醤油麹菌のキシラン分解酵素とペクチン分解酵素の分子生物学的解析

北 本 則 行

はじめに

醤油の色は、味、香りとともにその品質を決定する重要な因子であるが、淡口醤油及び白醤油の醸造では特に色が重要視されている。醤油の着色・褐変化についてはこれまでに多くの研究がなされており、その主要因は醤油諸味中の糖類とアミノ酸類との間のアミノカルボニル反応によって生成されるメラノイジン色素であることが明らかにされている。糖類の中でもペントース、特にキシロースが醤油の着色に大きく関与しており、醤油諸味中のキシロース濃度を低下させることが醤油の着色抑制に効果があると考えられる。醤油諸味中のキシロースは、醤油麹菌が生産するキシラン分解酵素（キシラナーゼ、キシロシダーゼなど）が醤油原料に作用することによって醤油諸味中に遊離されてくる。したがって、醤油麹菌のキシラン分解酵素活性を低下させれば、醤油諸味中へのキシロース遊離が抑制され、醤油諸味の着色抑制が期待できる。このような観点から、現在、醤油麹菌のキシラン分解酵素についての研究が精力的に進められている。

一方、大豆多糖類の醤油麹菌酵素による分解特性と醤油諸味の難圧搾性についての一連の研究から、大豆多糖類の約30%を占める大豆ペクチンはその中の3分の2が酸性多糖類となって醤油中のコク、テリ等粘稠性関連物質となり、残りの3分の1が粕中の酸性多糖類となることが明らかとされている。大豆ペクチンに由来する酸性多糖類は17.5%の食塩溶液中でゲルを形成することが特徴的で、このことが醤油諸味の難

圧搾性の主原因の一つとなっていると推測されている。そこで、醤油諸味の圧搾性の改善に向けた大豆ペクチンの分解率向上及び圧搾粕低減化という2つの観点から、醤油麹菌のペクチン分解酵素（ポリガラクトツロナーゼ、ペクチンリアーゼ及びペクチンメチルエステラーゼ）についての研究が熱心に取り組まれている。

1. 醤油麹菌のキシラナーゼ遺伝子の解析

糖質関連加水分解酵素は疎水性クラスター分析によって60を超えるファミリーに大きく分類されているが、キシラナーゼはファミリー10及び11に主に分類されている¹⁾。醤油麹菌に存在するファミリー10キシラナーゼ遺伝子断片をPCR法を用いて増幅を行ったところ、4種類の異なる遺伝子断片が増幅され、醤油麹菌にはファミリー10キシラナーゼ遺伝子が少なくとも4種類存在することが確認された（第1図）²⁾。これら4種類のファミリー10キシラナーゼ遺伝子の中で、*xynFI* 遺伝子が醤油麹菌が生産する主要なキシラナーゼをコードしていた。*xynFI* 遺伝子は1,484塩基から構成され、10個のイントロンを含んでいた。*xynFI* 遺伝子には327個のアミノ酸がコードされ、XynF1タンパクの推定分子量は、35,402 Daであった。XynF1は *Aspergillus nidulans* XlnC、*Aspergillus kawachii* XynA 及び *Penicillium chrysogenum* XylP と比較するとアミノ酸レベルでそれぞれ71%、68%及び63%の相同性が認められた。一方、醤油麹菌に存在するファミリー11キシラナーゼ遺伝子についても同様にPCR法を用いて増幅を行ったところ、少なくとも2種類存

Molecular Analysis of the Genes Encoding Xylanolytic- and Pectinolytic-Enzymes from Shoyu Koji Mould, *Aspergillus oryzae*

Noriyuki KITAMOTO (Food Research Institute, Aichi Prefectural Government)

