

1 Copyright © 2021 公益社団法人日本農芸化学会 <https://katosei.jsbba.or.jp/>

2 DOI number

3 <http://doi.org/10.1271/kagakutoseibutsu.59.7>

4

5 (1) 論文タイトル

6 (タイトル) 乳酸菌の産生する菌体外多糖の構造と機能性

7 (サブタイトル) 機能性多糖の生合成に関わる酵素とその働き

8 (タイトル (英)) Structure-function relationship of exopolysaccharides

9 produced by lactic acid bacteria

10 (サブタイトル (英)) Understanding of enzymes catalyzing synthesis of EPS

11 (キャッチコピー) 乳酸菌の機能性多糖はどのように作られるか

12

13 (2) 著者名

14 (和) 松崎 千秋

15 (英) Chiaki Matsuzaki

16

17 (3) 著者所属

18 石川県立大学生物資源工学研究所応用微生物学研究室

19

20 (4) 要旨

21 (和：100 字程度)

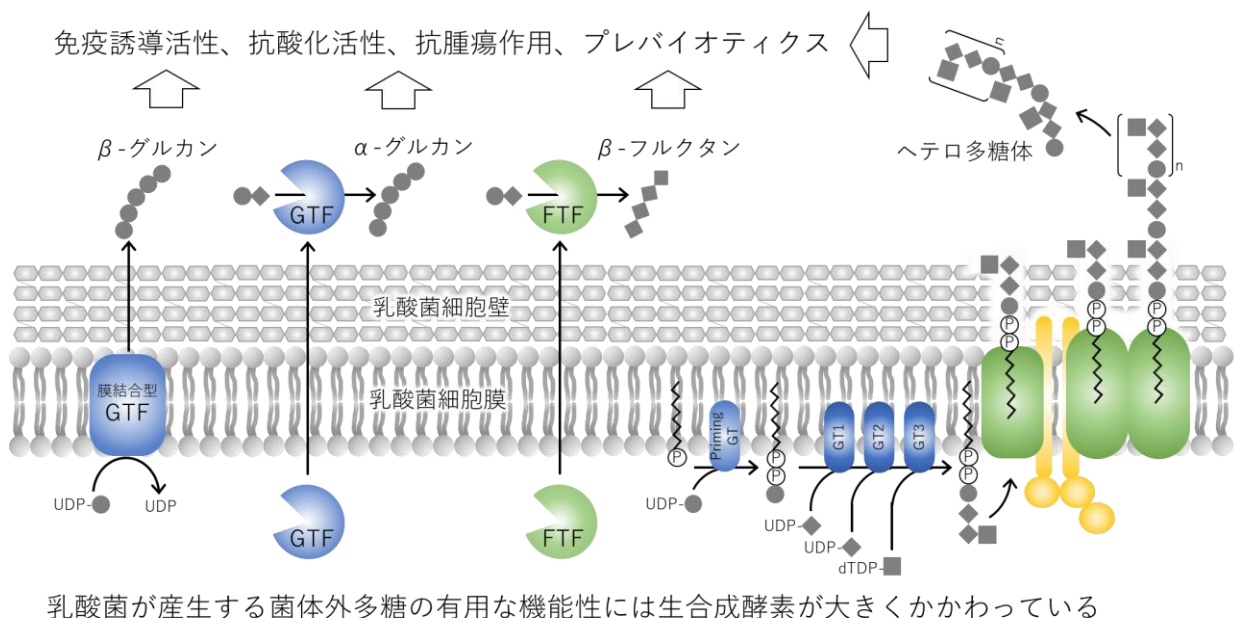
22 近年，プロバイオティクスとしての乳酸菌が注目されるに伴って、産生される
23 菌体外多糖の構造や有用な機能性が解き明かされつつある．本稿では乳酸菌の
24 菌体外多糖の生合成に関わる酵素について，役割や機能性に与える影響などを，
25 具体例を挙げて解説する．

26 (英：30 語程度)

27 Many factors affect structures of exopolysaccharides produced by lactic acid
28 bacteria. Enzymes catalyzing synthesis of exopolysaccharides play crucially
29 important roles in determining exopolysaccharide structures and functions.

30

31 (graphical abstract)



32

33

34 キーワード

35 1. 乳酸菌

36 2. 菌体外多糖

37 3. 機能性多糖

38 4. ホモ多糖体

39 5. ヘテロ多糖体

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」「」をご使用ください。

40 【本文】

41 1, はじめに

42 微生物が菌体の外に産生する菌体外多糖 (exopolysaccharides; EPS) は、微生物が自
43 らを外的ストレスから保護するため、あるいは宿主などに接着するための因子として分泌
44 されると考えられている多糖体である。EPS には *Sphingomonas elodea* が産生するジェ
45 ランガム, *Xanthomonas campestris* のキサントンガム, *Agrobacterium* 属菌のカード
46 ラン, *Leuconostoc* 属菌のデキストランなど、食品や医薬品産業に利用されているものが
47 多い。EPS を産生する微生物の中でも乳酸菌は、発酵乳・漬物・アルコール飲料などの発
48 酵食品の製造に用いられている長い食経験があるため、わが国では安全な食品素材として
49 認識されており、アメリカ食品医薬品局 (FDA) においても GRAS(generally recognized
50 as safe)として、また欧州食品安全機関 (EFSA) においても安全な菌種として安全性適格
51 推定 (Qualified Presumption of Safety ; QPS) リストに多くの菌種が挙げられている⁽¹⁾。
52 このような安全性の担保から、乳酸菌が分泌する EPS は食品添加物としてのニーズが高
53 く⁽²⁾、さらにヒトへの様々な有用な機能性 (コレステロール値低下作用, 抗腫瘍作用, 抗
54 酸化活性, 免疫賦活作用, プレバイオティクス作用など) を有していることから、近年、
55 非常に注目されている^(3,4)。しかしながら、EPS の有用な特性は、産生する菌株の違いの
56 みならず、その培養培地の組成の変化によっても違いが生じ、これら特性の異なる EPS
57 の間において糖の組成, 電荷, 糖の結合様式, 分子量に相違がみとめられることから、EPS
58 の構造と機能の関係性の解明が重要な課題となっている^(5,6,7)。これまで EPS の生合成機構
59 は未解明な部分が多く、そのことが構造と機能の関係性への理解を妨げてきたが、近年の

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

60 EPS 生合成に関する研究の深化により、分子レベルでの関係性の解明が可能となってきて
61 いる。本稿では乳酸菌が産生する EPS の生合成機構と構造との関係性、およびその機能
62 性に関する最近の知見を解説したい。

63 EPS を産生する乳酸菌として、*Lactobacillus* 属、*Lactococcus* 属、*Leuconostoc* 属、
64 *Pediococcus* 属、*Streptococcus* 属、*Weissella* 属、*Enterococcus* 属、*Oenococcus* 属な
65 どに属する菌種が報告されているが、先に述べたようにこれら乳酸菌の産生する EPS の
66 化学構造は非常に変化に富んでいる。物性・存在様式など、様々な基準からの分類が可能
67 であるが、ポリマーを構成している糖の組成による分類が一般的である(4,8)。すなわち、ポ
68 リマーを構成している繰り返し単位およびその生合成機構によって EPS は大きくホモ多
69 糖体 (homopolysaccharide) とヘテロ多糖体 (heteropolysaccharide) に大別される。

70 2、ホモ多糖体

71 ホモ多糖体は単一の糖によ
72 り構成された多糖であり、構成
73 糖にはグルコースとフルクトー
74 スが挙げられ、分子量は $10^6 \sim$
75 10^9 Da の範囲で報告されてい

