

令和3年度

清酒酵母・麴研究会

講演要旨集

令和3年11月19日（金）

Zoomによる同時配信

清酒酵母・麴研究会

プログラム

- 13:10～13:15 はじめに
- 13:15～13:45 「イオンビームを使用した清酒酵母の育成」
福井県食品加工研究所 久保 義人
- 13:45～14:15 「泡盛醸造における黒麹菌による 4-ビニルグアヤコールの生成」
琉球大学農学部 平良 東紀
- 14:15～14:45 「生醗系酒母の多様性と安定的醸造 ～菌叢の制御は可能か～」
酒類総合研究所 高橋 正之
- 14:45～15:05 ～休憩～
- 15:05～15:35 「麹菌 *Aspergillus oryzae* の進化及び家畜化」
東京工業大学生命理工学院 渡来 直生
- 15:35～16:35 特別講演「私の麹菌研究を振り返って」
月桂冠株式会社 秦 洋二
- 16:35～16:40 おわりに

イオンビームを活用した清酒酵母の育成

福井県食品加工研究所 久保 義人

はじめに

現在の酵母実用株育種は変異処理法が主流であり、化学的変異原が広く用いられている。一方、イオンビームは植物を中心に近年利用が増加している変異原で、付随変異が比較的少ないと考えられている。演者らは、(公財)若狭湾エネルギー研究センターとの共同研究として、清酒酵母に対する炭素線および陽子線照射による付随変異発生程度の評価を行うとともに、イオンビームを使用した実用株育種を行っており、その概要を紹介する。

福井県における酵母育成

福井県内では、以前より吟醸造りを中心に金沢国税局鑑定官室において保管・頒布されていた「金沢酵母」(現在のきょうかい14/1401号)が使用されており、県産酒の特徴を形成する要因の一つになっている。県酵母の育成に際しては、これらの歴史的背景を踏まえ、地域性の維持との観点から「金沢酵母」の系統を育種源として育成を行っている。これまでに、用途別に7種類の菌株を育成し県内製造場向けに頒布している。

酵母の育成手法は、もろみからの分離法に始まり、変異処理法(薬剤、紫外線)、交雑法と変遷し、現在はイオンビームを使用した変異処理法が主体となっている。

イオンビームとは

イオンビームは、加速器によって加速された高エネルギーのイオンの束を示す用語で、イオンの種類により「炭素線」や「水素線」とも表現される。イオンビームは、飛程上の他の原子や電子と相互作用して原子や分子を電離させる性質を有しており、DNAに対しても欠損や断裂などの損傷を与えることから変異原として利用されている。類似の変異原として γ 線やX線も使用されているが、エネルギー量の違いから変異特性は異なるとされている。

イオンビームの特徴の一つが「局在性」であり、イオンの通過経路に沿ってDNAの損傷部位が集中することが確認されている。この傾向は重い(大きい)イオンほど顕著になることが知られており、重イオンビームでは大きな欠失や転座などが起こりやすいと考えられている。

現在、品種改良を目的とした照射が可能な施設は、共同研究者である福井県若狭湾エネルギー研究センターの他に、理化学研究所 仁科加速器科学研究センター、量子科学技術研究開発機構 高崎量子応用研究所、同 量子生命・医学部門 の4か所である。照射できるイオンの種類は施設ごとに決まっており、若狭湾エネルギー研究センターでは水素イオンと炭素イオンのビームが使用できる。

照射用試料の作成

イオンビームはイオン種により透過能力が異なるため、使用するイオンに合わせて照射試料を準備する必要がある。炭素線は飛程が5mm程度と短いため、酵母菌体懸濁液の吸引ろ過などで酵母菌体を捕集したメンブランフィルターを5枚程度重ねて照射する。試料作製から照射後の菌体回収まで3日程度必要なため、フィルターを寒天上に置くなどの乾燥対策を施しておく。陽子線は飛程が300mm程度と長いので、水への懸濁状態で照射することが出来る。厚さ25mmの角型組織培養フラスコを使用した場合は10個を同時照射することが可能で、大量の菌体を処理することが出来る。

照射線量に対する生存率の変化は菌株ごとに異なり、付与しようとする形質によっても取得頻度は変化するため、生存率が10~80%程度の範囲で複数の線量を設定し照射を行う。当研究所での最大線量は、炭素線は500Gy、陽子線では1,000Gyに設定している。

