

黒麹菌のドラフトゲノム解析を終了



黒麹菌 NBRC 4314 株 (撮影:NITE-NBRC 岡根)

平成 20 年 8 月 18 日

独立行政法人 製品評価技術基盤機構

独立行政法人 産業技術総合研究所

独立行政法人 酒類総合研究所

学校法人 近畿大学

■ ポイント ■

- ・ 沖縄の泡盛や九州の焼酎の製造に用いられている黒麹菌のゲノム配列を解読。
- ・ 日本の伝統的な産業微生物である麹菌の代表菌種 2 種のゲノム情報が完備。
- ・ 有用物質の生産、バイオマスの有効利用などバイオテクノロジーへの応用に期待。
- ・ 沖縄県との連携により地場産業の振興（品質向上、高付加価値化等）にも期待。

■ 概要 ■

独立行政法人 製品評価技術基盤機構（NITE：ナイト）は、独立行政法人 産業技術総合研究所（産総研）を代表とし独立行政法人 酒類総合研究所、大学、酒造メーカー、沖縄県関連機関などが参加する「黒麹菌ゲノム解析コンソーシアム」と共同で、黒麹菌（*Aspergillus awamori*：アスペルギルス・アワモリ）の全ゲノムのドラフト塩基配列の解読（ゲノムの概要の解析）に世界で初めて成功した。

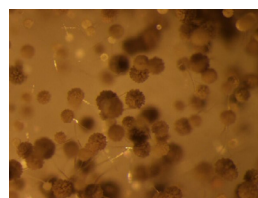
今回ゲノム解析を行った黒麹菌は沖縄において泡盛の製造に伝統的に用いられているほか、焼酎製造に広く用いられる白麹菌（*Aspergillus kawachii*：アスペルギルス・カワチ）の起源になったとも言われている。黄麹菌、黒麹菌、白麹菌はともに国菌にも認定されている我が国を代表する産業微生物である。

NITE、産総研らは、先に清酒、味噌、醤油などの製造に用いられている黄麹菌（*Aspergillus oryzae*：アスペルギルス・オリゼ）のゲノム解析を行い、2005 年 12 月 22 日に解析完了を発表した。黒麹菌のゲノム解析により、日本の伝統的な産業微生物である麹菌の代表菌種のゲノム情報が完備されることになる。

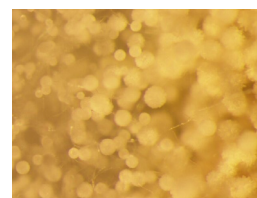
_____は別紙【用語の説明】参照



麹菌（黄麹菌）
（清酒、味噌、醤油）



黒麹菌
（泡盛、焼酎）



白麹菌
（焼酎）

麹菌の仲間は孢子の色によって大きく 3 種類に分けられ、用途によって使い分けられる。単に麹菌というと黄麹菌を指すことが多い（写真提供：酒類総合研究所）。

■ 社会的背景 ■

麹菌の仲間は米、麦、イモなどのデンプンを糖に変え、この糖を酵母がアルコールに変えることによってアルコール醸造が行われる。本州における清酒、味噌、醤油などの生産には麹菌（黄麹菌）が用いられてきた。一方、沖縄や九州など気温の高いところでのアルコール醸造には、クエン酸などの有機酸によって雑菌の繁殖を抑える能力の高い黒麹菌や、その変異種と考えられる白麹菌が伝統的に用いられてきた。伝統的に食用に用いられてきたため、その安全性が欧米諸国でも広く認められている。

麹菌やその仲間は、多くの有用酵素やクエン酸などの有機物を生産することから、醸造以外にも様々な用途に用いられてきている。例えば高峰譲吉博士が 20 世紀初頭に実用化したタカジアスターゼは現在でも胃腸薬の成分として広く使われている。また、近代的なバイオテクノロジー産業でも麹菌の仲間が幅広く用いられている。特に、伝統的に用いられてきて安全性が認められているものであることから、食品加工や機能性食品の製造に用いられる多種多様な酵素など、生活に密着したところでもさかんに利用されている。ゲノム解析によって遺伝子の全容が明らかになることにより、遺伝子工学技術を用いた有用タンパク質の生産や、高い高分子分解活性を活用したバイオマス分野での利用など、さらに広範な産業への利用が期待されている。

■ 経緯 ■

黒麹菌は琉球原産と考えられており、明治 34 年（1901 年）に乾環氏が首里地方で分離して発表したものが学術研究の最初と言われている。その後、九州地方にまで利用が拡大する一方で、各地で分離された株が国内の微生物保存機関などで維持されてきた。

今回解析を行った黒麹菌 NBRC 4314 株（= RIB 2604 株）も 70 年以上前に分離されたものである。現在は NITE の生物遺伝資源部門（NBRC）と独立行政法人 酒類総合研究所（RIB）で維持されている。