76 る(2,9)。ホモ多糖体には、 α -グ
77 ルカン (D-グルコースが α -グリ

78 コシド結合したポリマー)、 β -フルクタン (D-フルクトースが β -グリコシド結合したポ
79 リマー)、そして β -グルカン (D-グルコースが β -グリコシド結合したポリマー) があり、

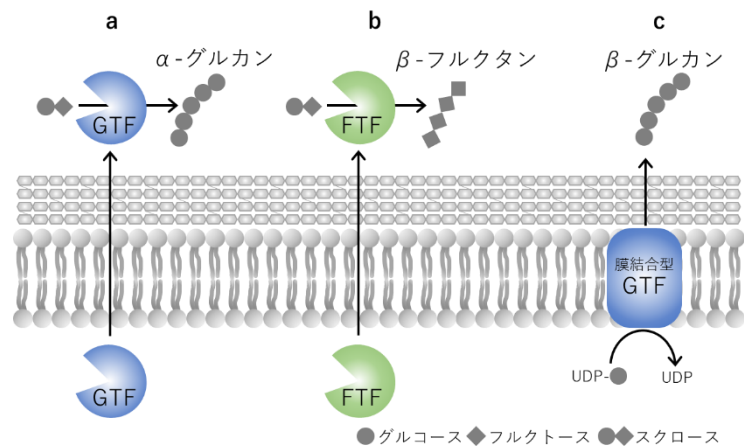


図 1 ホモ多糖体生合成の模式図 a) α -グルカン生合成 b) β -フルクタン生合成 c) β -グルカン生合成
GTF: グルコシルトランスフェラーゼ, FTF: フルクトシルトランスフェラーゼ

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

80 その生合成反応は単一の酵素によって触媒される⁽⁸⁾ (図 1)。α-グルカンとβ-フルクタン
81 は *Lactobacillus* 属, *Leuconostoc* 属, *Weissella* 属, *Streptococcus* 属乳酸菌の菌体外に
82 分泌される酵素によって合成されるが, β-グルカンは *Pediococcus* 属, *Lactobacillus* 属,
83 *Oenococcus* 属乳酸菌の細胞膜に結合した酵素によって菌体内で合成される。

84 1) α-グルカン

85 乳酸菌が産生するホモ多糖体のなかで最も一般的にみられるのがα-グルカンである。
86 α-グルカンは糖質関連酵素データベース (CAZy, <http://www.cazy.org>) の加水分解酵素
87 ファミリー70 (GH70) に属する酵素, グルコシルトランスフェラーゼによって合成され
88 る(図 1a)。本酵素の触媒反応は、基質のアノマー型が生成物でも保持されるアノマー保持
89 型の二重置換機構 (Double replacement mechanism) によって行われ、基質のスクロー
90 スを構成するグルコース基が、アクセプターであるグルコース鎖の非還元末端に転移付加
91 し糖鎖を伸長させる。その酵素反応の特異性の違いにより、様々なタイプのα-グルカンが
92 生成され、これまでに、α-1,6 結合タイプ (デキストラン), α-1,3 結合タイプ (ムタン),
93 α-1,4/1,6 結合タイプ (ロイテラン), α-1,3/1,6 交互結合タイプ (アルタナン), α-1,3/1,6
94 混合結合タイプなどが報告されており、さらにそれらの側鎖の割合や鎖長の変化によって、
95 様々な物理化学特性を持つα-グルカンが生じる。2010年に最初のGH70酵素の結晶構造
96 が *Lactobacillus reuteri* 180 由来の酵素において解析されて以来⁽¹⁰⁾, *Leuconostoc* 属,
97 *Streptococcus* 属の酵素においても構造解析が行われ、生成するα-グルカンの違いに関与
98 する酵素の構造基盤が明らかになってきている (図 2)。

99 GH70 酵素は 5 つのドメイン (ドメイン A, B, C, IV, V) で構成されており, N 末端は

図表の挿入位置を本文中に示してください。
 文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
 句読点は「.」「,」をご使用ください。

- 100 ドメイン V より始まり IV→B→A のあと、ドメイン C で折り返したのち再び A→B→IV
 101 と重なり、C 末端は再びドメイン V に戻る (図 2). 活性部位はドメイン A, B 間に位置し、
 102 触媒部位を構成する求核残基のアスパラギン酸残基, 酸塩基触媒残基のグルタミン酸残基,
 103 酵素反応の遷移状態を安定化させるアスパラギン酸残基は GH70 酵素において保存されて
 104 いるが⁽¹¹⁾, ドナーやアクセプター基質が結合するサブサイト-1, +1, +2 のアミノ酸残基
 105 は酵素間で異なり、そのため様々な糖の結合様式が生じる^(12,13).

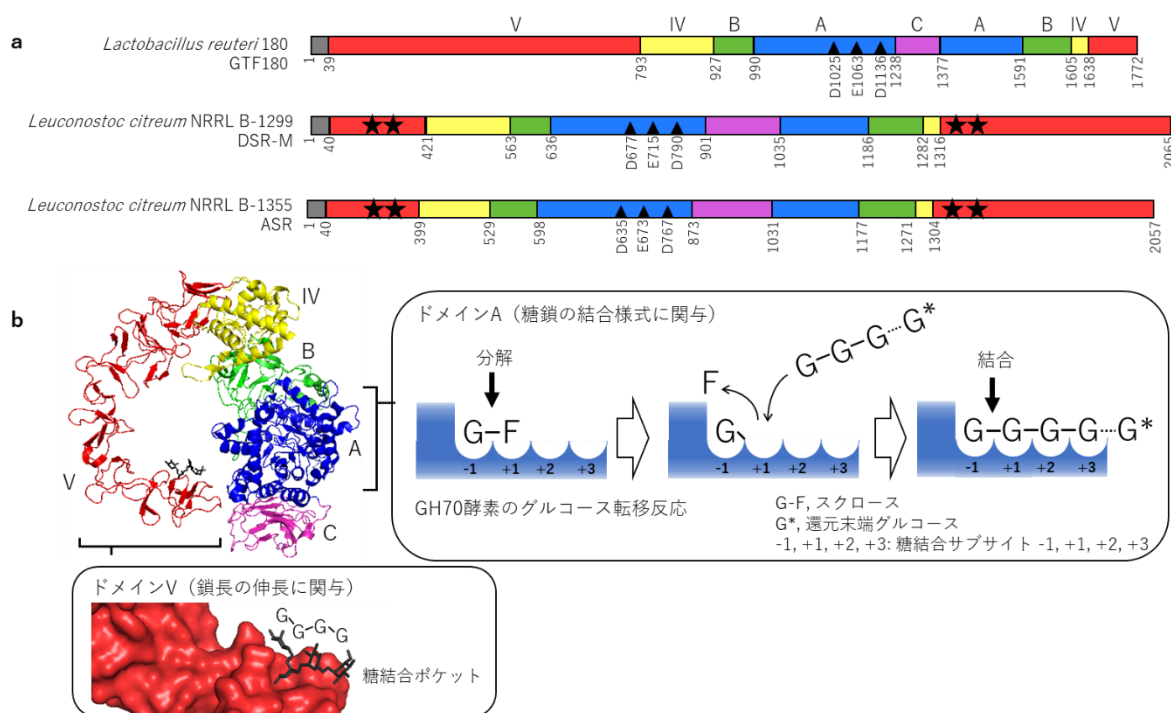


図 2 GH70 酵素のドメイン構造 a) GH70 酵素のアミノ酸およびドメイン配列の比較 (GTF 180 とのアライメントにより予測)。分泌シグナルペプチドは灰色 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/> で予測)、ドメイン V は赤、ドメイン IV は黄、ドメイン B は緑、ドメイン A は青、ドメイン C は紫で配色。黒三角は触媒残基を、星印はドメイン V の糖結合ポケットを示す。
 b) GH70 酵素のドメイン構造と作用機序。立体構造は *L. citreum* NRRL B-1299 由来デキストラン合成酵素 DSR-M(PBD:5NGY) より、a) のアミノ酸配列に対応してドメインごとに配色 (PyMOL を用いて作製)。配色は a) と対応しており、N 末端はドメイン V から始まりドメイン C で折り返して C 末端はドメイン V に戻る。触媒ドメインであるドメイン A (青) は、連結する糖の結合様式に重要である。またグルカン結合ドメインであるドメイン V (赤) は複数の糖結合ポケットを持ち、ドメイン A から伸長してくる多糖の保持に重要である。