1. PENSМКWDALEPSQGSFSFAGADFLADYAKTNNKLVRGHTLVWHSQPLPSW	50	
2. PENCМКWDATEPSQGGQFSFAGSDSLVDFAVTNGKLIRGHTLLWHKQLPPW	50	
3. PENFMKWDATEPTQGGYNFDGADYVVNYAVEKGKLLRGHTLLWHSQPLPPW	50	
4. PENWMKWDATEPSQGGKFSFSGADYLVNYAATNNKLIRGHTLVWHSQPLPSW	50	
5. PENSМКWDATEPSRGQFSFSGSDYLVNFAQSNKKLIRGHTLVWHSQPLPSW	120	
*** ***** ** * * * * *		
1. VQGITDKDITLTEVIKNHITTIMQRYKGQIYAWDVVNEIFDEDTLRDSVF	100	
2. VSGITDKATLTDVMKNHITMVMKQYKGKQYAWDVVNEIFEDGTLRDSVF	100	
3. VSQISDPATLTGVIQDHVTTLVSRWKGQIYAWDVVNEIFAEDGSLRESVF	100	
4. VQGITDKNTLTSLVKNHITTMNRYKGKQYAWDVVNEIFNEDGTLRDSVF	100	
5. VQAITDKNTLIEVMKNHITTMQHYKGKIYAWDVVNEIFNEDGSLRDSVF	170	
* * * * *		
1. SQVLGEDFVRIAFETAREADPNKLYINDY	130	<i>A. oryzae xynF1</i>
2. SKVLGEDFVRIAFETARAADPEAKLYINDY	130	<i>A. oryzae xynF2</i>
3. SNVLGEDFVRIAFEARAADPDCKLYINDY	130	<i>A. oryzae xynF3</i>
4. YNVLGEDFVRIAFETARAADPQAKLYINDY	130	<i>A. oryzae xynF4</i>
5. YKVIIGDDYVRIAFETARAADPNKLYINDY	200	<i>A. kawachii xynA</i>
* * * ***** ** *****		

第1図 醤油麹菌のファミリー 10 キシラナーゼ遺伝子断片にコードされるアミノ酸配列の比較
一致するアミノ酸残基を*で示す。

在することが確認された³⁾。遺伝子構造が詳細に解析された *xynG 1* 遺伝子は 725 塩基から構成され、1 個のイントロンを含んでいた。*xynG 1* 遺伝子には 189 個のアミノ酸がコードされ、XynG 1 タンパクの推定分子量は、20,602 Da であった。アミノ酸レベルで XynG 1 をカビのファミリー 11 キシラナーゼと比較すると、*A. nidulans* XlnA や *A. niger* XynNB などとは約 65 % の高い相同性が認められたが、*A. kawachii* XynC や *Aspergillus tubigenensis* XlnA などとは約 44 % というやや低い相同性であった。

醤油麹菌には上で述べたようにキシラナーゼ遺伝子が少なくとも 6 種類存在しており、他のカビではこれだけ多くのキシラナーゼ遺伝子の存在は知られていない。醤油麹菌においてなぜこれだけ多くのキシラナーゼ遺伝子が存在するのか、また、これらのキシラナーゼ遺伝子の誘導発現メカニズムがどのようになっているかを明らかにするためにレポーター遺伝子を用いて解析が進められている⁴⁾。

2. 醤油麹菌のキシロシダーゼ遺伝子の解析

キシロシダーゼはキシロピオースやキシロトリオースなどのキシロオリゴ糖からキシロースを遊離させるエキソ型の酵素で、醤油諸味中のキシロース濃度に大きく関与していると考えられる。醤油麹菌はキシラン

を唯一の炭素源として液体培養を行うと 3 種類のキシロシダーゼを分泌するが、その中の主要なキシロシダーゼをコードする *xylA* 遺伝子について詳細な解析が行われている(第2図)⁵⁾。*xylA* 遺伝子は 2,397 塩基から構成されていたが、イントロンは存在していなかった。*xylA* 遺伝子には 798 個のアミノ酸がコードされ、XylA タンパクの推定分子量は、86,475 Da であった。成熟型 XylA の分子量 (84,657 Da) と精製酵素の分子量 (約 110 kDa) との差から、14 個存在する N-glycosylation 部位の一部に糖鎖の付加が考えられた。XylA は *A. nidulans* XlnD、*A. niger* XlnD 及び *Trichoderma reesei* BxII と比較するとアミノ酸レベルでそれぞれ 70%、64%及び 63%の相同性が認められた。

醤油麹菌は醤油麹中では 3 種類のキシロシダーゼを分泌するが、その分子量や酵素学的な諸性質は上で述べた XylA とは大きく異なっている⁶⁾。この醤油麹中に見出された 3 種類のキシロシダーゼが XylA と同一の遺伝子産物であるかどうか、あるいは、異なる遺伝子由来の酵素タンパク質であるならばその遺伝子の誘導発現メカニズムがどのようになっているのか、今後の解明が待ち望まれる。

