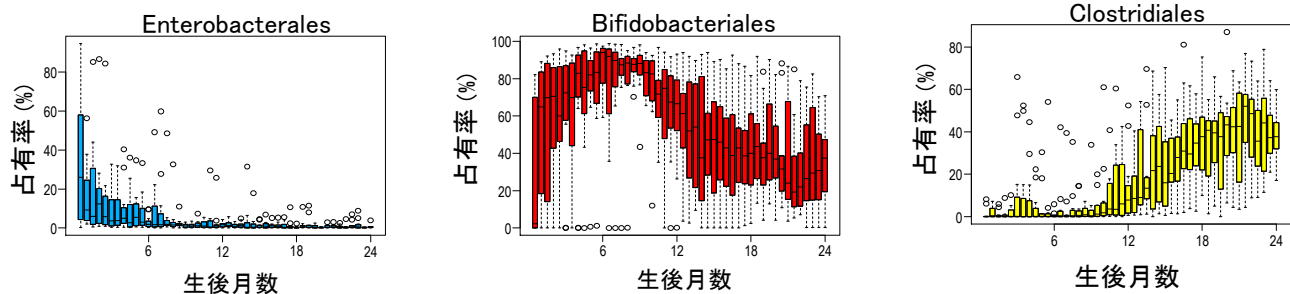
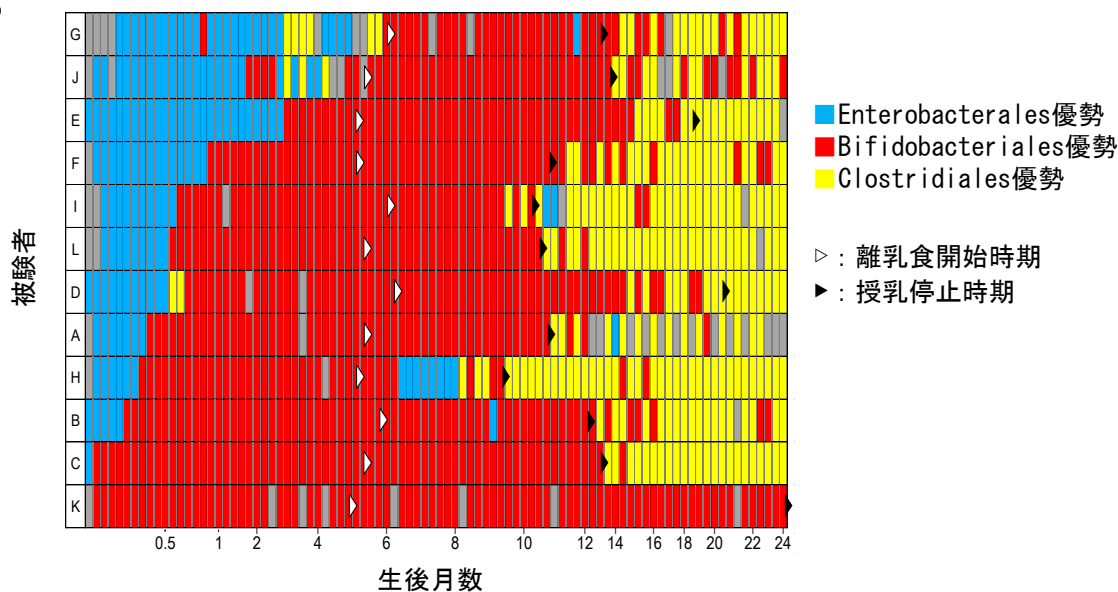


