

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公表特許公報(A)

(11) 特許出願公表番号

特表2017-515455

(P2017-515455A)

(43) 公表日 平成29年6月15日(2017.6.15)

(51) Int.Cl.	F I	テーマコード (参考)
C 1 2 N 15/09 (2006.01)	C 1 2 N 15/00 Z N A A	4 B 0 5 0
C 1 2 P 19/12 (2006.01)	C 1 2 P 19/12	4 B 0 6 4
C 1 2 N 1/21 (2006.01)	C 1 2 N 1/21	4 B 0 6 5
C 1 2 N 9/10 (2006.01)	C 1 2 N 9/10	

審査請求 未請求 予備審査請求 未請求 (全 105 頁)

(21) 出願番号 特願2016-549476 (P2016-549476)
 (86) (22) 出願日 平成27年5月14日 (2015. 5. 14)
 (85) 翻訳文提出日 平成28年10月27日 (2016. 10. 27)
 (86) 国際出願番号 PCT/US2015/030823
 (87) 国際公開番号 W02015/175801
 (87) 国際公開日 平成27年11月19日 (2015. 11. 19)
 (31) 優先権主張番号 61/993, 742
 (32) 優先日 平成26年5月15日 (2014. 5. 15)
 (33) 優先権主張国 米国 (US)

(71) 出願人 513206809
 グリコシン リミテッド ライアビリティ
 ー カンパニー
 アメリカ合衆国 マサチューセッツ州 ウ
 ォルサム ウィンター ストリート 89
 O スイート 208
 (74) 代理人 100102978
 弁理士 清水 初志
 (74) 代理人 100102118
 弁理士 春名 雅夫
 (74) 代理人 100160923
 弁理士 山口 裕孝
 (74) 代理人 100119507
 弁理士 刑部 俊

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 フコシル化オリゴ糖の生産に使用するためのアルファ (1, 2) フコシルトランスフェラーゼ・シンジーン

(57) 【要約】

本発明は、フコシル化オリゴ糖を生産するよう大腸菌 (*E. coli*) またはその他の宿主生産細菌株を改変するための組成物および方法、ならびに感染の予防または処置におけるその使用を提供する。

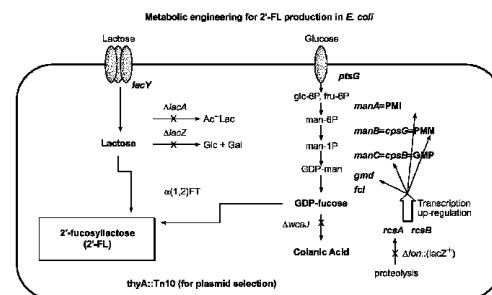
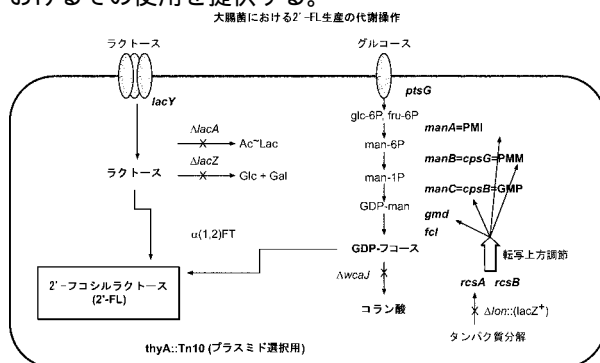


FIG. 2

【特許請求の範囲】

【請求項 1】

外因性ラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素を含む細菌を提供する工程を含み、該酵素のアミノ酸配列がFutC (SEQ ID NO:1) に対して少なくとも22%の同一性を有する、細菌内でフコシル化オリゴ糖を生産する方法。

【請求項 2】

外因性ラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素を含む細菌を提供する工程を含み、該酵素のアミノ酸配列がFutN (SEQ ID NO:3) に対して少なくとも25%の同一性を有する、細菌内でフコシル化オリゴ糖を生産する方法。

【請求項 3】

(1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素が、パラバクテロイデス・ジョンソニイ (*Parabacteroides johnsonii*) FutX、ラクノスピラセアエ (*Lachnospiraceae*) 種FutQ、プレボテラ・メラニノゲニカ (*Prevotella melaninogenica*) FutO、プレボテラ種FutW、バクテロイデス (*Bacteroides*) 種FutZA、タネレラ (*Tannerella*) 種FutS、クロストリジウム・ボルテアエ (*Clostridium bolteae*) +13 FutP、バクテロイデス・カカエ (*Bacteroides caccae*) FutU、サルモネラ菌 (*Salmonella enterica*) FutZ、メタノスファエルラ・パルストリス (*Methanosphaerula palustries*) FutR、ブチリビブリオ (*Butyrivibrio*) FutV、アケルマンシア・ムシニフィリア (*Akkermansia muciniphilia*) FutY、クロストリジウム・ボルテアエFutP、またはそれらの機能的変種もしくはフラグメントから選択されるいずれか一つを含む、請求項1または2記載の方法。

【請求項 4】

(1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素が、アミノ酸配列SEQ ID NO:10~21および292のいずれか一つまたはそれらの機能的変種もしくはフラグメントを含む、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 5】

前記細菌からまたは前記細菌の培養上清からフコシル化オリゴ糖を回収する工程をさらに含む、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 6】

フコシル化オリゴ糖が、2'-フコシルラクトース (2'-FL)、ラクトジフコテトラオース (LDFT)、ラクト-N-フコペンタオースI (LNF I)、またはラクト-N-ジフコヘキサオースI (LDFH I) を含む、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 7】

前記細菌がさらに、外因性ラクトース利用性 (1,3)フコシルトランスフェラーゼ酵素および/または外因性ラクトース利用性 (1,4)フコシルトランスフェラーゼ酵素を含む、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 8】

外因性ラクトース利用性 (1,3)フコシルトランスフェラーゼ酵素が、ピロリ菌 (*Helicobacter pylori*) 26695 futA遺伝子を含む、請求項7記載の方法。

【請求項 9】

外因性ラクトース利用性 (1,4)フコシルトランスフェラーゼ酵素が、ピロリ菌UA948 FucTa遺伝子またはピロリ菌株DMS6709 FucT III遺伝子を含む、請求項7記載の方法。

【請求項 10】

前記細菌がさらに、減少したレベルの α -ガラクトシダーゼ活性、不完全なコラン酸合成経路、不活性化されたATP依存性細胞内プロテアーゼ、不活性化されたlacAまたはそれらの組み合わせを伴う、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 11】

トリプトファンの存在下およびチミジンの非存在下で前記細菌を培養する工程をさらに含む、請求項10記載の方法。

【請求項 12】

減少したレベルの α -ガラクトシダーゼ活性が、前記細菌の欠失もしくは不活性化され

10

20

30

40

50

た内因性lacZ遺伝子および／または欠失もしくは不活性化された内因性lacI遺伝子を伴う、請求項10記載の方法。

【請求項 1 3】

減少したレベルの β -ガラクトシダーゼ活性がさらに、野生型細菌より低い β -ガラクトシダーゼ活性レベルを含む外因性lacZ遺伝子またはその変種を伴う、請求項12記載の方法。

【請求項 1 4】

減少したレベルの β -ガラクトシダーゼ活性が、野生型細菌より低い活性レベルを含む、請求項10記載の方法。

【請求項 1 5】

減少したレベルの β -ガラクトシダーゼ活性が、6,000単位未満の β -ガラクトシダーゼ活性を含む、請求項14記載の方法。

【請求項 1 6】

減少したレベルの β -ガラクトシダーゼ活性が、1,000単位未満の β -ガラクトシダーゼ活性を含む、請求項14記載の方法。

【請求項 1 7】

前記細菌が、lacY遺伝子の直接上流にlacIq遺伝子プロモーターを含む、請求項10記載の方法。

【請求項 1 8】

不完全なコラン酸合成経路が、前記細菌のwcaJ遺伝子の不活性化を伴う、請求項10記載の方法。

【請求項 1 9】

不活性化されたATP依存性細胞内プロテアーゼが、内因性lon遺伝子のヌル変異、不活性化変異、または欠失である、請求項10記載の方法。

【請求項 2 0】

内因性lon遺伝子の不活性化変異が、機能性大腸菌(E.coli) lacZ⁺遺伝子の挿入を含む、請求項19記載の方法。

【請求項 2 1】

前記細菌がさらに、機能性ラクトースパーミターゼ遺伝子を含む、請求項10記載の方法。

【請求項 2 2】

前記細菌が、大腸菌lacYを含む、請求項21記載の方法。

【請求項 2 3】

前記細菌がさらに、外因性大腸菌rcsAまたは大腸菌rcsB遺伝子を含む、請求項10記載の方法。

【請求項 2 4】

前記細菌がさらに、thyA遺伝子内に変異を含む、請求項10記載の方法。

【請求項 2 5】

前記細菌が、外因性ラクトースの存在下で細胞内ラクトースを蓄積する、請求項10記載の方法。

【請求項 2 6】

前記細菌が、細胞内GDP-フコースを蓄積する、請求項10記載の方法。

【請求項 2 7】

前記細菌が大腸菌である、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 2 8】

生産株が、バチルス(Bacillus)、パントエア(Pantoea)、ラクトバチルス(Lactobacillus)、ラクトコッカス(Lactococcus)、ストレプトコッカス(Streptococcus)、プロプリオニバクテリウム(Propionibacterium)、エンテロコッカス(Enterococcus)、ビフィドバクテリウム(Bifidobacterium)、スポロラクトバチルス(Sporolactobacillus)、ミクロモモスポラ(Micromomospora)、ミクロコッカス(Micrococcus)、ロドコッ

10

20

30

40

50

カス (*Rhodococcus*)、またはシュードモナス (*Pseudomonas*) 属のメンバーである、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 29】

生産株が、バチルス・リケニフォルミス (*Bacillus licheniformis*)、バチルス・サブチリス (*Bacillus subtilis*)、バチルス・コアグランス (*Bacillus coagulans*)、バチルス・サーモフィルス (*Bacillus thermophilus*)、バチルス・ラテロスポールス (*Bacillus laterosporus*)、バチルス・メガテリウム (*Bacillus megaterium*)、バチルス・ミコイデス (*Bacillus mycoides*)、バチルス・プミルス (*Bacillus pumilus*)、バチルス・レントス (*Bacillus lentus*)、バチルス・セレウス (*Bacillus cereus*)、およびバチルス・サーキュランス (*Bacillus circulans*)、エルウイニア・ヘルビコラ (*Erwinia herbicola*) (パントエア・アグロメランス (*Pantoea agglomerans*))、シトロバクター・フロインディ (*Citrobacter freundii*)、パントエア・シトレア (*Pantoea citrea*)、ペクトバクテリウム・カロトボルム (*Pectobacterium carotovorum*)、ザントモナス・カンペストリス (*Xanthomonas campestris*)、ラクトバチルス・アシドフィルス (*Lactobacillus acidophilus*)、ラクトバチルス・サリバリウス (*Lactobacillus salivarius*)、ラクトバチルス・プランタルム (*Lactobacillus plantarum*)、ラクトバチルス・ヘルベティクス (*Lactobacillus helveticus*)、ラクトバチルス・デルブリュッキイ (*Lactobacillus delbrueckii*)、ラクトバチルス・ラムノサス (*Lactobacillus rhamnosus*)、ラクトバチルス・ブルガリクス (*Lactobacillus bulgaricus*)、ラクトバチルス・クリスパータス (*Lactobacillus crispatus*)、ラクトバチルス・ガセリ (*Lactobacillus gasseri*)、ラクトバチルス・カゼイ (*Lactobacillus casei*)、ラクトバチルス・ロイテリ (*Lactobacillus reuteri*)、ラクトバチルス・イエンセニイ (*Lactobacillus jensenii*)、ラクトコッカス・ラクティス (*Lactococcus lactis*)、ストレプトコッカス・サーモフィルス (*Streptococcus thermophilus*)、プロブリオニバクテリウム・フロイデンライシイ (*Propionibacterium freudenreichii*)、エンテロコッカス・フェシウム (*Enterococcus faecium*)、エンテロコッカス・サーモフィルス (*Enterococcus thermophilus*)、ビフィドバクテリウム・ロングム (*Bifidobacterium longum*)、ビフィドバクテリウム・インファンティス (*Bifidobacterium infantis*)、ビフィドバクテリウム・ビフィダム (*Bifidobacterium bifidum*)、シュードモナス・フルオレッセンス (*Pseudomonas fluorescens*)、およびシュードモナス・エルギノーサ (*Pseudomonas aeruginosa*) からなる群より選択される、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 30】

前記細菌が、(1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素をコードする単離された核酸を含む核酸コンストラクトを含む、前記請求項のいずれか一項記載の方法。

【請求項 31】

前記核酸が、細菌内での前記酵素の産生を誘導する1つまたは複数の異種制御配列に機能的に連結されている、請求項30記載の方法。

【請求項 32】

異種制御配列が、細菌プロモーターおよびオペレーター、細菌リボソーム結合部位、細菌転写ターミネーター、またはプラスミド選択マーカを含む、請求項31記載の方法。

【請求項 33】

前記請求項のいずれか一項によって生産された、精製されたフコシル化オリゴ糖。

【請求項 34】

宿主細菌生産株内での該酵素の産生のための、ラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素をコードする単離された核酸を含む核酸コンストラクトであって、該酵素のアミノ酸配列がFutC (SEQ ID NO:1) に対して少なくとも22%の同一性を有する、核酸コンストラクト。

【請求項 35】

宿主細菌生産株内での該酵素の産生のための、ラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素をコードする単離された核酸を含む核酸コンストラクトであって、該

10

20

30

40

50

酵素のアミノ酸配列がFutN (SEQ ID NO:3) に対して少なくとも25%の同一性を有する、核酸コンストラクト。

【請求項36】

(1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素が、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX、ラクノスピラセアエ種FutQ、プレボテラ・メラニノゲニカFutO、プレボテラ種FutW、バクテロイデス種FutZA、タネレラ種FutS、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP、バクテロイデス・カカエFutU、サルモネラ菌FutZ、メタノスファエルラ・パルストリスFutR、ブチリビブリオFutV、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY、クロストリジウム・ボルテアエFutP、またはそれらの機能的変種もしくはフラグメントから選択されるいずれか一つを含む、請求項34または35記載のコンストラクト。

10

【請求項37】

(1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素が、アミノ酸配列SEQ ID NO:10~21および292のいずれか一つまたはそれらの機能的変種もしくはフラグメントを含む、請求項34~36のいずれか一項記載のコンストラクト。

【請求項38】

前記核酸が、細菌内での前記酵素の産生を誘導する1つまたは複数の異種制御配列に機能的に連結されている、請求項34~37のいずれか一項記載のコンストラクト。

【請求項39】

異種制御配列が、細菌プロモーターおよびオペレーター、細菌リボソーム結合部位、細菌転写ターミネーター、プラスミド選択マーカー、および/または複製起点を含む、請求項38記載のコンストラクト。

20

【請求項40】

ラクトース受容性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素をコードする単離された核酸を含む単離された細菌であって、該核酸によってコードされる酵素のアミノ酸配列がFutC (SEQ ID NO:1) に対して少なくとも22%の同一性を有する、単離された細菌。

【請求項41】

ラクトース受容性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素をコードする単離された核酸を含む単離された細菌であって、該核酸によってコードされる酵素のアミノ酸配列がFutN (SEQ ID NO:3) に対して少なくとも25%の同一性を有する、単離された細菌。

【請求項42】

(1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素が、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX、ラクノスピラセアエ種FutQ、プレボテラ・メラニノゲニカFutO、プレボテラ種FutW、バクテロイデス種FutZA、タネレラ種FutS、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP、バクテロイデス・カカエFutU、サルモネラ菌FutZ、メタノスファエルラ・パルストリスFutR、ブチリビブリオFutV、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY、クロストリジウム・ボルテアエFutP、またはそれらの機能的変種もしくはフラグメントから選択されるいずれか一つを含む、請求項40または41記載の単離された細菌。

30

【請求項43】

(1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素が、アミノ酸配列SEQ ID NO:10~21および292のいずれか一つまたはそれらの機能的変種もしくはフラグメントを含む、請求項40~42のいずれか一項記載の単離された細菌。

40

【請求項44】

(1,3)フコシルトランスフェラーゼ酵素および/または (1,4)フコシルトランスフェラーゼ酵素をさらに含む、請求項40~43のいずれか一項記載の単離された細菌。

【請求項45】

大腸菌である、請求項40~44のいずれか一項記載の単離された細菌。

【請求項46】

減少したレベルの -ガラクトシダーゼ活性、不完全なコラン酸合成経路、不活性化されたアデノシン-5'-三リン酸(ATP)依存性細胞内プロテアーゼ、不活性化された内因性lacA遺伝子、またはそれらの任意の組み合わせをさらに伴う、請求項40~45のいずれか一

50

項記載の単離された細菌。

【請求項 47】

遺伝子型 $\text{amp}^C::P_{\text{trp}}^{\text{Bcl}}$, $(\text{lacI}-\text{lacZ})::\text{FRT}$, $P_{\text{lacIq}}\text{lacY}^+$, $\text{wcaJ}::\text{FRT}$, $\text{thyA}::\text{Tn10}$, $\text{lon}:(\text{npt3}, \text{lacZ}^+)$ を含む、請求項46記載の単離された細菌。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

発明の分野

本発明は、精製されたオリゴ糖、特に、典型的にはヒト乳中に見出される特定のフコシル化オリゴ糖を生産するための組成物および方法を提供する。

10

【背景技術】

【0002】

発明の背景

ヒト乳は、多種で豊富な中性および酸性オリゴ糖群を含んでいる。130を超える異なる複合オリゴ糖がヒト乳において同定されており、それらの構造の多様さおよび豊富さは、ヒトに特有である。これらの分子は、栄養分としては乳児によって直接利用されないかもしれないが、そうであったとしてもそれらは健康な腸内微生物環境の確立、疾患の予防および免疫機能において重要な役割を果たしている。本明細書に記載される本発明より以前は、ヒト乳オリゴ糖 (HMOS) を安価で生産する能力に問題があった。例えば、化学合成を通じたそれらの生産は立体特異性の問題、前駆体の入手性、生産物の不純度およびかさむ総費用によって制限されていた。そのため、多量のHMOSを安価で生産する新しい戦略が切に求められている。

20

【発明の概要】

【0003】

本発明は、効率的かつ経済的なフコシル化オリゴ糖生産方法の特徴とする。そのようなフコシル化オリゴ糖生産は、細菌、例えば大腸菌 (*Escherichia coli* (*E. coli*)) において組み換えフコシルトランスフェラーゼ遺伝子産物の生産を誘導する1つまたは複数の異種制御配列に機能的に連結された、ラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ遺伝子産物 (例えば、ポリペプチドまたはタンパク質) をコードする配列を含む単離された核酸を用いて達成される。

30

【0004】

本開示は、ラクトースを利用し、アルファ-1,2-結合におけるGDP-フコースドナー基質からアクセプター基質へのL-フコース糖の転移を触媒する新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼ (本明細書で (1,2)FTとも呼ばれる) を提供する。好ましい態様において、アクセプター基質は、オリゴ糖である。本明細書で特定され本明細書に記載されている

(1,2)フコシルトランスフェラーゼは、ヒトミルクオリゴ糖 (HMOS)、例えばフコシル化オリゴ糖の生産のために宿主細菌において発現させるのに有用である。本明細書に記載される方法によって生産される例示的なフコシル化オリゴ糖は、2'-フコシルラクトース (2'FL) またはラクトジフコテトラオース (LDFT)、ラクト-N-フコペンタオース I (LNF I) またはラクト-N-ジフコヘキサオース I (LDFH I) を含む。本明細書に開示される「 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ」は、 (1,2)フコシルトランスフェラーゼのアミノ酸配列および (1,2)フコシルトランスフェラーゼをコードする核酸配列、ならびに (1,2)フコシルトランスフェラーゼ活性を示すその変種およびフラグメントを包含する。ラクトース受容性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素をコードする単離された核酸を含み、該核酸が任意で宿主細菌生産株内での該酵素の生産を誘導する1つまたは複数の異種制御配列に機能的に連結されている核酸コンストラクトも、本発明の範囲内である。

40

【0005】

本明細書に記載されるラクトース受容性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼのアミノ酸配列は、ヘリコバクター・ピロリ (*Helicobacter pylori*) 26695アルファ-(1,2)フコシルトランスフェラーゼ (*futC*またはSEQ ID NO:1) に対して少なくとも15%、少なくとも2

50

0%、少なくとも25%、少なくとも30%、少なくとも35%、少なくとも40%、少なくとも45%、少なくとも50%、少なくとも55%、少なくとも60%、少なくとも65%、少なくとも70%、少なくとも75%、少なくとも80%、少なくとも85%、少なくとも90%、少なくとも95%同一である。好ましくは、本明細書に記載されるラクトース受容性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼは、H.ピロリ FutCまたはSEQ ID NO:1に対して少なくとも22%同一である。

【0006】

別の局面において、本明細書に記載されるラクトース受容性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼのアミノ酸配列は、バクテロイデス・ブルガタス (*Bacteroides vulgatus*) アルファ-(1,2)フコシルトランスフェラーゼ (FutNまたはSEQ ID NO:3) に対して少なくとも15%、少なくとも20%、少なくとも25%、少なくとも30%、少なくとも35%、少なくとも40%、少なくとも45%、少なくとも50%、少なくとも55%、少なくとも60%、少なくとも65%、少なくとも70%、少なくとも75%、少なくとも80%、少なくとも85%、少なくとも90%、少なくとも95%同一である。好ましくは、本明細書に記載されるラクトース受容性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼは、B.ブルガタス FutNまたはSEQ ID NO:3に対して少なくとも25%同一である。

10

【0007】

あるいは、外因性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼは、好ましくは、本明細書に開示される新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼのいずれか一つに対して、例えば表1のアミノ酸配列に対して少なくとも15%、少なくとも20%、少なくとも25%、少なくとも30%、少なくとも35%、少なくとも40%、少なくとも45%、少なくとも50%、少なくとも55%、少なくとも60%、少なくとも65%、少なくとも70%、少なくとも75%、少なくとも80%、少なくとも85%、少なくとも90%、少なくとも95%の同一性を有する。

20

【0008】

例示的な (1,2)フコシルトランスフェラーゼは、プレボテラ・メラニノゲニカ (*Prevotella melaninogenica*) FutO、クロストリジウム・ボルテアエ (*Clostridium bolteae*) FutP、クロストリジウム・ボルテアエ +13 FutP、ラクノスピラセアエ (*Lachnospiraceae*) 種FutQ、メタノスファエルラ・パルストリス (*Methanosphaerula palustris*) FutR、タネレラ (*Tannerella*) 種FutS、バクテロイデス・カカエ (*Bacteroides caccae*) FutU、ブチリビブリオ (*Butyrivibrio*) FutV、プレボテラ (*Prevotella*) 種FutW、パラバクテロイデス・ジョンソニイ (*Parabacteroides johnsonii*) FutX、アケルマンシア・ムシニフィリア (*Akkermansia muciniphilia*) FutY、サルモネラ菌 (*Salmonella enterica*) FutZ、バクテロイデス (*Bacteroides*) 種FutZAを含むがこれらに限定されない。例えば、(1,2)フコシルトランスフェラーゼは、以下のいずれか一つを含むアミノ酸配列を含む：プレボテラ・メラニノゲニカFutO (SEQ ID NO:10)、クロストリジウム・ボルテアエFutP (SEQ ID NO:11)、クロストリジウム・ボルテアエ +13 FutP (SEQ ID NO:292)、ラクノスピラセアエ種FutQ (SEQ ID NO:12)、メタノスファエルラ・パルストリスFutR (SEQ ID NO:13)、タネレラ種FutS (SEQ ID NO:14)、バクテロイデス・カカエFutU (SEQ ID NO:15)、ブチリビブリオFutV (SEQ ID NO:16)、プレボテラ種FutW (SEQ ID NO:17)、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX (SEQ ID NO:18)、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY (SEQ ID NO:19)、サルモネラ菌FutZ (SEQ ID NO:20) およびバクテロイデス種FutZA (SEQ ID NO:21) またはそれらの機能的変種もしくはフラグメント。他の例示的な (1,2)フコシルトランスフェラーゼは、表1に列挙される酵素のいずれかまたはそれらの機能的変種もしくはフラグメントを含む。

30

40

【0009】

本発明は、少なくとも1つの外因性ラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼを発現する細菌を提供することによる、細菌においてフコシル化オリゴ糖を生産する方法を特徴とする。外因性ラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼのアミノ酸配列は、好ましくは、H.ピロリFutCに対して少なくとも22%同一またはB.ブルガタスFutNに対して少なくとも25%同一である。1つの局面において、細菌はまた、1つもしくは複

50

数の外因性ラクトース利用性 (1,3)フコシルトランスフェラーゼ酵素および/または1つもしくは複数の外因性ラクトース利用性 (1,4)フコシルトランスフェラーゼ酵素も発現する。生産細菌において発現されるフコシルトランスフェラーゼの組み合わせは、望まれるフコシル化オリゴ糖産物に依存する。本明細書に開示される方法はさらに、細菌または細菌の培養上清からフコシル化オリゴ糖を回収する工程を含む。

【0010】

適当な (1,3)フコシルトランスフェラーゼ酵素の例は、ヘリコバクター・ピロリ26695 futA遺伝子(参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号HV532291 (GI:365791177))、H.ヘパティカス(H. hepaticus) Hh0072、H.ピロリ11639 FucTおよびH.ピロリUA948 FucTa(例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号AF194963 (GI:28436396)) (Rasko, D.A., Wang, G., Palcic, M.M. & Taylor, D.E. J Biol Chem 275, 4988-4994 (2000))を含むがこれらに限定されない。適当な (1,4)フコシルトランスフェラーゼ酵素の例は、H.ピロリUA948 FucTa(緩いアクセプター特異性を有し、(1,3)-および(1,4)-フコシル結合の両方を生成することができる)を含むがこれに限定されない。(1,4)フコシルトランスフェラーゼ活性のみを有する酵素の例は、ヘリコバクター・ピロリDMS6709株由来のFucT III酵素(例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号AY450598.1 (GI:40646733)) (S. Rabbani, V. Miksa, B. Wipf, B. Ernst, Glycobiology 15, 1076-83 (2005))によって示される。

10

20

【0011】

本発明はまた、本明細書に記載される少なくとも1つの (1,2)フコシルトランスフェラーゼもしくは変種、またはそれらのフラグメントをコードする核酸を含む核酸コンストラクトまたはベクターを特徴とする。ベクターはさらに、1つまたは複数の調節エレメント、例えば異種プロモーターを含み得る。「異種」は、制御配列とタンパク質コード配列が異なる細菌株由来であることを意味する。調節エレメントは、融合タンパク質を発現するよう、タンパク質をコードする遺伝子、融合タンパク質遺伝子をコードする遺伝子コンストラクトまたはオペロン内で連結された遺伝子群に機能的に連結され得る。さらに別の局面において、本発明は、単離された組み換え細胞、例えば上記の核酸分子またはベクターを含む細菌細胞を含む。核酸は、任意で、宿主細菌のゲノムに組み込まれる。いくつかの態様において、核酸コンストラクトはまた、1つもしくは複数の (1,3)フコシルトランスフェラーゼおよび/または (1,4)フコシルトランスフェラーゼをさらに含む。あるいは、(1,2)フコシルトランスフェラーゼが、(1,3)フコシルトランスフェラーゼおよび/または (1,4)フコシルトランスフェラーゼ活性も示す。

30

【0012】

本明細書に記載される生産方法において利用される細菌は、フコシル化オリゴ糖産物の効率および収量を高めるよう遺伝子操作される。例えば、宿主生産細菌は、減少したレベルの -ガラクトシダーゼ活性、不完全なコラン酸合成経路、不活性化されたATP依存性細胞内プロテアーゼ、不活性化されたlacAまたはそれらの組み合わせを有することで特徴付けられる。1つの態様において、細菌は、減少したレベルの -ガラクトシダーゼ活性、不完全なコラン酸合成経路、不活性化されたATP依存性細胞内プロテアーゼおよび不活性化されたlacAを有することで特徴付けられる。

40

【0013】

本明細書で使用される場合、「不活性化された」遺伝子、コードされる遺伝子産物(すなわち、ポリペプチド)もしくは経路またはそれらの「不活性化」は、その遺伝子、遺伝子産物または経路の発現(すなわち、転写もしくは翻訳)、タンパク質レベル(すなわち、翻訳、分解率)または酵素活性の減少または消滅を表す。経路が不活性化される例において、好ましくはその経路の1つの酵素またはポリペプチドが、減少したまたは無視できる程度の活性を示す。例えば、野生型細菌またはインタクトな経路と比較してその経路の生産物が低レベルで生産されるようその経路の酵素が変更、欠失または変異される。あるいは、その経路の生産物は生産されない。遺伝子の不活性化は、その遺伝子が転写または

50

翻訳されないようにするその遺伝子またはその遺伝子の調節エレメントの欠失または変異によって達成される。ポリペプチドの不活性化は、その遺伝子産物をコードする遺伝子の欠失もしくは変異またはその活性を破壊するポリペプチドの変異によって達成され得る。不活性化変異は、その遺伝子またはポリペプチドの発現または活性を減少または消滅させる核酸またはアミノ酸配列の1つまたは複数のヌクレオチドまたはアミノ酸の付加、欠失または置換を含む。他の態様において、ポリペプチドの不活性化は、そのポリペプチドの活性が減少または消滅するよう（すなわち、立体障害によって）そのポリペプチドのNまたはC末端に外因性配列（すなわち、タグ）を付加することを通じて達成される。

【0014】

本明細書に記載される生産システムに適した宿主細菌は、ラクトースおよび/またはGDP-10
P-フコースの増強されたまたは増大した細胞質または細胞内プールを示す。例えば、細菌は大腸菌（*E. coli*）であり、内因性の大腸菌代謝経路および遺伝子が、野生型大腸菌において見出されるレベルと比較して増大したラクトースおよび/またはGDP-フコースの細胞質濃度を生じるように操作される。好ましくは、細菌は、増大した細胞内ラクトースプールおよび増大した細胞内GDP-フコースプールを蓄積する。例えば、細菌は、本明細書に記載される遺伝子修飾を欠く対応する野生型細菌と比較して少なくとも10%、20%、50%もしくは2倍、5倍、10倍またはそれ以上のレベルの細胞内ラクトースおよび/または細胞内GDP-フコースを含む。

【0015】

野生型細菌との比較で増大した宿主細菌内のラクトースの細胞内濃度は、ラクトース輸20
入、輸出および異化に関する遺伝子および経路の操作によって達成される。特に、内因性 β -ガラクトシダーゼ遺伝子（*lacZ*）およびラクトースオペロンレプレッサー遺伝子（*lacI*）の同時欠失によりヒトミルクオリゴ糖を生産するよう遺伝子操作された大腸菌において細胞内ラクトースレベルを増大させる方法が本明細書に記載される。この欠失を構築する間に、*lacIq*プロモーターはラクトースパーミターゼ遺伝子*lacY*の直接上流に（それと隣接するように）配置される、すなわち、*lacY*遺伝子が*lacIq*プロモーターによる転写調節下にあるよう、*lacIq*プロモーターの配列が*lacY*遺伝子をコードする配列の開始点の直接上流に位置しかつ隣接する。この改変された株は、（*lacY*を通じて）培養培地からラクトースを輸送するその能力を維持しているが、ラクトース異化を担う（ β -ガラクトシ30
ダーゼをコードする）*lacZ*遺伝子の野生型染色体コピーを欠失している。したがって、この改変された株が外因性ラクトースの存在下で培養されたとき、細胞内ラクトースプールが形成される。

【0016】

大腸菌においてラクトースの細胞内濃度を増大させる別の方法は、*lacA*遺伝子の不活性化を利用する。*lacA*の不活性化変異、ヌル変位または欠失は、細胞内アセチル-ラクトースの形成を妨げ、これにより混入物質としてのこの分子がその後の精製物から除去されるだけでなく、過剰なラクトースをその細胞質から輸出する大腸菌の能力が消失し（Danchin A. Cells need safety valves. Bioessays 2009, Jul;31(7):769-73.）、それによって大腸菌の細胞内ラクトースプールの意図的な操作が大いに促進される。

【0017】

本発明はまた、その生物の内因性コラン酸生合成経路を操作することによって細菌においてGDP-フコースの細胞内レベルを増大させる方法を提供する。この増大は、コラン酸前駆体生合成に直接関与するかまたはコラン酸合成レギュロンの全体制御に関与するかのいずれかの内因性大腸菌遺伝子の多くの遺伝的修飾を通じて達成される。GDP-フコース（ドナー基質）の産生後およびコラン酸の生成前にコラン酸合成経路に作用する遺伝子またはコードされるポリペプチドの不活性化が特に好ましい。例示的なコラン酸合成遺伝子は、*wcaJ*遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAA15900（GI:1736749））、*wcaA*遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAA15912.1（GI:1736762））、*wcaC*遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション40
50

番号（アミノ酸）BAE76574.1（GI:85675203））、wcaE遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAE76572.1（GI:85675201））、wcaI遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAA15906.1（GI:1736756））、wcaL遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAA15898.1（GI:1736747））、wcaB遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAA15911.1（GI:1736761））、wcaF遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAA15910.1（GI:1736760））、wzxE遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAE77506.1（GI:85676256））、wzxC遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAA15899（GI:1736748））、wcaD遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAE76573（GI:85675202））、wza遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAE76576（GI:85675205））、wzb遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAE76575（GI:85675204））およびwzc遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号（アミノ酸）BAA15913（GI:1736763））を含むがこれらに限定されない。

10

【0018】

好ましくは、宿主細菌、例えば大腸菌は、UDP-グルコース脂質キャリアトランスフェラーゼをコードするwcaJ遺伝子の不活性化によってヒトミルクオリゴ糖を生産するよう遺伝子操作される。wcaJ遺伝子の不活性化は、コードされるwcaJの活性が野生型大腸菌と比較して減少または消滅するwcaJ遺伝子の遺伝子欠失、ヌル変異または不活性化変異によるものであり得る。wcaJヌルの背景の下で、GDP-フコースは、大腸菌の細胞質に蓄積される。

20

【0019】

コラン酸合成経路における正の調節タンパク質RcsA（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号M58003（GI:1103316））の過剰発現は、細胞内GDP-フコースレベルを増大させる。コラン酸生合成のさらなる正の調節因子、すなわちRcsB（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号E04821（GI:2173017））の過剰発現もまた、細胞内GDP-フコースレベルを増大させるために、RcsAの過剰発現に代えてまたはそれに加えてのいずれかで利用される。

30

【0020】

あるいは、コラン酸生合成は、大腸菌lon遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号L20572（GI:304907））への変異の導入後に増大する。lonは、大腸菌におけるコラン酸生合成の正の転写調節因子として前出のRcsAの分解を担うアデノシン-5'-三リン酸（ATP）依存性細胞内プロテアーゼである。lonヌルの背景の下で、RcsAは安定化され、RcsAレベルが増大し、大腸菌においてGDP-フコース合成を担う遺伝子が上方調節され、細胞内GDP-フコース濃度が増強される。本明細書に示される方法と共に使用するのに適したlonの変異は、lonの発現または機能を妨害するヌル変異または挿入を含む。

40

【0021】

機能的なラクトースパーミターゼ遺伝子も細菌内に存在する。ラクトースパーミターゼ遺伝子は、内因性ラクトースパーミターゼ遺伝子または外因性ラクトースパーミターゼ遺伝子である。例えば、ラクトースパーミターゼ遺伝子は、大腸菌lacY遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号V00295（GI:41897））を含む。多くの細菌は、（例えば、パチルス・リケニフォルミス（*Bacillus licheniformis*）において見出されるような）大腸菌ラクトースパーミターゼのホモログであるかまたは（例えば、ラクトパチルス・カゼイ（*Lactobacillus casei*）およびラクトパチルス・ラムノサス（*Lactobacillus rhamnosus*）において見出されるような）偏在性PTS糖輸送ファミリーのメンバーであるトランスポーターのいずれかである輸送タンパク質を利用する

50

ことによって、成長培地から細胞内へとラクトースを輸送する生来的な能力を有している。細胞外ラクトースを細胞質に輸送する生来的な能力を欠く細菌の場合、この能力は、組み換えDNAコンストラクトにより提供され、プラスミド発現ベクター上でまたは宿主染色体に組み込まれた外因性遺伝子としてのいずれかで供給される外因性ラクトーストランスポーター遺伝子（例えば、大腸菌 *lacY*）によって付与される。

【0022】

本明細書に記載される場合、いくつかの態様において、宿主細菌は、好ましくは、減少したレベルの β -ガラクトシダーゼ活性を有する。細菌が内因性 β -ガラクトシダーゼ遺伝子の欠失によって特徴付けられる態様において、外因性 β -ガラクトシダーゼ遺伝子が細菌に導入される。例えば、外因性 β -ガラクトシダーゼ遺伝子を発現するプラスミドが細菌に導入されるか、または宿主ゲノムに組み換えもしくは組み込みされる。例えば、外因性 β -ガラクトシダーゼ遺伝子は、宿主細菌において不活性化される遺伝子、例えば *lon* 遺伝子に挿入される。

10

【0023】

外因性 β -ガラクトシダーゼ遺伝子は、いかなる遺伝子操作も欠く野生型細菌における β -ガラクトシダーゼ活性との比較で減少したまたは低いレベルの β -ガラクトシダーゼ活性によって特徴付けられる機能的な β -ガラクトシダーゼ遺伝子である。例示的な β -ガラクトシダーゼ遺伝子は、大腸菌 *lacZ* および多くの他の生物のいずれか由来の β -ガラクトシダーゼ遺伝子（例えば、 β -ガラクトシドから単糖への加水分解を触媒する *Kluyveromyces lactis* の *lac4* 遺伝子（例えば、参照により本明細書に組み入れられる、GenBankアクセッション番号 M84410 (GI:173304)）を含む。野生型大腸菌における β -ガラクトシダーゼ活性のレベルは、例えば、6,000単位である。したがって、本発明の改変宿主細菌に含まれる減少した β -ガラクトシダーゼ活性レベルは、6,000単位未満、5,000単位未満、4,000単位未満、3,000単位未満、2,000単位未満、1,000単位未満、900単位未満、800単位未満、700単位未満、600単位未満、500単位未満、400単位未満、300単位未満、200単位未満、100単位未満または50単位未満を含む。 β -ガラクトシダーゼの低い機能的なレベルは、0.05~1,000単位の間、 β -ガラクトシダーゼ活性レベル、例えば0.05~750単位の間、0.05~500単位の間、0.05~400単位の間、0.05~300単位の間、0.05~200単位の間、0.05~100単位の間、0.05~50単位の間、0.05~10単位の間、0.05~5単位の間、0.05~4単位の間、0.05~3単位の間または0.05~2単位の間、 β -ガラクトシダーゼ活性を含む。単位の定義および β -ガラクトシダーゼ活性を決定するアッセイに関しては、Miller JH, Laboratory CSH. Experiments in molecular genetics. Cold Spring Harbor Laboratory Cold Spring Harbor, NY; 1972;（参照により本明細書に組み入れられる）を参照のこと。この低レベルの細胞質 β -ガラクトシダーゼ活性は、細胞内ラクトースプールを有意に縮小するほど十分高くない。低レベルの β -ガラクトシダーゼ活性は、発酵の終了時における望ましくない残留ラクトースの除去を促進するのに非常に有用である。

20

30

【0024】

任意で、細菌は、不活性化された *thyA* 遺伝子を有する。好ましくは、宿主細菌における *thyA* 遺伝子内の変異は、選択マーカー遺伝子として *thyA* を有するプラスミドの維持を可能にする。例示的な代替の選択マーカーは、抗生物質耐性遺伝子、例えば *BLA*（ β -ラクタマーゼ）または *proBA* 遺伝子（*proAB* 宿主株のプロリン栄養要求性を補完するため）もしくは *purA*（*purA* 宿主株のアデニン栄養要求性を補完するため）を含む。

40

【0025】

1つの局面において、大腸菌は、遺伝子型 $\text{amp}^C::P_{trp}^B \text{cl}$, (*lacI-lacZ*)::FRT, P_{lac} , $l_{aq} \text{lacY}^+$, *wcaJ*::FRT, *thyA*::Tn10, *lon*:(*npt3*, *lacZ*⁺), *lacA* を含み、かつ本明細書に記載される外因性 (1,2) フコシルトランスフェラーゼのいずれか一つも含む。

【0026】

これらの特徴を有する細菌は、ラクトースの存在下で培養される。いくつかの例において、この方法はさらに、トリプトファンの存在下およびチミジンの非存在下で細菌を培養

50

する工程を含む。フコシル化オリゴ糖は、細菌（すなわち、細胞溶解産物）からまたは細菌の培養上清から回収される。

【0027】

本発明は、本明細書に記載される方法によって生産された、精製されたフコシル化オリゴ糖を提供する。治療用もしくは栄養補給用製品において使用するためにフコシル化オリゴ糖を精製するか、またはそのような製品において細菌を直接使用する。改変された細菌によって生産されるフコシル化オリゴ糖は、2'-フコシルラクトース（2'-FL）またはラクツジフコテトラオース（LDFT）である。新規のアルファ1,2-フコシルトランスフェラーゼはまた、アルファ1,2フコース部分を保有するより高分子量のHMOS、例えばラクト-N-フコペンタオース（LNF Ⅰ）およびラクト-N-ジフコヘキサオース（LDFH Ⅰ）を合成するのににも有用である。例えば、LDFTを生産するために、宿主細菌は、（1,3）フコシルトランスフェラーゼ活性も有する外因性（1,2）フコシルトランスフェラーゼ、または外因性（1,2）フコシルトランスフェラーゼおよび外因性（1,3）フコシルトランスフェラーゼを発現するように改変される。LNF ⅠおよびLDFH Ⅰの生産のために、宿主細菌は、（1,3）フコシルトランスフェラーゼ活性および／もしくは（1,4）フコシルトランスフェラーゼ活性も有する外因性（1,2）フコシルトランスフェラーゼ、または外因性（1,2）フコシルトランスフェラーゼ、外因性（1,3）フコシルトランスフェラーゼおよび外因性（1,4）フコシルトランスフェラーゼを発現するように改変される。

【0028】

上記の方法によって生産された精製されたフコシル化オリゴ糖もまた本発明の範囲内である。このプロセスの終了時に得られた精製されたオリゴ糖（2'-FL）は、白色／ややオフホワイト色、結晶性の甘い粉末である。例えば、本発明にしたがう改変された細菌、細菌培養上清または細菌細胞溶解産物は、本明細書に記載される方法によって生産された2'-FL、LDFT、LNF ⅠまたはLDFH Ⅰを含み、細胞、培養上清または溶解産物からのフコシル化オリゴ糖産物の精製の前に他のフコシル化オリゴ糖を実質的に含まない。一般的事項として、この方法によって生産されるフコシル化オリゴ糖は、2'-FL含有細胞、細胞溶解産物もしくは培養物、または上清中に無視できる量の、例えば2'-FLのレベルの1%未満または2'-FLのレベルの0.5%未満の3-FLを含む。さらに、本明細書に記載される方法によって生産されるフコシル化オリゴ糖はまた、しばしばフコシル化オリゴ糖産物、例えば2'-FLと共に精製され得る最小限の量の混入ラクトースを含む。この混入ラクトースの減少は、改変された宿主細菌中に存在する減少したレベルの -ガラクトシダーゼ活性によるものである。

【0029】

精製されたオリゴ糖、例えば2'-FL、LDFT、LNF Ⅰ、またはLDFH Ⅰは、重量で少なくとも90%、95%、98%、99%または100%（w/w）が所望のオリゴ糖であるものである。純度は、任意の公知の方法、例えば薄層クロマトグラフィーまたは当技術分野で公知のその他のクロマトグラフィー技術によって評価される。本発明は、上記の遺伝子改変された細菌により生産されたフコシル化オリゴ糖を精製する方法であって、所望のフコシル化オリゴ糖（例えば、2'-FL）を、細菌の細菌細胞溶解産物または細菌細胞培養上清中の混在物質から分離する工程を含む方法、を含む。

【0030】

オリゴ糖は、精製され、そしてヒトおよび動物、例えばコンパニオンアニマル（イヌ、ネコ）ならびに家畜（ウシ類、ウマ類、ヒツジ類、ヤギ類またはブタ類動物および家禽）によって消費される多くの製品において使用される。例えば、薬学的組成物は、精製された2'-FLおよび経口投与に適した薬学的に許容される賦形剤を含む。多量の2'-FLが細菌宿主、例えば外因性（1,2）フコシルトランスフェラーゼ遺伝子を含む大腸菌において生産される。

【0031】

精製されたヒト乳オリゴ糖（HMOS）を含む薬学的組成物を生産する方法は、上記の細菌を培養し、細菌によって生産されるHMOSを精製し、そしてHMOSを賦形剤または担体と組み

10

20

30

40

50

合わせて経口投与用栄養補助製品を生成することによって実施される。これらの組成物は、乳児および成人における腸および/または呼吸器疾患を予防または処置する方法において有用である。したがって、組成物は、そのような疾患を患っているまたはそのような疾患を発症する危険がある対象に投与される。

【0032】

本発明はまた、宿主細菌においてフコシル化オリゴ糖を、すなわち、大腸菌において2'-フコシルラクトース(2'-FL)を合成することができる(1,2)フコシルトランスフェラーゼ遺伝子を同定する方法を提供する。この新規のラクトース利用性(1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素を同定する方法は、以下の工程：

- 1) 配列データベースのコンピュータ検索を行い、任意の既知のラクトース利用性(1,2)フコシルトランスフェラーゼの単純配列ホモログ(simple sequence homolog)の大グループを定義する工程；
- 2) 工程(1)のリストを使用して、リストのメンバーによって共有されている共通配列および/または構造モチーフを含む検索プロフィールを抽出する工程；
- 3) 工程(2)で抽出された共通配列または構造モチーフに基づく検索プロフィールをクエリーとして使用して配列データベースを検索し、参照ラクトース利用性(1,2)フコシルトランスフェラーゼに対する配列相同性が既定のパーセントしきい値である候補配列を同定する工程；
- 4) 自然状態で(1,2)フコシル-グリカンを発現することで特徴づけられる候補生物のリストをコンパイルする工程；
- 5) 候補生物由来である候補配列を選択し、候補ラクトース利用性酵素のリストを生成する工程；
- 6) 宿主生物において候補ラクトース利用性酵素を発現させる工程；ならびに
- 7) ラクトース利用性(1,2)フコシルトランスフェラーゼ活性について試験する工程であって、その生物における所望のフコシル化オリゴ糖産物の検出が、候補配列が新規のラクトース利用性(1,2)フコシルトランスフェラーゼを含むことを示す、工程、を含む。別の態様において、検索プロフィールは、既知の(1,2)-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する2つ以上の酵素のアミノ酸配列の多配列アラインメントから生成される。データベース検索は、その後、多配列アラインメントクエリーに対して有意な配列類似性を有する新規の(1,2)フコシルトランスフェラーゼを純化し繰り返し検索するよう設計され得る。

【0033】

本発明は、対象において感染を処置する、予防するまたはその危険を低下させる方法であって、精製された組み換えヒト乳オリゴ糖を含む組成物を対象に投与する工程を含み、ここでHMOSは病原体に結合し、対象は病原体に感染しているまたは感染する危険がある、方法を提供する。1つの局面において、感染は、ノーウォーク様(Norwalk-like)ウイルスまたはカンピロバクター・ジェジュニ(*Campylobacter jejuni*)によって引き起こされる。対象は、好ましくはそのような処置を必要とする哺乳動物である。哺乳動物は、例えば、任意の哺乳動物、例えばヒト、霊長類、マウス、ラット、イヌ、ネコ、ウシ、ウマまたはブタである。好ましい態様において、哺乳動物はヒトである。例えば、組成物は、動物用飼料(例えば、ペレット、キブル、マッシュ)またはコンパニオンアニマル、例えばイヌもしくはネコならびに食用で飼育される家畜または動物、例えばウシ、ヒツジ、ブタ、ニワトリおよびヤギのための動物用栄養補助製品に配合される。好ましくは、精製されたHMOSは、粉末(例えば、各々消費前に液体、例えば水もしくはジュースと混合される、乳児用の配合粉末もしくは成人用の栄養補助粉末)もしくは錠剤、カプセルもしくはペーストの形態で配合されるか、または乳製品、例えば乳、クリーム、チーズ、ヨーグルトもしくはケフィアの一成分としてもしくは任意の飲料の一成分として組み込まれるか、またはプロバイオティクスの役割を果たすことが意図されている生菌培養物を含む調製物もしくはインビトロもしくはインビボのいずれかで有益な微生物の成長を高めるプレバイオティクス調製物に組み入れられる。

【0034】

本発明のポリヌクレオチド、ポリペプチドおよびオリゴ糖は、精製および／または単離される。精製は、ヒト対象への投与に関して安全である低不純物性（sterility）の程度、例えば感染性または毒性の作用物質の欠如、を定義する。詳細には、本明細書で使用される場合、「単離」または「精製」された核酸分子、ポリヌクレオチド、ポリペプチド、タンパク質またはオリゴ糖は、他の細胞物質または、組み換え技術によって生産される場合は培養培地、または化学合成される場合は化学前駆体もしくは他の化合物を、実質的に含まない。例えば、精製されたHMOS組成物は、重量（乾燥重量）で少なくとも60％が関心対象の化合物である。好ましくは、調製物は、重量で、少なくとも75％、より好ましくは少なくとも90％、最も好ましくは少なくとも99％が関心対象の化合物である。純度は、任意の適切な標準的方法によって、例えばカラムクロマトグラフィー、薄層クロマトグラフィーまたは高性能液体クロマトグラフィー（HPLC）分析によって測定される。例えば、「精製されたタンパク質」は、自然界では付随する他のタンパク質、脂質および核酸から分離されたタンパク質を表す。好ましくは、タンパク質は、精製された調製物の乾燥重量で、少なくとも10、20、50、70、80、90、95、99～100％を構成する。

10

【0035】

同様に、「実質的に純粋」は、オリゴ糖が自然界では付随する成分から分離されていることを意味する。典型的に、オリゴ糖は、自然界では付随するタンパク質および天然有機分子を重量で少なくとも60％、70％、80％、90％、95％さらには99％含まない場合に、実質的に純粋である。

20

【0036】

「単離された核酸」は、本発明のDNAの由来となった生物の天然に存在するゲノムにおいてその遺伝子に隣接する遺伝子を含まない核酸を意味する。この用語は、例えば：（a）天然に存在するゲノムDNA分子の一部分であるが、自然界でそれを生成する生物のゲノムにおいてその分子の一部分に隣接している両方の核酸配列によって隣接されていないDNA；（b）生成される分子が任意の天然に存在するベクターまたはゲノムDNAと同一とならない様式でベクターまたは原核生物もしくは真核生物のゲノムDNAに組み込まれた核酸；（c）分離された分子、例えばcDNA、ゲノムフラグメント、ポリメラーゼ連鎖反応（PCR）によって生成されたフラグメントまたは制限フラグメント；および（d）ハイブリッド遺伝子、すなわち、融合タンパク質をコードする遺伝子の一部分である組み換えヌクレオチド配列、を包含する。本発明にしたがう単離された核酸分子はさらに、合成により生産された分子ならびに化学的に変更されたおよび／または修飾された骨格を有する任意の核酸を含む。

30

【0037】

「異種プロモーター」は、遺伝子または核酸配列が本来機能的に連結されているプロモーターとは異なるプロモーターである。

【0038】

「過剰発現（overexpressまたはoverexpression）」という用語は、同一条件下で野生型細胞によるよりも多量の因子が遺伝子改変された細胞によって発現される状態を表す。同様に、未改変の細胞が、遺伝子改変され生産されるようになる因子を発現しない場合は、「発現」という用語（「過剰発現」と区別される）が使用され、野生型細胞が遺伝子操作以前にその因子を全く発現しなかったことが示される。

40

【0039】

本明細書で使用される「処置（treatingおよびtreatment）」という用語は、有害な状態、障害または疾患を患っている臨床症候を示す個体に薬剤または配合物を投与し、症状の重症度および／もしくは頻度を軽減する、症状および／もしくはその根底にある原因を取り除く、ならびに／または損傷の改善もしくは治療を促進することを表す。「予防（preventingおよびprevention）」という用語は、特定の有害な状態、障害または疾患にかかりやすい臨床症候を示していない個体への薬剤または組成物の投与を表し、したがって症状および／またはそれらの根底にある原因の発生の予防に関する。

50

【 0 0 4 0 】

「有効量」および「治療有効量」の配合物または配合成分という用語は、非毒性であるが、所望の効果を提供するのに十分な量の配合物または成分を意味する。

【 0 0 4 1 】

「含む (including、containing)」または「により特徴づけられる」と同義の「含む」という用語は、包含的またはオープンエンド型であり、追加の、言及されていない要素または方法の工程を排除しない。対照的に、「からなる」というフレーズは、請求項の中で指定されていないあらゆる要素、工程または成分を排除する。「から本質的になる」というフレーズは、請求項の範囲を、指定されている物質または工程および請求項記載の発明の基本的かつ新規の特徴に実質的な悪影響を及ぼさないそれらに制限する。

