

講演番号：3A08-09

質疑応答日時、会場：3月16日 14:00～ ミーティングルームA

伝統水産発酵食品「くさや」製造に重要な「くさや汁」中の微生物と成分生成との相関

Relationship between microorganisms and odorous component in Kusaya gravy that plays a very important role in Kusaya, a traditional Japanese fermented fish product

○喜多 孝介¹、長田 隆弘²、吉山 裕盛³、豊永 梨乃⁴、松浦 翠⁴、松谷 峰之介⁵、海野 良輔¹、石川 森夫^{1,4}、鈴木 敏弘^{1,4} (1東農大院醸造、²長田商店、³新島水産加工組合、⁴東農大醸造、⁵東農大ゲノムリサーチセンター)

○Kosuke KITA¹, Takahiro OSADA², Hiromori YOSHIYAMA³, Rino TOYONAGA⁴, Midori MATSUURA⁴, Minenosuke MATSUTANI⁵, Ryosuke UNNO¹, Morio ISHIKAWA^{1,4}, Toshihiro SUZUKI^{1,4} (1Grad. Sch. Dept. Ferment. Sci., Tokyo Univ. of Agric., ²Osada Shouten, ³Niiijima Fishery Cooperative, ⁴Dept. Ferment. Sci., Tokyo Univ. of Agric., ⁵NGRC, Tokyo Univ. of Agric.)

【背景・目的】

伊豆諸島の伝統水産発酵食品「くさや」は、塩水を長年使い回した独特の「くさや汁」に浸漬する事で製造される塩蔵干物の一種である。この「くさや汁」は特徴的な臭気を放ち、微生物由来の天然抗生物質が含まれているという極めて興味深い特徴を有する漬け汁である。特に、「くさや汁」中には多種多様な微生物が存在しており、その成分や微生物は加工場において大きく異なっていると言われている。しかし、各加工場における「くさや汁」中の微生物や成分生成との相関については不明な点が多く残されている。本研究では、メタゲノム解析により「くさや汁」の各加工場・発酵段階における経時的な微生物叢の解析とメタボローム解析による香気成分の分析を行い、得られたデータを多変量解析に供することで微生物叢-成分の相関の検証を行った。

【実験方法・結果・考察】

サンプルは八丈島および新島の加工場から採取した発酵前、発酵中、発酵後および予備発酵槽の「くさや汁」を用い、各種解析に供した。まず、メタゲノム解析により各サンプルの微生物叢について解析を行ったところ、両島に共通して嫌気性微生物が大半を占めており、特に八丈島では *Halanaerobium* 属が優先して存在していることが分かった。一方で、各発酵段階での微生物叢に大きな変化は見られなかった。メタボローム解析による特徴的臭気成分の検出を行ったところ、微生物叢と同様に島間で差が見られたが、各発酵段階で大きな差は見られないことが分かった。このことから「くさや」の独特な臭気は、「くさや汁」中に存在する嫌気性微生物の発酵によりもたらされることに加えて、「くさや汁」中の微生物叢の違いが大きく影響していることが示唆された。

Kusaya is a traditional Japanese fermented fish product manufactured in the Izu islands. In particular, Kusaya gravy, which plays a very important role in Kusaya manufacturing, is a pickled gravy, and the same saltwater has been used repeatedly for several hundred years. It is characterized by high viscosity and a characteristic smell. Therefore, Kusaya gravy can therefore be characterized as containing not only various components, but also various microorganism-derived metabolites and odor components. However, the relationship between odor and other components and microorganisms has not been clarified. In this study, the metagenomic and metabolomic analyses were conducted, to investigate their relationship.

Kusaya Gravy, Metagenomic Analysis, Omics Approach