

# 第2回 日本醸造学会若手シンポジウム 要旨集

平成22年9月15日(水)～平成22年9月16日(木)  
北とぴあ(〒114-850 東京都北区王子1-11-1)にて



## 第2回 日本醸造学会若手シンポジウム スケジュール

第1日目 9月15日(水)

ポスター発表 北とぴあ9階 901会議室

\*12:00~15:00までの間は、日本醸造学会大会参加者であれば自由にポスターをご覧いただけます。15:00以降は若手シンポジウムの参加費をお支払いいただきます。

11:00~ 開場 (901会議室)

12:00~ ポスター掲示開始 (ポスター発表者はこの時間までに掲示を終えるようにして下さい。)

14:30~ 受付開始  
当日参加 一般 9,000円 学生 3,000円

15:15~ **ポスター討論 (奇数ポスター コアタイム 30分)**  
\*学会誌の広告と予定が変わっています

15:45~ **ポスター討論 (偶数ポスター コアタイム 30分)**  
\*学会誌の広告と予定が変わっています

16:30 ポスター討論終了・ポスター賞 投票

16:45~ **総会 (北とぴあ 9階 和室)**  
\*学会誌の広告と予定が変わっています

17:30~ 交流会 (北とぴあ16階 錦の間)  
交流会ではポスター賞の発表と表彰を行います。

19:30 交流会終了  
合宿参加者は、太栄館に移動します。

20:30~ 醸造学会若手の会 合宿スタート

太栄館案内 〒113-0033 東京都文京区本郷6-10-12

TEL/FAX 03-3811-6226/03-3811-6220

URL: <http://homepage3.nifty.com/taieikan/>

北とぴあからは、交流会終了後に運営委員が案内いたします。  
南北線 王子駅から乗車し、東大前で下車徒歩8分です。

第2日目 9月16日(木)

シンポジウム 北とぴあ15階 ペガサスホール

9:30~ 開場

10:00~ 糸状菌二次代謝産物のケミカルバイオロジー  
(独)理化学研究所 基幹研究所 長田裕之 先生

11:00~ ウイスキーづくりの継承と革新  
サントリー(株) チーフブレンダー 輿水精一 先生

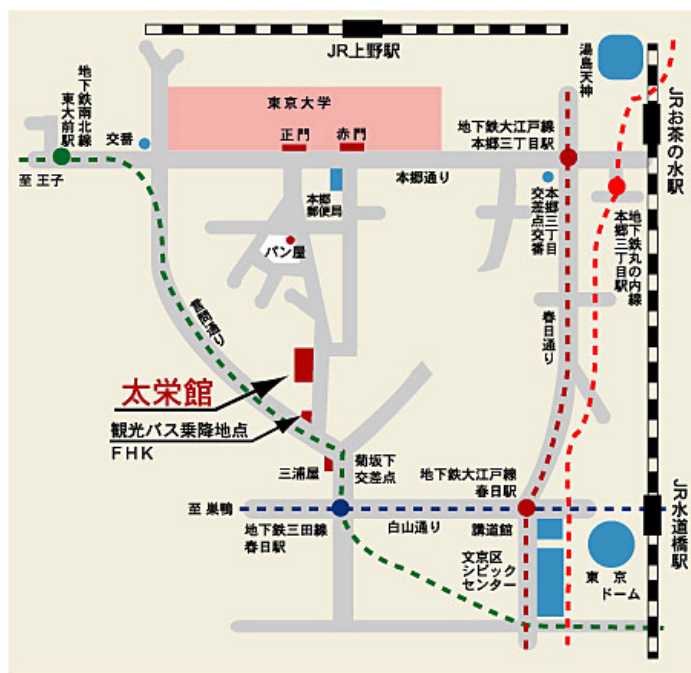
- 昼 食 -

13:00~ ゲノムの個人差と栄養や食品の関係  
(独)理化学研究所 ゲノム医科学研究センター 鎌谷直之 先生

14:00~ 日本酒は世界の酒になれるか  
外務省 広報文化交流部 門司健次郎 先生

15:00 閉 会

参考 太栄館地図



## ポスター賞について

若手シンポジウムでは、**参加者全員の投票**によるポスター賞の授与を行います。ポスター賞は以下の二つで、選定方法は以下のとおりです。

### ポスター賞カテゴリー

醸造研究の未来を開く 醸造ベーシックサイエンス賞（ノーマル未来賞）

醸造技術をパワーアップする 醸造イノベーション賞（ノーマル技術賞）

\* なお、醸造エコノミー・マーケティング賞を予定しておりましたが、今回は発表者が無いため、該当なしといたしました。

### 選定方法

1. 各ベストポスターの賞ごとに、参加者全員が投票を行い、最も得票が多かったポスター賞とする。
2. 最高得点のポスターの投票数が同じだった場合、運営委員による決選投票を行い決定する。

## ポスター発表の方へ

1. ポスター発表の場所は北とぴあ 9 階 901 会議室です。
2. パネルサイズ：90 cm X 180 cm（A0 一枚もの、数枚の組合せでも OK）です。
3. ポスターの掲示は 9 月 15 日午前 12 時までに行っていただきますようお願いいたします。押しピン等は会場内に用意しております。係員にお伺い下さい。
4. ポスター発表は 15 時（醸造学会本会が終了次第）から始まります。時間が変更になっています。
5. 15 時 00 分～15 時 45 分までが奇数ポスターの討論時間
6. 15 時 45 分～16 時 30 分までが偶数ポスターの討論時間
7. ポスターは翌日の講演会でも掲示する予定です。ポスター発表時間が終わりましたも剥がさないで下さい。
8. 交流会の席でベストポスター賞の発表を行います。ベストポスター賞の選定方法は以下のとおりです。
9. ポスターは、9 月 16 日（木）の講演会終了後に撤去して下さい。撤去の際、押しピンはボードに刺していただければ後ほど係が回収いたします。