10

【 0 0 4 2 】

ラクトース受容性フコシルトランスフェラーゼ遺伝子を発現させるために使用される宿主生物は、典型的に、腸内細菌である大腸菌K12である。大腸菌K-12は、ヒトまたは動物の病原体であるまたは毒発生性であるとみなされていない。大腸菌K-12は、標準的な細菌生産株であり、結腸でコロニー形成し感染する能力の乏しさに由来するその安全性が報告されている（例えば、epa.gov/oppt/biotech/pubs/fra/fra004.htmを参照のこと）。しかし、様々な細菌種が、オリゴ糖生合成法において使用され得る、例えば、エルウィニア・ヘルビコラ (*Erwinia herbicola*) (パントエア・アグロメランズ (*Pantoea agglomerans*))、シトロバクター・フロインディ (*Citrobacter freundii*)、パントエア・シトレア (*Pantoea citrea*)、ペクトバクテリウム・カロトボルム (*Pectobacterium carotovorum*) またはザントモナス・カンペストリス (*Xanthomonas campestris*)。バチルス・サブチリス (*Bacillus subtilis*)、バチルス・リケニフォルミス (*Bacillus licheniformis*)、バチルス・コアグランス (*Bacillus coagulans*)、バチルス・サーモフィルス (*Bacillus thermophilus*)、バチルス・ラテロスポールス (*Bacillus laterosporus*)、バチルス・メガテリウム (*Bacillus megaterium*)、バチルス・ミコイデス (*Bacillus mycoides*)、バチルス・プミルス (*Bacillus pumilus*)、バチルス・レントス (*Bacillus lentus*)、バチルス・セレウス (*Bacillus cereus*) およびバチルス・サーキュランズ (*Bacillus circulans*) を含むバチルス属の細菌もまた使用され得る。同様に、ラクトバチルス・アシドフィルス (*Lactobacillus acidophilus*)、ラクトバチルス・サリバリウス (*Lactobacillus salivarius*)、ラクトバチルス・プランタルム (*Lactobacillus plantarum*)、ラクトバチルス・ヘルベティクス (*Lactobacillus helveticus*)、ラクトバチルス・デルブリュッキイ (*Lactobacillus delbrueckii*)、ラクトバチルス・ラムノサス (*Lactobacillus rhamnosus*)、ラクトバチルス・ブルガリクス (*Lactobacillus bulgaricus*)、ラクトバチルス・クリスパータス (*Lactobacillus crispatus*)、ラクトバチルス・ガセリ (*Lactobacillus gasseri*)、ラクトバチルス・カゼイ (*Lactobacillus casei*)、ラクトバチルス・ロイテリ (*Lactobacillus reuteri*)、ラクトバチルス・イエENSEニイ (*Lactobacillus jensenii*) およびラクトコッカス・ラクティス (*Lactococcus lactis*) を含むがこれらに限定されないラクトバチルス (*Lactobacillus*) およびラクトコッカス (*Lactococcus*) 属の細菌が、本発明の方法を用いて修飾され得る。ストレプトコッカス・サーモフィルス (*Streptococcus thermophiles*) およびプロピオニバクテリウム・フロイデンライシイ (*Propionibacterium freudenreichii*) もまた、本明細書に記載される発明に適した細菌種である。本明細書に記載されるように修飾された、エンテロコッカス (*Enterococcus*) (例えば、エンテロコッカス・フェシウム (*Enterococcus faecium*) およびエンテロコッカス・サーモフィルス (*Enterococcus thermophiles*))、ビフィドバクテリウム (*Bifidobacterium*) (例えば、ビフィドバクテリウム・ロングム (*Bifidobacterium longum*)、ビフィドバクテリウム・インファンティス (*Bifidobacterium infantis*) およびビフィドバクテリウム・ビフィダム (*Bifidobacterium bifidum*)) 属、スポロラクトバチルス (*Sporolactobacillus*) 種、ミクロモノスポラ (*Micromonospora*) 種、ミクロコッカス (*Micrococcus*) 種、ロドコッカス (*Rhodococcus*) 種およびシュードモナス (*Pseudomonas*) (例えば、シュードモナス・フルオレッセンス (*Pseudomonas fluorescens*) およびシ

20

30

40

50

ユードモナス・エルギノーサ (*Pseudomonas aeruginosa*) 由来の菌株もまた本発明の一部として含まれる。本明細書に記載される特徴を含む細菌は、ラクトースの存在下で培養され、そしてフコシル化オリゴ糖が、細菌自体または細菌の培養上清のいずれかから回収される。フコシル化オリゴ糖は、治療用もしくは栄養補給用製品において使用するために精製され、または細菌がそのような製品において直接使用される。適当な生産宿主細菌株は、そのフコシルトランスフェラーゼコード核酸配列が同定された元の細菌株と同一細菌株ではないものである。

【 0 0 4 3 】

本発明の他の特徴および利点は、以下のその好ましい態様の説明からおよび特許請求の範囲から明らかとなるであろう。それ以外のことが定義されていない限り、本明細書で使用されるすべての技術および科学用語は、本発明の属する技術の分野における通常の知識を有する者によって一般に理解されているのと同じ意味を有する。本発明の実施または試験には本明細書に記載されているのと類似または等価な方法および材料が使用され得るが、以下では適当な方法および材料が説明されている。本明細書で言及されているすべての公開された外国特許および特許出願は、参照により本明細書に組み入れられる。本明細書で引用されているアクセッション番号によって示されるGenbankおよびNCBI提出物は、参照により本明細書に組み入れられる。本明細書で引用されているすべての他の公開された参考文献、文書、原稿および科学文献は、参照により本明細書に組み入れられる。齟齬が生じる場合は、定義を含めて本明細書が優先される。加えて、材料、方法および実施例は例示にすぎず、限定を意図したものではない。

【 図面の簡単な説明 】

【 0 0 4 4 】

【 図 1 】 図1は、ヒト乳に見られる主要中性フコシルオリゴ糖合成経路を示す概略図である。

【 図 2 】 図2は、代謝経路および大腸菌において2'-フコシルラクトース (2'-FL) 合成を行うためにそれらに導入された変更点を示す概略図である。詳細には、ラクトース合成経路およびGDP-フコース合成経路が示されている。GDP-フコース合成経路において：manA = ホスホマンノースイソメラーゼ (PMI)、manB = ホスホマンノムターゼ (PMM)、manC = マンノース-1-リン酸グアニリルトランスフェラーゼ (GMP)、gmd = GDP-マンノース-4,6-デヒドラターゼ、fcl = GDP-フコースシンターゼ (GFS) および wcaJ = 変異UDP-グルコース脂質キャリアトランスフェラーゼである。

【 図 3 A 】 図3は、4つの以前から公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列の配列同一性および多配列アラインメントを示す。図3Aは、4つの公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼ：H. ピロリ futC (SEQ ID NO:1)、H. ムステラエ FutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタス futN (SEQ ID NO:3) および大腸菌 O126 wbgL (SEQ ID NO:4) の間の配列同一性を示す表である。

【 図 3 B 】 図3は、4つの以前から公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列の配列同一性および多配列アラインメントを示す。図3Bは、4つの公知の (1,2)-フコシルトランスフェラーゼの多配列アラインメントを示す。楕円は、アラインメントにおける4つの酵素間の特に高い配列保存の領域を強調表示している。

【 図 4 A 】 図4は、4つの以前から公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列に沿う、12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーンの配列アラインメントを示している。4つの公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼがボックスで囲まれており、H. ピロリ futC (SEQ ID NO:1)、H. ムステラエ FutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタス futN (SEQ ID NO:3) および大腸菌 O126 wbgL (SEQ ID NO:4) を含む。12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼは以下の通りである：プレボテラ・メラニノゲニカ FutO (SEQ ID NO:10)、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP (SEQ ID NO:292)、ラクノスピラセアエ種 FutQ (SEQ ID NO:12)、メタノスファエルラ・パルストリス FutR (SEQ ID NO:13)、タネレラ種 FutS (SEQ ID NO:14)、バクテロイデス・カカエ FutU (SEQ ID NO:15)、ブチリビブ

リオFutV (SEQ ID NO:16)、プレボテラ種FutW (SEQ ID NO:17)、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX (SEQ ID NO:18)、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY (SEQ ID NO:19)、サルモネラ菌FutZ (SEQ ID NO:20)、バクテロイデス種FutZA (SEQ ID NO:21)。クロストリジウム・ボルテアエFutPの配列 (N末端に13個の追加アミノ酸を有さない) (SEQ ID NO:11) も、このアラインメントに示されている。

【図4B】図4は、4つの以前から公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列に沿う、12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーンの配列アラインメントを示している。4つの公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼがボックスで囲まれており、H.ピロリfutC (SEQ ID NO:1)、H.ムステラエFutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタスfutN (SEQ ID NO:3) および大腸菌O126 wbgL (SEQ ID NO:4) を含む。12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼは以下の通りである：プレボテラ・メラニノゲニカFutO (SEQ ID NO:10)、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP (SEQ ID NO:292)、ラクノスピラセアエ種FutQ (SEQ ID NO:12)、メタノスファエルラ・パルストリスFutR (SEQ ID NO:13)、タネレラ種FutS (SEQ ID NO:14)、バクテロイデス・カカエFutU (SEQ ID NO:15)、ブチリビブリオFutV (SEQ ID NO:16)、プレボテラ種FutW (SEQ ID NO:17)、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX (SEQ ID NO:18)、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY (SEQ ID NO:19)、サルモネラ菌FutZ (SEQ ID NO:20)、バクテロイデス種FutZA (SEQ ID NO:21)。クロストリジウム・ボルテアエFutPの配列 (N末端に13個の追加アミノ酸を有さない) (SEQ ID NO:11) も、このアラインメントに示されている。

【図4C】図4は、4つの以前から公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列に沿う、12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーンの配列アラインメントを示している。4つの公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼがボックスで囲まれており、H.ピロリfutC (SEQ ID NO:1)、H.ムステラエFutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタスfutN (SEQ ID NO:3) および大腸菌O126 wbgL (SEQ ID NO:4) を含む。12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼは以下の通りである：プレボテラ・メラニノゲニカFutO (SEQ ID NO:10)、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP (SEQ ID NO:292)、ラクノスピラセアエ種FutQ (SEQ ID NO:12)、メタノスファエルラ・パルストリスFutR (SEQ ID NO:13)、タネレラ種FutS (SEQ ID NO:14)、バクテロイデス・カカエFutU (SEQ ID NO:15)、ブチリビブリオFutV (SEQ ID NO:16)、プレボテラ種FutW (SEQ ID NO:17)、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX (SEQ ID NO:18)、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY (SEQ ID NO:19)、サルモネラ菌FutZ (SEQ ID NO:20)、バクテロイデス種FutZA (SEQ ID NO:21)。クロストリジウム・ボルテアエFutPの配列 (N末端に13個の追加アミノ酸を有さない) (SEQ ID NO:11) も、このアラインメントに示されている。

【図4D】図4は、4つの以前から公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列に沿う、12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーンの配列アラインメントを示している。4つの公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼがボックスで囲まれており、H.ピロリfutC (SEQ ID NO:1)、H.ムステラエFutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタスfutN (SEQ ID NO:3) および大腸菌O126 wbgL (SEQ ID NO:4) を含む。12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼは以下の通りである：プレボテラ・メラニノゲニカFutO (SEQ ID NO:10)、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP (SEQ ID NO:292)、ラクノスピラセアエ種FutQ (SEQ ID NO:12)、メタノスファエルラ・パルストリスFutR (SEQ ID NO:13)、タネレラ種FutS (SEQ ID NO:14)、バクテロイデス・カカエFutU (SEQ ID NO:15)、ブチリビブリオFutV (SEQ ID NO:16)、プレボテラ種FutW (SEQ ID NO:17)、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX (SEQ ID NO:18)、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY (SEQ ID NO:19)、サルモネラ菌FutZ (SEQ ID NO:20)、バクテロイデス種FutZA (SEQ ID NO:21)。クロストリジウム・ボルテアエFutPの配列 (N末端に13個の追加アミノ酸を有さない) (SEQ ID NO:11) も、このアラインメントに示されている。

【図4E】図4は、4つの以前から公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列に沿う、12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーンの配列アラインメントを示している。4つの公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼがボックスで囲まれており、H. ピロリ futC (SEQ ID NO:1)、H. ムステラエ FutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタス futN (SEQ ID NO:3) および大腸菌 O126 wbgL (SEQ ID NO:4) を含む。12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼは以下の通りである：プレボテラ・メラニノゲニカ FutO (SEQ ID NO:10)、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP (SEQ ID NO:292)、ラクノスピラセアエ種 FutQ (SEQ ID NO:12)、メタノスファエルラ・パルストリス FutR (SEQ ID NO:13)、タネレラ種 FutS (SEQ ID NO:14)、バクテロイデス・カカエ FutU (SEQ ID NO:15)、ブチリビリオ FutV (SEQ ID NO:16)、プレボテラ種 FutW (SEQ ID NO:17)、パラバクテロイデス・ジョンソニイ FutX (SEQ ID NO:18)、アケルマンシア・ムシニフィリア FutY (SEQ ID NO:19)、サルモネラ菌 FutZ (SEQ ID NO:20)、バクテロイデス種 FutZA (SEQ ID NO:21)。クロストリジウム・ボルテアエ FutP の配列 (N 末端に13個の追加アミノ酸を有さない) (SEQ ID NO:11) も、このアラインメントに示されている。

10

【図4F】図4は、4つの以前から公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列に沿う、12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーンの配列アラインメントを示している。4つの公知のラクトース利用性 (1,2)-フコシルトランスフェラーゼがボックスで囲まれており、H. ピロリ futC (SEQ ID NO:1)、H. ムステラエ FutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタス futN (SEQ ID NO:3) および大腸菌 O126 wbgL (SEQ ID NO:4) を含む。12個の同定された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼは以下の通りである：プレボテラ・メラニノゲニカ FutO (SEQ ID NO:10)、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP (SEQ ID NO:292)、ラクノスピラセアエ種 FutQ (SEQ ID NO:12)、メタノスファエルラ・パルストリス FutR (SEQ ID NO:13)、タネレラ種 FutS (SEQ ID NO:14)、バクテロイデス・カカエ FutU (SEQ ID NO:15)、ブチリビリオ FutV (SEQ ID NO:16)、プレボテラ種 FutW (SEQ ID NO:17)、パラバクテロイデス・ジョンソニイ FutX (SEQ ID NO:18)、アケルマンシア・ムシニフィリア FutY (SEQ ID NO:19)、サルモネラ菌 FutZ (SEQ ID NO:20)、バクテロイデス種 FutZA (SEQ ID NO:21)。クロストリジウム・ボルテアエ FutP の配列 (N 末端に13個の追加アミノ酸を有さない) (SEQ ID NO:11) も、このアラインメントに示されている。

20

30

【図5】図5Aおよび図5Bは、12個の新規の (1,2)-フコシルトランスフェラーゼの各々のシンジーンの構築を示す2つのゲルの写真である。図5Aは、ギブソニアッセンブリー後PCRを示している。図5Bは、ゲル精製された RI/XhoI シンジーンフラグメントを示している。

【図6】図6Aおよび図6Bは、12個の新規の (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーンを用いて大腸菌培養物中で生産されたフコシル化オリゴ糖産物の薄層クロマトグラムを示す2つの写真である。図6Aは、2 μ l の培養上清由来のフコシル化オリゴ糖産物を示している。図6Bは、総細胞熱抽出物の 0.2 OD₆₀₀ 細胞等価物由来のフコシル化オリゴ糖産物を示している。

【図7】図7は、培養培地中ラクトース存在下でのトリプトファン誘導 (すなわち、lac + trp) 後の (1,2) フコシルトランスフェラーゼ遺伝子 WbgL、FutN、FutO、FutQ および FutX を含むプラスミドを発現する宿主細菌の成長曲線を示すグラフである。

40

【図8】図8は、誘導後の (1,2) フコシルトランスフェラーゼ遺伝子 WbgL、FutN、FutO、FutQ および FutX を発現する宿主細菌から生産されたタンパク質を示す SDS-PAGE ゲルの写真である。

【図9A】図9は、誘導から7時間または24時間後の選択された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーン WbgL、FutN、FutO、FutQ および FutX を発現する大腸菌培養物由来のフコシル化オリゴ糖産物の生産を示す薄層クロマトグラムの2つの写真である。図9Aは、2 μ l の培養上清由来のフコシル化オリゴ糖産物を示している。

【図9B】図9は、誘導から7時間または24時間後の選択された (1,2)-フコシルトランスフェラーゼシンジーン WbgL、FutN、FutO、FutQ および FutX を発現する大腸菌培養物由来の

50

フコシル化オリゴ糖産物の生産を示す薄層クロマトグラム(2)の2つの写真である。図9Bは、総細胞熱抽出物の0.2 OD₆₀₀細胞等価物由来のフコシル化オリゴ糖産物を示している。

【図10】図10Aおよび図10Bは、FutNを発現する大腸菌からの2つの異なる1.5L発酵実施：図10A) 36Bおよび図10B) 37A後のフコシル化オリゴ糖産物を示す薄層クロマトグラム(2)の2つの写真である。実施36Bの培養収量は33g/Lであり、実施37Aの収量は36.3g/Lであった。

【図11】図11は、B. プルガタスFutN遺伝子を有するpG217のプラスミドマップである。

【図12】図12は、LacIqプロモーター、機能的lacY遺伝子の挿入およびlacAの欠失を示す概要図である。

【図13】図13は、FRT組み換えを用いた内因性wcaJ遺伝子の欠失を示す概要図である。

【図14】図14は、カナマイシン耐性遺伝子(トランスポゾンTn5由来)および野生型lacZを有するDNAフラグメントのlon遺伝子への挿入を示す、大腸菌W3110染色体の概要図である。

【発明を実施するための形態】

【0045】

発明の詳細な説明

いくつかの研究はヒト乳グリカンが抗菌性抗接着剤として使用され得ることを示唆しているが、ヒトが消費するのに適した品質のこれらの剤を十分量生産する困難さおよび費用の高さがそれらのフルスケールの試験および想定されている用途を制限している。必要とされていることは、妥当な費用で十分量の適当なグリカンを生産する適切な方法である。本明細書に記載される本発明より以前に、グリカン合成に関して様々な異なる合成アプローチを使用する試みがなされていた。いくつかの化学的アプローチは、オリゴ糖を合成することができる(Flowers, H.M. *Methods Enzymol* 50, 93-121 (1978); Seeberger, P.H. *Chem Commun (Camb)* 1115-1121 (2003))が、これらの方法のための試薬は高価でありかつ潜在的に毒性である(Koeller, K.M. & Wong, C.H. *Chem Rev* 100, 4465-4494 (2000))。改変された生物から発現される酵素(Albermann, C., Piepersberg, W. & Wehmeier, U.F. *Carbohydr Res* 334, 97-103 (2001); Bettler, E., Samain, E., Chazalet, V., Bosso, C., et al. *Glycoconj J* 16, 205-212 (1999); Johnson, K.F. *Glycoconj J* 16, 141-146 (1999); Palcic, M.M. *Curr Opin Biotechnol* 10, 616-624 (1999); Wymer, N. & Toone, E.J. *Curr Opin Chem Biol* 4, 110-119 (2000))は正確かつ効率的な合成を提供する(Palcic, M.M. *Curr Opin Biotechnol* 10, 616-624 (1999); Crout, D.H. & Vic, G. *Curr Opin Chem Biol* 2, 98-111 (1998))が、試薬、特に糖ヌクレオチドの費用の高さが、低費用大規模生産におけるそれらの利用を制限している。微生物は、その細菌の生まれつきのヌクレオチド糖プールからオリゴ糖を合成するのに必要とされるグリコシルトランスフェラーゼを発現するよう遺伝子改変される(Endo, T., Koizumi, S., Tabata, K., Kakita, S. & Ozaki, A. *Carbohydr Res* 330, 439-443 (2001); Endo, T., Koizumi, S., Tabata, K. & Ozaki, A. *Appl Microbiol Biotechnol* 53, 257-261 (2000); Endo, T. & Koizumi, S. *Curr Opin Struct Biol* 10, 536-541 (2000); Endo, T., Koizumi, S., Tabata, K., Kakita, S. & Ozaki, A. *Carbohydr Res* 316, 179-183 (1999); Koizumi, S., Endo, T., Tabata, K. & Ozaki, A. *Nat Biotechnol* 16, 847-850 (1998))。しかし、本明細書に記載される本発明より以前には、代謝的に改変された細菌宿主におけるHMOS合成に有用なさらなるグリコシルトランスフェラーゼを同定および特徴づける要望が高まっていた。

【0046】

ヒト乳グリカン

ヒト乳は、多種で豊富な中性および酸性オリゴ糖群を含んでいる(Kunz, C., Rudloff, S., Baier, W., Klein, N., and Strobel, S. (2000). *Annu Rev Nutr* 20, 699-722; Bode, L. (2006). *J Nutr* 136, 2127-130)。130を超える異なる複合オリゴ糖がヒト乳において同定されており、それらの構造の多様さおよび豊富さは、ヒトに特有である。これらの分子は、栄養分としては乳児によって直接利用されないかもしれないが、そうであったとしてもそれらは健康な腸内微生物環境の確立(Marcobal, A., Barboza, M., Froehlich, J.W., Block, D.E., et al. *J Agric Food Chem* 58, 5334-5340 (2010))、疾患の予防(Newburg,

10

20

30

40

50

D.S., Ruiz-Palacios, G.M. & Morrow, A.L. *Annu Rev Nutr* 25, 37-58 (2005)) および免疫機能 (Newburg, D.S. & Walker, W.A. *Pediatr Res* 61, 2-8 (2007)) において重要な役割を果たしている。ヒト乳オリゴ糖 (HMOS) との接触が数百年に及んでいるにもかかわらず、病原体は今もなお、標的細胞への接着を妨げ感染を阻害するHMOSの能力を回避する方法を開発しなければならない。病原体接着阻害物質としてHMOSを利用する能力は、現在の急増する抗生物質耐性の危機に取り組む上で有用である。生合成により生産されたヒト乳オリゴ糖は、社会の最も対処困難な問題のいくつかに対する新規クラスの治療剤のリード化合物となる。

【 0 0 4 7 】

効率的、工業規模のHMOS合成の1つの代替戦略は、細菌の代謝改変である。このアプローチでは、細菌サイトゾルへの前駆体糖の取り込みのための膜輸送体である異種グリコシルトランスフェラーゼを過剰発現し、生合成前駆体として使用される再生ヌクレオチド糖の増強されたプールを有する微生物株が構築される (Dumon, C., Samain, E., and Priem, B. (2004). *Biotechnol Prog* 20, 412-19; Ruffing, A., and Chen, R.R. (2006). *Microb Cell Fact* 5, 25))。このアプローチの重要な局面は、微生物宿主において過剰発現ために選択される異種グリコシルトランスフェラーゼである。グリコシルトランスフェラーゼの選択は、酵素がキネティクス、基質特異性、ドナーおよびアクセプター分子に対する親和性、安定性ならびに可溶性に関して大きく異なり得るため、所望の合成されるオリゴ糖の最終的な収量に大きく影響し得る。異なる細菌種由来のいくつかのグリコシルトランスフェラーゼが同定され、そして大腸菌宿主株においてHMOSの生合成を触媒するそれらの能力に関して特徴づけられている (Dumon, C., Bosso, C., Uuille, J.P., Heyraud, A., and Samain, E. (2006). *Chembiochem* 7, 359-365; Dumon, C., Samain, E., and Priem, B. (2004). *Biotechnol Prog* 20, 412-19; Li, M., Liu, X.W., Shao, J., Shen, J., Jia, Q., Yi, W., Song, J.K., Woodward, R., Chow, C.S., and Wang, P.G. (2008). *Biochemistry* 47, 378-387))。より速いキネティクス、ヌクレオチド糖ドナーおよび / もしくはアクセプター分子に対するより高い親和性または細菌宿主内でのより高い安定性を示すさらなるグリコシルトランスフェラーゼの同定は、治療的に有用なHMOSの収量を大きく改善する。本明細書に記載される本発明以前から、HMOSの化学合成が可能であったが、立体特異性の問題、前駆体の入手性、生産物の不純度およびかさむ総費用によって制限されていた (Flowers, H. M. *Methods Enzymol* 50, 93-121 (1978); Seeberger, P.H. *Chem Commun (Camb)* 1115-1121 (2003); Koeller, K.M. & Wong, C.H. *Chem Rev* 100, 4465-4494 (2000))。本発明は、栄養補助製品として使用するために多量のヒト乳オリゴ糖 (HMOS) を安価に生産する新しい戦略を提供することによって、これらの以前の取り組みの欠点を克服する。利点は、酵素の効率的発現、フコシル化オリゴ糖産物 (2'-FL、LDFT、LNF 1、およびLDFH 1) の改善された安定性および / または可溶性ならびに宿主生物に対する低い毒性を含む。本発明は、当技術分野で現在利用されている (1,2)FTと比べてフコシル化HMOSの効力および収量を増加させるための生産株における発現に適した新しい (1,2)FTを特徴とする。

【 0 0 4 8 】

以下に詳細に記載されるように、大腸菌 (またはその他の細菌) は、商業的に有益なレベルで選択されたフコシル化オリゴ糖 (即ち、2'-FL、LDFT、LDFH 1、およびLNF 1) を生産するよう改変される。例えば、収量は、細菌発酵プロセスにおいて >5グラム / リットルである。その他の態様において、2'-FL、LDFT、LDFH 1、およびLNF 1などのフコシル化オリゴ糖産物の収量は、10グラム / リットルよりも多い、15グラム / リットルよりも多い、20グラム / リットルよりも多い、25グラム / リットルよりも多い、30グラム / リットルよりも多い、35グラム / リットルよりも多い、40グラム / リットルよりも多い、45グラム / リットルよりも多い、50グラム / リットルよりも多い、55グラム / リットルよりも多い、60グラム / リットルよりも多い、65グラム / リットルよりも多い、70グラム / リットルよりも多い、または75グラム / リットルよりも多い。

【 0 0 4 9 】

感染症におけるヒト乳グリカンの役割

10

20

30

40

50

非結合オリゴ糖およびそれらの複合多糖の両方を含むヒト乳グリカンは、乳児の胃腸（GI）管の保護および発達において重要な役割を果たしている。2'-フコシルラクトース（2'-FL）を含む中性フコシル化オリゴ糖は、様々な重要な病原体から乳児を保護する。様々な哺乳動物において見出される乳オリゴ糖は大きく異なっており、ヒトの組成は特有である（Hamosh M., 2001 *Pediatr Clin North Am*, 48:69-86; Newburg D.S., 2001 *Adv Exp Med Biol*, 501:3-10）。さらに、ヒト乳におけるグリカンレベルは、授乳期を通じて変化し、個体間でも大きく異なる（Morrow A.L. et al., 2004 *J Pediatr*, 145:297-303; Chaturvedi P et al., 2001 *Glycobiology*, 11:365-372）。およそ200個の異なるヒト乳オリゴ糖が同定されており、単エピトープの組み合わせがこの多様性を担っている（Newburg D.S., 1999 *Curr Med Chem*, 6:117-127; Ninouev M. et al., 2006 *J Agric Food Chem*, 54:7471-74801）。

10

【 0 0 5 0 】

ヒト乳オリゴ糖は、5個の単糖：D-グルコース（Glc）、D-ガラクトース（Gal）、N-アセチルグルコサミン（GlcNAc）、L-フコース（Fuc）およびシアル酸（N-アセチルノイラミン酸、Neu5Ac、NANA）、から構成される。ヒト乳オリゴ糖は、通常、それらの化学構造にしたがい2つのグループ：ラクトース（Gal 1-4Glc）コアに連結されたGlc、Gal、GlcNAcおよびFucを含む中性化合物、ならびに同じ糖およびしばしば同じコア構造プラスNANAを含む酸性化合物に分類される（Charlwood J. et al., 1999 *Anal Biochem*, 273:261-277; Martin-Sosa et al., 2003 *J Dairy Sci*, 86:52-59; Parkkinen J. and Finne J., 1987 *Methods Enzymol*, 138:289-300; Shen Z. et al., 2001 *J Chromatogr A*, 921:315-321）。

20

【 0 0 5 1 】

ヒト乳中のオリゴ糖のおよそ70～80%はフコシル化されており、それらの合成経路は図1に示されるように進行すると考えられている。少数のオリゴ糖はシアル化されるかまたはフコシル化されかつシアル化されるが、それらの合成経路は完全に定義されていない。酸性（シアル化）オリゴ糖の理解は、一部、これらの化合物を測定する能力によって制限されている。中性および酸性の両方のオリゴ糖を分析する高感度かつ再現性のある方法が設計されている。クラスとしてのヒト乳オリゴ糖は、乳児の腸を通じた移動を非常に効果的に生き延び、本質的に非消化性である（Chaturvedi, P., Warren, C.D., Buescher, C.R., Pickering, L.K. & Newburg, D.S. *Adv Exp Med Biol* 501, 315-323 (2001)）。

30

【 0 0 5 2 】

ヒト乳グリカンは腸管病原体がそれらの受容体に対して結合するのを阻害する

ヒトミルクグリカンは、腸管病原体の細胞受容体に対する構造的相同性を有し、受容体のデコイとして機能する。例えば、カンピロバクター（*Campylobacter*）の病原性株は、H-2を含むグリカン、すなわち2'-フコシル-N-アセチルラクトサミンまたは2'-フコシルラクトース（2'-FL）に特異的に結合し；カンピロバクターの結合および感染性は2'-FLおよびこのH-2エピトープを含む他のグリカンによって阻害される。同様に、いくつかの下痢誘発性大腸菌病原体は、インビボで、2結合型フコース部分を含むヒトミルクオリゴ糖によって強く阻害される。ヒトカリシウイルスのいくつかの主要株、特にノロウイルスもまた2結合型フコシル化グリカンに結合し、この結合はヒトミルク2結合型フコシル化グリカンによって阻害される。これらの2結合型フコシルオリゴ糖を高レベルで有するヒトミルクの摂取は、ノロウイルス、カンピロバクター、大腸菌関連下痢のSTおよびメキシコ人乳児集団におけるすべての原因の中等度～重度の下痢の危険の低下に関連した（Newburg D. S. et al., 2004 *Glycobiology*, 14:253-263; Newburg D.S. et al., 1998 *Lancet*, 351:1160-1164）。いくつかの病原体、例えばインフルエンザ（Couceiro, J.N., Paulson, J.C. & Baum, L.G. *Virus Res* 29, 155-165 (1993)）、パラインフルエンザ（Amonsén, M., Smith, D.F., Cummings, R.D. & Air, G.M. *J Virol* 81, 8341-8345 (2007)）およびロタウイルス（rotavirus）（Kuhlenschmidt, T.B., Hanafin, W.P., Gelberg, H.B. & Kuhlenschmidt, M.S. *Adv Exp Med Biol* 473, 309-317 (1999)）は、それらの宿主受容体としてシアル化グリカンを利用する。シアリル-ルイスXエピトープは、ヘリコバクター・ピロリ（Mahdavi

40

50

i, J., Sonden, B., Hurtig, M., Olfat, F.O., et al. Science 297, 573-578 (2002))、シュードモナス・エルギノーサ (Scharfman, A., Delmotte, P., Beau, J., Lamblin, G., et al. Glycoconj J 17, 735-740 (2000)) およびノロウイルスのいくつかの株 (Rydell, G.E., Nilsson, J., Rodriguez-Diaz, J., Ruvoen-Clouet, N., et al. Glycobiology 19, 309-320 (2009)) によって使用される。

【0053】

新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼの同定

本発明は、新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素を提供する。本発明はまた、宿主細菌における新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼの発現のための新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼの核酸配列を有する核酸コンストラクト (すなわち、プラスミドまたはベクター) を提供する。本発明はまた、本明細書でさらに記載されるように、適当な宿主生産細菌において新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼを発現させることによってフコシル化オリゴ糖を生産する方法を提供する。

【0054】

すべての (1,2)フコシルトランスフェラーゼが、アクセプター基質としてラクトースを利用できるわけではない。アクセプター基質は、例えば、炭水化物、オリゴ糖、タンパク質または糖タンパク質、脂質または糖脂質、例えばN-アセチルグルコサミン、N-アセチルラクトサミン、ガラクトース、フコース、シアル酸、グルコース、ラクトースまたはそれらの任意の組み合わせを含む。本発明の好ましいアルファ(1,2)フコシルトランスフェラーゼは、ドナーとしてGDP-フコースを利用し、ラクトースはそのドナーに対するアクセプターである。

【0055】

アクセプターとしてラクトースを利用することができる新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼ酵素を同定する方法は、以前に、(その全体が参照により本明細書に組み入れられる、PCT/US2013/051777に記載されるように)以下の工程を用いて実施された: 1) 配列データベースのコンピュータ検索を行い、任意の既知のラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼの単純配列ホモログの大グループを定義する工程; 2) 工程1のホモログのリストを使用して、例えばMEME (<http://meme.sdsc.edu/meme/cgi-bin/meme.cgi>で利用可能なMultiple Em for Motif Elicitation) またはPSI-BLAST (ncbi.nlm.nih.gov/blastで利用可能であり、cnx.org/content/m11040/latest/に追加情報が掲載されているPosition-Specific Iterated BLAST) 等のコンピュータプログラムを用いることによって、この大グループのメンバーによって共有されている共通配列および/または構造モチーフを含む検索プロフィールを抽出する工程; 3) これによって抽出された検索プロフィールをクエリーとして使用して配列データベースを (例えばPSI-BLASTまたはMAST (<http://meme.sdsc.edu/meme/cgi-bin/mast.cgi>で利用可能なMotif Alignment Search Tool) 等のコンピュータプログラムを用いて) 検索し、元のラクトース受容性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼに対する単純配列相同性が40%またはそれ未満である「候補配列」を同定する工程; 4) 化学文献を調査し、(1,2)フコシル-グリカンを発現することが公知の「候補生物」のリストを作製する工程; 5) 「候補生物」由来である「候補配列」のみを選択し、「候補ラクトース利用性酵素」のリストを生成する工程; ならびに6) 各「候補ラクトース利用性酵素」を発現させ、ラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼ活性について試験する工程。

【0056】

配列分析ツールのMEMEスイート (meme.sdsc.edu/meme/cgi-bin/meme.cgi) もまた、PSI-BLASTの代用物として使用され得る。配列モチーフは、プログラム「MEME」を用いて発見される。これらのモチーフは、その後、プログラム「MAST」を用いて配列データベースを検索するために使用され得る。BLASTおよびPSI-BLAST検索アルゴリズムは、他の周知の代用物である。

【0057】

さらなる新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼを同定するために、以前に同定さ

10

20

30

40

50

れたラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列: H. ピロリ fut C (SEQ ID NO:1)、H. ムステラエ FutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタス fut N (SEQ ID NO:3) および大腸菌 O126 wbgL (SEQ ID NO:4) を用いて多配列アラインメントクエリーを生成した。これらの配列アラインメントおよび配列同一性の百分率が図3に示されている。クエリーとしてFASTA形式の多配列アラインメントを用いて反復PSI-BLASTを行い、NCBI PSI-BLASTプログラムをNCBI BLAST+バージョン2.2.29のローカルコピー上で実施した。初期位置特異的スコア行列ファイル(.pssm)をPSI-BLASTによって生成し、プログラムがこれを反復相同性検索のスコアを調整するために使用した。このプロセスをさらに大きな候補グループを生成するために繰り返し、各回の結果を、行列をさらに洗練させるために使用した。

10

【0058】

このPSI-BLAST検索により、初期の2515個のヒットを得た。787個のヒットが、FutCに対して22%を超える配列同一性を有していた。396個のヒットは、275を超えるアミノ酸長のものではあった。FutCに対するパーセント同一性による選別、(公知の(1,2)フコシルトランスフェラーゼの)既存の(1,2)フコシルトランスフェラーゼインベントリとこれらの配列のBLASTによる比較、および通常胃腸管に存在する細菌由来のそれらを同定するためのヒット配列の手作業によるアノテーションを含む、これらのヒットのさらなる分析を行った。このスクリーンによって同定された新規の(1,2)フコシルトランスフェラーゼのアノテーション付きリストが表1に示されている。表1は、候補酵素が見いだされる細菌種、GenBankアクセッション番号、GI識別番号、アミノ酸配列およびFutCに対する%配列同一性を提供する。

20

【0059】

同定されたヒットのうち、12個の新規の(1,2)フコシルトランスフェラーゼを、それらの機能的能力についてさらに分析した: プレボテラ・メラニノゲニカFutO、クロストリジウム・ボルテアエ FutP、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP、ラクノスピラセアエ種FutQ、メタノスファエルラ・パルストリスFutR、タネレラ種FutS、バクテロイデス・カカエFutU、ブチリビプリオFutV、プレボテラ種FutW、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY、サルモネラ菌FutZおよびバクテロイデス種FutZA。クロストリジウム・ボルテアエFutPについては、アノテーションが、誤った初期メチオニンコドン指定していた。したがって、本発明は、(天然の上流DNA配列からインフレームで得られる)アノテーション付きFutPのN末端に追加の13個のアミノ酸を有するFutPを含み、これは本明細書でクロストリジウム・ボルテアエ+13 FutPと称される。同定された12個の新規の(1,2)フコシルトランスフェラーゼおよび4個の以前に同定された(1,2)フコシルトランスフェラーゼの間の配列同一性が、以下の表2に示されている。

30

【0060】

(表2) 配列同一性

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
H. ピロリ futC	1		70.10	21.99	20.82	27.35	23.56	23.28	23.62	25.75	23.72	24.05	22.29	24.19	22.92	22.29
H. ムステラエ futL	2	70.10		23.87	19.88	26.38	28.21	24.30	23.38	24.62	25.31	25.31	24.47	23.56	25.15	23.55
バクテロイデス・ブルガタス futN	3	21.99	23.67		25.16	32.05	28.71	28.94	25.79	37.46	32.27	26.11	61.27	71.63	27.67	25.15
大腸菌 O126 wbgL	4	20.82	19.88	25.16		24.25	22.73	22.32	26.04	25.45	24.77	21.49	23.29	26.71	24.83	21.45
プレボテラ・メラニノゲニカ FutO VP_003814512.1	5	27.68	26.38	32.05	24.25		36.96	31.63	35.74	35.16	55.74	30.28	30.03	32.80	30.09	26.28
クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP WP_002570768.1	6	27.36	28.21	28.71	22.73	36.96		37.87	35.10	33.77	36.91	35.74	29.58	31.39	27.67	26.33
ラクノスピラセアエ種 FutQ WP_009251343.1	7	23.56	24.30	28.94	22.32	31.63	37.87		28.87	29.17	32.90	51.02	28.53	30.00	27.69	24.00
メタノスファエルラ・パルストリス FutR VP_002467213.1	8	23.28	23.36	25.79	26.04	35.74	35.10	29.87		28.71	38.24	31.41	25.39	28.08	30.65	27.93
タネレラ種 FutS WP_021929367.1	9	23.62	24.62	37.46	25.45	35.16	33.77	29.17	28.71		34.41	30.03	35.71	36.27	26.48	21.75
バクテロイデス・カカエ FutU VP_005675707.1	10	25.75	25.31	32.27	24.77	55.74	36.91	32.90	38.24	34.41		31.21	29.94	33.33	29.28	24.46
ブチリビプリオ FutV WP_022772718.1	11	23.72	25.31	26.11	21.49	30.28	35.74	51.02	31.41	30.03	31.21		27.62	26.20	26.46	22.15
プレボテラ種 FutW WP_022481266.1	12	24.05	24.47	61.27	23.29	30.03	29.58	28.53	25.39	35.71	29.94	27.62		57.60	25.79	22.15
パラバクテロイデス・ジョンソニイ FutX WP_008155883.1	13	22.29	23.56	71.63	26.71	32.80	31.39	30.00	28.08	36.27	33.33	26.20	57.60		28.71	24.00
アケルマンシア・ムシニフィリア FutY WP_001877555	14	24.19	25.15	27.67	24.63	30.09	27.67	27.69	30.65	26.48	29.28	26.46	25.79	28.71		21.45
サルモネラ菌 FutZ WP_023214330	15	22.92	23.55	25.15	21.45	26.28	26.33	24.00	23.93	21.75	24.46	22.15	22.15	24.00	21.45	
バクテロイデス種 FutZA WP_022161880.1	16	22.29	23.26	84.75	25.16	31.83	29.13	27.74	25.55	36.60	33.01	26.52	59.01	74.02	28.08	24.62

40

【0061】

同定された(すなわち、表1の)(1,2)フコシルトランスフェラーゼのアミノ酸配列に基づけば、シンジーン(syngene)は、当技術分野で公知の標準的方法を用いて当業者に

50

よって容易に設計および構築され得る。例えば、シンジーンは、リボソーム結合部位を含み、宿主細菌生産株（すなわち、大腸菌）における発現に関してコドン最適化され、そして共通6カッター制限部位または大腸菌宿主株におけるクローニングおよび発現を容易にするために除去される宿主株に存在する内因性制限酵素により認識される部位（すなわち、EcoK制限部位）を有する。好ましい態様において、シンジーンは、以下の構成で構築される：EcoRI部位 - T7g10RBS - (1,2)FTシンジーン - XhoI部位。12個の同定された（1,2）フコシルトランスフェラーゼのサンプルシンジーンの核酸配列が表3に示されている（開始メチオニンATGコドンが太字表示されている）。

【 0 0 6 2 】

（表3）12個の新規の（1,2）フコシルトランスフェラーゼシンジーンの核酸配列

10

細菌／ 遺伝子名	配列	SEQ ID NO:
FutO	CAGTCAGTCAGAATTCAAGAAGGAGATATACAT ATG AAAATCGTCAAAATCCTGGGCGGT CTGGGCAATCAGATGTTCCAGTATGCTCTGTACCTGAGCCTGCAAGAAAGTTTTCCAAAA GAACGTGTGGCCCTGGACCTGTCCTCCTTCCACGGCTATCACCTGCATAATGGCTTTGAG CTGGAGAACATTTTTCTCCGTTACCGCTCAGAAAGCATCCGCCGCAGATATCATGCGTATT GCTTATTACTACCCGAACCTATCTGCTGTGGCGCAATTGGCAAACGTTTTCTGCCGCGTCGT AAAGGTATGTGCCTGGAATCTAGCTCCCTGCGTTTTCGATGAAAGCGTTCTGCGTCAGGAA GGTAACCGTTATTTTGACGGTTACTGGCAAGACGAACGCTACTTCGCAGCCTATCGTGAA	276

	AAAGTGTCTGAAGGCTTTACACCTTTCTGTCATTCAAACGCGCAGAAAACCTGAGCCTGCTG GAAAAACTGGACGAAAAACAGCATTGCTCTGCATGTTCTGCGCGGTGATTACGTAGGTAAT AACCTGTACCAAGGCATCTGTGACCTGGACTACTACCGTACCGCTATCGAGAAAAATGTGT GCACACGTTACTCCGTCTCTGTTTTGTATCTTTTCCAACGACATCACGTGGTGCCAGCAG CACCTGCAACCGTACCTGAAGGCCCTGTGGTGTACGTTACTTGGAACACCGGTGTTGAA TCCTACCGCGATATGCAGCTGATGTCTGCTGCGCACATAACATCATCGCGAATAGCTCC TTCTCTTGGTGGGGTGTCTGGCTGAATCAGAACCGTGAAAAAGTTGTTATCGCCCCGAAA AAATGGCTGAACATGGAAGAATGTCACTTCACGCTGCCGGCAAGCTGGATCAAATTTAG CTCGAGTGACTGACTG	
FutP	CAGTCAGTCAGAATTCAGAAGGAGATATACAT ATGGT GATTATCAAAATGATGGGTGGT CTGGGCAACCAGATGTTCCAGTACGCACTGTACAAAGCATTTCGAGCAGAAGCACATCGAT GTGTATGCAGACCTGGCATGGTACAAAAACAAATCCGTGAAATTTGAACTGTACAACCTC GGCATTAAAATCAACGTAGCATCCGAGAAAGACATCAACCGTCTGAGCGATTGCCAGGCG GACTTTGTTCCTCCGCATCCGCCGTAAAAATCTTTGGTAAAAAAAAGAGCTTCGTATCTGAA AAAAATGACTCCTGCTATGAAAACGACATCCTGCGTATGGACAACGTTTATCTGAGCGGT TATTGGCAGACCGAAAAATACTTCTCTAACACGCGTGAGAAGCTGCTGGAGGATTATTC TTCGCTCTGGTAAACTCTCAGGTGTCCGAATGGGAAGACTCCATTCGCAACAAAAACAGC GTTAGCATCCATATCCGTGCTGGTGATTATCTACAGGGCGAACTGTATGGTGGTATTTGC ACCTCTCTGTACTACGCCGAAGCAATCGAGTACATTAAAAATGCGTGTTCCGAACGCAAAA TTCTTCGTTTTCTCTGATGACGTTGAATGGGTTAAACAGCAAGAAGACTTCAAAGGCTTC GTAATCGTTGATCGCAACGAGTATTCTAGCGCTCTGTCCGATATGTACCTGATGCTCCCTG TGCAAGCATAACATTATTGCTAACTCCTCTTTTCAGCTGGTGGGCAGCTTGGCTGAACCGT AACGAAGAAAAAATTGTAATCGCGCCGCGCCGTTGGCTGAACGGCAAGTGACCCCCAGAT ATCTGGTGTAAAAAATGGATTTCGTATCTAGCTCGAGTGACTGACTG	277
FutQ	CAGTCAGTCAGAATTCAGAAGGAGATATACAT ATGGT GATCGTACAGCTGAGCGGCGGT CTGGGCAACCAGATGTTTGAATACGCGCTGTACCTGAGCCTGAAAGCAAAAGGCAAGAA GTGAAATTGACGATGTTACGTGTTACGAGGGCCCTGGCACCCGTCCGCGTCAACTGGAT GTTTTTGGTATCACGTACGATCGCGCTCTCGTGAGGAGCTGACTGAGATGACGGACGCG AGCATGGATGCGCTGTCTCGTGTTCTGTCGCAAACTGACCGGTGCGCGCACTAAAGCGTAC CGCGAACGCGACATCAACTTCGATCCACTGGTTATGGAAGAAAGACCCGGCACTGCTGGAA GGCTGTTTTCCAGTCTGACAAATACTTTCTGTGATTGCGAAGGCCGCGTGCGCGAAGCGTAT CGTTTCCGCGGCATTGAATCCGGCGCGTTCCTCGCTGCCGGAAGACTATCTGCGCTGGAA AAGCAGATCGAAGATTGTCACTCCGTATCCGTACACATCCGTGCTGGCGACTACCTGGAC GAATCTCATGGTGGTCTGTACACCGGCATTTGTACTGAGGCGTACTATAAAGAGGCTTTT GCTCGCATGGAACGTCTGGTTCCGGGCGCACGTTTCTTCTGTTCTCTAACGATCCAGAA TGGACTCGTGAGCACTTTGAGAGCAAGAACTGCGTTCTGGTTGAAGGTAGCACCGAAGAC ACGGGTTACATGGACCTGTACCTGATGAGCCGCTGCCGCCACAATATTATTGCCAACTCT TCTTTTCAGCTGGTGGGGCGCTTGGCTGAATGAGAACCCTGAGAAAAAAGTCATCGCACCG GTAAATGGCTGAACGGTCTGTAGTGCCGTGATATCTATACCGAACGCATGATTCTGTCTG TAGCTCGAGTGACTGACTG	278
FutR	CAGTCAGTCAGAATTCAGAAGGAGATATACAT ATGAT CATTGTTCTGTAAGGCGGT CTGGGCAACCAACTGTCTCAGTATGCACTGGGCCGTAAAGATCGCGCATCTGCACAATACC GAACTGAAACTGGACACCACTTGGTTTACCCTATCTCCTCCGACACTCCACGTACCTAC CGTCTGAACAATTATAACATCATCGGCACTATTGCATCCGCAAGGAAATCCAGCTGATC GAACGTGGTTCGCGCGCAAGGCCGTGGCTACCTGCTGTCTAAAATTTCTGATCTGCTGACT CCGATGTACCGTCTGATCTACCTGCGTGAACGTATGCATACCTTCGATAAAGCTATCCTG ACCGTTCCGGACAACGTGTACCTGGATGGTACTGGCAGACCGAAAAGTACTTCAAAGAC ATCGAAGAAATCCTGCGCCGTGAGGTTACGCTGAAAGATGAACCGGATAGCATCAACCTG GAAATGGCTGAACGTATTAGGCTTGCCACAGCGTTTCCCTGCACGTGCGTCTGGCGAC TACGTTTCCAACCCGACCACTCAACAATTCACGGCTGTTGCTCCATTGACTACTACAAC CGCGCTATCTCTCTGATTGAAGAAAAAGTGGATGACCCGTCTTTCTTTATTTTTTCTGAC GATCTGCCGTGGGCTAAAGAAAACCTGGACATCCCTGGCGAAAAAACCTTCGTTGCGCAT AACGGCCCCGAAAAAGAGTATTGCGATCTGTGGCTGATGTCTCTGTGCCAGCACCATATC ATCGCAAACTCTTCTTTTCAGCTGGTGGGGTGCCTGGCTGGGTCAAGACGCCGAAAAGATG GTGATCGCGCCGCTCGCTGGGCCCTGTCCGAGAGCTTTGACACTTCTGACATCATTCGG GACTCTTGATTACTATCTAGCTCGAGTGACTGACTG	279
FutS	CAGTCAGTCAGAATTCAGAAGGAGATATACAT ATGGT ACGCATTGTGGAAATCATCGGC GGTCTGGGTAAACAGATGTTCCAGTACGCATTCTCCCTGTACCTGAAAAACAAATCTCAC ATCTGGGACCGTCTGTATGTGGACATCGAGGCGATGAAACCTACGATCGTCACTATTGGT CTGGAACCTGGAGAAAGTTTTCAATCTGAGCCTGTGTCCAATCTCTAACCGTCTGCACCGC AACCTGCAAAAACGCTCCTTCGCAAAACACTTTGTAAAGAGCCTGTACGAGCACTCTGAA	280

10

20

30

40

	TGCGAGTTCGACGAACCGGTGTACCGTGGCCTGCGTCCTTATCGCTATTATCGCGGCTAC TGGCAAAACGAAGGTTACTTCGTTGATATTGAACCGATGATCCGTGAGGCTTTTCAGTTC AACGTTAACATCCTGAGCAAAAAGACTAAAGCGATCGCATCCAAAATGCGCCGTGAACGTG TCCGTATCTATCCATGTTCCGCGTGGTGATTACGAAAACCTGCCGGAAGCGAAAGCGATG CATGGCGGTATTTGTTCTCTGGACTATTACCACAAAGCGATCGACTTCATCCGCCAGCGT CTGGATAATAACATCTGTTTCTATCTGTTCTCCGACGATATCAATTGGGTAGAAGAAAAC CTGCAACTGGAAAACCGTTGCATCATCGACTGGAACCAGGGCGAAGATAGCTGGCAGGAC ATGTACCTGATGAGCTGCTGCCGCCACCACATTATCGCAAACAGCTCTTTCTCCTGGTGG GCGGCATGGCTGAATCCAAACAAGAACAATAATCGTACTGACCCCGAACAAATGGTTCAAC CATACTGACGCGAGTGGGTATCGTCCCAAAGTCCTGGATTAAAATTCCTGTGTTTTAGCTC GAGTGACTGACTG		
FutU	CAGTCAGTCAGAATTCAAGAAGGAGATATACATATGAAAATCGTTAAAATCCTGGGCGGC CTGGGTAACCAGATGTTTCAGTACGCCCTGTTCTCTGTCTCTGAAAGAACGTTCCCGCAT GAACAGGTGATGATTGACACCAGCTGCTTCCGCAATTACCCACTGCACAACGGTTTCGAA GTGGATCGTATCTTCGCCCAGAAAGCACCAGTTGCCCTCTTGGCGTAACATCCTGAAGGTT GCCTACCCGTACCCGAACCTACCGTTTCTGGAAAATCGGTAAATACATCCTGCCATAACGT AAAACCATGTGTGTAGAGCGTAAAAACTTCAGCTTTGACGCCGAGTCTGACCCGTAAA GGCGATTGCTACTATGATGGCTACTGGCAGCATGAGGAATATTTCTGTGATATGAAAGAA ACGATTTGGGAGGCTTTCTCCTTCCCTGAGCCGGTTGATGGTCGTAACAAGGAGATCGGT GCCCTGTACAGGCATCTGATAGCGCTTCCCTGCACGTTCTGTCGGTGACTACGTGAAC CACCACCTGTTTCGTGGTATTTGTGACCTGGACTATTATAAACGTGCCATCCACTACATG GAAGAACCGCTCAACCCACAGCTGTACTGCGTTTTTCAGCAACGATATGGCCTGGTGGAG TCCCACCTGCGTGCACTGCTGCCAGGCAAAGAAGTAGTTTATGTTGACTGGAACAAGGGT GCGGAATCTTACGTTGATATGCGTCTGATGAGCCTGTGCCGTGCAACATCATCGCTAAC TCTTCTTTCAGCTGGTGGGGCGCATGGCTGAACCGTAACCCGAGAAAGTGGTGGTAGCG CCGGAACGTTGGATGAACAGCCCGATTGAAGACCCAGTGAGCGACAAATGGATTAAACTG TAGCTCGAGTGACTGACTG	281	10
FutV	CAGTCAGTCAGAATTCAAGAAGGAGATATACATATGATCATCATCCAGCTGAAAGGTGGC CTGGGCAACCAATGTTCCAGTACGCGCTGTACAAATCCCTGAAAAACGTGGTAAAGAA GTTAAATTTGATGACAAAACCTGGCTTCGTGAACGACAAAACGTGCTATCCCGTACTGTCC CGTTGGGGTGTGAGTACGATCGTGCAACCGACGAAGAGATTATTAACCTGACCGACTCC AAAATGGACCTGTTCTCTCGCATCCGCCGTAAACTGACTGGCCGCAAAACGTTCCGTATC GACGAAGAATCCGGTAAATTCAACCCGGAATCCTGAAAAAGAGAACGTTATCTGGTG GGTTATTGGCAGTGCGACAAGTACTTCGACGACAAAGATGTGGTTCGCGAAATTCGTGAA GCGTTCGAGAAAAAACCGCAGGAGCTGATGACCGACGCCAGCTCTTGGTCTACTCTACAG CAGATTGAATGCTGCGAGTCCGTATCCCTGCACGTACGTCTGTAAGTACGTGGACGAG GAACATATTATATCCATAACATCTGTACGGAAAAATACTATAAAAAACGCCATTGATCGT GTGCGTAAACAGTACCCGAGCGCAGTGTTCTTTCATCTTCACCGATGATAAAGAATGGTGC CGCGACCACTTTAAAGGTCCGAACCTTCATCGTAGTTCGAACTGGAAGAAGCGACGGTACC GACATCGCTGAAATGACTCTGATGTCCCGCTGTAAACATCACATCATCGCTAATTCTAGC TTTAGCTGGTGGGCGCGTGGCTGAACGACTCCCCGAAAAAATCGTGATCGCTCCTCAG AAATGGATTAAACACCGCGACATGGACGATATTTACACCGAGCGTATGACTAAAAATCGCA CTGTAGCTCGAGTGACTGACTG	282	30
FutW	CAGTCAGTCAGAATTCAAGAAGGAGATATACATATGCGCCTGGTTAAAATGATCGGCGGT CTGGGTAATCAGATGTTTCATCTACGCGTTTTTACCTACAGATGCGTAAGCGTTTCTCCAAC GTTCTGATCGAACCCTGACCGATATGATGCACCTACAACGTACACTATGGCTACGAACGAC AAAGTTTTTCGGTCTGCCGCGCACCAGTTCTGTATGAACAGCCTCTGAAAAAGGTTCTG GAGTTCCTGTTCTTCCGTACCATTTGTTGAACGTAAACAGCACGGTCTGTATGGAGCCGTAT ACTTGCCAGTATGTTTGGCCGCTGGTTTTACTTTAAGGGCTTCTATCAGTCCGAACGTTAC TTCTCCGAAGTTAAGGACGAAGTTCGTGAGTGTTCACCTTCAATCCGGCACTGGCGAAT CGTTCTTCCCAACAGATGATGGAACAGATCCAGAATGATCCTCAGGCTGTCTCTATCCAC ATCCGTGCTGGCGACTATCTGAATCCGAAGCACTACGACACTATCGGTTGTATCTGTGAG CTGCCGTATTACAAGCACGCCGTTTCCGAAATTAAGAAAGTACGTTTCTAACCCCTCACTTT TACGTTTTCTCCGAAGACCTGGATTGGGTCAAAGCAAACCTGCCGCTGGAAAAACGCACAG TACATCGATTGGAACAAAGCGCAGATAGCTGGCAGGATATGATGCTGATGAGCTGTTGC AAACACCACATTATCTGTAACCTCCACCTTTAGCTGGTGGGCGGCGTGGCTGAACCCATCT GTGAAAAAACCGTGATCATGCCGGAACAGTGGACGCTCTCGTCAAGATTCCGTGGACTTT GTGGCTAGCTGTGGCCGTGGGTCCGTGTTAAAACGGAGTAGCTCGAGTGACTGACTG	283	40
FutX	CAGTCAGTCAGAATTCAAGAAGGAGATATACATATGCGTCTGATCAAGATGATCGGCGGC CTGGGTAACCAGATGTTTATCTACGCGTTTCTACCTGAAAATGAAACACCATTACCCGGAT ACGAACATCGATCTGTCTGACATGGTTTCAATTATAAAGTTCAACCGTTATGAGATGAAC	284	

