

清酒の香気成分変換効率を向上する酵母の酵素改変技術の開発 - Faa ファミリー酵素の系統的解析から有望な変異点を発見 -

白鶴酒造株式会社は、酵母の中で脂肪酸を「役に立つ形」に変える重要なタンパク質である脂肪酸アシル CoA 合成酵素の機能を制御することによって、吟醸香の主成分であるカプロン酸エチルを増加させながら、不快臭であるカプロン酸の増加を抑制できることを発見しました。

得られた知見を清酒の吟醸酒製造で活躍するカプロン酸エチル高生産酵母に応用することで、これまでにない、よりフルーティでかつすっきりした香りの吟醸酒の開発を目指していきます。

■背景

吟醸香の主成分であるカプロン酸エチルを高生産する酵母はフルーティな香りのカプロン酸エチルを高生産する一方で、その前駆体であり、脂っぽい不快臭であるカプロン酸も高生産してしまっていますが、我々はこれまでに発芽酵母が有する長鎖脂肪酸アシル CoA 合成酵素 Faa1 に着目し、点変異導入による基質特異性の改変によってカプロン酸を増やさず、カプロン酸エチルを高生産可能であることを見出しました。一方で酵母には Faa1 の他に Faa2~4 および Fat1 からなる Faa ファミリー酵素が存在するため、本研究ではこれら Faa ファミリー酵素の基質特異性改変を行い、有望な変異点を探索することを目的としました。

■結果

Faa1~4、Fat1 の各酵素の三次元構造を AlphaFold2 を用いて予測しました。次に AutoDock Vina を用いたドッキングシミュレーションで各酵素と長鎖脂肪酸の結合部位を予測し、得られた結果から基質結合ポケットの大きさに関与する可能性がある残基を抽出し、合計 22 個の候補残基を選定しました。各候補残基をトリプトファンに置換した株を作成し、清酒仕込み試験によってカプロン酸エチルおよびカプロン酸生産性を評価したところ、カプロン酸エチル濃度は Faa1、Faa4 の各変異株で野生型株に比べ増加が見られ、カプロン酸エチル濃度をカプロン酸濃度で割った Ester/Acid 比でも Faa1、Faa4 の各変異株は野生型株と比べて顕著な向上が見られました(図 1)。以上より、Faa1、Faa4 は点変異による基質特異性の変化により、カプロン酸からカプロイル CoA への変換が生じ、その後のカプロン酸エチル合成の促進に繋がったことが示唆されました(図 2)。

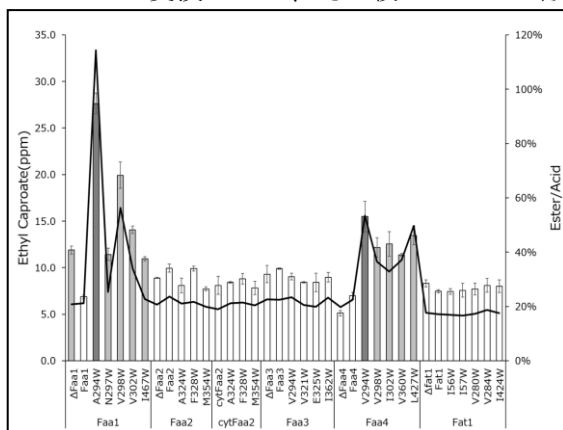


図 1. 香気成分測定結果

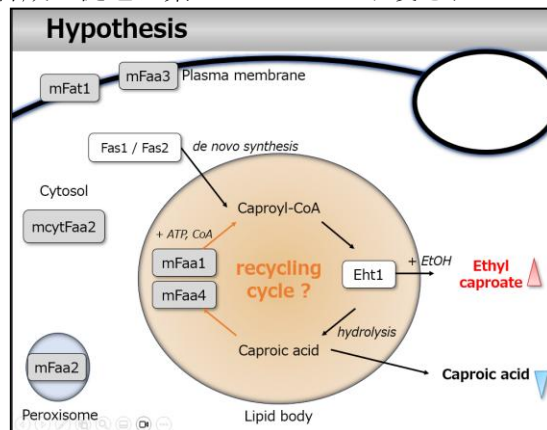


図 2. モデル図

■学会での発表

学会名：第 78 回日本生物工学会大会

日時：2026 年 9 月 15 日 16:14-16:26 (講演番号 1Dp03)

会場：北海道大学 札幌キャンパス D 会場 (S 講義棟 2F S2)

演題：Saccharomyces cerevisiae におけるカプロン酸からカプロン酸エチルへの変換効率向上を目的とした、Faa ファミリー長鎖アシル CoA 合成酵素の系統的解析

発表者：○宋倉 竜樹、千住 浩之、浅井 拓也、明石 貴裕 (白鶴酒造) (○印は演者)