## ポスター発表目次

- P01 DNA マーカーを用いた玄麦からの国内・外国産大麦の品種判別  
○田野上 佳枝 (三和酒類株式会社 三和研究所)
- P02 炭素安定同位体比による酒類の原材料判別  
○堀井 幸江 (独立行政法人 酒類総合研究所)
- P03 転写因子 AmyR が *Aspergillus nidulans* の二次代謝に及ぼす影響の解析  
○上村 曜介, 鳴神 寿昭, 榊尾 俊介, 高谷 直樹 (筑波大院・生命環境)
- P04 糸状菌 *Aspergillus nidulans* の糖転移酵素 Pmt の基質探索  
○瀬戸 和史<sup>1</sup>, 二神 泰基<sup>2</sup>, 竹川 薫<sup>2</sup>, 後藤 正利<sup>2</sup> (九大院・生資環<sup>1</sup>, 九大院・農<sup>2</sup>)
- P05 *Aspergillus oryzae* の histone deacetylase(HDAC) の機能解析  
○河内 護之<sup>1</sup>, 西浦未華<sup>1</sup>, 岩下和裕<sup>1, 2</sup>, 山田 修<sup>2</sup>  
(広島大学 先端物質科学研究科分子生命機能科学専攻<sup>1</sup>, (独) 酒類総合研究所<sup>2</sup>)
- P06 米麹特有の麹菌(*Aspergillus oryzae*)タンパク質の機能解析  
○花田照明<sup>1</sup>, 福原慎一郎<sup>1</sup>, 河野美乃里<sup>2</sup>, 北村洋朗<sup>1</sup>, 岩下和裕<sup>1, 2</sup>, 山田 修<sup>2</sup>  
(広島大学 先端物質科学研究科分子生命機能科学専攻<sup>1</sup>, (独) 酒類総合研究所<sup>2</sup>)
- P07 醤油用黄麹菌 (*Aspergillus oryzae* RIB915 株) のゲノムシーケンス解析  
○藤村 友明<sup>1</sup>, 野村 孝典<sup>1</sup>, 小田健太<sup>1</sup>, 伊藤 岳<sup>1</sup>, 岩下 和裕<sup>1, 2</sup>, 山田 修<sup>2</sup>  
(広島大学 先端物質科学研究科分子生命機能科学専攻<sup>1</sup>, (独) 酒類総合研究所<sup>2</sup>)
- P08 実用麹菌株ゲノムの分子進化と醸造特性との関係  
○伊藤 岳<sup>1</sup>, 妹尾悠平<sup>1</sup>, 岩下和裕<sup>1, 2</sup>, 山田 修<sup>2</sup>  
(広島大学 先端物質科学研究科分子生命機能科学専攻<sup>1</sup>, (独) 酒類総合研究所<sup>2</sup>)
- P09 清酒酵母ミトコンドリアの拡大培養時の形態変化とその物質代謝への影響  
元村 沙織、○北垣 浩志 (佐賀大学)
- P10 転写因子 Msn2/4p を介したストレス応答とエタノール発酵の関係  
○渡辺 大輔、野口 千笑、周 延、呉 洪、赤尾 健、下飯 仁 ((独) 酒類総合研究所)

- P11 醸造関連ストレスに対する酵母の応答機構の解析  
○井沢 真吾 (京都工芸繊維大学 応用生物学部門 微生物工学研究室)
- P12 焼酎酵母 SH-4 のゲノム解析  
○金光 尚哉 (三和酒類株式会社 三和研究所)
- P13 下面ビール酵母(bottom-fermenting yeast)に特徴的なゲノム構造  
○尾形 智夫 (アサヒビール(株)酒類技術研究所)
- P14 地域資源を活用した新規調味料に関する調査研究  
○田中 淳也 ((地独)山口県産業技術センター 企業支援部食品技術グループ)
- P15 乳酸菌由来の短鎖脂肪酸に特異性を示す脂肪酸エステル加水分解酵素について  
○岸野 重信<sup>1,2</sup>、石垣 佑記<sup>1,2</sup>、内堀 良重<sup>2</sup>、横関 健三<sup>1</sup>、清水 昌<sup>2</sup>、小川 順<sup>2</sup>  
(1,京大院農・産業微生物、2,京大院農・応用生命)
- P16 高尿酸血症予防に有効な乳酸菌プロバイオティクスの開発  
○元吉 智美<sup>1</sup>、小園 伊織<sup>1</sup>、堀之内 伸行<sup>1</sup>、横関 健三<sup>2</sup>、清水 昌<sup>1</sup>、小川 順<sup>1</sup>  
(1,京大院農・応用生命、2,京大院農・産業微生物)
- P17 酒蔵の乳酸菌「米のしずく」の開発  
○岩井 大悟 (菊正宗酒造株式会社 総合研究所)

## P01 DNA マーカーを用いた玄麦からの国内・外国産大麦の品種判別

○田野上 佳枝（三和酒類株式会社 三和研究所）

【背景・目的】 昨今の食品の安全意識の高まりや大麦輸入制度が変更され、大麦流通の自由度が増大したことから、品質保証において原料大麦の産地や品種証明の重要性が増してきている。本研究の目的は、麦焼酎に使用される可能性のある大麦 25 品種の品種判別技術を開発することである。

【方法】改良 CTAB 法にて糠および玄麦 1 粒から鋳型となる DNA 抽出を行った。鋳型 DNA を用いて SSR/RAPD マーカーにて PCR 後、電気泳動を行い、品種判別に有用と考えられる識別バンドを選択した。識別バンドのクローニングを行い、その塩基配列を基に STS マーカーを設計した。STS マーカーを用いて PCR 後、電気泳動を行い、識別バンドが明瞭に現れるマーカーを選択した。

【結果】 改良 CTAB 法により、1 回の PCR に十分な収量および純度の鋳型 DNA を再現性よく抽出できた。SSR/RAPD マーカーにて PCR 後、電気泳動を行ったところ、25 の識別バンドが選択でき、品種判別が可能となった。STS 化を実施したところ、9 種の STS マーカーが完成した。そのマーカーを用いることで、判別対象の大麦品種がより明確に判別できるようになった。

【Key words】 大麦、品種判別、DNA マーカー

## P02 炭素安定同位体比による酒類の原材料判別

○堀井 幸江（独立行政法人 酒類総合研究所）

【目的】

近年、甲類乙類混和焼酎や新ジャンルと呼ばれるその他の発泡性酒類が製造されるなど、原材料の多様化が進行している。原材料の適正表示に関し、使用割合を含めた原材料判別の開発は重要である。そこで酒類中のエタノール等の炭素安定同位体比から判別法の開発を試みた。

【材料および方法】

炭素安定同位体比 ( $\delta^{13}\text{C}$ ) は、酒類を蒸留してエタノールを精製し、安定同位体比質量分析計 DELTA V ADVANTAGE ConFloIV System (EA-IRMS) (Thermo fisher scientific) で測定した。またビール系飲料を凍結乾燥させたエキス分の  $\delta^{13}\text{C}$  を測定した。

