近赤外及び赤外スペクトルによる醤油の識別

近年コンピューターとケモメトリックス手法を応用したパターン認識手法による各種食品の識別が盛んに研究されている。筆者らはケモメトリックス手法において優れた功績を残している。ここでは、ケモメトリックス手法の紹介と近赤外及び赤外スペクトルによる醤油の識別をわかりやすく紹介して戴いた。

飯塚佳子, 相島鐵郎

1. はじめに

産地、収穫時期、銘柄、原料、製法、保存条件などが異なる食品の機器分析データを利用した分類、識別を考えてみよう。もし、試料間で大きく異なる測定値が発見できたならば、その信号や成分を利用して識別すればよい。しかし、複雑な組成からなる食品では、違いを示す特定の信号や成分を見つけられず、どのような分析法を適用しても明確な違いを見いだせないケースは少なくない。そのような場合でも、個々の分析値の集合である全体的なパターンは異なって見えることが多い。つまり、単一の分析値で識別できないならば、複数の分析値を組み合わせることで試料群間に境界線を引けばよい。これがパターン認識の考え方である。1960年代末、初めてパターン認識手法が食品の機器分析データに適用されて以来¹⁾、70年代になりピール²⁾、ブランドー³⁾、醤油⁴⁾などの香気成分のガスクロマトグラムにパターン認識手法を適用し種類、産地、銘柄

などに対応する識別に成功した。今日、機器分析とコンピュータの進歩及びソフトウェアの普及により、パターン認識は日常的に使用される手法となっている。

パターン認識手法の醤油に対する最近の応用例としては、異なる銘柄⁵⁾や2種類の原料大豆から醸造した製品⁶⁾のHPLC分析データに基づく識別がある。本稿では最近、著者らが醤油の近赤外と赤外スペクトルに各種ケモメトリックス手法を適用し、産地別⁷⁾と原料別⁸⁾に分類、識別した例を紹介する。

2. 赤外分光法及び近赤外分光法(第1図)

(1) 赤外分光法(Infrared Spectrometry: IR)

波長領域 $4000 \sim 200 \text{ cm}^{-1}$ ($2.5 \mu\text{m}$ から $50 \mu\text{m}$) のいわゆる中赤外領域の光を用いた分析を、IR分光法と呼ぶ。この領域は分子の基本振動に由来する情報を示す。装置や試料の取り扱いが容易であるため、化学物質の同定によく用いられる。固体試料では、透明な錠剤を調製し赤外光を当て透過する光の量を測定する、

第1図 近赤外及び赤外線波長領域と分光分析における特徴

Differentiation of Soy Sauce on the Basis of Mid and Near-IR Spectra
Keiko IZUKA, Tetsuo AISHIMA (Kikkoman Corporation)

KBr 錠剤法などが一般的である。しかし、透過測定が不可能な試料もあり、塗料、繊維、紙などの IR 分析では、表面状態を測定する方法として全反射吸収測定法 (ATR 法) が多用されている。ATR 法では屈折率の高い材質の結晶に試料を密着させ、この材質を通して斜めに光を照射し、試料の全反射吸収スペクトルを測定する。また、ZnSe, As₂Se₂, Ge などの ATR 結晶は水に不溶なので、水を大量に含む試料や水溶液試料の測定も可能である。もちろん、食品の IR 分析にも応用できる。その際、最大の問題は水の吸収が大きい点である。近年、ATR 法を利用して測定した IR スペクトルの解析に、ケモメトリックス手法を適用した食品分析への応用例も増えてきた^{9),10)}。

(2) 近赤外分光法 (Near-Infrared Spectrometry : NIR)

通常、12500~4000 cm⁻¹ (0.8~2.5 μm) の波長域を NIR 領域と呼ぶ。NIR 領域のスペクトルが示す情報は、分子の基本振動の倍音や結合音であり、より波長の長い IR 領域の情報と重複し、しかも化学構造との関係を明確にすることが難しい。しかし NIR 領域は IR 領域よりも吸収が微弱であり、水の吸収ピークが IR の 1/1000 に減少する。また、試料調製が容易で、固体、粉体、ペースト、水溶液などさまざまな形態の試料に適応でき、製造現場での分析にも耐える。このような NIR の長所と装置の簡便さから、1960 年代にアメリカ農務省の Norris により食品の非破壊分析法として紹介されると、食品の定量分析に対する利用例が増加した。その後、ケモメトリックス手法が組み合わされることにより、NIR 法の定量的・定性的分析精度は飛躍的に向上した^{11),12)}。