- 106
 107 デキストランは、 α -1,6 結合グルコース鎖に α -1,3 結合したグルコースがランダムに付

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

108 加した側鎖構造を有する α -グルカンである。Vujičić-Žagar ら (2010)⁽¹⁰⁾は、*Lactobacillus*
109 *reuteri* 180 由来デキストラン合成酵素 GTF180 の部分結晶構造解析とイソマルトース、
110 イソマルトトリオースとのドッキング解析により、ドナー基質の方向にアクセプター基質
111 の 6 位の水酸基が位置する場合と、3 位の水酸基が位置する場合があることを示し、1,3
112 結合側鎖の形成反応における酵素の立体構造基盤を明らかにしている。同種異株の乳酸菌
113 が産生するデキストランにおいて、水への溶解性や免疫増強活性が異なっており^(14,15)、理
114 由として α -1,6 と α -1,3 結合の割合が関与していると考えられている。その結果に基づい
115 て、サブサイト部位の変異導入による機能性の改変も試みられている。

116 アルタナンは α -1,6 結合と α -1,3 結合とが交互に繰り返された直鎖状の α -グルカン
117 であり、アルタナンの重要な物理化学特性である微粒子形成や低い粘性は、この交互繰り
118 返し構造に由来する^(16,17)。Molina ら (2019)⁽¹⁸⁾は *Leuconostoc citreum* NRRL B-1355
119 由来のアルタナン合成酵素の結晶構造解析より、ドメイン A、B 間に存在する二か所のサ
120 ブサイト+2 (Zone 1 と Zone 2) の存在が、繰り返し構造の生成に重要であることを見出
121 した。一方の Zone 1 には α -1,3 結合のアクセプターが導入され、次のドナーとの結合の
122 方向には 6 位の水酸基が位置する。対して Zone 2 には α -1,6 結合のアクセプターが導入
123 され、次のドナー側には 3 位の水酸基が位置する。このように複雑な繰り返し構造の生成
124 が、酵素の立体構造に制御されていることが明らかとなっている。

125 GH70 酵素のドメイン V は触媒活性には関与しないが、糖鎖結合部位を有しており、
126 長い鎖長の糖鎖を合成するのに重要なドメインである。Claverie ら (2017)⁽¹⁹⁾は
127 *Leuconostoc citreum* NRRL B-1299 由来のデキストラン合成酵素 DSR-M を用いて、ド

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

128 メインVの糖鎖結合部位が欠損した変異酵素が著しく鎖長の低下した多糖を合成すること
129 を示し、ドメインVの変異によって多糖の長さを制御できる可能性を明らかにしている。
130 また Molina ら (2019)⁽¹⁸⁾も、*Leuconostoc citreum* NRRL B-1355 由来のアルタナン合
131 成酵素 ASR のドメインV欠損変異酵素を用い、プレバイオティクス効果の高い短鎖のデ
132 キストランのみを合成することに成功している。高分子デキストランは製パン業界におい
133 てグルテンフリーのパンの食感向上に利用され、他方、低分子デキストランはプレバイオ
134 ティクス効果が認められている^(2,20)。変異酵素を用いることにより目的の機能性を持つデ
135 キストランの安定生産が期待される。

136 2) β -フルクタン

137 乳酸菌が産生する β -フルクタンには β -2,6 結合したフルクトース鎖のレバンと β -2,1
138 結合したフルクトース鎖のイヌリンが存在する。ともに糖質関連酵素データベースの加水
139 分解酵素ファミリー68 (GH68) に属する酵素、フルクトシルトランスフェラーゼによっ
140 て合成される(図 1b)。本酵素は GH70 酵素と類似の触媒作用機構を有し、スクロースを構
141 成するフルクトース基をフルクトース鎖に転移付加する酵素である。フルクトシルトラン
142 スフェラーゼの中でもレバンを合成する酵素はレバンスクララーゼ、イヌリンを合成する酵
143 素はイヌロスクラーゼと呼ばれるが、触媒活性中心(求核残基のアスパラギン酸残基、酸
144 塩基触媒残基のグルタミン酸残基、酵素反応の遷移状態を安定化させるアスパラギン酸残
145 基)とアクセプター結合部位である+1,+2 サブサイトの立体構造は共通して保存されてお
146 り^(21,22)、糖鎖結合様式(β -2,6 または β -2,1 結合)を決定するアミノ酸残基は、活性中
147 心から離れた部位に存在する可能性が指摘されている⁽²²⁾。

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

148 Strube ら (2011)⁽²³⁾ は *Bacillus megaterium* 由来レバンスクララーゼにおいて、
149 Charoenwongpaiboon (2019)⁽²⁴⁾ らは *Lactobacillus reiteri* 由来イヌロスクラーゼにおいて、
150 生成するフルクタンが結合する連続したアミノ酸残基の存在を見出し (サブサイト+3～
151 +6)、これら結合部位の立体構造的な要素がフルクタンの鎖長決定に寄与していることを
152 明らかにしている。フルクタンはレバン、イヌリンともにプレバイオティクス効果を有す
153 るが、その効果は鎖長によって異なるため、鎖長の制御は効果的なプレバイオティクス生
154 産のために重要である。Biedrzycka ら (2004)⁽²⁵⁾ は長鎖イヌリンよりも重合度 2～8 の
155 イヌリン様オリゴ糖が *Bifidobacterium longum* 及び *Bifidobacterium animalis* に対する
156 増殖作用が高いことを示し、他方 van de Wiele ら (2007)⁽²⁶⁾ は、ヒト腸管モデルを用い
157 て、重合度 3～60 のイヌリンが、重合度 2～20 のイヌリン様オリゴ糖よりも、生体調節機
158 能を有する短鎖脂肪酸であるプロピオン酸・酪酸の腸内細菌による誘導生産能が高いこと
159 を報告している。

160 3) β -グルカン

161 β -グルカンを産生する乳酸菌は、*Pediococcus parvulus*, *Pediococcus damnosus*,
162 *Pediococcus claussenii*, *Lactobacillus suebicus*, *Lactobacillus brevis*, *Lactobacillus*
163 *diolivorans*, *Oenococcus oeni* において報告されており、いずれもアルコール飲料から単
164 離されている。 β -グルカンの生合成機構は、他のホモ多糖体とは異なっている。 β -グル
165 カンは、糖ヌクレオチドである UDP-グルコースを糖供与体基質として膜結合型グルコシ
166 ルトランスフェラーゼ (糖質関連酵素データベースの糖転移酵素ファミリー2 に属する酵
167 素) によって細胞内で合成されたのち、細胞外へ分泌される (図 1c)。しかしながら細胞外