3. キシラン分解酵素低生産醤油麹菌の分子育種

A. niger ではキシラン分解酵素遺伝子群の誘導発

ATGCTGGTGCAGCGCTCCATCGTCGCCGCTCTGGCGCCCTGTTGCCGACCGCTTGTGGTCAAGCAAAACAAAGCTACGTCGACTACAACATCGAAGCGAACCCAGACCTCTTCTCTGAA 120
M P G A A S I V A V L A A L L P T A L G Q A (N) Q S Y V D Y N I E A N P D L F S E 40
TGCTCGAGACCGGTGTACCTCATTCCGACGCTGGAAGCGGTCCTTGAGCAAGACTCTGGTCTGCAGTACTCTCGGCAAAACCCCATGATCGAGCTGCTGCTCTCTCTCTG 240
C L E T G T G T S F P D C E S G P L S K T L V C D T S A K P H D R A L V S A L L 80
ACCTTTCGAGAGCTGGTGAACACCCGCAACACCGGCATGGTGCCCTAGAACTCGGCTGCCCCGCTATCAGGTGTGAATGAAGCTCTCCACGGTGTGCGCATGCCGATTCAGC 360
T F E E L V (N) T A N T G H G A P R I G L P A Y Q V W N E A L H G V A H D F S 120
GATGCCGCTGACTTCAGCTGCTCCAGCTCTCCCGAGCGCATCTGCACATGGCTCGCCCTCAACCGCACCTTAATTCACGAGATCGCCACCATCATCTCCACGAAAGCCGCTGCCCTC 480
D A G D F S W S T S F P Q I S T M A A L (N) R T L I H Q I A T I I S T Q G R A F 160
ATGAACGCTGGCGCTACGACTCGAGCTCTACTCTCCCAACATCAATACCTTCGCGCACCAAGTCTGGGGCGCGCGGCAAGAACCCAGCGCAAGAGCGCTACTGCTCGCTGCCCTCAC 600
M N A G R Y G L D V Y S P N I N T F R H P V W G R G Q E T P G E D A Y C L A S T 200
TACGCATACGAATACATCACCGGCATCCAGGCGCGCTCGACGCCAACCCCTCTCAAACCTCATCGCAACAGCGAAGCACTACGCCGGCTACGATACGAACTGGGCAACCACTCCCGG 720
Y A Y E Y I T G I Q G G V D A N P L K L I A T A K H Y A G Y D I E N W D H S R 240
CTCGGTACGACATCGAAATCACCAACAAGACTGGCCGAATCTACACCCCCCAATTCCTGCTCGCTCGCGAGACGCGCAAGTCCACAGCGTGTATGTCTCTACAACCGCTCAAC 840
L G N D M Q I T Q Q D L A E Y I T P Q F L V A S R D A K V H S V M C S Y N A V N 280
GGCTCCCGACGCTCCAACCTCTTCTCTGCAAAACCTCTCCGCGACACCTTCGACTCTGTCGAAGACGGCTACGCTCTCGGCGGCTGCGGCGAGCTACACAGCTCTTCAACCGG 960
G V P S C S N S F Q T L L R D T F D F V E D G Y V S G (D) C G A V Y N V F N P 320
CACGCGTACGCCACCAAGATCATCCGCGCGCGACGATCCATCCGCGCGAGAACCGACATCGACTCGCGCGCTCTCTACCCACGCCACTTCCAAGAATCCTTCCAGCAGCAGGAGTC 1080
H G Y A T (N) E S S A A A D S I R A G T D I D C G V S Y P R H F Q E V 360
TCCCGCAAGACCTCGAAGCGCGGCTCATCGCTCTCTACGCCAGCTCATCCGCGCAGGCTACTTCGAGCGCAAAACAGTCCATACCCGCAACATAACCTGGTCCGAGCTGGTGCCACC 1200
S R Q D L E R G V I R L Y A S L I R A G Y F D G K T S P Y R (N) I T W S D V V S T 400
