#### 研究成果報告書 科学研究費助成事業

今和 6 年 5 月 2 9 日現在

機関番号: 37111

研究種目: 基盤研究(C)(一般)

研究期間: 2020~2023

課題番号: 20K05818

研究課題名(和文)機能性乳酸菌を作出するための新規ゲノム改変技術の確立

研究課題名(英文)Establishment of a novel genome modification technology to produce functional

lactic acid bacteria

研究代表者

鹿志毛 信広 (Kashige, Nobuhiro)

福岡大学・薬学部・教授

研究者番号:80185751

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文): ヒト常在細菌である乳酸菌は発酵食品や医薬品の製造に古くから利用されており、ヒトに対する安全性が確立されている。本研究では『機能性乳酸菌を作出するための新規ゲノム改変技術の確立』を目指し、選択圧の無い環境下においても遺伝的形質を安定に保持し、なおかつ危険な薬剤耐性菌を生じる可能性のある薬剤耐性遺伝子を除去することが出来るゲノム組み込み型宿主 ベクターの開発と、ゲノムに配座した薬剤耐性遺伝子を除去するシステムの構築を行なった。その応用例としてエイコサペンタエン酸(EPA)合成遺伝子を乳酸菌に組み込み、予防医学的に脂質異常症の改善に活用できる経口投与可能なEPA産生乳酸菌の作製をままれた。 試みた。

研究成果の学術的意義や社会的意義 乳酸菌をドラッグデリバリーシステムに応用する研究では、いまだ薬剤耐性遺伝子を有するプラスミドを用いた 遺伝子組換え技術に依存しており、このことは医療目的として人に直接投与するには二つの問題を生じる。 先ずプラスミドが有する薬剤耐性遺伝子に依存して薬剤選択圧の下に保持されている外来遺伝子は、選択圧のな いヒト標的臓器内ではプラスミドが脱落した菌が優勢に出現することでその治療効果は低下する。次に組み換え 乳酸菌の中でプラスミドに保持される薬剤耐性遺伝子の存在は思わぬ耐性菌の出現を招く危険性がある。本研究 において機能されたシステムはこれらの問題を旧確に回避するもので、その社会的意義は大きいと考えられる。

において構築されたシステムはこれらの問題を明確に回避するもので、その社会的意義は大きいと考えられる。

研究成果の概要(英文): Lactic acid bacteria (LAB), which are indigenous to humans, and their safety for humans is well established. In this study, we aim to establish a novel genome modification technology to produce functional LAB by developing a genome-integrated host-vector that can maintain genetic traits stably under no selection pressure and can remove drug-resistant genes that may cause dangerous drug-resistant bacteria, as well as by developing a system to remove drug-resistant genes that are in the genome. We have developed a genome-embedded host-vector that can remove drug-resistant genes that can produce dangerous drug-resistant bacteria, while maintaining stable genetic traits even under non-selective pressure. As an example of the application of this system, we attempted to produce EPA-producing lactic acid bacteria that can be orally administered for the improvement of dyslipidemia in preventive medicine by incorporating the EPA synthesis gene into LAB.

研究分野: 応用微生物学、生物系薬学

キーワード: 乳酸菌 ゲノム改変 EPA ゲノム組み込み型ベクター

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等に ついては、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

#### 1.研究開始当初の背景

ヒト常在細菌である乳酸菌は非病原性、非侵襲的であることから、発酵食品や医薬品の製造に古くから利用されており、ヒトに対する安全性が確立されている。近年では経口摂取された乳酸菌が生きて腸管に達する性質を利用して、治療を目的とした遺伝子産物を標的臓器へ運搬する『キャリア』としての有効性が注目され、乳酸菌を遺伝子組換え技術により改変し、ドラッグデリバリーシステムに応用する研究が急速に発展しつつある(Carmen S et al. J Clin Gastroenterol. 2014 48, S12-17)。しかしながら多くの研究において、いまだ薬剤耐性遺伝子を保持するプラスミドを用いた遺伝子組換え技術が用いられており、このことは臨床において、二つの問題を生じさせる。

先ず、プラスミドが有する薬剤耐性遺伝子に依存して薬剤選択圧の下に保持されている外来遺伝子は、選択圧のないヒト標的臓器内ではプラスミドを脱落した菌が優性に出現することによって、導入された外来の遺伝的形質による治療効果が低下すると考えられる(図 1)。すなわちプラスミドを用いた遺伝子組み換え乳酸菌は、遺伝的形質の安定性に問題がある。次に、組み換え乳酸菌の中でプラスミドに保持される薬剤耐性遺伝子の存在は、その生育環境によっては接合や貪食によって思わぬ耐性菌の出現を招く危険性がある。このことから遺伝子組み換え乳酸菌を医療目的において人に直接投与するには、これらの問題を回避する解決策を明確に講じる開発が必要である。