3. ケモメトリックス手法^{13),14)}

ケモメトリックス (chemometrics) は化学を表す chemo と計量学を示す metrics からなり、UmeÅ 大学 (スウェーデン) の Wold 教授による新造語である。ケモメトリックスは、効率的なデータ取得とデータからの効率的な情報抽出を目的とし、統計学、パターン認識、因子分析、検量、最適化、モデル化とパラメータ推定、信号処理、分解能、人工知能、構造活性相関、データ検索、ロボット化の 12 要素からなる。本稿では因子分析、クラスタ分析、判別分析、PLS, SIM-CA 等のケモメトリックスで多用される統計的なパタ

ーン認識手法に加え、ニューラル・ネットワーク、遺伝的アルゴリズムなど新しい解析手法の考え方と得られた結果を紹介する。

(1) 因子分析とクラスタ分析

試料の特徴を説明する変数 (説明変数) としての分析データから、直接観測はできないものの全試料に共通して存在する因子を探し出す統計手法である。ここで、一つの試料に関する複数の分析値がベクトルであるから、複数試料の分析データは行列となる。この行列を、因子の大小を表す因子得点と各因子に対する個々の変数の重みを示す因子負荷量の 2 つの行列に分解する。このようにして、もとのデータである説明変数 (因子) に変換する。その結果、多次元空間に分布する試料の低次元因子空間への投影が可能となり、試料間の関係を視覚化できる。また、抽出した因子では試料の特徴がより明確になり、試料群ごとに集落化される場合も多い。

一方、クラスタ分析では、個々の試料に対してベクトルの形で得られた分析データから試料間の距離や類似度を計算し、それに基づき試料の集落を形成させる。パターンの異なる試料を遠く、逆にパターンの似た試料を近くに配置するように、全試料を分類する。クラスタ分析において、最も代表的な出力フォーマットはデンドログラム (樹状図) である。

(2) 判別分析 (Linear Discriminant Analysis : LDA)

LDA は統計的な基準により選んだ変数を組み合わせ、試料群間に境界線を引く手法である。LDA はクラスタ分析や因子分析と並び、利用例の多いパターン認識手法の一つである。第 2 図に、LDA の基本概念を簡単なモデルで示す。二つの変数 x_1 , x_2 は、それぞれ単独では●及び□の 2 群の試料群間に境界線を引くことができず判別は難しい。しかし、 x_1 , x_2 を共に用いた判別式を作成すれば、図のように境界線を引くことができる。一般に、変数を増やし多次元化させると、情報量が増え判別能力が向上する。

(3) PLS (Partial Least Squares) 判別分析

近年、急速に普及しつつあるデータ解析手法である。多数の説明変数を有効に利用した定量分析が可能ことから、農産物、食品の近赤外データへの応用例が多い。日本語として適当な訳語がないため、ピー・エ

第2図 2変数 (x_1 , x_2) における
2群 (●, □) の判別分析

ル・エスと呼ばれる。PLS は分析データに相当する説明変数及び成分量や特性などを示す目的変数を一緒に利用して総合特性値 (PLS 成分) を抽出, それを定量やパターン認識に利用するソフトモデリングな解析手法である。一方, LDA は, 特定の変数 (群) を利用して設定した境界線 (面) のどちら側に位置するかで試料を判別するので, ハードモデリングな解析手法と呼ばれる。PLS 手法ではもとの説明変数に比べはるかに少なくても直交する PLS 成分を利用するため, LDA などに変数間の高い相関が引き起こす多重共線性問題や多すぎる変数に起因するオーバーフィッティングを回避できる。単一の目的変数に対し定量的に使用するのが PLS 1。一方, PLS 2 は複数目的変数に対して適用し, 目的変数が質的ならば試料分類に利用できる。

(4) SIMCA (Soft Independent Modeling of Class Analogy)

各群から算出した主成分得点の分布を利用し, 試料群の中心からの距離に基づき試料を分類するため, PLS と同様にソフトモデリングな手法と呼ばれる。具体的には, 主成分数に対応する多次元空間において, 各群ごとに SIMCA Box を構築し試料を分類, 識別する (第3図)。その結果, 1つの群に帰属される試料, 2つ以上の群にまたがって帰属される試料, どの群からも遠く特定の群には属さない試料の3種類に試料を分類できる。

第3図 3主成分を利用した SIMCA Box
による試料群 (●, △) 判別
*: はずれ値を持つ試料, 1~3: 第1, 2, 3
主成分軸

(5) ニューラル・ネットワーク (Artificial Neural Networks: ANN)