AACGCCAAACCTCTCTACGAAGCCGCGCCCAAGCATCTGCTCTCAAAACGACGGGATCTCCCTTACCTCCACAGTCTCTCCCAAAACCATCGCCCTAATCGGCGCC 1320
N A Q (N) L S Y E A A C A Q S I V L L K N D G I L P L T S T S S T K T I A L I G P 440
TGCGCAACCGAACCCCAATGCTAGGCACTACTACGCGCGAGCCCTTACCTAATCAGCCGCTGCAAGCTTCCAAAGACTCAGAATACAAATCACCCTACACCATCGGCACAAAC 1440
W A (N) A T T Q M L G L S Y G P A Y T L I S P L Q A F Q D S E Y K I T Y T I G T (N) 480
ACAACACCGACCGGACTCCACTCCCAACACCGCTCTACACCGCGCAAGAGACGACTAATCATCTTCGCGCGCGCATCGACAAACCCCTCGAAACGAGCCCAAGACCGC 1560
T T T D P D S T Q S T A L T A K E A D L I F A G G I D N T L E T A Q D R 520
AGCAACATAACCTGGCCCTCAACCAACTCTCCCTAATAACCAAGCTCGCGGACCTAGGCAAAACCCCTCATCGCTCCAAATGGGCGGGCGGGCGAGTCTCCCGCCCTGAAGAAC 1680
S (N) I T W P S N L K L D L G K P L I V L Q M G G G Q V D S T S S T A L K N 560
AACAAAGACGTCACCGCTTGAATTTGGGCGGATACCGGGTCACTGAGACCGAATGGGTGCAATCCAGGCAAACTATATATGTGTATACCGGGAACCGGCGCGGCTCGGTATACGAGCGAT 1800
N K N V N A L I W G P A I D M N L R P (N) S N P G Q T Y M W Y T G T P V Y E F G H G 600
CCGGCTGAGTACCGCGAGGTGTTCCCGGATTTGATATGAATCTGAGACCGAATGGGTGCAATCCAGGCAAACTATATATGTGTATACCGGGAACCGGCGCGGCTCGGTATACGAGCGAT 1920
P A E Y A E V F P A I D M N L R P (N) S N P G Q T Y M W Y T G T P V Y E F G H G 640
CTGTTTATACATTAATCTACCTCTGCTCTCTGCGGGTATAGAACTAGAACTCGGAGCTCGGCTTAAATATCGATGAGGTCTGGGACCGCCGCTCTGGGTATAGCTGTGGAGCAG 2040
L F Y T (N) F T A S A S A G S G T K (N) R T S F N I D E V L G R P H P G Y K L V E Q 680
ATGCGCTGTTGAATTTACGCTCGATGGAAGTAAGTCTGAGACGAGGTGTGGATTAATCTGCTGCAATGGCGTTTGTGAATACGACTGCTGGCGCGGCGGCAACCTCAATAAGTGGCTG 2160
M P L D L (N) F T V D V K N T G D Y T A M A F V (N) T T A G A P A P P N K W L 720
GTGGGTTGATCGGTGAGTGTGCTGCGAGCTGGGTGCGGGAAGACTATGGTATTTCGCGACGCTGGATAGTCTGGCTCGGACTGATGAGGAGGGGAATCGGCTGTATTGATCTCTGGA 2280
V G F D R L S A R V E P G S A K M V I P V T V D S L A R T D E E G N R T L Y P G 760
CGGTATGAAGTGGCTGAATAGAGAGGGAGGTGGTTTGGGATTACGCTCAGGGGGGAAGGCTGTGCTTTCAAGTGGCTTAAGGAGGAGCAGTTGATTCGCGCGCAGTAG 2397
R Y E V A L N N E R E V V L G F T L T G E K A V L F K W P K E E Q L I A P Q * 798