一方で、我が国における医科診療医療費を主傷病による傷病分類別にみると、「循環器系の疾患」が最も多く、その原因として肥満、喫煙、過度な飲酒、高血圧症、糖尿病、脂質異常症などがある(厚生労働省(2022)、「令和2(2020)年度国民医療費の概況」)。その中で脂質異常症は自覚症状がほとんどなく、突発的に心筋梗塞や狭心症、脳梗塞などを発症させる病気であり、その治療法は食事療法、運動療法、薬物療法を主軸として行われている。その薬物療法の一つとして、悪玉コレステロールを低下させる働きを有する EPA 製剤が保険診療へ適用され、また同じく EPA や DHA 含有の特定保健用食品などが開発されているが、症状改善を目的としてこれらを使用する場合、その継続的な摂取は大きな負担となる(MEDLEY (2022)、「脂質異常症の治療:食事療法、運動療法、薬物療など」、)。その代替品として、恒常的に摂取せずとも人腸管内において良性の脂肪酸を産生する遺伝子改変生菌製剤などの開発が試みられている。

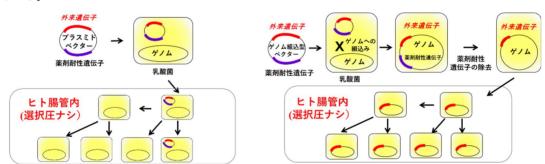


図1.プラスミドはヒト腸管内で外来遺伝子を維持できない

図2.ゲノム組込型はヒト腸管内で外来遺伝子を維持できる

### 2.研究の目的

本研究では選択圧の無い環境 下においても遺伝的形質を安 定に保持し、なおかつ危険な薬 剤耐性菌を生じる可能性のあ る薬剤耐性遺伝子に依存しな い安定かつ安全な乳酸菌の遺 伝子改変技術を確立すること を目的として、ゲノム組み込み 型宿主 ベクターの開発と(図 2)、さらに、組換えによってゲ ノムに配座した薬剤耐性遺伝 子を除去することが出来るカ ウンターマーカーと in vivo excision システムの構築を行 なう(図 3)。このシステムで作 出した組換え乳酸菌を用いた 応用例として、エイコサペンタ エン酸(EPA)合成遺伝子を導入 した組換え乳酸菌を作製し、高

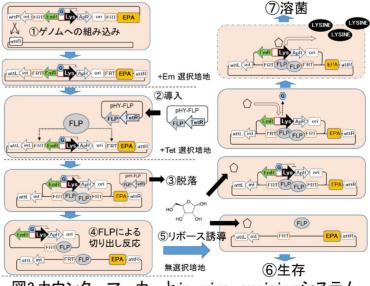


図3.カウンターマーカーと*in vivo* excisionシステム

脂血症モデルマウスに対して経口投与による治療実験を行なうことでこれらのモデルマウスの 病態改善に組換え乳酸菌が有効かどうかを検討した。

#### 3.研究の方法

本研究では安定かつ安全な乳酸菌の遺伝子改変技術を確立したうえで、さらに応用例として 高脂血症モデルマウスに対して EPA 合成遺伝子を導入した組換え乳酸菌を作製し、経口投与に よる治療実験を行なうことでモデルマウスの病態改善に組換え乳酸菌が有効かどうかを検討す る。このために以下の①~④を実施した。

## 乳酸菌ゲノム組み込み型ベクターの構築

ヒト糞便中から単離された Lactobacillus casei ATCC27092(以下 L.casei:全ゲノムシーケンス同定済、未発表)に溶原化する PL-2 ファージ integrase 遺伝子とアタッチメントサイト (attP)からなる部位特異的組換え領域を用いて大腸菌ではプラスミド型、乳酸菌で はゲノム組み込み型として機能するシャトルベクターpAEO を構築した。一方、その宿主として PL-2 ファージ溶原株である L.casei から PL-2 ファージを脱落させたキュアリング株 (C5 株)を単離した。

# 致死性遺伝子(カウンターマーカー)の作製

ゲノム組み込み型で乳酸菌ゲノムに外来遺伝子と同時に配座するベクター由来の大腸菌の複製ユニット(Ori)とエリスロマイシン耐性遺伝子(EmR)を含めた不要領域を除く in vivo excision システムを構築する。不要領域に予め誘導性の致死性遺伝子(カウンターマーカー)を導入することで、不要領域が切り出されなかったクローンは誘導的に死滅させ、不要領域を切り出されたクローンのみを選択することができる。カウンターマーカーは、D-リボースで発現が亢進する L.casei に由来する GIcNacase のプロモーター領域と L.casei の溶菌性ファージである PL1 の Holyn と Lysin 遺伝子(溶菌酵素遺伝子: Arch Virol. 2000,145 (8):1521-34)を連結することでリボース誘導性の致死性遺伝子(Glys)として作製した(図4)。すなわち Glysを導入した乳酸菌は D-グルコースを含む培地では生育するが、D-リボースを含む培地では増殖が抑制されることを期待する。