【結果と考察】

- ①当所で醸造した純米酒にアルコール添加したところ、添加量とエタノールの  $\delta^{13}\text{C}$  に高い相関がみられた。
- ②本格芋焼酎に連続式蒸留焼酎を混和した場合、連続式蒸留焼酎の混和割合に応じてエタノールの  $\delta^{13}\text{C}$  は直線的に大きくなった。
- ③オールモルトビール、副原料使用ビール、発泡酒、その他の発泡性酒類について、エタノールおよびエキス分の  $\delta^{13}\text{C}$  で 2 次元プロットを行うと、グループ間に距離が生じ、これらの酒類の判別の可能性が示された。

【Key words】 炭素安定同位体比、原材料判別



### P03 転写因子 AmyR が *Aspergillus nidulans* の二次代謝に及ぼす影響の解析

○上村 曜介, 鳴神 寿昭, 榊尾 俊介, 高谷 直樹 (筑波大院・生命環境)

AmyR は DNA 結合型の転写因子で、 $\alpha$ -アミラーゼを含むアミロース分解性遺伝子群の発現誘導を担っていることが知られる。我々は、*A. nidulans* の *amyR* 遺伝子破壊株 (DamyR) を、グルコースを単一炭素源とした最少寒天培地を用いて培養した際に、培地が赤色に呈色することを見出した。また、DamyR は野生型株 (WT) と比べ、培地中に多くのステリグマトシスチン (ST) を生成し、ST 生合成遺伝子群の発現量も大きく増加していたことから、AmyR がアミロース分解性遺伝子群の発現調節以外の機能を有することが示された。WT と DamyR を最少寒天培地で培養した際のトランスクリプトーム解析を行ったところ、DamyR では、他の多くの二次代謝産物合成系酵素遺伝子の発現量が増加するとともに、転写因子 CreA に依存して発現がカタボライト抑制される遺伝子の発現量が増加していた。*A. nidulans* の CreA は、グルコースやスクロースを炭素源とした際のカタボライト抑制を担う転写因子である。WT では、培地に添加するグルコース濃度が高いほど菌体内の ST 生成量が減少したことから、ST の生合成がカタボライト抑制されることが示された。以上の結果から、*A. nidulans* の AmyR はアミロース分解性遺伝子群の発現誘導だけでなく、ST をはじめとする様々な二次代謝系遺伝子の発現の抑制に関与することが示された。おそらく、AmyR は CreA と相互作用にすることによって CreA に依存したカタボライト抑制を調節し、これらの発現制御に関わると考えている。

【Key words】 AmyR、二次代謝産物、カタボライト抑制

### P04 糸状菌 *Aspergillus nidulans* の糖転移酵素 Pmt の基質探索

○瀬戸 和史<sup>1</sup>, 二神 泰基<sup>2</sup>, 竹川 薫<sup>2</sup>, 後藤 正利<sup>2</sup> (九大院・生資環<sup>1</sup>, 九大院・農<sup>2</sup>)

【目的】糸状菌 *Aspergillus nidulans* の *O*-結合型糖鎖合成に関わる糖転移酵素 PmtA、PmtB および PmtC の遺伝子破壊株は、異常な形態を示す。その原因として、*O*-グリコシレーションを受けるタンパク質の機能低下により、細胞極性決定に異常をきたしていることが推定された。そこで、本研究では、*A. nidulans* の Pmt 基質タンパク質を探索し、その機能解明を行うことを目的とした。

【結果・考察】出芽酵母の細胞壁ストレスセンサータンパク質 Wsc1 は Pmt の基質である。Wsc1 の *A. nidulans* ホモログ遺伝子 *wscA* に HA タグを付与し、*A. nidulans* 野生株と *pmt* 破壊株に導入した。*pmtA* および *pmtC* 破壊株で各々発現させた WscA-HA については、糖鎖付加が抑制されており、また一部は分解されていた。一方、*A. nidulans* の *wscA* 破壊株は低浸透圧条件に高感受性となり、*pmtA* 及び *pmtC* 破壊株の表現型の一部をみたした。従って、WscA は PmtA と PmtC の基質タンパク質であると考察した。ついで同様に Pmt の基質である Bud10 について、*A. nidulans* ホモログ遺伝子の破壊株を取得した。Bud10 は、出芽酵母において出芽点の決定に関与することが知られている。野生株と遺伝子破壊株のコロニー形態を比較した結果、pH、温度、浸透圧の変化に対して差異は認められなかったが、Hygromycin B に対して感受性の増大が認められた。

【Key words】 *Aspergillus*、*O*-結合型糖鎖

## P05 *Aspergillus oryzae* の histone deacetylase(HDAC) の機能解析

○河内 護之<sup>1</sup>、西浦未華<sup>1</sup>、岩下和裕<sup>1, 2</sup>、山田 修<sup>2</sup>

(広島大学 先端物質科学研究科分子生命機能科学専攻<sup>1</sup>、(独) 酒類総合研究所<sup>2</sup>)

これまでの研究で、*A.oryzae* においてヒストンアセチル化修飾関連遺伝子の発現が培養条件やストレスによって変動することが明らかとなっている。一般的に、ヒストンのアセチル化は、遺伝子発現制御において基盤的な役割を担い、近年糸状菌において重要な役割を果たしていることから、麴菌のHDACに注目し解析を行った。まず、*A.oryzae* に存在する11のHDACホモログの破壊を試み、10の破壊株が得られた。RPD3ホモログの破壊では、ヘテロカリオンしか得られず、RPD3は、必須遺伝子であることが示唆された。次に、得られたHDACホモログ破壊株を用い、液体培養並びにプレート培養で、ストレスの付加等によるフェノタイプの観察を行った。その結果、HOS2ホモログ破壊株は、ほぼ全ての観察条件で明らかな影響を示し、生育やストレス応答において基盤的な役割を果たしている事が示唆された。他のHDAC遺伝子についても、ストレス応答や生育に影響が認められた。以上より、HDACは麴菌においても生育やストレス応答に重要な役割を果たしていることが示唆された。現在、米麴を作成しHDACの醸造上の影響について検討している。

【Key words】 HDAC、ヒストンアセチル化、ストレス応答

## P06 米麴特有の麴菌(*Aspergillus oryzae*)タンパク質の機能解析

○花田照明<sup>1</sup>、福原慎一郎<sup>1</sup>、河野美乃里<sup>2</sup>、北村洋朗<sup>1</sup>、岩下和裕<sup>1, 2</sup>、山田 修<sup>2</sup>

(広島大学 先端物質科学研究科分子生命機能科学専攻<sup>1</sup>、(独) 酒類総合研究所<sup>2</sup>)