黒麹菌の分類は、最近の遺伝子塩基配列を基にした解析の結果から、クエン酸発酵などで産業利用されている黒カビ（*Aspergillus niger*）に近縁なグループと、それ以外の黒麹菌が主流をなすグループの 2 つに大きく分けられることがわかってきた。NBRC 4314 株は後者のグループの標準株と位置づけられるものである。白麹菌とも極めて近い関係にあり、その起源になったと考えられる。今回 NBRC 4314 株の高精度なドラフト配列を解読したことにより、日本の代表的な産業微生物である麹菌の代表菌種 2 種について、基準となるゲノム情報が整備されたことになる。

■ 解析の概要および期待される効果 ■

解析を行った黒麹菌 NBRC 4314 株のゲノムサイズは約 3 千 5 百万塩基対と見積もられ、染色体末端などを除いたゲノムの 99%以上について高精度の塩基配列を取得した。

今後、NITE ではさらに解析を進めてゲノム配列データの完成度を高める一方、黒麹菌ゲノム解析コンソーシアムにおいて、ゲノムのアノテーション、他のアスペルギルス属糸状菌とのゲノム比較等を実施する予定である。

これにより、黄麹菌やその他の糸状菌とは異なった新規な糖質分解酵素（アミラーゼ、セルラーゼ等）、タンパク質分解酵素、脂質分解酵素などの発見が期待されるほか、高い安全性を背景として、有機酸や機能性多糖などの有用物質の生産、バイオマスの有効利用など、バイオテク

ロジーの様々な分野での活用が見込まれる。

さらに、沖縄県が新世代塩基配列決定装置ギガシーケンサーを用いて実施する予定の黒麹菌の大規模シーケンスプロジェクト（2008年8月18日プレス発表）とも密に連携して解析を進める予定であり、沖縄県が所有する個々の株について遺伝子の変異を同定したり機能性や安全性の評価を行うための基準となる高精度なデータを提供することにより、沖縄県産の泡盛の品質向上や新規商品の開発などに貢献できると期待されている。

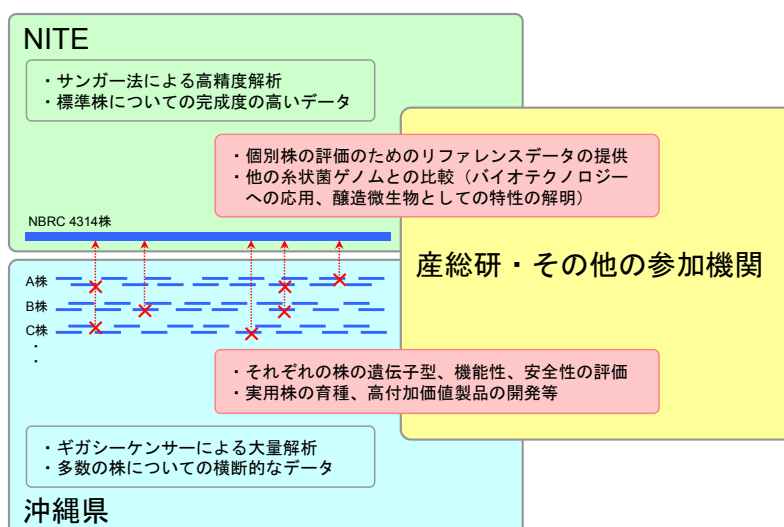
■ 沖縄県のプロジェクトなどとの連携 ■

今回我々はサンガー法によってドラフトゲノム配列を取得した。この方法は、ヒトゲノム解析をはじめとして、これまでほとんどのゲノム解析に標準的に用いられてきた方法であり、極めて信頼性の高い配列データ（素データで99%以上、結合整理された状態では99.99-99.99999%以上）が得られるのが特長である。今後の詳細な解析により、染色体末端などの特殊領域を除いたゲノムのほぼ全領域にわたって、基準となる高精度な塩基配列データが整備されることになる。

一方、沖縄県では、昨年度に導入したギガシーケンサーと呼ばれる最新の分析機器を用いる計画である。この方法では、一度に読み取れる塩基配列の長さが25-35塩基（サンガー法では約800塩基）と短いものの、高度並列処理により、単位時間当たりのデータ生産量が極めて高い（サンガー法に比べて100倍以上）という特長を持っている。これにより、実用株を含めた多数の株について短期間にゲノムデータを取得することが可能である。