	CGTATCTTTGACCTGAGCCAGACTGAATTTTGCATCAACCGTACCCTGAAAAAATCCTG GAGTTCCTGTTCTTCAAAAAATCTACGAACGTCGCCAGGACCCGTCTACTCTGTATCCA TACGAAAAACGTTATTTTGGCCGCTGCTGTACTTTAAAGGTTTCTACCAGTCTGAACGC TTCTTCTTCGATATCAAAGACGACGTTTCGTAAAGCCTTCTCTTTTAACCTGAACATCGCT AACCCGGAAAGCCTGGAACCTGCTGAAACAGATCGAAGTTGACGACCAAGCTGTTTCTATC CACATCCGCCGCTGGTGACTACCTGCTGCCGCTCACTGGGCAAACACGGGTTCCGTGTGC CAGCTGCCGTATTACAAGAACGCGATCGCGGAAATGGAGAACCGTATTACTGGCCCGAGC TACTACGTGTTCTCTGATGATATCTCTTGGGTAAAGAAAACATCCCGCTGAAGAAAGCG GTCTACGTGACGTGGAACAAGGGCGAAGACAGCTGGCAGGATATGATGCTGATGAGCCAC TGTCGTCACACATTATCTGTAATTCTACGTTCTCCTGGTGGGGTGCTTGGCTGAACCCA CGTAAAGAGAAAAATCGTCATCGCGCCGTGTCGCTGGTTCCAGCATAAAGAAACCCCGAC ATGTACCCGAAAGAATGGATCAAAGTACCGATTAACTAGCTCGAGTGACTGACTG	
FutZ	CAGTCAGTCAGAATTCAAGAAGGAGATATACATATGTTATTCTTGCCTGTCTGGTGGCCTG GGTAACCAAATGTTTCAATACGCAGCAGCGTATATCCTGAAGCAGTATTTTCAGTCTACC ACTCTGGTCTCTGGATGATAGCTATTACTATTCCCAGCCGAAACGTGATACCGTTTCGTAGC CTGGAACCTGAATCAGTTCAACATCTCTTATGATCGTTTTAGCTTCGCGGATGAAAAAGAG AAGATCAAACCTGCTGCGCAAATTCAAACGTAACCCGTTCCCTAAACAGATTTCCGAGATC CTGTCTATTGCGCTGTTTCGGCAAATACGCGCTGTCCGACCGTGCATTTTACACCTTCGAA ACTATCAAAAAACATCGACAAAGCGTGCTGTTCTCTTTTACCAGGACGCCGATCTGCTG AATAAATATAAGCAGCTGATCCTGCCGCTGTTTCGAACTGCGCGATGACCTGCTGGATATC TGCAAGAACCTGGAACCTGATTCCCTGATCCAACGCAGCAACAATACCACTGCACTGCAT ATCCGCCGTGGCGACTACGTGACCAACCAGCACGCCGCGAAATACCACGGCGTGTGGAC ATCAGCTACTATAACCACGCAATGGAATACGTGGAACGTGAACGCGGCAAACAGAACTTC ATTATCTTCAGCGATGATGTACGTTGGGCACAGAAAGCGTTTCTGGAGAACGATAATTGC TACGTGATTAACAACCTCCGACTACGATTTCTCTGCGATCGATATGTATCTGATGTCTCTG TGCAAAAAACAACATCATCGCAAATTCACCTACTCCTGGTGGGGTGCGTGGCTGAACAAA TACGAGGACAAACTGGTTATCTCTCCGAAACAATGGTTTCTGGGTAACAACGAAACCTCT CTGCGTAACGCGTCTTGGATCACCTGTAGCTCGAGTGACTGACTG	285
FutZA	CAGTCAGTCAGAATTCAAGAAGGAGATATACATATGCGTCTGATCAAGATGACCGGTGGC CTGGGTAACCAGATGTTTCATCTACGCGTTTATCTGCGTATGAAAAACGTTATCCGAAA GTTTCGTATTGATCTGTCTGATATGGTTTCATTATCACGTTCCACCACGGCTATGAAATGCAC CGTGTCTTTCAATCTGCCGCACACCGAATTTTGCATCAACCAGCCGCTGAAAAAAGTGATC GAGTTCCTGTTTTTCAAAAAAGATTACGAACGTAAACAGGACCCTAATTCTCTGCGTGCA TTTCGAGAAGAAGTATCTGTGGCCGCTGCTGTACTTCAAAGGTTTCTATCAATCTGAGCGC TTCTTTGCTGACATCAAAGACGAGGTTTCGTAAAGCATTACCTTTGACTCTTCTAAAGTG AACGCTCGCTCTGCCGAACCTGCTGCGTCGCTGGATGCCGATGCTAACGCGGTTAGCCTG CACATTCGTCGCGGTGACTATCTACAGCCGAGCATTGGGCTACCACTGGTTCTGTCTGC CAGCTGCCGTACTACCAGAACGCGATCGCTGAAATGAACCGTCGCGTTGCTGCCCCGAGC TACTACGTTTTTACGCGATGACATCGCGTGGGTGAAGGAAAACATCCCTCTACAGAACGCA GTGTACATCGACTGGAATAAAGGCGAAGAAAGCTGGCAGGATATGATGCTGATGAGCCAC TGCCGCCACACATTATCTGTAACAGCACCTTCTCTTGGTGGGGCGCGTGGCTGGACCCG CACGAGGACAAAAATTGTAATCGTTCCGAATCGTTGGTTCCAGCATTGCGAAACTCCTAAC ATCTATCCGGCAGGCTGGGTGAAAGTTGCGATTAAATTAGCTCGAGTGACTGACTG	286

10

20

30

40

50

【 0 0 6 3 】

本明細書に記載される任意の方法において、(1,2)フコシルトランスフェラーゼ遺伝子または遺伝子産物は、変種またはその機能的フラグメントであり得る。本明細書に開示される任意の遺伝子または遺伝子産物の変種は、本明細書に記載される核酸またはアミノ酸配列に対して50%、55%、60%、65%、70%、75%、80%、85%、90%、95%、96%、97%、98%または99%の配列同一性を有し得る。

【 0 0 6 4 】

本明細書に開示される変種はまた、本明細書で詳述されている遺伝子または遺伝子産物と同じ生物学的機能を保持する本明細書に記載される遺伝子または遺伝子産物のホモログ、オルトログまたはパラログを含む。これらの変種は、これらの方法において言及されている遺伝子と交換可能に使用され得る。そのような変種は、生物学的機能にとって重要な保存されたドメイン、好ましくは機能的ドメイン、例えば触媒ドメインにおいて、一定比率の相同性または同一性、例えば50%、55%、60%、65%、70%、75%、80%、85%、90%、95%、96%、97%、98%または99%の同一性を示し得る。

【 0 0 6 5 】

2つまたはそれ以上の核酸またはポリペプチド配列との関係で言う「%同一性」という用語は、以下の配列比較アルゴリズムの1つを用いてまたは目視検査によって測定した場合に、最大一致条件で比較および整列させたときに2つまたはそれ以上の配列または部分配列が同一であることまたは同一である特定比率のアミノ酸残基もしくはヌクレオチドを有することを表す。例えば、%同一性は、比較される配列のコード領域の全長またはその特定のフラグメントもしくは機能的ドメインの全長に対するものである。

【0066】

配列比較を行う場合、典型的には1つの配列が、試験配列と比較する参照配列として使用される。配列比較アルゴリズムを使用する場合、試験および参照配列がコンピュータに入力され、必要な場合、部分配列の座標が指定され、そして配列アルゴリズムプログラムのパラメータが指定される。配列比較アルゴリズムは、その後、指定されたプログラムパラメータに基づき、参照配列に対する試験配列のパーセント配列同一性を計算する。

10

【0067】

パーセント同一性は、検索アルゴリズム、例えばBLASTおよびPSI-BLAST (Altschul et al., 1990, J Mol Biol 215:3, 403-410; Altschul et al., 1997, Nucleic Acids Res 25:17, 3389-402)を用いて決定される。PSI-BLAST検索の場合、以下の例示的なパラメータが用いられる：(1)期待値 (Expect threshold) は10とした；(2)ギャップコスト (Gap cost) は、存在 (Existence) : 11および拡張 (Extension) : 1とした；(3)用いる行列はBLOSUM62とした；(4)低複雑度領域のフィルターを「オン」にした。

20

【0068】

変化は、そのタンパク質または酵素の機能的能力を変更せずにコードされるタンパク質または酵素のアミノ酸配列を変化させる本明細書に記載される遺伝子または遺伝子産物のいずれかの核酸配列またはアミノ酸配列への変異によって導入され得る。例えば、「非必須」アミノ酸残基におけるアミノ酸置換をもたらすヌクレオチド置換が、本明細書に明示的に開示される配列のいずれかの配列において行われ得る。「非必須」アミノ酸残基は、その生物学的活性を変更せずにそのポリペプチドの野生型配列から変更することができる配列内の位置にある残基であり、「必須」アミノ酸残基は、生物学的活性に必要とされる位置にある残基である。例えば、タンパク質ファミリーのメンバー間で保存されているアミノ酸残基は、変異に適さない可能性がある。しかし、他のアミノ酸残基 (例えば、タンパク質ファミリーのメンバー間でほとんど保存されていないものは、活性に必須でないと考えられ、したがって変更に適する可能性が高い。したがって、本発明の別の局面は、活性 (すなわち、フコシルトランスフェラーゼ活性) に必須でない本明細書に開示されるアミノ酸配列との比較でのアミノ酸残基の変化を含む本明細書に開示されるタンパク質または酵素をコードする核酸分子に関連する。

30

【0069】

本明細書に記載される任意の遺伝子との比較で機能的能力を本質的に保持するタンパク質をコードする単離された核酸分子は、1つまたは複数のアミノ酸置換、付加または欠失がコードされるタンパク質に導入されるよう、対応するヌクレオチド配列に1つまたは複数のヌクレオチド置換、付加または欠失を導入することによって作製され得る。

【0070】

変異は、コードされるアミノ酸配列を変更する標準的技術、例えば部位特異的変異誘発およびPCR媒介変異誘発によって核酸配列に導入され得る。好ましくは、保存的アミノ酸置換は、1つまたは複数の推定非必須アミノ酸残基において行われる。「保存的アミノ酸置換」は、アミノ酸残基が類似の側鎖を有するアミノ酸残基と置き換えられる置換である。類似の側鎖を有するアミノ酸残基のファミリーは、当技術分野で定義されている。特定のアミノ酸は、2つ以上に分類可能な特徴を有する側鎖を有する。これらのファミリーは、塩基性側鎖 (例えば、リジン、アルギニン、ヒスチジン)、酸性側鎖 (例えば、アスパラギン酸、グルタミン酸)、非荷電極性側鎖 (例えば、グリシン、アスパラギン、グルタミン、セリン、スレオニン、チロシン、トリプトファン、システイン)、非極性側鎖 (例えば、アラニン、バリン、ロイシン、イソロイシン、プロリン、フェニルアラニン、メチ

40

50

オニン、チロシン、トリプトファン)、ベータ分枝側鎖(例えば、スレオニン、バリン、イソロイシン)および芳香族側鎖(例えば、チロシン、フェニルアラニン、トリプトファン、ヒスチジン)を有するアミノ酸を含む。したがって、特定のポリペプチド内の推定非必須アミノ酸残基は、同じ側鎖ファミリーの別のアミノ酸残基で置き換えられる。あるいは、別の態様において、変異は、あるコード配列の全体または一部にわたって無作為的に、例えば飽和変異誘発によって導入され得、得られた変異が、活性を保持する変異を同定するために、そのポリペプチドの生物学的活性に関してスクリーンされ得る。逆に、本発明はまた、内因性の生物学的活性を増強するまたは増大させる変異を有する変種を提供する。核酸配列の変異誘発の後、コードされるタンパク質は、当技術分野で公知の任意の組み換え技術によって発現され得、そのタンパク質の活性が決定され得る。本明細書に開示される変種の特定の生物学的活性の増加、減少または消滅は、当業者によって容易に、すなわち、オリゴ糖の修飾、合成または分解を媒介する能力を(生産物の検出を通じて)測定することによって測定され得る。

【0071】

本発明はまた、本明細書に記載される遺伝子または遺伝子産物の機能的フラグメントを提供する。フラグメントは、本明細書に提供されるこれらの配列およびすべての他のものの例においては、全体より小さい全体の一部と定義される。さらに、フラグメントは、ポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列内の単一ヌクレオチドまたはアミノ酸からその全ポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列よりも1つ少ないヌクレオチドまたはアミノ酸のサイズ範囲である。最後に、フラグメントは、上で定義された限度値の間の中間値である完全なポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列の任意の一部として定義される。

【0072】

例えば、本明細書に開示されるまたは本明細書に開示される任意の遺伝子によってコードされる任意のタンパク質または酵素のフラグメントは、10~20アミノ酸、10~30アミノ酸、10~40アミノ酸、10~50アミノ酸、10~60アミノ酸、10~70アミノ酸、10~80アミノ酸、10~90アミノ酸、10~100アミノ酸、50~100アミノ酸、75~125アミノ酸、100~150アミノ酸、150~200アミノ酸、200~250アミノ酸、250~300アミノ酸、300~350アミノ酸、350~400アミノ酸、400~450アミノ酸または450~500アミノ酸であり得る。本発明に包含されるフラグメントは、機能的フラグメントを保持するフラグメントを含む。したがって、フラグメントは、好ましくは、機能的活性に必要とされるまたは重要である触媒ドメインを保持する。フラグメントは、本明細書の配列情報を使用することによって決定または生成され得、かつフラグメントは、当技術分野で公知の標準的な方法を使用して機能的活性について試験され得る。例えば、コードされるタンパク質は、当技術分野で公知の任意の組み換え技術によって発現され得、そしてそのタンパク質の活性が決定され得る。そのフラグメントの生物学的機能は、基質オリゴ糖を合成もしくは修飾する、または逆にオリゴ糖基質を異化する能力を測定することによって測定され得る。

【0073】

本発明との関係で、「機能的等価物」は、本明細書で使用される場合、野生型フコシルトランスフェラーゼと実質的に類似の活性を示すことができる遺伝子もしくは生じるコードされているタンパク質の変種またはそれらのフラグメントを表す。詳細には、フコシルトランスフェラーゼ活性は、アルファ-(1,2)-結合を通じてフコース糖をアクセプター基質に転移させる能力を表す。本明細書で使用される場合、「実質的に類似の活性」は、野生型フコシルトランスフェラーゼの5%、10%、20%、30%、40%または50%内の活性レベルを表す。

【0074】

ラクトース利用性フコシルトランスフェラーゼ活性を試験するため、候補酵素(またはシンジーン)を発現しかつ細胞質GDP-フコースおよびラクトースプールの両方を含む宿主生物においてフコシル化オリゴ糖(すなわち、2'-FL)の産生が評価される。フコシル化オリゴ糖の産生は、候補酵素をコードする配列がラクトース利用性(1,2)フコシルトランスフェラーゼとして機能することを示す。

10

20

30

40

50

【 0 0 7 5 】

ヒト乳オリゴ糖2'-FLの生産のための大腸菌の改変

本明細書には、代謝的に改変された大腸菌におけるフコシル結合オリゴ糖の合成に関して新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼ ((1,2)FT) を有効化するために使用した遺伝子スクリーニングアプローチが記載されている。HMOS 2'-フコシルラクトース (2'-FL) を合成することができる (1,2)FTが、特に関心対象である。2'-FLは、ヒト乳中に存在する最も豊富なフコシル化オリゴ糖であり、このオリゴ糖は、細菌病原体、例えばカンピロバクター・ジェジュニにより引き起こされる感染性下痢に対する保護を新生児に提供する (Ruiz-Palacios, G.M., et al. (2003). *J Biol Chem* 278, 14112-120; Morrow, A.L. et al. (2004). *J Pediatr* 145, 297-303; Newburg, D.S. et al. (2004). *Glycobiology* 14, 253-263)。他の関心対象の (1,2)FTは、HMOSラクトジフコテトラオース (LDFT)、ラクト-N-フコペンタオースI (LNF I) またはラクト-N-ジフコヘキサオースI (LDFH I) の合成が可能なものである。

10

【 0 0 7 6 】

ヒト乳のフコシルオリゴ糖の合成経路は、図1に示されている。構造的に、2'-FLは、ラクトースのガラクトース部分に 1,2結合したフコース分子からなる (Fuc 1-2Gal 1-4Glc)。FutCと呼ばれるH. ピロリ株26695由来の (1,2)FTは、代謝的に改変された大腸菌において2'-FLの合成を触媒するために利用されている (Drouillard, S. et al. (2006). *Angew Chem Int Ed Engl* 45, 1778-780)。

20

【 0 0 7 7 】

標準的な分子生物学技術によって、(1,2)FT (即ち、シンジーン) を発現プラスミドにクローニングした。このプラスミドは、候補遺伝子の発現を誘導するためにバクテリオファージの強力な左方向プロモーター (P_Lと呼ばれる) を利用する (Sanger, F. et al. (1982). *J Mol Biol* 162, 729-773)。このプロモーターは制御可能であり、例えば、trp-clコンストラクトは大腸菌宿主のゲノム (のampC座) に安定的に組み込まれ、そして制御は成長培地にトリプトファンを添加することによって行われる。タンパク質発現の段階的誘導は、温度感受性clリプレッサーを用いて達成される。別の同様の制御戦略 (温度依存的発現系) も記載されている (Mieschendahl et al., 1986, *Bio/Technology* 4: 802-808)。このプラスミドもまた、フコシル結合型オリゴ糖合成における重要な前駆体であるGDP-フコースの合成を上方調節する大腸菌 rcsA遺伝子を有している。加えて、このプラスミドは、(研究室での利便性のために) このプラスミドをアンピシリン選択により宿主株中で維持するための -ラクタマーゼ (bla) 遺伝子およびthyA⁻宿主における代替選択手段としてのネイティブthyA (チミジル酸シンターゼ) 遺伝子を有している。代替選択マーカーは、プロリン栄養性を補完するproBA遺伝子 (Stein et al., (1984), *J Bacteriol* 158:2, 696-700 (1984)) またはアデニン栄養性を補完するpurA (S. A. Wolfe, J. M. Smith, *J Biol Chem* 263, 19147-53 (1988)) を含む。プラスミド選択マーカーとして機能させるために、これらの遺伝子は各々、最初に宿主細胞の染色体において不活性化され、次いでこの遺伝子の野生型コピーがプラスミド上に提供される。あるいは、薬物耐性遺伝子、例えばベータ-ラクタマーゼ (この遺伝子は上記の発現プラスミド上にすでに存在しており、それによってアンピシリン選択を可能にしている) がプラスミド上で使用され得る。アンピシリン選択は当技術分野で周知であり、標準的な参考書、例えばManiatis et al., (1982) *Molecular cloning, a laboratory manual*. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring, N.Y.に記載されている。

30

40

【 0 0 7 8 】

そのような発現プラスミドであるpEC2-(T7)FutX-rcsA-thyA (pG401)の核酸配列を以下に示す。下線を付した配列はFutXシンジーンを表しており、この配列は、標準的な組換えDNA技術を用いて、本明細書に記載した任意の新規 (1,2)FTと簡単に置き換えることが可能である。

TCGCGCGTTTCGGTGATGACGGTGAAAACCTCTGACACATGCAGCTCCCGGAGACGGTCACAGCTTGT
CTGTAAGCGGATGCCGGGAGCAGACAAGCCCGTCAGGGCGCGTCAGCGGGTGTTGGCGGGTGTGCGGG
CTGGCTTAACCTATGCGGCATCAGAGCAGATTGTACTGAGAGTGCACCATATATGCGGTGTGAAATACC
GCACAGATGCGTAAGGAGAAAATACCGCATCAGGCGCCTCCTCAACCTGTATATTGTAACACACGCC
CAATGGGAGCTGTCTCAGGTTTGTTCCTGATTGGTTACGGCGCGTTTCGCATCATTGTTGAGTTTTTC
CGCCAGCCCCGACGCGCAGTTTACCGGTGCCTGGGTGCAGTACATCAGCATGGGGCAAATTCCTTCCAT
CCCGATGATTGTGCGGGGTGTGATCATGATGGTCTGGGCATATCGTCGCAGCCCACAGCAACACGTTT
CCTGAGGAACCATGAAACAGTATTTAGAACTGATGCAAAAAGTGCTCGACGAAGGCACACAGAAAAAC
GACCGTACCGGAACCGGAACGCTTCCATTTTTTGGTCATCAGATGCGTTTTAACCTGCAAGATGGATT
CCCGCTGGTGACAACTAAACGTTGCCACCTGCGTTCCATCATCCATGAAGTCTGTGGTTTCTGCAGG
GCGACACTAACATTGCTTATCTACACGAAAAAATGTCACCATCTGGGACGAATGGGCCGATGAAAAC
GGCGACCTCGGGCCAGTGTATGGTAAACAGTGGCGCGCCTGGCCAACGCCAGATGGTCGTCATATTGA
CCAGATCACTACGGTACTGAACCAGCTGAAAAACGACCCGGATTTCGCGCCGATTATTGTTTCAGCGT
GGAACGTAGGCGAAGTGGATAAAATGGCGCTGGCACCGTGGCATGCATTCTTCCAGTTCTATGTGGCA
GACGGCAAACCTCTCTTGCCAGCTTTATCAGCGCTCCTGTGACGTCTTCCTCGGCCTGCCGTTCAACAT
TGCCAGCTACGCGTTATTGGTGATATGATGGCGCAGCAGTGCATCTGGAAGTGGGTGATTTTGTCT
GGACCGGTGGCGACACGCATCTGTACAGCAACCATATGGATCAAACTCATCTGCAATTAAGCCGCGAA
CCGCGTCCGCTGCCGAAGTTGATTATCAAACGTAAACCCGAATCCATCTTCGACTACCGTTTCGAAGA
CTTTGAGATTGAAGGCTACGATCCGCATCCGGGCATTAAAGCGCCGGTGGCTATCTAATTACGAAACA
TCCTGCCAGAGCCGACGCCAGTGTGCGTCGGTTTTTTTACCCTCCGTTAAATTCTTCGAGACGCCTTC
CCGAAGGCGCCATTTCGCCATTTCAGGCTGCGCAACTGTTGGGAAGGGCGATCGGTGCGGGCCTCTTCGC
TATTACGCCAGCTGGCGAAAGGGGGATGTGCTGCAAGGCGATTAAAGTTGGGTAAACGCCAGGGTTTTCC
CAGTCACGACGTTGTAAACGACGGCCAGTGCCAAGCTTTCTTTAATGAAGCAGGGCATCAGGACGGT
ATCTTTGTGGAGAAAGCAGAGTAATCTTATTACGCTGACTGGTGGGAAACCACAGTCAGAATGTGT
TAGCGCATGTTGACAAAAATACCATTAGTCACATTATCCGTCAGTCGGACGACATGGTAGATAACCTG
TTTATTATGCGTTTTTGATCTTACGTTTAATATTACCTTTATGCGATGAAACGGTCTTGGCTTTGATAT
TCATTTGGTTCAGAGATTTGAATGGTTCCCTGACCTGCCATCCACATTTCGCAACATACTCGATTTCGGT
CGGCTCAATGATAACGTCGGCATATTTAAAAACGAGGTTATCGTTGTCTCTTTTTTTCAGAATATCGCC
AAGGATATCGTCGAGAGATTCCGGTTTAATCGATTTAGAACTGATCAATAAATTTTTTCTGACCAATA
GATATTCATCAAAATGAACATTGGCAATTGCCATAAAAAACGATAAATAACGTATTGGGATGTTGATTA
ATGATGAGCTTGATACGCTGACTGTTAGAAGCATCGTGGATGAAACAGTCCTCATTAATAAACACCAC
TGAAGGGCGCTGTGAATCACAAGCTATGGCAAGGTCATCAACGGTTTCAATGTCGTTGATTTCTCTTT
TTTTAACCCTCTACTCAACAGATAACCCGGTTAAACCTAGTCGGGTGTAACCTACATAAATCCATAATA
ATCGTTGACATGGCATACCCTCACTCAATGCGTAACGATAATTCCCCTTACCTGAATATTTATCATG
ACTAAACGGAACAACATGGGTACCTAATGCGCCACTCTCGCGATTTTTTCAGGCGGACTTACTATCCC
GTAAAGTGTTGTATAATTTGCCTGGAATTGTCTTAAAGTAAAGTAAATGTTGCGATATGTGAGTGAGC
TTAAACAAATATTTGCTGCAGGAGTATCCTGGAAGATGTTGCTAGAAGCTTACTGCTCACAGAAA

10

20

30

AAAGGCACGTCATCTGACGTGCCTTTTTTATTTGTACTACCCTGTACGATTACTGCAGCTCGAGCTAG
TTAATCGGTACTTTGATCCATTCTTTCCGGGTACATGTCCGGGGTTTCTTTATGCTGGAACCAGCGACA
CGGCGCGATGACGATTTTCTCTTTACGTGGGTTCAGCCAAGCACCCACCAGGAGAACGTAGAATTAC
AGATAATGTGGTGACGACAGTGGCTCATCAGCATCATATCCTGCCAGCTGTCTTCGCCCTTGTTCCAC
GTCACGTAGACCGCTTTCTTCAGCGGGATGTTTTCTTTAACCCAAGAGATATCATCAGAGAACACGTA
GTAGCTCGGGCCAGTAATACGGTTCCTCATTTCGCGGATCGCGTTCCTTGTAATACGGCAGCTGGCACA
CGGAACCCGTGTTTGCCAGTGACGCGGCAGCAGGTAGTCACCACGGCGGATGTGGATAGAAACAGCT
TGGTCGTCAACTTCGATCTGTTTCAGCAGTTCAGGCTTTCCGGGTAGCGATGTTCAAGTTAAAAGA
GAAGGCTTTACGAACGTCGTCTTTGATATCGAAGAAGAAGCGTTCAGACTGGTAGAAACCTTTAAAGT
ACAGCAGCGGCCAAAAATAACGTTTTTCGTATGGATACAGAGTAGACGGGTCTGGCGACGTTCTGTAG
ATTTTTTTGAAGAACAGGAACCTCAGGATTTTTTTTCAGGGTACGGTTGATGCAAAATTCAGTCTGGCT
CAGGTCAAAGATACGGTTCATCTCATAACCGTTGTGAACCTTTATAATGAACCATGTGACACAGATCGA
TGTTCTGATCCGGGTAATGGTGTTCATTTTCAGGTAGAACGCGTAGATAAACATCTGGTTACCCAGG
CCGCCGATCATCTTGATCAGACGCATATGTATATCTCCTTCTTGAATTCATAAAATTGATTGAATGTA
TGCAAATAAATGCATACACCATAGGTGTGGTTTAATTTGATGCCCTTTTTTCAGGGCTGGAATGTGTAA
GAGCGGGGTATTTATGCTGTTGTTTTTTTGTACTCGGGAAGGGCTTTACCTCTTCCGCATAAACGC
TTCCATCAGCGTTTATAGTTAAAAAATCTTTCGGAACCTGGTTCGCGCTTACCCCAACCAACAGGGG
ATTTGCTGCTTTCCATTGAGCCTGTTTCTCTGCGCGACGTTTCGCGCGGCGTGTGTTGTGCATCCATCT
GGATTCTCCTGTGAGTTAGCTTTGGTGGTGTGTGGCAGTTGTAGTCTGAACGAAAACCCCCCGCAT
TGGCACATTGGCAGCTAATCCGGAATCGCACTTACGGCCAATGCTTCGTTTCGTATCACACACCCCAA
AGCCTTCTGCTTTGAATGCTGCCCTTCTTCAGGGCTTAATTTTTTAAGAGCGTCACCTTCATGGTGGTC
AGTGCGTCCTGCTGATGTGCTCAGTATCACCGCCAGTGGTATTTATGTCAACACCGCCAGAGATAATT
TATCACCGCAGATGGTTATCTGTATGTTTTTTATATGAATTTATTTTTTGCAGGGGGGCATTGTTTGG
TAGGTGAGAGATCAATTCTGCATTAATGAATCGGCCAACGCGCGGGGAGAGGCGGTTTGCATATTGGG
CGCTCTTCCGCTTCTCTGCTCACTGACTCGCTGCGCTCGGTTCGCTGCGGCTGCGGCGAGCGGTATCAGC
TCACTCAAAGGCGGTAATACGGTTATCCACAGAATCAGGGGATAACGCAGGAAAGAACATGTGAGCAA
AAGGCCAGCAAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGGCCGCGTTGCTGGCGTTTTTCCATAGGCTCCGCCCC
CCTGACGAGCATCACAAAATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAAGATA
CCAGGCGTTTTCCCCCTGGAAGCTCCCTCGTGCGCTCTCCTGTTCCGACCCTGCCGCTTACCGGATACC
TGTCGCGCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGCTTTCTCATAGCTCACGCTGTAGGTATCTCAGTTTCG
GTGTAGGTGCTTCGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCCCCCGTTCAGCCCGACCGCTGCGCCTT
ATCCGGTAACCTATCGTCTTGAGTCCAACCCGTAAGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCAGCCACTG
GTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAAGTGGTGGCCTAACTAC
GGCTACACTAGAAGAACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGGAAAAAGAGT
TGGTAGCTCTTGATCCGGCAAACAAACACCGCTGGTAGCGGTGGTTTTTTTTGTTTGCAAGCAGCAGA
TTACGCGCAGAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGGTCTGACGCTCAGTGG
AACGAAAACCTACGTTAAGGGATTTTGGTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTT
AAATTAATAAATGAAGTTTAAATCAATCTAAAGTATATATGAGTAACTTGGTCTGACAGTTACCAAT
GCTTAATCAGTGAGGCACCTATCTCAGCGATCTGTCTATTTCTGTTTCATCCATAGTTGCCTGACTCCCC
GTCGTGTAGATAACTACGATACGGGAGGGCTTACCATCTGGCCCCAGTGCTGCAATGATACCGCGAGA
CCCACGCTCACCGGCTCCAGATTTATCAGCAATAAACAGCCAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGAAGTG
GTCCTGCAACTTTATCCGCCTCCATCCAGTCTATTAATTGTTGCCGGAAGCTAGAGTAAGTAGTTTCG
CCAGTTAATAGTTTGCGCAACGTTGTTGCCATTGCTACAGGCATCGTGGTGTACGCTCGTCTGTTGG
TATGGCTTCATTGAGCTCCGGTTCCCAACGATCAAGGCGAGTTACATGATCCCCCATGTTGTGCAAAA
AAGCGTTAGCTCCTTCGGTCTCCGATCGTTGTCAGAAGTAAGTTGGCCGAGTGTATCACTCATG
GTTATGGCAGCACTGCATAATTCTCTTACTGTGTCATGCCATCCGTAAGATGCTTTTCTGTGACTGGTGA
GTACTCAACCAAGTCATTCTGAGAATAGTGTATGCGGCGACCGAGTTGCTCTTGCCCGGCGTCAATAC
GGGATAATACCGCGCCACATAGCAGAACTTTAAAAGTGCTCATCATTTGGAAAAAGTTCTTCGGGGCGA
AACTCTCAAGGATCTTACCGCTGTTGAGATCCAGTTCGATGTAACCCACTCGTGCAACCCAACTGATC
TTCAGCATCTTTTACTTTCACCAGCGTTTCTGGGTGAGCAAAAACAGGAAGGCAAAATGCCGCAAAAA
AGGGAATAAGGGCGACACGGAAATGTTGAATACTCATACTCTTCTTTTTCAATATTATTGAAGCATT
TATCAGGGTTATTGTCTCATGAGCGGATACATATTTGAATGTATTTAGAAAAATAAACAAATAGGGGT
TCCGCGCACATTTCCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAACCATTTATTATCATGACATTAACCT
ATAAAAATAGGCGTATCACGAGGCCCTTTTCGTC (SEQ ID NO: 287)

10

20

30

40

この発現コンストラクトで、2'-FLの生産に有用な宿主株を形質転換した。2'-FLの生合成のために、ラクトースおよびGDP-フコースの両方の増強された細胞プールを生成する必要がある(図2)。2'-FL生産を触媒する候補の能力を試験する背景となる親として、野生型大腸菌K12原栄養株W3110を選択した(Bachmann, B.J. (1972). *Bacteriol Rev* 36, 525-557)。使用したこのW3110派生株は、GI724として公知の大腸菌株を生成するトリプトファン誘導性 P_{trpB} cl+リプレッサーカセットの(ampC座への)導入によって事前に修飾されたものであった(LaVallie, E.R. et al. (2000). *Methods Enzymol* 326, 322-340)。GI724の他の特徴は、 $lacIq$ および $lacPL8$ プロモーターの変異を含む。大腸菌株GI724は、低レベルの外因性トリプトファンによる誘導後のファージ P_L プロモーターからの組み換えタンパク質の経済的生産に適している(LaVallie, E.R. et al. (1993). *Biotechnology (NY)* 11, 187-193; Mieschendahl, et al. (1986). *Bio/Technology* 4, 802-08)。この株に対して、2'-FLの生合成を促進するさらなる遺伝的変更を行った。これは、GI724株において、Red再結合(recombineering)を用いる染色体の数回の操作(Court, D.L. et al. (2002). *Annu Rev Genet* 36, 361-388)および汎用P1ファージ形質導入を通じて行った。

10

20

30

40

【0080】

第1に、細胞内ラクトースを蓄積する大腸菌宿主株の能力を、内因性 -ガラクトシダーゼ遺伝子($lacZ$)およびラクトースオペロンリプレッサー遺伝子($lacI$)の同時欠失によって改変した。この欠失を構築する際に、 $lacIq$ プロモーターをラクトースパーミアーズ遺伝子 $lacY$ のすぐ上流に配置させた。修飾株は、培養培地から($lacY$ を通じて)ラクトースを輸送する能力を維持しているが、ラクトース異化を担う $lacZ$ (-ガラクトシダーゼ)遺伝子の野生型コピーを欠いている。したがって、この修飾株を外因性ラクトースの存在下で培養したとき、細胞内ラクトースプールが形成される。 $P_{lacIq} lacY^+$ 染色体コンストラクトの概略は、図12に示されている。

【0081】

$P_{lacIq} lacY^+$ 染色体コンストラクトのゲノムDNA配列を以下に示す(SEQ ID NO:288)。
 CACCATCGAATGGCGCAAACCTTTTCGCGGTATGGCATGATAGCGCCCGGAAGAGAGTCAAGTGTAGGCTGGAGC
 TGCTTCGAAGTTCTTATACCTTTCTAGAGAATAGGAACCTTCGGAATAGGAACCTTCGGAATAGGAACCTAAGGAGGAT
 ATTCATATGTACTATTTAAAAACACAACTTTTGGATGTTTCGGTTTATTCTTTTTCTTTTACTTTTTATCATG
 GGAGCCTACTTCCCGTTTTTCCCGATTGGCTACATGACATCAACCATATCAGCAAAAGTGATACGGGTATTATT
 TTTGCCGCTATTTCTCTGTTCTCGCTATTATTTCCAACCGCTGTTTGGTCTGCTTTCTGACAAACTCGGGCTGCGC
 AAATACCTGCTGTGGATTATTACCGGCATGTTAGTGATGTTTTCGCGCGTTCTTTATTTTTATCTTCGGGCCACTG
 TTACAATACAACATTTTAGTAGGATCGATTGTTGGTGGTATTTATCTAGGCTTTTGTTTTAACGCCGGTGCGCCA
 GCAGTAGAGGCATTTATTGAGAAAGTCAGCCGTCGCGAGTAATTTTCGAATTTGGTTCGCGCGCGGATGTTTGGCTGT
 GTTGGCTGGGCGCTGTGTGCCTCGATTGTTCGGCATCATGTTTCAACCATCAATAATCAGTTTGTCTTTCTGGCTGGGC
 TCTGGCTGTGCACTCATCCTCGCCGTTTTACTCTTTTTTCGCCAAAACGGATGCGCCCTCTTCTGCCACGGTTGCC
 AATGCGGTAGGTGCCAACCATTTCGGCATTTAGCCTTAAGCTGGCACTGGAAGTGTTCAGACAGCCAAAACCTGTGG
 TTTTTGTCAGTGTATGTTATTGGCGTTTCTTGACCTACGATGTTTTTGACCAACAGTTTGCTAATTTCTTTACT
 TCGTTCTTTTGCTACCGGTGAACAGGGTACGCGGGTATTTGGCTACGTAACGACAATGGGCGAATTACTTAACGCC
 TCGATTATGTTCTTTGCGCCACTGATCATTAATCGCATCGGTGGGAAAAACGCCCTGCTGCTGGCTGGCACTATT
 ATGTCTGTACGTATTATTGGCTCATCGTTTCGCCACCTCAGCGCTGGAAGTGTTTATTCTGAAAACGCTGCATATG
 TTTGAAGTACCGTTCTGTCTGGTGGGCTGCTTTAAATATATTACCAGCCAGTTTGAAGTGCCTTTTTTCAGCGACG
 ATTTATCTGGTCTGTTTCTGCTTCTTAAGCAACTGGCGATGATTTTTATGTCTGTACTGGCGGGCAATATGTAT
 GAAAGCATCGGTTTCCAGGGCGCTTATCTGGTGTGGGTCTGGTGGCGCTGGGCTTACCTTAATTTCCGTGTTT
 ACGCTTAGCGGCCCGGCCGCTTTCCCTGCTGCGTGTGTCAGGTGAATGAAGTCGCTTAAGCAATCAATGTTCGGA
 TGCGGCGCGAGCGCTTATCCGACCAACATATCATAACGGAGTGATCGCATTGTAAATTATAAAAATTGCCGTGAT
 ACGCTGCGCTTATCAGGCCACAAAGTTCAGCGATCTACATTAGCCGCATCCGGCATGAACAAAGCGCAGGAACAA
 GCGTCGCA

【0082】

第2に、細胞外莢膜多糖であるコラン酸を合成する宿主大腸菌株の能力を、UDP-グルコース脂質担体トランスフェラーゼをコードする $wcaJ$ 遺伝子の欠失により除去した(Steven son, G. et al. (1996). *J Bacteriol* 178, 4885-893)。 $wcaJ$ ヌルの背景の下で、GDP-フコースは大腸菌の細胞質に蓄積される(Dumon, C. et al. (2001). *Glycoconj J* 18, 465-474)。 $wcaJ$ の染色体欠失の概略が図13に示されている。

50

【 0 0 8 3 】

wcaJ::FRT変異を有する大腸菌の染色体領域の配列を以下に示す (SEQ ID NO:289)。

```
GTTTCGGTTATCAATGTCAAAAACCTCACGCCGCTCAAGCTGGTGATCAACTCCGGGAACGGCGCAGCGGGTCC
GGTGGTGGACGCCATTGAAGCCCGCTTTAAAGCCCTCGGCGCGCCCGTGGAATTAATCAAAGTGCACAACACGCC
GGACGGCAATTTCCCCAACGGTATTCCCTAACCCACTACTGCCGGAATGCCGCGACGACACCCGCAATGCGGTTCAT
CAAACACGGCGCGGATATGGGCATTGCTTTTGATGGCGATTTTGACCGCTGTTTCCTGTTTGACGAAAAAGGGCA
GTTTATTGAGGGCTACTACATTGTGCGCCTGTTGGCAGAAGCATTCCTCGAAAAAATCCCGGCGCGAAGATCAT
CCACGATCCACGCTCTCTCTGGAACACCGTTGATGTGGTGACTGCCGCGAGGTGGCAGCGCGGTAATGTGCAAAAC
CGGACACGCCCTTTATTAAAGAACGTATGCGCAAGGAAGACGCCATCTATGGTGGCGAAATGAGCGCCACCATTAT
CTTCCGTGATTTTCGCTTACTGCGACAGCGGCATGATCCCGTGGCTGCTGGTCGCGGAACTGGTGTGCCTGAAAGA
TAAACGCTGGGCGAACTGGTACGCGACCGGATGGCGGCGTTTCCGGCAAGCGGTGAGATCAACAGCAAACTGGC
GCAACCCGTTGAGGCGATTAAACCGCGTGGAACAGCATTTTAGCCGTGAGGCGCTGGCGGTGGATCGCACCGGATGG
CATCAGCATGACCTTTGCCGACTGGCGCTTTAACTGCGCACCTCCAATACCGAACCAGGTGGTGGCGCTGAATGT
GGAATCGCGCGGTGATGTGCCGCTGATGGAAGCGCGAAGCGCAACTCTGCTGACGTTGCTGAACGAGTAATGTGCG
GATCTTCCCTTACCCACTGCGGGTAAGGGGCTAATAACAGGAACAACGATGATTCGCGGGGATCCGTGACGCTGC
AGTTCGAAGTTCCCTATTCTCTAGAAAGTATAGGAACCTCGAAGCAGCTCCAGCCTACAGTTAACAAGCGGCATA
TTGATATGAGCTTACGTGAAAAAACCATCAGCGGCGCGAAGTGCTGGCGGATTGCCACGGTGATCATCGGCC
TCGGGCTGGTGCGAGATGACCGTGCTGGCGCGGATTATCGACAACCACAGTTCCGGCCTGCTTACCGTGTGCTGG
TGATTATCGCGCTGGCAGATACGCTTTCTGACTTCGGTATCGCTAACTCGATTATTCAGCGAAAAGAAATCAGTC
ACCTTGAATCACCACGTTGTACTGGCTGAACGTCGGGCTGGGGATCGTGCTGTGCGTGGCGGTGTTTTTGTGA
GTGATCTCATCGGCGACGTGCTGAATAACCCGGACCTGGCACCGTTGATTAAACATTATCGCTGGCGTTTGTGG
TAATCCCCCACGGGCAACAGTTCCGCGCGTTGATGCAAAAAGAGCTGGAGTTCAACAAAATCGGCATGATCGAAA
CCAGCGCGGTGCTGGCGGGCTTCACTTGTACGGTGGTTAGCGCCCATTTCTGGCCGCTGGCGATGACCGCGATCC
TCGGTTATCTGGTCAATAGTGCGGTGAGAACGCTGCTGTTTGGCTACTTTGGCCGCAAAATTTATCGCCCCGGTC
TGCATTTCTCGCTGGCGTCCGTGGCACCGAATTAACGCTTTGGTGCCTGGCTGACGGCGGACAGCATCATCAACT
ATCTCAATACCAACCTTTCAACGCTCGTGCTGGCGCGTATTCTCGGCGCGGGCGTGGCAGGGGGATACAACCTGG
CGTACAACGTGGCCGTTGTGCCACCGATGAAGCTGAACCCAATCATCACCCGCGTGTTGTTTCCGGCATTCCGCA
AAATTCAGGACGATACCGAAAAGCTGCGTGTTAACTTCTACAAGCTGCTGTGCGTAGTGGGGATTATCAACTTTC
CGGCGCTGCTCGGGCTAATGGTGGTGTCGAATAACTTTGTACCGCTGGTCTTTGGTGAGAAGTGGAACAGCATTAT
TTCCGGTGCTGCAATTGCTGTGTGTGGTGGGTCTGCTGCGCTCCG
```

10

20

【 0 0 8 4 】

第3に、細胞質GDP-フコースプールの大きさを、lon遺伝子へのヌル変異の導入によって拡張した。lonは、大腸菌におけるコラン酸生合成の正の転写レギュレーターであるRcsAの分解を担うATP依存性細胞内プロテアーゼである (Gottesman, S. & Stout, V. Mol Microbiol 5, 1599-1606 (1991))。lonヌル背景の下で、RcsAは安定化され、RcsAレベルが上昇し、大腸菌においてGDP-フコース合成を担う遺伝子が上方調節され、そして細胞内GDP-フコース濃度が向上する。lon遺伝子をほぼ完全に欠失させ、挿入された機能的な野生型であるがプロモーターを有さない大腸菌lacZ⁺遺伝子によって置き換えた (lon:: (kan, lacZ⁺))。Red再結合を使用してその構築を行った。lon座へのkan, lacZ⁺挿入の概略が図14に示されている。

30

【 0 0 8 5 】

大腸菌株におけるlon領域へのlacZ⁺挿入部周囲のゲノムDNA配列を以下に示す (SEQ ID NO:290)。

GTGGATGGAAGAGGTGGA AAAAGTGGTTATGGAGGAGTGGGTAATTGATGGTGAAAGGAAAGGGTTGGTGATTTA
TGGGAAGGGGGAAGGGGAAGAGGGATGTGGTGAATAATTAAGGATTGGGATAGAATTAGTTAAGGAAAAAGGGG
GATTTTATGTGGGGTTTAATTTTTTGGTGTATTGTGGGGGTGAATGTGGGGGAAAGATGGGGATATAGTGAGGTA
GATGTTAATAGATGGGGTGAAGGAGAGTGGTGTGATGTGATTAGGTGGGGGAAATTAAAGTAAGAGAGAGGTGTA
TGATTGGGGGATGGGTGAGGTGGAGTTGCAAGTTGGTATTGTGTAGAAAGTATAGGAAGTTGAGAGGGGTTTT
GAAGGTGAGGGTGGGGGAAGGAGTGAAGGGGGAAGGGGTGGTAAAGGAAGGGGAAGAGGTAGAAAAGGAGTGGGG
AGAAAGGGTGGTGAGGGGGGATGAATGTGAGGTAGTGGGGTATGTGGAGAAGGGGAAAGCGAAGGGGAAAGAGAA
AGGAGGTAGGTTGGAGTGGGGTTAGATGGGGATAGGTAGAGTGGGGGGTTTTATGGAGAGCAAGGGGAAGGGGAAT
TGGGAGGTGGGGGGGGTGTGGTAAGGTTGGGAAGGGGTGGAAAGTAAAGTGGATGGGTTTGTGGGGGGAAGGA
TGTGATGGGGGAGGGGATGAAGATGTGATGAAGAGAGAGGATGAGGATGGTTTGGGATGATTGAAGAAGATGCAT
TGGAGGGAGGTTGTGGGGGGGGTGGGTGGAGAGGGTATTGGGGTATGAGTGGGGACAAGAGAGAATGGGGTGGT
GTGATGGGGGGGTGTTGGGGGTGTGAGGGGAGGGGGGGGGGGTGTTTTTTGTGAAGAGGAGGTGTGGGGTGGGG
TGAATGAAGTGCAGGAGGAGGGAGGGGGGGTATGGTGGGTGGGGAGGAGGGGGGTGGTTGGGGAGGTGTGGTGG
AGGTTGTGAGTGAAGGGGGAAGGGAGTGGGTGGTATTGGGGGAAGTGGGGGGGAGGATGTGGTGTGATGTGAGG
TTGGTGGTGGGGAGAAAGTATGGATGATGGGTGATGGAATGGGGGGGGTGGATAGGGTTGATGGGGCTAGGTGGG
GATTGAGGAGGAAGGGAAAGATGGGATGGAGGGAGGAGGTAGTGGGATGGAAGGGGGTGTGTGGATGAGGATG
ATGTGAGGAAGAGGATCAGGGGGTGGGGGAGGGGAAGTGTGGGGAGGGTGAAGCGGGGATGGGGGAGGGGGA
GGATGTGGTGGTGAAGGATGGGGATGGGTGGTTGGGGAATATGATGGTGGAAAAATGGGGGGTTTTGTGGATTGAT
GGAGTGTGGGGGGTGGGTGTGGGGGAGGGGTATGAGGAGATAGGGTTGGGTAGGGGTGATATTGGTGAAGAGGT
TGGGGGGGAATGGGGTGAAGGGTGGTGGTGGTTAGGGTATGGGGGGTGGGGATTGGGAGGGGATGGGGTTGTA
TGGGGTTGTTGAGGAGTTGTTGTAATAAGGGGATGTTGAAGTTGGTATTGGGAAGTTGGTATTGTGTAGAAAGTA
TAGGAAGTTGGAAGGAGGTGAGGGTAGATAAAGGGGGGGTTATTTTTGAGAGGAGAGGAAGTGGTAATGGTAG
GGAGGGGGGGTGAAGTGAATTTGGGGGATAGTGAGGGGTGGAGGAGTGGTGGGGAGGAATGGGGATATGAAA
GGGTGCATATTGAGGGATGTGGGTGTTGGGGGTGGAGGAGATGGGGATGGGTGGTTGGATGAGTTGGTGTGTA
GTGTAGGGGGTGTGTTGAAGTGAAGTGGGGGGGGAGTGGTGTGGGGGATAATTGAATTGGGGGGTGGGGGAG
GGGAGAGGGTTTTGGGTGGGGAAGAGGTAGGGGGTATAGATGTTGAGAATGGGAGATGGGAGGGGTGAAAAGAGG
GGGGAGTAAGGGGGTGGGGATAGTTTTGTTGGGGGGTAAAGGGAGGAGTTTAGGGGGTGTGGTAGGTGGGGGA
GGTGGGAGTTGAGGGGAATGGGGGGGGGATGGGGTGTATGGGTGGGGAGTTGAACATGAAGGGTAATGGGGATTT
GAGGAGTAGCATGAATGGGGTAGGTTTTGGGGGTGATAAATAAGGTTTTGGGGTGATGGTGGGAGGGGTGAGGGG
TGGAATGACGAGGGGATGAGGAAGTGTATGTGGGGTGGAGTGGGAAGAGGGTGGTTGGGGGTGGTAATGGGGGG
GGGGGTGGAGGGTTGGAGGGAGGGGTAGGGTGAATGGGGTGGGTGAGTTAGGGGAATGTGGTTATGGAGGG
GTGGAGGGGTGAAGTGTATGGGGGAGGGGGGTGAGGAGTTGTTTTTATGGGGAATGGAGATGTGTGAAAGAAAGG
GTGAGTGGGGTTAAATTGGGAAGGGTTATTAGGGAGGTGGATGGAAAAATGGATTTGGGTGGTGGTGGATGGG
GGATGGGGTGGGAGGGGGGGGGGAGGGTGAGAGTGAAGTTTGGGGGAGAGGGGAGTGGTGGGAGGGGGTGTGT
GGGGGGGTGTGAGGATGGGGTGGGGTTGGGTGGAGTAGGGTAGTGTGAGGGAGAGTTGGGGGGGGGTGTGGG
GGTGGGTAGTTGAGGGAGTTGAATGAAGTGTATTAGGTTGTGGAGGGAGATGGAGAGGGAGTTGAGGGGTGGGA
GGGGTTAGGATGGAGGGGAGGATGGAGTGGAGGAGGTGGTTATCGGTATGAGCGAAGAGGTATTGGGTGGTGA
GTTGGATGGTTTGGGGGATAAAGGGAAGTGGAAAAAGTGGTGGTGGTGTGTTTGGTTGGGTGAGGGGTGGATGGG
GGGTGGGGTGGGGAAGAGGAGAGGGTTGATAGAGAAGTGGGGATGGTTGGGGGTATGGGGAATAAGGGGGGT
AAGGGGAGGAGGGGTGGGGTTTTGATGATATTTAATGAGGGAGTGTGAGGGAGTGGGAGAGGAAGGGGGGGT
GTAAAGGGGATAGTGAGGAAAGGGGTGGGAGTATTTAGGGAAAGGGGAAGAGTGTAGGGATGGGGTGGGGT
ATTGGGAAGGATCAGGGGGGGGGTGTGTGGAGGTAGGGAAAGGGATTTTTTGTGATGAGGATTTGGGGAGAGGGG
GGAAGGGGTGGTGTGATGGAGGGGGGGTAGATGGGGGAATAATATGGGTGGGGGTGGTGTGGGTGGGGGG