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」「」をご使用ください。

168 への排出機構については十分に明らかにされていない^(27,28)。これらの乳酸菌はいずれも、
169 β -1,3-結合グルコース主鎖に β -1,2 結合グルコース側鎖を有する β -グルカンを生産する
170 ^(28, 29, 30, 31, 32)。キノコや酵母の細胞壁成分である高分子 β -グルカン（直鎖状 β -1,3-グルコ
171 ース鎖または β -1,6 の分枝を含む β -1,3-グルコース鎖）は、腸管上皮細胞に発現している
172 自然免疫受容体デクチン 1 (Dectin-1) のアゴニストとして免疫シグナルを活性化するの
173 に対し^(33, 34)、海藻由来の低分子 β -グルカンはデクチン 1 のアンタゴニストとして免疫を
174 抑制することが知られている⁽³⁵⁾。乳酸菌の生産する β -グルカンにおいても、自然免疫受
175 容体を介した機能性の発現が期待されている⁽³⁶⁾。

176

177 3, ヘテロ多糖体

178 ヘテロ多糖体は2種類以上の糖を構成成分とし、3~10糖からなる繰り返し単位が重合
179 して作られる多糖であり、分子量は $10^4\sim 10^6$ Da である^(2, 9)。主にグルコースやガラクト
180 ースが構成糖として存在するが、他にラムノース、*N*-アセチルグルコサミン、*N*-アセチル
181 ガラクトサミン、フコース、リボース、マンノース、*N*-アセチルマンノサミン、グルクロ
182 ン酸などを含むヘテロ多糖体も報告されている^(6, 9)。単一の酵素によって生合成されるホ
183 モ多糖体と比べ、ヘテロ多糖体の生合成機構は非常に複雑で、その解明の遅れは、多くの
184 研究者の憂えるところである⁽⁹⁾。肺炎球菌 *Streptococcus pneumoniae* においては、90 に
185 及ぶセロタイプ (serotype) のヘテロ多糖体生合成に関わるオペロンを比較解析した結果
186 より、細胞膜の内側で合成されたオリゴ糖が膜の外側へと反転する、Wzx (フリッパーゼ)
187 /Wzy (ポリメラーゼ) 依存型の EPS 生合成機構が提唱されている^(6, 9, 37, 38)。乳酸菌のヘ

図表の挿入位置を本文中に示してください。
 文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
 句読点は「.」「,」をご使用ください。

188 テロ多糖体の生合成機構についてもこの *Streptococcus pneumoniae* やグラム陰性細菌の
 189 EPS 生合成遺伝子クラスターと類似した遺伝子クラスターを有していることから、現在、
 190 図 3a のようなヘテロ多糖体の生合成機構が *Lactococcus* 属、*Lactobacillus* 属、
 191 *Streptococcus* 属に存在すると考えられている^(6, 9, 39)。その遺伝子クラスターには EPS 生
 192 合成のために重要な 5 つの構成要素、1) 糖ヌクレオチド合成酵素 2) グリコシルトラン
 193 スフェラーゼ、3) アッセンブリータンパク質、4) リン酸化制御システム、5) 糖鎖修
 194 飾酵素が含まれている。

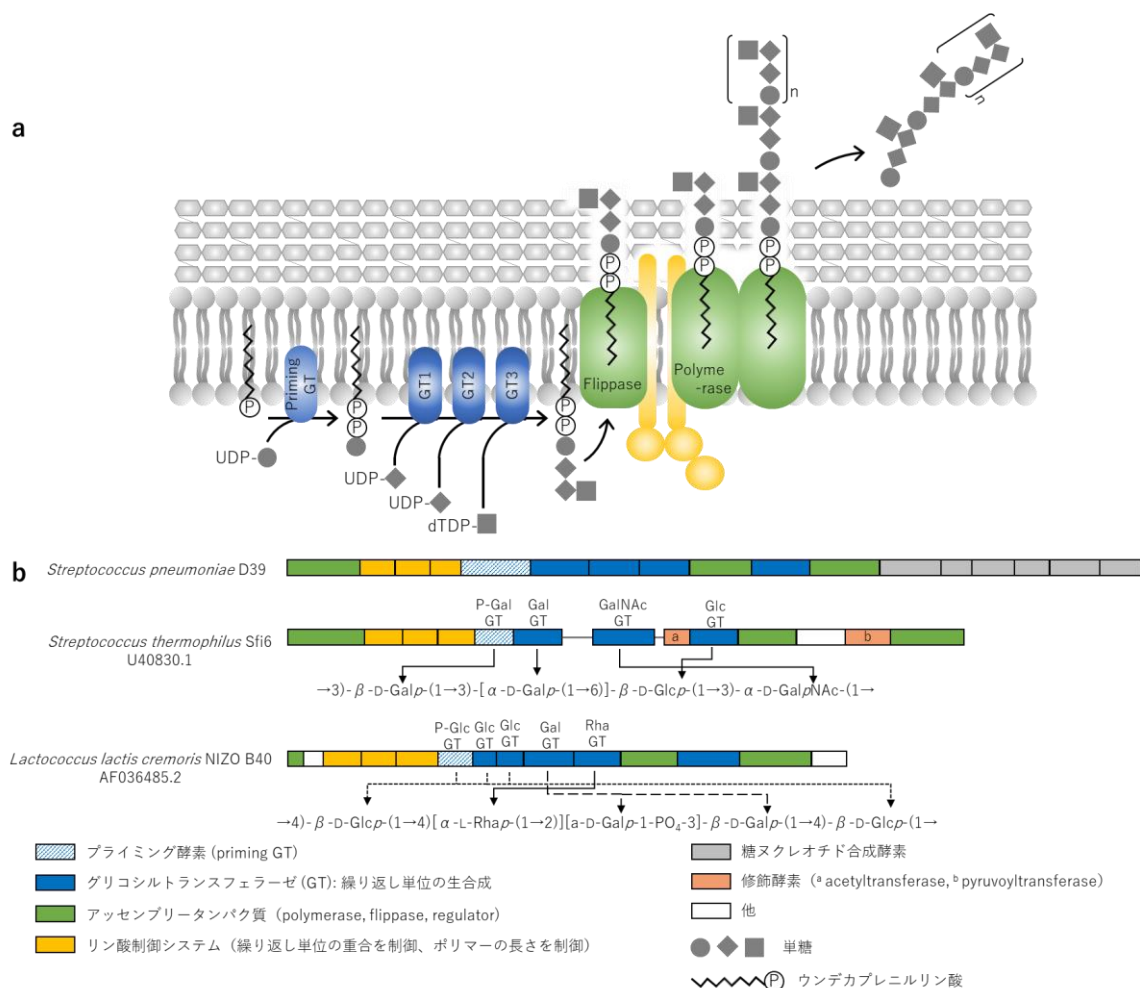


図 3 ヘテロ多糖体生合成の模式図 a) Wzx/Wzy 依存的 EPS 生合成機構が提唱されている^(6,9,37,38)。b) ヘテロ多糖体の EPS 遺伝子クラスターおよび産生 EPS の繰り返し単位。遺伝子配列の模式図は *Streptococcus pneumoniae* D39 [NC_008533]、*Streptococcus thermophilus* Sfi6 [U40830.1]、*Lactococcus lactis cremoris* NIZO B40 [AF036485.2]より、In silico Molecular Cloning (インシリコバイオロジー (株)) を用いて作製。