醸造産業において麴は、酵素の供給源として重要な役割を果たしている。しかし、麴菌(*A.oryzae*) のタンパク質については、アミラーゼなどの一部の酵素類でしか解析されていない。そこで、我々は、普通用と大吟醸用米麴のプロテオーム解析を行い、主要なタンパク質として、159遺伝子の産物を同定した。これらの遺伝子について、BLAST解析等により、再アノテーションを行った結果、機能既知の遺伝子が38個、機能が推定可能な遺伝子が50個、具体的な機能を推定する事が困難な機能未知遺伝子が71個となった。これらの遺伝子の製麴上、醸造上の機能を解析するために、機能既知遺伝子9個、機能推定可能な遺伝子15個、機能未知遺伝子31個を選択して遺伝子破壊を行った。各遺伝子につき独立した2株以上の破壊株を得ることとしたが、2遺伝子については破壊株が得られず、8遺伝子についてはヘテロカリオンしか得られなかった。破壊株及びヘテロカリオン株が得られたものについて、プレート培養でグロース、分生子の形成率、液体培養でグロースを測定した。現在、米麴を作成し、グロースや $\alpha$ -アミラーゼなど一般的な酵素活性について評価を行っている。

【Key words】 米麴タンパク質、遺伝子破壊、表現型解析、製麴

## P07 醤油用黄麹菌 (*Aspergillus oryzae* RIB915 株) のゲノムシーケンス解析

○藤村 友明<sup>1</sup>、野村 孝典<sup>1</sup>、小田健太<sup>1</sup>、伊藤 岳<sup>1</sup>、岩下 和裕<sup>1, 2</sup>、山田 修<sup>2</sup>  
(広島大学 先端物質科学研究科分子生命機能科学専攻<sup>1</sup>、(独) 酒類総合研究所<sup>2</sup>)

麹菌(*Aspergillus oryzae*)は、醸造産業、酵素産業等において重要な微生物であり、これらの産業では特性の異なる多様な株が使用されている。当研究室では、麹菌DNAchipによるゲノムアレイ解析により、各実用 麹菌株の系統解析を行うと共に、各系統と麹菌の用途の相関等を示してきた。また、清酒用麹菌のモデル株である RIB128 株、現在の主要な清酒用麹菌株の 1 つである RIBOIS01 株について 454 genome sequence FLX (Roche 社)ゲノム配列解析を行ってきた。今回、これに加えて同シーケンサーを用いた pair end 解析により、醤油用麹菌株の 1 つである RIB915 株のゲノムシーケンス解析を行った。その結果、最長 4Mbp のものを含む 679 個の Scaffold を獲得した。さらに全 contig 長は 37.0Mbp で、RIB40 株と比較したところ 500bp 以上の欠失箇所 (総欠失配列長)、新規配列挿入箇所 (総新規配列長)は 156 (600kb)、142 (531kb)箇所であった。現在、RIB40 株と比べた染色体間組換えや総遺伝子数などについて更に解析を進めている。

【Key words】 *Aspergillus oryzae*、ゲノムシーケンス、比較ゲノム

## P08 実用麹菌株ゲノムの分子進化と醸造特性との関係

○伊藤 岳<sup>1</sup>、妹尾悠平<sup>1</sup>、岩下和裕<sup>1, 2</sup>、山田 修<sup>2</sup>  
(広島大学 先端物質科学研究科分子生命機能科学専攻<sup>1</sup>、(独) 酒類総合研究所<sup>2</sup>)

麹菌は醸造産業では欠くことの出来ない微生物で、かつ酵素産業等でも酵素の供給源として着目されている。このような背景から、*A.oryzae* RIB40 株のゲノムシーケンス解析が行われたが、各醸造産業において使用される麹菌株は RIB40 株とは異なり、それぞれの製品生産に適した菌株が使用されている。つまり、各製品生産に適した性質を持つようにゲノムが進化した菌株が選抜され使用されていると考える事が出来る。

これまで当研究室では麹菌 DNA チップを用いたゲノムアレイ解析により、実用麹菌株の系統解析を行ってきた。その結果 9 つの主なグループに分類され、これらのグループと産業用途には相関がみられることが明らかとなった。しかし、各麹菌株の性質とゲノム構造の関連性については依然十分な解析がなされていない。そこで、ゲノムアレイを行った RIB 株 55 株に着目し、清酒製造上重要な酵素の力価の測定を行い、各ゲノムアレイ解析の系統との相関性について検討した。さらに今後は、各実用菌株で製麹した米麹により実際に小仕込み試験を行い、発酵経過や清酒の特性、代謝物のプロファイルなどの醸造特性について解析を行う予定である。

【Key words】 実用麹菌株、ゲノム系統解析、醸造特性

## P09 清酒酵母ミトコンドリアの拡大培養時の形態変化とその物質代謝への影響

元村 沙織、○北垣 浩志 (佐賀大学)

清酒醸造において清酒酵母はまず拡大培養された後、本培養に移される。拡大培養時において清酒酵母は通気培養されることも多く、その代謝は呼吸状態であると思われるが、呼吸・発酵転換時の清酒酵母のミトコンドリア(mito)の形態とその物質代謝における意義を解析した研究はほとんどない。

そこでまず GFP により清酒酵母の mito を可視化して培養条件を変えて形態を観察した。その結果、非発酵性炭素源での呼吸時には mito は細胞内空間全体に分布し、その長さは多様で多くの枝分かれを持つが、高濃度のグルコースがあると mito の長さは長くなる一方その本数や枝分かれ数は減少し、1, 2 本の長い形態の mito が細胞の表層をとぐる状に取り囲むようになることがわかった。一方エタノール濃度が高くなると mito はドット状に断片化した。

次に呼吸・発酵転換と物質代謝の関係を調べた。その結果、前培養が呼吸だとコハク酸が多くなるが、前培養が発酵だとリンゴ酸が多くなるという結果が得られた。本会ではこれらの結果から考えられる mito に着目した発酵代謝制御技術の可能性について議論したい。

本研究はサッポロ生物科学振興財団及び農芸化学研究奨励会の助成により行った。

【Key words】 清酒酵母、ミトコンドリア、物質代謝

## P10 転写因子 Msn2/4p を介したストレス応答とエタノール発酵の関係

○渡辺 大輔、野口 千笑、周 延、呉 洪、赤尾 健、下飯 仁 ((独) 酒類総合研究所)

