

## 麴菌ゲノムデータベース

麴菌の全ゲノムシーケンスが 2005 年に終了しました。

酒類総合研究所では、全世界的に麴菌の研究を推進するための知的基盤として、麴菌ゲノム情報データベースシステムを開発し、外部へ公開しました。

データベースの内容は、13,765 全 ORF ごとに塩基及びタンパク質配列情報及び文献情報を閲覧可能な HTML ページを作成し、機能ドメイン解析データなどを適切に配置するとともに、スーパーコンティグごとの ORF 一覧、ORF 情報に対するキーワード検索システム、塩基及びアミノ酸配列に対するホモロジー(相同性)検索システムを構築しました。

今後、麴菌の研究が飛躍的に進めば、酒類業界にとっても高付加価値商品の開発やより効率的な製麴方法などの有意義な成果が出てくることが考えられます。

### 【用語説明】

#### ○ORF(オープンリーディングフレーム)

蛋白質に翻訳される DNA あるいは RNA の配列のこと。

#### ○コンティグ

断片化された塩基配列をつなぎ合わせた仮想的な DNA 配列

# 麹菌ゲノムデータベースの公開

Aspergillus oryzae RIB 40 Genome DB  
AO080554000192

gene name	amyB	
product	Alpha-amylase	
CDS	499 amino acids, molecular mass 54810 Da 1500 nucleotides with 2000-b promoter, 1000-b terminator region and intron	show show show
contig	join:486782..486949, 487005..487043, 487129..487244, 487314..487422, 487491..487719, 487778..487940, 488006..488152, 488218..488458, 488526..488825	genbank
Dogon ID	AO090023000944 alpha-amylase [Aspergillus oryzae Ace36]	alignment
paralogs	AO080546000056 AO080514000005	alignment

**ORF情報**

motif	PF006647 Glycosyl hydrolase, family 13, catalytic region PF006592 Glycosyl hydrolase, family 13, subfamily, catalytic region PF017277 Alpha-amylase, family 13, subfamily, catalytic region PF011790 Glycosyl hydrolase, family 13, alpha-beta PF042701 Glycoside hydrolase, catalytic core PF015340 Alpha-amylase, domain of unknown function DUF1956, C-terminal	detail
localization	23.3 %: endoplasmic reticulum 22.2 %: vacuolar 22.2 %: mitochondrial 11.1 %: cytoplasmic 11.1 %: extracellular, including cell wall	detail

**機能motif**  
**局在性予測**

homologs	<ol style="list-style-type: none"> <li>AO090023000944 alpha-amylase [Aspergillus oryzae Ace36] Expect = 0.0</li> <li>sp Q02906 AM5B_ASPAW Alpha-amylase B precursor (1,4-alpha-D-glucan glucanohydrolase B) &gt;gnl BL_ORD_D114 alpha-amylase-precursor [Aspergillus niger] Expect = 0.0</li> <li>ref XP_751813.1 alpha-amylase, putative [Aspergillus fumigatus AF293] &gt;gnl BL_ORD_D1170 alpha-amylase, putative [Aspergillus fumigatus AF293] Expect = 0.0</li> <li>ref XP_001273899.1 alpha-amylase, putative [Aspergillus clavatus] &gt;gnl BL_ORD_D13067 alpha-amylase, putative [Aspergillus clavatus AF293.1] Expect = 0.0</li> <li>ref XP_001209405.1 alpha-amylase precursor [Aspergillus terreus NH-0524] &gt;gnl BL_ORD_D11920 alpha-amylase precursor [Aspergillus terreus NH-0524] Expect = 0.0</li> <li>ref NP_092622.1 hypothetical protein ANQ018.2 [Aspergillus nidulans FGSC 45] &gt;gnl BL_ORD_D1151 alpha-amylase AmyA [Eurotium nidulans] &gt;gnl BL_ORD_D1163 hypothetical protein ANQ18.2 [Aspergillus nidulans FGSC 45] Expect = 0.0</li> <li>ref XP_364865.1 hypothetical protein [Neurospora crassa ORF44] &gt;gnl BL_ORD_D10959 hypothetical protein [Neurospora crassa] Expect = 0.0</li> <li>ref XP_364795.1 hypothetical protein MYG_09640 [Magnaporthe oryzae 70-15] &gt;gnl BL_ORD_D1658 hypothetical protein MG047_ch765 [Magnaporthe oryzae 70-15] &gt;gnl BL_ORD_D1658 hypothetical protein MYG_09640 [Magnaporthe oryzae 70-15] Expect = 0.0</li> <li>ref NP_001018290.1 hypothetical protein SPAC448.01 [Schizosaccharomyces pombe 972b] &gt;gnl BL_ORD_D13072 Expect = 0.0</li> <li>Alpha-amylase 1 precursor (1,4-alpha-D-glucan glucanohydrolase) (Nucleic acid-dependent protein 5), divergent expression up-regulated protein 30) &gt;gnl BL_ORD_D13072 SPAC448.01 [Schizosaccharomyces pombe] Expect = 0.0</li> <li>ref NP_012719.1 Protein of unknown function, similar to alpha-D-glucosidase, transcriptionally activated by both Pdc6p and Trel6p, along with trehalose and other genes involved in the pleiotropic drug resistance (PDR) phenomenon [Saccharomyces cerevisiae] &gt;gnl BL_ORD_D115803 Probable alpha-glucosidase (1,4-1,6-Mannose) &gt;gnl BL_ORD_D115803 ORF [Saccharomyces cerevisiae] &gt;gnl BL_ORD_D115803 unnamed protein product [Saccharomyces cerevisiae] Expect = 2.0E-7</li> </ol>	alignment
----------	--	-----------

