換え法により各種 MVA 経路遺伝子群発現プラスミドを構築し、モデルテルペン化合物であるリコペン量を指標として機能評価を行った。その結果、3 種の細菌由来の MVA 経路遺伝子を導入した場合において、既存の生産系と比較して最大で 3 倍程度生産量の増加が確認された。

本研究は、経済産業省委託事業『革新的バイオマテリアル実現のための高機能化ゲノムデザイン技術開発』の一部として実施された。

Pathway engineering of the basic terpene biosynthesis in *Escherichia coli* using gene clusters for the mevalonate pathway from several bacterial species

○Daiki Senda[1], Takashi Harimoto[2], Kenji Okamomo[1], Hideshi Yanase[1], Hisashi Harada[1]
([1]Dept. Chem. Biotechnol., Fac. Eng.,Tottori Univ., [2]KNC Laboratories)

Keywords　pathway engineering, mevalonate pathway, terpenoid, carotenoid