照射後の工程は他の変異原と同様であり、選択培地や集積培地等での選抜へ進むのが通例である。

イオンビームの特性

イオンビーム炭素線とEMS（エチルメタンサルフォネート）を変異原として、生存率が同程度になるように変異処理しセルレニン耐性を付与した清酒酵母由来1倍体を使用し、液体培養および総米10gの小仕込試験を行い、香気成分生産性を比較した。

セルレニン耐性コロニーの出現頻度は、EMSが1オーダー高くなった。YPD液体培地での培養では、EMS処理株はカプロン酸エチルの増加程度は大きいですが、親株の形質(酢酸イソアミル生産性)を失う株も多く出現するのに対し、イオンビーム炭素線照射株ではカプロン酸エチルの増加程度はやや低いが、酢酸イソアミル生産性は高頻度で保たれていた。次に、エタノール生産性が維持されカプロン酸エチルが同程度増加した株を各変異原より選抜し総米10gの小仕込試験で比較したところ、酢酸イソアミル生産量が大きく低下した株はEMS処理株のみであった。イオンビーム処理した1倍体を交雑して得られた2倍体に対して再度変異処理を行った場合も同様の傾向が認められ、イオンビーム照射では変化量は少ないものの、親株の形質を維持した変異株の出現頻度が高くなる傾向にあった。

これらの結果を総合すると、イオンビーム照射による変異処理は、①親株が有している良形質が保持されやすい ②多重変異にも使用できる とのメリットがある一方、③変異による変化幅が低い ④加速器など専用施設が必要 等のデメリットも存在している。

おわりに

イオンビームによる変異処理では廃液等の特殊廃棄物が発生しないことや、化学物質による作業員への負荷を低減できる等の利点もあり、近年では当研究所の主要な変異処理法として実用株育種に活用しているが、照射時間の確保が難しい場合もあり、目的とする形質の取得難易度や費用対効果を勘案して育種法を選択するようにしている。

輸出の増加や酒質の多様化などの変化に合わせて、清酒酵母に求められる形質も多様化してくるようになってきている。今後も酵母育成を通して酒造業界の支援に努めていきたい。

泡盛醸造における黒麹菌による 4-ビニルグアヤコールの生成

琉球大学農学部

平良 東紀

泡盛は沖縄の伝統的な蒸留酒で、全ての原料米に黒麹菌 *Aspergillus luchuensis* を生やす全麹仕込と、3 年以上の貯蔵により芳醇な香りを持つ古酒になることが特徴である。泡盛古酒の特徴香の 1 つにバニリンがある。バニリンは原料米中のフェルラ酸 (FA) に由来する。黒麹菌の持つフェルラ酸エステラーゼによって米細胞壁から遊離された FA は脱炭酸され 4-ビニルグアヤコール (4VG) になり、蒸留液に移行した 4VG が貯蔵中に非酵素的酸化によりバニリンに変換される。FA から 4VG への脱炭酸反応については、蒸留時の熱または酵母や混入する細菌類の代謝によって行われると考えられていた。

向井ら (2010) は、*Saccharomyces cerevisiae* において、phenylacrylic acid decarboxylase (PAD1) と ferulic acid decarboxylase (FDC1) の 2 つが FA の脱炭酸反応に必要であることを報告している。PAD1 は近年 flavin prenyltransferase と新たに命名された。この酵素は FDC1 に必要なプレニル化 FMN₂ を生成する。言い換えると FDC1 は脱炭酸反応を行う酵素で、PAD1 は FDC1 の補酵素を生産する酵素である。一方、細菌類はフェノール酸脱炭酸酵素 (phenolic acid decarboxylase, PAD) を持ち、FA から 4VG への変換を触媒することが報告されている。*S. cerevisiae* の FDC1 と細菌類の PAD は、互いに無関係なファミリーである。また、*S. cerevisiae* の PAD1 と細菌の PAD は同様の略語にもかかわらず、全く無関係な酵素である。

表. PAD1/FDC1 および PAD.