### in vivo excision システムの作製

乳酸菌ゲノムに配座した不要領域を除去する in vivo excision システムの構築は酵母に由来する組換え領域(FRT)と組換え酵素(FLP)を利用する。ベクターは FRT の内側に Ori と EmR および Glys を、外側に Integrase と外来遺伝子(EPA)を挿入する形で作製する(図 3- )。 FLP はテトラサイクリン耐性マーカー(TetR)またはクロラムフェニコール耐性マーカー(CmR) を有するヘルパープラスミド pHY - FLP によって乳酸菌に導入する(図 3- )。 テトラサイクリン選択培地にて FLP の発現を確認したのち、テトラサイクリンを含まない培地で継代することで、pHY-FLP は脱落する(図 3- )。 この条件では菌体内において Ori と EmR および Glys が FRT-FLP によって切り出されたクローンのみをリボース誘導性に得ることができる(図 3- 、

、 )。また、FRT-FLP によって切り出されずに Glys が残ったクローンは溶菌する(図 3- )。 この in vivo excision システムを用いて、EPA を発現する組換え乳酸菌を作製し、選択圧の ない環境下での遺伝的形質の安定性や導入遺伝子の発現解析を行なう。

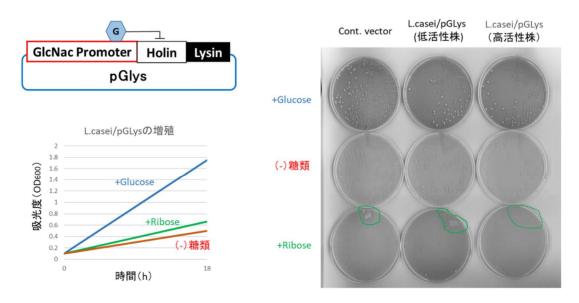


図4.Glys遺伝子の構造とRibose誘導による増殖抑制

## EPA 合成遺伝子導入組換え乳酸菌を用いた高脂血症マウスの治療実験

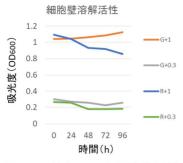


図5.Glys遺伝子による溶菌活性

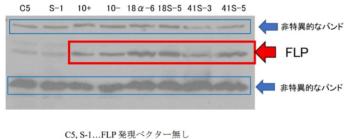
EPA は高脂血症の改善効果を有する(Lancet 1978;2:117-9)。本研究ではイワシの腸内細菌である Shewanella sp.に由来する EPA 合成遺伝子(Microbiology (1997), 143, 2725-2731)を発現する乳酸菌を高脂血症モデルマウスに経口投与することで病態が改善されるかどうかを検討する。高脂血症モデルマウスは C57/BL6 マウスに高脂血症発症マウス作製飼料(F2WTD,オリエンタル酵母)を離乳時より 30 週間摂取させて作製する。その間コントロールの C5 株と EPA 発現株 2x10<sup>7</sup>/0.1ml を経口投与(胃内)する。投与期間は1週間に一度、30週間行ない、血中の総コレステロール値、LDL および HDL コレステロール値、中性脂肪値などを測定し、高脂血症の発症と改善を評価する。

# 4. 研究成果

pAEO を C5 株を形質転換したところ、選択圧のない条件下 70 世代の培養後においても pAEO は形質転換体ゲノム上に安定に保持されていた。このことから外来形質を L.casei に導入するには通常行われているプラスミドによる形質導入ではなく、ゲノムへの組み込みによる導入がより安定に保持できると考えられた。

Glys を有するプラスミド (pGlys) を導入した L.casei (L.casei/pGlys) は D-リボースを含む培地では増殖抑制を示し、その培養上清に L.casei 細胞壁凍結乾燥品の溶解活性を認めた (図4,5)。また L.casei/pGlys は D-グルコースを含む培地寒天培地や糖類を含まない寒天培地は正常にコロニーが生育するが、D-リボースを含む寒天培地では生育できなかった (図4)。このことから Glys は D リボースを含む培地ではカウンターマーカーとしてネガティブセレクションに利用できると考えられた。

FRT-FLP によって、まず切り出せる領域を最小化する意味で FRT-Glys-FRT 配列を C5 株ゲノム に導入した株 (C5 株/FRT-Glys-FRT) を作製した。これに FLP を発現するヘルパープラスミド pCHILFLP を形質導入し、FLP の発現と FLP 作用性の FRT-Glys-FRT 組み換えを検証した。FLP の発現プラスミドの作製には乳酸菌に由来する NaCI 誘導性の OppuA 遺伝子と LDH 遺伝子のプロモーター (Biol. Pharm. Bull.2013 36(6): 952-8.と BMC Biotechnol. 2014 May 10;14:38.)を