A

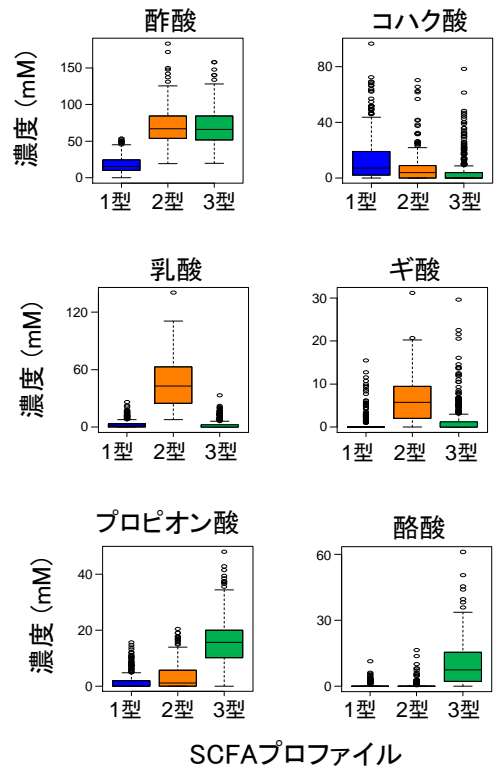
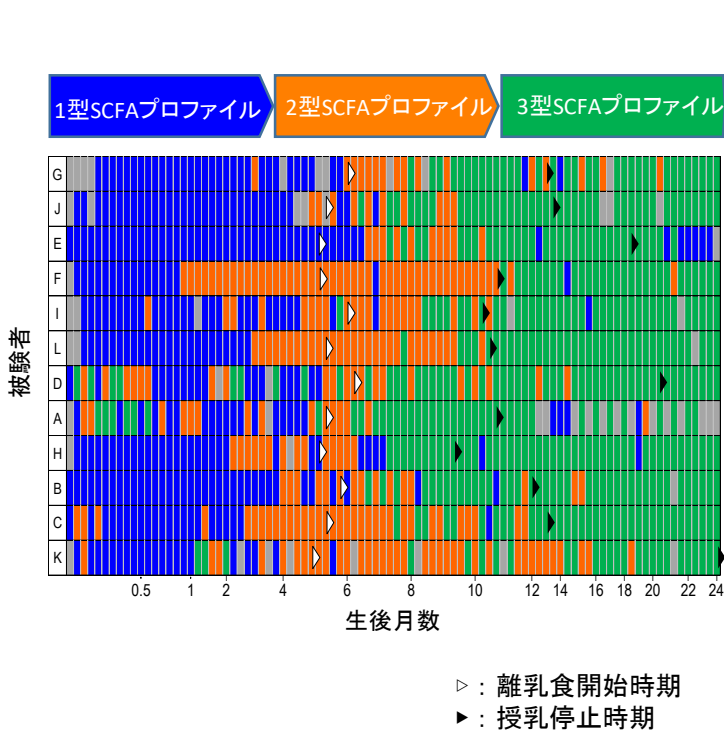