10

20

30

GTTGATAGTGGAGGGGGGGGAAGGATGGAGAGATTTGATGGAGGGATAGAGGGGGTGGTGATTAGGGGGGTGGG
 GTGATTGATTGGGGAGGGAGGAGATGATGAGAGTGGGGTGATTAGGATGGGGGTGGAGGATTGGGGTTAGGGGTT
 GGGTGATGGGGGGTAGGGAGGGGGGATGATGGGTGAGAGGATTGATTGGGAGGATGGGGTGGGTTTGAATATTGG
 GTTGATGGAGGAGATAGAGGGGGTAGGGGTGGGAGAGGGTGTAGGAGAGGGGATGGTTGGGATAATGGGAAGAGG
 GGAGGGGGTTAAAGTTGTTGTGGTTGATGAGGAGGATATGGTGGAGGATGGTGTGGTGATGGATGAGGTGAGGAT
 GGAGAGGATGATGGTGGTGAGGGTTAAGGGGTGGAATGAGGAAGGGGTTGGGGTTGAGGAGGAGGAGAGGATTTT
 GAATGGGGAGGTGGGGGAAAGGGAGATGGGAGGGTTGTGGTTGAATGAGGGTGGGGTGGGGGGTGTGGAGTTGAA
 GGAGGGGAGGATAGAGATTGGGGATTGGGGGGTGGAGAGTTTGGGGTTTGGAGGTTGAGAGGTAGTGTGAGGG
 GATGGGGATAAGGAGGAGGGTGATGGATAATTTGAGGGGGGAAAGGGGGGTGGGGTGGGGAGGTGGGTTTGGAG
 GGTGGGATAAAGAAAGTGTAGGGGTAGGTAGTGAGGGAAGTGGGGGGAGATGTGAAGTTGAGGGTGGAGTAGAG
 GGGGGGTGAAATGATGATTAAAGGGAGTGGGAAGATGGAAATGGGTGATTTGTGTAGTGGGTTTATGGAGGAAGG
 AGAGGTGAGGGAAAATGGGGGTGATGGGGGAGATATGGTGATGTTGGAGATAAGTGGGGTGGTGGAGGGGAGGA
 GGATGAGGGGGAGGGGGTTTTGTGGGGGGGTAAAAATGGGGTGAGGTGAAATTGAGAGGGGAAAGGAGTGTGGT
 GGGGGTAAGGGAGGGAGGGGGGGTTGGAGGAGAGATGAAAGGGGGAGTTAAGGGGATGAAAAATAATTGGGGTGT
 GGGGTTGGTGTAGGGAGGTTTTGATGAAGATTAAATGTGAGGGAGTAAGAAGGGGTGGGATTGTGGGTGGGAAGAA
 AGGGGGGATTGAGGGTAATGGGATAGGTGAGGTTGGTGATAGTGGGGGGATGGTAAGGGTGGATGTGGGAGTTTG
 AGGGGAGGAGGAGAGTATGGGGGTGAGGAAGATGGGAGGGAGGGAGGTTTGGGGGAGGGGTTGTGGTGGGGGAAA
 GGAGGGAAAGGGGGATTGGGGATTGAGGGTGGGGAAAGTGTGGGAAGGGGGATGGGTGGGGGGGTGTTGGGTATT
 AGGGGAGGTGGGGAAAGGGGGATGTGGTGGGAAGGGGATTAAGTTGGGTAAGGGGAGGGTTTTGGGAGTGAGGAGG
 TTGTAAAAGGAGGGGGAGTGAATGGGTAAATGATGGTGATAGTAGGTTTGGTGAGGTTGTGAGTGGAAAATAGTGA
 GGTGGGGGAAAATGGAGTAATAAAAAAGAGGGGTGGGAGGGTAATTGGGGGTGGGAGGGTTTTTTTTGTGTGGGTA
 AGTTAGATGGGGGATGGGGGTTGGGGTTATTAAGGGGTGTTGTAAGGGGATGGGTGGGGTGATATAAGTGGTGGG
 GGTGGTGGTGGTGAAGGATTGAAGTGGGATATAAATTATAAAGAGGAAGAGAAGAGTGAATAAATGTGAATTGAT
 GGAGAAGATTGGTGGAGGGGGTGATATGTGTAAAGGTGGGGGTGGGGGTGGGTTAGATGGTATTATTGGTTGGGT
 AAGTGAATGTGTGAAAGAAGG

10

20

【 0 0 8 6 】

第4に、thyA (チミジル酸シンターゼ) 変異をP1形質導入によりこの菌株に導入した。外因性チミジンの非存在下で、thyA株はDNAを生成することができず死亡する。この欠陥は、野生型thyA遺伝子をマルチコピープラスミド上に供給することによってイントランスで補完することができる (Belfort, M., Maley, G.F., and Maley, F. (1983). Proc Natl Acad Sci USA 80, 1858-861)。この補完を、ここでは、プラスミド維持の手段として使用した。

【 0 0 8 7 】

遊離ラクトースの細胞質プール (したがって2'-FLの最終的な収量) を増大させるのに有用なさらなる修飾は、lacA変異の組み込みである。lacAは、高レベルのラクトースが大腸菌の細胞質に蓄積しているときにのみ活性を示すラクトースアセチルトランスフェラーゼである。(例えば、高い細胞内ラクトースプールによって引き起こされる) 高い細胞内モル浸透圧濃度は、細菌の成長を阻害し得、大腸菌は、過剰な細胞内ラクトースをLacAを用いてアセチル基で「タグ付け」し次いでこのアセチル-ラクトースを細胞から能動的に排出することによってラクトースにより引き起こされる高い細胞内モル浸透圧濃度から自身を保護する機構を進化させた (Danchin, A. Bioessays 31, 769-773 (2009))。2'-FLまたは他のヒト乳オリゴ糖を生産するよう改変された大腸菌におけるアセチル-ラクトースの生産は、したがって、望ましくなく、それは総収量を減少させる。さらに、アセチル-ラクトースは、オリゴ糖精製スキームを複雑化する副産物である。lacA変異の組み込みは、これらの問題を解消する。フコシル化オリゴ糖の準最適生産は、コラン酸経路およびlonプロテアーゼのいずれかまたは両方における変異を欠く菌株において見られる。ラクトースから副産物 (アセチル-ラクトース) への転換は、lacA変異を含まない菌株において見られる。lacA欠失の概略および対応するゲノム配列は、上に提供されている (SEQ ID NO:288)。

30

40

【 0 0 8 8 】

異なる (1,2)FT候補を試験するために使用する菌株は、上記の遺伝子修飾の全てを含み、以下の遺伝子型を有する：

$\Delta amp^C::P_{mp}^B cI, \Delta(lacI-lacZ)::FRT, P_{lacI} lacY^+, \Delta wcaJ::FRT, thyA::Tn10, \Delta lon:(npt3, lacZ^+), \Delta lacA$

50

【 0 0 8 9 】

異なる (1,2)FT候補発現プラスミドを有する大腸菌株を分析した。菌株を初期指数関数期まで(チミジンを欠く)選択培地中で成長させた。次いでラクトースを終濃度0.5%となるよう添加し、そしてトリプトファン(200 μ M)を添加してP_Lプロモーターからの各候補 (1,2)FTの発現を誘導した。誘導期間(約24時間)の終了後に、各菌株および培養上清のOD600単位等価物を収集した。溶解産物を調製し、薄層クロマトグラフィー(TLC)により2'-FLの存在について分析した。

【 0 0 9 0 】

B. ブルガタスFutNを有するプラスミドpG217のマップを図11に示す。プラスミドpG217の配列を以下に示す(SEQ ID NO:291)。

TCTAGAATTCTAAAAATTGATTGAATGTATGCAAATAAATGCATACACCATAGGTGTGGTTTAATTTGATGCCCT
TTTTTCAGGGCTGGAATGTGTAAGAGCGGGTTATTTATGCTGTGTTTTTTGTTACTCGGGAAGGGCTTTACCT
CTTCCGCATAAACGCTTCCATCAGCGTTTATAGTTAAAAAAATCTTTCGGAAGTGGTTTTGCGCTTACCCCAACC
AACAGGGGATTTGCTGCTTTCCATTGAGCCTGTTTCTCTGCGCGACGTTGCGGGCGCGTGTGTGTCATCCATC
TGGATTCTCCTGTCACTTAGCTTTGGTGGTGTGTGGCAGTTGTAGTCCTGAACGAAAACCCCCGCGATTGGCAC
ATTGGCAGCTAATCCGGAATCGCACTTACGGCCAATGCTTCGTTTCGTATCACACACCCCAAAGCCTTCTGCTTT
GAATGCTGCCCTTCTTCAGGGCTTAATTTTTTAAGAGCGTCACCTTCATGGTGGTCAGTGCCTGCTGATGTGC
TCAGTATCACCGCCAGTGGTATTTATGTCAACACCGCCAGAGATAATTTATCACCGCAGATGGTTATCTGTATGT
TTTTTATATGAATTTATTTTTTGCAGGGGGCATTGTTTGGTAGGTGAGAGATCAATTCTGCATTAATGAATCGG
CCAACGCGCGGGGAGAGGCGTTTGCCTATTGGGCGCTCTTCCGCTTCCTCGCTCACTGACTCGCTGCGCTCGGT
CGTTCGGCTGCGGCGAGCGGTATCAGCTCACTCAAAGGCGGTAATACGGTTATCCACAGAATCAGGGGATAACGC
AGGAAAGAACATGTGAGCAAAAGGCCAGCAAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGGCCGCGTTGCTGGCGTTTTTCCA
TAGGCTCCGCCCCCTGACGAGCATCACAAAAATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATA
AAGATACCAGGCGTTTCCCCCTGGAAGCTCCCTCGTGCGCTCTCTGTTCCGACCCTGCCGCTTACCGGATACCT
GTCCGCCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGCTTTCTCATAGCTCACGCTGTAGGTATCTCAGTTCGGTGTAGGT
CGTTCGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCCCCCGTTGAGCCGACCGCTGCGCCTTATCCGGTAACCTATCG
TCTTGAGTCCAACCCGTAAGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCAGCCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAG
GTATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAAGTGGTGGCTAACTACGGCTACACTAGAAGGACAGTATTTGGTAT
CTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGGCAAACAAACACCGCTGG
TAGCGGTGGTTTTTTTTGTTTGAAGCAGCAGATTACGCGCAGAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTT
TTCTACGGGGTCTGACGCTCAGTGAACGAAAACTCACGTTAAGGGATTTTGGTCATGAGATTATCAAAAAGGAT
CTTCACCTAGATCCTTTTAAATTAATAATGAAGTTTAAATCAATCTAAAGTATATATGAGTAAACTTGGTCTGA
CAGTTACCAATGCTTAATCAGTGAGGCACCTATCTCAGCGATCTGTCTATTTTCGTTTCATCCATAGTTGCCTGACT
CCCCGTCTGTGTAGATAACTACGATACGGGAGGGCTTACCATCTGGCCCCAGTGCTGCAATGATAACCGCGAGACCC
ACGCTCACCGGCTCCAGATTTATCAGCAATAAACAGCCAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGAAGTGGTCCTGCAAC
TTTATCCGCTCCATCCAGTCTATTAATTGTTGCCGGGAAGCTAGAGTAAGTAGTTCCGCCAGTTAATAGTTTGCG
CAACGTTGTTGCCATTGCTACAGGCATCGTGGTGTACGCTCGTCTGTTGGTATGGCTTCATTCAGCTCCGGTTC
CCAACGATCAAGGCGAGTTACATGATCCCCATGTTGTGCAAAAAAGCGGTTAGCTCCTTCGGTCCTCCGATCGT
TGTCAGAAGTAAGTTGGCCGAGTGTATCACTCATGGTTATGGCAGCACTGCATAATTCTCTTACTGTCTATGCC
ATCCGTAAGATGCTTTTCTGTGACTGGTGAGTACTCAACCAAGTCATTCTGAGAATAGTGTATGCGGCGACCGAG
TTGCTCTTGCCCGCGCTCAATACGGGATAATACCGCGCCACATAGCAGAACTTTAAAAAGTGCTCATCATTGAAAA
ACGTTCTTCGGGGCGAAAACTCTCAAGGATCTTACCGCTGTTGAGATCCAGTTTCGATGTAACCCACTCGTGCACC
CAACTGATCTTCAGCATCTTTTACTTTTACCAGCGTTTCTGGGTGAGCAAAAAAGGAAGGCAAAATGCCGCAA
AAAGGGAATAAGGGCGACACGGAAATGTTGAATACTCATACTCTTCTTTTTTCAATATTATTGAAGCATTATCA
GGTTATTGTCTCATGAGCGGATACATATTTGAATGTATTTAGAAAAATAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACATT

10

20

30

TCCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAACCATTATTATCATGACATTAACCTATAAAAAATAGGCGTATCAC
 GAGGCCCTTTTCGTCTCGCGCGTTTCGGTGATGACGGTGAAAACCTCTGACACATGCAGCTCCCGGAGACGGTCAC
 AGCTTGTCTGTAAGCGGATGCCGGGAGCAGACAAGCCCGTCAGGGCGCGTCAGCGGGTGTGGCGGGTGTGGGG
 CTGGCTTAACCTATGCGGCATCAGAGCAGATTGTACTGAGAGTGCACCATATATGCGGTGTGAAATACCGCACAGA
 TGGTAAGGAGAAAATACCGCATCAGGCGCCTCCTCAACCTGTATATTCGTAAACCACGCCCCAATGGGAGCTGTC
 TCAGGTTTGTTCCTGATTGGTTACGGCGCGTTTCGCATCATTGTTGAGTTTTTCCGCCAGCCCCGACGCGCAGTTT
 ACCGGTGCCTGGGTGCAGTACATCAGCATGGGGCAAATTCCTTCCATCCCGATGATTGTGCGGGTGTGATCATG
 ATGGTCTGGGCATATCGTCGCAGCCCACAGCAACACGTTTCCTGAGGAACCATGAAACAGTATTTAGAACTGATG
 CAAAAAGTGCTCGACGAAGGCACACAGAAAAACGACCGTACCGGAACCGGAACGCTTTCATTTTTTGGTCATCAG
 ATGCGTTTTTAACCTGCAAGATGGATTCCCGCTGGTGACAACTAAACGTTGCCACCTGCGTTCCATCATCCATGAA
 CTGCTGTGGTTTTCTGCAGGGCGACACTAACATTGCTTATCTACACGAAAACAATGTCACCATCTGGGACGAATGG
 GCCGATGAAAACGGCGACCTCGGGCCAGTGTATGGTAAACAGTGGCGCGCTGGCCAACGCCAGATGGTTCGTCAT
 ATTGACCAGATCACTACGGTACTGAACCAGCTGAAAAACGACCCGGATTGCGCGCCGATTATTGTTTTAGCGTGG
 AACGTAGGCGAACTGGATAAAATGGCGCTGGCACCGTGCCATGCATTCTTCCAGTTCTATGTGGCAGACGGCAAA
 CTCTCTTGCCAGCTTTATCAGCGCTCCTGTGACGCTTTCCTCGGCCTGCGGTTCAACATTGCCAGCTACGCGTTA
 TTGGTGCATATGATGGCGCAGCAGTGGCATCTGGAAGTGGGTGATTTTGTCTGGACCGGTGGCGACACGCATCTG
 TACAGCAACCATATGGATCAAACCTCATCTGCAATTAAGCCGCGAACCGCGTCCGCTGCCGAAGTTGATTATCAAA
 CGTAAACCCGAATCCATCTTCGACTACCGTTTCGAAGACTTTGAGATTGAAGGCTACGATCCGCATCCGGGCATT
 AAAGCGCCGGTGGCTATCTAATTACGAAACATCCTGCCAGAGCCGACGCCAGTGTGCGTCGGTTTTTTTTACCCTC
 CGTTAAATTCTTCGAGACGCCCTTCCCGAAGGCGCCATTTCGCCATTGAGGCTGCGCAACTGTTGGGAAGGGCGATC
 GGTGCGGGCCTCTTCGCTATTACGCCAGCTGGCGAAAGGGGGATGTGCTGCAAGGCGATTAAAGTTGGGTAAACGCC
 AGGGTTTTCCAGTCACGACGTTGTAAAACGACGGCCAGTGCCAAGCTTTCTTTAATGAAGCAGGGCATCAGGAC
 GGTATCTTTGTGGAGAAAGCAGAGTAATCTTATTCAGCCTGACTGGTGGGAAACACCAGTCAGAATGTGTAGC
 GCATGTTGACAAAAATACCATTAGTCACATTATCCGTCAGTCGGACGACATGGTAGATAACCTGTTTTATTATGCG
 TTTTGATCTTACGTTTAATATTACCTTTATGCGATGAAACGGTCTTGGCTTTGATATTCAATTTGGTCAGAGATTT
 GAATGGTTCCCTGACCTGCCATCCACATTCGCAACATACTCGATTGCGTTGCGCTCAATGATAACGTCGGCATAT
 TTAAAAACGAGGTTATCGTTGTCTCTTTTTTTCAGAATATCGCCAAGGATATCGTCGAGAGATTCCGGTTTAATCG
 ATTTAGAACTGATCAATAAATTTTTTCTGACCAATAGATATTCATCAAAATGAACATTGGCAATTGCCATAAAAA
 CGATAAATAACGTATTGGGATGTTGATTAATGATGAGCTTGATACGCTGACTGTTAGAAGCATCGTGGATGAAAC
 AGTCCTCATTAATAAACACCACTGAAGGGCGCTGTGAATCACAAGCTATGGCAAGGTATCAACGGTTTTCAATGT
 CGTTGATTTCTCTTTTTTTAACCCTCTACTCAACAGATAACCCGGTTAAACCTAGTCGGGTGTAACCTACATAAAT
 CCATAAATAACGTTGACATGGCATACCCCTCACTCAATGCGTAACGATAAATCCCTTACCTGAATATTTTCATCAT
 GACTAAACGGAACAACATGGGTACCTAATGCGCCACTCTCGCGATTTTTTCAGGCGGACTTACTATCCCGTAAAG
 TGTTGTATAATTTGCCTGGAATTGTCTTAAAGTAAAGTAAATGTTGCGATATGTGAGTGAGCTTAAAACAAATAT
 TTCGCTGCAGGAGTATCCTGGAAGATGTTCTGTAGAAGCTTACTGCTCACAAGAAAAAGGCACGTCTGACGT
 GCCTTTTTTTATTTGTACTACCCTGTACGATTACTGCGAGCTCGAGTTAGGATACCGGCACTTTGATCCAACAGTC
 GGGTAGATATCCGGTGCTTCGGAGTGCTGGAACCAACGGCTCGGCACAATAACAGTCTTATCCATATTAGGGTTC
 AGCCAGGCACCCACCAAGAAAACGTGCTGTTACAAATGATGTGATGTTTGCAATGAGACATCAGCATCATATCC
 TGCCAGGAGTCTTCATCAGTGTTCAGTCAATATAAACCGCATTTCTGCAGTGGCAGATTTTCTTTAACCCACGCG
 ATATCGTCGGAGAAGATATAGTAAGATGGGCTAGCAACACGACGGGACATTTCCGCGATAGCATTCTGGTAATAC
 GGCAGCTGGCACACGGAACCGGTAGTAGCCAGTGTTTCGGCTGCAGATAGTCACCACGACGAATGTGCAGGGAA
 ACCGCGTTTTTCATCTTTGTCCAGGATTTCCAGCATGTTTCAGGCTGCGGGAATTTGCTTTGTTCTTATCAAAGGTG
 AAGGATTCACGCACCTTCGTCTTTGATATCAGCGAAGAAACGCTCGCTCTGATAGAAACCTTTAAAGTACAGCAGC
 GGCCAGAAATACTTTCTTCTCGAACGCACGCAGAGAGTTTCGGCGCCTGCTTGCCTTCGTAGATTTTTTTAAAAAAC
 AGGAATTCGATAACTTTTTTTCAGCGGTTGGTTGATGCAGAAATTCGGTGTGCGGCAGGTTGAACACGCGGTGCATT
 TCGTAACCGTAATGGACTTTGTAATGCATCATGTGCTCAGGTGCGATACGGACCTTCGGGTAATACTTTTTTCATA
 CGCAGATAGAAAGCATAGATAAACATCTGGTTGCCAGACCGCCAGTCACTTTGATCAGACGCATTATATCTCCT
 TCTTG

10

20

30

40

【 0 0 9 1 】

代謝的に改変された大腸菌細胞によって生産されるフコシル化オリゴ糖は、発酵後に培養ブロスから精製される。例示的な手順は、5つの工程を含む。(1) 浄化：発酵ブロスを収集し、6000 x gで30分間の予備的遠心分離による沈降によって細胞を除去する。各バイオリアクタで実施することにより約5~7Lの部分浄化上清が得られる。(2) 粗カーボンによる生産物の捕捉：およそ1000ml容積の粗カーボン(Calgon 12x40 TR)を充填したカラム(直径5cm x 長さ60cmの寸法)を1カラム容積(CV)の水で平衡化し、そして浄化した培養上清を40ml/分の流速で投入する。このカラムは、糖約120g分の総積載能力を有する。投入および糖の捕捉の後、カラムを1.5CVの水で洗浄し、次いで2.5CVの50%エタノールまたは25%イソプロパノールで溶出させる(この工程では、生産物の溶出に低濃度のエタ

50

ノール（25～30％）で十分であり得る）。この溶媒溶出工程により、カラムに結合した糖全体の約95％および少量の有色物質（color body）が放出される。この第1工程においては、最大量の糖の捕捉が主目的である。混在物質の解明は目的ではない。（3）蒸発：捕捉カラムからの2.5L容積のエタノールまたはイソプロパノール溶出液を56 で回転蒸発させ、水中で糖シロップを生成する。この工程で使用することができる代替法は、凍結乾燥または噴霧乾燥を含む。（4）微細カーボンおよびイオン交換媒体上でのフラッシュクロマトグラフィー：Biotage Isolera One FLASH Chromatography Systemに接続されたカラム（GE Healthcare HiScale50/40、5x40cm、最大圧20バール）に750mlのDarco Activated Carbon G60（100メッシュ）：Celite 535（粗）1：1混合物を充填する（両カラム充填物をSigmaから入手した）。このカラムを5CVの水で平衡化し、そして、セライトローディンググカートリッジまたは直接注射のいずれかを用いて工程3からの糖（2'-FL 対 混在ラクトースの比に依存して10～50g）を投入する。このカラムを蒸発光散乱（ELSD）検出器に接続し、クロマトグラフィー中に溶出する糖のピークを検出する。2'-FLを単糖（存在する場合）、ラクトースおよび有色物質から分離するため、イソプロパノール、エタノールまたはメタノールの4段階勾配を行う。糖のピークに対応する画分を120mlボトルに自動回収し、プールし、そして工程5に送る。通常より長い発酵からの特定の精製作業では、2'-FL含有画分をアニオン交換およびカチオン交換カラムに通すことで、余分なタンパク質／DNA／カラメル物質の混在物を除去することができる。この目的で試験に合格した樹脂は、Dowex 22である。

10

20

【0092】

本明細書に記載の遺伝子スクリーニングアプローチを用いることで、代謝的に改変された大腸菌宿主株における2'-FLの効率的な生合成のための新規の（1,2）FTの同定に成功した。このスクリーンの結果が表1にまとめられている。

【0093】

生産宿主株

大腸菌K-12は、微生物生理学および遺伝学における幅広い研究の対象であり、様々な工業利用において商業的に利用されている、よく研究された細菌である。その親種である大腸菌の自然生息場所は、哺乳動物の大腸である。大腸菌K-12は、安全使用の歴史があり、その派生株は、ヒトに投与およびヒトが消費するための化合物および薬物の生産を含む多くの工業用途で使用されている。大腸菌K-12は、1922年に、回復期のジフテリア患者から最初に単離された。それは毒性を有さず、一般的な研究用培地で容易に成長し、そして微生物生理学および遺伝学の研究において広く使用されているので、微生物学の研究、教育ならびに工業用および医薬用製品の生産において使用される標準的な細菌株となっている。大腸菌K-12は、現在、実験環境で70年を超えて維持された結果として弱体化された生物であるとみなされている。その結果、K-12株は、通常の条件下でヒトおよび他の動物の腸にコロニーを形成することができない。この周知の菌株に関するさらなる情報は、<http://epa.gov/oppt/biotech/pubs/fra/fra004.htm>で入手可能である。大腸菌K12に加えて、他の細菌株も生産宿主株として使用され、例えば、様々な細菌種、例えばエルウィニア・ヘルピコラ（パントエア・アグロメランス）、シトロバクター・フロインディ、パントエア・シトレア、ベクトバクテリウム・カロトボルムまたはザントモナス・カンペストリス、がオリゴ糖生合成法において使用され得る。パチルス・サブチリス、パチルス・リケニフォルミス、パチルス・コアグラニス、パチルス・サーモフィルス、パチルス・ラテロスポールス、パチルス・メガテリウム、パチルス・ミコイデス、パチルス・ブミルス、パチルス・レントス、パチルス・セレウスおよびパチルス・サーキュランスを含むパチルス属の細菌もまた使用され得る。同様に、ラクトパチルス・アシドフィルス、ラクトパチルス・サリバリウス、ラクトパチルス・プランタルム、ラクトパチルス・ヘルベティクス、ラクトパチルス・デルブリュッキイ、ラクトパチルス・ラムノサス、ラクトパチルス・ブルガリクス、ラクトパチルス・クリスパータス、ラクトパチルス・ガセリ、ラクトパチルス・カゼイ、ラクトパチルス・ロイテリ、ラクトパチルス・イエンセニイおよびラクトコッカス・ラクティスを含むがこれらに限定されないラクトパチルスおよびラクトコッカス属の

30

40

50

細菌が、本発明の方法を用いて修飾され得る。ストレプトコッカス・サーモフィルスおよびプロピオニバクテリウム・フロイデンライシイもまた、本明細書に記載される発明に適した細菌種である。本明細書に記載されるように修飾された、エンテロコッカス（例えば、エンテロコッカス・フェシウムおよびエンテロコッカス・サーモフィルス）、ビフィドバクテリウム（例えば、ビフィドバクテリウム・ロングム、ビフィドバクテリウム・インファンティスおよびビフィドバクテリウム・ビフィダム）属、スポロラクトバチルス種、ミクロモノスポラ種、ミクロコッカス種、ロドコッカス種およびシュードモナス（例えば、シュードモナス・フルオレッセンスおよびシュードモナス・エルギノーサ）由来の株もまた本発明の一部として含まれる。

【 0 0 9 4 】

10

適当な宿主株は、遺伝子操作が可能なものである、例えば、それらは発現コンストラクトを維持し、所望の最終産物の前駆体を蓄積し、例えばそれらはラクトースおよびGDP-フコースのプールを維持し、そして最終産物、例えば2'-FLを蓄積する。そのような菌株は、単塩および一般的に単一の炭素源を含む定義された最小培地において十分に成長する。上記のように所望のフコシル化オリゴ糖を生産するよう改変された菌株は、最少培地において生育される。バイオリアクタにおいて使用される例示的な最少培地である、最小「FERM」培地について、以下で詳述する。

【 0 0 9 5 】

Ferm (10リットル) : 以下を含む最少培地 :

40g $(\text{NH}_4)_2\text{HPO}_4$

100g KH_2PO_4

10g $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$

40g NaOH

1X 微量元素 :

1.3g NTA (ニトリロ三酢酸)

0.5g $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$

0.09g $\text{MnCl}_2 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$

0.09g $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$

0.01g $\text{CoCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$

0.01g $\text{CuCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$

0.02g H_3BO_3

0.01g $\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ (pH 6.8)

水で10リットルに

DF204消泡剤 (0.1ml/L)

150g グリセロール (初期バッチ生育)、その後様々な時間、様々な速度で90%グリセロール-1% MgSO_4 -1X 微量元素を供給する流加モード。

【 0 0 9 6 】

適当な生産宿主細菌株は、そのフコシルトランスフェラーゼコード核酸配列が同定された元の細菌株と同一細菌株ではないものである。

【 0 0 9 7 】

本明細書に記載される特徴を有する細菌はラクトースの存在下で培養され、そしてフコシル化オリゴ糖は細菌自体または細菌の培養上清のいずれかから回収される。フコシル化オリゴ糖は、治療用もしくは栄養補給用製品において使用するために精製され、または細菌がそのような製品において直接使用される。

【 実施例 】

【 0 0 9 8 】

実施例1：新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼの同定

さらなる新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼを同定するために、4つの以前に同定されたラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列 : H. ピロリ futC (SEQ ID NO:1)、H. ムステラエ FutL (SEQ ID NO:2)、バクテロイデス・ブルガタ

50

スfutN (SEQ ID NO:3) および大腸菌O126 wbgL (SEQ ID NO:4) を用い、CLCbio Main Workbenchパッケージ、バージョン6.9 (CLCbio、10 Rogers Street #101, Cambridge, Massachusetts 02142, USA) のアラインメントアルゴリズムを用いて多配列アラインメントクエリーを生成した。この4つの以前に同定されたラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼタンパク質配列間の配列アラインメントおよび配列同一性の比率が図3に示されている。クエリーとしてFASTA形式の多配列アラインメントを用いて反復PSI-BLASTを行い、NCBI PSI-BLASTプログラムをNCBI BLAST+バージョン2.2.29のローカルコピー上で実施した。初期位置特異的スコア行列ファイル(.pssm)をPSI-BLASTによって生成し、次いでこれを反復的相同性検索のスコアを調整するために使用した。このプロセスをさらに大きな候補グループを生成するために繰り返し、各回の結果を、行列をさらに洗練させるために使用した。

10

【0099】

使用した初期位置特異的スコア行列ファイルの一部を以下に示す：

算出された最終位置特異的スコア行列

	A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V
1 M	-1	-1	-2	-3	-2	0	-2	-3	-2	1	2	-1	6	0	-3	-2	-1	-2	-1	1
2 A	2	-2	0	4	-2	-1	1	-1	-1	-2	-3	-1	-2	-3	-1	1	-1	-3	-3	-1
3 F	-2	-3	-3	-4	-3	-3	-3	-1	0	0	-3	0	7	-4	-3	-2	1	3	-1	
4 K	0	3	0	-1	-2	1	0	-1	-1	-3	-3	3	-2	-3	-1	2	0	-3	-2	-2
5 V	-1	-3	-3	-4	-1	-3	-3	-4	-3	4	2	-3	1	0	-3	-2	-1	-3	-1	3
6 V	-1	-3	-3	-3	-1	-3	-3	-4	-3	4	1	-3	1	-1	-3	-2	0	-3	-1	3
7 Q	-1	4	0	-1	-3	4	1	-2	0	-3	-2	3	-1	-3	-2	0	-1	-3	-2	-3
8 I	-1	-3	-3	-4	-1	-2	-3	-4	-3	3	2	-3	1	0	-3	-2	-1	-3	-1	3
9 C	-1	-1	0	-1	5	3	0	-2	4	-2	-2	0	-1	-2	-2	0	2	-2	-1	-1
10 G	0	-3	-1	-1	-3	-2	-2	6	-2	-4	-4	-2	-3	-3	-2	0	-2	-3	-3	-3
11 G	0	-3	-1	-1	-3	-2	-2	6	-2	-4	-4	-2	-3	-3	-2	0	-2	-3	-3	-3
12 L	-2	-2	-4	-4	-1	-2	-3	-4	-3	2	4	-3	2	0	-3	-3	-1	-2	-1	1
13 G	0	-3	-1	-1	-3	-2	-2	6	-2	-4	-4	-2	-3	-3	-2	0	-2	-3	-3	-3
14 N	-2	-1	6	1	-3	0	0	-1	1	-4	-4	0	-2	-3	-2	1	0	-4	-2	-3
15 Q	-1	1	0	0	-3	6	2	-2	0	-3	-2	1	-1	-3	-1	0	-1	-2	-2	-2
16 M	-1	-2	-3	-4	-2	-1	-2	-3	-2	1	3	-2	5	0	-3	-2	-1	-2	-1	1
17 F	-2	-3	-3	-4	-3	-3	-4	-3	-1	0	0	-3	0	7	-4	-3	-2	1	3	-1
18 Q	-1	0	-1	-1	-3	5	1	-2	0	1	-1	1	0	-2	-2	-1	-1	-2	-2	0
19 Y	-2	-2	-3	-3	-3	-2	-3	-3	1	-1	-1	-2	-1	5	-3	-2	-2	2	6	-1
20 A	4	-1	-1	-1	-1	-1	-1	0	-2	-2	-2	-1	-1	-2	-1	2	0	-3	-2	-1
21 F	-2	-3	-3	-4	-3	-3	-4	-3	-1	0	0	-3	0	7	-4	-3	-2	1	3	-1
22 A	3	-2	-1	-2	-1	-1	-1	4	-2	-2	-1	-2	-3	-1	1	-1	-3	-2	-1	
23 K	-1	0	-1	-2	-3	0	-1	-3	1	-2	-2	3	-1	2	-2	-1	-1	1	6	-2
24 S	2	-1	-1	-2	-1	-1	-1	-1	-2	-1	1	-1	0	-1	-1	3	0	-3	-2	0
25 L	-2	3	-2	-3	-2	-1	-2	-3	-2	1	3	0	1	0	-3	-2	-1	-2	-1	0
26 Q	0	0	0	-1	-2	4	1	-2	-1	-1	0	0	3	-2	-2	2	0	-2	-2	-1
27 K	-1	2	0	-1	-3	1	0	-2	-1	-2	-2	4	-1	-3	-1	0	2	-3	-2	-2
28 H	-1	0	0	-2	-3	0	0	-2	6	1	-1	2	-1	-1	-2	-1	-1	-3	0	0
29 S	-1	-1	3	-1	-2	-1	-1	-2	0	-1	1	-1	0	1	-2	1	0	0	4	-1
30 N	-1	-1	4	0	-3	-1	-1	3	0	-3	-3	-1	-2	0	-3	0	-1	-1	4	-3
31 T	-1	-2	-1	-2	-2	-1	-2	-2	-2	1	-1	-1	-1	-2	5	0	3	-3	-2	0
32 P	-1	0	-2	-1	-3	0	-1	-2	-2	-3	-3	2	-2	-4	7	-1	-1	-4	-3	-3
33 V	-1	-3	-3	-4	-1	-2	-3	-4	-3	2	2	-3	1	-1	-3	-2	0	-3	-1	4
34 L	-2	3	-2	-3	-2	-1	-2	-3	0	0	2	0	1	1	-3	-2	-1	0	4	-1
35 L	-2	-3	-4	-4	-2	-3	-3	-4	-3	3	3	-3	1	3	-3	-3	-1	-1	1	1
36 D	-2	-2	1	6	-4	0	1	-2	-1	-4	-4	-1	-3	-4	-2	0	-1	-5	-3	-4

20

30

【0100】

使用したPSI-BLASTのコマンドラインは、以下の通りである：

```
psiblast-db<LOCAL NR database name> -max_target_seqs 2500-in_msa<MSA file in FAST format> -out <results output file> -outfmt "7sskingdoms sscinames scomnames sseqid stitle evaluelength pident" -out_pssm<PSSM file output> -out_ascii_pssm<PSSM(ascii) output> -num_iterations 6 -num_threads 8
```

40

【0101】

このPSI-BLAST検索により、初期の2515個のヒットを得た。787個のヒットが、FutCに対して22%を超える配列同一性を有していた。396個のヒットは、275を超えるアミノ酸長のものであった。FutCに対するパーセント同一性による選別、(公知のラクトース利用性酵素および重複するヒットを排除するための公知の (1,2)フコシルトランスフェラーゼの) 既存の (1,2)フコシルトランスフェラーゼインベントリとこれらの配列のBLASTによる比較、および通常胃腸管に存在する細菌由来のそれらを同定するためのヒットの手作業によるアノテーションを含む、これらのヒットのさらなる分析を行った。このスクリーンに

50

よって同定された新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼのアノテーション付きリストが表1に示されている。表1は、酵素が見いだされる細菌種、GenBankアクセッション番号、GI識別番号、アミノ酸配列およびFutCに対する%配列同一性を提供する。

【0102】

PSI-BLASTクエリーに使用した4つの公知の (1,2)FTおよび12個の新たに同定された (1,2)FTの多配列アラインメントが、図4に示されている。

【0103】

実施例2：新規の (1,2)FTの検証

ラクトース利用性フコシルトランスフェラーゼ活性を試験するため、候補酵素（すなわち、シンジーン）を発現し、細胞質GDP-フコースおよびラクトースプールの両方を含む宿主生物においてフコシル化オリゴ糖（すなわち、2'-FL）の産生を評価する。フコシル化オリゴ糖の産生は、候補酵素をコードする配列がラクトース利用性 (1,2)フコシルトランスフェラーゼとして機能することを示す。同定されたヒットのうち、12個の新規の (1,2)フコシルトランスフェラーゼを、2'-フコシルラクトースを産生するそれらの機能的な能力についてさらに分析した：プレボテラ・メラニノゲニカFutO、クロストリジウム・ボルテアエFutP、クロストリジウム・ボルテアエ+13 FutP、ラクノスピラセアエ種FutQ、メタノスファエルラ・パルストリスFutR、タネレラ種FutS、バクテロイデス・カカエFutU、ブチリビプリオFutV、プレボテラ種FutW、パラバクテロイデス・ジョンソニイFutX、アケルマンシア・ムシニフィリアFutY、サルモネラ菌FutZ、バクテロイデス種FutZA。

【0104】

これらの12個の新規の (1,2)FTを以下の構成で含むシンジーンを構築した：EcoRI - T7g10 RBS - シンジーン - XhoI。図5Aおよび5Bは、PCR構築およびゲル精製後のシンジーンフラグメントを示している。

【0105】

候補 (1,2)FT（すなわち、シンジーン）を、標準的な分子生物学技術によって、例示的な発現プラスミドpEC2-(T7)-Fut syngene-rcsA-thyAにクローニングした。このプラスミドは、候補遺伝子の発現を誘導するために、バクテリオファージの強力な左方向プロモーター（ P_L と呼ばれる）を利用する（Sanger, F. et al. (1982). J Mol Biol 162, 729-773）。このプロモーターは制御可能である、例えば、trp-clコンストラクトは大腸菌宿主のゲノム（のampC座）に安定的に組み込まれ、そして制御は成長培地にトリプトファンを添加することによって行われる。タンパク質発現の段階的誘導は、温度感受性clレプレッサーを用いて達成される。別の同様の制御戦略（温度非依存的発現システム）も報告されている（Mieschendahl et al., 1986, Bio/Technology 4:802-808）。このプラスミドはまた、フコシル結合オリゴ糖の合成における重要な前駆体であるGDP-フコース合成を上方調節する大腸菌rcsA遺伝子を有している。加えて、このプラスミドは、アンピシリン選択によってこのプラスミドを宿主株内で維持するため（研究施設における利便性のため）の -ラクタマーゼ（bla）遺伝子およびthyA-宿主における選択の代替手段としてのネイティブthyA（チミジル酸シンターゼ）遺伝子を有する。

【0106】

この発現コンストラクトを、2'-FLの生産に有用な宿主株に形質転換した。異なる (1,2)FT候補を試験するために使用した宿主株は、上記のすべての上記遺伝子修飾を有し、以下の遺伝子型を有する：ampC:: P_{trp}^{Bcl} , (lacI-lacZ)::FRT, P_{lacIq} lacY⁺, wcaJ::FRT, thyA::Tn10, lon:(npt3, lacZ⁺), lacA。

【0107】

異なる (1,2)FT候補発現プラスミドを有する大腸菌株を分析した。菌株を初期指数増殖期まで（チミジンを欠く）選択培地中で成長させた。次いでラクトースを終濃度0.5%となるよう添加し、トリプトファン（200 μ M）を添加して P_L プロモーターからの各候補 (1,2)FTの発現を誘導した。誘導期間（約24時間）の終了後に、培養上清および細胞を収集した。薄層クロマトグラフィー（TLC）によって2'-FLの存在について分析された各菌株の総細胞および0.20D₆₀₀単位等価物から熱抽出物を調製し、同時に各菌株につき2 μ lの対

応する清澄化された培養上清も調製した。

【0108】

図6は、培養上清および細菌細胞由来の抽出物のTLC分析によって決定された、(1,2)F_T発現細菌によって生産されたオリゴ糖を示している。2'-FLは、WbgL（対照として使用）、FutO、FutP、FutQ、FutR、FutS、FutU、FutW、FutX、FutZおよびFutZAの外因性発現によって生産された。

【0109】

表4は、上記の2'-FL合成スクリーンによって決定された、各候補シンジーンのプロコシルトランスフェラーゼ活性を要約したものである。12個の候補(1,2)FTのうちの11個がラクトース利用性プロコシルトランスフェラーゼ活性を有することが見出された。

10

【0110】

（表4）2'-FL合成スクリーンの結果

	シンジーン	24時間OD (誘導)	2'-FL 培養 培地	2'-FL 細胞 抽出物	
大腸菌	WbgL	9.58	5	5	pG204 pEC2-WbgL-rcsA-thyA E640
ブレボテラ・メラノゲニカ	FutO	12.2	3	2	pG393 pEC2-(T7)FutO-rcsA-thyA E985
クロストリジウム・ボルテアエ	FutP	10.4	1	2	pG394 pEC2-(T7)FutP-rcsA-thyA E986
ラクノスビラセアエ種	FutQ	10.6	3	4	pG395 pEC2-(T7)FutQ-rcsA-thyA E987
メタノスファエルラ・パルストリス	FutR	11.9	0	1	pG396 pEC2-(T7)FutR-rcsA-thyA E988
タネレラ種	FutS	11.3	2	3	pG397 pEC2-(T7)FutS-rcsA-thyA E989
バクテロイデス・カカエ	FutU	12.1	0	2	pG398 pEC2-(T7)FutU-rcsA-thyA E990
ブチリビブリオ	FutV	11.3	0	1	pG399 pEC2-(T7)FutV-rcsA-thyA E991
ブレボテラ種	FutW	10.5	3	3	pG400 pEC2-(T7)FutW-rcsA-thyA E992
パラバクテロイデス・ジョンソニイ	FutX	10.7	3	5	pG401 pEC2-(T7)FutX-rcsA-thyA E993
アケルマンシア・ムシニフィリア	FutY	9.1	0	0	pG402 pEC2-(T7)FutY-rcsA-thyA E994
サルモネラ菌	FutZ	11.0	0	3	pG403 pEC2-(T7)FutZ-rcsA-thyA E995
バクテロイデス種	FutZA	9.9	3	3	pG404 pEC2-(T7)FutZA-rcsA-thyA E996

20

【0111】

実施例3：新規の(1,2)FTを発現する培養物の特徴付け

新規の(1,2)FTであるFutO、FutQおよびFutXを発現する細菌のさらなる特徴付けを行った。詳細には、増殖速度および外因性(1,2)FT発現を試験した。

【0112】

プロコシルトランスフェラーゼWbgL（プラスミドpG204）、FutN（プラスミドpG217）および新規の(1,2)FTであるFutO（プラスミドpG393）、FutQ（プラスミドpG395）およびFutX（pG401）を含む発現プラスミドを宿主細菌株に導入した。例えば、利用した宿主株は、以下の遺伝子型を有している： $\text{amp}^C::P_{trp}^B\text{cl}$, $(\text{lacI}-\text{lacZ})::\text{FRT}$, $P_{\text{lacI}q}\text{lacY}^+$, $\text{wcaJ}::\text{FRT}$, $\text{thyA}::\text{Tn10}$, $\text{lon}:(\text{npt3}, \text{lacZ}^+)$, lacA 。

30

【0113】

各々の外因性プロコシルトランスフェラーゼを発現する細菌培養物を、ラクトースの存在下で（外因性プロコシルトランスフェラーゼの発現を誘導するために）トリプトファンを添加することによって誘導した。培養物の成長を、以下の時点でA600における分光光度読み取りによってモニタリングした：誘導の4時間および1時間前、誘導時（0時）、ならびに誘導から3時間、7時間および24時間後。その結果が図7に示されており、外因性プロコシルトランスフェラーゼの発現が細胞増殖を妨げなかったことを示している。さらに、新規の(1,2)プロコシルトランスフェラーゼFutO、FutQおよびFutXを発現する細菌培養物の成長曲線は、公知の(1,2)FT酵素であるWbgLおよびFutNを発現するそれらと同様である。

40

【0114】

誘導後に各プロコシルトランスフェラーゼを発現する細菌培養物に関して、タンパク質発現も評価した。培養物を以前に記載されたように誘導し、誘導時（0時間）、誘導から3時間、7時間および24時間後に細菌培養物からタンパク質溶解産物を調製した。SDS-PAGEゲル上でタンパク質溶解産物を泳動させ、各時点でのタンパク質の分布を試験するために染色した。図8に示されるように、外因性FutN、FutOおよびFutXを発現する細菌培養物にお

50

いて、7時間および24時間の誘導は約20～28kDaのタンパク質バンドの増加を示した。これらの結果は、誘導が外因性フコシルトランスフェラーゼの有意な発現をもたらすことを示している。

【0115】

最後に、公知のフコシルトランスフェラーゼであるWbgLおよびFutNとの比較で新規の(1,2)FTであるFutO、FutQおよびFutXを発現する細菌培養物中での2'FL産生の効率および収量を評価するためのさらなるTLC分析。培養物を、7時間および24時間誘導し、TLC上を泳動させた。図9Aは、細胞上清における2'FLのレベルを示している。細菌細胞において見出される2'FLのレベルも試験した。図9Bに示されるように、2'FLは、誘導から7時間および24時間後に、新規の(1,2)FTであるFutO、FutQおよびFutXを発現する細菌由来の細胞溶解産物中で生産されていた。

10

【0116】

実施例4：FutNは2'FLの生産に関して高い効率を示す

B. ブルガタスFutNを発現するよう代謝的に改変された大腸菌細胞によって生産されたフコシル化オリゴ糖を、発酵後の培養ブロスから精製した。

【0117】

発酵ブロスを収集し、6000 x gで30分間の分取目的遠心分離による沈降によって細胞を除去した。各バイオリアクタ実施で、約5～7Lの部分清澄化上清が得られる。約1000 ml容積(5cm径 x 60cm長の寸法)の粗炭素(Calgon 12X40 TR)を装填したカラムを1カラム容積(CV)の水で平衡化し、そして40ml/分の流速で清澄化培養上清を充填した。このカラムは、約120gの糖の総収容能を有していた。充填および糖の捕捉の後、カラムを1.5CVの水で洗浄し、次いで2.5CVの50%エタノールまたは25%イソプロパノールで溶出した(この工程における低濃度のエタノール(25～30%)は生産物の溶出に十分であると考えられる)。この溶媒溶出工程によりカラム上の結合した糖全体の約95%および有色体(カラメル化糖)のごく一部が放出された。捕捉カラムからの2.5Lの容積のエタノールまたはイソプロパノール溶出液を56 でロータリーエバポレートし、糖シロップを含む水を得た。Bi otag e Isolera One FLASH Chromatography Systemに接続されたカラム(GE Healthcare HiScale50/40、5x40cm、最大圧20バール)に750mlのDarco Activated Carbon G60(100メッシュ)：Celite 535(粗)1:1混合物を装填した(どちらのカラム装填物もSigmaから入手した)。このカラムを5CVの水で平衡化し、セライト充填カートリッジまたは直接注射のいずれかを用いて、工程3からの糖(混入ラクトースに対する2'-FLの比に依存して10～50g)を充填した。クロマトグラフィーの間の溶出糖のピークを検出するため、このカラムを蒸発光散乱(ELSD)検出器に接続した。2'-FLを単糖(存在する場合)、ラクトースおよび有色体から分離するために、イソプロパノール、エタノールまたはメタノールの4段階勾配を用いた。糖ピークに対応する画分を120-mlボトルに自動収集し、プールした。

20

30

【0118】

2回の発酵実施からの結果が図10Aおよび図10Bに示されている。培養物を136(実施36B)または112時間(実施37A)成長させ、生産された2'-FLのレベルをTLC分析によって分析した。図10Aおよび図10Bの両方に示されるように、2'-フコシルラクトースは培養40時間で生産され、生産量は発酵プロセスの最終時点まで増加し続けた。実施36Bから生産された2'-FLの収量は、リットルあたり33グラムであった。実施37Aから生産された2'-FLの収量は、リットルあたり36.3グラムであった。これらの結果は、外因性FutNの発現が高収量の2'-フコシルラクトース産物に適していることを示している。

40

【0119】

細菌名	アクセッション 番号	GI番号	遺伝子名 [細菌]	% 同一性 FutC	別名	配列	SEQ ID NO
ヘリコバクター・ピロリ	AAD29869. 1	4808599	アルファ-1, 2- フコシルトランス フェラーゼ [ヘリコバクター・ ピロリ]	98	FutC	MAFKWQICGGLGNQMFQYAFKSLQKHSNTPVLLDITSDWSDRKMQLFLPINLPYASAKEIAIAKMQH LPKLVRLDALKCMGDFRVSQEIVFEYEPPELLKPSRLTYFYGYQDPYFDASPLIKQTFTLPPPPENNNKNNKKE EYHRKLSLULAAKNSVHVHRRGDYVGIGCQGLDIDYQKALEYMAKRVPMELFVFCEDLEFTQNLDLGYPF MDMITRNKEEEAYWDMLLMQSCQHGHANSTYSWWAAAYLIENPEKIIIGPKHWLFGHENILCKEWWVKIESH FEVKSQKYN	1
ヘリコバクター・ ムステラエ (<i>Helicobacter mustelae</i>) ; ヘリコバクター・ ムステラエ12198	YP_003517 185.1	291277413	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [ヘリコバクター・ ムステラエ12198]	70.85	FutL	MDFKIVQVHGGGLGNQMFQYAFKSLQTHLNPVLLDITWFDYGNRELGLHLEPIDLQCASAAQIAAHMQ NLPRLVRGALRRMGLGRVSKVFEYMPLEFEPSEIAFYHGYQDPYFEDISPLIKQTFTLPHPTHEAEQYSR KLSQILAAKNSVHVHRRGDYMRIGWQLDISYQLRAIAYMAKRVQNLFLFCEDLEFVQNLDLGYPFVDMT TRDGAHWDMMLMQSCKHGIITNSTYSWWAAAYLIKPEKIIIGPSHWYGNENILCKDWVKIESQFETKS	2
バクテロイデス ; バクテロイデス・ ブルガタスATC08482 ; バクテロイデス種 4_3_47FAA ; バクテロイデス種3_1_40A ; バクテロイデス・ ブルガタスPC510 ; バクテロイデス・ ブルガタスQL09T03C04 ; バクテロイデス・ ブルガタスdnLKV7 ; バクテロイデス・ ブルガタスCAG:6	YP_001300 461.1	150005717	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [バクテロイデス・ ブルガタス ATC08482]	24.83	FutN	MRLIKVTGGLGNQMFYAFYLRMKKYYPKYRIDLSDMMHYKVHYGYEMHRVFNLPHTFCINQPLKKVIEFL FFKKIYERKQAPNSLRAFEKKYFWPLLYFKGYQSERFFADIKDEVRESFTFDKNKANSRSLNMLELDKDENA VSLHRRGDYLPKHWATTGSVCQLPYQNAIAEMSRVSPSYIFSDDIJAWVKENLPLQNAVVIDWNTD EDSWQDMMLMSHCKHHICNSTFSWWGAWLNPNNMDKTVIVPSRWVQHSAPDIYPTGWIKVPVS	3
大腸菌 ; 大腸菌 UNEA 3065-1	WP_02155 4465.1	545259828	タンパク質 [大腸菌]	23.13	Wbg L	MSIIRLQGGGLGNQLFOFSFYALS KINGTPLYFDISHYAENDDHGGYRLNNLQIPEEYLQYTPKINNIYKLLVR GSRLYPDIFLFLGFCNEFHAYGYDFEYIAQKWKSKKYGYYWQSEHFFHKHILDLEKFFIPKNVSEQANLAAKIL ESQSSLSIHRRGDYIKNKATATLTHGVCSELYYKALNKIRDLAMIRDVFFSDDIFWCKENIETLLSKKYNIIYSE DLSQEEDLWLMSLANHIIANSSFSWWGAYLGSSASQIVYPTPWYDITPKNTYIPVNHWINVDKHS	4

