

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		デンプン高含有排水の新しい酵母処理法の開発と余剰酵母の有効利用			
研究テーマ (欧文) AZ		Development of new waste water treatment method using yeast and effective utilization of residual yeast			
研究氏 代表名 者	カカナ CC	姓)オガタ	名)トモオ	研究期間 B	2016 ~ 2017 年
	漢字 CB	尾形	智夫	報告年度 YR	2018 年
	ローマ字 CZ	OGATA	TOMOO	研究機関名	前橋工科大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		前橋工科大学工学部生物工学科・教授			
<p>1. 概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)</p> <p>2. 食品工場の価値向上を期待し、食品工場からのデンプン高含有排水の酵母による処理法を検討した。排水処理で活用した酵母を、その後食品に利用できると食品工場の価値が向上できると期待される。食品工場から排出される排水で、処理方法に工夫が必要な排水の一つに、デンプン高含有排水がある。この排水を食料用酵母で処理できるかを検討した。排水処理を試みた食料用酵母は、パン製造用や酒類製造に利用される <i>Saccharomyces cerevisiae</i>、酵母エキス製造に用いられる <i>Candida utilis</i> である。1%可溶性デンプン、0.25%酵母エキスからなるモデル排水の処理を試みた。食料用酵母のほとんどは、デンプンを直接利用することができなかったが、酵素グルコアミラーゼを添加することで、デンプン高含有排水の処理が可能となることがわかった(グルコアミラーゼ無添加の場合の処理後の平均 COD 1935、グルコアミラーゼ添加の場合の処理後の平均 COD 1421)。グルコアミラーゼ遺伝子 (<i>STA1</i>) を有する酵母 <i>Saccharomyces cerevisiae</i> var. <i>diastaticus</i> での酵母処理の場合は、前培養用の培地が、グルコースを炭素源とする場合は、酵母処理時にグルコアミラーゼを産生しなかったが、乳酸・グリセリン培地やデンプン培地の場合は、酵母処理時にグルコアミラーゼを産生し、処理後の平均 COD 1800 となった。従って、前培養培地を選択することで、グルコアミラーゼを添加しなくとも、デンプン排水を酵母処理できる可能性を開発することができた。さらに、食料用酵母 <i>Candida utilis</i> の接合遺伝子座の構造を解明し、MATa と MAT<math>\alpha</math> が、対立遺伝子座となっていること、MAT<math>\alpha</math> 遺伝子座のみを有する酵母株の存在を見出し、接合育種できる可能性を見いだした。</p>					
キーワード FA	デンプン含有排水	排水の酵母処理	グルコアミラーゼ	Candida utilis	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要 <sup>EZ</sup>

In order to improve value in a food factory, improving treatment method of wastewater that have high concentration of starch from a food factory was expected. It is expected that the value of the food factory is able to be improved when the yeast used by wastewater treatment can be used for a food after that. The wastewater that have high concentration of starch is the one of the wastewater for which a device is necessary to improve the treatment method of wastewater discharged from a food factory. Whether this wastewater could be treated with food yeast was tested. The food yeast which tried wastewater treatment is *Saccharomyces cerevisiae* used for for bread manufacturing and alcoholic beverage production and *Candida utilis* used for yeast extract production. The model wastewater which consists of 1% soluble starch and 0.25% yeast extract was tried. Most of food yeasts were not able to utilize starch directly, but it becomes possible to treat wastewater that have high concentration of starch by food yeast when enzyme glucoamylase was added. The average COD after treatment in the case of glucoamylase additive-free was 1935. On the other hand, average COD after treatment in the case of glucoamylase addition, was 1421. When glucose was used in a pre-culture medium as carbon source, *Saccharomyces cerevisiae* var. *diastaticus*, which have glucoamylase genes (*STA1*), did not produce glucoamylase. But lactic acid and glycerine, or starch was used in the pre-culture medium, it produced glucoamylase, and the average COD after treatment was 1800. Therefore by choosing pre-culture medium, it becomes possible to develop a possibility that we can treat the wastewater that have high concentration of starch by yeast without addition of glucoamylase. Furthermore, we investigated the structure of the mating type loci of food yeast *Candida utilis*. We found that mating type **a** loci and mating type  $\alpha$  loci are allele in *C. utilis* chromosome, and we also found that one strain in *C. utilis* has mating type  $\alpha$  only, therefore we found a possibility of breeding strains by mating of *C. utilis*.