B



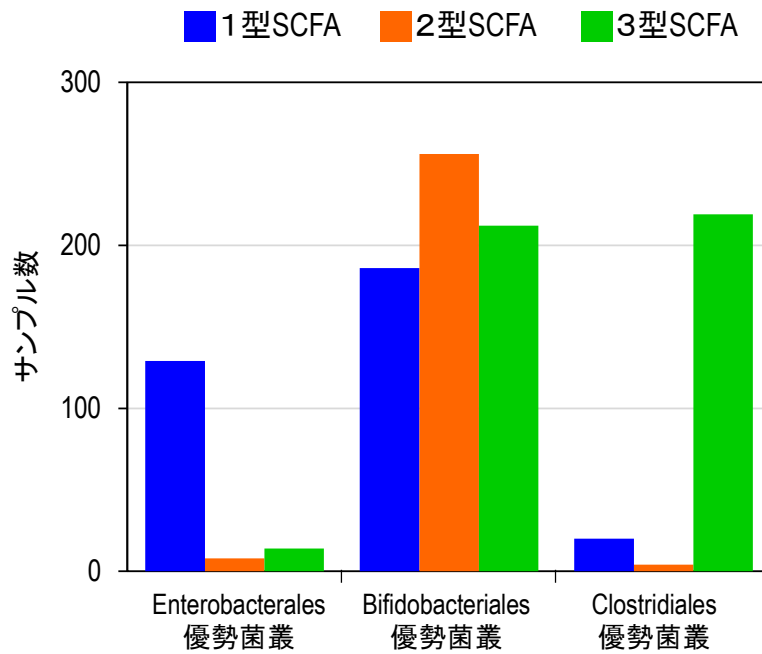
補足図1. 生後2年間の乳幼児腸内細菌叢の変化

12名の乳幼児から提供された1,048サンプルについて、16S rRNA遺伝子配列を基に目レベルの解析を行った。(A) 主要3菌群の占有率の変化。(B) 最優勢菌群の時系列変化。Enterobacteriales優勢の菌叢(水色)からBifidobacteriales優勢の菌叢(赤)、Clostridiales優勢の菌叢(黄)に変化していくこと、これらの移行時期は個人ごとに異なることが確認された。また、Bifidobacteriales優勢からClostridiales優勢への移行は、多くの乳幼児で授乳停止時期(黒三角)と一致していた。



補足図2. 生後2年間の乳幼児SCFAプロファイルの変化

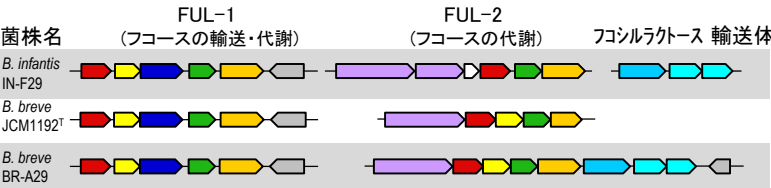
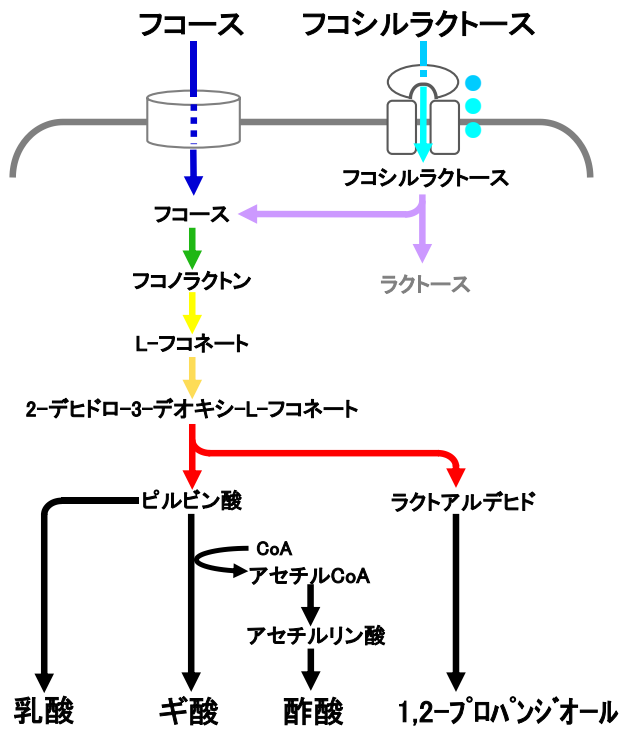
SCFAの濃度のパターンは、酢酸濃度が低くコハク酸濃度が高い状態(1型SCFAプロファイル、青)、乳酸とギ酸濃度が高い状態(2型SCFAプロファイル、橙)、プロピオン酸と酪酸濃度が高い状態(3型SCFAプロファイル、緑)の3タイプに分類された。また、腸内のSCFAのパターンは、1型から2型、3型SCFAプロファイルへと段階的に移行すること、その移行時期は乳幼児ごとに異なっていることがわかった。