略号	酵素名	スーパーファミリー	EC ナンバー	別名
FDC1	ferulic acid decarboxylase	UbiD superfamily (cl00311)	4.1.1.102	phenacrylate decarboxylase
PAD1	phenylacrylic acid decarboxylase	flavoprotein superfamily (cl19190)	2.5.1.129	flavin prenyltransferase; UbiX
PAD	phenolic acid decarboxylase	PAD superfamily (cl01382)	4.1.1.102	phenol acid decarboxylase

泡盛 101 号酵母の *FDC1* にはナンセンス変異が含まれているため FA を 4VG に変換できない (向井ら, 2014)。*A. luchuensis* のゲノム中には、*S. cerevisiae* の *PAD1* および *FDC1* と同一性を有する配列、そして細菌の *PAD* と同一性を有する配列がそれぞれ存在する。本研究では、*A. luchuensis* 由来 PAD (AIPAD) が泡盛醸造中の FA から 4VG への脱炭酸反応に寄与するかどうかを調べた。

実験には、泡盛実用菌株である *A. luchuensis* var. *awamori* ISH1 株を用いた。本研究では、始めにリコンビナント AIPAD の酵素化学的諸性質について調べた¹⁾。次に、*A. luchuensis* の菌体および麴において AIPAD が発現・機能しているか調べた。最後に、泡盛醸造中の 4VG 生成への AIPAD の寄与を明らかにするために、*alpad* 破壊株 (Δ *alpad* 株) を作製し、野生株と 4VG 生産能を比較した²⁾。

リコンビナント AIPAD はホモダイマーとして発現し、FA から 4VG への変換を触媒し、pH 5.7 および 40°C で最適な触媒活性を示し、50°C まで安定であることが分かった。静止菌体反応試験により、米ぬかまたは FA 含有培地で培養した菌体が FA から 4VG への変換活性を示し、その活性は AIPAD の発現量と相関することがわかった。*alpad* の ORF はシグナル配列を含まないことから、AIPAD は細胞質内に局在すると考えられる。泡盛モロミの pH は 3.5 程度で、AIPAD は pH 4 以下で活性を持たないことから菌体外では活性を発揮できない。これらのことから、*A. luchuensis* は菌体外から取り入れた FA を菌体内で AIPAD によって 4VG に変換し、菌体外に放出していることが示唆された。製麴中の FA 脱炭酸活性 (FAD 活性) は製麴時間に伴い増大し、その活性は麴中の AIPAD の量と相関していることがわかった。

泡盛醸造における 4VG 生成への AIPAD の寄与を明らかにするために、 Δ *alpad* 株を作製し、その 4VG 生産能を野生株と比較した。野生株で仕込んだモロミの蒸留液中の 4VG 量は、製麴時間に伴い増加した。 Δ *alpad* 株では、4VG 量は著しく低く、どの製麴時間においても変化しなかった。これらの結果から、製麴 42–66 時間の麴を用いた泡盛醸造試験では、4VG 生成への AIPAD の寄与率は 88–94% と算出された。以上の結果より、泡盛醸造中の 4VG 生産において AIPAD が主要因であることが明らかとなった。また、これまで定説となっていた蒸留時の熱による 4VG 生成について、 Δ *alpad* 株を用いて仕込んだモロミを蒸留して検証したところ、その寄与率は 3–7% と低いことが分かった。さらに、泡盛醸造中の 4VG 生成がいつ行われているのかを調べた。AIPAD は製麴中に発現されていたが、4VG は製麴中にはほとんど生成されず、主にモロミ発酵初期 (1–2 日まで) に行われていることが分かった。同時に、モロミ発酵初期には黒麴菌が代謝可能な状態で存在していることが明らかとなった。

一連の研究により、泡盛醸造中の 4VG 生成の主要因は AIPAD であり、製麴時間が長いほど *A. luchuensis* 細胞内の AIPAD 量が増加し、その AIPAD によってモロミ発酵初期に FA から 4VG への変換が行われることが明らかとなった。本研究成果は、バニリン香に富む泡盛古酒製造技術への貢献が期待される。

1) Maeda & Taira et al., J. Biosci. Bioeng., 126(2):162-168, 2018.

2) Maeda & Taira et al., J. Biosci. Bioeng., 130(4):352-359, 2020.

