

油脂酵母の油脂生産制御因子 LsSnf1p の同定と機能解析

SATテクノロジー・ショーケース2022

■ はじめに

パーム油は植物油脂類の40%を占めており、他の植物油と比較して高汎用性（食品、油脂化成品等）である。近年の世界人口の増加や新興国の成長とともに、その需要は増加している。一方で、需要増加に伴う東南アジアでのアブラヤシプランテーション農園拡大による環境への影響が問題視されており、新たな油脂生産技術の開発は世界的にも重要な課題である。このパーム油代替油脂生産を実現するものとして油脂酵母 *Lipomyces starkeyi* の産業利用が期待されている。*L. starkeyi* は廃棄物由来の炭素源を資化して油脂（トリアシルグリセロール、TAG）に変換でき、その油脂はパーム油と類似した組成のため、パーム代替油として期待できる。産業利用化のためには、育種や遺伝子工学的技術活用による油脂生産性の向上が課題であるが、改変対象遺伝子の情報となる油脂生産機構には未解明な部分が多い。これまで、本研究グループで取得した油脂蓄積変異株の油脂合成経路（アシル CoA 合成経路、ケネディ経路）の遺伝子発現比較解析より、アシル CoA 合成経路が油脂生産に重要であること、上記経路の関連遺伝子 *ACC1* 高発現株は油脂量が向上したことが明らかとなっている。出芽酵母 *Saccharomyces cerevisiae* では *Acc1p* の活性がAMP キナーゼの酵母ホモログ *Snf1p* によってリン酸化制御を受けていることが明らかになっている。そこで、油脂酵母 *L. starkeyi* でも同様の制御機構が存在し、AMPキナーゼホモログである *LsSnf1p* が油脂合成における制御因子の可能性が高いことが予想される（Fig. 1）。そこで本研究では、*LsSnf1p* の油脂生産への関与を明らかにすることを目的とした。

■ 活動内容

1. *LsSNF1* 欠失株 ($\Delta lssnf1$) の生育及び油脂生産性の評価

油脂酵母 *L. starkeyi* *LsSnf1p* の油脂生産との関連性を明らかにするために、 $\Delta lssnf1$ を作製し、生育及び油脂生産性を評価した。 $\Delta lssnf1$ の生育は培養 2 日目まで野生株の 75%の増殖能であった（Fig. 2A）。最も TAG 量に差が確認された培養 5 日目の $\Delta lssnf1$ の TAG 量は野生株の約 1.8 倍であった（Fig. 2B）。このことから *LsSnf1p* は、油脂生産を負に制御する因子であることが明らかとなった。

2. *LsSNF1* 欠失株の油脂合成経路における遺伝子発現比較解析

1. で *LsSnf1p* は、油脂生産と関連性があることが明

かとなった。そこで、*LsSnf1p* が油脂合成経路（アシル CoA 合成経路、ケネディ経路）へ及ぼした影響を調査するために、遺伝子発現比較解析を実施した。 $\Delta lssnf1$ のアシル CoA 合成経路（*ACL1*、*ACL2*、*ACC1*、*FAS1*、*FAS2*）の遺伝子発現量は野生株と比較して全遺伝子の発現量の向上が確認された（Fig. 3）。次いで、ケネディ経路（*SCT1*、*SLC1*、*ALE1*、*PAH1*、*DGK1*、*DGA1*、*DGA2*）の遺伝子発現比較解析を実施したところ、培養 3 日目において、*SCT1*、*ALE1* の発現量の向上が確認された。しかし、アシル CoA 合成経路のように全ての遺伝子の発現量向上は確認されなかった。以上より、 $\Delta lssnf1$ の油脂生産量の向上は、アシル CoA 合成経路の全遺伝子の高発現と *SCT1*、*ALE1* の高発現による影響であることが考えられた。

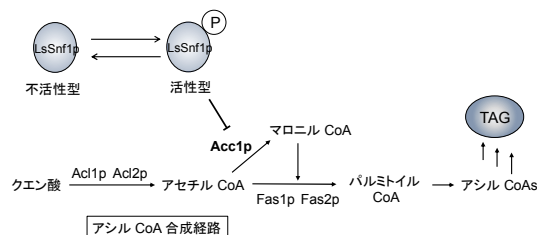


Fig. 1 *LsSnf1p* のアシル CoA 合成経路への予想制御

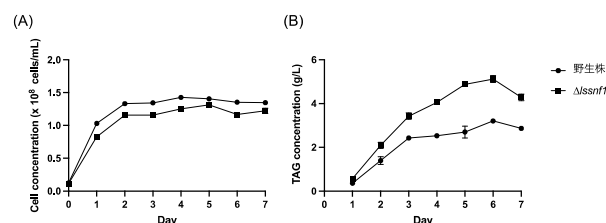


Fig. 2 野生株と $\Delta lssnf1$ の細胞濃度および TAG 生産量

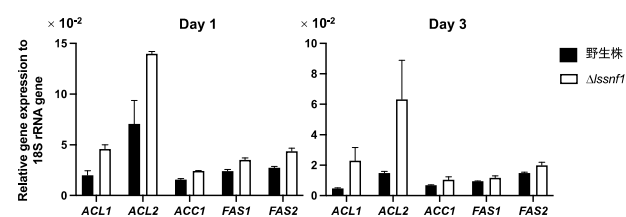


Fig. 3 野生株と $\Delta lssnf1$ の培養 1 日目及び 3 日目のアシル CoA 合成経路における遺伝子発現比較解析

代表発表者 佐藤 里佳子(さとう りかこ)
所 属 新潟薬科大学大学院 応用生命科学研究科
産総研・早大 生体システムビッグデータ解析
オープンイノベーションラボラトリ
問合せ先 〒956-8603 新潟県新潟市秋葉区東島 265-1
TEL:0250-25-5125
sato.rikako03@gmail.com

■キーワード: (1) 油脂酵母 *Lipomyces starkeyi*
(2) SNF1/AMPK
(3) 遺伝子発現比較解析
■共同研究者: 藤井佑弥 (新潟薬科大学)
高久洋暁 (新潟薬科大学)
油谷幸代 (産業技術総合研究所)