10

20

30

40

ヘリコバクター・ピリス (<i>Helicobacter bilis</i>) ; ヘリコバクター・ピリス ATCC 43879	WP_00521 9731.1	491361813	推奨タンパク質 [ヘリコバクター ・ピリス]	36.79	FutD	SSK	5
大腸菌	AAO37698. 1	37788088	フコシル トランスフェラーゼ [大腸菌]	25.94	WbsI	MEVKIIGLGNQMFQYATAFAIAKRTNQNLTVDISDAVKYKTHPLRLVELSCSEFFVKAWPFEKYLSEKIPH FMKKGMFRKHVYVEKSLYDPDIDTSINKKIVGYFQTEKYKEFRHLEIKFQPKTKFNSYQNELNLKENDTC SLHIRRGDYVSSKIANETHGTCSEKYEFAIDYLMNKGVINKTKLLFFSDDIKWCRENIFNNQICFVQGDY HYELDMILLMSKCKNNIISNSSFVWAAWLNENKNTKIAPSKWFKDKDKHDIIPESWVKL	6
コレラ菌 (<i>Vibrio cholerae</i>)	BAA33632. 1	3721682	推奨ペーター- ガラクトシド 2- アルファ- フコシル トランスフェラーゼ [コレラ菌]	25.94	WbIA	MIVMKISGGLGNQLFQYAVGRAIAIQYGVPLKLDVSAVKYKYLHNGYRLDQFNINADIANEDEFHLKGSN RLSRILRRLGWLKNNTYAEKORTIYDVSVFMQAPRYLDGYWQNEQYFSQIRAVLLQELWPNQPLSINAOA HQIKIQTTHAVSHVRRGDYLNHPGIGLDIDYYKRAVDYIKEIAAPVFFVFSNDVAWCKDNFNFDSPVIE DTQTEIDDLMLCOCQHNIIVANSFSWAAWLNNSNVDKIAPKTWMAENPKGYKWWVPDSWREI	7
バクテロイデス・フラジリス (<i>Bacteroides fragilis</i>) ; バクテロイデス・フラジリス NCT09343 ; バクテロイデス・ フラジリスYCH46 ; バクテロイデス・ フラジリスHWH 615	YP_099118. 1	53713126	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ フラジリスYCH46]	24.58	Bft2	MIVSSLRGGLGNQMFYAMVVMKAMALRNVPFAFNLTDFANDEVYKRKLLSYFALDLPENKKLTDFSYGN YYRRLSRNLGCHILHPSYRYICEERPHFESRLISSKITNAFLEGWQSEKYLKYQEKEDFVQKKLEYTSYLE LEEIKLLDKNAIMIGVRRYQESDVAPGGVLEDDYYKCAMDIMASKVTSPVFFCSQDLWEVKEHLAGKYVPR LISKEDDSGTIDDMFLMFMHFRNYIISNSSFYWWGAWLSKYDDKLVIAPGNFINKDSVPESWFKLNR	8
大腸菌 ; 大腸菌KTE84	WP_00159 2236.1	486356116	タンパク質 [大腸菌] グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [プレボテラ・ メラニノゲニカ ATCC 25845]	24.25	Wbg N	MSIVARLAGGLGNQMFQYAKGYAESVERNYSYKLDLRGYKNYTLHGGFRLDKLIDNTFVMSKKEMCIFP NFIVRAINPKPKLSKSRFSESEQSKKINGSMKGSVEFIFGWQNERYLEHKEKREIFTNINILDAKELSDVI RCTNSVSVHIRRGDYVSNVEALKIHGLCTERYIDSYRYLKERFNILVFFVSDDIWCKKYKNEIFSRSDDVKFI EGNTQEVDMWLMSNAKYHIANSSFSWWGAWLKNYDLGITIAPTWFEREELNSFDPCEKWWRIEK	9
プレボテラ・ メラニノゲニカ ; プレボテラ・ メラニノゲニカ ATCC 25845	YP_003814 512.1	302346214		31.1	FutO	MKIVKILGGLGNQMFQYALYLSQESFPKERVALLSSPHGYHLHNGFELENISFVTAQKASAADIMRIAYY PNYLLWRIGKRELPRKGMCLSSSLRFDESVLROEGNRYFDGYWQDERYFAAYREKVLKATFPAPKRAEN LSLEKLDENSIALHVRRGDYVGNLYQGICLDYYRTAIEKMAHVTPLSLFCIFSNDITWCQQHLQPYLKAP VVVVTWNTGVESYRDMQLMSCAHNIANSFSSWWGAWLNQNRKRVIAPKKWLNMEECHFTLPASWI KI	10

10

20

30

40

クロストリジウム・ ボルテアエ； クロストリジウム・ ボルテアエ90A9； クロストリジウム・ ボルテアエ90B3； クロストリジウム・ ボルテアエ90B8	WP_00257 0768.1	488634090	タンパク質 [クロストリジウム ・ボルテアエ]	29.86	FutP	11	MFOYALYKAFQKHIDVADLAWYKNKSVKFELYNFGINKINASEKDINRLSDCOADFVSRIRKIFGKKKSFV SEKNDSCYENDILRMDNVLYSGYWQTEKYFSNTREKILLEDYSFALVNSQVSEWEDSIRKNKSVSIHIRGDYL QGLYGGICTSLYYAEAEYIKMRVPNAKFFVSDVVEWVKQEDFKGFVIVDRNEYSSALSDMYMLSLCKH NIANSFSWWAAWLNRRNEEKIVIPRRWLNGKCTPDWICKKWIRI
ラクノスピラセアエ 細菌3_1_57FAA_0T1	WP_00925 1343.1	496545268	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌3_1_57FAA_0T1]	29.25	FutQ	12	MVIVQLSGGLGNQMFEYALYLSLKAGKEVKIDDVTCEGPGTRPRQLDVFGITVDYRASREELTEMTDASM DALSRVRRKLTGRRTKAYRERDINFDPLVMEKDPALLEGCFQSDKYFRDCEGRVREAYRFRGIESGAFLPED YLRLKQIEDCQSVSHIRRGDYLDESHGGLYTGICTEAYYKEAFARMERLVPGARFFLFSNDPEWTRHFES KNCVLVEGSTEDTGYMDLYLMSRCRHHIANSFSWWGAWLNENPEKKVIAPAKWLNGRECRDITERMI RL
メタノスファエルラ・ パルストリス； メタノスファエルラ・ パルストリスE1-9c	YP_002467 213.1	219852781	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [メタノスファエルラ ・パルストリスE1-9c]	28.52	FutR	13	MIIVRLKGGILGNQSQALGRKIAHLHINTELKLDTTWFTTSSDTPRTYRLNNYNIIGTIASAKEIQLIERGRAQ GRGYLLSKISDLTTPMYRRTYVRERMHFTDKAILTVPDNYLDGYWQTEKYFKDIEEILRREVTLKDEPDSINLE MAERIQACHSVSLHVRRGDYVSNPTTQQFHGCCSIDYNNRAISLIEEKVDPSFFISDDLPAWAKENLDIPGE KTFVAHNGPEKEYCDLWMLSLCQHIIANSFSWWGAWLQGDAAEKVVIAPRRWALSSESFDTSDIIPDSWI TI
タネレラ種OAG:118	WP_02192 9367.1	547187521	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [タネレラ種OAG :118]	28.38	FutS	14	MVRVEIIGGLGNQMFOYAFSLYLNKSHIWDRLYVDIEAMKTYDRHYGLEKVFNLCLCPISNRLHRLNQ RSFAKHVFKSLYEHSECEFDPEVYRGLRPYRYRGYWQNEGVFVDIEPMIREAFQFNVNILSKTKAIASKMR RELSVSIHVRRGDYENLPEAKAMHGGICSLDYHKAIDFIRQLDNNICFYLFSDDINWVEENLQLENRCIID WNQGEDSWQDMYLMSCCRHHIANSFSWWAAWLNPNKNKIVLTPNKNFHNHTDAVGIVPKSWIKIPVF
バクテロイデス・ カカエ； バクテロイデス・カカエ ATCC 43185	WP_00567 5707.1	491925845	タンパク質 [バクテロイデス・ カカエ]	28.09	FutU	15	MKIVKILGGLGNQMFOYALFSLKERFHEQVMIDTSCFRNYPHLHNGFEVDRIFAQAPVASWRNLIKVAYP YPNYRFWKIGKYLIPKRKTMCFERKNFSDAAVLTRKGDCCYDGYWQHEEYFCDMKETIWEAFSPPEVDG RNKEIGALLQASDSASLHVRRGDYVYNHPLFRGICLDLYYKRAIHYYMEERNPQLYCVFSNDMAWCESHLRA LLPGKEVYVDWVWNGAESYVDMRLMSLCRHHIANSFSWWGAWLNRPQKVVVVPAPERWMNSPIEDPV SDKWIKL
ブチリビブリオ種 AE2015	WP_02277 2718.1	551028636	タンパク質 [ブチリビブリオ種 AE2015]	27.8	FutV	16	MIIHQLKGGILGNQMFOYALYSLKKRGKEVKIDDKTGFVNDKLRIPLVLRWGVGEVDRADEEILNLTDSKMDL FSRIRKLTGRKTRFIDEESGKFNPEILEKENAYLVGYWQCDKYFDDKDVVREIREAFKKPQELMTDASSWS TLQIECCESVSLHVRTDYVDEEHHIHNICTEKYKNAIDRVKQYPSAVFFITDDKEWCRDHFKGPNFV VELEEGDGTDAEMTLMSRCKHHIANSFSWWAAWLNDSPEKVIAPQKWINNRDMDDDIYTERMTKIAL

10

20

30

40

ブレボテラ種 CAG:891	WP_02248 1266.1	548264264	特徴 付けられていない タンパク質 [ブレボテラ種 CAG:891]	27.4	FutW	MRLVKMIGGLGNQMFYAFYLMRKRFSNVRIDLTDMMHYNVHYGYELHKVGLPRTEFCMNQPLKKVL EFLFRITVERKQHGMRMEPYTCQYVWPLVYFKGYQSFYSEYKDEVECFNPNALANRSSQMMQEQIQ NDPQAVSIHRRGDYLNPKHYDTGICQQLPYKHYKHAHSEIKYVSNPHFYVSEDLDWYKANLPLENAQYIDW NKGADSWQDMMMLMSCCKHHIICNSTFSWAAWLNPNSEKTVIMPEQWTSRQDSVDFVASCGRWVRV KTE	17
バラバクテロイデス・ ジョソニイ; バラバクテロイデス・ ジョソニイ0102112029	WP_00815 5883.1	495431188	グリコシル トランスフェラーゼ [バラバクテロイデス ・ジョソニイ]	26.69	FutX	MRLKIMIGGLGNQMFYAFYLMKHHYPDTNIDLSMDMVHYKVHNGYEMNRFIDLSQTEFCINRTLKKILEFL FFKKIVERRQDPSTLYPEKRYFWPLLYFKGYQSFYSEYKDEVECFNPNALANRSSQMMQEQIQ SIHRRGDYLNPRHWANTGSVCQLPYKHYKHAHSEIKYVSNPHFYVSEDLDWYKANLPLENAQYIDW SWQDMMMLMSHCRHHIICNSTFSWAAWLNPNSEKTVIMPEQWTSRQDSVDFVASCGRWVRV KTE	18
アケルマンシア・ ムシニフィリア; アケルマンシア・ ムシニフィリア ATCC BAA-835	YP_001877 555.1	187735443	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [アケルマンシア・ ムシニフィリア ATCC BAA-835]	25.67	FutY	MRLFGGLGNQLFQYAFALRSQGGKARLETSSVEHDDKRVCELHFRVSLPIEGGPPPWAFRKSRIACLR LFAAPKYPHFREKRGHGFDPGLAAPRRHTYFKGYQTEQYFLHCRQELCRERLKTPLTPENARILEDIRSCCS ISLHRRDYLSPNLYSPPPLEYLRSMAMEGRRAAGAPQESLRFIFSDDIWQARQNLRPALPHVHVVDIND GGTGDFLELMRNCRHHIICNSTFSWAAWLNPNSEKTVIMPEQWTSRQDSVDFVASCGRWVRV KTE	19
サルモネラ菌: サルモネラ菌亜種 エンテリカ血液型亜型 Poona株ATCC BAA-1673	WP_02321 4330.1	555221695	フコシル トランスフェラーゼ [サルモネラ菌]	25.99	FutZ	MYSLSGGLGNQMFQYAAAYILKQYFQSTTLVLDSSYYSQPKRDTVRSLELNQFNISYDRFSFADEKEKILL RKFRNPFPKQISEILSIALFGKYALSADAFYTFETIKNDKACLSFYQDADLLNKYQLILPLFELRDDLLDICKN LELYSLIQRSNNTTALHRRGDYVNTQHAAKYHGVLDISYNNHAMEYVERERKQNFIFSDDIWQARQNLRPALPHVHVVDIND ENDNCYVINNSDYDFSAIDMYLMSLCKNNIIANSTYSWWGAWLNKYEDKLVISPKQWFLGNNETSLRNAS WITL	20
バクテロイデス種 CAG:633	WP_02216 1880.1	547748823	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー1 [バクテロイデス種 CAG:633]	26.01	FutZ A	MRLKIMTGGGLGNQMFYAFYLRMKRYPKVRIDLSMDMVHYVHHGYEMHRYFNLPHTFCINQPLKKVIEF LFFKKIVERKQDPNSLRFAFEKKYLWPLLYFKGYQSFYSEYKDEVECFNPNALANRSSQMMQEQIQ AVSLHRRGDYLPQHWATTGSVCQLPYQNAIAEMNRRAAPSYVYFSDDIWQARQNLRPALPHVHVVDIND KGEESWQDMMMLMSHCRHHIICNSTFSWAAWLNPNSEKTVIMPEQWTSRQDSVDFVASCGRWVRV KTE	21
クロストリジウム種 CAG:306	WP_02224 7142.1	547839506	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [クロストリジウム種 CAG:306]	34.28		MEKIKIVLQGGMGNGMFQYAFGKGLSKFGCKVLFDKINYDELQKTIINNTGKNAEGICVRKYELGIFNLNI DFATAEQIQECIGELNKACYLPGFIRKIFNLKNNKTVSNRIFEKYYGEYDEELKDYSLAYDGYGQNPKYFEDI SDKIKKEFTLPEKNDIYNKKLEKTKTFENSFVHVRDDYLNINCEIDLDYQKAVKYLKHENPKFFVCAE DPDYKNHFDIGYDFELVGNNKTQDTYYENMRLMMACKHAIANSSYSWWAAWLNPNSEKTVIMPEQWTSRQDSVDFVASCGRWVRV KTE	22

10

20

30

40

ブレボテラ種口腔分類群 (oral taxon) 306 ; ブレボテラ種口腔分類群 306株F0472	WP_00943 4595.1	497004957	タンパク質 [ブレボテラ種 口腔分類群306]	32.11		MKIVKILGGLGNQMFQYALSLIQESFPKERVADLSFCNGYHLHNGFELERJESLT AQKASAAATIMRIAYYP NYLLWRIGKRLPRKTMCLLESSTFRYDESVL TREGNRYFDGWQDERYFVACREKVLKAFTFPAFKRTENLS LLRKLKNSVAIHVRRGDYIGNQLYQIGCDLQYRAAIDKISTYVTPSFVCFISNDIAWQCOTHLQPYLKAPVY VTWNTGTESTYRDMQLMISCCAHNIANSFSSWWGAWLNQNNKVVIAPIKRWLNMDDCQFPLPASWWKI	23
ブラキスピラ (Brachyspira) 種 CAG : 484 サラソスピラ・ プロファンジマリス (Thalassospira profundimaris) ; サラソスピラ・ プロファンジマリス WP0211	WP_02191 7109.1	547139308	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [ブラキスピラ種 CAG : 484]	30.14		MLVLMGGGLGNQMFQYAFKALGDKNLFYGDYKKHSLRKVELNRFKCKAVYIPRELKYLYKFVFTKFDKIE YMRSGIYVPEYLNLDGNHIIYIGFWQTEKYFKQIRPRILKLDFTPRKLDRENAGIISKMQQINSVSVHIRRTDYV DESHIYDGTNDLYYKRAIEYSSKIENPEFFSDDMAYVYKEKFAGLKFPHSFIDINSNGNSYKDLILMKNCXHN IIANSTFSWWGAWLNENEKIVIAPIAKWFTVTGENDKDIVPDEWIKL	24
アセトバクター (Acetobacter) 種 CAG:267	WP_00888 9330.1	496164823	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [サラソスピラ・ プロファンジマリス]	30		MMVVKLLGGLGNQMFQYATGRAVASRLDVELLDVSAFAHYDLRRYELDDWNITARLATSEELARSGVTAA PPSFEDRIARFRLDLPVNCFREASFTYDPRILEVSSPYLDGYWQSERFELDKKLRQEFQLKASIDANNHSFK KKIDGLGKQAVSLHVRRGDVVTNPQTASYHGVCSLDYYRAADVIAEHVSDPCFFVFSDDLWVWQTNLNIK QPIVLVDANGPDNGAADMALMMACRHHIIANSFSSWWGAWLNPLNDKIIVAPKKWFGANHDITDILVP DSWVRL	25
ジスゴノモナス・モジシイ (Dysgonomonas mossii) ; ジスゴノモナス・モジシイ DSM 22836	WP_02207 8656.1	547459369	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [アセトバクター種 CAG:267]	29.9		MAVSPQESKSAHVSPDKPLRIVRLGGGLGNQMFQYAFGLAAGDVLWDNTSELTNHYRSFDLGLYNSGDF ASNEQIKKCKNEIRFKNILPRSRIRKKNLGFYILKTNVRCERQINRYEPPELLSKDGDVYVYDGVQTEKYFKPLRE RLLHDFTLTKPLDAANLDMALAKIRAADAVAVHIIIRGDYLNPRSPFTYLDKDYFLNAMDYIGKRVDPKPHFFIES SDTDWVRTNIQITAYPQTIVEINDEKHGYFDLELMRNCRHIIANSFSSWWGAWLNTPDKIVVAPKQWFR PDAAEYSGDIVPNDWIKL	26
クロストリジウム種 KLE 1755	WP_02163 6924.1	493896281	タンパク質 [ジスゴノモナス ・モジシイ]	29.9		MVTVLLSGGLGNQMFQYAAAKSLAIRLNTALSVDLYTFSSKKTQATVRYPELIGIFNIEDVVTSSLKAKAVIKAR PFIOHRHSFFQRFEGVFTDTYAILYQPTFEALTGGVIMSGYFQNESYFKNISELLRKDFSKYPLIGENKDVAGQI SENQSAVAVHIIIRGDYLNKNSQSNFAILEKDYKAINYISAHVKNPEFYFSEDFDWIKDNLNFKEPVTFID WNKGKDSYIDMQLMSLCKHNIANSFSSWWGAWLNSEERKIVAPERFVDEQKNEILLDCFPYQGWIKI	27
						>gi 545396671 ref WP_021636924.1 glycosyltransferase, family 11 [Clostridium sp. KLE 1755]MIIIEISGGLGNQMFQYALGQKFSMGKEVKYDLFSYNDRVQTLRQFELDFDLDLCPVASNSLSRFGK GNSLKSRKQKLGWDKEKIYEENLDLGYQPRIFELDDIYLSGYWQSELYFKDIREQILRYTFPIQLDYMNGVFL RKIENSNSVSHIIRRGDYLNENNLKIYGNICTLNYNKKALQIAKKTNPFIIVFTNDIEWVRKLEIPNMIVDC NSGKLSYWDMYLMSCKKANIVANSFSSWWGAWLNKNENRIISPCKRWLNNEHQSTSLCDNWIRCGDD	28

10

20

30

40

ギリシア・リムナエア (<i>Gillisia limnaea</i>) ; ギリシア・リムナエア DSM 15749	WP_00698 8068.1	494045950	アルファ-1,2- フコシルトランス フェラーゼ [ギリシア・ リムナエア]	29.28	MFISKNTVIKLVGGIGNQMFGFAIAKIAEKESEVLVDITFYTELTTENTKFRHFSGLIFNSSFAIASKEIDYF TKLSNFNFKKKLGLNYPITFHESSFNFAQVLELKAPIYLNQYFQSRFYRLKGYKIRKFKFPDEALDKDNDNI KRKIIGTSVSLHIRRGDYNVNNKTQQFHGNCITDIYQSAIAYLSSKLTDFNLFFSDDIHWVROQFKNISNQKI YVSGNLHNSWKDMLMSLCDHNIANSFSSWWGAWLNKNPEKIIAPKRWFADETEQDKNSIDLIPSEWY RI	29
メチロテネラ・モビリス (<i>Methylobacter mobilis</i>) ; メチロテネラ・ モビリスJLW8	YP_003048 467.1	253996403	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリ-タンパク質 [メチロテネラ・ モビリスJLW8]	29.19	MLVSRIGGLGNQMFEYAAARAASIRISVQLKLDLSGFEYDILHAYGLNNFNIVEDVAKKDDYFAGAPESLLKK IKYLRGLIQLESFRESLDLSFDSKVLNDNTYLDGYWQCERYFIDKQIRQDFSKFAPDALNQRYLELIDSV NAVSVHIRRGDYSNSTTNEIHGVCDDLDYYQRAAEFMARIGPENLHFFVSDDTDWVVENISFGSDTTFIS HNDAAKNYEDMRLMSACKHHIANSFSSWWAAWLNPSKQKVIAPIRQWFKSTLLNSDDIVPASWVRL	30
ルネラ・ スリチフォホルミス (<i>Runella slithyformis</i>) ; ルネラ・スリチフォホルミス DSM 19594	YP_004658 567.1	338214504	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリ-タンパク質 [ルネラ・ スリチフォホルミス DSM 19594]	29.14	MIIVKLSGGLGNQLFYAFGRHLATVNQKELKDTLSALTSTKTSWNTNRSYALDAFNIRAEATPEEIKALAGKP NRLLQVRGKVGITPIQYFQEPHFHFYSSALSISKSHYLEGYWQSEKYFEATPIRREEFAFTISPTHAQTIKEKI SNGTSVSIHLRRGDYVKTSKANRYLRPLTMDYYQKADYINQVRKNPNFELFSDDIKWAKSQVTFPPPTTHFST GTSAHEDLWLMTHCRHHIANSTFSWWGAWLNQDPDKIVAPQKWFSTEREDTKDLLPEPWQL	31
シュードアルテルモナス・ ハロブランクティス (<i>Pseudalteromonas haloplanktis</i>) ; シュードアルテルモナス・ ハロブランクティスANT/505	WP_00295 8454.1	489048235	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [シュードアルテルモナス ・ハロブランクティス]	29.1	MIKKAIGGLGNQLFYATARAIAEKRGDGVVDMDSDFSSYKTHPFCLNKRCKATYESKPKLNLKLSNEKIR NLLQKLGFIKKYFETQLPFNEDVLLNNSINYLTYGQSEKYSLSRECLDELTLIEDLNIAETAIVSAIKNAKNSI SIHIRRGDYSNEGANKTHGVCDSDYFKALNYFSERKLLDEHTELFIFSDDIIEWCRNNLSFDYKMFNFDGSS ERPEVDMVLMMSQCKHQVISNSTFSWWGAWLNKNDEKVVVAPKEWFKSTDLTDSTDIVPNQWIKL	32
未培養細菌	EKE06679.1	406985989	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリ-11 [未培養細菌]	28.67	MLTLKLGGLGNQMFGYAAASHNLAKNKTINFDLSFFSDIEVRDIDKRDYLLDKFNISADISFDQKNSISGFRK FLVKVSKFFGEVYRYLKLSSKYLDGYFQSEKYFNVEEDIRKDFTLKDEMGVEAKKIEQQVNSKNSVSLHIR RGDYVDDLKTNIYHVCNLDYYKRSIKYLKENFGEINIFVSDDIWVVENLAFENLQFVSRPDIKDYEELML MSKCEHNIANSFSSWWGAWLNENKNIIAPKEWFQKFNINEKHIVPKSWIRL	33
クロストリジウム種 KLE 1755	WP_02163 6949.1	545396696	グリコシル トランスフェラーゼ、 ファミリ-11 [クロストリジウム種 KLE 1755]	28.57	MVIVQLSGGLGNQMFEYALYLSLKAKGKVVKIDITCYEGPGRPKQLDVFGSVYERATKQELTEMTDSSLD PVSIRIRKLTGRKTKAYREKIDINFPQVMERDPALLEGCFQSEKYFQDCREQVREAYFRGIESGAYPLPEAY RRLEKEIADCKSVSHIRRGDYLEESHGGLYTGICTEQYYQAEAFARMEKEVPKAKFFLNSNDPDWTRHFKEGE NRILVEGSTEDTYLDLYLMSCKKHNIANSFSSWWGAWLNNDNPEKKVTAPARWLNGRECRDIYTERMIRI	34
フランシセラ・フィロミラジ (<i>Francisella philomiragia</i>) ; フランシセラ・ フィロミラジ亜種 フィロミラジATCC 25015	WP_00428 7502.1	490414974	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [フランシセラ・ フィロミラジ]	28.57	MKIKIQGGLGNQMFGYAFYKSLKNNICDVCYDKNYDTYKLYHYGFELNRIKFNIDLSFARKYHKKEVLGKLF IPSKFIVKFNKNYILQKNFAFDKAYFEIDNCYLDGYWQSEKYFKTKIDYDAFTFEPDLSINEFLKNIQDYNLV SIHVRRGDYNHPLHGGICDIEYNNKAISFIRSKVANVHFLVFNDSNLLWCKDNLKLDRTYIDHNRWMDSYK DMHMLSLCKKHNIANSFSSWWGAWLNQNDKIVAPSKWFFNDDKINQKDKICPNSWVRL	35

10

20

30

40

シュードモナス・ フルオレッセンス (<i>Pseudomonas fluorescens</i>) ; シュードモナス・ フルオレッセンス NCIMB 11764	WP_01733 7316.1	515906733	タンパク質 [シュードモナス・ フルオレッセンス] VTL	28.52	MVIAHLIGLGNQMFQYAAARALSSAKKEPLLLDTSSFSYTLHQGFELSKLFAGEMCIARDKIDINHLSWQ AFPIRINFHRPKLAFRKASLIIEPSFHYWNGIQKAPADCYLMGYWQSERVFQDAEEIKDFTFKLNMSPO NIATADQILNTNAISLHVRGDDYVNSVYAACTVEYQAAIQLLSKRDAPTFVFSSDDIDWVKNLNIGFPH CYVNHKGSSEYNDMLMSMCOHNIANSFSSWWGAWLNSNADKIVVAPKQWFINNTNVNDLPPAW	36
ハーバスピリルム (<i>Herbaspirillum</i>) 種 YR522	WP_00811 7381.1	495392680	グリコシル トランス フェラーゼ ファミリー11 [ハーバ スピリルム種 YR522]	28.48	MIATRLIGLGNQMFQYAAARALRVGSPILLDVSGFANYELRRYELDFRIDATAASAQQLARLGVNATP GTSLLARVLKRWQPADRLREASTFYDARIEQASAPVYLDGYWQSERVFARIRQLHLLDEFTLKGDWGSND AAMAAQIATAGAGAVSLHVRGDDYVNSNAHTAQYHGVCSLDYRDVAHIGGRVEAPHFVFSSDDHEWVR ENLQIGHPATFVQINSADHGIYDMMMLMKSCRHHIANSFSSWWGAWLNPADKIVVAPQRWFRDATNDT RDLIPAAWVRL	37
プレボテラ・ヒスチコラ (<i>Prevotella histicola</i>) ; プレボテラ・ヒスチコラ F0411	WP_00882 2166.1	496097659	タンパク質 [プレボテラ・ ヒスチコラ]	28.43	MKIVKILGGLGNQMFQYALYLSKETFPQENVTVDLSCFFHYHLHNGFEIARISLHPDKATVMEILRIAYYP NYFFWQIGKRVLPQRKTMTCTESTKLLFDKSVLQREGDRYFDGYWQDERYFIDCRRTILNTFKPPFTDDNLL ALLKMDTNSVSIHVRGDDYVGNKLYQGICDLNYYREAIMKISSYISPMFCVFSNDIEWCRDNLESEKAPY YVDWNSGTESYRDMQLMSCCGHNIANSFSSWWGAWLQNQSSKIVIAKRWINLKNCGFMPLSRWVKI	38
フラボバクテリウム (<i>Flavobacterium</i>) 種 W621	WP_01749 4954.1	516064371	タンパク質 [フラボ バクテリウム種 W621]	28.42	MIVVQLIGLGNQLFOYAAAKALALQTKQKFSLDVSVQFESYKLNHYNLHFNVISKNYKPNRYLRKIKSFYQ KNVFKYEVDFGYNPDILHLKGGIIFLEGYFQSEYFIKYEKEIREDFELRPLKKETKAAIAKIESVNSVSIHRRGD YINNPLHNTSKEEYNNKALEIVENKNNPVPYFVSDDMEWVKANFSTKQETIFIDFNDASTNFEDLKLMTSCK HNIANSFSSWWGGWLNKNPDKIVIAKRWVFNDDSDINTNDIPTNVVKI	39
ポラリバクター・ フランツマンニイ (<i>Polaribacter franzmannii</i>)	WP_01894 4517.1	517774309	タンパク質 [ポラリバクター・ フランツマンニイ]	28.42	MIIVRIVGGLGNQMFQYAYAKALQKQGYQVKIDITKFKKYNLHGGYQLDQFKIDILETSSPIANVLCRIGLRS VKEKSLDFEKFLEIPQREYIKGYFQTEKYFSSITPILRKQFIVQKELCNTTLRYLKEITIQKNACSLHIRRGDYISDE KANSVHGTCDLPYKSKRIQDEYKDAHFFIFSDDISWAKNLTNKNNTTHEIIVMPHEDMHLMSLCKHNIT ANSFSSWWGAWLNQHNKTVIAPKNWVFNRENEVACANWVQL	40
ポラリバクター種 MED152	YP_007670 847.1	472321325	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [ポラリバクター種 MED152]	28.42	MVVVRILGGLGNQMFQYAYAKSLAEKGYEVQIDISKFSYKLHGGYHLDKFRIDLETANSSAFSLKIGLKTKIK EPNLLFHKDLKLVNNNAFIKGYFAEQYFSDIRELINQFKIKKELAKSTAIKNQIELLKTCSLHVRRGDYISDK KANKVHGTCDLDYYSIAIEHISKQNSNVHFFVSDDIWVKNLNITNATYIDHNVIPHEDMYLMTLCNHNH TANSFSSWWGAWLNQNPDKIVIAKPNWVFNRENEVACKSWITL	41

10

20

30

40

メタノコッカス・マリパルデイス (Methanococcus maripaludis) ; メタノコッカス・マリパルデイス07	YP_001329 558.1	150402264	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリ-タンパク質 [メタノコッカス・ マリパルデイス07]	28.19	MKIQLKGGGLGNQMFQYALYKSLKRGQEVLLDISWYLNKNAHNGYLEWVFGLSPEYASIRQCFLGDIPI NLIYNVKKVPKKTTHFEKSNFNVDNNVFEVTNGYFEGYQWQENYFNKFRSEILNDFSKNIDKRNAEFSEY LKSINSVSVHVRGGDYVTNQKALNVHGNICNILEYNNKAINLANNLKNPKVFIFSDDTITWCKSNLGIIDPPVYV DWNTGPYSYQDMYLMNSCKNNIIANSFSWWGAWLNQNTKFKVSPKKWVNDNRNNVNIIPNGWIKIK	42
ガリオネラ (Gallionella) 種 SGGC AAA018-N21	WP_01829 3379.1	517104561	タンパク質 [ガリオネラ種 SGGC AAA018-N21]	28.15	MIIAHIGGLGNQMFQYAGRALSLARGVPFKLDISGFEYDHLHQGFELQRFVNCAGIASAEAEVRDLSLGW QFSSPIRRIVARPSLAVLRRTFVVEPHFYWAGIKQVDPDNCYLQVWQSEYFQSHAAVIRTDFAFKPLSG QNSKLMQIAQAGNVAHLIRRGDYANNPKTTATGHLCSLDYRAAIQIAERVOQSPHFIFSDDIADIAWVKSNI AINFPHQYVDHNQGTESYNDMLRMLSLCQHIIANSFSWWGAWLNTNAHKVIAIPKQWFANTTHVADLI PSSWERL	43
アゾスピラ・オリザエ (Azospira oryzae) ; デクロロゾーマ・ スイルム (Dechlorosoma suiillum) PS	YP_005026 324.1	372486759	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリ-11 [デクロロゾーマ・ スイルムPS]	28.04	MQSPACIAGARAWVVGYGMAEAMQPVVVGSLGGGLGNQMFQYAGRALAHRLGHLPLSLDLSWFQGRG DRHFALAPFHIAASLERAWPRLPPAMQAQLSRLRRWAPRIMGAPVREPFFHYVPFAAALAAPVLEGY WQSEYFRELREPLLDQFSLRQPLPASCQPIAAGNSDAICVHRRGDYLSNPVAAKVHGVCPVDYQQGV AELSASLARPHCFVSDPEWVRGSLAFPCPMVTVDVNGPAAEHFDLALMAACQHFVIANSSLSWWGAW LGQAAGKRVIAPSRWFLTSDKDARDLLPPSWERR	44
プレボテラ・ パルディビベンス (Prevotella paludivivens)	WP_01846 3017.1	517274199	タンパク質 [プレボテラ・ パルディビベンス]	28	MKIVKIGGLGNQMFQYALAMALNKNFTDEEVKLDIHCNFGYTKHQGFEDRVFGNEFELASRDVAKVAY PYFNFQLWRIGSRFPDRRHMSDTSFKIMPEVITSHNYKYDGYWQHEEYFKNIHDEILDFAKFPKQDER NKALAERLSDNSISIHRRGDYLDNDELFGTGTGIEYKKAIEEINERTVPTLCVFSNDIHWCKENIEPLNGKE TIYVDWNTGSDNYRDMQLMTKCKHIIANSFSWWGAWLNNTDKIVIAPIRWYNTKEKVPVANSWIKL	45
グラメラ・フォーセテイイ (Gramella forsetii) ; グラメラ・フォーセテイイ KT0803	YP_860609. 1	120434923	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [グラメラ・ フォーセテイイ KT0803]	27.96	MSKNPVEIMGGGLGNQMFQYAVAKLAEKNSSVLLVDTNFKESQNLKDFPRYFSLGIFDISYKMGTEN GMVNFKNLSFKNRVSRKLGILNYPKIFKESYRFDADLFNKKTPILYKGYFQSYKYFQVSKIRQWFEFYEYL GVGNEEIKSKILEKTSVSHRRGDYVENKTKKEFHGNCSELYYKNAITYFDIVKEFNIVFFSDDISWVRDEFK DLPNEKVFTGNLHENSWKDMYMLSLCDHIIANSFSWWAAWLNNSSEKNVIAIPKQWKFADIDQEOKSL DLLPPSWIRM	46
マリプロワンダス・ フェロオキシダンス (Mariprofundus ferrooxydans) ; マリプロワンダス・ フェロオキシダンスPV-1	WP_00984 9029.1	497534831	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [マリプロワンダス・ フェロオキシダンス]	27.92	MIIVQFTGGLGNQMFQYALGRRLSLHDVELKFDLSFYQHDILDFMLDRFQVNGQVATEKEIAYTNTPIF ALDRPLDLRLVWGLYRGVNSVDEPPQKQALMVYNSRVLQAPNTYVQVYQSEYKFMPIRQKLLDDFSL VKADQANGAMLEKIRQCHSVSLHVRGDYVSNPLTNHSHGTGLEYEKAIALIGSKVDDPHFFVSDDE WTRDLHLKCRFPMTYTCNSADSCWDMLMRHCRDHIIANSFSWWGAWLNMPDKVNVVAPAAWFFN NFSADTSLDIPDSWVRI	47

10

20

30

40

バチルス・セレウス (<i>Bacillus cereus</i>) ; バチルス・セレウス VD107	WP_00217 4293.1	488102896	タンパク質 [バチルス・ セレウス]	27.91	MKIIQVSSGLGNQMFQYALYKKISLNDNDVFLDSSYMMYKNQHNHYELERIFHIKPRHAGKEIHIDNLSOLD SELISIRRRKLFAGAKSMYVVELKEFEYDPIFEKKTGYKGYWQNNYFKDIQEQLRQDFTEKLDKRNEKLANE IRKNKSVSHIRRGDYLLNKVYEEKFGNANLEYYLKAINLVKKKIEDPKFYFSDDDIDWAAKNINLTNDVVYISH NQGNESYKDMQMLMSLCKHNIANSSTFSWWGAFNLNNDKIVVAPKKWINIKGLEKVELPENWITY	48
ファーマイクテス (<i>Firmicutes</i>) 細菌 CAG:534	WP_02235 2106.1	547951299	タンパク質 [ファーマイクテス 細菌CAG:534]	27.81	MIIRMTGGLGNQMFQYALYKLRAMGKEVKMDDTTEYEGREARPLSLWAFGIEVDASREELCRMIDGFL DPVSRIRRKLFGRKSLLEYMEKD CNFDEILNRDPAYLTGYFQSEKYFADIEEEVROAFRFRSERIWEGIPSQLLER IRSYEQQIKTTMAVSVHIRRGDYLLQNEEAYGGICTERYKYTAIEVVKRQDDASFVFTNDPDYAGIEWILKNF GQEKERFVLIEGTOEENG'LDLYLMSLCRHHILANSFSWWGAYLNPSEKMMVVPVPHKWFGNQECRDYME NMIRIAKEQS	49
シデロキシダンス・ リントロフィカス (<i>Sideroxydans</i> <i>lithotrophicus</i>) ; シデロキシダンス・ リントロフィカスES-1	YP_003525 501.1	291615344	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [シデロキシダンス ・リントロフィカス ES-1]	27.81	MVISNIIGGLGNQMFQYAAARALSLEVLKLDISGFTNYALHQGFELDRIFGCKIEIASEADVHEILGWQSA SGIRRVSRPGMSIFRRKGFVVEPHFSYWGIRKITGDCYLAGYWOSEKYFLDAAVEIRKDFSKLPDLSHNA ELAEKIDQENAVSLHIRRGDYANNPLTAATHGLCSLDYYRKSIIKHIAGQVRNPYFFVSDDDIAWVKDNLEIEFP SQYVDYNHGSMFSFNDMRLMSLCKHHIANSFSWWGAWLNPPEKVIAPERWFANRTDQVQLLPQGW VKL	50
ゼータ・プロテオ バクテリア S08C AB-137-009	WP_01828 1578.1	517092760	タンパク質 [ゼータ・ プロテオ バクテリア S08C AB-137-009]	27.81	MIVSQIIGGLGNQMFQYATGRALSHRLHDTFFLDLDFGSGYQLHQGFELSNVFCENVVATRSQMOALLG WRFSVVRLLMKRSLKWARGHRVMIEP HHHYWSRFAEINEGCGYLSGYWQSEYKFPENIIRQDFKFNHLL KGVNLDLAQQMTEVNSVSLHVRRGDYASDANTNHTHGLCLDYYRDAILYAQNTPVAPSFIESDDIEWCRE HLKLSFPATYIDHNKGSNSYCDMQLMSLCHHHIANSFSWWGAWLNRDLKIVAPKQWFANGNRTDDLI PAEWLVM	51
ペドバクター・ ヘパリス (<i>Pedobacter</i> <i>heparinus</i>) ; ペドバクター・ ヘパリスDSM 2366	YP_003090 434.1	255530062	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [ペドバクター・ ヘパリス DSM 2366]	27.8	MKIIRFLGGLGNQMFQYAFYKSLQHRFPKADLOGYQYETLHNGFELEHIFIKVNSVSSFTSDFYNKKW LYRKLRLNRLNTYIEKKLFSDP SLLNPNPKSAYYWGYNFQYFEHIDDLRKDFQFRAPLSAQNOEVLID QTKLSNISLHIRRGDYIKDPLLGGLGPEYQTAINYTSKVNAARFFISDDIDWCIANLKLDQCSFISWNKG TSSYIDMQLMSSCKHHIVANSFSWWAAAWLNPDPKIVIAPEKWTNDKINVRMSFPQGWISL	52
メチロフィラス・ メチロトロフス (<i>Methylophilus</i> <i>methylophilus</i>)	WP_01898 5060.1	517814852	タンパク質 [メチロフィラス・ メチロトロフス]	27.78	MEQYAMGLSLAENNTPLKLDLSQFTDYKLNHGFELSKVFNCSAETASVTQIETLLGICKYFIRRLKNTYLLKN LRPAQYVWEPFGYWDGVNIFLGDVYLEGYVWQSQYFIDYESTIRHTFTKNILSGENKLSDRKGSNSVL HIRRGDYVTNKNNAFIGTCSLIYYQNAIEYFTKIADPIFFISDDITWAKSNRLANEHYFVGHNGQEDSHFD MQLMSLCKHHIANSFSWWGAWLNPSPDKIIAPKKWFAFSLNDQDLVPKDWLRI	53

10

20

30

40

ロドバクテラレス (Rhodobacterales) 細菌HT002255	WP_00803 3953.1	495309205	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [ロドバクテラレス 細菌HT002255]	27.7	MIYTRIRGGLGNQLFQYSAARSADLYLNVSLGLDTREFDENSPYKMSLNHFNIRADLNPPDLKHKKDGKIAYI IDHIKGNQKKVYKEPFLSFDKNLFSNVDGTYLKGWQSEKYFLNRNKNILSDINLIKTKDKFNTINILKEIKKSTSI SLHIRRGDYLSNESYNETHGICSLSYTYTDAVEYIKNRLGENIKVFAFSDDPDWVLENLKLSDVIKINNNTSANS FEDLRMLNCDHNIIANSFSWWGAWLNQNPKEKIVISPKKWWYNNKKQLQNA DIVPSSWLKY	54
スピリリナ・サブサルサ (Spirulina subsalsa)	WP_01730 2658.1	515872075	タンパク質 [スピリリナ・ サブサルサ]	27.69	MAKIIARIRGGIGNQJIIYAAARRLEINNAELVLDVSGVFYHDLQYRHYQLDHFHIPCRAKATPAERFEFESR VRRYLKQRLNORLPFEQRRYVIOESIDFDPRLIEFKPGTVHILEGYWQSEDFYKDIETIRODQIQPPTDPTN LAIVQHIHQHTSAVHIRFFDQPNADTMNNAPSYYHRAVEAMETVPGAHYYLFSDQPEAAKSRIPLPDE RVTLVNHNRGNLAYADLWLMTCQCHFIANSTFSWWGAWLAENQKKQKQVIAPGFEKREGVSWWGFKGL LPKQWIKL	55
ビブリオ・ シクリトロフィカス (Vibrio cyclophilicus)	WP_01043 3911.1	498119755	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリ-11 [ビブリオ・ シクリトロフィカス]	27.67	MVIVKITGGLGNQLFQYATGSALANKLSCELVLDLSFYPTQLRKYELAKFNINARVATDREIFLAGGGNDFFS KALKKGLTSIIFPEYIKEQESIKYVGKIDLCCKSGAYLDGYWQNPYFSQNKIELTREFLPRAQLSPSALAWKDH SQASNSVSLHVRRGDYVENAHTNNIHGTCSLEYQHAIEKIRSEVHNPFVFSDDIEWCKNLSSLAEEFV DNITSAIDDLMLMRQCKHSIIANSTFSWWGAWLKLGLVIAPRNWFSASRNKLGYPKEWHIL	56
ラクノスピラセアエ細菌 NK4A179	WP_02278 3177.1	551039510	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌NK4A179]	27.65	MRSVVDIKGGYGNQLFCYSEGYAVSKETGSELIIDTSMIDMNNVKDRNYQLGVLTGYDISHSYKYGKDFLSR KTGLNRLRKKSAGFGTVVKEKEQYVDPVSVFEKRDYDFDGFQSSRYFEKYSDDLKMLKPKKISNAAEKL AEDARDCLSVSVHIRRGDYVSLGWTLDYYIKALDIKERYGSEPVFVSDNKKYADDFFSAAGLKRYRLMD YETDDAVRDDMFLMSRCSHNIMANSSYSWWGAFINDNKDKTVICPETGVWGGDFYPEGWMKVTASSG K	57
未培養細菌	EKE02186.1	406980610	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリ- タンパク質 [未培養細菌]	27.57	MIIVNLYGGLGNQMFQYALGRHLAEKNNTLKDIFAFESYKLRKYELGNLNIIEKFALPEEISRLTPTGKIER FIRKTLRKPVKKPEYIKENITGGFNPKILDLONNIYLEGYWQSEKYFIEIDIRKEFSFKFPATGKNKEILENINI NSVSLHIRRGDYVTNPEVNOVHGVCSLDYYKSCVDYKESPYFIFSDDIEWVWKNLQSQSVVYVDHNT VDNAIEDMRLMFSCCKHNILANSSFSWWGAWLNSNPDKNMVTIPRKWFNTTYSNDLIPERWIKL	58

10

20

30

40

バクテロイデス・ フラジリス (<i>Bacteroides fragilis</i>); バクテロイデス・ フラジリスHMM 616	WP_00582 2375.1	492366053	タンパク質 [バクテロイデス ・フラジリス]	27.46	MKIIGIIVTGPIKFWNEFYSSQLYFCVAEKNYEVFTDSSELASQRLPNVHMLIEDKGWIVNVSSKSKFIC EIRNQLTSYDIYFNLNGNFKFPIYQDEILPQAEHNYLTALSFHYLTIPHPYDRNKNCAFIPYGGKYF QGGFYGGRTQEVLSLSEWCRDAIEADFNKKVIAHFHDESYNRYLLTHQPKVLDNKYAFQDIWPEYGEYKAIV LNKEEVPEDNNLQEMKQNPDSLSLDELKFIPIISIVQLYGGNGMFGYAFYLIRHISTQERKLLIDPAP CKRYGNHNGYELPSIESKODIHISDETNNIRKRKGTLSIEEVRASMPQSFKEKKQPIFYSGCWQCQVTVV ETVDEIKKDFIDESKLNPSAQMLRIIRRSNSVSVHRRNDYLGNNFLYGGICTKSYEKAISQMYTLLKDE PIFYFTDPEWVRSNFALDKSYLVWNNKNDNWQDMYLMASCRHHIANSFSWWAAWLGFGPEKKVI APSTWLNMGMTDILPTWIKIPITPDKKILDRICNHLHSSYMKQLGNSGKMGVVIFFHYARYTQNPYLE NYAGDLFDELYEEHKGISFSLDGLGIAWAVEYLVHEQFIEGNTDDSLAEIDFKVMQIDPRRFTDYSFETGL EGIACYVLSRLSPRVCSSTLDSVYLKDLTEACRKVPVDKANYTRLFNLYIESKEVGYSFKDVLQMVLNHSEK AFGSDGLTWQTGLTMIMR	59
ブチリビブリオ種 AE3009	WP_02277 8576.1	551034739	タンパク質 [ブチリビブリオ種 AE3009]	27.46	MIIILKGGGLGNQMFQYALYKELRSRGKEVKIDDVTGFVDDDELTPVLQRFGEYDRATREEVVKLTDKMDI FSRIRRLTGRKTCRIDEESGTFNPDILEDAYLVGYWQSDKYFRNEDVIAQLRQEFQKRPQEIIMTDSASWA TLQJIECCOSVSLHRRTDYIDEHNHHLNCTEKYYKGAIDRISQYPSAVFFITDDKEWCRNHFGRGPNFV VELAEKENTDIAEMLLMSSCKHHICANSSFSWWSAWLNDSPKMWIVPNKWNNRDMDDIYDRMTKM AI	60
バクテロイデス・ オバータス (<i>Bacteroides ovatus</i>); バクテロイデス・ オバータスOL02T12004	WP_00431 7929.1	490447027	タンパク質 [バクテロイデス・ オバータス]	27.43	MKQTHILSGGLGNQMFQYAFFLSMKAGKSCSLDTTLFTQTNKMHNHNGELKSVFDPSPNOASALHLLIKM LRRYKPKSILTIDEPYTFPCPDALSKSFLMGDWLSPKYFESIKDVVNVAYRHHNIGNKNVDYANEMHGNNS VSIHRRGDYLLPYCVCNENYRQAIEQIKDRVDNPIFYVFSNEPSCWCDSEKMEFRVNFKIVNWNQKDS YQDMYLMTQCKHIIANSTFSWWGAWLNNNTDKIIVAPSKWFKNSEHNINCKEWLLIDTSK	61
デスルホスピラ・ ジョエルゲンゼン (<i>Desulfospora</i> joergensenii)	WP_02266 4368.1	550911345	タンパク質 [デスルホスピラ・ ジョエルゲンゼン]	27.42	MGKKYVETVWNGGLGNQIFQFSAGFALSRLNLDLVNISTFDSQKRNFLYTFPKIKNSFACIKDDDPGVFS RLRIPFLNFKKIKOFHSHFFDPAPFDIREPVRIEGYFQSYKYEKYSQDKDILDLPLTSLRLKTVLKVSSKES VSVHRRGDYISDQGINEVHGTLEAYYLSKLMKMFPEFFLTDDPHYVEENFKFLEDTSICISDNDCLP YEDMYLMANCHHIIANSSFSWWGAWLNNQNPKEIVAPRKWFSRKILMEKPVMDLLPDDWILL	62
ラクノスピラセアエ 細菌10-1	EOS74299. 1	507817890	タンパク質 0819_03062 [ラクノスピラセアエ 細菌10-1]	27.39	MNIIRMTGGLGNQMFQYALFLRLKAQKKEVKFDDRTYKGEEARPILLWAFIDYPAAGEEEVNELTDGV MKFSHLRRLKLGKSKYREKSCNFDQILEKEPAYFTGYFOSERYFEEVKEQYRKAQFSGKIWGSVKEL EERIEYQTKIENKQMPVSVHRRGDYLENDEAYGGICTDAYYRKAEMMEKFPNTVYFYSNDTGWAKQ WIDHYKEKSRFIEGTEDTGYLDLELMKSCRAHIIANSFSWWGAWLDPDQEKIV/APSKWVNNQDMK DIYTREMIKISPKGEVR	63

10

20

30

40

バクテロイデス・ドレイ (<i>Bacteroides dorei</i>) ; バクテロイデス・ドレイ DSM 17855	WP_00783 2461.1	495107639	タンパク質 [バクテロイデス・ドレイ]	27.33		MVVVVGAGLANRMFQYAFALSIREKGLDVFIEDSFIPRFDFERTKLDVSFVNVNIQRCDKNSFPLVLRER RPFYLLKRISSEYMSDNRYIERWNLIDYLYHKKASTNCFIFGFWISYKQSSSEDADVRKAFKTFKPLDSIRNVELAT KLVTENSVAVHFRKNIDYLLKNLPNTCPSPSYEAINIKYVPNPKFYFSDNDWVWREINRGVEFTAVDWN PSSGIHSHCDMQLMSLCKHNIIANSTYSWWAYLNNENNKKIVVCPKDWYGGVMVKKLDTIIPESWIIING	64
ファーマミクテス細菌 CAG:24	WP_02191 6201.1	547127421	タンパク質 [ファーマミクテス 細菌CAG:24]	27.33		MVIVKMSGGLGNQMFQYALYRKIOQTGDKVLDLFSQDKNAFRFSLDIFPIEYQTANILEECRKLGECSYR PVDKIRRKMFGLKESYQEDLDKGYQPEILEMNPVYLDGYWQCERYQDIREKILEDTYFPKKISIESRLQERI KNTEVSIIHRRGDYLDAAANYKIYGNICTIEYYQSAISRMRLCKEKPNYLFSNDPEWAKEIFGDTEDITVEEDK ERPDYEDMFLMSRCKHNIIANSFSWWAAWLNQENENKRVIAPVKWFNNHSVTDVICDDWIRIDGDHKGGA	65
クロストリジウム・ハセウエイ (<i>Clostridium hathewayi</i>) CAG:224	WP_02203 1822.1	547299420	epsH [クロストリジウム ・ハセウエイ CAG:224]	27.3		MIYVNIIRGLGNQLFYAFARALQKSTNQITLNTYSFRKHYNNTAMDLEQFNIPEDIMFENSKELPWFANT DGKVRILRHYPKLRISILQKMNVLMMWLGDEYVEVKVNRDRDIYIDGFWQSSRYKSVYKELKNELIPKMEM SKEIKTMGDLINQKESVSVRRGDYVTVKKNRDVYVICDEKYLNTSIMRMVELVNPVTFIFSDADADWVK DNIVFPGEVYQPPRVTPLTLYLMKACKHFIISNSFSWWGQYLSNNDNKIVIGPAKWYVDGRKTDIEEE WIKIEV	66
シントロフス・アシディトロフィカス (<i>Syntrophus aciditrophicus</i>) SB ; シントロフス・アシディトロフィカス	YP_462663. 1	85860461	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [シントロフス・ アシディトロフィカス SB]	27.3		MVIVRTGGIGNQMFQYAAARRVSLVNNAPLELDLGFQETGSWTPRKYELDAFRIAGESASVGDIKDFKS RRQNAFFRRLLPLFKKRIFHTRQTHIEKSYNFDPEILNLQGNVYLDGYWQSEKYFSDVDSEIRREFSFQTDPAE RNRKILERIASCESVSIHRRGDYVTLPDANAFHGLCTPAYRILAVEQISRKVVPEVFFVSDDIADAWARGNLKL GFETCFMDQNGPDRGDEDLRLMIACRHHIIANSFSWWGAWLCSNPEKIVAPRKWFNNGLDTPDNIPAS WIRI	67
バクテロイデス・カカエ ; バクテロイデス・カカエ ATCC 43185	WP_00567 8148.1	491931393	タンパク質 [バクテロイデス・ カカエ]	27.27		MKIVKIIGGLGNQMFQYALYLSLKKYPKEKIKIDISMFETYGLHNGFELKRFIDIDAIEYASREEIRELSFYIKYKL QRIFRKIFPVKTECEKYDFKMFSEVWVWNCDRYEGYVWQNWYEFIEAQTEVRSTFTFKKELVGRNAKVIREI QYAKMPVSLHIIRRGDYLHKKLFGGLCDLNYKKAIDVYLNNDYTPQYLFSDNDIEWCKTYILPLVQGYPFILVD WNSGVESYIDMQLMSSCRNIIANSFSWWAAWLNDSSEKIVIAPKLWAHSPYKEIQLKSWLLF	68
ブチリビブリオ・ フィブリソルベンス (<i>Butyrivibrio fibrilovans</i>)	WP_02275 6304.1	551011888	タンパク質 [ブチリビブリオ・ フィブリソルベンス]	27.24		MIIEMSGGLGNQMFQYALYKSMHLKGLDVTIDKSYRVDVHKEQVOLDRFPNVSYIEADRKLSSTLGRGY NDSIIDKIRNKLKSKRNLYHEDLDKGYQPEIFEDNVYNGYWCERYFKDKNEIKKDFPFCTQSGDDKIK ALTIEMESCNSVSLHVRGDYLPGLIEYGNICTEYKKSIEYIKERVDPVYFISNDMAWVRDNFKSDDFR YVNEDGAFDGMTDMLMTRCRHNIVANSFSWWGAWLNKHDNDNIVICPNRWVNTHTVTDIICEDWIRI DV	69