清酒醸造において、清酒酵母は低温・高エタノール等のストレス環境下においても効率良くエタノール発酵を行うことができる。清酒酵母の高発酵性の原因をストレス応答の観点から探るため、我々は清酒酵母と実験室酵母についてストレス応答関連遺伝子の差異に着目した。その結果、意外なことに、ストレス応答転写因子 Msn4p の N 末及び C 末がきょうかい 7 号 (K7) を含む清酒酵母グループ特異的に欠失しており、K7 が Msn2/4p を介した環境ストレス応答機能に著しい欠損を示すことを見出した。実験室酵母の *msn2/4* 遺伝子破壊株は、エタノールストレスに対して感受性を示すにも関わらず、清酒もろみにおける発酵速度が大きいことから、清酒酵母における *msn4* 機能欠失変異が高発酵性の一因となっていると結論づけた。また同様に、K7 の *MSN2* 遺伝子を破壊することにより、K7 よりもエタノール発酵速度が向上した株を作成することができた。以上の結果から、転写因子 Msn2/4p を介したストレス応答はエタノール発酵を負に制御しており、Msn2/4p を介したストレス応答を調節することによって発酵効率の改善に貢献できると考えられる。(Yeast Genetics & Molecular Biology Meeting 2010 にて発表済みのポスターの再掲です。)

【Key words】 清酒酵母、ストレス応答、エタノール発酵

## P11 醸造関連ストレスに対する酵母の応答機構の解析

○井沢 真吾（京都工芸繊維大学 応用生物学部門 微生物工学研究室）

発酵食品製造に関連する出芽酵母のストレス応答機構について、私たちのグループで行っている以下の研究内容を紹介する。

### 【mRNA flux におけるエタノールストレス応答】

エタノールストレス応答時の酵母細胞内で生じる、mRNA の選択的核外輸送や P-body・ストレス顆粒による mRNA の隔離・翻訳抑制等について、分子機構や生理的意義の解明に取り組んでいる。

### 【醸造過程の酵母オルガネラの解析】

各オルガネラのマーカータンパク質を GFP で標識し、清酒および白ワイン醸造過程におけるオルガネラ形態や機能の変化について網羅的な解析を行っている。解析を通じ、醸造過程の酵母の生理について理解を深めたいと考えている。

### 【ストレス応答時の膜マイクロドメイン構造の変動】

浸透圧や低温といったストレス条件下で生じる細胞膜上のマイクロドメインのストレス応答機構について解析している。

### 【遺伝子操作非依存的な食品微生物機能の改変】

消費者感情の点から、国内での導入が難しい遺伝子組換え技術に代わる食品微生物の機能改変技術の開発を行っている。可食天然成分を利用したパン酵母機能の改良例について紹介する。

【Key words】 mRNA flux、オルガネラ、膜マイクロドメイン

## P12 焼酎酵母 SH-4 のゲノム解析

○金光 尚哉（三和酒類株式会社 三和研究所）

焼酎酵母の特性をゲノムレベルで解明するために代表的な焼酎酵母の一つである SH-4 株（RIB1019）のゲノム解析を行った。

（独）酒類総合研究所より分譲頂いた SH-4 株（RIB1019）の 2% YPD 培養液より染色体 DNA を抽出し、Roche 社 454GS FLX 及び ABI 社 SOLiD を用いてゲノム配列の決定を試みた。

得られた配列を Newbler によりアセンブルした結果、1,270 本のコンティグが得られ、その長さの総和は 11,400,704bp、GC 含量は 38.1%であった。S288C の各染色体と同一性の割合を算出した結果、1 番染色体において 84.1%、ミトコンドリアに対しては 81.2%の同一性で、それ以外の染色体では 95%以上の同一性であった。また Glimmer2 により ORF の抽出を行った結果、9,074 個の ORF を抽出することができ、アミノ酸データベース nr に対してホモロジー検索を行った結果、E-Value $\leq 10^{-4}$ でヒットした ORF (7,246 個) の約 30%の ORF が 41°C の高温で生育できる酵母 YJM789 株に対してトップヒットであった。

【Key words】 焼酎酵母、ゲノム

## P13 下面ビール酵母(bottom-fermenting yeast)に特徴的なゲノム構造

○尾形 智夫 (アサヒビール(株)酒類技術研究所)

下面ビール酵母、*Saccharomyces pastorianus* は、*S. cerevisiae* (SC)と *S. bayanus* (SB) の自然交雑体であって、双方の染色体を有していることが明らかになっている。しかし、ゲノム解読の結果、下面ビール酵母のゲノムは、SC と SB の染色体が単純に合わさっただけではなく、双方の染色体及びその他の配列が複雑に組みあっているものであることがわかった。また、下面ビール酵母の SC 型第 VIII 染色体の右腕末端は、ゲノム解読株実験室酵母 *S. cerevisiae* S288C では、*FLO5* 遺伝子が座乗している locus には、別の遺伝子である *Lg-FLO1* 遺伝子が座乗していることがわかった。また、多くの下面ビール酵母株では、この locus に、実験室酵母 *S. cerevisiae* S288C で第 IX 染色体左腕末端の配列が挿入され、*Lg-FLO1* 遺伝子が消失している染色体の双方を有する heterozygous な状態であることがわかった。LOH によって、*Lg-FLO1* 遺伝子が完全に消失すると、その酵母菌株は下面ビール酵母の重要な特性である凝集性を消失することになることがわかった。

【Key words】 下面ビール酵母、染色体構造、LOH

## P14 地域資源を活用した新規調味料に関する調査研究

○田中 淳也 ((地独)山口県産業技術センター 企業支援部食品技術グループ)

近年、魚醤油の認知度が高まりをみせており、それに伴い、全国各地で地域資源を活用した魚醤油の開発が進んでいる。収集した情報を製品 PR や技術支援等に資することを目的としている。国内外の魚醤油の品質特性を把握し、九州山口産魚醤油 23 点、その他の国内産魚醤油 9 点、国外産魚醤油 18 点の計 50 点を分析試料とし、各機関が分担して成分分析を実施した。また、本調査の参画研究員 13 名による官能評価を実施した。

九州山口産を含む国内産魚醤油と国外産魚醤油では、成分の差異が顕著に現われた。特に国外産魚醤油の食塩分の平均値は、国内産よりも高い 27.9 g/100ml であり、官能評価においても塩味が強いとの指摘が多かった。また、国内産魚醤油の香気成分の主体がアルコール類であるのに対し、国外産では酸類が主体であった。これら酸類には「酸臭」の原因となる酢酸や、「不潔臭」の原因となる n-酪酸が含まれていた。官能評価においても、国外産魚醤油の香りに対する評価は低かった。このほか、国外産魚醤油では国内産に比べて旨味系アミノ酸（グルタミン酸、アスパラギン酸）の濃度が高く、製法の違いや製造段階におけるうまみ調味料等の添加が推察された。

