

Lactobacillus gasseri 種の株間におけるリポテイコ酸の構造比較

共生基盤学専攻 食品安全・機能性開発学講座 胃腸内圏微生物学 佐藤 耶舞羽

1. はじめに

リポテイコ酸 (LTA) はグラム陽性細菌の細胞表層の主要構成成分の一つで、細胞膜上の糖脂質 (アンカー糖脂質) にグリセロールリン酸 (GroP) をモノマーユニットとするポリマーが結合した構造を持つ。LTA は菌体の物理的性状に関わるだけでなく、宿主の免疫応答を惹起させてサイトカインを誘導すること、病原性細菌とプロバイオティクスの LTA でサイトカインの誘導が異なることなどが報告されている。一方、その構造に注目すると、病原性細菌を含む一般的な LTA のアンカー糖脂質は 2 糖のヘキソースと 2 残基のアシル基をもつものに対し (Fig. 1a), 代表的な乳酸菌 (主に *Lactobacillus* 属) では共通して 3 残基のアシル基をもつことが知られている (Fig. 1b)。しかし、病原性細菌に比べ乳酸菌の LTA の構造情報は少ないため、当研究室でヒト腸管における主要な乳酸菌 *Lactobacillus gasseri* に注目し、*L. gasseri* JCM 1131^T の LTA の構造解析を行ったところ、本菌の LTA が 4 糖のヘキソースと 3 残基のアシル基を持つことが明らかとなった (Fig. 1c)。アンカー糖脂質が 4 糖構造の LTA は本株が初の報告である。そこで本研究では、この特異的な 4 糖構造が分離源の異なる他の *L. gasseri* 株 [ヒト糞便由来 JCM 1130, ニワトリ糞便由来 JCM 5814, ヒト腔由来 VLG 1~8 (臨床分離株)] にも共通して認められるか、株レベルでの LTA の構造多様性を把握することを目的として、*L. gasseri* 種の複数株の LTA 構造を比較解析した。

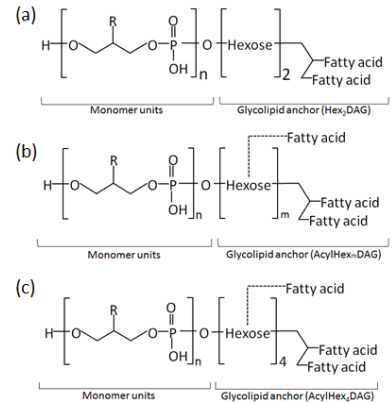


Fig. 1. Structure of LTA. (a) typical LTA structure, (b) LTA structures found in lactobacilli, (c) LTA structure of *L. gasseri* JCM 1131^T, R: -OH or -D-Alanine

2. 方法

臨床分離株 VLG 1~8 では、*L. gasseri* 種であること、重複した株が存在しないことを確認するため、16S rRNA 遺伝子解析と RAPD 解析を行った。各菌体からブタノール抽出法と疎水クロマトグラフィーにより LTA を抽出・精製し、精製 LTA 画分を取得した。その後、¹H-NMR を用いてポリマー主鎖構造を、MALDI-TOF MS を用いてアンカー糖脂質構造を、GC を用いてアンカー脂肪酸組成をそれぞれ解析した。

3. 結果と考察

JCM 1131^Tのほか、VLG 1, VLG 2, JCM 1130, JCM 5814 の計 5 株を供試菌株とした。各菌株から取得した LTA の構造解析を行ったところ、5 株全てに共通して、4 糖構造と、乳酸菌に共通な 3 残基のアシル基をもつアンカー糖脂質が認められた。よって、特徴的な 4 糖構造のアンカー糖脂質は本種に共通な構造であることが示唆された。一方、その他の部位には株間によって差異が認められた。ポリマー主鎖の GroP ユニット数は 3~33 ユニットと株によってばらつきがあり、アンカー脂肪酸に関しては主要な脂肪酸である C16:0, C18:0, C18:1 (n-9) の組成が異なった。株ごとのこれらの差異は、生育環境の違いを反映している可能性がある。今後、LTA 構造と免疫応答惹起能との関連やプロバイオティクスの効果的な利用を考える上で、このような LTA に関する基礎的な構造情報が重要な知見となることが期待される。