文献４０

Microbial Cell Factories 21: 160 (2022)

Ethanol yield improvement in *Saccharomyces cerevisiae* GDP2 delta FBS1 delta ADH2 delta DLD3 delta mutant and molecular mechanism exploration based on the metabolic flux and transcriptomic approaches

P.Yang et al.

Hefei Univ. of Technology, China

【概要】

*S. cerevisiae*は発酵過程でグリセロール、酢酸、乳酸などの副生物を生産する。

エタノール収率を高めるため、これらの副生物の生産にあずかる遺伝子GPD2, FPS1, ADH2, DLD3をCRISPR/Cas9によるゲノム編集でノックアウトした。（図１）

　得られた破壊株（SCGFAD株）は50g/Lグルコースを含むYPDフラスコ培養でエタノール生産量23.29g/Lと親株の1.19倍の生産量だった。（図２）

　またグリセロール、酢酸、乳酸の生産量もそれぞれ22.32%, 8.87%, 16.82%減少した。



　　　　　　　　　　　　　　　図１

　　　　　　　　　　P.Yang et al. J.Fungi 8, 703 (2022)



　　　　　　　　　　　　　　　図２