

2S-Bp03 ゲノムからみた しょうゆ麹菌 *Aspergillus sojae*

○佐藤 敦史, 半谷 吉識
(キッコーマン・研究開発本部)
a.sato@mail.kikkoman.co.jp

しょうゆ醸造において、麹菌が品質へ影響する割合は極めて大きい。大手しょうゆメーカーの多くは独自の麹菌を使用しており、各社独自の品質を維持している。しょうゆ用麹菌は主に *Aspergillus sojae*, *Aspergillus oryzae* の2種が利用されている。*A. oryzae* は清酒、しょうゆ、味噌などの幅広い用途に利用されているが、*A. sojae* はほぼしょうゆ醸造に限って利用されている。これら2種の麹菌でそれぞれしょうゆを試醸し比較した場合、麹の性状（出麹 pH、糖消費量、各種酵素活性）やしょうゆの成分（有機酸、アンモニア、香味成分）に種間で差が見られる。この差が生じている機構を解明・制御することにより、付加価値の高いしょうゆや種々の用途に応じたしょうゆを開発することは、しょうゆ市場の拡大と国際化を推進する上で重要な課題である。そこで我々は *A. sojae* NBRC 4239 のゲノム解析を行い、既にゲノム情報が公開されている *A. oryzae* RIB 40 と比較することで、しょうゆの品質に影響を与える遺伝子の探索をおこなってきた。一般的に *A. sojae* は *A. oryzae* に比べ製麹中の糖消費が少なく、仕込み後に生成するグルコース量は多い。これは *A. oryzae* が高いアミラーゼ活性を持ち、それにより生成したグルコースを製麹中に消費してしまうことによると考えられている。仕込み後に生成するグルコースは、しょうゆ醸造工程での乳酸発酵、酵母発酵に大きな影響を与え、有機酸や香味成分の生産量が変化することが予想される。そのため、麹菌のアミラーゼ活性はしょうゆ品質に大きな影響を与えると考えられる。そこで *A. sojae* と *A. oryzae* のアミラーゼ遺伝子を比較したところ、*A. oryzae* では3つある遺伝子が *A. sojae* には1つしかないことが明らかになった。将来的には、複数のしょうゆ醸造用の株間で比較ゲノムを行い、醸造に寄与する遺伝子を解明する必要がある。また、*A. sojae*, *A. oryzae* は、強力な発癌物質であるアフラトキシンをはじめとした各種マイコトキシンを生産する *Aspergillus parasiticus*, *Aspergillus flavus* と非常に近縁であり、それぞれ人の手によって飼いならされ、安全になった菌株として考えられている。実際にアフラトキシン非生産については、これら2種の麹菌とも遺伝子レベルで証明されている。さらに我々はシクロピアゾン酸についても *A. oryzae* 同様、*A. sojae* に生産能がないことをゲノム情報に基づき遺伝子レベルで証明した。安全性の証明はもとより、これら2種の麹菌がどのような進化を遂げてきたのかは非常に興味深い。現在、*A. sojae* の更なる解析を進めるべく、追加でシーケンシングを実施し、比較ゲノム解析をおこなっている。ここで得られた *A. sojae* の特徴や進化についての最新の知見も含めて報告する予定である。

Comparative genomic analysis of *Aspergillus sojae*

○Atsushi Sato, Yoshiki Hanya
(R&D Div., Kikkoman Corp.)

Key words *Aspergillus sojae*, comparative genomics

2S-Bp04 酢酸菌の代謝生理と食酢醸造

○貝沼 (岡本) 章子
(東農大・応生科・醸造)
okamoto@nodai.ac.jp

食酢は、古来より用いられている発酵調味料である。酢酸による酸味を特徴とし、我が国のみならず、世界中の食文化において欠くことのできない重要な調味料の一つである。世界各国で様々な種類の食酢が製造されており、その原料や製法は国や地域によって特徴があるが、いずれも酢酸菌というバクテリアが介在する酢酸発酵が製造原理となっている。

酢酸菌は、alpha-プロテオバクテリア中、酢酸菌科に属する偏性好気性の桿菌である。酢酸菌科には多くの属が存在するが、その中でも *Acetobacter* 属と *Gluconacetobacter* 属の菌が食酢醸造に用いられる。これらの菌は、細胞膜上に多くのデヒドロゲナーゼ（脱水素酵素）を有しており、アルコールや糖が細胞外に存在した場合、細胞表面でこれらの化合物を効率的に酸化して酸化生成物を菌体外に蓄積する。この酸化反応は本菌の電子伝達系と連動しており、最終的に基質化合物由来の電子による酸素分子の還元に伴い菌体内に ATP を生成する。この特徴的な一連のエネルギー代謝現象は、一般に酸化発酵と総称されているが、中でもエタノールを基質化合物とし、これを細胞膜上のアルコールデヒドロゲナーゼ (ADH) で酸化して菌体外に酢酸を蓄積する場合を特に酢酸発酵と呼んでいる。

我々は、このような酢酸菌中、*Acetobacter pasteurianus* の発酵生理の発現メカニズムについて解析を行っている。本菌は、静置発酵による食酢醸造に用いられる酢酸菌であり、5% 程度の菌体外エタノールを効率良く酢酸へと変換する。この菌体活動は、単に上記の「デヒドロゲナーゼによる基質酸化—電子伝達系による ATP 生産」という連携のみが機能すれば可能な訳ではなく、その過程に付随する種々の生理も含めた総合的な菌体内ネットワークにより初めて可能になっていると考えられる。しかし、重要な産業微生物であるにもかかわらず、本菌の生理の詳細については未知の部分が多く、今後の発酵技術の改良・開発に資する有用な基礎的知見を得るためには、尚多くの課題が残されている。我々はその中でも特に、一部遺伝子に欠損を生じている本菌細胞内基幹代謝経路の動作挙動と酢酸耐性との関連、酢酸発酵に伴う電子伝達系の活発な活動と活性酸素種との関連、酢酸発酵の開始因子である ADH の発現制御と菌体生理との関連等に関心をもち解析を進めている。本講演では、これらのことに関し、現在我々が得ている知見について概説する。

Fermentation physiology of acetic acid bacteria and their application to vinegar production

○Akiko Okamoto-Kainuma
(Dept. Ferment. Sci., Fac. Appl. Biosci., Tokyo Univ. Agric.)

Key words *Acetobacter pasteurianus*, acetic acid bacteria, acetic acid fermentation, vinegar production