生醗系酒母の多様性と安定的醸造 ～菌叢の制御は可能か～

酒類総合研究所 高橋正之

1. はじめに

清酒醸造における酒母製造法で現在広く用いられているものには、大きく分けて二つの方法がある。一つは醸造用乳酸を添加し低 pH 条件を達成する「速醸系」と、もう一つは細菌叢の変遷を活用し、乳酸菌の生育を誘導・乳酸発酵を行うことで乳酸を蓄積させる山廃醗や生醗などの「生醗系」である。生醗系酒母は伝統的製造であることや、そのストーリー性から国内外で再び注目されている。生醗系酒母では製造開始初期の菌叢変遷に関するモデルがすでに提唱されており、硝酸還元菌から乳酸球菌、乳酸桿菌への菌叢の変遷が起り、最終的に特定の乳酸菌が優占種となり乳酸が蓄積するとされている。一方、近年の衛生管理や醸造施設・設備の変化により従来の醸造環境とは異なってきたことから、従来のモデルによらない菌叢変遷を取っているとの報告もある。実際、製造現場では乳酸発酵が安定しないことも多く、生醗系酒母製造に取り組む上で課題となっている。そこで我々は生醗系酒母の安定的醸造、品質の安定化を目的として研究に取り組んでいる。

2. 生醗系酒母実製造環境における菌叢変遷

研究を開始するにあたり、近年の実態を知ることが必要と考え、生醗系酒母製造工程における菌叢変遷、成分等の変化について詳細に解析を実施した。清酒メーカー 5 社に協力を依頼し、提供いただいた 6 バッチ分の生醗酒母製造工程中における菌叢変遷及び糖、有機酸、アミノ酸などの成分変化を分析した。その結果、細菌叢の変遷は実に多様であり、最終的に類似した菌叢に収束する傾向はあったものの、過去に提唱されているモデルと同様の菌叢変遷を示したのは 5 社中 1 社のみであった。

最終的に 5 社中 4 社では *Lactobacillus sakei* が優占種となり、残り 1 社では *Leuconostoc* 属乳酸菌が優占種となっていた。また、生育が見られた乳酸菌の中で乳酸生成能が最も大きかったのは *L. sakei* であり、これは工程中で乳酸球菌が主体となった場合に酸度の上昇が緩慢になると言われていること（本研究においても *Leuconostoc* 属乳酸菌が優占種となったケースでは酸度の上昇が緩慢となった）や、乳酸の多くを乳酸桿菌が生産しているという過去の報告を裏付けるものであった。

3. 乳酸桿菌 (*L. sakei*) の生育予測

L. sakei が乳酸の蓄積に大きな役割を果たしていると考えられることから、*L. sakei* の生育は酒母の健全な育成上重要と考え、その生育挙動を詳細に解析したところ、その比

増殖速度は pH と温度を変数とした平方根モデルで説明が可能であり、乳酸生成能も多項式モデルによる説明が可能であった。モデルを作成できたことで比増殖速度と乳酸生成能の予想が可能となったことは、乳酸生成、pH への影響、pH 低下による比増殖速度の変化を予測可能となることを意味し、結果的に他の要因がない場合の *L. sakei* の生育挙動を初期 pH、培養温度変化のみで推定できるようになることに繋がる。実際に得られたモデルを基に *L. sakei* が主体であった製造場の *L. sakei* の菌数遷移を予測したところ、実測の値と比較的よく一致していた (図 1)。