第2図 醤油麹菌のキシロシダーゼ遺伝子の塩基配列とアミノ酸配列

N型糖鎖付加の可能性のあるアスパラギン残基(N)は○で示す。また、活性中心と考えられるアスパラギン酸残基は□で示す。

現制御機構について最近急速に明らかにされつつあり、誘導発現因子(XlnR)がキシラン分解酵素遺伝子ばかりでなくセルラーゼ遺伝子やキシロースレダクターゼ遺伝子の発現制御にまで関与していることが報告されている⁷⁻¹⁰⁾。一方、醤油麹菌におけるキシラン分解酵素遺伝子群の誘導発現制御機構については現在のところ十分に解明されていないが、*A. niger*と同様な誘導発現因子(AoXlnR)が存在しキシラン分解酵素遺伝子群の誘導発現を制御していると推定されている¹¹⁾。そこで、多コピーのAoXlnRの結合配列を醤油麹菌の染色体DNAへ導入することによってキシラン分解酵素遺伝子群の誘導発現の抑制が試みられた²⁾。AoXlnRの結合配列を含んだ*xynF1*遺伝子のプロモーター領域を64コピー連結したプラスミド(pXPR64)をcotransformationにより醤油麹菌に導入することで著しくキシラン分解能が低下した形質転換株が得られている(第1表)。ここで得られた形質転換株には導入したプラスミド(pXPR64)が複数コピー染色体DNA中に組み込まれ、AoXlnRの結合配列が200コピー以上にもなっていた(第3図)。その結果、AoXlnRのタイト

第1表 誘導発現因子のタイトレーションによるキシラン分解酵素遺伝子発現抑制

strain	xylanase (U/ml)	β -xylosidase (U/ml)
KBN 616-39	247.1 (100)	1.078 (100)
XD 28	53.1 (21.5)	0.296 (27.5)
XD 83	0.496 (0.2)	0.023 (2.1)

KBN 616-39株は形質転換に用いた宿主株で、XD 28株及びXD 83株はプラスミドpXPR64をKBN 616-39株に導入することによって得られたキシラン分解酵素遺伝子の発現抑制株である。

レーション現象によってキシラン分解酵素遺伝子群の誘導発現が抑制されたことと思われる。

最近、醤油麹菌において*pyrG*遺伝子を選択マーカーとする形質転換系が新たに開発され、相同的組換えによる遺伝子破壊が実施可能となった。この形質転換系を用いて誘導発現因子遺伝子(*AoXlnR*)の破壊株¹²⁾及びキシロシダーゼ遺伝子(*xylA*)の破壊株¹³⁾が取得された。これらの遺伝子破壊株を利用して醤油麹菌におけるキシラン分解酵素遺伝子群の誘導発現機構の解明やキシラン分解酵素の醤油諸味着色への影響につい

第3図 キシラン分解酵素遺伝子発現抑制株のサザンブロット解析

KBN 616 株は醤油麹菌実用株で、XD 28 株及び XD 83 株はプラスミド pXPR 64 を KBN 616 株の *niaD*⁻ 株 (KBN 616-39 株) に導入することにより得られたキシラン分解酵素遺伝子の発現抑制株である。XD 28 株及び XD 83 株では、キシラナーゼ遺伝子 (*xynF1* 遺伝子) のプロモーター部分が染色体 DNA 中に多コピー存在していることが判る。

て解析が進められている。

4. 醤油麹菌のペクチン分解酵素遺伝子の解析

カビの主要なペクチン分解酵素は、①ペクチンまたはペクチン酸の α -1,4 結合を加水分解するポリガラクトツロナーゼ (PG)、② β -脱離反応により糖鎖を分解するペクチンリアーゼ (PL)、③ペクチンのメチルエ

テルを加水分解するペクチンメチルエステラーゼ (PME) の3種類に分類される。カビのペクチン分解酵素遺伝子はしばしばファミリーを形成し、複数のペクチン分解酵素遺伝子が見出されている。PCR 法を用いて醤油麹菌のペクチン分解酵素遺伝子断片の増幅が試みられ、2 種類の PG 遺伝子 (*pgaA*, *pgaB*)、2 種類の PL 遺伝子 (*pel1*, *pel2*) 及び 1 種類の PME 遺伝子 (*pmeA*) の存在が確認された¹⁴⁻¹⁸⁾。これらの遺伝子は全てクローニングされ、その遺伝子構造の解析が行われた (第2表)。クローン化された遺伝子の塩基配列から推定されるアミノ酸配列を他のカビのペクチン分解酵素のアミノ酸配列と比較すると、高い相同性が認められる。例えば、PgaA は *Aspergillus flavus* PecA 及び *Aspergillus parasticus* PecI と 97% 以上の一致がみられ、PgaB も *A. flavus* PecB と 95% の一致がみられる。この他にも Pel 1 は *A. niger* PelB と、また Pel 2 は *A. niger* PelD といずれも 78% の相同性が認められ、さらに、PmeA は *A. niger* PmeA と 80% の相同性が認められる。このように、醤油麹菌のペクチン分解酵素は他の *Aspergillus* 属カビのペクチン分解酵素とアミノ酸レベルで極めて高い相同性を示す。その上、*Aspergillus* 属カビのペクチン分解酵素においてはその遺伝子内に見出されるイントロンの存在位置、あるいは、イントロンの数までもが非常によく保存されているので、共通の祖先となる遺伝子から分化してきたことが想像される。

