科学研究費助成事業 研究成果報告書



平成 27 年 5 月 15 日現在

機関番号: 23303 研究種目: 基盤研究(C) 研究期間: 2012~2014

課題番号: 24580119

研究課題名(和文)母乳オリゴ糖を介したビフィズス菌とヒトの共生・共進化ー分子基盤の解明と応用展開ー

研究課題名(英文)Milk oligosaccharides-mediated symbiosis and co-evolution between bifidobacteria and humans

研究代表者

片山 高嶺 (Katayama, Takane)

石川県立大学・生物資源環境学部・寄附講座教授

研究者番号:70346104

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 4,200,000円

研究成果の概要(和文):母乳栄養児の腸管では、授乳開始後速やかにビフィズス菌優勢な細菌叢が形成されることが 100年近く前から知られていたが、そのメカニズムは不明であった。最近、研究代表者らは、乳児糞便から単離されるビフィズス菌が母乳に含まれる重合度 3以上のオリゴ糖(母乳オリゴ糖)を特異的に資化する経路を有していることを見出し、その経路上の酵素について研究を行っている。本申請課題はビフィズス菌が有する母乳オリゴ糖資化経路の全容を明らかとする目的で行った。 その結果、母乳オリゴ糖資化に関わる新規な酵素 2種を単離することに成功し、それらについて詳細な機能解析を行った。また、それ以外の 2種の酵素のX線結晶構造解析も行った。

研究成果の概要(英文): Breast-fed infant intestines generally have microbiota rich in bifidobacteria, and the population of the bacteria in the ecosystem drastically decreases after weaning. This suggests that human milk has a bifidogenic compound; however, the mechanism underlying it remains elusive. We have reecntly found that infant gut-associated bifidobacteria are equipped with genetic and enzymatic sets dedicated to the utilization of oligosaccharides contained in human milk (human milk oligosaccharides, HMOs). In this study, we aimed to obtain a comprehensive understanding of the HMOs assimilation pathway of bifidobacteria.

研究分野: 応用微生物学

キーワード: ビフィズス菌 母乳オリゴ糖 共生 共進化 糖質分解酵素

1.研究開始当初の背景

母乳栄養児腸管では、授乳開始後速やかに ビフィズス菌優勢な腸内菌叢が形成される ことが知られている。これには母乳に含まれ るオリゴ糖成分(母乳オリゴ糖)が関与して いることが示唆されていたが、そのメカニズ ムは全く分かっていなかった。

申請者らは、ビフィズス菌が母乳オリゴ糖を特異的に資化する酵素を有していることを見出し、この経路上の酵素の構造機能解析を行ってきた。

2. 研究の目的

本研究は、ビフィズス菌が発見されて以来 100 年間にわたって未解明であった課題「母乳栄養児の腸管では、何故、ビフィズスフローラが形成されるのか」(ビフィズス菌とヒトの共生)を、ビフィズス菌による母乳オリゴ糖代謝の視点から解明するとともに、ビフィズス菌とヒトの共進化の分子基盤を探ることを目的とした。また、母乳オリゴ糖を入下乳がであることを目標に、母乳オリゴ糖の精密酵素合成法を開発することを目標とした。3.研究の方法

母乳オリゴ糖の主要コア構造であるラクト-N-テトラオースに作用する酵素を中心に解析した。ラクト-N-ビオシダーゼ(LnbX)はBifidobacterium lomgum ゲノムより大腸菌を用いた発現クローニングによって単離した。ラクト-N-テトラオース-β1,3-ガラクトシダーゼ(Bga42A)は、ゲノムマイニングによってBifidobacterium infantis より単離した。Bifidobacterium bifidum 由来のラクト-N-ビオシダーゼ(LnbB)の構造解析は、活性ドメインのみ結晶化して行った。

フコシンターゼ化は、求核残基に変異を導入することで行い、種々のアクセプターを用いてその特異性を調べた。

4. 研究成果

Bifidobacterium lomgum より新規なアミノ 酸配列を有するラクト-N-ビオシダーゼ (LnbX)を単離した。本酵素遺伝子の下流に存 在する lnbY 遺伝子は、LnbX の専用シャペロ ンであることを見出した。すなわち、LnbX のみでは凝集して不活性型となるものの、 LnbY の存在下では活性化型となることをリ フォールディング実験により確認した。グリ コシダーゼにおいて専用のシャペロンを必 要とする例は、これまで知られておらず本報 告が最初である。LnbXY のホモログは、5種 の腸内細菌ゲノム上にのみ存在しており、そ の進化に興味が持たれる。なお、本酵素はユ ニークな基質特異性を有しており、母乳オリ ゴ糖のみならずグロボシド糖鎖構造にも作 用した。