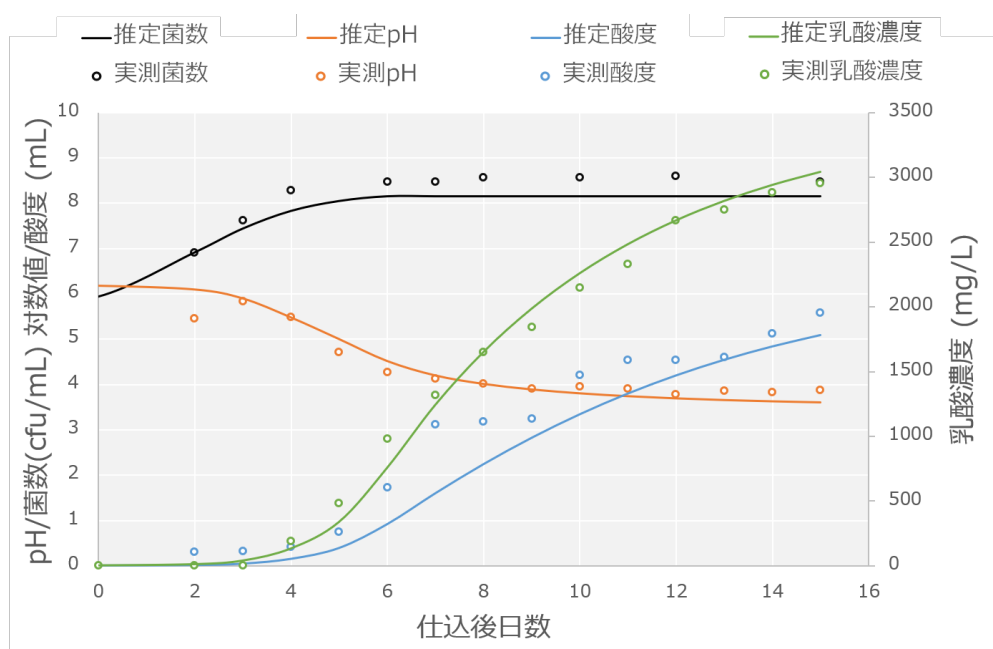


図 1. *L. sakei* の生育に伴う諸挙動 (生育・乳酸生成・酸度・pH) の予測値と実測値の比較

4. 今後の取り組み

実際には *Leuconostoc* 属のような乳酸球菌の影響を無視することはできず、より正確に予測をしようとするならば、乳酸球菌の影響を pH を介したものだけでなく、様々な代謝産物も踏まえて評価しなければならない。現在、我々は複数の清酒メーカーにご協力をいただき、生酏系酒母乳酸菌の収集を行っており、今後は単離された乳酸菌の解析と乳酸球菌の挙動も踏まえ、一般化したモデルの作成を予定している。今後、乳酸球菌、乳酸桿菌の生育挙動に関するデータの蓄積が進むことで、主要な菌で構成される菌叢変遷の予測が可能となっていくと考えられる。

「麹菌 *Aspergillus oryzae* の進化及び家畜化」

渡来 直生^{1, 2}

¹ 東京工業大学 生命理工学院、² 株式会社 digzyme

Abstract

Aspergillus oryzae (黄麹)は産業用重要な真菌の一種であり、主に日本国に点在する種麹屋によって多くの単離株が保持されている。株によって酵素価や生育能などの性質が異なることが知られている一方で、これらのゲノムの差異に対する解析はほとんど行われていない。また、*A. oryzae*の有性生殖能について、先行研究によってその可能性は示唆されているものの、実験的には明らかにされていなかった。本研究では、82の産業用株の全ゲノムシーケンス及び比較ゲノム解析によって、進化と家畜化の関係を推論した。

収集した菌株サンプル

本研究で使用した *A. oryzae*, *A. sojae* の計 85 株は東京工業大学ぐるなび食の価値創成共同研究講座において、(株)菱六、(株)ビオック、(株)樋口松之助商店、(株)秋田今野商店、日本醸造工業(株)の全国6所の種麹屋から収集し、ゲノム解析を行った。

全ゲノム系統解析から見る *A. oryzae* の多様性と産業用途・サンプリング地点の関係

各株のシーケンスデータからゲノム構築を行い、遺伝子領域を予測し、共通する遺伝子配列を用いて全ゲノム系統樹を作成した。その結果、種麹屋から収集した *A. oryzae* は *A. flavus* にネストした単系統となった。これは先行研究と一致する結果であり、*A. oryzae* が *A. flavus* から分化した、あるいは見方を変えればそれらの一部の系統であることを意味している。さらに、日本の産業用株においては、いくつかの単一の祖先株の変異株の集団であるクレードを形成した。

また、クレード内のゲノム類似性は0.01%に収まっており、用途ではクレードごとに「酒・味噌用」または「醤油用」と分類された。一つの仮説として、種麹屋ごとに独自の株を門外不出に保持しているという文化背景から、ゲノム系統樹上でも種麹屋によって分類がきれいに分かれることを想定していたが、このような結果は見られなかった。中国の産業用株や韓国の産業用株は、*A. oryzae* のグループではあるものの、日本の産業用株とは系統的に離れたグループを形成し、ここには野生株も多く含まれていた。

A. oryzae 内の有性生殖の証明、*A. flavus* との区別

A. oryzae にも他の糸状菌と同じように接合型(Mating type, MAT type. 性別のようなもの)があることが知られているが、クレード内の接合型は全て同一だった。また、全ゲノム系統樹上で近縁であるにも関わらず、MAT型が異なるものが多くあった。すなわち、全ゲノム系統樹上での系統的関係とMAT型に不整合が見られることから、本研究で定義したクレードの分化はある一つの祖先株内での変異蓄積ではなく、複数の祖先株間の交雑によって生じていることがわかった。さらに、*A. oryzae* と *A. flavus* は全ゲノム系統樹上で分別できていることから、これらの2種間での交雑は起こらず、各種内の祖先株間での