ギガシーケンサーで得られた配列を精度よく結合整理することは現状では難しいため、沖縄県のプロジェクトでも我々が取得したNBRC 4314株の配列は基準データとして大きな役割を果たすことになる。すなわちギガシーケンサーによって得られた個々の配列データを基準データと比較することによって塩基配列の違い（変異）を同定することができ（下図参照）、これによって、それぞれの株の遺伝子型、機能性、安全性などを評価することが可能となる。

また、他の大学・研究所などとも連携を築き、得られた配列情報の効果的な利用を目指す。



■ 黒麹菌ゲノム解析コンソーシアムについて ■

NITE と共同研究を実施する「黒麹菌ゲノム解析コンソーシアム」は、産総研を代表とし、以下の機関から構成される。各機関は協力して、ゲノムのアノテーション（遺伝子予測および注釈付け）、*Aspergillus kawachii*（アスペルギルス・カワチ）のランダムシーケンスによる配列取得、*Aspergillus niger*（アスペルギルス・ニガー）や *Aspergillus kawachii* を含む他のアスペルギルス属糸状菌との比較ゲノム解析等を実施する計画である。

独立行政法人	産業技術総合研究所（代表）	酒類総合研究所
大学	近畿大学 早稲田大学 東京大学	金沢工業大学 東北大学
沖縄県および関連法人	沖縄県工業技術センター	トロピカルテクノセンター
その他	アサヒビール株式会社	財団法人日本醸造協会

■ 技術的な問い合わせ先 ■

独立行政法人 製品評価技術基盤機構

バイオテクノロジー本部 藤田、神野
〒151-0066 東京都渋谷区西原 2-49-10
TEL: 03-3481-1933 E-mail: bio@nite.go.jp

独立行政法人 産業技術総合研究所

セルエンジニアリング研究部門 町田、小池
〒305-8562 茨城県つくば市東 1-1-1 中央第 6
TEL: 029-861-9447 E-mail: m.machida@aist.go.jp

【プレス発表／取材に関する窓口】

独立行政法人 産業技術総合研究所
広報部 広報業務室 梶原 茂
〒305-8568 茨城県つくば市梅園 1-1-1 中央第 2 つくば本部・情報技術共同研究棟 8 階
TEL:029-862-6216 FAX:029-862-6212 E-mail:presec@m.aist.go.jp

独立行政法人 製品評価技術基盤機構
バイオテクノロジー本部計画課 榎田 憲弘
〒151-0066 東京都渋谷区西原 2-49-10
TEL:03-3481-1933 FAX:03-3481-8424 E-mail:bio@nite.go.jp

NBRC 4314 株の分譲については、NITE 生物遺伝資源部門（NBRC）のウェブページ（<http://www.nbrc.nite.go.jp/index.html>）をご覧ください。

【用語の説明】

◆ゲノム

ある生物種が有する全ての遺伝子のセット。遺伝子は、A、T、G、C と略称される 4 種の物質のいずれかが鎖状につながった物質である DNA からなり、この 4 種の物質の並び（配列）によって、タンパク質の合成やその使われ方などが暗号化されている。麹菌のゲノムは、全体で 3500 万～4000 万個の並びからなる。

◆麹菌

日本において醸造および食品などに汎用されている菌（微生物）であり、黄麹菌（アスペルギルス・オリゼなどのオリゼ群）、黒麹菌（アスペルギルス・アワモリなどのあわもり群）、および白麹菌（アスペルギルス・カワチ）からなる。

◆バイオマス

家畜排せつ物や生ゴミ、木くずなどの動植物から生まれた再生可能な有機性資源のこと（農水省、バイオマス・ニッポン ホームページより）。

◆黒カビ

アスペルギルス・ニガールの通称。生育して集落（コロニー）を形成すると黒く見える。

◆アノテーション

DNA の A、T、G、C と略称される 4 種の物質の並びから、どの部分がどのような役割（どのようなタンパク質の合成を行うかなど）を担っているかを示す注釈を付けることをアノテーションと言う。

◆アスペルギルス属糸状菌

微生物であるカビの一種。胞子を付ける部分の形態が、カトリックの聖水を振りかける道具（アスペルギルム）に似ていることから名付けられた。発酵に利用されるものから植物や動物に感染するものまで、多数の異なる性質を持つ種からなる。

◆ギガシーケンサー

第 2 世代の DNA シーケンサー。従来の DNA シーケンサーとは異なり、一度に読み取れる塩基配列の長さが 25-35 塩基（サンガー法では約 800 塩基）と短いものの、高度並列処理により、単位時間当たりのデータ生産量が極めて高い（サンガー法に比べて 100 倍以上）という特長を持っている。

◆サンガー法

従来の DNA シーケンサーによる DNA の配列解析の方法。試料 DNA を鋳型として、酵素によって DNA 合成を行う時に使われる物質（A、T、G、C と略称される 4 種の物質）の種類を判定することによって配列を解析する。