10

20

30

40

パラバクテロイデス・ ディスタソニス (Parabacteroides distasonis) ; パラバクテロイデス・ ディスタソニス QLO3T12009	WP_00585 7874.1	492476819	タンパク質 [パラバクテロイデス ・ディスタソニス]	27.24	MIVGGDYCKVKNIIIGLGNQMFQYAFALSKLKEHFKKEIRIDISHFNLYFNKNVGAANLHNGVELDKIFF NIELKANAWQLMKLTWIFIPNYLISRIARKLPVRNSEYIQNSSDCFYDPMVYNKQSGCYEGYWQAIGYYE SMRDKLKFQHPSPGKQKQYIENMESSNVGHIIRRGDYLLSDNFRGCEVDYYKRAIDKILQDGEKHVFL FSNDQKWCEEYILPLLGNVEIFVTGNIGRSDSCWDMFLMTHCKDLIIANSFSSWWGAFLNKRGRWTPKR WMNRNRYDLWNPEWIRI	70
ジオバクター・ ウラニレデューセン (Geobacter uraniferducens) ; ジオバクター・ ウラニレデューセンRf4	YP_001230 447.1	148263741	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [ジオバクター・ ウラニレデューセン Rf4]	27.21	MIIARLQGGGLGNQMFQYAVGLHLALTHNVELKIDITMFSQYKWHYTSRPNIRIESIAITEEIKALTDVKMDR PYKKIDNLCRLRLKSKISATHVKEKHFHYDPDILKLPDNNVLDGYWQSEKYFKEIENIRQTFIKNPQLGRDK ELACKILSTESVCLHIRRGNYVDTKTNSVLGPDCLSYNSCKISLAGNKKDPHFVFNHDSVSKNLKLDYP TIYVDHNNEDKDYEDLRLMSQCKHHIANSTFSWWSAWLCSPNDKVIYAPQKWFVRVDEYNTKDLLPSNWLI L	71
ラクノスピラセアエ 細菌A4	WP_01628 0341.1	511026085	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌A4]	27.21	MIIKVEGLGNLQFYAFARSIQVNGKKVFLDTSGYTDQLFPLCRTSTRRYQLNCFNIRIKEVEKKNIEKYSL IQEDMFGKLISLAKLHLWYKVTIQQNAQEKESYLNTRGNVYKGFQNPQKVFSSIRLLKEITPKYKIRI PAELRELQEDNIIVAVHCRRGDYQYIRNCLPVNYKAMAYMEKKLGYPYLLFFSDDLWSVWKRQFGKDN NYYIEDYKGFEDYQELMIMSRRCRNFIIANSIFSWWAAWLCSEYENKVVIMPRVWTVVGGQGVEMSDFPAD WIRI	72
コルウェリア・ サイクレリスラエア (Colwellia psychrerythraea) ; コルウェリア・ サイクレリスラエア34H	YP_270849. 1	71282201	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [コルウェリア・ サイクレリスラエア 34H]	27.15	MKVVRVCGFGNQLFYAFYLVKHKFNETTKLDIHDMSYELHNGYELERIFNLNENYCSAEKLAQOSTK NIFTKLLKEIKYTPFIPRTYIKEKHLHFSYQEVLDGTDSIYRGSWQNPQYFNISASEIREKLTPEFTEPKSL ALHQEISEHETVAHIRRGDYLLKHALGGICDLPYQNAIKEIEGLVEKPLFVIFSDDTWCRANINVEKYRVD WNSGEQSFQDMHMLSLCTHNIANSFSSWWGAWLNANPNKIVISPKNKWIHYTDSMIGVPSSEWIKVETSI	73
ロセオバクター (Roseobacter) 種MED193	WP_00981 0150.1	497495952	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [ロセオバクター種 MED193]	26.96	MITSLHGRGLGNQMFQYAAARALAHRLGCGVALDGRGAELRGEGLTRVFDLPLSAAPKLPLKQHAPLRY GLWRGLIAPRRFRERGLGYNTAFETWEDGCGYLGYYWQSEYFEEISDLIRADFTFPDFSNRQNAEAAARI MEDNAISLHVRRGDYVALSAHVLCDQAYEAAALTRLEGLSQDAPTVYVFSDDPDWAKANLPLPCKKVVVD FNGPETDFEDMRLMSLCKHNIIGNSSFSWWAAWLNANPQKRVAGPANWFGDPKLSNPDILPSQWLKVA P	74
セシリバクター・ アンダマネンシス (Desiribacter andamanensis) ; セシリバクター・ アンダマネンシスAMV16	WP_00919 7396.1	496488826	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [セシリバクター・ アンダマネンシス]	26.89	MMIVRLCGGLGNLQFYAVGKQLSVKNNIPLKDDSWLRPLDARKYRLOFFQIEEPLASQVEVERFVGPyES QSLYARLYRKVQNMPLPHRRRYFQESGFWAYEPFLMRIRSQVLEGFQWHHAYFTRLHPQVLEALQLREEY RQEPYAVLDQIREDAASVSLHRRGDYVSDPNLQFFGVMPLSYQQAVAYMQEQLHPTFYIESDDLDWA RAHLKLOAPMVFDIEGRKEYLELEAMRLCRHNIANSFSSWWGAYLNTNPHKRVIAPIRQWVADPELKD KVQIQMPDWILL	75

10

20

30

40

ロドピレラ・サレンチナ (<i>Rhodopirella salentina</i>) : ロドピレラ・サレンチナSM41	WP_00867 905.1	495954476	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー-11 [ロドピレラ・サレンチナ]	26.89	MIATRLIGLGNQMFQYAYGFSLARRRRLVLDVSASFVSDYLHALAIDQFDISAARMTQAEFARIPGRYRG KSRWAERVANFAGGLQSCDKRPLRLRREKPGFAEKLAEGLDYLGYWQSERYPGLQAEKKEFQLKRG LSESSRVLDEIQSSMSVAMHVRGDYVTNAETLRIYRRLDAEYRKLNDLQRFNSNLNVFVFNQIQWCCQ DHLVDGLKQRPVTHNDATTAIEDMFLMSQCDSHIANSSFSWAAFLGRSDAQRVYVYDPWFNPGLTN GDSLGCANWVSESSISVSRPRAA	76
フチリビブリア種 AD3002	WP_02276 2282.1	551018054	タンパク質 [フチリビブリア種 AD3002]	26.85	MIIRMMGGLGNQMFQYALYLQKALGKEVKIDDVYVGRDPPQRDPVLEKMYGITYTKASDAEVVDITDSH LDIFSRIRKLFGKRSHEYIETGLDPKVFETAYLNGYFQSDKYQDEKVLQRLREFVKKPDDVFTSADSW ELYRQIRETESVHVRGDYLLPGTVETGGICNDYYKRAIDRMVSEHPDAIFFVTSDEKWEQNVSGKK FRIVDTKENDDAADLLMSLCKHHILANSSYSWWSAWMINDSPEKTVIVPSKWLNTKPMDDIYTSRMTKI	77
セゲチバクター・コレエンシス (<i>Segetibacter koreensis</i>)	WP_01861 1017.1	517440157	タンパク質 [セゲチバクター・コレエンシス]	26.78	MVVVKLIGGMGNMFQYAGRHLAIKNCPLYFDHIELENKNTANTPRNYELDFNVQYQKNPFLQSNRFV AKVYHKLFSVORIEPDTFPHILNVQGNHILNGYWQENYFKEIEIRQDFTFKTPANEKIESILQQAATN SVSLHVRGDYITL TEANQFHGVCSDTYQKAIKEIPAPHLFVFSDDIHWVKQNMPTTEHTFVDGNT GKNSFEDRLMAACRHNILANSSFSWAGWLNKNPEKMWIAPEKWFRAVHTDINPPSWIKM	78
アンフリテア・ジャポニカ (<i>Amphritea japonica</i>)	WP_01962 1022.1	518450815	タンパク質 [アンフリテア・ジャポニカ]	26.76	MVIVRLIGLGNLQFYAYALSILEQGYDVKLDASAFESYTLHGFGGLGEYAERLEVAATTEEDVMVSRVGRIS TLRLKLGKSRVVIKESNFYDEKMLTTPEDSHVGVFQSELVFNKIRGELLSALDLKHLKSPYTEASYLAIDA SVSVSMHIRRGDYVSDKAHNTHGVCSLDYVYAAVTFEERYPDVDFYFSDDEWVKENLNQRAHYISSEE KRFAGEDYLMSCQDNHIVANSSFSWGWALNANEDKIVVAPRQWYADSNMQRLSKTLVDPDTWRL	79
デスルホビブリア・ブルガリス (<i>Desulfovibrio vulgaris</i>) ; デスルホビブリア・ブルガリス株 「Miyazaki F」	YP_002437 106.1	218887785	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー-タンパク質 [デスルホビブリア・ブルガリス株 「Miyazaki F」]	26.76	MRPVVDIFGGLGNQMFQYAAKSLAERLGVRLDVSFMFGDPLRAFSLGEFAITDHRGKSRSSLLVRFA RSLGFGSSSKCVPEFFHYWEGINEIEAPVHMHGYYWQSEKYKAYEDILRRFTFSACEGVASSGKYAGVSSP MSVSVHLRRGDYKEQKNVVHGLGREYYDAAYSIKQGPCSACFFVTDANEAVDFFSHWNDVLFVDGN NQYQDMYLMSCQCRHHIANSSYSWGWALGAFSDGMTVAPKMWFAVDVLKEKSKDLFPEDWIVL	80
スピロソーマ・スピッツバージェン (<i>Spirosoma spitsbergense</i>)	WP_02060 6886.1	522095677	タンパク質 [スピロソーマ・スピッツバージェン]	26.76	MIISRTSGLGNLQFYAVARHLSLKNKTSYVDLSYLYQYHDDTSRNFKLGNFSVPYHTLQQSPVEYVSKAT KLLPNRSLRPFELFKERQHFDEQILQSRAGCVILEGFWQSEAYFRDNADTIRDLQLSGTSPSEFNQYRELJ RETPMSVSIHVRSDYVNHPEFSQTFGVGIDYKRAIELARKELANPRFFVSDDKESWKTNLPLGEDSVFV QNTGLNGDVADLVLMISHCQHIANSSFSWGWALNPNAGKLVTIPKNWYKKNPAWNTKDLLPPTWLS	81

10

20

30

40

ラクノスピラセアエ 細菌28-4	WP_01629 2012.1	511037988	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌28-4]	26.73		82	MNIIRMSGGIGNQMFQYALYKLVSLGKEVKFDDVTEYELDNARPIMLSVFGIDYYPKASREELVELTDSMD FLSRVRRKIFGRKSGEYHEASADYDETULEKEHAYLCGCFQSERFKDIEVEYRFRNVVVEEIRGGIETY ERQGESLSVSHIRRGDYLDAADVGGICTDAYYNQAIRYMIKKYENPFFVFTDFTWAEKWCVEVRETEG KRFTVIGKTDEETGYIDLMLMSRCKAHIANSSFSWWGAWLDASPDCKVAPVKWINTRECRDIYTEDMVR IGSNGKISFSNCSSL
ラクノスピラセアエ 細菌00E1	WP_01630 2211.1	511048325	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌00E1]	26.71		83	MVVVRWEGGLGNLFOYAYARALSRTKDRVYLDISEYEMSPKPVRYKELCHFQKQPVINCGRIFPVENKDS PYTKNNQYLYRYPAGLKEEDCYKRFDFCELKGLLYLKGFQSEKYKFEFESHIREIYPRNKIKITRGLRKLNSD NTVSVHIRRGDFGKDHNLPIEYENSKRVILERVNDNPYFIIFSDDLVW'KENMNFGLNCFYMDKEYSKDYEE LMIMSRCKHNIANSFSSWWGAWLNPSDKKIVAPKKWFLYNPKKDFDIVPNDWIRV
パラバクテロイデス ; パラバクテロイデス種 20_3 ; パラバクテロイデス・ ディスタソニス CL09T03024	WP_00586 7692.1	492502331	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [パラバクテロイデス]	26.69	FutZ B	84	MKIVNIIGGLGNQMFQYAFVALKAKYPNEEVFIDTQHYKNFAIKYHGNFYHNGYEDKVPFNATLEPAR PKDLMKVSFYIPNQVLARAVRIFPKRTEFVTDQQPYVFIPEALSVIDDCYFDGYWMTPLYFDKYRDRILKEF TFRPFDTKENLELEPLLKQDNSVTYHRRGDYVGSSEFGGICTLDYRNAIREAYNLITSPEEFISNDQKWC ENMRNEFGDAKVHFIHNRGADSYRDMQMLLSIARCNILANSFSSWWGAVLNQRKNCFIICPHKWHNTLEY SDLYLPTWIKI
バクテロイデス種 HPS0048	WP_00256 1428.1	488624717	タンパク質 [バクテロイデス種 HPS0048]	26.62		85	MFVIRLIGGVGNLQFQYTFGQFLRHKFGVEVCYDVAFTVDKGRNLEQLLDESPLFETSFFSKYKSWK KRLFLYGELLKKNKYTYKAPPEISLFTKGLSYFDGWVWQYPALLRDTINNMEFIPKQIPVQIQKYNEIL LNNFAVALHVRRGDYFTSKYAKTYAVCNVEYTSVAVNLNLMCEKLRSCKFYVFSDDLDDWVKSNIILPSNTVYK NYDINSYWYIYLMSLCRHIIISNSSFSSWWGATLNRNFHKIVIAPKYVSTKKNNTLCDNSWIKI
バクテロイデス・ セタイオタオミクロン (Bacteroides thetaiotaomicron) ; バクテロイデス・ セタイオタオミクロン dnLKV9	WP_01626 7863.1	511013468	タンパク質 [バクテロイデス・ セタイオタオミクロン]	26.58		86	MKIINILGGLGNQMFQYAMYLALNAHSEEEILCSTRFCGYGLHNGYELGRIFGIQVKEASLLQTLKAYPFF NYKSWQVMRHWLVPVKMTMRGAINPFDYSQVMREDSVYDGYWQNEKNFLHIREELTAYTFPKFDDK NQELADIVKSNVAVSCHIRRGDYLKEINMCVCTSSYYAHAISYMNEEINPILYCVFSDDIEWCRNNICELMGE DKKIIFIDWNKGEKSRDMLQMSLCKHNIANSFSSWWGAWLNRRNDKKIVVAPTRWIASEVKNDPLCDSW KRIE
デスルホビブリオ・ アラスケンシス (Desulfobrio alaskensis) ; デスルホビブリオ・ アラスケンシスG20	YP_389367. 1	78357918	グリコシル トランスフェラーゼ [デスルホビブリオ ・アラスケンシス G20]	26.56		87	MKFVGVWILGGLGNQMFQFAAYALAKRMGGELRLDLSGFKKYPILRSYSLDLFTVDTPLWHGLPMSQRRF RIPMDAWTRGRLPLVPSPPVMAKENFAFSPVYELQQSCYLYGYWQSVRYFQDVEDDITLFSLSRFATL ELAPVVAQLNEVESAVHLRGDYITDAASNAVHGVCGIDYQSRMSLVRSTTKPIFYIFSDEPEVAKKLAT EDDVVMPRRRQEEEDLLMSRCKHIIANSFSSWWAAWILGRASGLCIAPRYWFA RPKLESTYLFDLIPDE WLL

10

20

30

40

ブレボテラ・オラリス (<i>Prevotella oralis</i>) C098A	ETD21592. 1	564721540	タンパク質 HMPREF1199_00667 [ブレボテラ・ オラリスC098A]	26.56	MDIVIFNGLGNQMSQAFYLAKRSGSRCHIFHNVSTGFHNGSELDKVFGIKYEKGFSLKSLKIYDIFDGIP KLKRLNSLGIHIREPRNYDYTASLPRVSRWGLNYFVGWVHSEKYYTEILQEIKNTFSKIDDEIKDIDFEYFYS LIHNDINSVSLHRRGDYVGANEYSYFQFGGVATLEYHYHKAIDEIYQRIENPTFYVFSDDIGWCKTTFKNNFIF VDCNCGEKSWRDMFLISQCKHIIANSTFSWWGAWLSIFHNSITICPKEFIKGVVIRDVYPTWIKLS	88
コマモナダセアエ (<i>Comamonadaceae</i>) 細菌OR	YP_008680 725.1	550990115	グリコシル トランスフェラーゼ [コマモナダセアエ 細菌OR]	26.54	MASKISIIPIFGGLGNQLFIYAAARRLALVNGAELALDDVSGFVRDHEYNRHYQLDHFNIPCRKATAAERLE PFARVRRYLKRWQNRPLPFQQRKYLVEQSVDFDERLLTFKPRGTVYLEGVWQSEDFKDIQIRADLRHPP TDTVNQQMAERIRATNAVAVHVRFFDAPAQSLGVGGNNAPGDYQRAIKVMQEQAPDAQYIYFSDQP QAARARIPLRDDHVTLVNHNQCDAAVADLWLISQCQHFIANSTFSWWGAWLIGKTPESIVAPGFKEKREG AMFWGFRGLLPDRWVKL	89
ビブリオ・ ニグリブルクリッド (<i>Vibrio</i> <i>nigripulchritudo</i>) ; ビブリオ・ ニグリブルクリッドAM115 ; ビブリオ・ ニグリブルクリッドFTn2 ; ビブリオ・ ニグリブルクリッドPon4 ; ビブリオ・ ニグリブルクリッドS065	WP_02259 6860.1	550250577	WbIAタンパク質 [ビブリオ・ ニグリブルクリッド]	26.51	MKDSRIVKLNGLGNQMFQALAFALKKLNVAVFDFTELLDNRTEFKLSLREFGLIVDKLTITEKFKYKGLE SCKYRKICNWSNFTTINIHKGYKKEKRGVYDRGIFDSNVKYIDGYWQNGEYFNDERSSELLNKFNLNGKVS HAIQYLKEITSVQNSVSIHVRRGDYLLDVRNLTLDYYSEAKLVRITNPDSEKFFISNDINWCKSNFKSVDNAI FVDSTVDEFDDMFLMSKCKTNIANSTFSWWAAWLNNSGKIVYCPKKWRNDTTEVHKGLPEGWNIIDK	90
スルフロスピリルム・ デレイアナム (<i>Sulfurospirillum</i> <i>deleyianum</i>) ; スルフロスピリルム・ デレイアナムDSM6946	YP_003304 837.1	268680406	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [スルフロスピリルム ・デレイアナム DSM6946]	26.48	MIIKIMGGLTSQMHHKVALGRVLSKYNVPLKDLTWFDNPKSDTPWEYQLDYFNINATVTVSEIKKLKGN LFNRIARKIEKFFSRIYKYSINKSFISDFHKLKSDIYLDGEWNGKDYFQDTIKNELTLKRGSSINIQTIKE LKSDNSVFLHRRGDYLSNKNAAAFHAKCSDLYYKAIQIVKEKIDNPFIYFISDDILWVKKNFVINESCRFME KNQNFEDLLMSYCKHGTANSFSLMAGWLNQNKDKMIIVPQTWVNDNRINILNSLEQDNFTIIR	91

10

20

30

40

大腸菌 ; 大腸菌 Jurua 18/11 ; 大腸菌 180600 ; 大腸菌 P0304777. 1 ; 大腸菌 P0304777. 2 ; 大腸菌 P0304777. 3 ; 大腸菌 P0304777. 4 ; 大腸菌 P0304777. 7 ; 大腸菌 P0304777. 9 ; 大腸菌 P0304777. 10 ; 大腸菌 P0304777. 11 ; 大腸菌 P0304777. 12 ; 大腸菌 P0304777. 13 ; 大腸菌 P0304777. 14 ; 大腸菌 P0304777. 15	WP_00158 1194.1	486318742	グリコシル トランスフェラーゼII ファミリー タンパク質 [大腸菌]	26.47	MTFIVRLTGGLGNQMFQYALARSLAKKYNARLKDLSYYHNQPHKDTPTFELNQLCIVDNILNSSSFSEKFLY IYDKLRVKLSKKISLPYFRNIVTPVNFNCIDFAEDKDYFGLGHFQELSNYSIDESLRSEKPNQEIIMNLAHQSKYI ELIKQSRGSVALHIRRGDYVTNKNAAEHHGVIGLSYYVNALSYLENVSEFFDVVFSDDPPEWARKNIKNSRNL FFCDEGNCRYSKKYSTIDMYLMSQCDHFIIANSTYSWWAAWLGNYPSKHVVPARWNNANSPYPILQNW KAIHE	92
ファーマミクテス細菌 CAG:24	WP_02191 4998.1	547109632	タンパク質 [ファーマミクテス 細菌CAG:24]	26.44	MVGVLSSGGLGNQMFYALYLKLSMGKDVRIIDDVTCYGAQEQQRVNQLSVFGVSYEHMTKQEYEQITD SSMSPLHRRARRLLCGRKDLSYREASCNYPDEILRRREPALLGYQTERYFADIKDQVREAFTRNLTLTKEAAA MEQQMKECESVSVHIRRGDYLTANQALFGGICDLDDYYHRAVAEIRKRKPDVKFFLFSNDMEWTKEHFCGS EFVPVEGNSEQAGEQDLYLMSCKKNHILANSSFSWWGAWLDNGDKLVIAPEKWMNNGRGCCDIYTDEMI RV	93
アンフリテア・ ジャボニカ	WP_01962 2926.1	518452719	タンパク質 [アンフリテア・ ジャボニカ]	26.42	MVKIKIGGLGNQMFQYAAAKSLAVINNTRVSNVSVFNSNYKTHPLRLNKLNCDCFEFTRDRLVLSGFPLL GSAFSKSMILLNHYYVEKDLDFDSFFDLDNVLSSGYFQSEKYFSNIRELLIQEFLSDRLTEAELAINNKIESCN SIAHIRRGDYITDLSANNIHGICSEEFKALNYLDSINVLSDPTTTLFISDDILWCKDNLAFKYRTVFEVGSVD RPEVDHILMSCKKHQVISNSTFSWWGAWLNTNLDKCVIAPLKWFNSLHDSTDIVPKQWMRL	94

10

20

30

40

バクテロイデス・サリエルシアエ (Bacteroides salivariae); バクテロイデス・サリエルシアエ W10018 = DSM 18765 = JCM 12988	WP_00592 3045.1	492689153	タンパク質 [バクテロイデス・サリエルシアエ]	26.41	95
バクテロイデス・フラジリス; バクテロイデス・フラジリス Q103T00008; バクテロイデス・フラジリス Q103T12007	WP_00578 6334.1	492241663	タンパク質 [バクテロイデス・フラジリス]	26.38	96
バクテロイデス・ノルデイイ (Bacteroides nordii); バクテロイデス・ノルデイイ Q102T12005	WP_00748 6843.1	494751435	タンパク質 [バクテロイデス・ノルデイイ]	26.37	97
ブチリビブリオ・プロテオクラステイカス (Butyrivibrio proteoclasticus); ブチリビブリオ・プロテオクラステイカス B316	YP_003829 743.1	302669783	グリコシル トランスフェラーゼ ¹¹ [ブチリビブリオ・プロテオクラステイカス B316]	26.37	98
プレボテラ・ルミニコラ (Prevotella ruminicola); プレボテラ・ルミニコラ 23	YP_003574 648.1	294674032	ファミリー ¹¹ グリコシル トランスフェラーゼ [プレボテラ・ルミニコラ 23]	26.33	99
プレボテラ・サリバエ (Prevotella salivae); プレボテラ・サリバエ DSM 15606	WP_00713 5533.1	494223898	タンパク質 [プレボテラ・サリバエ]	26.33	100

10

20

30

40

ラクノスピラセアエ細菌 C0E1	WP_01629 9568.1	511045640	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌C0E1]	26.3		MNIVRISDGLGNQMFQYARKISILSRQRTYLDIRFINNEDLVKGNHVQFRKGLGRKYGLSHFNVSQJIA DLKMLSHWEYLQSNMCMQQLIYSLSMODKWWRYYRHEEVNVDGMLSKVELLFTTYQGYFFALKYDDIKH ILQHDLSLKDMMKLLPELRDALYNRNTISLHVRRGDLEINRDISGEYKAVQMGSKVESPIFLIFSSDIEW VKEHIRIPNDKIYVSGIGYEDYEELTIMKHCKHNIIANSTFSYAAVLSNKNKDKVICPKHWRERIIPKDWICI	101
バクテロイデス・ドレイ; バクテロイデス・ドレイ 5.1_36/D4	WP_00784 2931.1	495118115	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ ドレイ]	26.28		MIVVNAGLANQMFHYAFGRGLEAKGWNIVFDQTNFKPRKEWSFENVQLQDAFPNLGLKMMPEGKFK WICVNNTNKLKSLHLAMINLHNLIGDEKYIFETTYGYDPDIEKETIKNCILKGWSEKYFAHCKDDIRKQFS FLPDEEKNVIMNMKNKENSVAIHLKKGADYLKSELMGKGLCGVEYIKAEIYKKNIDNPVFYFTDNPVW VKNLKPFDYILDVWNEVAGKKNFRDMLQMSCAKHNIIANSTYSWWGAWLNPNNPKIVIGPAKFFNPIN NFFSSDIMCEDWVKI	102
ロセオバクター種 SK209-2-6	WP_00821 0047.1	495485361	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [ロセオバクター種 SK209-2-6]	26.28		MLSKDPGMITRHLGRIGNQMFQYAAGRALAARLGVPLALDSRGAKLRGEGVLTFRVFDLPLAQPLSLPPLK QDAPLRYAAWRLTGRTPRFRREQGLGYNPAFETWGDDSYLHGYWQSEAYFDSIADQIRQDFTTFEFSNSQ NREMAQRIAGSTAISLHVRRGDYVALAAHVLCQAYEAAALTRILEGVEGSPYVYVFSDDPNWAKENLPLPC EKVWDFNGPDTDFEDMLMSLCQHNIIGNSSFSWWAAWLNTHNEKRVAGPAHWFNGPNKLPQNPDLPE SWLKISV	103
アルファ・ プロテオバクテリア SCGC AAA076-C03	WP_02005 6701.1	518900826	タンパク質 [アルファ・ プロテオバクテリア SCGC AAA076-C03]	26.26		MIYSRIRGGGLGNQLFQYCVARSADNLGTSGLDVRDFNENSPYLMGLKHFNRADFNPPGMIEHKKNGYF RYLIDVVNGKQKFVYKEPHLNFEDKNIFSLPNSSYLKGWQTEKYFIKNKYNILNDLKIISHQSDKNKTISSKIAN NTSVSLHRRGDYISNAYNSTHGTCSLAYTNAVNFLVNKIGGNFKVFAFSDDDPEWVSSNLKLPVDICFVKV NSSEYNYEDLRLMSECNHIIANSSFSWWGAWLNTNHNKTIVITPCKWYADNSTKNADITPSNWIKI	104
ヘリコバクター・ピリス; ヘリコバクター・ピリス W1Wa	WP_00408 7499.1	490188900	タンパク質 [ヘリコバクター・ ピリス]	26.26		MGGGGQDLRFLFELMLYNISLPLCFDYKTLVKYFYSNDKSLKYNFPLQVIRYATRSKYHKLWALALKHYKYFDE DPQGDNVKMYLNNLEKHAYPGFYQNLIFYDEIDSIREEFCIKIPLKPHNQALKEIEKTENSFVLHVRIGD YLKMEATDGGYVRLGKTYQSALEILKTRLGQPHIFISNDIEWCEKNLNLDTGTGCHIEFVKANGEGNAAE EMELMRACKHAVIANSTFSWWASYLIDNPDKQIIMPTQVFNDRRIPKSNMMLAKKGYILIDPFWGMHSIV	105
ラルストニア (Ralstonia) 種GA3-3	WP_01081 3809.1	498513378	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [ラルストニア種 GA3-3]	26.26		MIVTRVIGLGNQMFQYAAGRALARRLGVPLKIDSSGFADYPLHNYGLHFLKAVQAGDREIPSGRAENR WAKALRRFGLGTRELVRFRGFAVDPEVMKLPDGTLYDGYWQSEYFAEMTQELRDRFQIATPPTSENAE WLARIGDEGAVSIHVRRGDYVTNASANAVHGICSLDYVMRAARYAENIGVKPTFYVFSDDPDWVAGNL HLGHETRYVRHNDARSARNYEDLRLMSACRHHIIANSTFSWWGAWLNASEKKVVIAPAQWFRDEKYDTRDLL PPTWTKL	106

10

20

30

40

バクテロイデス・ オパータス ; バクテロイデス・ オパータス3.8.47FAA	WP_00430 3999.1	490431888	タンパク質 [バクテロイデス・ オパータス]	26.25	MVVVIAAGLANKMFQAFSRGLMSHGLDVFLDQTSFQPEWSFEDIALEEVFPNIEKAPNMMFSLAYKK DLLSRVRRMSAFFPNNRYLMERPFIYDELYKKATNNCIFCGLWQTELYFNCERDVRNRFVTFPFQDDQNI KLAEMKNENSAIHRKAGADYLKRNIWDGTCSEYVYNQAINYLKEHVSNPVFLFTDNPEWVEENLNIDY KLVDWNPVSGKQSYRDMQLMSCAKHNIANSTYSWWGAWLNNNPQKIVVAPKWFNPKIEKAPYIPDR WIRL	107
ロクタネラ・ ベストホルデンシス (<i>Loktaneella vestfoldensis</i>)	WP_01995 5906.1	518799952	タンパク質 [ロクタネラ・ ベストホルデンシス]	26.23	MIITKLIGLGNQMFQYAAGRSAMRHGVPLLLDITELSYPKHQGYQFEDVFAGRFEIAGLPIJRVLGRKAR KVPKTVAVVSPKWPMPGDHVVWRQRTHDYDAAFESIGADCYLSEGWQSEKYFATIAPIRESFRKEALTG ANAAIASRMKEAPSAAIHRRGDYVTDKGAHAGHGLCAWDYDDAAIDHISRHEPDARFFVSDDDVVAAQER FANRQRAEVAWVNSGRHSVRDMMMLMAQQKHQIANSTFSWWAAWLNQNPDKIVVAPGTWVFSGNDGQI KDVCYKDWIV	108
フラボバクテリウム種 ACAM 123	WP_01699 1189.1	515558304	タンパク質 [フラボバクテリウム種 ACAM 123]	26.14	MDVVIIFNGLGNMSQAFYSQKKINNSTYFVPCDKHNGLELTVFSLNTKETLIQSLYLFRILLTDRLKIV SDPLKWILNLFCKIVKESFNYNPEYLKPSKGITFYGGWHAKEYFAKENQQIKSVFEFTGDLGKINKEHVK DIASNAVSLHVRGDFMNEANIGLGGVSTKAYFEGAIKLIATKVDPHFFVFSNDMDWVKENLSMDTDT VYTCNSGKDSWKDMCLMSLCQHNIIPNSTFSWWGAWLNKNPKIVVCPSPRFLNNDTDTYDIPDWSVVKISD Y	109
バクテロイデス・ フラジリス ; バクテロイデス・ フラジリス3.1_12	WP_00577 9407.1	492219620	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリーII [バクテロイデス・ フラジリス]	26.1	MMKLVGMTGGLGNQMFYAFYIQMKTIFPELRIDMSEMKKYKLHNGYELEDVFSIRPQITSAHKWLKRIV YAFFSIIREKSEELSIHKYTDQHKRWPLVYKGGFFQSELFKESDTRIDIFSNTENANFRTKEWAKIIEQRSSV SIHRRGDTYSAKNKIYGNICTEYYQKASISILKKEPKAFFHIFSDDDVEWTKAHLKIHHLPHQYISWNKGPDS WQDMMLMSLCRHNIIANSSFSWWGAWLNAYDKTVIAPSRWSNVKKTPIHPESWISDI	110
スピロソーマ・ パナシテラエ (<i>Spirosoma panaciterrae</i>)	WP_02059 8002.1	522086793	タンパク質 [スピロソーマ・ パナシテラエ]	26.09	MIISRVTSGLGNQLFQYAAARSLSLRNKTAFYVDLSYLYEYPDDTSRSFKLGFSSVPYRILQESPVEYLSKSTKL FPNRSLRPFELKKEQFHFDPDTILOAHAGCVIMEGFWQSECYFRDHAEIRRELQLSKSPSEFEFGYHQIQIA TPVPVSVHVRRGDYNHPEFSKTFGIGLDYYKTAIRHLTKTKNPHFYVSDDKWARANLPLPTDSVVFVN TGPSSGDVADLVLMSTCHHHIIANSSFSWWGAWLNPNPDKLVTPKLWYKNQPTWNTKDLLPPTWVSL	111
未培養細菌	EKE06672.1	406985982	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリーII [未培養細菌]	26.09	MIITKLTTGGLGNQLFQYAGRNLIIYNGSDLKLDVSEYDVSNKGNFRHYALDKFNITIONFASKETNNFKGVF KKWLYKSGIVKNKNYFELEKKNFDFKELIKDNALQGYWQSEKYFIGIRDILLQFSLKENIELKFGELKINES NSVSIHVRRGDYVKNPKNLDFHGVGSPKPYSESTKIASLIEKPIPVFVSDDIWYKENLNTFPVYVYLSGIKNIK SYEELVLMMSCKHNIANSSFSWWGAWLNTNQKKIV/APKRWFNVDVKLDTTDLIPENWIRI	112

10

20

30

40

サーモシネココッカス・ エロンガタス (<i>Thermosynechococcus</i> <i>elongatus</i>) ; サーモシネココッカス・ エロンガタスBP-1	NP_681784 .1	22298537	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [サーモシネコ コッカス・ エロンガタスBP-1]	26.07	MIIVHLCGLGNQMFQYAGLAAAHRISEVVFDTHTWFDATCLHQGLELRVFGLELPEPSSKDLRKVLGA CVHPAVRLLAGHFLHGLRPKSLVQPHFYWTGFEHLPDNVYLEGYWSERYFSNIADIRQQFRFEVPLDP HNAALMDEMOSGVSLSLHRRGDYFNNPQMRVHGVLDSEYPAAVATMIEKTNAERFVVFSDDPQWVL EHLKLPVSYTVVDHNRGAASYRDMQLMSACRHHIANSTFSWWGAWLNPRPKVVIAPRHWFNVDVFD TRDLYCPGWIVL	113
コルウェリア・ ピエゾフィラ (<i>Colwellia piezophila</i>)	WP_01902 8421.1	517858213	タンパク質 [コルウェリア・ ピエゾフィラ]	26.03	MKIVKIAGGFGNQLFQYAFYLALDKYAEQVCLDSLDMAKYRLHNGYELEGIFKLDARYCTEEQRIIVRKDNN IFTKLLSLKKLGNKNVILEPKQEHFHEKSFGQANTPTYYKGYWQDVYKYLENIEELKSSLVFPEFELGKNI ELANFISNSSVSLHVRRGDYVQHKAFGGICDLSYYQRAVEQINTLVKDPFIVFSDDIQWCKDNLNLEKAKFV DWNIGENSFRDMQLMTLCKHNIANSFSWWGAWLNANDDKNVICPKWVHYTSATGVLPSEWIKIKAS V	114
ブレボテラ・マクローサ (<i>Prevotella maculosa</i>)	WP_01996 6794.1	518810840	タンパク質 [ブレボテラ・ マクローサ]	26	MKIVKIIGGLGNMFQYALALQERWKDEEIKDLHGFGNGYHKHQYQDMLFGHRFEAATLTDAQLA WPYPHYQLWRVGSRLPKRRSMILCEPSKGLPSDLVKQKGSLSYDGYWQDERYFRAIRPQIMAAFKPDFT DRRNLETEKRLKASEAVSIHVRRGDYLDVLFQGTGNIAYYQRAIARLCQLKTPVCFISNDMAWCKVHIEPL LHGKEILVVDWNRGKESYRDLQLMTLCRHHIANSFSWWGAWLSKAEDGTIAPRHWYAHDAKPSAAE RWIKV	115
サルモネラ菌 ; サルモネラ菌亜種 エンテリカ血液型亜型 Worthington株ATCC 9607 ; サルモネラ菌亜種 エンテリカ血液型亜型 Cubana株CF SAN001083 ; サルモネラ菌亜種 エンテリカ血液型亜型 Cubana株CF SAN002050 ; サルモネラ菌亜種 エンテリカ血液型亜型 Cubana株CVM4234	YP_008261 369.1	525860034	フコシル トランスフェラーゼ [サルモネラ菌亜種 エンテリカ血液型 亜型Cubana株 CF SAN002050]	25.99	MYSLSGGLGNQMFQYAAAYILKQYFOSITLLVDDSYYSQPKRDTVRSLELNQFNISYDRFSFADEKEKILL RKFKRNPFPKQISELSIALFGKALSDFATYFTETIKNIDKACLSFYQDADLNLKHQQLILPLFELRDDLLDICKN LELYSLQRSNNTTALHRRGDYVTNQHAAKYHGVLDISYNNHAMEYVERERKQNFIFSDDYRWAQKAF ENDNCYVINNSDYDFSADIMVYLSLCKNNIANSYSTYSWWGAWLNKVEDKLVISPKQWFLGNNETSIRNAS WITL	116

10

20

30

40

バクテロイデス種 3.2.5	WP_00865 9600.1	495935021	タンパク質 [バクテロイデス種 3.2.5]	25.94	117	MKKVIFSGGLGNQMFQAFYLFKKKGKKAVIDNSLYSEFKMHNGFELKVFIDIKESIYRTYFLKVHLIFKLMLK IPVVRKLSCKDDVIPGDHFDPPYARFYLYGWOSKKVNVVIEELRAQFIRNIPQMTIEKGDFLSSINSVSIIHR RGDYMGPAYQGCINEIYERAFEMKEHFNPRYVFSNDSWAKLLEKFDIDMEIIVTPPIYSYWDVWMLMS RCRNHIANSTFSWAAVLNINKDKIVISPTIFKKDECIDIIFDDWVKISNI
クロストリジウム種 CAG:510	WP_02212 4550.1	547662453	タンパク質 [クロストリジウム種 CAG:510]	25.86	118	MIMLQMTGGMGNQMFYALYRSLRQKQKEVCIEDFTHYDTPEKNCLQTVFHLDYRKADREVYQRLTDSSEP DFLHKVYRKLTGRKEIYQEKDAIIEPEVFQTDVYMGYFQSGRYFEKAVDFLRKDFTFAWNITFEKAKKLR EQMQAESSVSLHRRGDYMGKFEASIGNICTDAYEARRYMKEHFGDCRFYLFDDAEWGQQESED VYVDASEGAGAVYDMALMSCRHHIANSSFSWWGAWLDENPDKTVIAPAKWLNISEGKDIYAGLCNCLI DANGSVQGE
ロドピレラ・ ユーロバエア (Rhodopirella europaea) ; ロドピレラ・ ユーロバエアSH398	WP_00866 5459.1	495940880	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー・タンパク質 [ロドピレラ・ ユーロバエア]	25.86	119	MIVTRLIGGLGNLFQYAFGHSLARSTYQTLIDDSAFIDYRLHPLAIDHFTISASRLSDADRSRVPVGKFLRTPV GRALDKVSRFVPGYQGVLPVRRKPFGRFESLLARESDLYLDGYWQSEKFFPGLRGSJREFQLREQPSETTR RLSAQMKSENSVAIHVRRGDYVTSAKAQIYRTLDADYRRCLLDAAHETDLKLYLFSNDVPWCESNLDVGI PFTPVQHTDGATAHEDLHIAQCRHVIANSTFSWWGAYLQGLHPTRRVYYPEWFHPGTLDGSAWGCD DWISEASLEFOSLSKSSRAA
未培養細菌	EKD23702. 1	406873590	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー タンパク質 [未培養細菌]	25.82	120	MIIVKKGGMGNQMFQYAGRNLA TKLGTQLDLTLFLLDRSPKDFVRDYDLDFALDVAFAGPTDLKPFT QFRISHLTKIYNIIFRLLGRPVYSEPHFHFSEALIKSSDNVYLDGYWQSEKFEIENSIRDDDFRQPLEGRAA EMAAQIKNEDRAVCLNVRADFTVSKAQEFHGHGLDYYQKAVDLLSVKGPGLHLFISDDVDWCAANLK FNVPTTFVT KDYSKGKYEAYLQMLTLCRHYIIPNSTFAWWGAWLNSDPNKIVAPKQWFKEASIDTTDIPST WIRL
パチルス・セレウス ; パチルス・セレウス AH1271	WP_00058 7678.1	446510160	タンパク質 [パチルス・ セレウス]	25.74	121	MIIVKKGGLGNQMFQYALGKSLALYDKPLKIDADYIKNNEGYPVPRDFSLSKFNIELDYQEADKERVGFIK NNFLAKKLRYFLKKGKYGKYYIENPDNLGFEKELFENHNESMYIDGYWQSYLYFNINIRECLIKFNLKPEYT KEMTEIMQRIINETSVAHVHRRGDYVKGWTLDTTYKKAAIEIVKNVDNPKFYVFSDDTDWVRSNLQELD NAVFIGECNLFDYQELWLMSTCKHNIISNSTFSWWGAWLNQNDHQVYVVSFAWINGMSVETTSIPDSW KRV
ファーマイクテス細菌 CAG:95	WP_02249 9937.1	548309386	タンパク質 [ファーマイクテス 細菌CAG:95]	25.74	122	MIDIIRMEGLGNLFQYALYRQLQFMGRVTKMDVTTEYGREHQRQMLWAFDVHYEEATQEEINRLTD GFMDLPSRIRKLTGRRTKKYAEADSNFDPQLLKTVPVLTGYFQSEKFKDVEGILHTELGFSDRYDGISEVF ADQIRNYQKQIRETESVSLHVRGPDYLEHPEYGMSCMTEYIYQAGVYIRERHPDAEIVFTNDPVFTEKWL QENFLGDFTLIQGTSEETGYLDLIMLSQCKHQIMANSSFSWWGAWLNPKNKDKIVVAPPEWFGDRNFHDI YTEEMIRISPRGEVKKHG

10

20

30

40

ブレボテラ・オリス (Prevotella oris) ; ブレボテラ・オリス F0302	WP_00437 4901.1	490508875	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [ブレボテラ・ オリス]	25.74	MIAATLFGGLGNQMEIYATVKALSJHYQVPMAFNLNHHGFANDYKYHRKLELCKFNCQLPTAKWITFDYRGE LNIKRISRRIGRNLLCPNYQFVIEEPFHYEKRLEFTTNKNIFLEGVWQSPCYFENYSKEIRADFQLKVPLSKEML EEIYALKATGKTLVMLGIRRYQEVEGRDICTYKLCDEYYIKAITYQERIPNALFVFTQDKKEWATTHLPKGAE FYFVKDKQDEYATVADMFLMTQCTHAIISNSTFYWWGAWLQCTTTKNHIVAPDSFINSDCVCKEWILKRNS LC	123
大腸菌	AA037719. 1	37528734	フコシル トランスフェラーゼ [大腸菌]	25.73	MYSCLSGGLGNQMFQYAAVILQRKLRSLVDDSYFLDCSNRDTRRRFELNQFNIQYDRLTTSKEKKEISII RHVNRVRLPLFVTNSIFGVLKKNYLPEAKFYEFLLNCKLQVKNQYCLFSYFQDATLIDSHRDMILPLFQINEDL LHLCNDLHIYKKVICENANTTSLHRRGDYITNPHASKFHGVLPMDYEKAIRYIEDVQGEQVIVFSDDDVKWA ENTFANQPNYYVNNSECEYSAIDMFLMSCKNNIIANSTYSWWGAWLNTFEDKIWSPRKWFAGNNKSK LTMDSWINL	124

10

20

30

40

リー・アイア・オリザエ (<i>Leeia oryzae</i>)	WP_01815 0480.1	タンパク質 [リー・アイア・ オリザエ]	516890767	25.71	<p> MIIVKIIGLGNMQYAFAHACAKRLGVPFKLITAFESYKLVYPYGLHNFETAPIASLEEIEHAHAKSMGVITE TSFREDDSLVSADKGMVLDGYWADYRSESVMGELKPVFTLMDP^LLTPEQQALAMNLSAPNAVALHVR GDVVTNPNCFLLPQQYYRDAIKLVLDQQPDVAFYCFSDPDWEAHLIDIPAPKVVRGQGIDNGFVDMIL MSKARHIVANSTFSIWA^SRLADQDGLTIVPSQFFRRKDDPW^LLQYVEVLQPCYPQWVRVVDVTGDGKKE AENTSTALLQIAGGDVGRKLRIGVMGFEEFYQNNYIFLNKNAPIGHELLKPNQLYQYGQAHNLEFVTLDL VADLTLDVILFFDAPNMRSP^LVSSVMQLDIKKYLLCECELIKPDNWWQSLHELFTRFTWH^DGLVDNHR^YI KVN^YVTDLMPWIESAQS^LTAPFEETARKGYLQK^LQICNISGNKLVSHPELYSKRIEVRWFE^SHHPEHFDLYG MGWSASDYPYKGI^DDDKLEVLKGYRFSCLYENAKELPGYTEKIDCFKAGVPVYSGAPN^YADWIPDNCFID SGKPD^TDALY^TY^LISMTEEVHADY^LENIRQFFLGKAYPFSADAFINTIR^TIVQDC^LLPHER^TDDVS^VV^YPNY NHGFV^VSAITSALNQNVSV^LLLDNAST^DDSW^SQLQFFADY^PQVRLRN^RNRNIGVQ^HHNW^NHATW^LAT GRYV^VMLSAD^DLLPGHLEQAVKRLDENPASS^LY^TTPCLWINEH^DQPL^TLNHPGHLES^DYVGG^RDEIS^DLL KFDSYITPSAAVIRRET^LNRIGSMNLHLKGAIDW^LIRIAEISPAFIRKQPGVCYRQHSGNNSVDFYASTAP LEDHIRIVESIIDRKVAVKYLKAKEEIIAHLN^RASSYPENQI^HLLSRINN^IKDYLRK^GAGVPISV^IPTKNR^PGL LANALES^LTYQT^FKDFEV^IHN^DDGCDIG^IVDFFSD^QLQISYVRSOSGGAAASRN^RALK^LAKGRIAY^LDDD DVYLD^SHLEKLV^DAYKGRSEKFIY^TNCEYLIQERKEGR^IELGRERRYAGISY^SRAQL^LVSN^FIPT^TWSHT^KELI DTIGDFDESILE^DWDFLLRASKVTEFYQV^NATTVEVRS^DRSR^DDDHTLRANAD^KL^LAYHQIYAKHPVENESI LANRQSLNSLSNRQDVTPKNENSYQGVVYNARQPNELAVQ^LIAERMMLQW^SKQYQFMIVM^VVV^KQSQQ NLLANTIDSFCCQLYSGWKLIVISDFEAPDESFINNEVLG^WL^TLETVEDE^NLLTQAFNGVLAEV^PSDW^VVTIL^PV GTRLTSTALLKVGDRLLNGGACV^IYTDHDYVSD^DGM^IKDPV^LKPAFN^DMLRSQDYIG^SSIFF^RTD^SLAAGV GFASFPGARTYEA^CFRMLD^NYG^PQTIEHLP^EPM^TFPENQNPEN^SLRVAAMQLALEEHLH^RNNIS^AIEEGYV TGTF^LVQYHHSEQP^FVSIIPN^KD^KHEFIAPCIETLMKV^TQPAFEV^IVDNQSTDP^TLSYEEIESFRAN^NVK VIQYDNPNFSAQCNLGAESARGDFIL^NNDTEIVQANWLERMMQ^HQAQRNDVGVVGAR^LVLPETV^TTIQ^H AGIVLGGKY^PDEVFPYMN^FPVDK^VSLN^RTKV^QNYS^AVTGAC^LLV^RKSLYQYVGG^MNEQN^LAV^LYGD VDLC^LRIRQLHKS^VW^TPFSTLV^HHTGK^TLNS^NSDHEK^HLMVMV^IQTRQEREY^MLSHW^LDIANDPY^HIRLL DKSECNGTIDCTHTPLWDDIPSARPLQGMALVGGSGEY^RVNM^PFERT^LSALAEIVLSNMT^SKARLPS^TEL ARNAPDV^VVQONALADEFIRM^LENYKY^LPSV^FRIQ^MLD^DLLTEP^DDSK^RHFQ^NKW^RDAKAR^LKS^LKF CDRLIVSTEPL^TFAEDMID^IIVV^PNMLERSVW^GDLV^SKRAG^KPK^RRVG^WVGAQ^HAG^DLA^LMTD^VVKA TGHEVDWVFGM^CMPDDIRPYVAEVNTEW^LTYDKYPQ^GIAAL^NDL^AAPLEINAFNEAK^SNLRILEY^GALG WPVIC^TDIY^QTNNAPVCRVPNDASAWIEAIRSHIAD^LDATAQ^GDK^QL^RQWV^HDMIEDHAQE^WLSA LTPRAGK </p>
--	--------------------	----------------------------	-----------	-------	--

デスルホビブリオ・ アフリカヌス (<i>Desulfovibrio africanus</i>) ; デスルホビブリオ・ アフリカヌスPDS	WP_00598 4173.1	492830219	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [デスルホビブリオ ・アフリカヌス]	25.68	MFQYAAARALSRLHSASLAADLTWFSQQFDVQTTPREYALPAFLNLPEADKRIVATFRLNLTPELRVSLRH RICFSPRFLPRHITELSDYWDGFRDILPPAYLDGYWQSERFSDYDPDIRADESMLSEQAAMWSAKIASVQ DSISLHRRGDYVNSLATRAKHGIDTERYAKALEWIAIRIGAAATIFAFSDDPWRVRAINFDFGKHGIWVDS WTAHEDMHLMSLCSHHIANSSFSWWGAWLSTSQGITAPKSWFNSPHIWTDPVCPATWERIPC	126
アケルマンシア・ ムチニフィラCAG:154	WP_02219 6965.1	547786341	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [アケルマンシア・ ムチニフィラ CAG:154]	25.66	MAKGIIVMLFGGLGNQLFOYAFALFALSROGGKARLETSSYEHDKRVCELHHFRVSLPIEGGPPWAFRK SRIPACLSLFAAPKYPHFREERKHGDPGLAAPPRRHTYFKGYFQTEQYFLHCREQLCREFLKTLPTPENARI LEDIRSCSISLHIRTIDYLSNPYLPSPLEYLRSMAEMEGRLRAADAPQESLRYFISDDIEWARQNLRLPALP HVHVINDGGGTGYFDELELMRNCRRHHIANSTFSWWAAWLNEHAEKIAPRIWFRNEEGDRYHTDDALIP GSQLRI	127
ジスゴノモナス・ モッシー ; ジスゴノモナス ・モッシーDSM 22836	WP_00684 3524.1	493897667	タンパク質 [ジスゴノモナス・ モッシー]	25.66	MKIVLQGGGLGNQMFQYAIARTLETNKKKDFILDSFLRMNNVSTDCFTARDFELSIFPHLRKLNLSQKEF LLSDRVYKFKIRKIANINFHINQLENEIVGIPFGIKNVYLDGFFQSESYFKHIRFDLIKDFEPELDRNEALKKT VNNNSVSIHRRGDYVHLKNANTYHGVLSLEYLNCIKRIGEETKEQLSFFISDDPEYASKLSFLPNMQIVD WNLGNSWKDMALMLACKHHIANSSFSWWGAWLSERNGITYAPVKWFNNESQYNNINNIIPSDWVII	128
ブレボテラ・オリス ; ブレボテラ・オリス F0302	WP_00437 2410.1	490506359	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [ブレボテラ・ オリス]	25.66	MDIVLIFNGLGNQMSQYAFYMSKKKVPQSKCMYYKGASNNHNGSELDKLFDIKYSETFFCKLILLFKLYENI PRLRYFHILGINIVSEPQNDYNEISLKKTRFGITLYKGGWHSKYFLANKQDV/LNTFSEFKAKEDKNFIDLAK SIEEDTNSVLSLHVRRGDYLNISPTDHYQFGVATTNYKNAVSVMYLRKNKQAHFYFSDDTWCKAEYKDLIM PTFIECKNNKSWRDMMLMSLCTNHIANSTFSWWGAWLSTKNGITCPTFEIHNVVTRDIYPETWVQL	129
シュエードグルベンキアニア ・フェロオキシダンス (<i>Pseudogulbenkiania ferrooxidans</i>) 2002 ; シュエードグルベンキアニア ・フェロオキシダンス	WP_00895 2440.1	496239055	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [シュエードグルベンキ アニア・フェロオキシ ダンス]	25.66	MIIVRLMGGMGNQLFOYATAFALSRRKSEPLVLDTRFDDHYTLHGGYKLDHFNISARILSKEEESLYPNWQA NLLRYPIIDRAFKKWHVERQTYQDRIYRMKRGQALLGYWQSELYFQYRKEISAEFTLKEQSSVTAQQISV AMQGGNSAVHIRRGDYLSNPSALRTHGICSLGYNNHAMSLLNERINDAQFYFISDDIAWAKENIKIGTSK NLJIFEGESVETDFWLMTQSKHHIANSTFSWWGAWLANNTDEQLVICPSWFDKLNLSLSETDLIPKSWIRLN KDLPV	130
サルモネラ菌	WP_00028 6641.1	446208786	タンパク質 [サルモネラ菌]	25.66	MYSLSGGLGNQMFQYAAAYILKQYFQSTTLVLDDSYYSQPKRDTVRSLELNQFNISYDRFSFTDEKEKILL RKFKRNPFPKKISEILSIALFGKYALSDSAFYAVETIKIDKACLSFYQDADLNKHKLPLFELRDDLLDICKN LDVYPLILRNNTTALHIRRGDYLTNQHAAYHGVLDTSYNNAMEVVERERGKQNFHIFSDDDVKWAQKAFI GNENCYIVNGDYDYSADIMYMSLCKNNIANSTYSWWGAWLNKSEDKLVISPKQWFLGNNETSLRNAS WIIIL	131
カルノバクテリウム種 WNI1359	YP_008718 688.1	554649642	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [カルノバクテリウム種 WNI1359]	25.59	MLIVKYGIGGNQMFQYFQYKYLQKNNDVDFLSDYKYVKNHNNHNGELIDVFNIEVKQADMSKFGHVSSK NSIFYRLTSLKFRNIGLYSEFMDSNGISVRNEKITDHYFIFGWQDVLVYOSVEEIEKEAFNFKNVIAIGKQNL LISLSESVSVHIRKGDYANNSDLSIDCDLEYEEAMKIDSKVSEPLYFISDDIEWCKQKFGKRDNLIVVD WNIACKSYIDMLLMCKCKHNIANSTFSWWGAWLNNSKIVICPKTWDKRNKNNHLLNDWIAI	132

