



食品による腸内細菌・腸内環境の制御技術の開発

Keywords: 腸内細菌、ビフィズス菌、乳酸菌、プロバイオティクス、オリゴ糖、腸管免疫

● 研究概要

腸の健康は全身の健康や寿命に深く関わっている。腸内細菌フローラを改善し、腸の健康や免疫機能を高める食品成分や、腸の善玉菌であるビフィズス菌や乳酸菌によるこれら食品成分の代謝経路を明らかにすることを目的として研究している。



食品安全工学科
食品免疫学研究室
教授
芦田 久

Ashida, Hisashi

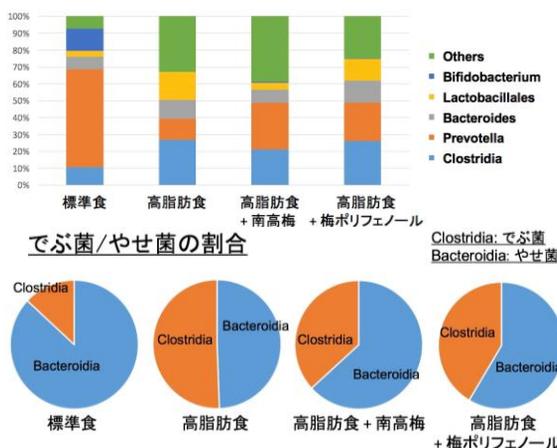
ashida@waka.kindai.ac.jp

URL: <http://researchmap.jp/ashida/>

● 研究テーマ

食品成分による腸内細菌制御と脂質代謝改善

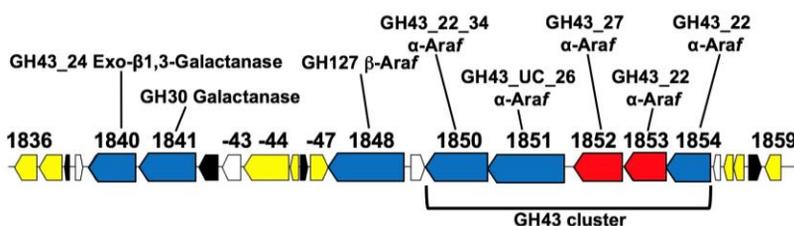
和歌山県産の代表的な農産物である梅や柿などの成分による腸内細菌バランスの改善効果について評価をおこなっている。現在までに、梅酢から調製された「梅ポリフェノール」(論文2,3)、南高梅の白干し梅、刀根早生柿のポリフェノール、梅酢を利用して魚軟骨から抽出されたプロテオグリカンに、高脂肪食を投与した肥満モデルマウスの脂質代謝を改善し、抗肥満効果があることを明らかにしている。この脂質代謝改善効果は、高脂肪食により誘導された肥満型の腸内細菌フローラ(でぶ菌型)が、やせ型のフローラ(やせ菌型)に改善されることによることが示唆された。現在は、網羅的な遺伝子発現解析などから、そのメカニズム解明を目指している。



南高梅や梅ポリフェノールの腸内細菌フローラ改善効果

成人型ビフィズス菌の特異な植物性多糖代謝遺伝子クラスターをターゲットにした新規プレバイオティクスの開発

成人から乳児まで幅広い分布を示すビフィズス菌である *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* のゲノム中に、アラビノキシランやアラビナンといった植物性のヘミセルロース代謝に関連する特異な遺伝子クラスターを見出した(論文4)。和歌山県産の農産物(柑橘類のアルbedo、廃棄果実由来のペクチン、小麦ブラン、米ぬか)を原料に、この遺伝子クラスターをターゲットにしたプレバイオティクス(ビフィズス菌増殖因子)の開発を目指している。



成人型ビフィズス菌から発見されたヘミセルロース代謝遺伝子クラスター

● 論文

1. 豆乳発酵性乳酸菌の分離とその機能性評価. 近畿大学生物理工学部紀要 (45), 1-9 (2021)
2. 梅ポリフェノールの肥満モデルマウスに対するプレバイオティック効果とビフィズス菌増殖メカニズム. 近畿大学生物理工学部紀要 (42), 1-12 (2018)
3. 梅ポリフェノールのマウス腸内細菌フローラ改善効果. 近畿大学生物理工学部紀要 (37), 1-10 (2016)
4. Two novel α -L-arabinofuranosidases from *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* belonging to glycoside hydrolase family 43 cooperatively degrade arabinan. *Appl Environ Microbiol* 85, e02582-18 (2019)
5. The first crystal structure of a family 129 glycoside hydrolase from a probiotic bacterium reveals critical residues and metal cofactors. *J Biol Chem* 292, 12126-12138 (2017)
6. α -N-Acetylglucosaminidase from *Bifidobacterium bifidum* specifically hydrolyzes α -linked N-acetylglucosamine at nonreducing terminus of O-glycan on gastric mucin. *Appl Microbiol Biotech* 99, 3941-3948 (2015)
7. Bifidobacterial α -galactosidase with unique carbohydrate-binding module specifically acts on blood group B antigen. *Glycobiology* 23, 232-240 (2013)
8. α -N-Acetylgalactosaminidase from infant-associated bifidobacteria belonging to novel glycoside hydrolase family 129 is implicated in alternative mucin degradation pathway. *J Biol Chem* 287, 693-700 (2012)