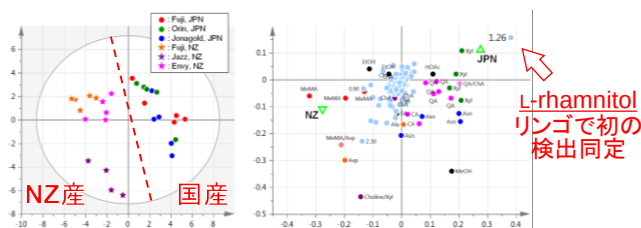


発酵食品のメタボローム解析

— 多成分の一斉分析で「発酵」にアプローチする —

技術の特徴

多成分の一斉分析によって得られた膨大なデータをもとに、重要成分を統計解析であぶり出す手法。試料間の特徴差に寄与する成分を絞り込み、マーカー成分の同定などに適用できる。一斉解析にはNMR、LC/MS、GC/MSなどの分析機器を用いる。

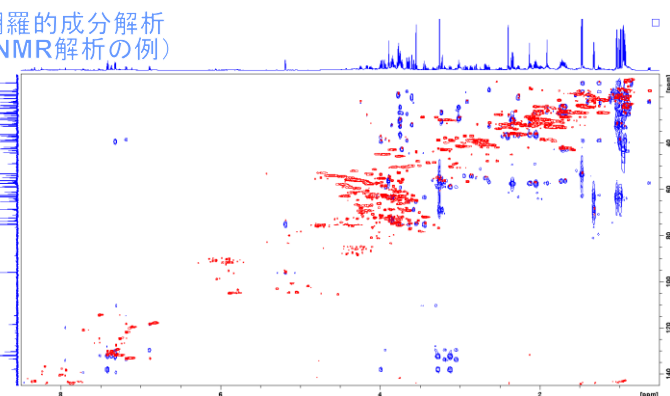
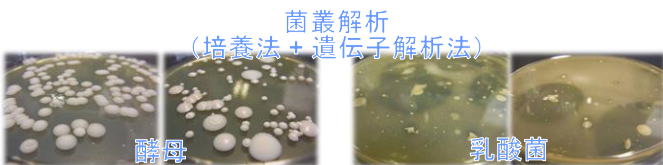


過去の業績：市販リンゴの産地判別とそれに寄与する未知成分の分離同定 (Tomita et al., 2015)

研究の内容

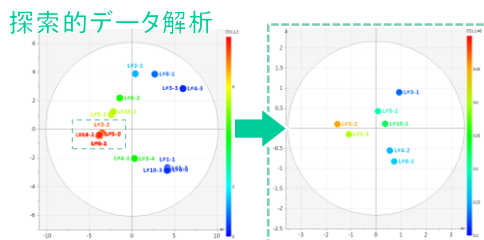
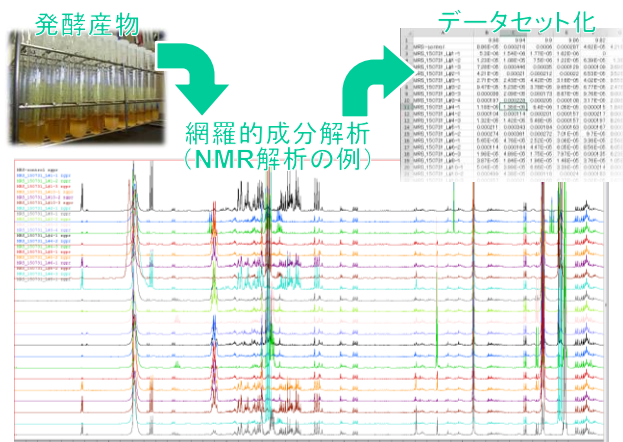
1. 日本の伝統的発酵食品の調査・解析

- 発酵工程における成分変化について基礎データを収集し、学術的知見を広げる。
- 包括的な成分変化と菌叢の変遷とを合わせ、製造工程における微生物の働きを探る。



2. 多様な発酵原料における微生物の活動を解析

- 酵母・乳酸菌株の発酵特性を菌株レベルで比較し、多様性を明らかにする。
- 各種の発酵原料中において、環境に適応するための微生物の活動を解析する。



今後の展開

- 発酵の安定性を高める製造法の提案
- 発酵工程を把握するマーカー成分の同定
- 食品由来の微生物株の新規分離法
- 有用な微生物株の迅速選抜
- 各種の発酵原料に適した菌株利用

参 考 Tomita et al., A NMR-based, non-targeted multistep metabolic profiling revealed L-rhamnitrol as a metabolite that characterised apples from different geographic origins. *Food Chemistry*, 174, 163–172 (2015)

