

- 315 クリプトコッカス属による4-ガラクトシルラクトースの生産
(オ4報) *Saccharomyces* との併用法による生産
(日新製糖) 小沢修, 大塚耕太郎, 武村暢子, 上田弘嗣

1.目的 須君らは, *Cryptococcus laurentii* var *laurentii* OKN-4の菌体又は固定化菌体をラクトースに作用させると4-ガラクトシルラクトース(以下4-GLと略す)を生産するが, グルコースや4-GL以外のオリゴ糖も副生することを報告した。今回はグルコース及び4-GL以外のオリゴ糖の副生を抑制する為, グルコースは発酵するが, ラクトース及び4-GLは発酵しない酵母を反応液中に共存させる方法について検討した。

2.方法 *C. laurentii* var *laurentii* OKN-4の菌体は培養後水洗して用いた。ラクトースは試薬又は食品用グレードを用いた。糖の定量はHPLCにてピーク面積値より算出した。

3.結果 上記目的の酵母として選択した *Saccharomyces cerevisiae* IFO-0309の菌体又はパン酵母(オリエンタル酵母製)を添加して, *C. laurentii* var *laurentii* OKN-4 菌体による4-GL生成反応を行なわせると, グルコース及び4-GL以外のオリゴ糖の副生がほとんどみられず, 4-GL生成反応が促進された。この時の反応条件としては温度30~45°C, pH3~7が適用範囲であった。*S. cerevisiae* 又はパン酵母の必要菌体量は, 反応に用いる*C. laurentii* var *laurentii* OKN-4菌体量のDry Cellベースで0.2~0.5倍であった。*Saccharomyces* 以外の *Kluyveromyces fragilis*, *Schizosaccharomyces malidevorans*, *Candida brassicae* などの酵母でも同様な結果が得られた。*C. laurentii* var *laurentii* OKN-4の菌体をアルギン酸カルシウムゲルに固定化し, パン酵母をバッチ毎に添加する繰り返し耐久試験(20Hr反応)では, 20回以上4-GLを主として生産した。

1)昭和60年度日本醗酵工学会大会講演要旨集 P121

Production of 4'-galactosyl lactose by cells of *Cryptococcus laurentii* var *laurentii* OKN-4 and *Saccharomyces*.

Osamu Ozawa, Kotaro Ohtsuka, Nobuko Takemura and Hiroshi Ueda
Nissin Sugar Mfg. Co., Ltd.

- 316 Phylogenetic Analysis of Coryneform and Nocardioform bacteria by 5S rRNA Sequences.
Yong-Ha Park,**Hiroshi Hori,*Ken-Ichiro Suzuki,**Syozo Osawa and Kazuo Komagata
(Institute of Applied Microbiology, University of Tokyo, Bunkyo-ku, Tokyo 113;
*Japan Collection of Microorganisms, RIKEN, Wako-shi, Saitama 351;**Department of Biology, Nagoya University, Chikusa-ku, Nagoya 464

We determined the 24 5SrRNA sequences from type strains of *Corynebacterium diphtheriae*, *C. glutamicum*, *C. xerosis*, *Arthrobacter globiformis*, *Cellulomonas biazotea*, *Aureobacterium testaceum*, *Curtobacterium citreum*, *Pimelobacter simplex*, *Caseobacter polymorphus*, *Brevibacterium linens*, *B. casei*, *Nocardioides albus*, *Oerskovia turbata*, *O. xanthineolytica*, *Nocardia asteroides*, *Mycobacterium phlei*, *M. smegmatis*, *Rhodococcus equi*, *R. erythropolis*, *R. rhodochrous*, and *R. bronchialis* and representative strains of *C. aquaticum*, *C. xerosis*, and *B. linens*. Except for *B. linens*, the strains investigated had 5S rRNAs with 120-123 nucleotides, which were fitted in the generally accepted model for the secondary structures of eubacterial 5S rRNAs. The tRNA binding site of *B. linens* (GAUC) is not similar to that of common eubacteria (GAAC). The phylogenetic tree was constructed on the basis of *Dnuc* values which correspond to the number of base substitutions per nucleotide site that have occurred in the course of evolution. The strains used in the present study fell into a group of gram-positive bacteria and actinomycetes with high G+C contents. Coryneform bacteria were divided into further four subgroups. These subgroups correlate well with groups based on chemotaxonomic criteria, especially peptidoglycan structure of cell wall and cellular fatty acid composition.