交雑が起きたと考えられる（むしろそのようなものを我々が分類して名付けているとも言える）。これは他の糸状菌と同じく、異なる遺伝子の混入を防ぐために、系統的に近い株同士でしか交雑が起こらないように制御されていることと矛盾しない。

また、アフラトキシン生合成遺伝子クラスターについても系統解析を行った。この系統樹上では、*A. oryzae* が単系統でない（全ゲノムで定義した *A. flavus* と区別できない）ことがわかった。「*A. oryzae* は *A. flavus* の家畜化の結果、アフラトキシンの無毒化によって生まれた種である」という説は一般的に正しくないことがわかった。

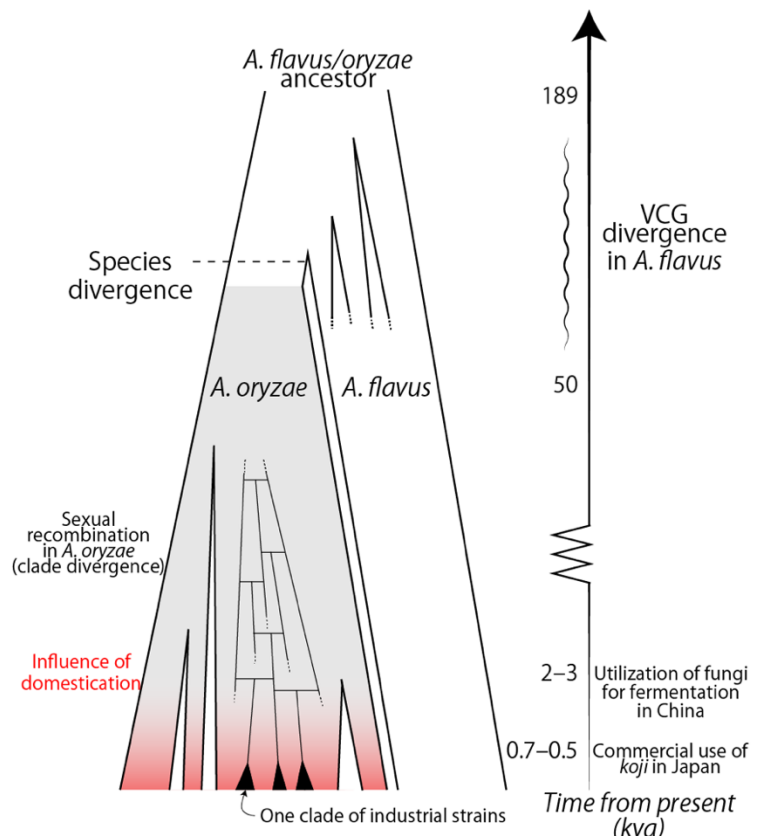
A. oryzae の進化と家畜化の関係

A. oryzae の進化と人間の歴史との関係を時間軸から紐解こう。*A. flavus* と *A. oryzae* の分化は 50,000–189,000 年前に起きたとされている。一方で、麹菌の家畜化及び産業利用は 3,000–2,000 年前に中国で始まり、種麹としての販売・利用は 700–500 年前に日本で始まった。野生に生きていた *A. oryzae* の有性生殖イベントはこの間に起きてると仮定すれば（もちろん現在でも稀に起きているかも知れない）、ゲノム解析結果との整合性がつく。

では人間による家畜化が産業用の麹菌の進化もたらした影響は何であろうか。それは有性生殖によるクレード分化後に集中していると考え、クレード内変異とクレード間変異の頻度を比較検定した。その結果、クレード内変異では非同義置換及びフレームシフト変異が有意に多くなっている結果を得た。産業用途による選択圧の一例として、色素関連遺伝子の LOF 変異は味噌用株が含まれるクレードで並行して起こっており、結果として白色変異株を生み出していることを示している。一方で、プロテアーゼやアミラーゼなど、既知の有用遺伝子に関してクレード内変異は一切見られなかった。種麹屋における家畜化は、一部の形質を変化させる変異を集中させるが、有用な形質に対して保守的であると考えられる。