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

195

196

197

198 1) 糖ヌクレオチドの合成酵素

199 ヘテロ多糖体は、UDP-グルコース、UDP-ガラクトース、dTDP-ラムノースなどの糖

200 ヌクレオチドを糖供与体基質とする糖転移酵素によって合成される。糖ヌクレオチドを合

201 成する酵素の遺伝子は EPS 合成遺伝子クラスターに含まれている場合もあるが (図 3b),

202 糖ヌクレオチドの多くは細胞内のさまざまな生合成系における糖供与体として合成されて

203 おり、これまでに報告されている 11 種類の構成糖のうち、少なくとも 6 種類の糖 (ガラ

204 クトース, グルコース, ラムノース, *N*-アセチルグルコサミン, マンノース, リボース)

205 は、細胞内の他の代謝系から供給された糖ヌクレオチドに由来していると考えられる⁽⁹⁾。

206 そのため、ヘテロ多糖体の生合成は細胞内における糖およびエネルギー代謝系の影響を受

207 けて、さらに EPS の生合成をコントロールする制御因子も存在する⁽⁹⁾。よって培地中の炭

208 素源の違いによって生じる細胞内の代謝の変化は、EPS の生産量のみならず構成糖の組成

209 ^(40,41)や分子量^(42, 43, 44)にも影響を与える。 *Lactobacillus casei* CG11 の産生する EPS は主

210 にグルコース、ガラクトース、ラムノースを構成糖とするが、グルコースを炭素源とした

211 場合と比較してラクトースを炭素源として菌を培養すると、収量は少ないがガラクトース

212 の構成比が高い EPS が産生される⁽⁴⁰⁾。 *Lactobacillus rhamnosus* E/N はラムノース・マ

213 ンノース・グルコース・ガラクトースを構成糖とする EPS を産生するが、炭素源をガラ

214 クトースからグルコースやラクトース、スクロース、マルトースなどに変えることによっ

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

215 て構成糖の割合は変化し、またその抗酸化活性も変化する⁽⁴¹⁾。一方、*Lactobacillus*
216 *fermentum* TDS030603 の産生するガラクトースとグルコースを構成糖とする EPS にお
217 いては、炭素源がガラクトース、ラクトース、グルコース、スクロースのいずれであって
218 も糖組成に変化はなく、分子量とその粘性に変化が認められる⁽⁴³⁾。

219 2) グリコシルトランスフェラーゼ (糖転移酵素)

220 EPS の生合成は初めに、さまざまなグリコシルトランスフェラーゼによって糖供与体
221 である糖ヌクレオチドから糖が順々に結合し、糖の繰り返し単位が合成される (図 3a)。

222 この反応は細胞膜成分であるウンデカプレニルリン酸に、最初の糖ヌクレオチドの糖残基
223 が 1 分子付加することから始まる。この反応を担う酵素はプライミング酵素と呼ばれ、糖

224 ヌクレオチドの構成成分であるヘキソース 1 リン酸とウンデカプレニルリン酸との間のリ
225 ン酸無水結合の形成反応を触媒する酵素である。本酵素は EPS の繰り返し単位を決定す

226 る最初の反応を担い^(45, 46, 47)、その後、この単糖が 1 残基付加したウンデカプレニルリン酸
227 に対して、順次、さまざまなグリコシルトランスフェラーゼがさまざまな糖ヌクレオチド

228 を糖供与体として作用し、糖の繰り返し単位が合成される。*Streptococcus thermophilus*

229 Sfi6 の EPS 合成遺伝子クラスターにおけるプライミング酵素はガラクトース 1 リン酸ト

230 ランスフェラーゼ (galactosyl-1-P transferase) であり、その後、ガラクトシルトランス

231 フェラーゼ (galactosyltransferase), α -1,3-*N*-アセチルガラクトサミニルトランスフェラ

232 ーゼ (α -1,3-*N*-acetylgalactosaminyltransferase), β -1,3-グルコシルトランスフェラーゼ

233 (β -1,3-glucosyltransferase) などのグリコシルトランスフェラーゼが作用する。そして

234 合 成 さ れ る 糖 の 繰 り 返 し 単 位 は , →

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

235 3)-β-D-Galp(1→3)-[α-D-Galp(1→6)]-β-D-Glcp(1→3)-α-D-GalpNAc(1→ となる (図 3b)

236 (6, 9, 45, 48, 49) . 一方, 繰り返し単位が →

237 4)-β-D-Glcp(1→4)[α-L-Rhap(1→2)][α-D-Galp-1-PO₄-3]-β-D-Galp(1→4)-β-D-Glcp(1→

238 である EPS を産生する *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* NIZO B40 においては, プラ

239 イミング酵素のグルコース 1 リン酸トランスフェラーゼ (glucosyl-1-P transferase) と,

240 グルコシルトランスフェラーゼ (glucosyltransferase), ガラクトシルトランスフェラーゼ

241 (galactosyltransferase)の活性が確認されている (図 3b)^(50, 51, 52). ヘテロ多糖体の生合成

242 機構が存在していても内在する糖転移酵素または供給される糖ヌクレオチドの関与により,

243 ガラクトースのみを構成糖とするホモ多糖体も生成されることが *Lactobacillus*

244 *delbrueckii* や *Lactobacillus lactis* で報告されている^(5, 52). EPS の構成糖の違いは, その

245 生理活性および物性にも影響を与え^(53, 54), 先に述べたような抗酸化活性⁽⁴¹⁾のみならず抗

246 腫瘍活性⁽⁵⁵⁾への影響も報告されている. *Lactobacillus plantarum* 70810 は等しい分子量

247 で構成糖 (グルコース・マンノース・ガラクトース) の比率の異なる 2 種類の EPS を産

248 生するが, それらは抗酸化活性と抗腫瘍活性に違いが認められる⁽⁵⁵⁾. また *Lactobacillus*

249 *helveticus* MB2-1 においても構成糖 (グルコース・マンノース・ガラクトース) の比率

250 の異なる 3 種類の EPS を産生し, 抗ガン活性が大きく異なる⁽⁵⁶⁾. 物性に関して, Tuinier

251 ら (2001)⁽⁵³⁾は, *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* NIZO B39 由来の 7 糖の繰り返し

252 単位からなるヘテロ多糖体において, 側鎖末端のガラクトース残基を除去することによっ

253 て, 粘性の重要なファクターである鎖剛直性が低下することを明らかにしている.

254 3) アッセンブリータンパク質

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」「」をご使用ください。

255 合成された糖の繰り返し単位はフリッパーゼ (Wzx) によって細胞膜の内から外へ移行
256 され、その後ポリメラーゼ (Wzy) によって各繰り返し単位の重合が行われ、さらに制御
257 因子 (EpsA) によってペプチドグリカン層への移行が調節されていると推測されている。
258 これらの遺伝子はアッセンブリー機能を有する遺伝子群として区分されているが⁽⁵⁷⁾、乳酸
259 菌においてはいずれの酵素の機能も未だ解析されていない。しかしながら、それら遺伝子
260 の欠損は EPS 生産に大きな影響を与える。 *Lactobacillus johnsonii* FI9785 はホモ多糖体
261 とヘテロ多糖体の両方を産生するが、 EpsA 欠損によって両方の産生能が失われることか
262 ら、 EpsA は正の制御因子と推測されている⁽⁵⁸⁾。