C5, S-1...FLP 発現ベクター無し10...NaCl 誘導性プロモータープラスミド +は NaCl (300 mM) 添加 -は添加無し

18,41...LDH 遺伝子に由来するプロモータープラスミド

図6. 各種C5株/FRT-Glys-FRTのFLPの発現解析

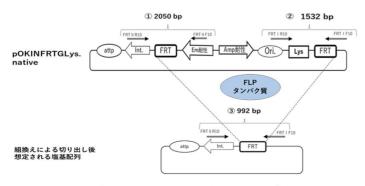


図7.PCRによって確認される切り出しの有無領域のプライマーセットとPCRによって確認されるフラグメントの大きさ

用いたところ、LDH 遺伝子のプロモーターによる発現の方が強かった(図6)。同様に、LDH遺伝子のプロモーターを用いたヘルパープラスミドを導入されたC5株/FRT-Glys-FRT 組み換えによるGlys 遺伝子を脱落した株を得ることが出来た(図7、8)。

さらに、FRT-FLPによって切り出せる領域を拡大し、FRT間に大腸菌のクローニングに機能的的配列や薬剤耐性遺伝子を含むFRT-EmR-AmpR-Ori-Glys-FRT列をC5株ゲノムに導入した場(C5株/FRT-EmR-AmpR-Ori-Glys-FR)を作製し、ヘルパープラスミドpCHILFLPの形質原応によるFRT間の組み換え反応検証した。その結果、図9に示したした単一株の分離に成功した(図8)

EPA 合成遺伝子を C5 株ゲノム に導入した株 (C5 株/EPA) はガ スクロマトグラフィーによって 産生を確認している。より厳密 に産生された EPA の質量分析を

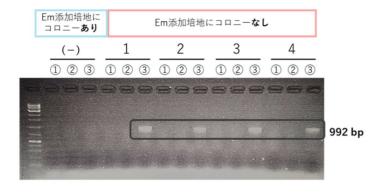


図8. レプリカ法によって*EmR*を持たない株およびEmに対する耐性がある株のゲノムDNAにおけるPCRフラグメント

試みたが、EPA は検出されなかったことから、菌体祖抽出物の調製やそれに含まれる EPA のメチル化条件などを検討する必要がある。 一方で疫病カビ(Saprolegnia diclina)の EPA の産生は C18:1 のアラキドンを から C20:5 の EPA と変換されること、その過程でデルタ 17-Desaturase の活性が必須 (Appl Microbiol Biotechnol 2013 97:1973-1985)。我々が作製した C5 株/EPA による EPA の産生は野生型 L.Casei の C18:1 に対

してピークが減少していることから、C5 株/EPA においても EPA の産生に C18:1 が利用されている可能性がある。今回 C5 株ゲノムへ 17-Desaturase の cDNA を導入したが、RNA レベルで発現が見られなかった。ゲノム上に 1 コピーだけ保有する組み換え体では発現が十分でないことから、より強力なプロモーターの探索が必要と考えられた。以上から今回の研究期間においては EPA 産生株を用いた高脂血症モデルマウスの治療実験は行えていない。

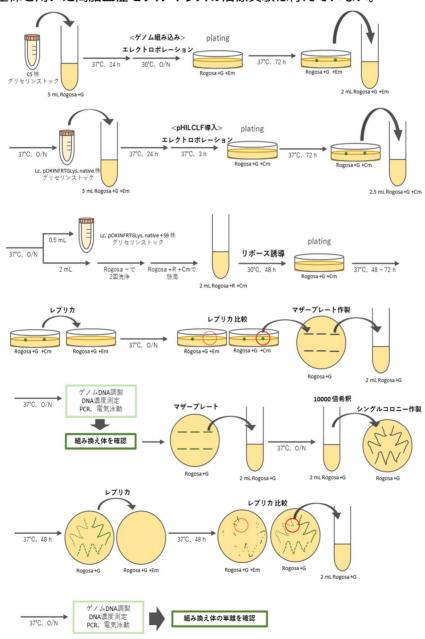


図 9. FRT 間の切り出しが行われた乳酸菌のみを選別するまでの実験操作の流れ

5 . 主な発表論文等		
〔雑誌論文〕	計0件	
〔学会発表〕	計0件	

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6 . 研究組織

0	. 妍九組織		
	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
	佐藤 朝光	福岡大学・薬学部・教授	
研究分担者	(Satho Tomomitsu)		
	(90369025)	(37111)	
	山本 雅達	鹿児島大学・医歯学域医学系・助教	
研究分担者	(Yamamoto Masatatsu)		
	(40404537)	(17701)	

# 7.科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------