ANN は脳における神経細胞 (ニューロン) のネットワークを基本モデルに構築され, 入力層, 出力層の間に中間層を設けた3層構造が一般的である。入力層は説明変数, つまり分析値や測定波長に等しいユニット数, 出力層には識別の対象となる群数に等しい数のユニットを設置する。中間層のユニット数を決定する共通ルールは確立されていないので, 適宜設定する。ANN における代表的な学習法はバックプロパゲーション法で, 出力値と正しい値の差を最小化させるように学習を繰り返してユニット間の結合 (重み) を調整していく。その結果, ANN では統計的手法と異なり, 複雑な判別面や SIMCA のような分類も可能となる (第4図)。

(6) 遺伝的アルゴリズムを用いた判別分析

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) は, 生物が環境に適応するように遺伝子を進化させ生存競争を勝ち抜く過程をプログラム化し, 最適条件を探索する手法である。通常の LDA では, 群内分散の群間分散に対する比を最大化させるように変数を選択するが, GA を用いた LDA はより直接的で, 適中率を最大化するように変数を選択する。つまり原理上, GA を利用した変数選択の方が, 高い適中率を示す判別式が期待できる^{15,16)}。

第4図 ニューラル・ネットワークの構造とパターン認識

具体的な解析手法を第5図に示す。まずランダムに変数（波長，波数）を組み合わせ染色体（変数群）を作成し，染色体に対応する判別式の適合性を適中率に基づき評価する。次に，高い適中率を示した染色体を優先的に再生産してから，染色体を分割，組み合わせ（交叉），子どもに相当する新しい染色体を作成する。さらに，ランダムに一つの変数を染色体に組み込み（突然変異），意外性を有する判別式を作成する。一連の手順を経て作成した判別式は適中率に基づき評価し，満足できる適中率が得られるまで，この最適化手順を

繰り返す。最適変数の組合せを見つけるには，可能性ある全組合せのモデルを評価，比較することが理想である。しかし，変数が多くなると組合せ数も天文学的になり，いくら計算速度の速いコンピュータを用いても實際上，そのような評価は不可能である。そのように変数が多い場合，GA は最適変数の組合せを効率よく探すのに最も適した手法の一つといわれている。

（7）判別の信頼性検定

各種手法から得たモデルを実際に未知試料の識別に適用する前に，信頼性を評価する必要がある。もし試

第5図 遺伝的アルゴリズムの最適化手順

料数が多いならば、モデル作成用試料とモデル評価用試料の2群に試料を分ける。そして、モデル作成用の試料群を使い作成したモデルの予測精度や安定性を、評価用試料（未知試料）により確認する。しかし、測定試料数が少ないときは、限られた数の試料中からランダムまたは一定のルールに従い、検定用の未知試料を捻出する。そのような目的で使われるのが、クロスバリデーションテストである。まず全試料（N 個）から n 個の試料を抜き取り、残った N-n 個の試料で判別式を作成する。この判別式により、除いておいた n 個を未知試料として各群に帰属させる。次に、別の n 個試料を除き、新たな N-n 個の試料で作成した判別式により、n 個の試料を帰属させる。このように除く試料を順次変え、全試料が一度は未知試料として除かれるようにして、その適中率を調べる。

この検定法は SIMCA, PLS, GA において選んだ説明変数の適切性を調べるためにも利用されている。

4. 醤油の分類と識別

(1) NIR スペクトルと本醸造濃口醤油の産地

海外における消費量の増加に伴い、従来では考えられなかったような使用法が開拓されつつある醤油ではあるが、和食に不可欠な調味料であることに変わりはない。古来、日本の各地方は方言に代表されるそれぞれ固有の文化を有していたが、テレビ、電話、コンピ

ュータ・ネットワークなどの通信手段や交通網の発達により、特色はうすれる一方である。食文化も例外ではなく、豊かであったそれぞれの地方色も年々希薄になりつつある。本来、醤油は各地方の食文化を特徴づける重要な調味料の一つであった。食生活でも全国的に均一化が進む一方の今日、醤油が地域ごとに特徴を保持し続けているのかどうかを成分面から調べた。

1) 試料と NIR スペクトル

東北・関東・東海地方産 13 銘柄 (N)、関西・中国・四国地方産 12 銘柄 (W)、九州地方産 13 銘柄 (S) の本醸造濃口醤油を試料に用いた。NIR スペクトルは 1100~2500 nm を 2 nm 間隔、20°C で測定した (第 6 図)。データ解析には 1100~2500 nm の範囲の NIR スペクトルから 20 nm 間隔で選んだ 71 変数を使用した。