10

20

30

40

ブレボテラ種 CAG:1185	WP_02196 4668.1	547227670	タンパク質 [ブレボテラ種 CAG:1185]	25.58	MMKIIVNMACGLANRMFQSYLYFLMHKGYNVKVDYFNSAKLAHEKVAWNIQKARIEQASFSILKSG GGSDVISKIRRYLPFLSSVNMPTAFDANLPVENKKLQYIIGVFQANMVEAEEVDKRCFKQFTDERNL KLQNEQSCESVAIHVRKGDYAQRWYQNTCPYQYQNAIRUSEKYNPNKLVFTDNPEWVKEHFKDFPY TLVEGNPASWGSHFDMQLMSVCKHNIISNSTYSWWSAFLNVHNEKIVGPKVWFNPDSCEFTSERILCK DWIAV	133
セレノモナス (<i>Selenomonas</i>) 種 CM52	WP_00964 5343.1	497331130	グリコシル トランスフェラーゼ、 ファミリー11 [セレノモナス種 CM52]	25.58	MFOYAMASSVARRAGEILKLDLSWIRQMEKKLSADDIYGLGIFSGFDEKSTSEVQKFLPSGKFSAKIYRAVN RRMPFSWRRVLEEGGMGWHPQJMEIRRSVYFYMGYVQSEKYSFSDFIQEIHKDFTFREEVRSQIEERRPIVE KIRKSDAVSLHIRRGDYAQNPALEIFLFTMQYIDAARYSERVKTPTVFIESDDIPWAKENLPLPYEVCYIDD NIQTNEREIGHKSGYEDMYLMTQCQHNIIANSFSFSGAWLNNHNPKNIVAPKKWCNGSFSNYADIVPE QWVKL	134
バクテロイデス・ ノルディイ; バクテロイデス・ ノルディイ Q102T12005	WP_00748 6621.1	494751213	タンパク質 [バクテロイデス・ ノルディイ]	25.57	MEIVFINGLGNQMSQYALYLSKRNIGCKVRYAYNIRSLSDHNGFELDRVFGITYPNLNFKNICINIYRLIFAN KYLFLVQKMIYVLRQMNVSKEKNDYDYDKILTRHKGVLVYGGWHSKEYFLSNADIIKDKFRFNISKLNSES LVLYHRLSSLNAVHVRRGDYMAPEHYNVFGCGVCGIEYYKAAIQYQSQILNPFVIFNSDIEWVKENITGIQ MIFVDFNKKENSWMDMLMSCCEHNIISNSTFSWGWAWLNNNNKIVVCPKVFMSNIDTKDIYPESWIKI	135
パラバクテロイデス・ メルダエ (<i>Parabacteroides merdae</i>); パラバクテロイデス・ メルダエATCC 43184; パラバクテロイデス・ メルダエQ109T00040	WP_00563 5503.1	491855386	タンパク質 [パラバクテロイデス ・メルダエ]	25.54	MKKKDIILRVWVGVGNGQLFIYAFKVLSDTCKVTLDITGTFANDGYKRVYRLGDFSISLLPALRFYTLLSFAQ RKMPYIRHLLAYKDFDFFEDQKYPLETLDSEFKYSDKNLYLQGYWQYDFSSYRDVLLKDLRFEVEINNTLYY SDLIEKSNVAIHFRRIQYEPVISIDYKKAICYISENVENPTFFIESDDINWCRENLSINGICFFVENFKDELYELK LMSQCNHFIANSSTFSWGWAWLSYNADKKVIMPDGYTDVSMNGSIVHI	136
ブチリビブリオ種 NC2007	WP_02276 8139.1	551024004	タンパク質 [ブチリビブリオ種 NC2007]	25.51	MIIILKGGGLGNMFQYALYKELKHGRDVKIDDESFGIGDKLRVPVLDRFGEYDRAKDEVIATDSKMDI FSRIRKLTGRKTRFIDEMEGIFDPKILETENAYLVGYWQSEKFTSPEVIEQIEAFGKRPOEIMHDSVSWST LOQIECESVSIHVRRTDYMDAEHIKIHNLCEKYYKNAISKIREEHPNAVFIFTDDKEWCKEHFKGPKFITVE LQEGEFTDVADMLMSRCKHHIIANSFSFWSAWLNDSPKIVIAPSKWNNKKMDDIYTERMTKVAI	137
バクテロイデス・ オバータス; バクテロイデス・ オバータスATCC 8483; バクテロイデス・ オバータスQ102T12004	WP_00430 2233.1	490430100	タンパク質 [バクテロイデス ・オバータス]	25.5	MIVVYSNAGLANRMFHYALYKALEVKGIDVYFDEKSYVPEWSFETTTLMDEVFNQYRESLQFKRASKKTEL DKIVIHCSNLFGGRYVYNYRKYDDKLTFTKLETNQDLCLUGLWQSEKFMVDRQEIQKCFQYRSFVDDKNVKT AQQMLSENSVAIHVRKGDYQQNRWKNCTCTIDYRLAIDYIRMHVQNPVYVFTDNKDWVNIENFTDLDY TLCDWNPSTSGKQNYLDMLQMSCAKHNVIANSTYSWWGAWLNNNSDKIVIAPRWFKNIVTPDILPEQWI KI	138

10

20

30

40

メソトガ・ブリマ (<i>Mesotoga prima</i>) MesG1. Ag. 4.2 ; メソトガ・ブリマ	YP_006346 113.1	389844033	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー タンパク質 [メソトガ・ブリマ MesG1. Ag. 4.2]	25.5	MRVWFGGGLGNQMFQYGLYCFLLKNNQEVKADCTQYSTTPMNNGFELERLNFJAHANLNDVSKLTG GNRLSPRVW/KLFRKPKVYFEKIPFSDPDLKGNRYLKGYWQNMNYLEPCAKELRVPFTFPFSSDNN KRLADEIAKVEAGVHFRRGDFLKSSNIGLFGGICSDQYLRALQIMNTVVEPVYVFCDDPQWAKNSFD ARFTVIDWNIGSNSYRDMQMLMSLCKHNIAINSTFSWAAWLNRPNRTVIAPERMVNRDLDFSGIFPND WIRLQG	139
クロストリジウム種 KLE 1755	WP_02163 9228.1	545399562	グリコシル トランスフェラーゼ、 ファミリー11 [クロストリジウム種 KLE 1755]	25.49	MIVKLOGGLGNQMFYAFARTIQEQKOKKLIIDTSDFQDKQREYSLGHFILNENIEDSSGKFNLYWDQR KNPLKVGFKFWPKFQFQTLKLFYVWVDYAKYIPVDVSKKHKNILLHGLWQSDKYFSQSEIRKEFAVKDEP SOGNKAWLERISSANAVCVHRRGDFLAKGSVLLTCSNSYLLKAMEIISKVNNEPEFFIFSDIEDVKKKIFEPG YQJTLVNQSNPDYEELRLMSKCKHFIAINSTFSWSSLLSENEKDVIVAPRLWYSDGRDTSALMRDEWIIDN E	140
バクテロイデス・ プレベイウス (<i>Bacteroides plebeius</i>) CAG:211	WP_02205 2991.1	547321746	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [バクテロイデス・ プレベイウス CAG:211]	25.42	MDLVTLSGGLGNQMFQAFYWALKRGGKVFYKKNLAAKEHNGYELQTLFGVEEKCVDGLWMTLLGC PLLKGLKHLPHKIRERVLYNYSIYLPFERNGLHWGVYQSEKYFQDVADDIRRIFFCDHLNLPATSAALK CMSEQAVSVHRRGDYLLPCNVATYGGCLCTVEYENAIRYVKERYPQAVFYFSDDLWVRENIPIAGKM VFVDWNRGKDSWQDMFLMSKCHHNILANSSFSWWGAWLNTHPKLVIAERWANCAPDALPDGWV RIEGVSR	141
トレボネマ・ レシチノリチカム (<i>Treponema lecithinolyticum</i>) ; トレボネマ・ レシチノリチカム ATCC 700332	WP_02168 6002.1	545448980	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [トレボネマ・ レシチノリチカム]	25.4	MAIKVIGGGLGNQMFQAFACALQKGGHKKVVDTSLYRKATVHSGIDFCHNGLETERLFGIKFDEADTAD VRRSTSAEGLNRRKRYTKTHYDITVFKYTPPELLSDKNDCCYLEGWQTEKYFLPIEKDIRRLFTFRPTLSEKS AAVQSALQAQAAVLASHVRRGDFLNTKTLNVCTETYNNAIKYAVKKHVASRIFYSDDIPWCREHLCCFC NAHAVFIDWNTGNSWQDMALMSMCRNCNIIANSFSSWWAAWLNNASDKTV/LAPAIWNRRLQYVVDY YGYDYSIVPESWIRIPID	142
バクテロイデス・ エゲルシイ (<i>Bacteroides eggerthii</i>) ; バクテロイデス・ エゲルシイDSM 20697	WP_00429 1980.1	490419682	グリコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ エゲルシイ]	25.34	MRLLKMTGGLGNQMFYAFYLRMKRHTNTRIDLSMMHYNVHHGYEMHRVFNLPKTEFCINQPLKKVIE FLFFKKIYERKQDPSLLPDKKYLWPLLYFKGYQSERFFADMENDIRIAFTNSDLFNEKTQAMLTQIKHNE HAVSLHRRGDYLEPKHWKTTGVCQLPYLLNAITEMNKRIEQSYVYFSDDIWVKNLPLPQAVFIDWNK GAESWQDMMLMSHCRHHIICNSTFSWWGAWLNPRENKTVIMPERWFQHCDDTNNIYPDGGWIKVPVN	143
バクテロイデス・ ステルコリス (<i>Bacteroides stercoris</i>) ; バクテロイデス・ ステルコリスATCC 43183	WP_00565 6005.1	491891563	グリコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ ステルコリス]	25.34	MRFKMTGGLGNQMFYAFYMRMKKHYSNTRIDLSDMVHYKAHNGVEMHRVFNLPPIEFINQPLKKVIE LFFKKIYERKQVPSLLVPYDKKYFWPLLYFKGYQSERFFADMADDIRKAFTEFNRLSNRKTKEMSEQJDHDE NAVSIHVRGDYLEPKWKTGVCQLPYLLNAIAEMNKRIEQSYVYFSDDIWVKNLPLPKAFFIDWNK GAESWQDMMLMSRCHHHIICNSTFSWWGAWLNPRENKTVIMPERWFRHCECTPDICPDCKWIKVPINQPD SIQ	144

10

20

30

40

ブチリビブリオ・ プロテオク拉斯ティカス ; ブチリビブリオ・ プロテオク拉斯ティカス B316	YP_003831 842.1	302671882	グリコシル トランスフェラーゼII [ブチリビブリオ・ プロテオク拉斯ティカス B316]	25.34	MIILKGGMGNGMFQYALYRQLKLGREVKIDDETGFVDDLRIPVLQRFGISYDKATREEIVKLTDSKMDI FSRIRRLTGRKTRIDEESGIFDPRILEVDAVLGYWQSDKYFANEVEKEIREAFEKRPQEVMDQSVSWTI LQIECCESVSLHIRRTDYIDEHHIHNICTEKYKSAIDEVRNQPSAVFFITDDKDWCRQHFRGPNFFVVD LDEDTNTDIAEMTILMSRCKHILANSSFSWWAAWLNNDNPGKIVAPSKWINNRKMDDDIYTARMKKIAI	145
ロセオバクター種 GAI101	WP_00822 8724.1	495504071	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [ロセオバクター種 GAI101]	25.34	MSPVHFPSDRLLRYEHLNSLWKTAMIYTRLLARLGNQMFMQYAAAGRGLAARLGVDTFVDSRAVHKGDGV LTVFDDLDWAAPENMPQAQHERPLAYYAWRGLRDPKPYRENGLYNAAFTLPDNTYTLHGYYWCERYFA HIADDIRAAFPVPRHPMSAQADNMAARRIASGPSVSLHVRGGDLTVGAHGICDQTYDYAALAAVMQGLSP TVYFSDDPQWAKDNLPLTEKVVVDNFGPDSYEDMRLMSLCOHNVIANSSFSWWGAWLNANPQKRV AGPANWFSPNPKLSNPDILPSRWIRI	146
サラッソバクター・ アレナエ (Thalassobacter arenae) ; サラッソバクター・ アレナエDSM 19593	WP_02109 9615.1	544666256	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [サラッソバクター・ アレナエ]	25.34	MGQDMIYSRIFGGGLGNQLFYATARAVSLRQGVLELVDTRLAPPGSHWAFGLDHFNISARIAESELPPSKD NFFKVMWRAFGHDPAFMRERGLGYQSRIQAQPDGTYLHGYYQSERYFADVLDLHLELRLVTPPDTRNA EYADRIASAGHTVSLHVRGGDYVETSKNSTHATCDEAYYLALALRSEGSKDLKVVFSDDPPEWVRDNLKLP YDTPVGHNGPKPHEDLRLMSCSDHVIANSTFSWWGGWLDLRRPEARVVGPAKWFFNNPKLVNPDILPE RWIAI	147
ブレボテラ・オリス ; ブレボテラ・オリスC735	WP_00437 7401.1	490511493	タンパク質 [ブレボテラ・オリス]	25.33	MKIIIGGLGNMFQYALAVALKQKWKDEEIKLDLHGFGNYHKKHQGYQLDEIFGHRFKAASLKEVAQLAW PYPHYQLWRVGSRLPKRKTMMVCESADCRFQSDLLNLEGLSYDGYWQDERYKAFRTIEIEAFKFTPLVGDS NRKVENMLKEGRFASLHVRRGGDYLKEPLFQSTCDIAYYQRAISRLNQMDADPYCYLIFSNDIAWCKTHIEPLCD GRRTHYVDWNHKGESYRDMQLMTFCKHHIIANSSFSWWGAWLSTANDGTITAPHQWYANDRKPSAAE AWLKL	148
ブレボテラ・オーロラム (Prevotella oulorum) ; ブレボテラ・オーロラム F0390	WP_00438 0180.1	490514606	タンパク質 [ブレボテラ・ オーロラム]	25.33	MKIVRIIGGLGNMFQYALALAKQQQENEEVKDLSAFRGYKKGGLVQVCFGTLLPAATWQEVQAQLA WYYPHYQLWRGLHRVLPVCKTMLKEPDNGAFLEVLQKRGDAYEGCWQDERYFHYRPAILOAFTPTF TNPRNLAMQQQINTTESVAIHVRRGGDYLHDAFRNTCGLAYFQRAITCILQHVHAPVYVYFSDDMAWCRQ HIQPLLTNEAVFVDWNHKGASICDLHMLTLCRHHIIANSSFSWWGAWLSPHQAGWIIAPKQWYAHEEK MSPAERWLKL	149
スピロソーマ・ バナンチラエ	WP_02059 6174.1	522084965	タンパク質 [スピロソーマ・ バナンチラエ]	25.33	MNRRVAVQLKGGGLGNQLFYALGRRRLSLQLEALLFDCSVLENRIPVTNFTFRSFDLDMFRIAGRATPSDL PLFPKASIRSPWPHLVQLARLWKQGYVYVERGFAYNPKMLQLQSDRVLYNGYWQSYRYFEDIAATILRAD CSFPDPLPDSAVGLAGQINATNSICLHIRTDFLQVPLHQVSNADYVGRAIYMAERNVDPHFVFSDDIAW CQTNLRISYPVFPVFNELAGPKNSLHFLMRVCKHFIITANSTFSWWAAWLSPESDGKVVTPQTWFSDSRSI DDLIPANWIRL	150

10

20

30

40

ブチリビブリオ・ プロテオク拉斯ティカス ; ブチリビブリオ・ プロテオク拉斯ティカス B316	YP_003829 826.1	302669866	グリコシル トランスフェラーゼ11 [ブチリビブリオ・ プロテオク拉斯ティカス B316]	25.26	MNVVEVKGLGNQLFQYTFYKYLEKSGHKVLLHTDFFKNIDSFEAEATKRKLGDRFDCDFVAVSGFISCEKL VKESDYKDSMLSDQDEVFYSGYWQNKRFLEVMDDIRKDLLKDNIDQDEVKELAEIRAVDSVAIHFRRGDY LSEQNKIFTSLSDYDYQKAIQALAEANGADLKGYIFTDEPYVSGIIDQLGSDIKLMPVREDYEDLYLMSCAR HHIIANSSFSWWGAALGDTESGITIAPAKWYVVDGRTDPLYLNRW/51	151
ブチリビブリオ種 XPD2006	WP_02276 5786.1	551021623	タンパク質 [ブチリビブリオ種 XPD2006]	25.26	MIIQLKGLGNQMFQYALYKELKHRGREVKIDDVSGFVNDKLRVPVLDRFVGEYERATREEVVELTDSRMD IFSRIIRKLTGRKTYRIDEMEGIFDPAILETENAYLVGYWQSEKYFTSPVEIQEQEAFGRPQEIIMHDSVSWST LQIECCESVSIHVRRITDYYDAEHKIHNLCEKYYKNAIGKIREKHPNAFFIITDDKEWKDFKFGPNFITVE LOEGEFTDVAADMLLSRCKHHIIANSSFSWWSAW/LNDSPEKVMVIAPIKWIINNKMDDIYTERMTRVAI	152
バクテロイデス種 1_1_6	WP_00876 6093.1	496041586	タンパク質 [バクテロイデス種 1_1_6]	25.24	MKIVNITGGGLGNQMFQYAFAMALKYRNPOEEVFVDIQHYNTIFFKFKGINLHNGYEIDKVPKAKLPVAGV RQLMKFSYWIPNYLSRLGRKFLPIRKKEYIPYPMNYSYDEKALNWKGDFEGYVQSYNHFGDIKEELOK VYAHKPNQYNAALISNLESCNSVGIHVRRGDYLAEPFEGICGLDYKGIKEILSDEKYYVFFIISNDMQWC QENIAPLVGDNIRIVFISGNKGKDCSCWDMFLMTHCKDLIIANSSFSWWGAFLNKKVDRVICPKPWLNLRDCNI DIYNPSWILVPCYSEDW	153
バクテロイデス・ フラジリス ; バクテロイデス・ フラジリス YOH46	YP_099857. 1	53713865	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ フラジリスYOH46]	25.17	MKIVTFQGGGLGNQLFQYVYVLWDMRCCKDNIYGYYPKGLRAHNGLEIEKVEFVKLPNSSLSTDILVKSIKLI NKIFKNRQYISTDGRLDVNGVLFEQWQDKYFWEDVDVLFNRWPLKLDVTNSFIMTKIQANNSISIHRRG DYLLPKYRNIGDICEEYQKAEIYKLCVDDPFFVFSDDIDWAKSIINVSNAVTFVNNNKGKDSYIDMFLMS LCHNHIIANSTFSWWAAQLNKHSDKIMIAPIRWFKSLFKDPNIFTESWIRI	154
バクテロイデス種 9_1_42FAA	WP_00867 1843.1	495947264	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス種 9_1_42FAA]	25.17	MIKIVSFGGLGNQLFQYLLVYVYRECQHYGYNNRKNWGLIGHNGLEVNNVFDIYLPKTNFVNALVKVIRVL RCLGFKKYVATDYYNNPIAFYDGYWQDKYFNIIIDSKLSFKFDLSAENKSKISNISVALHRCGDYLSSS NVEIYGGVCTKEYEKALELVCKIKNMFVFSDDIEYAKLLNLNPAIYVNAVNGNSSFDIDMYLMANCKVNV IANSTFSYWAARLNQDNILTIYPKKWNYSKYAVPDIFPSEWVG	155
コラリオマルガリータ (<i>Coralimargarita</i>) 種 OAG-312	WP_02247 7844.1	548260617	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [コラリオ マルガリータ種 OAG-312]	25.17	MIIVKVGGLGNQMFQYAFGRALSEKHSQDLYLDCSEYLRPSCKREYGLDHFNIRAKKASCQDVKSMVTPH FALRKKLKKIFAVPYSLPTHILERNFQPSILEFCNGYFDGWQTKYFSGISDIVRKDLTFKDAVYSGGET FAKITSLSVSLHRRGDYVVKVTRKRFVIRAGYKRAVEYMRSLDTPHFFIFTDDPKWVSENFPAGEDYT LVSSSGMYEDLFLMAQCRHNIIIFNSSFSWWGAWLNGNPGKIVVAPDMWFTPHYKLDYSDVVPPEWIKLN TGYFESKEF	156

10

20

30

40

シュードロドバクター・ フェルギネウス (<i>Pseudorhodobacter ferrugineus</i>)	WP_02270 5649.1	550957292	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [シュードロド バクター・ フェルギネウス] 25.17		MIVMIQKGLGNQMFQYAAAGRALSLQTMPLHLRLRYRREREHGYGLGAFNIEASPLDESILLPLPRESPL AWLIWRGLRRGNLVRNGMGNPTLSNVTKP AWITGYFQSERYFAAHAATIRAEITPVAAPDLVNRWL AEIAAEPRVSLHVRGDDYVRDAKAAAKHGSCTPAYYERALAHITARMGTAPVYAFSDDPAWVRENRLRP AEIRVPGHNDTAGNVEDLRLMSACRHHIVANSSFSWWGAWLNPRADKIVASPARWFADPAFTNPDIWPE AWARIEG	157
大腸菌 ; 大腸菌0127: H6株E2348/69	YP_002329 683.1	215487252	フコシル トランスフェラーゼ [大腸菌0127: H6株E2348/69] 25.16		MMYCCLSGGLGNQMFQYAAAAYILKQHPDTILVDDSYFNQPKQDTIRHLELDQKIIIFDRSSKDEKVKIN RLRKHKIPLLSFLQFTAICLNKYSLNDASYNPESIKNIDVACLFSFYQDSKLLNEHRDLILPFEIRDDLRLV CHNLQYSLITDSKNITSIHVRRGDYVNNKHAAKFHGTLSDMYISAMIEYSECGSQTFIITDDVIWAKEFS KYSNCLVADADENKFSVIDMYLMSLCNNNIANSYSSWWGAWLNRSDEKLV/APKQWYISGNECSLKNEN WIAM	158
ラクノスピラセアエ 細菌 3.1_57FAA_CT1	WP_01635 9991.1	511537894	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌 3.1_57FAA_CT1] 25.16		MIIKVMGGLGNQMQYALYKFKSIGKNVKLDISWFEDSSVQEKVFARRSLRLQKDLQDFTCSAEKEA LLGKSGILGKLERKLIAPARKHIFYESDIYHSEVFNMSDAYLEGHWACEKYHDIMPLLQEKIQFPESANSQIT VKRMKAENSVSIIHRRGDYLDPENEAMFGGICTNSYKAAEYIKSRVPDTHFYLFSDDTAYLRENYHGDY TIVDWNKGEDSFYDMELMSCCRHNICANSTFSWGARLNRTPKVIRPAKHNSQEIEPQLLHLELDWNW VIIDGDGRIV	159
ブチリビブリオ・ フィブリノルペンス	WP_02275 5397.1	551010878	グリコシル トランスフェラーゼ [ブチリビブリオ・ フィブリノルペンス] 25.09		MKPLVSLIVPLNVEKYLEQCLTSISSQTYDNEFVILVVGKCIDNSENICKWCEKDHFRFRIEQLKSCLYARN VGIDAAKGEYIAFCSDSDCITSDFLSCFVDTALKNSSDIVETQTLCDQNLSPYDYDRNIGLHILGHGFEVYSA PSVWKYFVKRDIFTSNLHYEIRFEGEDISMYSLFSYCNKIDYVEKPTLYRQVPSSLMNPNQGRKRYESLF DIIDFVTNEFKTRLLFQKSWLKLFLQLEMHSASISDSATSDDEAISMRQEISGYLKKVPVKNTIFEV/TALGWG GEIVSSIAKFNTHLGVSSNMFNRYFFELLEDDSTRKKLEEMIINFSPDIFLIDISEADYLSYKGNLGTFFKNW KIGSIFMKMIQTHSNSSIFLENYMQQAPDHVDNTNEILKMLYDDIKINHPDIICISAPDILNRSSEPELPCI YQLKLVSDKLHTMYSVPVINCVELTKGGLGNQJFYVFSKYIEKMTGYRPLLHIGFFDYVKAIPGGTKRIFSLDKLF PDIETTSKIPCSHVVEEKSFSNPGSDFIRGYWQDIRYFSDVKDEVESFNVDTSMSKDVDFADTIRNANS IAMHIRRQDYLNNENVSLEQLSIDYYSKSAVDMIRKEYADDLVLFIFSDDEYANSIADSFDEIGFVMPHDKDY EDLYLTLAHHHIANSTFSLWGALLSARKDGIAPRNWFKGTATNLYPKWLL	160
アナエロムサ・ アシダミノフィラ (<i>Anaeromusa acidaminophila</i>)	WP_01870 2959.1	517532751	タンパク質 [アナエロムサ・ アシダミノフィラ] 25.08		MFCVRIYGGGLGNQMFQYALGRAMAKHYSETAAFDLSWYEQIKPGFEASVCQYNIELSRKDRPKAWYEPIL KRISRHTDKLEWVWFLFEKKYHYDSTVFERGLCKNITLDGWQSYKYFSAIEDDLRELTPKEREELIASRS LPENSIVHVRGDDYVSNPKANAMHGTCSWEYQAAIEKMTGLVKEPQYVVFSDITWTKENLPNAMYI GREGLDFVEELILMSRCKHNIMANSTFSWWGAWLNSNPNKVYIAPRWKFRHKKIKVNDLFPSSWVVL	161

10

20

30

40

バクテロイデス種 2.1.16	WP_00876 8986.1	496044479	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [バクテロイデス種 2.1.16]	25.08	MDIVIFNGLNQMSQAFYLAKKKDNLNCHVFDPKSTNVHNGAELKRVFGIELNRNYLDKIISFYGYIFN KRIVNKLFSLVGIRMIYEPKNDYRELLKPSNFIISFYWGWHSEKFKDIELEVKFKFPEVNTNSPYFTEWF NKIFLDNNSVSHIRRGDYLDPKSPDPYQFNGVCTIDYKAILYLKERILEPNFYFSDNINWCMKTFGTENMY YVDCNKGKDSWRDMYLMSECRHHIANSTFSWAAWLSYSPYNGIVLHPKYFKIDJETKDYYPOQKWIMIE	162
クロロビウム・ ファエオバクテロイデス (Chlorobium phaeobacteroides) ; クロロビウム・ ファエオバクテロイデス BS1	YP_001960 319.1	189500849	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー タンパク質 [クロロビウム・ ファエオバクテロイデス BS1]	25.08	MDKVVVHLTGGLGNQMFQYALGRSISINRNCPLLLNTSPYDTYDKFSCGLSRVNVKAFFKKNYYNKKYRY VIRLLSRYGACVFGSYEKKIFSYDEKVKRSCVSYGTWQSYGYFDSIRDILLRDYEMVGLCEEEVEKYVSDIK RVDSVSLHRRGDYFDNKLQSHIGILTMEYYKAMSLFPDSSVFVFSDDIEWVRENLTNTNIVVYVLESND PENEYLMSLCKNNIISNTFSWGWAWLNKYNKKYKVIAPRMWYKDNQSSDLMPSDWCLJ	163
トレポネマ・ ブリアンティイ (Treponema bryantii)	WP_02293 2606.1	551312724	タンパク質 [トレポネマ・ ブリアンティイ]	25.08	MIVISMGGLGNQMFYAFYTLQHLKPKSEIKVDTKYAFPSYHNGIEVKIFGLNPPPEANWKEVHSLVKTP IEGNKAHFIFLYRILRKANLVEREFTFCQKQDFTFYNSSFELPQNKSYLYGPFVNYNYFAAIHNEIMDLTY FPEITDVTNIEYKRKIESSHISIHRRGDYITEGVPLVPDADYREALVYINKIEDPHFFVFTDDKYCKSLFSDN QNFTVEGNTGANSFERDMQMSLCKHNIANSTFSFWGAFLNKNSEKIAPNIAPNAFKDCSCPCPDWIIJ	164
バクテロイデス・ フラジリス ; バクテロイデス・ フラジリス638R	YP_005110 943.1	375358171	LPS生成アルファ -1,2-フコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ フラジリス638R]	25	MVIAKLFGLGNQMFYAAAGIAQISNQKLTFTDIYTGFEDDSRFRVYVELKQFNLVQESRRWMSRYPLG RIIRKISRKIGFCIPLVNFKFIVEKPKYHFQNEIMRIASFSSYLEGYFQSYKYSKIEAQIREDFKFTKEVIGSVEKE ASFITNSRYTPVAIGVRRYSEMKGEGELAVVEHDYDAAIKYIANKVNPILFIVFSEIDIDWVKKLNKLDYPPWF VTSKKGELAAIQDMYLMSLCNHHIISNSFWWGAYLASTNNHIVIAPSVFLNKDCTPIDWVII	165
ファーマイクテス細菌 CAG:534	WP_02235 2105.1	547951298	タンパク質 [ファーマイクテス 細菌 CAG:534]	25	MSGGLGNQMFQYALYMKLTAMGREVKFDDINEYRGEKAWPIMLAVFGIEYPRATWDEIVAFDGSMDFS KRLKRLFRGRHPYEQGFYDPKVLSEFENMYLKGFSQSQRYFEDILEEVQETFRFPKELDMNLPAPLYETTEK YLLRIEGCNVAGLHMYRGDSRSNEELYDGICTEKYEGAVRFIQDKCPDAKFHFSNEPKWVGWVSLMKS QIREDMRSREIRALEDHFVLIENNTYTYGLDMFLMSRCRHHIISNSFWWAAFINENPKLVTAPSRWVN GVPSDEVYVYKGMTLIDEKGRVERTIKE	166
ファーマイクテス細菌 CAG:882	WP_02236 8748.1	547971670	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [ファーマイクテス 細菌CAG:882]	25	MVIVKIGDGLGNQMFYVCGYSYAKHDNDTLTSDVDNSTLRTYDLDKFNIDFTDRESFTNKGFHFKVYK RLRRSLKYNVYESRTENCPCVLDVYRRKFRDKYLGHYFQNLICYKTCCKEDIMROFTPEPSAKADELIHRFA TENTCSVHVRGGDIKPLSIKYKDALDKIGEAKDMRFVFSNVNRNLAEYIKELGVDAEFWDLGEFTDIEELF LMKACRRHILSDSTFSRWAALLDEKSEEVFPFSPDADKIYMPFWIMEEYDGNIEKR	167

10

20

30

40

ビブリオ・ バラハエモリティカス (<i>Vibrio parahaemolyticus</i>); ビブリオ・ バラハエモリティカス10329; ビブリオ・ バラハエモリティカス10296; ビブリオ・ バラハエモリティカス12310; ビブリオ・ バラハエモリティカス10290	WP_00549 6882.1	491639353	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [ビブリオ・ バラハエモリティカス]	25	MVIVKVGGLGNQLFQYAGCAISNRILSCCELLDTSYPKQSLRKRYELDKFNIAKAVATQKEVFCGGGDDLLS RFLKLNLSLFFNYIKEKESLVYLAESHCKSGSLDGYWQNPQYFSDIKDELQVQIMPPLSSPALEWQNII INTKNCVSLHVRRGDYVNNHTNSVHGVCDLSYREAITNIHETVEKPFVFSDDISWCKDNLSGLGHFTYV DNTLSAIDDLMLMSECEHHIANSTFSWGAWLNDHGITIAPKRWFSSVERNNKDLFPEKWLL	168
ハーバスピリウム・ フリンゲンシス (<i>Herbaspirillum frisingense</i>); ハーバスピリウム・ フリンゲンシスGSF30	WP_00646 3714.1	493509348	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [ハーバスピリウム・ フリンゲンシス]	24.92	MIVSRLLGGNGMQFYAAGRALALRRGVFAIDSRFAFYKTHAFGMQCFCADQTEAPSRLLPNPPAEGR LORLLRRFLPNLRVYTEKTTFTFDEAVLSLPDGIYLDGYWQSEKYFADFADDIRKDFAVKAAPSAQNQAWLEL IGRTHSVSLHRRGDYVSNAAAAVHGTCDLGYERAVAHQHQTGQAPELFVFSDDLWVATNLQLPYT MHLVRDNDAAATNFEDRLMTACRHHIVANSFSWGAWLDRGSESIAPARWFAVADTPDARDLVPR WVRL	169
リゾビウム(<i>Rhizobium</i>)種 CF080	WP_00775 9661.1	495034125	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [リゾビウム種 CF080]	24.92	MIITRILGGLGNMQFYAAGRALAIAEAEKLDLIEMGAYKLRPFALDQFNIIKAAIQDPEVPAKPKRGLLR KFTSAFKPDRSSCERIVENGLTFDSRVPALRGSLHLSGYWQSEYFASADAIRSDFSLSKPLGPARDQDLARI GAATTPVSIHVRRGDYVTNPANAVHGTCEPPWYHEAMRRMLDRAGDASFEVFSDEPQWARDNLQSSRP MVFIEPQNNGRDGEDMHLMAACHAHIIANSFSWWGAWLNP RP NKHVIA PRQWFRAPDKDDRDI VPA TWERL	170
ペルコミクロビウム・ スピノサム (<i>Verrucomicrobium spinosum</i>)	WP_00995 9380.1	497645196	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [ペルコミクロビウム ・スピノサム]	24.85	MVISHISEGLGNMQFYAAGRRRLSYHLGTTLLKLDYHYRLHPFRSQDLDRFLITSPIATDAEISHLCPLGLAR AIRARLPGLRGATRLLLGNLGLSPYQPRLLHSFKETPKQPLLIGKVYSERHFHFDQDVLECPDNVCLVGYW QDERYFGEIRDILLRELTLLKSPAGATKAVLERIQRSSVSLHVRGDKTKSSSYHCTSLCYCLAAMSEMRRL QAPTFVFSDDWDWVREQIPCSSSVIHVDHNRADVEDFRLMKSCDHHIIASSSLSWWAAWLGNTNENSF VFSPPADRWLNFNSHFTADVLP PHW I Q L D G S S I L P A Q	171
フィブレラ・ アエスツアリナ (<i>Fibrella aestuarina</i>); フィブレラ・ アエスツアリナBUZ2	YP_007319 049.1	436833833	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [フィブレラ・ アエスツアリナ BUZ2]	24.83	MTANRVLVNSPMVIAKITSGLGNQLFQYALGRHIALQNGTSLWFDLRYHQEYATDTPRKFKLDRFNVRYN LLDSSPWLKASKATRLPLGRSLRPLDTRFEADHFDPTVIRPAAPLTLWGFVQSEKYFAQSTPQIRQELTFN RPLSDTFVGYQQQIEQAEVPSVHVRRGDYVTHPEFSQSGFVGLAYYQKALHQLDLPFNATLFFFSDDPD WVRANIVTEQPHVFVQNSGPDADVDDLQMLSLCHHHVIANSSFSWWGAWLNP RP NKHVIA PRQWFRAPDKDDRDI VPA KPWDTKDLLPSGWLRL	172

10

20

30

40

ロドバクター (Rhodobacter) 種 CAG1A14H1	WP_02366 5745.1	563380195	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [ロドバクター種 CAG1A14H1]	24.83	MIHMRLVGGGLGNQLFQYACGRAVALRHGTELVLDTRELSRGAHAFGLDFAIRARMGASADLPSPSR VLAYGLWRAGFMAPRFLRERGLGVNPAVLAAGDGYLHGFEQSEAYFRDVPQIRPELEIVTPSDDDLNRW ASRIAGDDRAVSLHVRGDDYASAKGQQVHGTCDADYYARAAIRARAGIDPRLYVFSDDPHWARDNLA LDAETVLHDHNPAGAIVEDMRMLMGVCRHIIANSSFSWWGAWRNPSAGKVVAVPVRWFADPKLHNPDI CPEWLRV	173
ロドビレラ・ バルティカ (Rhodopirella baltica) SH1; ロドビレラ・ バルティカ	NP_868779 .1	32475785	フコシル トランスフェラーゼ [ロドビレラ・ バルティカSH1]	24.83	MATSAHLHLSDEKQTLDSKASDRDCATTEASADKTCISISGGLGNQMLQYAAAGRALSIHHDCSLQDLKF YSSKRHSYELDAFPIQAHRSKPSFFSQLSKIQSESKHVPTYEQSQKFRDPAFFNETPPVKIRGVFFSEKYSFY ADQIRTELTPPIPPDQAPARDMARLKECVSTSLHVRGDDYVNANARQKFWCTSEYFEAAIERLPTDSTVFV FSDDIEWAKQNISSRTTVYVNDLKKAGSPETGLRDLWLMTTHAKSHIIANSSFSWWGAWLANSEANLTIA PKKWFNDPEIDDSDIVPSSWHRI	174
スピロゾマ・ スピッツバージェンス	WP_02060 4054.1	522092845	タンパク質 [スピロゾマ・ スピッツバージェンス]	24.83	MVVVELMGGGLGNQMFQYAFGMQLAHQRQDQLTVSTFLSNKLLANLRNYTYRPFELCFGIDKPKASP FNL LRALLPFDLNTSLRETDDPEAVIPAAASARIVCVGYWQSEHYFEEVTVHVREKFIQRPFNSFTSRLANNLNGI PNSVFHIRRGGDYVTNKGANAHGLCDRTTYERAVTFMRHLENPLFFISDDLEWVSQELGPILPATVYG GNQKNDSWQDMYMLMSLCRHAIVANSSFSWWGAWLSPHASKIVVAPKEWFGKPLLPVKTNDLIPNSWIRI	175
未培養細菌	EKD71402. 1	406938106	タンパク質 ACD_46000193 G0003 [未培養細菌]	24.76	MNAIPRTGGIGNQLFIYAAARRMAIANSMNLVDDTSGFKYDVLKRFYQLEKFNITSRMATPTERLEPFSK IRRYLKRKINKTYPAQRAVITQEKSGFDPRLLVFRPKGNVYLDGYWQSENYFKDIEGIRQDLIKSPSDSLNIA TAERIKNTLAIHAVHVRFFDMVDISDSSNCQSNYYHTAIKMEKIPNAHYFISDKPVLARLAMPLPDDRITIID HNIGDMNAVADLWLMSLCKHFVIANSTFSWWGAWLSDNKEKIVAPDIKITSGVTQWGFGLIPDEWIKL	176
プレボテラ・ミカンス (Prevotella micanans); プレボテラ・ミカンス F0438	WP_00695 0883.1	494008437	タンパク質 [プレボテラ・ ミカンス]	24.75	MDVIVIFNGLGNQMSQYAFYLEKRLNRNQTTTVFLNPRSTYELERLFGIPYRSNLMCRMIYKLLDKAYFSNHI RLKKILRTALNAVGIIRLIVEPITRNYSLNFTTHPGTLTYRGGWHSELNFTSVTELRRKFIPPSDDDEEFKRISAL IIRTQSISLHRRGDDYLDYSEYQGVCTEYERAIEYIRSHVENPVFFVSDDKEYAINKFSGDDSFRIVDFTNGE NSWRDMQLMSLCRHHILANSTFSWWGAWLSDAPEKIVLHPYHMRDVPTRDFYPHNWIGISGE	177
サーモネシネコッカス種 NK55	AHB87954. 1	564737556	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [サーモシネ コッカス種 NK55]	24.75	MIIVRYGGLGNQMFQYAGLALSLRHAVPLRFDLDWFDGVRHLHQGLELHRVFDLPLRAAPSEMRQVLG SFSHPVLVRRLLVRRRLRWLLPQGYALEPHFYWPGEALGPAYLDGYWQSEYFSEYQDAVRAAFRAQ LDERNRQIVEEMAAACESVSLHVRGDDVQDPVRRVHGVDSLAVYPRVALLMERPREYFVFSDDPD WVRANIKLPAPMIVIDHNRGEHSFRDMQLMSACRHHILANSSFSWWGAWLNSQPHKLVIAPKRWFNVD DFDTRDLYCSGWTVL	178

10

20

30

40

コレオファスシクラス・ クソノブラステス (<i>Coleofasciculatus</i> ; <i>chthonoplastes</i>) ; コレオファスシクラス・ クソノブラステス PCC 7420	WP_00610 0814.1	493031416	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [コレオファスシクラス ・クソノブラステス]	24.73	MLSLNKNFLVHIPKSCILKEVYVYMISFPNLGKGVRLGNQMFOYAFRLSTARLGVKPYCPAWSGDSLFTLN DQERVSQPEGITKQYRQGLNPGFSENALIQDGTISGYFQSDKYDNDPDLVRQWFSILKEEIKASIRDRFSRL NFANSVGMHLRFGDVVQGLKRPMPRRSYKALSIYPNQELILVFSDEPERTKKMLDGLSGNLFLLSGHKNY EDLYIMTKCQHFCISYSTFSWWGAWLGERERTVIYKQYRQYRPGYGRKAEGVSCSVIEWQSLRGFLDDY RLVSRLEKRLPKSLMNFY	179
バクテロイデス・ ガリナルム	WP_01866 6797.1	S17496220	グリコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ ガリナルム]	24.66	MRLIKMTGGGLGNQMFYAFYLRMKKRHTNTRIDLSMDMMHYNVHGYEMHHVFNLPKTEFCINQPLKKVIE FLFFKIYERKQDSSNLLPDKFYFWPLLYFKGFQSERFFADMEMDIRKAFTFNSGLNFNEKTQTMILKQIEHNE HAVSLHVRRGDYLEPHKWKTTGVCVQLPYINAIAMNRRIEQPFYVFSDDIAWVKENLPLPOAVFIDWN KGVESWQDMMLMSHCRHHHCNSTFSWWGAWLNPKNKTVIMPERWFQHCETPNIYPAGWIKVPIN	180
ファームイクテス細菌 CAG:882	WP_02236 7483.1	S47967507	グリコシル トランスフェラーゼ GT11ファミリー [ファームイクテス 細菌 CAG:882]	24.66	MNNVEIMGGLKQLFQYAFSRYLQKLGKNNVLRKDFFTIQFPENNGITKREFVLDKYNTRYVAAAGEKTYR DYCDENDYRDDYAGSDEVLYEGVWQNIIDFYVVRKEMQEELKLPKPEFIDNSMAAVEKDMSSCNSVALHIR RSDYLTQVNAQIFELQTDYVYASVSIIEQYTHEKPVLYIFSDPEYAAENMKDFMGCRVTIMPPCEPYQDM YLMTRAKHNIJANSTFSWWGATLNPANPNITVAPSRWMMKGRVTNLYHKDWITL	181
バクテロイデス・ キシラニソルペンズ (<i>Bacteroides</i> <i>xyliani</i> solvens) ; バクテロイデス・ キシラニソルペンズ QL03T12004	WP_00802 1494.1	49S296741	タンパク質 [バクテロイデス・ キシラニソルペンズ]	24.6	MIANVNAGLANQMFHYAFGRGLMAKGLDVCFDOSNFKPRSQWAFELVRLQDAFPSSIDIKVMPGEGHFK WVFPSLPRNGLERRQEFMKKWHNFIFIGDEVWIDEPMYGVYVPMMEKCATRNCIYKGFQSEKRYHRHCEDDI RKQFTFLPFDELKNIIEVAAKMSQENSVAHLRKGDDYMQSELMGKGLCTVDYVMKAIDYMRKHNNPHFY VFTDNPWCWVKDNLPEFEVILVDWNEVSGKRNFRDMQLMSCAKHNIIGNSTYSWWAAWLNANQDKIVVG PKRFFNPINSFSTCDIMCEDWISL	182
ジオバクター種M18	YP_004197 726.1	322418S03	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー タンパク質 [ジオバクター種 M18]	24.58	MIGMVIFRAYNGLGNQMFQYALGRHLALLNEAEKIDITTAFAADDPLREVELHRLKVQGSIAITPDEIAFFREM ENTHPQAYLRLTKSRLFPAILSARGNIYLHGFQWQTEKYFADIREILLDEFEPVYPAGEDSIKVLHMKATNA VALHVRSDYVSNPMTLRHHGVLPDLYREAVRRIAGMVPDPVFFISDDPQWAKDNIRLEYPAFCVDAHD ASNGHEDLRLMRNCKHFIIANSFSWWGAWLSQNTGKVVAPLKWFAKPEIDTRDIVPLQWIRI	183
リュウゲリア・ポメロイ (<i>Ruegeria pomeroyi</i>) DSS-3	YP_168S87. 1	S6698215	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [リュウゲリア・ ポメロイDSS-3]	24.57	MITTRLHGRILGNQMFQYAAARGLAARLGTQVALDTRIAESRGEGVLTFRVFDLDIAQPDQLPPLKGDGLLR HGAWRLGLAPRRERHGLGYNAAIETWDDGTYLHGYWQSERVFAHIAAIRADFAFAFNSQNAEMAA RIGDTSLSLHVRRGDYVALAAHTLCDQRYAAALTRLLEGVAGDPVYLFSDPPAWARDNALPVQKVYV DFNGPETDFEDMRMLSLCRHNIIGNSSFSWWAAWLNAPGKRIAPASWFGDAKLHNPDLPLPPDWLKIE V	184

10

20

30

40

ラクノスピラセアエ細菌 28-4	WP_01629 1997.1	511037973	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌28-4]	24.52		MIIQLAGGLGNMQQYAMYQKLSLGGKVKLDISWFEENRQKNVYARRELENYFKAEYEAETEERKA LVGEGFAGKIGKLPFGTRKIFRETEMYHPEIFEDFDRLYGFACEKYADIMEIQEFVPPSPNPENQK MAERADGESVSLHIRRGDYLDAENMAMFGNICTEYAGAIEMKKIYPSAHFFVSDDIPYAKETYSGEEF TVVDINRGKDSFFDIWLMMSGCRHNICANSTFSFWGARLNRNKGKVMRPFHKNQSKFEPELMHELWKG WVFDNRGNIC	185
ブレボテラ種 CAG:1092	WP_02198 9703.1	547254188	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [ブレボテラ種 CAG:1092]	24.49		MRILVFTGGLGNQMFEYAFYKHLKSCFPKESFYGHYGVKLEHYGLEINKWFDVTLPPAKWWTLVPVGLFYL YKILVPSKWLDFQREWKHKDAKVFPFKFTQYFPKENGWLKWKYDEASLCEKNKLLQVIHDEETCFV HVRRGDYLASNFKSIFEGCCITLDYYKRALEYMNKNIPKVRFCFSDDLLEWMRKNLPMDDSAIYVDWNTGT DSPLDMYMSQCDNGIANSFSYWGAYLGGKTTVIYPQKWWNMEGGNPNIIFMDEWLGM	186
スピロソーマ・ルテウム (Spirosoma luteum)	WP_01861 8567.1	517447743	タンパク質 [スピロソーマ・ ルテウム]	24.41		MVISLGGGLGNQLFQYAFGLKLAALQQLTELRLERHLLSKAIARLRQYTPRTYELDTFGVEAPAASLMDTVS CLSRVALSDKTALLRESTLTTPNAINNLNRVRDVWCLGYWQSEEFYFRPATEQLRHLVFRKNPAQSRSMAD TILSCQNAAFVHIRRGDVTNTNTHANQHHLGCDVSYRRACEYKCPDVQFFVSDPDWAKRELGIHLQP ARFIDHNRGADSWQDMYLMSLCRHAIVANSFSWVGAWLNPVAERLVVAPGQWVFNQPVLSQQIIPPH WHCL	187
マリノモナス・ポシドニカ (Marinomonas posidonica) IVIA-Po-181; マリノモナス・ポシドニカ	YP_004480 472.1	333906886	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [マリノモナス・ ポシドニカ IVIA-Po-181]	24.34		MIIVDSGGLGNMQFYACARSLSELNLPKVVYGLASQTVHNGYELNRVFGDLFATENDMQKNLGF LSKPLRKIFSKKPLNNLKFNFFPENSFNYSLSFYIKDSGLQGYWQTEKYELNHKSQILKDFCFVNMDDDE TNISANDIQSGHSISIHVRRGDYLTLNKAIAHGHCSLDYYLKAIEFLQEKIGESRLIFSDDPWVSENIATRFS DVSVIQHNRGVKSFDNMRMLMSMCDHHIANSSFSWWGAWLNPQNKKIAPKNWVFTDKMNTIDILIPSS WILK	188
バクテロイデス; バクテロイデス種 4_3_47FAA; バクテロイデス種 3_1_40A; バクテロイデス・ ドレイ5.1.36/D4; バクテロイデス・ ブルガタスPC510; バクテロイデス・ ドレイQL03T12FC01; バクテロイデス・ ブルガタスdnLK7	WP_00583 9979.1	492425792	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [バクテロイデス]	24.32		MKIVFKGGLGNQLFQYAFYKLSRKDETFYFNDAWYNVSHNGFELDKYFKTDDLKCCSRFWILFKTILSKL YHWKIVVGVSEYQYPNHLFOAGYFLDKKYDENTIDFKHLLSEKNQSLKDIQNSNSGVHRRGDYMTK QNLVIFGNICTQKYYHDAIRITEKVNDAVVFVSDDISWVQTHLIDIPNAVYVNWNTGESSYDMVYLMSSCKY NIANSTFSYWAARLNKKTNMVYPSKWNFTFTDIFPESWCGI	189

10

20

30

40

カンジダタス・ ペラギバクター・ ユビーク (<i>Candidatus Pelagibacter ubique</i>)	WP_02016 9431.1	519013556	タンパク質 [カンジダタス・ ペラギバクター・ ユビーク]	24.32	190
バクテロイデス種 CAG:875	WP_02235 3174.1	547952428	特徴付けられて いない タンパク質 [バクテロイデス種 CAG:875]	24.29	191
ブチリブリオ・ フィブリノルペンス	WP_02275 6327.1	551011911	タンパク質 [ブチリブリオ・ フィブリノルペンス]	24.29	192
ロセブリア・ホミニス (<i>Roseburia hominis</i>) ; ロセブリア・ホミニス A2-183	YP_004839 455.1	347532692	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー タンパク質 [ロセブリア・ ホミニスA2-183]	24.22	193
ロドピレラ・ ユーロバエア ; ロドピレラ・ ユーロバエア60	WP_00865 9200.1	495934621	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [ロドピレラ・ ユーロバエア]	24.16	194
ルダネラ・ルテア (<i>Rudanelia lutea</i>)	WP_01998 8573.1	518832653	タンパク質 [ルダネラ・ルテア]	24.16	195