263 4) リン酸化制御システム

264 遺伝子クラスターの解析から、ヘテロ EPS 生合成機構にはリン酸化による制御システ
265 ムの存在が推測されている。 *Streptococcus pneumoniae* においてこのシステムを司るタ
266 ンパク質は CpsB, C, D と呼ばれ、 CpsC (transmembrane activation protein) と CpsD
267 (チロシンキナーゼ) によって構築される自己リン酸化複合体は CpsB (ホスホチロシン
268 ホスファターゼ) によって制御されている。構成する 3 つの遺伝子群は乳酸菌の間で保存
269 されているが、その機能解析はまだ一部でしかなされていない^(38, 59, 60)。 Cefalo ら (2013)
270 ⁽⁶¹⁾は、 *Streptococcus thermophilus* MR-1C 由来 Wzh (*Streptococcus pneumoniae* の
271 CpsB に対応) の大腸菌発現組み換え酵素においてホスホチロシンホスファターゼ活性を
272 確認している。いくつかの研究結果から、このリン酸化制御システムは EPS 生産量およ
273 び EPS の鎖長に影響を与えることが示唆されている。 Bender ら (2003) ⁽⁶²⁾は
274 *Streptococcus pneumoniae* の CpsC-D 欠損株は、分子量の大きい EPS の産生能を失うこ

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

275 とを報告している。また、Liら(2016)⁽⁴⁴⁾も、*Streptococcus thermophilus* 05-34の産
276 生するEPSにおいて、分子量の増加に伴いEpsC (*Streptococcus pneumoniae*のCpsC
277 に対応)遺伝子の発現量が増加していることが示され、EpsCが多糖の重合度を増加させ
278 ると推察している。EPSの分子量の増加は、粘性の増加に寄与する^(54, 63, 64)。Higashimura
279 ら(2000)⁽⁶⁴⁾は、*Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* SBT0495の産生するヘテロ多糖体
280 EPSおよびソニケーションによる低分子化EPSを用いて、分子量と固有粘度との正の相
281 関を明確にしている。他方、*Bifidobacterium*の産生するEPSや酵母由来のβグルカンに
282 においては低分子化によって抗酸化活性が高くなることが知られており^(65, 66)、その効果は低
283 分子化による還元末端(ヘミアセタール水酸基)の増加が寄与していると推測されている
284 ⁽⁶⁾。*Weissella cibaria* GA44や*Lactobacillus plantarum* C88などの乳酸菌が産生する
285 EPSについても抗酸化活性が報告されており^(67, 68)、低分子化による活性の向上が期待で
286 きる。

287 5) 糖鎖修飾酵素

288 乳酸菌の産生するEPSには、アセチル基、リン酸基、ピルボイル基、グリセロールリ
289 ン酸によって修飾されているヘテロ多糖体が存在する。これらの糖鎖修飾に関与する酵素
290 としては、AcetyltransferaseやPyruvoyltransferaseなどの遺伝子が、*Streptococcus*
291 *thermophilus*のEPS合成遺伝子クラスターにて確認されており、それらの酵素の寄与が
292 示唆されるが(図3)^(6, 59)、酵素の機能解析および修飾メカニズムの解明はいまだ途上で
293 ある。しかしながら、これら糖の修飾基が、EPSの機能性に与える影響については、置換
294 基の付加または除去によって、解析が進んでいる。酸性基の付加によって負に帯電した

図表の挿入位置を本文中に示してください。
文献は、出現順に上付きで両括弧囲みの番号⁽¹⁾で引用して下さい。
句読点は「.」「,」をご使用ください。

295 EPS は、ヨーグルト製造時に正に帯電したタンパク質と相互作用をすることによって粘性
296 を向上させる⁽⁶⁹⁾。また酸性の EPS によるマクロファージやリンパ球の活性化におけるリ
297 ン酸基の重要性は、リン酸基を化学的に除去した EPS に顕著な活性の低下が認められる
298 ことから明らかである^(70, 71)。酸性基の付加による抗腫瘍、抗酸化などの生理活性の向上効
299 果は、水への溶解度が向上して生理活性を誘導する酵素やレセプターへのアクセスが容易
300 になること、修飾基の付加によって生理活性の誘導に最適な立体構造に変化すること、な
301 どの理由が推測されている⁽⁶⁾。

302

303 4, 終わりに

304 近年、乳酸菌が産生する EPS の有する機能性への関心の高まりに伴い、微生物学以外
305 の分野においても精力的にその応用研究がおこなわれ、今後 EPS の利用の可能性がさら
306 に広がると考えられる。その EPS の機能性に影響を与えている生合成機構について、他
307 分野の学生や研究者の方々にも関心を持っていただけたらと思い、解説させていただいた。
308 未解明な部分の残る生合成機構研究ではあるが、本解説が EPS の応用研究を志す学生や
309 研究者の方々の参考に、少しでもなればと考えている。

310

文献欄は番号順に並べて下さい。

著者名が 10 名を超える文献は、10 名を記載し、以降を “*et al.*” および「ほか」と記載してください。

1 【文献】

- 2 1) European Food Safety Authority (EFSA): *EFSA J.*, **11**, 3449 (2013).
- 3 2) M. I. Torino, G. Font de Valdez & F. Mozzi: *Front. Microbiol.*, **6**, 834 (2015).
- 4 3) E. Zannini, D. M. Waters, A. Coffey & E. K. Arendt: *Appl. Microbiol. Biotechnol.*,
- 5 **100**, 1121 (2016).
- 6 4) Y. R. Saadat, A. Y. Khosroushahi & B. P. Gargari: *Carbohydr. Polym.*, **217**, 79
- 7 (2019).
- 8 5) F. Mozzi, F. Vaningelgem, E. M. Hébert, R. Van der Meulen, M. R. F. Moreno, G. F
- 9 de Valdez & L. De Vuyst: *Appl. Environ. Microbiol.*, **72**, 4431 (2006).
- 10 6) Y. Zhou, Y. Cui & X. Qu: *Carbohydr. Polym.*, **207**, 317 (2019).
- 11 7) S. A. van Hijum, S. Kralj, L. K. Ozimek, L. Dijkhuizen & I. G. van Geel-Schutten:
- 12 *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, **70**, 157 (2006).
- 13 8) P. M. Ryan, R. P. Ross, G. F. Fitzgerald, N. M. Caplice & C. Stanton: *Food Funct.*, **6**,
- 14 679 (2015).
- 15 9) A. A. Zeidan, V. K. Poulsen, T. Janzen, P. Buldo, P. M. Derkx, G. Øregaard & A. R.
- 16 Neves: *FEMS Microbiol. Rev.*, **41**, S168 (2017).
- 17 10) A. Vujičić-Žagar, T. Pijning, S. Kralj, C. A. López, W. Eeuwema, L. Dijkhuizen & B.
- 18 W. Dijkstra: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **107**, 21406 (2010).
- 19 11) M. Miao, B. Jiang, Z. Jin & J. N. BeMiller: *Compr. Rev. Food Sci. Food Saf.*, **17**,
- 20 1238 (2018).