2) 因子分析とクラスタ分析

因子分析により 71 変数から抽出した因子では、1~4 因子のみが 1.0 以上の固有値を示し、最初の 3 因子中に 97% の情報が集約されていた。しかし、小さな固有値の因子でも化学成分に関する重要な情報を含んでいる可能性があるため、20 因子を説明変数として、以後のパターン認識に供した。もとの 71 変数によるクラスタ分析では、生産地に対応した集落は形成されなかった。しかし、20 因子を用いたクラス分析から得たデンドログラムには N, N+W, W+S, S を主

第 6 図 本醸造濃口醤油 38 銘柄の近赤外スペクトル

とする4つの集落が形成された(第7図)。Wに分類された試料には、NタイプとSタイプのものがあったが、N試料とS試料の類似性は低く、生産地の位置関係を反映していた。

3) 判別分別とPLS判別分析

LDAにおける適中率は、71変数を使用した結果よりも因子得点を利用した解析の方が高かった。LDAでは第1、第2ステップでそれぞれ第2因子と第20因子が選択され、適中率は68.4%、73.7%であった。第3ステップでは、第6因子が新たに選ばれ、適中率は81.6%となった。N試料はS試料に誤判別されることはなく、SがNに誤判別されたのは1試料のみであった。このように、N試料とS試料のNIRスペクトルはかなり異なり、3地方における醤油の化学成分にはそれぞれ特徴があることを示唆した。またWとN、WとSの間には誤判別が生じ、ここでも生産地の位置関係とNIRデータの間に類似性が見られた。

クロスバリデーションテストから、判別に最適なPLS成分数を求めると3であった。第1~3PLS成分で71波長中の99.1%の情報を集約していた。この3成分を用いてPLS2で解析したところ、84.2%の適中率を得た。N試料中3試料がWと誤判別され、W試料のうち3試料がSと誤判別された。S試料は特徴的で、13銘柄すべてがSと正しく判別された(第8図)。このように、近赤外スペクトルと各試料の

帰属に関する全情報を駆使して解析するPLS判別分析は、LDAに比べより高い中率を示した。

4) ANN

71変数を使ったANN分析で適中率は52.6%にとどまった。中間層をユニット数を3から8に増やしたが、大きな改善は見られなかったため、以後の解析では6ユニットに固定した。適中率は100万回の学習を重ねてもほとんど改善しなかった。そこで、因子分析

第8図 本醸造濃口醤油38銘柄のPLS2による判別結果
*：誤判別試料

第7図 因子得点を用いた38銘柄醤油のクラスタ分析結果

N：東北、関東、東海地方産
W：関西、中国、四国地方産
S：九州地方産

により抽出した 20 因子を用いて ANN 分析を行った。学習試料群にのみ過度に適合し、未知試料に適用できないモデルを作成してしまうオーバーフィッティングの危険性を避けるため、クロスバリデーションテストで判別精度を確認しながら学習を繰り返した。1 万回の学習では、100%正しい判別を示したが、クロスバリデーションテストによる適中率は 76.3%であった。

(2) IR および NIR スペクトルによる丸大豆醬油と脱脂大豆醬油の識別

食に対する高級嗜好の高まりから近年、脱脂大豆から醸造される醬油に加えて、丸大豆を原料とする醬油が多数市販されるようになった。丸大豆醬油と脱脂大豆醬油との水溶性成分および各種特性の比較については既に報告されている^{6,17)}。そこで市販の丸大豆醬油と脱脂大豆醬油を購入し NIR および IR 分光法により測定、ケモメトリックス手法により両者の識別を試みた。

1) 試料とスペクトル

全国から収集した市販丸大豆醬油 27 銘柄、脱脂大豆醬油 30 銘柄の本醸造濃口醬油を試料とした。IR 分析は ATR 法により $4600\sim650\text{ cm}^{-1}$ の範囲を測定した。一方、NIR スペクトルは、 $1100\sim2500\text{ nm}$ を 2 nm おきに測定した。醬油試料の IR スペクトルでは、水分子による大きな吸収帯が 1600 cm^{-1} 付近に存在した。そのままのスペクトルでは水以外の情報を得にく

