

先端バイオ工学研究センター

第 15 回講演会のご案内

当研究室に新しく加わられた 3 名の方たちの研究内容を講演いただくことになりました。
皆様奮ってご参加ください。

日時 2026 年 6 月 3 日 (水) 9 時 00 分～11 時 00 分

場所 ダイセル OI ホール

プログラム

9 : 00	蓮沼先生ごあいさつ
9 : 10	守屋 瑛人 JSPS 特別研究員
9 : 40	Nunthaphan Vikromvarasiri 特命助教
10 : 10	Bennett Megan Emily VTT Technical Research Centre of Finland - Research Scientist

官能基を「動かして」遊ぶ有機合成

神戸大学 先端バイオ工学研究センター JSPS 特別研究員

守屋 瑛人

E-mail: eito.moriya@sapphire.kobe-u.ac.jp

有機合成化学は、分子レベルでものづくりできるのが魅力である。とはいえ、ただ混ぜるだけでは、望む分子は作れない。そのためには仕掛けが必要であり、その一つが「触媒」である。触媒を用いて未踏の分子変換を実現させる触媒反応開発が、自分の研究分野である。

一方で、分子同士を繋ぎ合わせる言わば接着剤であり、有機合成の土台となるのが「官能基」である。官能基は、その位置を変えるだけで、分子の性質を大きく変えられる。実際、医薬品の生物活性の最適化を目的に、創薬現場の最前線では、官能基の位置（構造異性体）が積極的に検討される^[1]。しかし、これまでは官能基の位置が異なる分子を作るには、その都度、対応する原料を別々に合成しなければならず、多大な時間と労力を要した。

であれば、すでにある官能基を動かせばいいじゃないか、その考えのもと遷移金属触媒を用いた官能基の位置移動反応の研究を開始した。検討の結果、ニッケル/dcype 触媒を用いた際に、ピバロイル基の移動を伴うアルケニルピバレートシネ置換反応、テトラロン類のカルボニル基の位置移動反応が進行することを見いだした。また、芳香族エステルと 2-シアノピリジンのアリアル基の分子間移動反応の開発にも成功した。本講演では、学生時代に発見したこれらの反応を実例に、官能基の位置移動戦略について紹介する。

[1] Tague, A. J.; Keller, P. A.; Pyne, S. G. *et al. ACS Med. Chem. Lett.* **2021**, *12*, 413–419.

Nunthaphan Vikromvarasiri, Ph.D.

Assistant Professor

神戸大学 先端バイオ工学研究センター

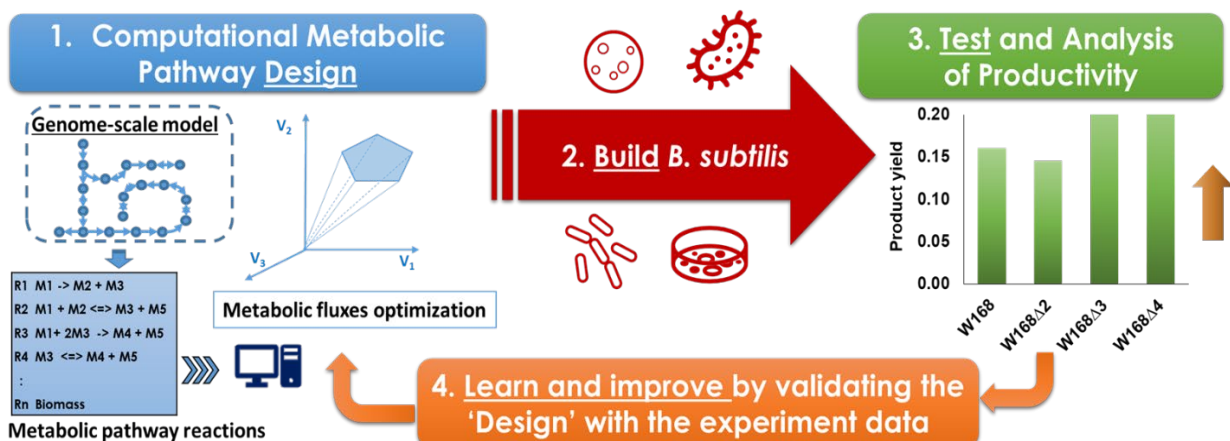


Title of Talk:

“The use of GEMs and FBA for Metabolic engineering”

Abstract

Flux Balance Analysis (FBA) is a mathematical optimization technique used to simulate metabolic flux distributions in genome-scale metabolic models (GEMs). Previously, I successfully applied a metabolic engineering approach using the “step-by-step gene deletion” technique to identify target gene knockouts for enhancing 2,3-butanediol production in *Bacillus subtilis*. This technique was also successfully applied to enable diacetyl production in *B. subtilis*. In my current research, I aim to develop a novel simulation technique, termed “Metabolic Optimization Design” (MOD), to identify candidate genes for overexpression in order to increase hyaluronic acid production in *B. subtilis*. The effects of genetic modifications will be experimentally validated and compared with computational metabolic design predictions to evaluate and further improve the simulation methodology. The effectiveness of this computational design method will be verified by comparing computational predictions with experimental results. This approach is expected to improve the accuracy of identifying metabolic bottlenecks through the integration of flux information under multiple conditions, while also reducing experimental burden and development costs through the pre-selection of candidate genes. The expected outcome of this research is the establishment of an efficient computational optimization platform for enhancing the productivity of biosynthetic pathways.



Bennett Megan Emily

VTT Technical Research Centre of Finland - Research Scientist

Title:

From Biopolymers to Biocatalysts: Exploring Biological Design Space with Automation

Abstract:

Nature has designed an immense number and diversity of enzymes but our ability to translate these into industrially useful applications is constrained by the number of experiments we can do. My research focuses on translating combinatorial genetic designs into high-throughput experiments to systematically explore large biological design spaces and address complex engineering challenges.

At VTT, we have established automated workflows to build hundreds of metabolically engineered microbial strains per day. As one example, we are applying these strain improvement workflows to *E. coli* containing PHA-producing inducible metabolic pathways, enabling production of a variety of designer PHA polymer compositions with specific functional properties.

A further challenge is reaching high titres of produced biomolecules. We have developed an automated CRISPR-based strain engineering workflow that builds genetically edited *Saccharomyces cerevisiae* strains, screens them, and then intelligently recombines successful edits. We apply this workflow to increase production levels of a previously engineered pigment-producing *Saccharomyces cerevisiae* strain.

My enzyme engineering pipeline combines library construction, expression and automated activity assays to expand or change substrate scope and improve activity under industrially relevant conditions. During my research exchange at Kobe University, I will apply this approach to identify and engineer enzymes for new biocatalytic reactions.

Together, these projects illustrate how automation can be used to systematically explore a wide range of strain and enzyme designs, generating the scale of data needed for informed biological engineering.