5. ペクチン分解酵素高生産醤油麹菌の分子育種

醤油麹菌が生産するペクチン分解酵素が醤油醸造に

第2表 醤油麹菌のペクチン分解酵素遺伝子の構造

	<i>pgaA</i>	<i>pgaB</i>	<i>pel 1</i>	<i>pel 2</i>	<i>pmeA</i>
長さ (bp)	1,227	1,226	1,196	1,306	1,307
イントロン数	2	2	1	3	6
(長さ: bp)	(57, 81)	(65, 67)	(53)	(56, 59, 64)	(65, 62, 59, 60, 65, 63)
アミノ酸数 (成熟たんぱく)	363 (335)	367 (337)	381 (361)	375 (356)	331 (314)
分子量 (成熟たんぱく)	37,520 (34,714)	37,860 (34,799)	39,982 (38,101)	39,312 (37,423)	35,466 (33,792)
N型糖鎖付加部位	3	1	1	1	3

pgaA: ポリガラクトツロナーゼ A 遺伝子, *pgaB*: ポリガラクトツロナーゼ B 遺伝子, *pel 1*: ペクチンリアーゼ 1 遺伝子, *pel 2*: ペクチンリアーゼ 2 遺伝子, *pmeA*: ペクチンメチルエステラーゼ A 遺伝子

第4図 *pgaA* 遺伝子高発現ベクター (A) と融合遺伝子の連結部分の塩基配列 (B)

第5図 PgaA 高生産麹菌培養液の SDS-PAGE 解析

KBN 616 株は醤油麹菌実用株で、TF 1 株及び TF 2 株は *pgaA* 遺伝子高発現ベクター pTFGA 300 を KBN 616 株の *niaD*⁻ 株 (KBN 616-39 株) に導入することにより得られたポリガラクトソナーゼ A (PgaA) 高生産株である。TF 1 株及び TF 2 株は、グルコースを炭素源として培養すると著量の PgaA を培地中に分泌する。

においてどのような役割を担っているのか、また、その酵素学的な諸性質がどのようになっているのか、これまで明らかにされていない。そこで、ペクチン分解酵素遺伝子を高発現する醤油麹菌を作り出すために醤油麹菌において強力に構成的に発現するプロモーターである *TEF 1* 遺伝子プロモーターの下流にペクチン分解酵素遺伝子をつないだ融合遺伝子を組み込んだ高発現ベクターが作製された¹⁴⁻¹⁸⁾。一例として、*pgaA* 遺伝子高発現ベクター (pTFGA 300) の制限酵素地図と *TEF 1* 遺伝子プロモーターと *pgaA* 遺伝子との連結部分の塩基配列を第4図に示す。他のペクチン分解酵素遺伝子についても融合遺伝子及び高発現ベクターが同様に作製され、それらを醤油麹菌へ導入することによってペクチン分解酵素高生産醤油麹菌が作り出された。グルコースを炭素源として培養すると、炭素源によるカタボライト抑制のため醤油麹菌は培地中へタンパク質をほとんど分泌しない。しかし、*TEF 1* 遺伝子プロモーターは構成的に発現するプロモーターであるため、その遺伝子発現は培地中に存在するグルコースの影響を受けない。したがって、得られたペクチン分解酵素高生産醤油麹菌をグルコースを炭素源に用いて培養すれば、特定のペクチン分解酵素だけを特異的にそして著量に培地中へ分泌させることができる (第5

図)。分泌されたペクチン分解酵素は夾雑タンパク質がほとんど含まれないので、イオン交換カラムクロマトにより非常に簡単に精製することができる。このようにして、PgaA, PgaB 及び PmeA が精製され、その諸性質が明らかにされた。Pel 1 及び Pel 2 の精製も行われており、間もなくその諸性質も明らかにされると思われる。醤油麹菌が生産するこれら 5 種類のペクチン分解酵素の醤油諸味の圧搾性の改善及び圧搾粕の低減化への影響について今後の研究の進展が待ち望まれる。