国内産魚醤油間においても、麴使用の有無により成分に差がみられた。麴を使用した魚醤油では、エキス分（無塩可溶性固形分）が多い傾向がみられた。これは麴原料の麦や大豆に含まれるデンプン質が分解されたためと考えられる。エキス分の高い魚醤油は官能評価においても高評価である傾向がみられ、麴の添加が味に好影響を与える可能性が示唆された。また、麴を使用した魚醤油に対する香りの評価も良く、香味ともに好影響を与える可能性が示唆された。

官能評価については、九州山口産を含む国内産魚醤油では概ね味は良好であり、多くの製品で香りも良好であった。一方、国外産魚醤油については味の評価は良好であったが、

ほとんどの製品で香りが悪かった。

【Key words】 魚醤油、官能評価、香气成分

### P15 乳酸菌由来の短鎖脂肪酸に特異性を示す脂肪酸エステル加水分解酵素について

○岸野 重信<sup>1,2</sup>、石垣 佑記<sup>1,2</sup>、内堀 良重<sup>2</sup>、横関 健三<sup>1</sup>、清水 昌<sup>2</sup>、小川 順<sup>2</sup>  
(1,京大院農・産業微生物、2,京大院農・応用生命)

【目的】乳酸菌は、古来より酒造りの生産において欠かすことのできないものであり、今日においても新たな利用が模索されている。これまでに、短鎖の脂肪酸を選択的に加水分解する脂肪酸エステル加水分解酵素はほとんど知られていない。また、乳酸菌由来の加水分解によって遊離する短鎖脂肪酸は乳製品におけるフレーバー成分の重要な因子であり、食品加工におけるフレーバー改善への寄与が期待できる。そこで、構成脂肪酸が炭素鎖数4の酪酸であるトリブチリンの加水分解能を有する乳酸菌の探索を行った。

【方法・結果】乳酸菌約300株を対象にトリブチリン加水分解能を有する乳酸菌を探索し、生成物である酪酸の生成量が多い乳酸菌 *Enterococcus faecium* LBK 73 株を選抜した。本菌よりトリブチリン加水分解活性を示す酵素を精製酵素を用いて詳細に検討した。本酵素はトリブチリンに3カ所存在するエステル結合のうち、2カ所のみを加水分解していた。また、本酵素の基質特異性を検討した結果、トリカプロイン、メチル酪酸、メチルカプロイン酸においてトリブチリンに対して約30%の活性が認められた。

【Key words】 乳酸菌、エステル加水分解酵素、短鎖脂肪酸

### P16 高尿酸血症予防に有効な乳酸菌プロバイオティクスの開発

○元吉 智美<sup>1</sup>、小園 伊織<sup>1</sup>、堀之内 伸行<sup>1</sup>、横関 健三<sup>2</sup>、清水 昌<sup>1</sup>、小川 順<sup>1</sup>  
(1,京大院農・応用生命、2,京大院農・産業微生物)

痛風などの原因となる高尿酸血症の予防に有効な乳酸菌プロバイオティクスの開発を試みた。食経験がある乳酸菌を中心にプリンヌクレオシドを活発に分解する菌株を選抜した。これらのうち、プロバイオティクス用途に適する植物性発酵食品、ならびに魚類、食肉の発酵食品から分離された株について、食餌性高尿酸血症モデルラットを用いた血中尿酸濃度上昇抑制作用を解析した。モデルラット試験の結果、*Lactobacillus fermentum*、*L. pentosus* に血中尿酸値上昇抑制作用を見いだした。これらの乳酸菌はプリンヌクレオシドを腸管吸収性が低いプリン塩基に変換することで、血中尿酸値上昇抑制作用を発揮していると考えられた。また、新たなスクリーニング系として Caco-2 培養細胞を用いる評価系を構築した。

【Key words】 プリン体、高尿酸血症、乳酸菌、Caco-2 培養細胞

## P17 酒蔵の乳酸菌「米のしずく」の開発

○岩井 大悟（菊正宗酒造株式会社 総合研究所）

【はじめに】近年の健康志向の高まりから乳酸菌を用いた機能性飲料が注目を集めている。そこで、生酏より分離した乳酸菌から免疫調節作用の高い乳酸菌株を選抜し、また機能性成分含量が高い米品種の選抜を行い、生酏技術を応用した米乳酸発酵飲料の開発を行った。

【乳酸菌株の選抜】当社嘉宝蔵生酏製造場より分離した乳酸菌の中から、マクロファージ様細胞株J774.1のIL-12産生促進能及びマウス受動皮膚アナフィラキシー反応抑制効果を指標に*L. sakei* LK-117株を選抜した。LK-117株にはアトピー性皮膚炎発症抑制効果も認められた。

【米品種の選抜】18品種の米を精米歩合85%まで搗精し、総ポリフェノール量、フェルラ酸量、DPPHラジカル消去能、難消化性デンプン量を測定したところ、高アミロース米ホシニシキがいずれの測定項目においても高い値を示した。

【米乳酸発酵飲料の機能性評価】ホシニシキとLK-117株を用いて調製した米乳酸発酵飲料には、免疫調節作用、抗酸化作用、整腸作用などが期待される。さらに高血圧自然発症ラットを用いた単回投与試験により、血圧降下作用を有することが明らかとなった。

【Key words】生酏（きもと）、乳酸菌、ホシニシキ



# 糸状菌二次代謝産物のケミカルバイオロジー

理研基幹研究所

ケミカルバイオロジー研究基盤施設 長田裕之

微生物代謝産物は、抗生物質を始めとして、化学構造も生物活性も多様性に富んでいるため、医薬農薬の探索源として重要な位置を占めてきた。しかし、最近ではロボットを活用したハイスループットスクリーニング (HTS) による医薬探索が主流になったため、創薬資源としては、微生物産物より合成化合物が用いられることが多くなった。微生物産物では、HTS に供する検体数を確保することが困難であり、さらに精製に手間やコストがかかることが障害と思われている。一方では、微生物から単離されたイベルメクチン、FK506、ML236B などが、それぞれ駆虫薬、免疫抑制剤、高脂血症治療薬として実用化された例でも明らかのように、微生物産物から、選択的かつ強力な薬剤が発見できる確率が高いことも知られている。