これは、人間が麹を利用してきた文化的背景とも合致する。種麹屋の存在は、菌株を何度も継代することによって有用な形質を増強させるというよりも、むしろ偶然見つけた有用な株を保存し、安定的な醸造を助けるという役割が大きい。

つまり、種麹とは、その名の通り、継代による発酵機能の衰退を防ぐための、保存的役割をもつ存在である。このような文化的な背景をゲノム解析の面からも垣間見ることができた点は大変興味深い。麹菌のような産業用途の生物に対してはどうしても工学的な目線で接してしまいがちだが、このような基礎研究としての面白さも持ち合わせているということを知っていただけたら幸いである。



私の麹菌研究を振り返って

月桂冠株式会社 秦 洋二

麹菌は、清酒をはじめ醤油、味噌など我が国伝統的発酵食品の製造に長年使用されてきた微生物であり、我が国の National Microorganism（国菌）と認定されていることは、皆様もご存じのとおりである。また同時に麹菌（*Aspergillus oryzae*）は、異種タンパク質の組換え生産の宿主として、産業用酵素の工業生産から研究用タンパク質の生産など幅広い分野で利用されている。このように有用性が高い麹菌の研究は、産学官を含めて幅広い研究機関で実施されるようになってきている。しかしながら、このような研究環境が、昔から整っていたわけではない。ゲノム解析の協働作業や海外の研究との競争等、多くの研究関係者の努力のもと、麹菌・国菌研究が発展してきたと考えている。私の麹菌研究の経歴とも合わせて、麹菌研究の「これまで」を紹介し、今後の麹菌研究への期待を語ってみたい。

（1）プレゲノム時代

酵母のような性や接合性を持たない麹菌の形質解析は非常に困難であった。1983年に *Aspergillus* 属で初めて遺伝子（*A. niger* のグルコアミラーゼ遺伝子）が単離されて以来、遺伝子情報からカビの性質や生産する酵素の仕組みが解析できることが分かってきた。演者らも麹菌のグルコアミラーゼ遺伝子を単離し、*A. oryzae* には発現条件が異なる2種類の遺伝子が存在し、特に固体培養で強く発現する *glaB* 遺伝子が、清酒醸造の米麹造りの糖化酵素生産に必須であることを発見した。ただ、この発見には、大きな「見落とし」とそれをカバーしてくれた幾つかの「偶然」と「幸運」に恵まれたもので、詳細については当日紹介する。

（2）ゲノム時代到来

酵母 *Saccharomyces cerevisiae* の全ゲノム配列が決定されるなど、ゲノム情報が生物機能の解析を大きく促進させることが知られていた。麹菌でもゲノム解析の期待が高まる中、産総研の町田先生らを中心として、産官学の協力体制を築き、まずはコストのかからない EST 解析からスタートして、最終的には2005年にゲノム配列を公開するに至った。弊社でもこれらのゲノム関連情報を用いて、多くの有用酵素遺伝子やプロモーターを単離し、様々な分野に応用することができた。産官学ともに麹菌の研究が最もエネルギッシュであった時代のように思う。

(3) ポストゲノム時代とゲノム情報の活用

ポストゲノム時代の到来と共に、ゲノム情報を用いた様々な応用研究が行われるようになった。弊社でも麹菌のチロシナーゼを清酒酵母によって異種タンパク生産を行い、白髪染めの染毛量のジヒドロキシインドールを商用生産することが可能となった。その他にもバイオマス分解酵素を麹菌で大量生産し、バイオエタノール生産への応用を検討したり、麹菌が産生する鉄キレートペプチドであるフェリクリシンを大量生産して機能性食品への活用を検討するなどの応用研究を行った。麹菌ゲノム情報を用いた新しいバイオビジネスの創出が期待された時代であった。

(4) 麹菌研究の今後

私は既に研究職を引退しているので、麹菌研究の「これから」には貢献できないが、麹菌にはまだまだ未解明な機能が残されており、研究対象としての魅力は全く色あせていない。特にポストゲノムの様々な解析技術を用いれば、「麹菌」や「麹造り」からまだまだ興味深いヒントが得られると考えている。私の研究の経緯を紹介することによって、これからの麹菌研究者の刺激になり、挑戦意欲を高めていただく一助になれば幸いである。

以上