文献欄は番号順に並べて下さい。

著者名が 10 名を超える文献は、10 名を記載し、以降を “*et al.*” および「ほか」と記載してください。

- 1 12) H. Leemhuis, T. Pijning, J. M. Dobruchowska, B. W. Dijkstra & L. Dijkhuizen:
2 *Biocatal. Biotransfor.*, **30**, 366 (2012).
- 3 13) Y. Bai, J. Gangoiti, B. W. Dijkstra, L. Dijkhuizen & T. Pijning: *Structure*, **25**, 231
4 (2017).
- 5 14) K. Wangpaiboon, N. Waiyaseesang, P. Panpetch, T. Charoenwongpaiboon, S. A.
6 Nepogodiev, S. Ekgasit, R. A. Field & R. Pichayangkura: *Int. J. Biol. Macromol.*,
7 **152**, 473 (2020).
- 8 15) C. Matsuzaki, K. Matsumoto, T. Katoh, K. Yamamoto & K. Hisa: *Biosci. Microb.*
9 *Food H.*, **35**, 51 (2016).
- 10 16) K. Wangpaiboon, P. Padungros, S. Nakapong, T. Charoenwongpaiboon, M. Rejzek,
11 R. A. Field & R. Pichyangkura: *Sci. Rep.*, **8**, 1 (2018).
- 12 17) G. L. Cote: *Carbohydr. Polym.*, **19**, 249 (1992).
- 13 18) M. Molina, C. Moulis, N. Monties, S. Pizzut-Serin, D. Guieysse, S. Morel, G. Cioci &
14 M. Remaud-Siméon: *ACS Catal.*, **9**, 2222 (2019).
- 15 19) M. Claverie, G. Cioci, M. Vuillemin, N. Monties, P. Roblin, G. Lippens, M.
16 Remaud-Simeon & C. Moulis: *ACS Catal.*, **7**, 7106 (2017).
- 17 20) Galle, S., & E. K. Arendt: *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, **54**, 891 (2014).
- 18 21) G. Meng & K. Fütterer: *Nat. Struct. Mol. Biol.*, **10**, 935 (2003).
- 19 22) T. Pijning, M. A. Anwar, M. Böger, J. M. Dobruchowska, H. Leemhuis, S. Kralj, L.
20 Dijkhuizen & B. W. Dijkstra: *J. Mol. Biol.*, **412**, 80 (2011).

文献欄は番号順に並べて下さい。

著者名が 10 名を超える文献は、10 名を記載し、以降を “*et al.*” および「ほか」と記載してください。

- 1 23) C. P. Strube, A. Homann, M. Gamer, D. Jahn, J. Seibel & D. W. Heinz: *J. Biol.*
2 *Chem.*, **286**, 17593 (2011).
- 3 24) T. Charoenwongpaiboon, T. Sitthiyotha, P. P. N. Ayutthaya, K. Wangpaiboon, S.
4 Chunsrivirod, M. H. Prousoontorn & R. Pichyangkura: *Carbohydr. Polym.*, **209**, 111
5 (2019).
- 6 25) E. Biedrzycka & M. Bielecka: *Trends Food Sci. Technol.*, **15**, 170 (2004).
- 7 26) T. van De Wiele, N. Boon, S. Possemiers, H. Jacobs & W. Verstraete: *J. Appl.*
8 *Microbiol.*, **102**, 452 (2007).
- 9 27) T. Karnezis, M. McIntosh, A. Z. Wardak, V. A. Stanisich & B. A. Stone: The
10 biosynthesis of β -glycans. *Trends Glycosci. Glyc.*, **12**, 211 (2000).
- 11 28) M. L. Werning, S. Notararigo, M. Nacher, P. Fernández de Palencia, R. Aznar & P.
12 López: *Food Additives*, 83. (2012).
- 13 29) R. M. Llauberes, B. Richard, A. Lonvaud, D. Dubourdieu & B. Fournet: *Carbohydr.*
14 *Res.*, **203**, 103 (1990).
- 15 30) M. T. Dueñas-Chasco, M. A. Rodríguez-Carvajal, P. T. Mateo, G. Franco-Rodríguez,
16 J. Espartero, A. Irastorza-Iribas & A. M. Gil-Serrano: *Carbohydr. Res.*, **303**, 453
17 (1997).
- 18 31) I. Ibarburu, M. E. Soria - Díaz, M. A. Rodríguez - Carvajal, S. E. Velasco, P.
19 Tejero - Mateo, A. M. Gil - Serrano, A. Irastorza & M. T. Dueñas: *J. Appl.*
20 *Microbiol.*, **103**, 477 (2007).

文献欄は番号順に並べて下さい。

著者名が 10 名を超える文献は、10 名を記載し、以降を “*et al.*” および「ほか」と記載してください。

- 1 32) M. E. Fraunhofer, A. J. Geissler, D. Wefers, M. Bunzel, F. Jakob & R. F. Vogel: *Int. J.*
2 *Biol. Macromol.*, **107**, 874 (2018).
- 3 33) G. D. Brown, P. R. Taylor, D. M. Reid, J. A. Willment, D. L. Williams, L.
4 Martinez-Pomares, S. Y. C. Wong & S. Gordon: *J. Exp. Med.*, **196**, 407 (2002).
- 5 34) S. Cohen - Kedar, L. Baram, H. Elad, E. Brazowski, H. Guzner - Gur & I. Dotan:
6 *Eur. J. Immunol.*, **44**, 3729 (2014).
- 7 35) C. Tang, T. Kamiya, Y. Liu, M. Kadoki, S. Kakuta, K. Oshima, M. Hattori, K.
8 Takeshita, T. Kanai, S. Saijo *et al.*: *Cell Host Microbe*, **18**, 183 (2015).
- 9 36) G. Garai-Ibabe, M. T. Dueñas, A. Irastorza, E. Sierra-Filardi, M. L. Werning, P.
10 López, L. Corbí & P. F. de Palencia: *Bioresour. Technol.*, **101**, 9254 (2010).
- 11 37) S. D. Bentley, D. M. Aanensen, A. Mavroidi, D. Saunders, E. Rabinowitsch, M.
12 Collins, K. Donohoe, D. Harris, L. Murphy, M. A. Quail *et al.*: *PLOS Genet.*, **2**, e31
13 (2006).
- 14 38) J. Nourikyan, M. Kjos, C. Mercy, C. Cluzel, C. Morlot, M. F. Noirot-Gros, S. Guiral,
15 J. P. Lavergne, J. W. Veening & C. Grangeasse: *PLOS Genet.*, **11**, e1005518 (2015).
- 16 39) Y. Wei, F. Li, L. Li, L. Huang, & Q. Li: *Front. Microbiol.*, **10**, 2898 (2019).
- 17 40) J. C. M. C. Cerning, C. M. G. C. Renard, J. F. Thibault, C. Bouillanne, M. Landon,
18 M. Desmazeaud & L. Topisirovic: *Appl. Environ. Microbiol.*, **60**, 3914 (1994).
- 19 41) M. Polak-Berecka, A. Wasko, D. Szwajgier & A. Choma: *Pol. J. Microbiol.*, **62**, 181
20 (2013).

文献欄は番号順に並べて下さい。

著者名が 10 名を超える文献は、10 名を記載し、以降を “*et al.*” および「ほか」と記載してください。

- 1 42) G. J. Grobбен, W. H. M. van Casteren, H. A. Schols, A. Oosterveld, G. Sala, M. R.
2 Smith, J. Sikkema & J. A. M. de Bont: *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, **48**, 516 (1997).
- 3 43) K. Fukuda, T. Shi, K. Nagami, F. Leo, T. Nakamura, K. Yasuda, A. Senda, H.
4 Motoshima & T. Urashima: *Carbohydr. Polym.*, **79**, 1040 (2010).
- 5 44) D. Li, J. Li, F. Zhao, G. Wang, Q. Qin & Y. Hao: *Food Chem.*, **197**, 367 (2016).
- 6 45) F. Stingle, J. W. Newell & J. R. Neeser: *J. Bacteriol.*, **181**, 6354 (1999).
- 7 46) L. Pelosi, M. Boumedienne, N. Saksouk, J. Geiselmann & R. A. Geremia: *Biochem.*
8 *Biophys. Res. Commun.*, **327**, 857 (2005).
- 9 47) M. Dimopoulou, O. Claisse, L. Dutilh, C. Miot-Sertier, P. Ballestra, P. M. Lucas &
10 M. Dols-Lafargue: *Mol. Biotechnol.*, **59**, 323 (2017).
- 11 48) F. Stingle, J. R. Neeser & B. Mollet: *J. Bacteriol.*, **178**, 1680 (1996).
- 12 49) F. Stingle, S. J. Vincent, E. J. Faber, J. W. Newell, J. P. Kamerling & J. R. Neeser:
13 *Mol. Microbiol.*, **32**, 1287 (1999).
- 14 50) R. van Kranenburg, J. D. Marugg, I. I. van Swam, N. J. Willem & W. M. de Vos: *Mol.*
15 *Microbiol.*, **24**, 387 (1997).
- 16 51) R. van Kranenburg, I. I. van Swam, J. D. Marugg, M. Kleerebezem & W. M. de Vos:
17 *J. Bacteriol.*, **181**, 338 (1999).
- 18 52) R. van Kranenburg, H. R. Vos, I. I. van Swam, M. Kleerebezem & W. M. de Vos: *J.*
19 *Bacteriol.*, **181**, 6347 (1999).
- 20 53) R. Tuinier, W. H. M. van Casteren, P. J. Looijesteijn, H. A. Schols, A. G. J. Voragen,