我々は、微生物代謝産物の良さを引き出し、かつ HTS に対応可能な新しい化合物ライブラリーを作製するために糸状菌二次代謝産物の生合成機構に関する研究をしているので、本シンポジウムでは、その具体例を紹介する。糸状菌はゲノム中に膨大な数の二次代謝遺伝子を持っており、特に子囊菌類糸状菌は二次代謝産物の主要な生産者である。生合成遺伝子クラスター改変と、新たな糸状菌種をターゲットにすることは、糸状菌が潜在的に生産可能な二次代謝産物を利用するための有力な手段である。微生物の生合成能を活用した化合物ライブラリーの作製に関する研究と、生物活性のスクリーニングを紹介する。

*Aspergillus fumigatus* が産生するジケトピペラジン化合物フミトレモルジン C には、breast cancer resistance protein (BCRP) に対する阻害活性が知られている [1]。これまでの研究から、生産株 *A. fumigatus* BM939 は、トリプロスタチン類・フミトレモルジン類など多くの代謝産物を産生することが明らかになっている。

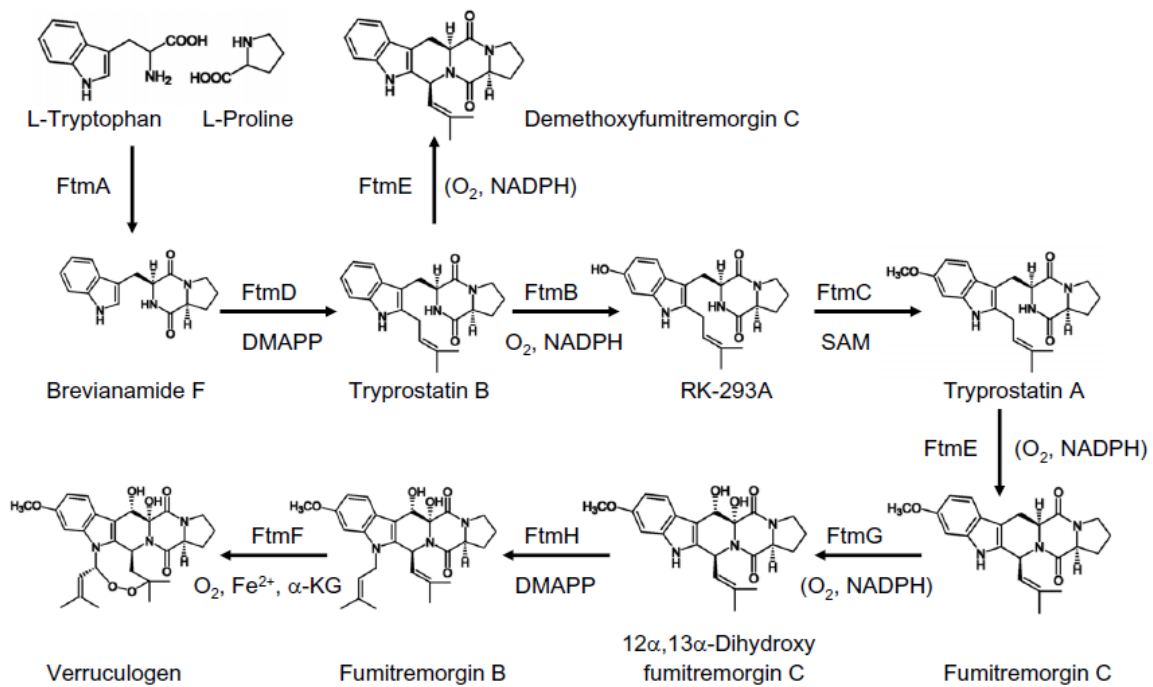
各類縁化合物を精製しその生物活性を明らかにするため、生合成遺伝子の破壊株作製とその表現型の解析、ならびに異種宿主発現系を利用した各生合成遺伝子の機能解析を行った [2]。

すでに *A. fumigatus* では全ゲノム配列が明らかになっているので、まず、ゲノム解読株 Af293 と生産株



Protein	Size (bp/aa)	Predicted function
FtmA	6636/2211	Dimodular NRPS (NRPS)
FtmC	1955/559	Cytochrome P450 (P450)
FtmD	1114/342	Methyltransferase (MT)
FtmB	1464/464	Prenyltransferase (PT)
FtmE	1581/526	Cytochrome P450
FtmF	876/291	$\alpha$ -Ketoglutarate dioxygenase (OX)
FtmG	1813/504	Cytochrome P450
FtmH	1349/427	Prenyltransferase
FtmI	2043/680	Protein-protein interaction? (ankyrin)

BM939 株の代謝産物比較を行った。BM939 において主に生産されるトリプロスタチン類が Af293 では検出されず、代わりにトリプロスタチンの生合成中間体 RK-293A の蓄積が観察された。本表現型は BM939 の *ftmC* 遺伝子欠失株のそれとよく一致し、さらに、BM939 由来の *ftmC* 遺伝子断片を Af293 に導入した形質転換株において、BM939 と同様のトリプロスタチン生産性を示した。以上の結果は、Af293 において *ftmC* が何らかの理由により機能していないことを示唆する。両株の生合成遺伝子群の塩基配列を比較したところ、*ftmC* 遺伝子座周辺では 4 カ所の変異が見出された。生合成遺伝子破壊株を利用することにより、通常が生合成プロセスでは蓄積しにくいような生合成中間体を効率的に取得することができるようになった。



- [1] Jain H.D. et al Osada H. & Cook J.M. Synthesis and structure-activity relationship studies on tryprostatin A, an inhibitor of breast cancer resistance protein. *Bioorg Med Chem*, **16**, 4626-4651 (2008)
- [2] Kato N. et al & Osada H. Identification of cytochrome P450s required for fumitremorgin biosynthesis in *Aspergillus fumigatus*. *Chembiochem*, **10**, 920-928 (2009)

## ウイスキーづくりの継承と革新

サントリー酒類株式会社

チーフブレンダー

輿水精一

近年、海外で開催される酒類のコンペティションにおいて、日本のウイスキーが最高賞を獲得したというニュースが毎年のように報道されるのを記憶されている方も多いただろう。もちろん、一般消費者のレベルでみると、まだまだ日本のウイスキーの認知度が高いとは言えない。しかし、少なくとも業界内、専門家の間では日本の評価は定着してきており、世界の5大ウイスキーのひとつとして、その存在感は年々大きくなりつつある。