補足図3. 腸内細菌叢とSCFAの関連性

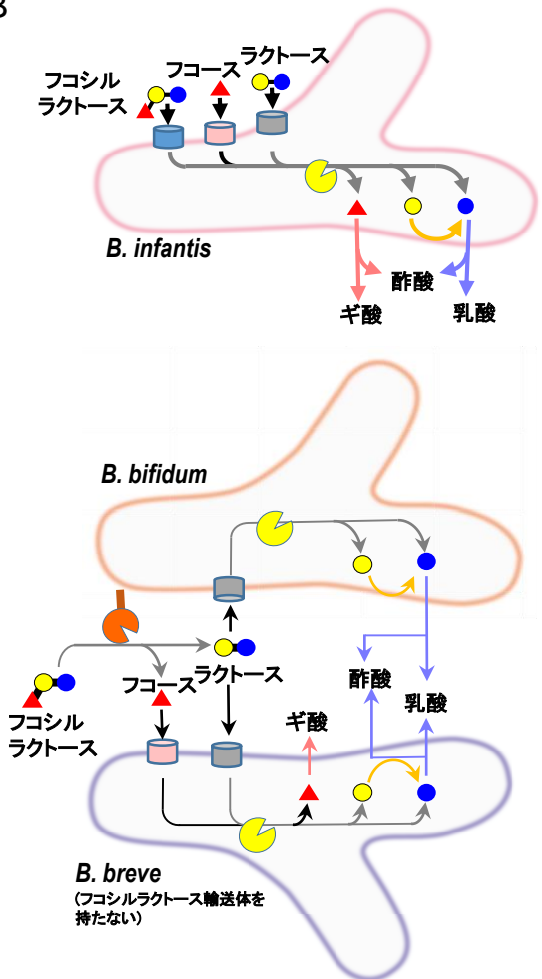
Enterobacterales優勢菌叢が形成されていたサンプルのSCFAプロファイルは多くが1型であり、Clostridiales優勢菌叢が形成されていたサンプルのSCFAプロファイルは多くが3型であった。一方、Bifidobacteriales優勢菌叢の場合は全てのSCFAプロファイルが含まれていたが、2型SCFAプロファイルに該当するサンプルの多くはBifidobacteriales優勢の菌叢が形成されていた。

A



■ L-フコース脱水素酵素	□ L-フコース ムタターゼ	■ FL輸送体
■ L-フコノラクトナーゼ	■ α-L-フコシダーゼ	■ FL輸送体基質結合蛋白
■ L-フコネート脱水酵素	■ L-フコース輸送体	■ レギュレーター
■ 2-デヒドロ-3-デオキシペンタオネート アルドラーゼ		

B



糖	輸送体	糖分解酵素	経路
● グルコース	■ フコース	● 菌体内	→ 輸送 → ビフィドシャント
● ガラクトース	■ ラクトース	● 菌体外	→ 加水分解 → フコース代謝
▲ フコース			→ ルロワール

補足図4. ビフィズス菌による乳酸とギ酸の産生

(A) フコシルラクトースおよびフコースからギ酸を産生する経路(上段)および フコースの取り込み・代謝に関する遺伝子群のビフィズス菌種・菌株間バリエーション(下段)。上段に示す矢印の色は、下段に示す遺伝子がコードする酵素との対応を意味する。(B) 主要な乳児ビフィズス菌の代謝経路の模式図。*B. infantis*(上段)は単独でフコシルラクトースを利用して、乳酸とギ酸を産生する。*B. bifidum*(下段)はフコースを利用することができないが、フコシルラクトースを分解する細胞外酵素(フコシダーゼ)をもつ。その作用によりフコシルラクトースがフコースとラクトースに分解され、遊離したフコースは*B. breve*に取り込まれてギ酸に変換される。また、遊離したラクトースは*B. bifidum*と*B. breve*のいずれも利用可能であり、乳酸に変換される。