ラクト-N-テトラオースは、その非還元末端に Galβ1-3GlcNAc という 1 型構造を有している。 殆どの生物は β-ガラクトシダーゼを有しているが、 それらはラクトースや 2 型糖鎖 Galβ1-4GlcNAc 構造には作用するものの 1 型構造には作用しないことが知られている。

Bifidobacterium infantis の無細胞抽出液をより ラクト-N-テトラオースに作用させたところ Gal の遊離が観察されたため、 $Gal\beta1$ -3GlcNAc に作用する β -ガラクトシダーゼを単離する ことを試みた。詳細は省くが、ゲノムマイニングにより 6 種の候補遺伝子を単離し、それらの性質を調べたところ $Gal\beta1$ -3GlcNAc に作用する酵素を見出した。興味深いことに、本酵素(Bga42A)は、 $Gal\beta1$ -3GlcNAc よりも、その還元末端にラクトースがふかしたラクト-N-テトラオース($Gal\beta1$ - $3GlcNAc\beta1$ -3Lac)に高い活性を示したため、本酵素をラクト-N-テトラオース- $\beta1$,3-ガラクトシダーゼと命名した。

Bifidobacterium bifidum 由来のラクト-N-ビオシダーゼ(LnbB)については欠失解析により活性ドメイン(アミノ酸残基37-663)を単離し、結晶化に用いた。その結果、反応産物であるラクト-N-ビオースとの共結晶が得られた。X 線構造解析を行い、1.8 で構造を決定した。本酵素は、 β -N-アセチルヘキソサミニダーゼと非常によく似た構造であったが、 $Gal\beta1$ -3GlcNAc の2 糖構造のうち Galを認識するポケットを余分に有しており、この領域をモチーフとすることで両酵素をアミノ酸配列レベルで明確に区別することが可能となった。

 $1,3-1,4-\alpha$ -L-フコシダーゼが、ルイス a/x 構造[$Gal\beta1,3/4(Fuc\alpha1,4/3)GlcNAc$]には作用するものの、そこから Gal のとれた $Fuc\alpha1,4/3GlcNAc$ には作用しないことを見出した。X 線結晶構造解析を行ったところ、Gal を認識するサイトが存在することが明らかとなり、そこに Gal が結合することにより induced-fit が起こること(Gal を持たない基質には作用できない理由)が明らかとなった。フッ化フコースを用いてアクセプター特異性を調べたところ、ルイス構造を特異的に合成可能であることが明らかとなった。

以上の研究により、ビフィズス菌が有する 母乳オリゴ糖資化経路上のすべての酵素を 構造・機能的に理解することが可能となった。

5 . 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者に は下線)

[雑誌論文](計10件)

Gotoh A, Katoh A, Sugiyama Y, Kurihara S, Honda Y, Sakurama H, Kambe T, Ashida H, Kitaoka M, Yamamoto K, and <u>Katayama T</u>. (2015). Novel substrate specificities of two lacto-*N*-biosidases towards β-linked galacto-*N*-biose-containing

oligosaccharides of globo H, Gb5, and GA1. **Carbohydrate Reseach.** 408:18-26. doi: 10.1016/j.carres.2015.03.005

10.1016/j.carres.2015.03.005. Peer reviewed.

Shimada Y, Watanabe Y, Wakinaka T,

Funeno Y, Kubota M, Chaiwangsri T, Kurihara S, Yamamoto K, Katayama T, Ashida H.(2015). α-*N*-Acetylglucosaminidase from Bifidobacterium bifidum specifically hvdrolyzes α-linked *N*-acetyl -glucosamine at nonreducing terminus of O-glycan on gastric mucin. Applied Microbiology and Biotechnology. 99:3941-3948. doi: 10.1007 /s00253-014-6201-x. Peer reviewed. Viborg AH, Fredslund F, Katayama T, Nielsen SK, Svensson B, Kitaoka M, Lo Leggio L, and Abou Hachem M. (2014). $\beta 1-6/\beta 1-3$ galactosidase Bifidobacterium animalis subsp. lactis Bl-04 gives insight into subspecificities of B-galactoside catabolism within Bifidobacterium. Molecular Microbiology. 94:1024-1040. doi: 10.1111/mmi.12815. Peer reviewed. Viborg AH, Katayama T, Abou Hachem M, Andersen MC, Nishimoto M, Clausen MH, Urashima T, Svensson B,

Viborg AH, <u>Katayama T</u>, Abou Hachem M, Andersen MC, Nishimoto M, Clausen MH, Urashima T, Svensson B, Kitaoka M. (2014). Distinct substrate specificities of three glycoside hydrolase family 42 β-galactosidases from *Bifidobacterium longum* subsp. *infantis* ATCC 15697. **Glycobiology** 24(2):208-216. doi: 10.1093/glycob/cwt104. Peer reviewed.