日本におけるウイスキーづくりは、サントリーの創業者である鳥井信治郎が、1923年京都と大阪の境、山崎の地に蒸溜所建設を始めたところから始まる。現ニッカウヰスキーの創業者であり、山崎蒸溜所初代工場長であった竹鶴正孝氏がスコットランドで学んだウイスキーづくりを忠実に再現することからスタートした。しかし、近年の日本のウイスキーに対する高評価は、単にスコッチウイスキーの伝統的製法を継承したからではないと考える。日本でのウイスキーづくりは技術的な面だけを取り上げてみても、極めて困難な状況下での取り組みと言わざるを得ない。本来、ウイスキーの美味さはブレンドという技術によるところが大きい。ブレンドは消費者の嗜好にあった味わいをつくり出すための重要な技術であるとともに、香味を長期的、安定的に維持していくためにも不可欠な技術である。当然、ブレンドによる美味さの創出には、多彩で高品質な原酒の存在が必須である。一箇所の蒸溜所しかない中で、この困難なハードルをクリアするために、スコットランドにはみられない蒸溜所が多様な原酒をつくり分ける、という独自の生産スタイルが生まれることになる。加えて、日本の夏場の暑さも、長期間の樽貯蔵を経てつくられるウイスキーにとっては、大きな困難を伴うものであった。

これら決して小さいとは言えないハンデキャップを克服するために、長年取り組み続けてきたことが日本のウイスキーの製造技術を大きく高めることになる。つまりは、一方で伝統的な製法のよさを守り続けながら、常に新しいことに挑戦し続ける姿こそが日本ならではのものと言えよう。

本講演では、85年以上にわたって継承されてきた弊社のウイスキーづくりについて、その考え方から、つくりへのこだわり、人材育成などの面についてふれてみたい。

## ゲノムの個人差と栄養や食品の関係

理化学研究所ゲノム医科学研究センター

鎌谷直之

近年の日本人の寿命の伸びは著しく、また疾患の種類の変化も著しい。この間に日本人の遺伝子が大きく変化をしたとは考えられないので、寿命や疾患の種類の変化は環境の変化によると考えられる。その一部は衛生状態の変化や医療の寄与により説明できるが、栄養や食品の影響も大きいと考えられる。即ち、栄養や食品が人間の寿命や疾患に大きな影響を与えている事は間違いない。例えば、古くからビタミンの不足により特定の障害を来す事が知られていたが、近年は摂取物質の過剰による疾患の方が多い。摂取カロリーが増加する事により糖尿病にかかりやすくなり、摂取塩分が増加する事により高血圧症にかかりやすくなる。コレステロール摂取が増加する事で動脈硬化を起こしやすくなり、摂取プリン体量が増加する事により痛風にかかりやすくなる。しかし、これらの栄養素は不足すると健康を害し、また食品中の含有量が味などに大きな影響を与える。従って、全員にこれらの栄養素の制限を行う事は困難であり、また不適當な事である。同じ食品や同じ栄養を摂取しても個人により疾患にかかりやすさは大きく異なり、これには遺伝も大きく関連する。特定の疾患にかかりやすい人々に限り特定の栄養素の摂取を制限したり奨励したりする必要がある。

このように人間の疾患に影響を与えるものとして、遺伝と、栄養や食品を含めた環境があると考えられていたが、遺伝の分野については近年急速に解明が進んできた。ヒトの遺伝的情報は約 30 億のゲノム配列により保有されているが、ヒト全ゲノム配列が 2003 年にほぼ解明された。また、その後の複数の個人の配列の比較により、個人間には膨大なゲノム配列の違い（ゲノム多様性）が存在する事がわかった。即ち、異なった二人の間には数 100 万の配列の違いがある。それに基づき、2000 年代にゲノム配列の違い約 50 万個を比較する研究が進み、多くの疾患に関連する遺伝子がわかった。中でも、理化学研究所ゲノム医科学研究センターで 2002 年から始められたゲノムワイド関連解析（GWAS; genome-wide association study）は大きな威力を発揮した。糖尿病、心筋梗塞、関節リウマチ、各種の癌などの多くの疾患に関連する遺伝子が明らかになっただけでなく、血糖値、コレステロール値、尿酸値などに関連する遺伝子も次々に明らかになって来た。更に、最近では個人の全ゲノム配列を読む事も現実的になってきている。

最近、我々はバイオバンクの約 1 万 5 千人のデータを用い、大規模に血液データに関連する遺伝子を検索した。それにより HDL コレステロール、LDL コレステロール、中性脂肪、尿酸値などに影響する遺伝子が明らかになった。これらの結果から、ゲノム配列の違いに基づいて栄養や食品を調整する、「ゲノム配列に基づいた個別化栄養学」を提唱したい。ただし、個人差が非常に大きいので、少数の例での証拠により効果や害を判断する事には問題がある。

日本酒は世界の酒になれるか  
外務省 広報文化交流部 門司健次郎 先生

講演骨子

日本酒を真の国酒に、そして「世界酒」に

1. 私と日本酒との係わり合い
2. 世界で人気の日本酒
3. 日本酒は「世界酒」になれるか
  - (1) イメージの改善・確立を図る
  - (2) 新たなファンを獲得する（日本酒との出会い）
  - (3) 日本酒を分かりやすくする（透明性）
  - (4) 本物の日本酒を提供する
  - (5) 様々な日本酒を揃える（多様性）
  - (6) 食の世界との関連を築く
  - (7) 日本酒を入手しやすくする

## 醸造学会 若手の会の活動について

日本醸造学会 若手の会は、以下のような活動を通して、醸造学の研究を活性化させ、醸造学の進歩と発展のために積極的に貢献していきます。

1. シンポジウムの開催などを通して、醸造学を志す若手の研究者、技術者、経営者、学生など会員のパワーアップをはかるとともに、会員間の交流を積極的に進めます。
2. 未来の醸造学研究者である学生の皆さんに、醸造学に興味を持ってもらうための活動を積極的に進めます。
3. 醸造学を学ぶ世界各国の若手研究者等との交流にもチャレンジします。

我々の活動にご指導とご支援をよろしくお願い致します。

## 第2回 日本醸造学会 若手シンポジウム

### 運営委員

運営委員長 岩下 和裕 (独立行政法人酒類総合研究所)

会計担当 金井 宗良 (独立行政法人酒類総合研究所)

会場運営 中尾 嘉宏 (サントリーホールディングス株式会社)

杉本 利和 (アサヒビール株式会社)

高橋 理 (キッコーマン株式会社)

ポスター運営 高橋 俊成 (菊正宗株式会社)

小川 順 (京都大学)

堤 浩子 (月桂冠株式会社)

講演会運営 林 圭 (三和酒類株式会社)

後藤 正利 (九州大学)

高谷 直樹 (筑波大学)

オブザーバー 島 純 (京都大学)

【メモ】

【メモ】