いため、別途測定した水の IR スペクトルを差し引いてからパターン認識に供した (第 9 図)。解析には、ノイズが少なく情報量の多い $1900\sim900\text{ cm}^{-1}$ 領域を使用した。一方、NIR 領域では水の吸収が IR 領域に比べて小さいため、NIR スペクトルをそのまま解析に供した。

2) 判別分析

IR スペクトルにおける 1468 cm^{-1} の 1 波数では、丸大豆醬油 27 銘柄中 7 銘柄が、脱脂大豆醬油 30 銘柄中 6 銘柄が誤判別され、適中率は 77.2%であった。判別式中の波長数を 6 波長まで増やすと適中率は 94.5%まで向上し、丸大豆醬油はすべて正しく帰属された。しかし脱脂大豆醬油では、30 銘柄中 3 銘柄が丸大豆醬油群に誤判別された。NIR スペクトルによる LDA の結果、第 1 ステップでは 1300 nm が選ばれ、84.2%の適中率であった。ここでは、丸大豆醬油 27 銘柄中 3 銘柄、脱脂大豆醬油 30 銘柄中 6 銘柄が誤判別されたが、6 波長のモデルでは 57 銘柄すべてが正しく判別された。

3) SIMCA

SIMCA では Cooman プロットにより、各試料に対する丸大豆醬油群の中心からの距離と脱脂大豆醬油群の中心からの距離を知ることができる。そこで、丸大豆醬油群からの距離を縦軸に脱脂大豆醬油群からの距離を横軸に試料分布を示した。IR スペクトルの解

第 9 図 丸大豆醬油 27 銘柄と脱脂大豆醬油 30 銘柄の赤外スペクトル

析結果では、いずれの醬油群にも一意に帰属できない試料が多数存在したものの、どちらにも属さない可能性のある試料はなかった。一方、NIR スペクトルの解析結果では、IR データの解析結果よりは適中率が高かったものの、どちらにも帰属されない試料が検出された（第10図）。このように、IR、NIR スペクトルのSIMCA 分析による試料分布プロットは、丸大豆醬油、脱脂大豆醬油のどちらかに一意に帰属することが困難な多数試料の存在を示唆した。

4) 遺伝的アルゴリズムを用いた判別分析

変数選択に GA を用いた判別は、通常の LDA に比べ全体的に適中率が高かった。しかし GA では恣意的な変数選択を避ける目的で、初期操作としてランダムに染色体を生成させるため、同じデータであっても必ずしも同一結果が得られる保証はない。そこで IR、NIR スペクトル共に、それぞれ解析を10回繰り返して再現性を確認したところ、いずれも適中率が100%であった。IR スペクトルを用いた結果では、5~8変数を用いた判別式で100%の適中率が達成された。一方、NIR スペクトルに基づく判別では、4~5変数で全試料を正しく判別できた（第1表）。これらの結果から、水の影響を受けやすく解析に際して差スペクトルを算出する必要がある IR スペクトルよりも、安定

な NIR 領域のスペクトルを用いた判別式の方が、高い適中率を与えることが分かった。

GA で選ばれた NIR スペクトルの波長は、通常の LDA が選んだ波長と大体共通していた。しかし、通常の LDA では第1ステップで1300 nm を選んだが、GA では1510 nm 近辺の波長を判別モデル中に組み込んでいた。この1510 nm 近辺の波長は、10個中8個のモデルで使用されており、1300 nm の代わりにこれらの波長を使用することにより、適中率が格段に向上することが分かった。通常の LDA では、識別精度を向上させる1510 nm 近辺の NIR 波長を判別式の中に組み込まれないことから、GA による変数選択の優越性が確認されたと考えられる。

第1表 丸大豆醬油と脱脂大豆醬油の近赤外スペクトルからの GA による選択波長と判別結果

Step	使用波長(nm)	試料数	誤判別	適中率(%)
1	1400 1660 1830 1910	57	0	100
2	1400 1590 1800 1910 2050	57	0	100
3	1510 1530 1820 1980 2060	57	0	100
4	1400 1510 1620 2050	57	0	100
5	1430 1510 1720 1910	57	0	100
6	1450 1510 1730 2030	57	0	100
7	1450 1510 1720 2040	57	0	100
8	1480 1510 1850 1920	57	0	100
9	1400 1410 1830 2060	57	0	100
10	1400 1520 1630 2040	57	0	100

第10図 近赤外スペクトルを用いた丸大豆醬油と脱脂大豆醬油のSIMCA 解析における Cooman プロット
1-27: 丸大豆醬油, 28-57: 脱脂大豆醬油