Honda Y, Nishimoto M, <u>Katayama T</u>, and Kitaoka M. (2013). Characterization of the cytosolic β-*N*-acetyl-glucosaminidase from *Bifidobacterium longum* subsp. *longum*. **Journal of Applied Glycoscience**. 60:141-146. Peer reviewed.

Sakurama H, Kiyohara M, Wada J, Honda Y, Yamaguchi M, Fukiya S, Yokota A, Ashida H, Kumagai H, Kitaoka M, Yamamoto K, <u>Katayama T</u>. (2013). Lacto-N-biosidase encoded by a novel gene of Bifidobacterium longum subspecies longum shows unique substrate specificity and requires a designated chaperone for its active expression. Journal of Biological **Chemistry**. 288(35):25194-25206. doi: 10.1074/jbc.M113.484733. Peer reviewed.

Ito T, <u>Katayama T</u>, Hattie M, Sakurama H, Wada J, Suzuki R, Ashida H, Wakagi T, Yamamoto K, Stubbs KA, and Fushinobu S. (2013). Crystal structures of a glycoside hydrolase family 20 lacto-*N*-biosidase from *Bifidobacterium bifidum*. **Journal of Biological Chemistry**. 288(17):11795-11806. doi: 10.1074/jbc.M112.420109. Peer

reviewed.

Wakinaka T, Kiyohara M, Kurihara S, Hirata A, Chaiwangsri T, Ohnuma T, Fukamizo T, <u>Katayama T</u>, Ashida H, and Yamamoto K. (2013). Bifidobacterial α-galactosidase with unique carbohydrate-binding module specifically acts on blood group B antigen. **Glycobiology**. 23(2):232-240. doi: 10.1093/glycob/cws142. Peer reviewed.

Sakurama H, Tsutsumi E, Ashida H, <u>Katayama T</u>, Yamamoto K, and Kumagai H. (2012). Difference in the substrate specificities and active-site structures of two α-L-fucosidases (glycoside hydrolase family 29) from *Bacteroides* thetaiotaomicron.

Bioscience, Biotechnology, and **Biochemistry**. 76:1022-1024. Peer reviewed.

Sakurama H, Fushinobu S, Hidaka M, Yoshida E, Honda Y, Ashida H, Kitaoka M, Kumagai H, Yamamoto K, and Katayama T. (2012). $1,3-1,4-\alpha-L$ -Fucosynthase that specifically introduces Lewis a/x antigens into type-1/2 chains. Journal of Biological 287(20):16709-19. Chemistry. doi: 10.1074/jbc.M111.333781. Peer reviewed.

[学会発表](計2件)

杉山友太、後藤愛那、本多裕司、吉田永 史奈、栗原新、北岡本光、山本憲二、 片山高嶺・ヒトミルクオリゴ糖の酵素合 成に向けた高効率 1,2- -L-フコシンタ ーゼの作出・日本農芸化学会2015年 度大会・岡山・3月28日 片山高嶺・ヒトミルクオリゴ糖に作用す るビフィズス菌の酵素~機能解析と応用 ~・2014年度日本農芸化学会大会・ 東京・3月29日

[図書](計0件)

〔産業財産権〕 出願状況(計0件)

名称: 発明者: 権利者: 種類: 番号: 田内外の別:

取得状況(計0件)

名称:

発明者: 権利者: 種類: 番号:

出願年月日: 取得年月日: 国内外の別:

〔その他〕

ホームページ等

http://host-microbe.ishikawa-pu.ac.jp 石川県立大学腸内細菌共生機構学講座

6. 研究組織

(1)研究代表者

片山 高嶺 (KATAYAMA, Takane) 石川県立大学・生物資源環境学部・教授 研究者番号:70346104

(2)研究分担者

日高 將文 (HIDAKA Masafumi) 東北大学・(連合)農学研究科・助教 研究者番号: 00584848

(3)連携研究者

廣瀬 潤子 (HIROSE Junko) 滋賀県立大学・人間環境学部・准教授 研究者番号: 40381917