文献欄は番号順に並べて下さい。

著者名が 10 名を超える文献は、10 名を記載し、以降を “*et al.*” および「ほか」と記載してください。

- 1 & P. Zoon: *Biopolymers*, **59**, 160 (2001).
- 2 54) P. Ruas-Madiedo, J. Hugenholtz & P. Zoon: *Int. Dairy J.*, **12**, 163 (2002).
- 3 55) K. Wang, W. Li, X. Rui, X. Chen, M. Jiang & M. Dong: *Int. J. Biol. Macromol.*, **67**,
- 4 71 (2014).
- 5 56) W. Li, W. Tang, J. Ji, X. Xia, X. Rui, X. Chen, M. Jiang, J. Zhou & M. Dong:
- 6 *Carbohydr. Res.*, **411**, 6 (2015).
- 7 57) Y. Kawai, J. Marles - Wright, R. M. Cleverley, R. Emmins, S. Ishikawa, M. Kuwano,
- 8 N. Heinz, N. K. Bui, C. N. Hoyland *et al.*: *EMBO J.*, **30**, 4931 (2011).
- 9 58) E. Dertli, M. J. Mayer, I. J. Colquhoun & A. *Microb. Biotechnol.*, **9**, 496 (2016).
- 10 59) Q. Wu, H. M. Tun, F. C. C. Leung & N. P. Shah: *Sci. Rep.*, **4**, 4974 (2014).
- 11 60) C. Grangeasse: *Trends Microbiol.*, **24**, 713 (2016).
- 12 61) A. D. Cefalo, J. R. Broadbent & D. L. Welker: *Can. J. Microbiol.*, **59**, 391 (2013).
- 13 62) M. H. Bender, R. T. Cartee & J. Yother: *J. Bacteriol.*, **185**, 6057 (2003).
- 14 63) E. J. Faber, P. Zoon, J. P. Kamerling & J. F. Vliegthart: *Carbohydr. Res.*, **310**, 269
- 15 (1998).
- 16 64) M. Higashimura, B. W. Mulder - Bosman, R. Reich, T. Iwasaki & G. W. Robijn:
- 17 *Biopolymers*, **54**, 143 (2000).
- 18 65) R. Xu, Q. Shen, X. Ding, W. Gao & P. Li: *Eur. Food Res. Technol.*, **232**, 231 (2011).
- 19 66) N. Lei, M. Wang, L. Zhang, S. Xiao, C. Fei, X. Wang, K. Zhang, W. Zheng, C. Wang,
- 20 R. Yang *et al.*: *Int. J. Mol. Sci.*, **16**, 21575 (2015).

文献欄は番号順に並べて下さい。

著者名が 10 名を超える文献は、10 名を記載し、以降を “*et al.*” および「ほか」と記載してください。

- 1 67) A. T. Adesulu-Dahunsi, A. I. Sanni & K. Jeyaram: *LWT*, **87**, 432 (2018).
- 2 68) L. Zhang, C. Liu, D. Li, Y. Zhao, X. Zhang, X. Zeng, Z. Yang & S. Li: *Int. J. Biol.*
- 3 *Macromol.*, **54**, 270 (2013).
- 4 69) M. C. Gentès, D. St-Gelais & S. L. Turgeon: *Dairy Sci. Technol.*, **91**, 645 (2011).
- 5 70) H. Kitazawa, T. Harata, J. Uemura, T. Saito, T. Kaneko & T. Itoh: *Int. J. Food*
- 6 *Microbiol.*, **40**, 169 (1998).
- 7 71) C. Hidalgo-Cantabrana, P. López, M. Gueimonde, G. Clara, A. Suárez, A. Margolles
- 8 & P. Ruas-Madiedo: *Probiotics Antimicrob. Proteins*, **4**, 227 (2012).
- 9
- 10
- 11

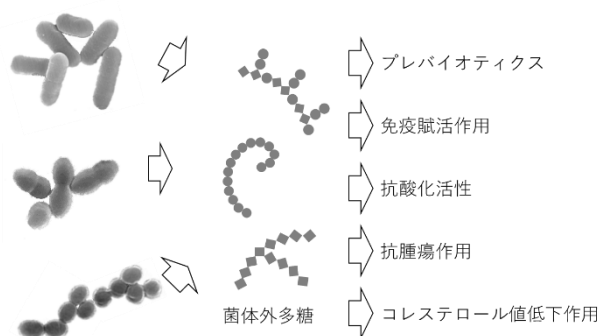
文献欄は番号順に並べて下さい。

著者名が 10 名を超える文献は、10 名を記載し、以降を “*et al.*” および「ほか」と記載してください。

1 【コラム】

2 高校生物では「酵素の基質特異性には酵素分子と基質分子の立体構造がかかわる」とい
3 う鍵と鍵穴の関係性を学び、大学では酵素の美しい 3 次元立体構造に魅了されつつ、酵素
4 以外の生体分子においても、3 次元構造の形成が分子機能を発揮するのに重要であること
5 知る。

6 乳酸菌の「プロバイオティクス」機能
7 のひとつとして免疫調節機能が挙げられ、
8 免疫応答の調節を介し、様々な免疫疾患
9 の軽減や感染症の予防が期待される。腸



10 管粘膜免疫系において感染防御を担っている免疫グロブリン A の分泌の促進には、乳酸菌
11 の刺激が寄与している。我々の研究室では、免疫グロブリン A の分泌を促進する乳酸菌成
12 分として、菌体外多糖を明らかにしている。しかしながら、菌体外多糖の構造とヒトへの
13 機能性との関係を明らかにするにあたり、菌体外多糖の分子構造を決定している乳酸菌の
14 多糖合成機構の解明が不可避であった。未解明な部分が多い乳酸菌側の鍵と鍵穴の関係性
15 を一つ一つ埋めていき、酵素機能や分子機能を明らかにしていくことが、乳酸菌の機能性
16 の解明に重要なのではないかと考えている。

17

プロフィール

松崎 千秋, 石川県立大学生物資源工学研究所 (Chiaki MATSUZAKI, Ishikawa Prefectural University)

<略歴> (出身校, 卒業年次, 卒業後のご略歴)

1995年神戸大学農学部園芸農学科卒業/1997年神戸大学大学院自然科学研究科博士前期課程修了/2012年石川県立大学大学院生物資源環境学研究科博士後期課程修了/2012年石川県立大学生物資源工学研究所研究員/2016年石川県立大学生物資源工学研究所助教/2020年石川県立大学生物資源工学研究所講師, 現在に至る

<研究テーマと抱負>

乳酸菌による免疫誘導

<趣味>

ジョギング、娘のお弁当作り

顔写真