5. お わ り に

従来、食品分野における NIR 分析の利用は、重回帰分析や PLS 回帰分析を利用した、一般成分や物理的な特性値の定量に限られていた。一方、IR 分析は、食品化学的な意味での化合物の同定や構造決定への利用が圧倒的で、定量的な応用例は非常に少なかった。しかし本稿で示したように、食品全体を測定した NIR や IR スペクトルには、個々の成分はもとより異なる産地や原料の指標となる化学成分群に関する有用な情報が含まれている。つまり、異なる製造工程や保存条件は製品中の成分組成に違いをもたらし、その違いを反映する信頼性の高い分析データは、その食品の「履歴書」なのである。進歩の著しいコンピュータとケモメトリックス手法を組み合わせた履歴書の解説は、食品の品質管理や品質設計に対し、有用な情報を与えてくれるに違いない。今後の活用を期待するものである。(キッコーマン(株))

文 献

- 1) J. J. Powers and E. S. Keith: *J. Food Sci.*, **33**, 207 (1968).
- 2) T. Jacobsen, R. Volden, S. Engan and O. Aubert: *J. Inst. Brew.*, **85**, 265 (1979).
- 3) P. Schreier and L. Reiner: *J. Sci. Food Agric.*, **30**, 319 (1979).
- 4) T. Aishima, M. Nagasawa and D. Fukushima: *J. Food Sci.*, **44**, 1723 (1979).

- 5) E. Kinoshita, Y. Ozawa and T. Aishima: *J. Agric. Food Chem.*, **45**, 3753 (1997).
- 6) E. Kinoshita, T. Sugimoto, Y. Ozawa and T. Aishima: *J. Agric. Food Chem.*, **46**, 877 (1998).
- 7) K. Iizuka and T. Aishima: *J. Food Sci.*, **62**, 101 (1997).
- 8) 飯塚佳子, 相島鐵郎: 日本食品科学工学会第 44 回大会講演要旨集, p.39 (1997).
- 9) F. R. van de Voort, K. P. Memon, J. Sedman and A. A. Ismail: *J. Am. Oil Chem. Soc.*, **73**, 411 (1996).
- 10) V. Bellon Maurel, C. Vallat and D. Goffinet: *Appl. Spectrosc.*, **49**, 556 (1995).
- 11) D. Bertrand, P. Robert and W. Loisel: *J. Sci. Food Agric.*, **36**, 1120 (1985).
- 12) P. J. Gemperline, L. D. Webber and F. O. Cox: *Anal. Chem.*, **61**, 138 (1989).
- 13) 相島鐵郎: 「ケモメトリックス 新しい分析化学」, 丸善 (東京), 1992.
- 14) 宮下芳勝, 佐々木愼一: 「ケモメトリックス化学パターン認識と多変量解析」, 共立出版 (東京), 1995.
- 15) R. Leardi: *J. Chemometr.*, **8**, 65 (1994).
- 16) T. Aishima, N. Togari and R. Leardi: *Food Sci. Technol. Inter.*, **2**, 124 (1996).
- 17) 福島男児: 醸協, **32**, 251 (1997).

●執筆者紹介 (順不同・敬称略)

飯塚佳子 <Keiko IIZUKA>

昭和 38 年 9 月 21 日生れ<勤務先とその所在地>キッコーマン(株)生産技術部, 〒278-0037 千葉県野田市野田 399<略歴>昭和 61 年お茶の水女子大学家政学部食物学科卒, 同年キッコーマン(株)入社, 研究開発本部, 商品開発室を経て, 現在に至る。<抱負>醤油という調味料のすばらしさを国内外にアピールしていきたい。<趣味>休日には, フィールドアスレチックにローラースケート。家族に合わせて趣味も新規開拓中。

相島鐵郎 <Tetsuo AISHIMA>

昭和 21 年 11 月 2 日生れ<勤務先とその所在地>キッコーマン(株)研究本部, 〒278-0037 千葉県野田市野田 399<略歴>昭和 46 年北海道大学農学部農学研究科修士課程修了, キッコーマン(株)入社, 同 52 年(財)野田産業科学研究所, 同 54 年農学博士(東京大学), 同 59-61 年ブリティッシュ・コロンビア大学研究員(バンクーバー, カナダ), 平成 2 年キッコーマン(株)研究本部主任研究員, 現在に至る。<抱負>ケモメトリックス手法を活用した科学的で効率的な食品 R&D 手法の開発<趣味>読書, 妄想にふけりながらの野原の散歩。