**Homolog情報**

EST contigs	AcEST03185 AcEST03004 AcEST01136 AcEST00062 AcEST09370 AcEST00005	alignment
EST clones	SC1284 HG6090 AC8343 AN1971 AC8267 AC7016 AC8300 AC6042 AC8366 AC8159 and more...	alignment

**EST情報**

reference  
Tada, S., et al., Cloning and nucleotide sequence of the genomic Taka-amylase A gene of Aspergillus oryzae, Agric. Biol. Chem. 53, 593-599 (1989)

**文献情報**

last updated 2007/07/20  
comment and suggestions to : yamada@rrb.ri.go.jp

## 麹菌のゲノム解析とその利用

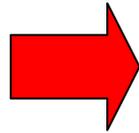
酒類総合研究所では、3独立行政法人、4大学及び8企業による産学官連携型コンソーシアムを組んで、独立行政法人製品評価技術基盤機構との間でゲノム解析プロジェクトを進め、麹菌の全 DNA 配列の95%以上を決定しました。この解析対象の麹菌株は、アスペルギルス・オリゼ RIB40 です。

解析を進めるなかで、研究所は遺伝子数約 13,000 個と推定される麹菌の遺伝子の内 3,000 個を乗せた「麹菌 cDNA マイクロアレイ」を開発しました。これを用いて麹造りのような固体培養で発現している遺伝子と液体培養で発現している遺伝子を比較することにより、麹菌遺伝子の働きについての解析は一層進展すると期待されました。

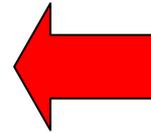
# 麹菌のゲノム解析とその利用

～「国菌」麹菌の優れた能力と高い安全性を最大限に利用～

重要な  
研究・産業基盤の確立



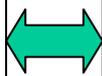
ゲノム解析  
プロジェクト



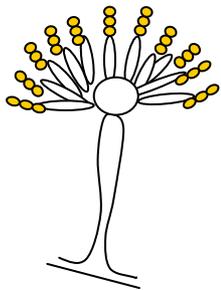
知的財産権をめぐる  
海外との競争

ゲノムサイズ：約37Mbp 、推定遺伝子数：約13,000個

製品評価技術  
基盤機構



産学官連携型コンソーシアムによる研究体制  
3 独立行政法人、4 大学、8 企業

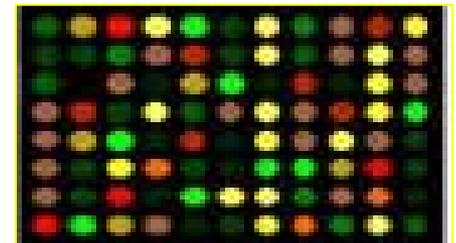


麹菌 (*A. oryzae*)

**ゲノム解読**：既に、全DNA配列の  
95%以上を世界に先駆け決定

**発現遺伝子配列解析**：約22,000  
試料を解析  
(うち半数以上を酒総研が実施)

研究への応用例



麹菌のDNAマイクロ  
アレイを開発

多数の遺伝子の働く時期や条件について包括的に解析可能。