文 献

- 1) B. Henrissat and A. Bairoch : *Biochem. J.*, **293**, 781 (1993)
- 2) N. Kitamoto, S. Yoshino, M. Ito, T. Kimura, K. Ohmiya and N. Tsukagoshi : *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, **50**, 558 (1998)
- 3) T. Kimura, N. Kitamoto, Y. Kito, S. Karita, K. Sakka and K. Ohmiya : *J. Ferment. Bioeng.*, **85**, 10 (1998)
- 4) 鈴木勇人, 油谷健, 木村哲哉, 苅田修一, 栗冠和郎, 大宮邦雄 : 2000 年度日本農芸化学会大会講演要旨集, p. 126 (2000)
- 5) N. Kitamoto, S. Yoshino, K. Ohmiya and N. Tsukagoshi : *Appl. Environ. Microbiol.*, **65**, 20 (1999)
- 6) T. Hashimoto, M. Morishita, K. Iwashita, H. Shimoi, Y. Nakata, Y. Tsuji and K. Ito : *J. Biosci. Bioeng.*, **88**, 479 (1999)
- 7) N. N. M. E. van Peij, J. Visser and L. H. de Graaff : *Mol. Microbiol.*, **27**, 131 (1998)
- 8) N. N. M. E. van Peij, M. M. C. Gielkens, R. P. de Vries, J. Visser and L. H. de Graaff : *Appl. Environ. Microbiol.*, **64**, 3615 (1998)
- 9) M. M. C. Gielkens, E. Dekkers, J. Visser and L. H. de Graaff : *Appl. Environ. Microbiol.*, **65**, 4340 (1999)
- 10) A. A. Hasper, J. Visser and L. H. de Graaff : *Mol. Microbiol.*, **36**, 193 (2000)
- 11) 丸井淳一郎, 田中昭光, 加藤雅士, 小林哲夫, 塚越規弘 : 2000 年度日本農芸化学会大会講演要旨集, p. 126 (2000)
- 12) 北本則行, 安田 (吉野) 庄子 : 2000 年度日本農芸化学会大会講演要旨集, p. 106 (2000)
- 13) 安田 (吉野) 庄子, 北本則行 : 2000 年度日本農芸化学会大会講演要旨集, p. 106 (2000)
- 14) N. Kitamoto, T. Kimura, Y. Kito, K. Ohmiya and N. Tsukagoshi : *FEMS Microbiol. Lett.*, **111**, 37 (1993)
- 15) N. Kitamoto, J. Matsui, Y. Kawai, A. Kato, K. Ohmiya and N. Tsukagoshi : *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, **50**, 85 (1998)
- 16) N. Kitamoto, S. Yoshino-Yasuda, K. Ohmiya and N. Tsukagoshi : *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 印刷中
- 17) 北本則行, 吉野庄子 : 1997 年度日本農芸化学会大会講演要旨集, p. 63 (1997)
- 18) N. Kitamoto, H. Okada, S. Yoshino, K. Ohmiya and N. Tsukagoshi : *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, **63**, 120 (1999)

執筆者紹介 (順不同・敬称略)

北本則行 <Noriyuki KITAMOTO>

昭和 37 年 3 月 3 日生れ<勤務先とその所在地>愛知県食品工業技術センター, 〒451-0083 名古屋市西区新福寺町 2-1-1<略歴>昭和 61 年名古屋大学大学院農学研究科博士課程前期修了, 昭和 61 年愛知県食品工業試験所 (現食品工業技術センター) 入所, 現在発酵技術部主任研究員。<抱負>麹菌酵素の醤油醸造における役割を明らかにしたい。<趣味>山歩き, スキー。

松田 實 <Minoru MATSUDA>

昭和 13 年 11 月 26 日生れ<勤務先とその所在地>福德長酒類(株)研究所, 〒830-0063 福岡県久留米市荒木町 1200<略歴>1962 年 3 月九州大学農学部農芸化学科卒, 同年 4 月森永醸造(株) (現福德長酒類(株)) 入社, 1989 年久留米工場長, 1999 年専務取締役研究所長<抱負>本格焼酎を世界のスピリッツとして発展させたい。