10

20

30

40

バクテロイデス； カブノシトフアガ (Capnocytophaga) 種； 口腔分属群329株F0087； パラブレボテラ・クララ (Paraprevotella clara) YIT 11840	WP_00861 8094.1	495893515	グリコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス]	24.15		MRLLKMTGGGLGNQMFYAMYLKMKITFPDVRIDLSDMVHYQVHYGYEMNKVFHLPRTTEFCINRSLKKIIEFL LFKTLILERKOGSLVPYTRKYHWPWIVFKGYSEKYFAGIEKEVREAFVDIRRASRRSLRAMQEIKAADPHA VSIHVRRGDYLLKHKWALGICQSSYYLNALEKRVKHPHYVFSEDLNWVRQNLPLIKAEFIDWNKGE DSWQDMLMISHCRHHICNSTFSWWGAWLNPLPKIVIAPIERWTQTITDSADVVPESWLVKVSIG	196
スマラダジゴッコス・ ニイガテンジス (Smaragdilococcus niiigatensis)	WP_01815 9152.1	516906936	タンパク質 [スマラダジゴッコス ・ニイガテンジス]	24.08		MADVVTLAGLGNQLFQTAYAKNLEARGHRVTLDTGVVRWTRGLHDQICGLKILNATPPAPVPGRLLAA TVLRRALATRLRFGPDGRIVRTQRTLEFDEQYLNLSFGYRVEGYWQCERYFSDVGQTVRKVFLDMLGRH VSYNGLSRLPAMADPSSISLHVRRGDYVTANFIDPLALEYERALELAVPSPIFVFSDDLWDWATRELGRCD VIPVEPDWTSHPGGEIFLMSQCSSHIANSSFSWWGAWLDGR TSSRWAPRQWFSLETYSARDIVPDRWT KV	197
バクテロイデス・ フラジリス CAG:558	WP_02201 2576.1	547279005	ファミリー11 グリコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ フラジリスCAG:558]	24.05		MIHLUGGLGNQMFQYAFARSLALQYNENISFNTILYKELKNEERSFSLGHLNINTMCIVETPDENKRIWELF NKQIFHQIARKILPASIRWWMMSNRNIVANVCGPYKYHPRHRSQNTTIHGGFQSWKYFKEHQSMIAE LKVITPISPNKKILKEIQNSNSICVHIRRGDFLSAQFSPHLEVCNKDYKAIKMISSQIENPTFFIFSNTHEIDL WIRKNYNIPQNSVYVDLNNPDYEELRLMYNCKHFILSNSSFSWWAQYLSKKNKIIAPKIWDKRKIGIDFSDIY MPEWIIIK	198
デスルホビブリオ・ デスルフリカンス (Desulfovibrio desulfuricans)	WP_02265 7592.1	550904402	タンパク質 [デスルホビブリオ・ デスルフリカンス]	24.05		MSFSIDVAAIQRMALVKVDGGLGSLQMWQYALSLAVGKSSFTVKHDLWSFRHYAKDIRGIENRFFILNSVFT NINILRLASENERLFFHIALNRYPDSCINCFDPIALQPTTYLGGYVNAQYVTSAEKEIREAYFAPAVEESNQA MLQTIHAAPMPVAVHVRRGDYIGSMHEVLTPLYFERAFKILAAALQPKPTFFVFSNGMEWTKKAFAGLPYD FVYVDANDNDNDNVAGDLFLMTQCKHFTISNSSLWWGAWLSQRAENKTVIMPSKWRRGGKSPIPGECMRV EGWHMCPVE	199
ホエフレア・ フォトロフィカ (Hoeftlea phototrophica) ；ホエフレア・ フォトロフィカDFL-43	WP_00719 9917.1	494373839	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [ホエフレア・ フォトロフィカ]	24.05		MHGGGLGNQLFYAVGRAVALRTGSELLDTREFTSSNPFPQYDLGHFSIAQKAVANSSELPPGKNRPLAYAW WRKFGRSPRFVREQDLGVNARIETIEADCYLHGYSQKQYFEDIASILWKDLSFRQAISGENASMAERIQSAP SVSMHIRRGDYLTSAKARSTHGAPDLGYGRALGEIRARSGSDPVVYLFSDDDWVYRNNMRMDANLVTVA INDGKTAFEDRLMSLCDHNIIVNSTFSWWGAWLNP SLDKIVVAPKRWFAADPKLSNPDTTPPGWLRGSD	200
コレラ菌； コレラ菌01株 87395	WP_00203 0616.1	487957217	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [コレラ菌]	24.04		MKISFSGGLGNQLFYAFYLYLKDNDSDFGNIFLDFSFYESQNKRDVIRNFYGVDSLDIIKQSSVYVRGKFLILKL INKFRFFNNLEFVDKENGLEDTELSTNKNVFDGYWQSYRYKDYKSNIKELFSFYDFKGNILEVRKKICQSNV CMHVRRGDYVAEKNTKLVHGVCSLQYRRDALNNIKNVDNSIDHIFISDIDWVKNNISFDIPTVTVDFVGQ SVDPDYAEMLLFSCGKHVKVIANSTFSWWGAFSLDRNGVIVSPKKWFAKEEKNYDEIFIEGSLRL	201

10

20

30

40

ラクノスピラセアエ細菌 NK4A179	WP_02278 4718.1	551041074	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌NK4A179]	24.03	202	MIIVFRGGMGNGMFQYAFRLYLEMKGATLKADLSEFKCMKTHAGYELDKAFDLHPAEASYKEIRAVADYI PVMHRFPFSRKVFEILYKKETRVEAEGPKSHISEEKYFDMSEDLHLASSEDLYMDGFWKIPDMYDDE VLKCTFSKTLDEKYGKGTIEHSCSVHVRGDDYTGTLGDLGKEYEKAELKILSEADADVKFYVFSDDREKAEL LLSPFMKKMVFCDTPASHAYDDMYLMSRCRHHIANSTFSFWGARLSADKSGITICPKYEDKNNTANRLVHE GWQML
セセムビア・ ロナレンシス (<i>Decumbia lonarensis</i>) ; セセムビア・ ロナレンシスLW9	WP_00918 5692.1	496476931	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [セセムビア・ ロナレンシス]	24.01	203	MIIMKFMGGGLGNQYQYALGRKSELHNSFLASDIHIYKNDPDRFVLDKFNIVKHLPWVKVILNSDYALKF DKVFHTEFYHELVELEKSKDIPRKNNLYLRGSGWGNRYEYEDIDKIDEITLKEKFKTKDFTNTNKKVKNDS VGIHRRGDYKVAHKNFYGLLPPSYSAADVDFGNRIEKSFFISDDTDWKENLPFLKDSFFVSDIIGSVD YLEFELKNCKHQIANSTFSWAAARLNSNPAAKIVIKPRWFADDRQQAQVYIEDSYIKEAIKL
バクテロイデス・ オバータス ; バクテロイデス・ オバータスAT008483	WP_00429 5547.1	490423336	タンパク質 [バクテロイデス・ オバータス]	24	204	MKIVNIIIGGLGNQMFIYAMYALKEAHPEEEILLCRSYKGYPLHNGYELERFGEAPEAALSQARVAYPF FNYKSWQLMRHFLPLRKSMASGTTQIPFDYSEVTRNDNVYDGYWQNEKNFLIRDKVIAKFTFPEFRDEK NKALSDKLKSVKTASCHIRRGDYLPDIYGVCSNDYYTTRAITELNQSVDPMYCFISDDIGWCKENFKFLIGDK EVVFDWNKQGESFYDMQLMSLCHYNIANSFSWWGAWLNNDDKVVVAPERWMINKLENDPICDN WKRIKVE
バクテロイデス・ コプロコラ (<i>Bacteroides coprocola</i>) CAG:162	WP_02212 5287.1	547668508	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [バクテロイデス・ コプロコラ CAG:162]	23.99	205	MRLIKMTGGGLGNQMFIYAFYLRMKKYPKYRIDLSMMHYHHYHGYEMNRVFPALPHTFCINRTLKLME FLCKVYERKQKNGSMEAFKKYAWPLIYKGFYQSERFFADIEDDVRKTCFNMELNSRSREMMKIIDAD EHAVSIHRRGDYLLPKFWANAGVCQLPYKNAITELEKHESTPSFYFSDDIWVQNLISLPNAHYIDWN QGNDSWQDMMLMSHCRNHIICNSTFSWWGAWLNPKNKTVIVPSRWFMEETPYIYVPSWIKVPIN
バクテロイデス・ ドレイ ; バクテロイデス ・ドレイDSM 17855 ; バクテロイデス・ ドレイQL03T12001	WP_00783 5585.1	495110765	グリコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス・ ドレイ]	23.99	206	MRLIKVTGGGLGNQMFIYAFYLRMKKYPKYRIDLSMMHYKHVYHGYEMHVRVFKLPHTFCINQPLKKIEFLF FKKIYERQAPNSLRAFEKKYFWPLLYKGFYQSERFFADIKDEVEAFTEFRSKANSRSLDMLDILDKDENV SLHRRGDYLPQKHWAATTSVQQLPYQNAIAEMSKRVTSFYFSDDIWVRENLPQNAVVIDWNTGE DSWQDMMLMSHCKHHICNSTFSWWGAWLNPISDKTIVIVPSRWFQYSETPDIYPTGWIKVPVD
バクテロイデス ; バクテロイデス・ インテスティナリス (<i>Bacteroides intestinalis</i>) DSM 17393 ; バクテロイデス・ インテスティナリスCAG:564	WP_00766 2951.1	494936920	タンパク質 [バクテロイデス]	23.97	207	MIIVRWGGLGNQLFQYSFGQYLEIETDKKVFYDVASFSGTSDQLRKLCSFIPDIPLYNAYFTRYTGKVNRLF KALFQWSNTYLSSEMFIDICLKARGKIFLQGYWQEEKYATYFPMQKVLSEWKPNVLSLEENIRSAKISVS LHVRRGDYFSPKNINVGVCTEKYEQADRANSEIEEDKQFFVSDDILWVKNHVSLPESTVFPNHEISQFA YIYLSLCKVNIISNSTFSWWGAYLNQHKNLQVLAPSRWTFSTNKTALDSWTKI

10

20

30

40

ラクノスピラセアエ 細菌A4	WP_01628 3022.1	511028838	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌A4]	23.95	208
ファエオバクター・ ガラエシエンシス (<i>Phaeobacter gallaeciensis</i>) ; ファエオバクター・ ガラエシエンシスDSM 17395 = CIP 105210	YP_006574 665.1	399994425	タンパク質 P6A1_c33070 [ファエオバクター・ ガラエシエンシス DSM 17395 = CIP 105210]	23.91	209
ファーマイクテス細菌 CAG:791	WP_02184 9028.1	546362318	タンパク質 [ファーマイクテス 細菌 CAG:791]	23.88	210
ブチリビブリオ・ プロテオクラスティカス; ブチリビブリオ・ プロテオクラスティカス B316	YP_003829 733.1	302669773	グリコシル トランスフェラーゼII [ブチリビブリオ・ プロテオクラスティカス B316]	23.84	211
バクテロイデス種 2.1_16	WP_00876 8245.1	496043738	タンパク質 [バクテロイデス種 2.1_16]	23.81	212

10

20

30

40

デスルホミクロビウム・ バクラタム (<i>Desulfomicrobium baculatum</i>) ; デスルホミクロビウム・ バクラタム DSM 4028	YP_003159 045.1	256830317	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [デスルホミクロビウム ・バクラタム DSM 4028]	23.76	>gi 256830317 ref YP_003159045.1 glycosyl transferase family protein [Desulfomicrobium baculatum DSM 4028]MAKIVTRIMGGIGNQLFCYAAARRLALVNHAELVDDVTGFSRDRVYRRRYMLDHFNISARKATNYE RMEPFERYRGLAKYSKLPFFEREYIEQERIEFDPFLRYRTYNNIYDGLWQSENYFKDVEDIIRDDLKIIPPT DLENIIAKKIKNIQNTIAMHVRWFDLPLGINLGNVSTYYHRAIAMMEQRINAPHYFLFSDNLEAVHFKLD LPEGRVTFVSNNDGDDNAYADLWLMSCQKHFTANSTFSWWGAWLGESRDSVVLVPRFSPDGGVTSWC FTGLPERWEQVSSIR	213
プレボテラ・ プレウリチーディス (<i>Prevotella pleuritidis</i>) ; プレボテラ・ プレウリチーディス F0068	WP_02158 4236.1	545304945	ガラクトシド2- アルファ-L-フコシル トランスフェラーゼ [プレボテラ・ プレウリチーディス]	23.76	MDIVLFNGLGNQMSQAFYAKRQRNNHTVYCVFGPRTQYSLDKLFDIPYRHNAVLLYRALDKAHFSN HRWLRRLRPTLLQGVKMIVEPLSRDFDMRHFTQKGVFYRGGWHSSEINFTAVADAVKRRFRFPEIQDA AVLAVIDRIKSCOSVSLHLRRGDYLGSEFGQVCTEAYEHAIAFYFESQIESPEYFVSDDDPTYAREQFGADPNF HIIDLNHGEDAWCDLLMMTQCRYNIIANSTFSWWGAWLNDNP SKIVVHPRYHLNGVETRDYFPRNWICIE	214
バクテロイデス種 1_1_14	WP_00876 3191.1	496038684	グリコシル トランスフェラーゼ、 ファミリー11 [バクテロイデス種 1_1_14]	23.75	MKVIWFNGLGNQVFYCKYKEFLHNKYPNETIKYNSRSPKICVEQYFRLSLPDRIDSKVRVFEFLGKFFR RIPLKFPKWYCTRKSLNYESYFEHYLQDKSFFEKEDSSWLKAKPDNFSEKYLIFENLJCNNTNSVAVHIRRGD YIKPGSDYEDLSATDYEQAKKATEVYLDSCQFFSDDLEFVKNNHFGDNIIYVDCNRGADSYLDILLMSQAK INIINASTFSYWGAYMNHKKVMYSDDLWFRNESGRQMPNIMLDSWICETKRK	215
アグロマイセス・ サブベティカス (<i>Agromyces subbeticus</i>)	WP_02289 3737.1	551273588	タンパク質 [アグロマイセス・ サブベティカス]	23.65	MVGRVGIARRQAAADVSTDGEGLVAWRIRTEIVLGQGGIGNQLFEWAFAMALRSIGRRVLFDAVRCRG DRPLMIGPLPASDWLAAPVGLALAGATKAGLLSDRSWPRLVRRRSGYDPSVLERGGTSYLLGTGFSQARY FDGVEHEVRAAVRALLEGMLTPSGRRFADELADPHRAVHVRRGDYVSDPNAAVRHGVLGAGYDQAL EHAALGHVRRVWFSDDDLWVREHLARDDDLCPADATRHDDGGEIALLASCATRIANSFESFWSWGGWLG APSSPAHPVIAPSTWFAHGHSDAELVPRDWYRL	216
プレボテラ・サリバエ ; プレボテラ・サリバエ DSM 15606	WP_00713 3870.1	494220705	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [プレボテラ・ サリバエ]	23.59	MIATTLFGGLGNQMFIYATAKALSILHYRTPMAFNLRRQGFQDYKYQRHLELHFKCQLPTAKWITFNYKGE LNKISRIGRNLCPHYQFKEPEPHYEKRLFEFTKNFLEGYWSQSPRYFENYSDERDFQLKSLPHTITD ELQMLKGTGKPLVLMGIRRYQEVKDKKDSYPLCNKDYAKASHVQEQLPAPLEFWFTQEQAWAMNNLP TNANLYFVKEKDNAWATIADMYLMTQCQCHAIISNSTFYWWGAWLQHPHENHIVVAPNNFINRDCVCDN WILD	217

10

20

30

40

カルノバクテリウム (Carnobacterium) 種 WNI359	YP_008718 687.1	554649641	グリコシル トランスフェラーゼ [カルノバクテリウム種 WNI359]	23.57	MIFVDLSEGLGNQMFQYAYSRYLQELYGLTYLNTSSFRKKNRSYSLNFFLYENVVLPKSPFRFRRVYNYFSK TIRMFKKVIRMNPPYSDKYFSPMPYGFVYSSQVFKYLTVPPTTKRHNIFFMGVWQTNKYVQSINDKIDELKV KTEPNELNKKLITEINSQSVCHIRLIGDYNPEFDYLVHCTSDYLLKGMDDYVSKYKEPNFYIFSNSSSDIEWI KNNYNFKYKVKYIDLNNPDFEDFLMYNCKHFISNSTFSWWAQLSNDDKKIIVAPSKWQKSNEAKDIY LDHWKLEIE	218
プチリビブリオ種 AD3002	WP_02276 2290.1	551018062	グリコシル トランスフェラーゼ [プチリビブリオ種 AD3002]	23.55	MLIQIAGGLGNMQQYAMRYKLLKAGADRNIKLDTKWFEDEKOSGVLAKRKLELEYFTGLPLPVCESERA RFTDRSVARKVVEKLVPGMGSRFTSCMYHPEIFELKDKYIEGYACQKYDDIMGELQELFVFPPTHPDEEINI KNMNLMMEMEMVPSVSVHRRGDYLDPENAAALFGNIATDAYDSAMEYFKAIDPDTHFYIFTNDPPEYAREK YADPGRYTIVDHNTGKYSLLDIQLMSHCRGNICANSTFSFWGARLNRKDKIPVRTLVMRNQNPVTPPELMH EYWPGWVLVDKDGKVR	219
クロストリジウム種 KLE1755	WP_02163 6935.1	545396682	グリコシル トランスフェラーゼ、 ファミリー11 [クロストリジウム種 KLE1755]	23.55	MIVIRVMGGLGNMQQYALYEKFKALGKETRIKLDTSWFDNASMQENVLARRSLERFFDNLTYEACTPQER EALLGKEGFNKLKLPFSKNKHFESEMFHPEIFKLDNVYLEGHWACEKYHDMIPLOKSIIPKTDNIQN NMILKNMSENSESVSHIRRGDYLDPENAAAMFGGICTDSYKSAEGYIRNRVTNPHFYLFSDDPAYLREHYKG EETVVDWNHIGADSFYDMELMSCCKHNVCANSTFSFWGARLNRTEKKVIRPAKHKNSSQQAEPERMHEL WENWVIIDEGRIV	220
バクテロイデス： バクテロイデス・ ブルガタスATCC 8482； バクテロイデス・トレイ DSM 17855； バクテロイデス・ マツシロイデス (Bacteroides massiliensis) dnlKV3	YP_001300 694.1	150005950	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリータンパク質 [バクテロイデス・ ブルガタス ATCC 8482]	23.47	MKFFVFGGGLGNLQFYSYRYLKKYPSEIRLGIYDPSLKAHNGIEIDKWFDIELPPTSLYNKLGLLYRYNRF LYNHGVRLLFCNRVYVPSQSMKHFFQWGDWQDYSIKQINIFERSELPIGKENMEFLKKNMETCNSISVHIRRG DYLKTDLIHYGGICTSKYYREAIKMEQEVEEPFFFSDDCLYVETEFADIRNKIIISHNRDRSFFDMYLMMAH AKNMILANSTFSCWAAVLRNRTAKIITPDRWVNTDFSKLEALPNEWIKIRV	221
パラプレボテラ・ キシラニフィラ (Paraprevotella xylaniphila)； パラプレボテラ・ キシラニフィラ YIT 11841	WP_00862 6629.1	495902050	グリコシル トランスフェラーゼ [パラプレボテラ・ キシラニフィラ]	23.47	MRLIKMTGGLGNQMFYAMYLKMRVFPDTRIDLSDMVHYRVHYGYEMNKVFNLPRTFRINRSLKKIEEL LFKTLIRKQGGSLVPYIRKYHWPWYIFKGFYQSEEFAGVEKEVEAFVDRVRNRKSLCAMQEMADPD AVSIHVRRGDYLQGHKHWKSLGCICQSRYYLNLSELEKRVHPHYVFESELDWVRQYLPLENVAFIDWNKG EDSWQDMMMLMSHCRHHICNSTFSWWGAWLNPSPDKVIAFERWTQTTSADVVVPESWLKVSIG	222
サウエラ(Thaurea)種28	WP_00293 0798.1	489020296	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー タンパク質 [サウエラ種28]	23.47	MTDRALLIAVKGGLGNLFYAAAAAMALRTGRQLYLDVAVRGYLDADDYGRSFRNLNRPFIEAELMPEQWRVA STLRHPRAKLVRALNKYLPEAWRFYVAERGDTRPGALWNHGRNVKRVTLMGYVWQDEAYFLDYAELLRREL GPPMPDAPEVRARGERFAGTESVFLHVRRCRYSPLLDAGYYQKAVDLACAEINLPVFMIFGDDIEWVWVNI DFRGAGYERQDYDESDELADLWMLTRCHAILIANSFSSWWAAWLGGAAGSRHRHVWAPGQSGGLKCKAK SWEAVDAQPE	223

10

20

30

40

サブドリグラヌラム・ バリアビル (<i>Subdoligranulum</i> variabile) ; サブドリグラヌラム・ バリアビルDSM 15176	WP_00704 8308.1	494107522	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [サブドリグラヌラム ・バリアビル]	23.44		MIYELAGGLGNQMFIYAFARALGIRCGEAVTLDRQDWRDGAHAHTACALEGLNVPEVKILAEPGFAGR HLPRQNTAKALMIKYEQRQGLMARDWHDWERRCAPVLNLLGLHFATDGYTPVRRGPARDFLAWGYFQS EAYFADFAPTIRAEIRAKOAPAGVWAEKIRAAACPVVALHLRGDYCRPENEILQVCSPAYYARAAAAAAAY PEATLFFSDIDWAKEHLDTAGLPAVWMPRGDAVGDLNLMALCRGFIILNSTYSWVAQYLAGEGRTV WAPDRWFAHTKOTALYOPGWHLIETR	224
ファーマイクテス細菌 CAG:24	WP_02191 6223.1	547127527	タンパク質 [ファーマイクテス 細菌 CAG:24]	23.4		MIIEVMGGLGNQMQQYALYRKLESLGKDARLDVSWFLDKERQTKVLASRKLELSWFENLPKYCTQEEK QAILGKNNLIGLKKLLGSSNRHFTESDMYHPEIFDLEDAYLSGFWACEAYYADILPMLRSQIHFPDPEKE GWDLEAAAKNKETMERMKQETSVSHIRRGDYLDAKNAEMFGGICTDAYEAAISYKEQTPDAHFYVFS DSAYKNAYPGKEFTVDWNTGKNSLFDMLMSSCCNHICANSTFSFWGARLNPSDKVMIRPSKHKNS QNIIVPEEMKRLWDGWVLDGKGRII	225
プレボテラ種 CAG:474	WP_02231 0139.1	547906803	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [プレボテラ種 CAG:474]	23.39		MIITKNGGLGNQLFEYACARNLQKYNDVLYLDIEGFKRSPRHSYLEKFLSSDVRMLPEKDSKSLILQAISK LNRNLAFKGLPLFGTYIWKSSNVRPLIKNTRGKLYLYGYWQSYEYFENEAIKQELNVKTEPIECSELLKEIN KPHSICVHVRRGDYVSCGFLHCEAYYNRGINHFDKHPDSNVVVFSDDIKWVKANNMNFDPVAVVEVDV PDYETRLRMVYMCKHFVMSNSFSWASYSNKEKIVVAPSVWLPANKDNKSMYLDNWTIL	226
ロセブリア・ インテスティナリス (<i>Roseburia</i> intestinalis) ; ロセブリア・ インテスティナリス L1-82	WP_00685 5899.1	493910390	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [ロセブリア・ インテスティナリス]	23.38		intestinalis]MRGNRGMIAVKIGDGMGNQLFNACGYAAQARRDGSLSLVDISECDNSTLRDFELDKHLKY DKKESFPNRNLGQKIYNLRALKYHVIKEREVYHNRDHRDYDNDIDPRVYKKGLRNKLYGYWQHLAYFE DYLDEITAMMTPAYEQSETVKLQEEFKKTPTCVAVHVRGGDIMGPAGAYFKHAMERMEQEKPGVRYIVFT NDMERAEALAPVLESQKDAVGQAEANRLEFVSEMGEFSDVDEFFLMAACQNQLSNSTFSTWAAAYLNQN PDKTVIMPDDLLSERMRQKNWILK	227
バクテロイデス・ オバータス ; バクテロイデス・ オバータス ATCC 8483	WP_00429 6622.1	490424433	タンパク質 [バクテロイデス・ オバータス]	23.29		MKIVLFTPLGNQMFLYLYLRDNYPNQNIYGNRNILNKHNGLEVSKVFDIQLPHTVISDASAFFIRA LGGGLKYFIGDKQLSPWKVYFDGYWQNKKEYFQNNVDKMRFRFEGFLNKKNDLILRNNTNSVSVHVRRG DYCDSCRDLFLQSCPTQYYESAISVMKEFKQPVFFVSDDIPWVKVNLINIPNAYYIDWNKKENSYLDMYL MSLCTASIANSTFSFWGAMLGNNKELVJKPKKWIGDEIPEIFPPSWLSL	228
ブチリビブリオ種 AE3009	WP_02277 9599.1	551035785	グリコシル トランスフェラーゼ [ブチリビブリオ種 AE3009]	23.25		MLIIQIAGGLGNQMQQYALYRKLYKHPDGVRDLDSWFDSEVQKNMLAKREFELALFKGLPYIECKPEERAA FLDRNAAQKLSGKVLKGLRDNANPNVFEESRMFHFPEIFELDNKYIIGYFACQKYVDIMGDLNLFEPPEH LDPELEKNELEISKMEKENSVSVHIRRGDYLDPENFILGNATDEYESAMKYEDRYEKVHPYIFTSDHEYA REHFADSKYTVDWNTGKDSLDQVRLMNHCLGNICANSTFSFWGARLNQRQDKVMIRTYKMIRNNQPV DPDTMHDYWKGWILDETGREV	229

10

20

30

40

ブチリビブリオ・ プロテオクラスティカス; ブチリビブリオ・ プロテオクラスティカス B316	YP_003829 712.1	302669752	グリコシル トランスフェラーゼII [ブチリビブリオ・ プロテオ クラスティカス B316]	23.23	MTKNEKKLVKFQGGGLGNQLYEFCEWLRQQYSDYEVILADLSYKIRSAHGELGIWNIFFPINIEVASNWDI IKYSDQIPIMYGGKGADRLNSVRTNVNDRFFSKRHSYITEISNTDVSEVINALLNNGIRYFDGWQNDYFKG NIEDLRNKLKFEKCDKYITDEMLRDNAVSLHVRGDDYVGSEYEKEVGLSYKAVYVLDVDRVQAKFFFS DKYYAETAFAEWIDNKTVAGYDNLAHVDMLLMSRMKNIIANSTFSLWAAVLDNSMNP LVIYPDESID KKTFSWNGIK	230
ブレボテラ・ ナンシーエーシス (Prevotella nanoeiensis)	WP_01836 2656.1	517173838	タンパク質 [ブレボテラ・ ナンシーエーシス]	23.23	MDSQFLKHILSGGFGNQLFYQFFGEYLKEKYNCISFFSEPALDINQLIHRFPALRISHNTELRPHYHSFTQ QLAYRCMRKLLLPFLNRKVKIENGSNYQNSFNQYQSDYGVYQSYRYLSAFTPSQFEDQLINDISADYIN AIEQSEAVFLHRRGDYLNKENQKFAECP LNFENAAARIKEDIKNVHFFVSNDIQWVKSHLKLNDNEVTF IQNEGNSCDLKDFYLMTRCKHAIISNSTFSWAAVYLNNSDKVIAPKHWYNDISMNNA TKDLIPTWIRL	231
リュウゲリア種R11	WP_00856 2971.1	495838392	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [リュウゲリア種 R11]	23.23	MIITRLHGRIGNQMFQYAAAGRALADRAAGVPLADSRGAILRGEGVLRVFDLELADPVHLPLKQTNPLRYA IWRGIGKVGAKPYFRERRERGLGYNPAFEDWGDNSYLHGYWQSQYFQNSAERISDFTFPAFSNQNAE MAARIAESTALSHVRRGDYLTFAAHVLCDAAYDAALAKVLDGLQGDPIVYVFSDDPQWAKDNLSLPCCK VVVDFNGPETDFEDMRMLMSLCQHNIIGNSSFSWAAWLNQTPGRRVAGPAKWFGDPKLSNPDIFFPHDW LRISV	232
ウィノグラドスキエラ・ サイクロトレランス (Winogradskyella psychrotolerans) RS-3; ウィノグラドスキエラ・ サイクロトレランス	WP_02089 5733.1	527072096	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [ウィノグラドスキエラ ・サイクロトレランス]	23.21	MGNQLYEVATAKAMAVALKKLVIDPRPILKEAPQRHYDGLNFIQDEDFGSPFYQWLVVRWVASVRLGKFF KTIMPFWSYQMIIRDKEGFDESLLQKSRNIVIEGYWQSKYFESIRPTLLKELSKFKDPNAINQKYLDEIESV NAVAVHRRGDYVANPVANAVHGLCDMDYKKAIAIKDKVENPYFFITDDPDWAEEDNFKISEHQIKHNI GKQDHEDFRLLTNCKYFIANSFSWGAWLSDYKNKIVISPNKWFNVDAVPITERIPESWIRV	233
ラクノスピラセアエ細菌 NK4A179	WP_02278 5342.1	551041720	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌NK4A179]	23.2	MITVRIDGGFGNQMFQYAFFLHLKKTITDNKISVDLNCYNPHGSGDIFTRFKLAPEQAAPSEIKRFRHNSIYHL LRPLDSAGITTPYREEDIDDLNSVLNKRYYLRGYWQDKRYPFSVKDQLIDCFDLGKMDMTGASAEENVI LEQJASEESRSVGVHLRGDDYIGDPVYSGICTPEYYEAAFKHVSEKIKDPVFHIFTNDISMIEKCGLSGKYDLKIT DINDEAHGWADLKLMISACRHHIISNSSFSWAAFLGEATTEASADVINVIPEYMRQGVSAETLRCPQWTT VTSDDRVPYS	234
ブレボテラ種、 口腔分類群317株F0108; ブレボテラ種 口腔分類群317	WP_00923 0832.1	496522549	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [ブレボテラ種 口腔分類群317]	23.13	MKIVCKGGLGNQLFEYCRYSLHRHDNRGVYLHYDRRTKQHGQGVWLDKAFHITLPNEPLRVKLLVMVLK TLRRLHLFKRLYREEDPRAVLIDYDQHKQYITNAAEILNFRPFQELDYAEIQTTPFVSVHVRGDDYLLANK SNFGVCSVHYVLSAAVAVRERHPESRFFVSDMEWAKENLNLPCVFEHAQAQPDHADLYLMSLCKGH IIANSTFSFWGAYLSKGSSAIAVPKQWFAEPTWNVDPDIFPAHWML	235

ブチリビブリオ種 XPD2006	WP_02276 5796.1	551021633	グリコシル トランスフェラーゼ [ブチリビブリオ種 XPD2006]	23.1	236
ブチリビブリオ・ フィブリンソルペンズ	WP_02275 2717.1	551008140	タンパク質 [ブチリビブリオ・ フィブリンソルペンズ]	23.08	237
シリンドロスペルモブシス・ ラシポルスキイ (<i>Cylindrospermopsis</i> <i>raciborskii</i>) ; シリンドロスペルモブシス・ ラシポルスキイCS-505	WP_00627 8973.1	493321658	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリーII [シリンドロス ペルモブシス ・ラシポルスキイ]	23.05	238
ブレボテラ・ マルチフォオルミス (<i>Prevotella</i> <i>multiformis</i>) ; ブレボテラ・ マルチフォオルミス DSM 16608	WP_00736 8154.1	494609908	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [ブレボテラ・ マルチフォオルミス]	23.05	239
バクテロイデス種 CAG:462	WP_02238 4635.1	548151455	タンパク質 [バクテロイデス種 CAG:462]	23	240

10

20

30

40

デスルホビブリオ・ アフリカヌス; デスルホビブリオ・ アフリカヌスP0S	WP_00598 4176.1	492830222	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11/ グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー6 [デスルホビブリオ ・アフリカヌス]	23	241	MRIGILYICTGKYTVFVWNHFTSCSEQHFLREHEKHYYIFTDGEIAHLCNRRVHRIEQHQHGWDPDSTLKRFFHM FERIADTLRQNSDFVFNANMVFRLRDVGKEFLPTREQALVHRHPGLRRPAWLLPYERRPESTAYIPYSGG SIYVCGVNGGYTQPYLDFVAMLRNNDIDVERGIIARWHDESHINRFRVIGHYKIGHPGVYVPPDRNLPFR IIRVIDKASVGGHTLRTGQTPPEAPEEQSKTVAKLRSQLKRPCMPRAAQDEPILARMMGGIGNQMFIYAA ARVLAERQGAQLHLDTGKSGDSIRQYDLPAFSIDAPLWHIPCGGDRIVQAWFALRHVAAGCGMPKPTMQ VLRSGFHLDQRFFSIRHSAYLIGYWQSPHYWRGHEDRVRSFDLTRFERPHIREALAAVSQPNNTISVHLRRG DFRAPKNSDKHLIDSGSYERARKLLEMTTPQSHYIFSDPEPEAQRLFAHWENTSFQPRRSQEEEDLLMSRC SASIIANSFSFWGAWLGRPKQHVIAPRMWFTRDVLMTHTYLLDLFPEKWILL
ロセブリア種 CAG:100	WP_02251 8697.1	548374190	タンパク質 [ロセブリア種 CAG:100]	22.98	242	MILIHVMGGLGNQLYQYALYEKMKSLGKVKLDTYAYNDAAGEDKEWRSLELDRFPAIEYDKATSEDRTKLL DMSGLLTAKIRKLLGRKDKTIRESEYMEIFHMDVLYGFWNCERYEDIPILLQDKLQFPISNNPRNQ CIEQMOKENAVSIHIRTDTYLTADGARYMGICTEDYYKGAMAYIEERVSNPVYIFSDDVEYAKQHYHQD NMHVVDWNSKADSIYDMQMLMSKCKHNCANSTFSMWAAARLNQNKEMIRPLHHHDNYETTTATQVKQN WKNWILLDQNGQVCE
ラクノスピラセアエ細菌 10-1 プレボテラ・ ニグレセンス (Prevotella nigrescens) ; プレボテラ・ ニグレセンスF0103	WP_02274 2385.1	550997676	タンパク質 [ラクノス ピラセアエ細菌 10-1]	22.96	243	MTMNIIRMSGGLGSOMFYALYKLKSMGKEVKFDDINEYRGEKARPIMLAVFGIEYPRATWDEITSFTDG SMDLLKRLRRKIFGRKAIEYEEQGYDPNVLFNDSMYLRGNFQSEKYQDIKEEVKKLYRFSTLEDMLRPERLY KATKACLDGIESSESGLHMYRSDSRVDGELYDICTGNYKYGAVRFQDKVPDAKFYIFSNPKWVRGWVV DLIQSQIQEGMSPSQKEMEKRFVVMVEANTTEYTGLYDMMMLMSKCKHNIISNSSFWSAWMNDHPEKV VVAPDRWSSDKEGNEIYTTGMTLVNEKGRVNYTIHENSTVK
バクテロイデス種 CAG:875	WP_02235 3235.1	547952493	タンパク質 [プレボテラ・ ニグレセンス]	22.96	244	MILSYITGRIGNQLFEYAYARSLLKRGKNEULNFSVLAAGKEIEGDDNLRYFNVSYTELDKDVLKSGDL LQLFYILFKLDQKLFRRIKKEKWFSEFRFGIIFQDYLDNISNLIIPRTKNVFCYKYNPKYFDDIRSILLKEFTPRI PPLKNNDLQYSVIESTNSVCISIRRGDFELCDKFKDRFLVCDKEYLEAMEEAKKRISNSTFIFFSDDIEWVRENIH SDVPCYYESGKDPVWEKLRMLMYSCKHFIISNSTFSWAAQYLSRNEEKVVIAPDRWSNVNVPGEKSFLSNSFIKI PIGILP
			ニコチン トランスフェラーゼ ファミリー11/ ニコチン トランスフェラーゼ ファミリー6 [バクテロイデス種 CAG:875]	22.95	245	MIYVEINGRLGNMFEIAAKSLTDEVTLWCKGDWQLNCIKMYSDDLTKNYPVKSIPNNIRIYEEFEFTFHPH PYKENQDLLIKGYFQSVKYLDEKVLKLYPCMPVPVKLDIEKRFGLDSQYTVSINVRG DYLNLPHRHPFVGK KFLERAMLWFGDKVHYIISDDIEWCKAHFKQFDNVHYLTNSYPLDLDTQIOTACHHNIISNSSFWSWWGAYLN NHPQKIV/APHRWFGMSTNINTQDLLPPEWMIEQCQVPEPKVFLKALPLHAKYLLKRVLK

10

20

30

40

ブレボテラ種口腔分群 299株F0039; ブレボテラ種口腔分群 299	YP_008444 280.1	532354444	タンパク質 HMPREF0669_00176 [ブレボテラ種 口腔分群299株 F0039]	22.9	MDSQLLKHILSGGFGNQLFYFFGEYLKYNCSISFFSEPALDINQLJHRFFPTLRISHNTELRFRHVAFTQ QLAYRCMRKLLLPFLNRKVIENGSNYQNSFNDTYCFDGYWQSYRYSAPTSQFEDQLINDISADYIN AIEQSEAVFLHRRGDYLNKENQKFAECPNLYFENAVNKIEGKNTYHFFVFSNDIEWVKCHLKLNNNEVTF IQNEGSSCDLKDFYLMTRCKHAISNSTFSWAAAYLINNDKKVIAPKRWYNDLSMNNATKDLIPTWIRL	246
パラブレボテラ・ キシラニフィラ; パラブレボテラ・ キシラニフィラ YIT 11841	WP_00862 8783.1	495904204	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [パラブレボテラ・ キシラニフィラ]	22.87	MKIVCLKGLGNQMFYCRFRDLMDSGNGKVLYFYDRRLKQHDGLRSDCFEELPSCPWGIRLVVWGL KICRAIGVLRKYLDDEKPDVLDYDQHRFPNARRYFSRFLAELQSGFVQMIRAVDPVSVHVRGGDY LHPSNSSVLCGVDFYFQAIAYVRKRRP DARFFFSDDMEWRENLMEDAVYVEHTELMPDYMIDLIM TLCRGHIISNSTFSFWGAYLAVDGNMGKIYPRRWRFRDPTWTPTPIFSEEWVGL	247
デチオスルホビブリオ・ ベプサドボランズ (<i>Dethiosulfovibrio</i> <i>peptidovorans</i>); デチオスルホビブリオ・ ベプサドボランズ DSM 11002	WP_00565 8864.1	491897177	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [デチオスルホ ビブリオ ・ベプサド ボランズ]	22.84	MFQYAFGRALDLGLDLISNFGSDSRPFSIGYSLTKNIPFGCYLSTSLRKVKMTKLLRRWGVWGMID KNMPGVLVEPPPPVLVSLDEVLSKLSHLFVDGYWQSEKYSRYSDVIRSDFRVIESSAF LAWKKRMLSEPG GSISVHVRGGDYVTDSSANRVHGVLPYLYLRAKEILNTISDGLVYVFTDPVWARNLCLGDKTIVSGEDL KDYEEALAMSCDDHHVAVANSFSWGWGLGQDTSTVTIAPGRWFRKMDSSVFPDNNWIKIWT	248
ラクノスピラセアエ 細菌10-1	WP_01622 9292.1	510896192	タンパク質 [ラクノス ピラセアエ細菌 10-1]	22.83	MIIIVMGGILGNLQOQYALYRKVFRMGKEARLDSWFLDKEKRGVLAERELELDYFDRLIYETCTPEEKEQLI GSEGVAGKLKRKFLPGRIWVHESKIYHPELLQNMENMYLSGVFACEKYADILYDLREKIQFPVNDHPKNIKM AQEMQERESVHLRRGDYLDKNTAMFGNICTDAYYCKAIEYMKTLCSKPHFYFSDDIPYVRQRTTGEYF VVDINHGRDSFFDMWLMSCRHNICANSTFSFWGARLNSNDNKIMIRPTIHKNSQVVFVKEEMEQLWPG WKFSIPDGGIK	249
トレボネマ・ マルトフィラム (<i>Treponema</i> <i>mallophilum</i>); トレボネマ・ マルトフィラム ATCC 51939	WP_01652 5279.1	513872223	タンパク質 [トレボネマ・ マルトフィラム]	22.82	MFCAAFVEALKHAGQKVFVDTSLYNKGTVRSGLDFCHNGLETEHLFGIKFDEADKADVHRLSTSAGELLNRI RKYFTKTHYIDTVFRYTPVELSDKSDRYLEGFWQTEKYFLPIESDIITLFRFQPLSEKSAVQSAALQAQEPAS LSASHVRRGDFLHTKLTNLVCTETYNNAIEYAAKYAVSAFYFSDDIQWCREHLNFFGARSVIDWNIGAD SWQDMVLMSCMCRNIIANSFSWWAAW/LNAASDKIV/LAPAIWNRRLQLEYADRYGYDYSDVIPETWIRIP I	250
バクテロイデス・ マッシリエンシス; バクテロイデス・ マッシリエンシスdnlKV3	WP_01627 6676.1	511022363	タンパク質 [バクテロイデス ・マッシリエンシス]	22.79	MKLVSFTAGLGNLQFYCYFYRLNKFPEKNIYGYNNKKWLKHHGGIIIEHFFDVKLPRSTRWINLYGQYLRIY KCFSCGVSKDDDFEMNRTMFVGYWQDQCFFSGINISYKKNLVISEKNTWLGLKCNVAIHFRGRGYMLP QFKKIFGEVCTKYLYLSIRKKEEKISEPVFEVSDIDWVKQNFTEKVFVDWVWNGQNSFWDMYLMSSQC SANIIANSTFSFWGAYLKNKNPFIYYPQKWVVRTNLKQNPFIKPTWMAL	251

10

20

30

40

エンテロコッカス・ ファエシウム (<i>Enterococcus faecium</i>) : エンテロコッカス・ ファエシウムD0 ; エンテロコッカス・ ファエシウムEnGen0035	YP_006376 560.1	389869137	ファミリー11 グリコシル トランスフェラーゼ [エンテロコッカス ・ファエシウムD0]	22.71	MIVLTGGGLGNMQFYGYARYIQIHREKFIYINDSEVKEADRFNSLGNLNTVNKIVLPRIISKPLNETERLV RKIMVRLFGVAGFNESAIFQSLNKFYIHPSPYKFYSLKTGPFIKIEGGFQSWKYLETCEPKQLRVKYEY MGENLRLLNLISOSVSVHRRGDYLSPKYKHLNVCDYQYFESMNYISKLNNPTFFIFSNSTDDLDWKEN YSLPGKIVVKNNDNPDYEELRLMYSCKHFIISNSTFSWWAQYLSNNSGIVIAPEIWNRLNHDGIADLYMPNW ITMKVNR	252
バクテロイデス ; バクテロイデス種2_1_22 ; バクテロイデス種2_2_4 ; バクテロイデス種D1 ; バクテロイデス・ キシラニソルベンスSD CC 2a ; バクテロイデス・ キシラニソルベンスSD CC 1b ; バクテロイデス・ オバータスCAG-22	WP_00431 3284.1	490442319	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [バクテロイデス]	22.67	MDVVIFNGLGNMQSQYAYYLAKKKVNPNTKVIDIMSKHNHYGYDLERAFGIEVKNKTLIKVLQIYVLSRK FRLFKSVGVRTIYEPNIDYTPLLMQKGPWGINVYVGGWHSEKNFMNVPDEVKKAFFREQPNEDRFNE WLQVIRGDNSSSVHRRGDYMNIEPTGYQLNGVATLDYYHEAIDYRQYVDTPHFYVFSNDLDWCKEQF GVENFFIECNQGVNSWRDMLMSECHYHIANSTFSWWGAWLCKFEDSITVCPERFIRNVVTKDFYPER WHKIKSC	253
シネコッカスファージ S-SM2	YP_004322 362.1	326781960	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [シネコッカス ファージS-SM2]	22.6	MIGFNLGRMGRANQMFOYASLKGARNTGVDFCVYHEEAVNDGIGNMLRTEIFDSFDLQVNVGLLNK GHAPVQERFFHDEELRMCPDHVDIRGYFQTEKYFKHIEDEIREDFTEKDEILNPKCKEMIAGVDNPLALHV RRDVTNSANHPPTCLEYVEAALKHFDDDRNVIVFSDDPAWCKEQELFSDDRFMISENEDNRIDLCLMSLC DDFIANSTYSWWGAWLSANKDKKVIAPVQWFGTYTKDHTSDLPDGTWTRATA	254
ジオバクター・ メタリレデューセンス (<i>Geobacter metallireducens</i>) ; ジオバクター・ メタリレデューセンス GS-15 ; ジオバクター・ メタリレデューセンスRCH3	YP_006720 295.1	404496189	グリコシル トランスフェラーゼ [ジオバクター・ メタリレデューセンス GS-15]	22.58	MDIHVLSYGLGNQLSQYAFFINRRQLMQRAYAFYAFKQHNQYELDRIFGLKEGLPWYLQFVRVWFRIGISRR FYSKRTADFLVLSLFRKIVIDEAYNYEEDPSLLKPWFGRILYGGWHDSTRYHHPSEAAVRTAFSEPLDDVNDAIL QQIDAVYGVSIHVRGDYLGINSNLFGGIATLEYRNAIGWAITYCKHRSLEIKFYVFSDDIDWCKQNLGLR DAVYVSGNSKTDSDWKDILLMSHCRANIANSTFSWWAAWLNQQPNKVVICPTKFINTDSPNQTIYPAAWH QIEG	255
ラクノスピラセアエ細菌 NK4A136	WP_02278 0989.1	551037245	タンパク質 [ラクノスピラセアエ 細菌NK4A136]	22.58	MIIVRFHGGGLGNQMFYAFYRYMTNKYGADNVIGDMTWFDNRNYSEHQYELKKVFDIDIPADYKTLAKIH EYYPYRHRFAGRLYLSRMYAKYKNKHLKPTGEYIMDFGPGSYHNDADFCLDTNKNKYIEGVFCSDAYIKYYE NQIKKDLTKFPNYSQHTKDMPLKIEETNSVAIHVRRGDYVGNVFDIVTPDYRQAVNYIRRVENPVFFVFS DMDYKANFDLFGDFVPVHNCGKDSFQDMYLSRCHRMIIANSFSYFGALLGEKDSIVAPIKKYKADEDLA LARENWVLL	256

10

20

30

40

バクテロイデス・ コプロフィラス (Bacteroides coprophilus) ; バクテロイデス・ コプロフィラスDSM 18228 = JCM 13818	WP_00814 4634.1	495419937	タンバク質 [バクテロイデス・ コプロフィラス]	22.56		MGFVNMACGLANRMFQSYSLFKQGYKVTVDYRSAKLAHEKVAWNSIFPYAEIKQASRLKVLWGGG SDLCSKRRRYFPSTNVRTTTGAFDASLPANTARNEYIIGVFLNASIVEAVDEIKKCTFLPFTDEMNLRLKK EIEECESVAIHVRKGDYQSRWYQNTCSMEYRKAILQMKELQHSKFVFTDNVDWVKENFQIEDYTLVE GNPADGYSHFDMQLMSLCKHNIISNTSYWWSAFLNRNPEKVVIWAPEIWFNPDSCDEFRSDRALCKGWI VL	257
バクテロイデス ; カブノサイトウェアーガ (Capnocytophaga) 種 口腔分類群329株F0087 ; バラブレボトラ・ クララYIT 11840	WP_00861 9736.1	495895157	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [バクテロイデス] [バクテロイデス]	22.53		MKIVCLKGLGNQMFYCRFRDLMESGHDEVLFYDHRRLKQHNGLRSLDCFELELPSCPWGKLVVWGLK ICRAVGVLKRLYDDEKPEAVLDDYSQHRFPINARRYFFRQLAELOSGFQMIKRAVDYPSVHVRGDDYL HPSNSFGLGVDFYQAIAYVRKRPDARFFFFSDDMEWVRENLMWEDAVVEHTELLPDYVDLYLMTL CRGHIISNTSFWGGATLAVDNGMGMKYPRRWFRDPTWTSPPISEEWVGL	258
プチリビリオ種 NC2007	WP_02277 0361.1	551026242	グリコシル トランスフェラーゼ [プチリビリオ種 NC2007]	22.47		MLIJAGGLGNQMQQYAVYTKLREMKGDKLDSWFDPPQVQKNMLAPREFLPFGGTDYEECSAYERD ALLKQGAFAAIAAGVKLKLGLRDEANPKVFSEKEMHYHPEVELEDKYGIFACQKYYGDMDKIQEKFIPE HSDPDLHARNMALVERMEREPSVSHIRRGDYLDPSNVEILGNIAIEQYQGGAMDYFTVKEPDTHFYFTSD HEYAREKFSDESKYTVDWNNNGKNSVQDLMLMSHCKGNICANSTFSFWGARLNKRPKTVIRTYKMRNN QPVNPQIMHDYWKWGLMDEKGSII	259
バラブレボトラ・ キシラニフィラ ; バラブレボトラ・ キシラニフィラYIT 11841	WP_00862 8536.1	495903957	グリコシル トランスフェラーゼ [バラブレボトラ・ キシラニフィラ]	22.45		MKILVFTGGLGNQMFAYAFYLYLKRLEPQERFYGLYGGKLSLSEHYGLEIDKWKVSLRQPPWWWLPTGLFYL YKQCVPSNSKWLDLNOEICKNPRAIVFPFKFTKYPDDNIMLEWVKVDESGLSEKLNLLSEIRSDCCCFVHVR RGDYLSPFTKSLFEGCCTISYQRAIKSMKEISPFVKVCFSDDIQWVKQLELGNRAVFDWNSGTDSPID MYLMSQCRYGIMANSTFSVWVGARLGRKKRIYYPQKWWNHGTLGPDIFPNTWVKI	260
ブラウチア・ ハイドロゲノトロフィカ (Blautia hydrogenotrophica) DSM 10507 ; ブラウチア ; ブラウチア・ ハイドロゲノトロフィカ CAG:147	WP_00594 4761.1	492742598	タンバク質 [ブラウチア]	22.44		MEIHVYLTGRLGNQLFQYAFARHIQKEYGGKIIICNIYELEHRSEKAAWVPGKFNYEMSNYKLNDSILIEDIKLP WFADFSNPIIRIVKKVIPRIYFNLMASKGYLLWQKNSYINIPAINNIEIVNGWWQDVRFHHDVEAELSNEIVP TTKPISENEYLYNIAERENSVCSIRGGNYLVPKVKKLFVCDKEYFYNAIELKSKVRNAIFVFSDDLEWVKSYI KLEEFPECKFYYESGKDTVEEKLMMTKCKHFIISNSSFSSWWAQYLAKNENKIVAPDAWFTNGDKNGLYI DDWILIPTQTKDM	261
ジオバクター・ロブレイ (Geobacter lovleyi) ; ジオバクター・ロブレイ SZ	YP_001952 981.1	189425804	グリコシド ヒドロラーゼ ファミリー タンバク質 [ジオバクター・ ロブレイSZ]	22.44		MITVLLNGGLGNQLFQYAGRALAEKHDVELLDLSRLQHPKPGDTPRCFELAPFNKIASILAEERQPLGSY QACMHRLLKASIPILWGSILKEQCGFDPLIFRAPSSCILDGFWQSECYFKQITSLQLQELSLKAPSPALRKAS SVLSDATVAVHVRGDDYVTNPAAAFHIGICSQDYQAAVANILTSYPSDQFLVFSDDPAWCOEHLGLGQPF RLAADFGINGSAEELVLSRCAHQIANSFSFWGAWLNPSPHKLVVAPCRWFTDPAITNDLLPETWVRLP	262

10

20

30

40

ラクノスピラセラエ細菌 NK4A136	WP_02278 1176.1	551037435	タンパク質 [ラクノスピラセラエ 細菌NK4A136]	22.41	MVISHLGGFGNQLYSAYAVAKARKEELWIDTAIQDAPWFFRNPDILNLNKYDKRVSYKIGEKIDKIFN RINFRNAIGWNTKIINESDMPNIDDWFDTCVNQKGNVYKGNWSEKLFISVQEIIMFTFKNELSKEANDI AQDINSQETSVGIHYRLGDYVKGIVNPDIYSAMTSMVEKYGPNVYFSESDNDWVKKQFEGPLPNYKIVE YSSDDKGLDFRLYSMCKHQIASNSSYSVWWGAYLNNPNKYIIAPTDYNGGWKSEIYPKHWDVVRPEFLK	263
バクテロイデス・ ブルガタス； バクテロイデス・ ブルガタスP0510	WP_00584 0359.1	492426440	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー11 [バクテロイデス・ ブルガタス]	22.37	MFHYKLLFGGGLGNQIEFFYFYLWRKKYPNIVFLGCVYRKASFKAHNGLEISDVFDVLPNDGGLSGRFISYV LSVLSRIPLSLMKANTYSSKILLINAYQPNLLFYLNEEKIKFRPKLDEVNRLLNSIKMIESSVSIVHVRG DYLF GGYRDIYSNICTLAYYQKAVDKCKGILESPPFFVSDDIEWARDVFGREYEFVSNNGKNSFIDMFMLMSNCKI QIANSTFSYWAAYLSNLSVKIYPKAKWINGIERPNIFPDNWIGL	264
グラントトマイセス・ ブラシリエンシス (<i>Planctomyces</i> <i>brasiliensis</i>)； グラントトマイセス・ ブラシリエンシス DSM 5305	YP_004271 766.1	325110698	グリコシル トランスフェラーゼ ファミリー タンパク質 [グラントトマイセス・ ブラシリエンシス DSM 5305]	22.37	MIIARIENGLGNQLFYAAGRALSLKHSRTSLYTIPIGSRVKPHETTFILSKYFNVOAKSVSPFLLQTGFRLLKGYE NHSFGDFPRFETTRNNTVVSNGFQSAHYELPFEDQINRELTLPKVVDGLSVYPHVLESRLTPNSVCVHIRLG DYVSSGDIIGPEYAKAISRLQLHGLRAAFVSDTPQAASRFLPADIDAQIMSEFEVRDAARSLTVERSTI RDYFLMQQCRHFVIPNSSFYSWAALLSSDDGDVIYPNRWYIDITSPRLDGLAPAEWTPILPT	265
ブチリビブリオ種 AE2015	WP_02277 2730.1	551028648	グリコシル トランスフェラーゼ [ブチリビブリオ種 AE2015]	22.36	MILQIAGGLGNMQQYALRYKLKCGKTVKLDLSWFGPEIQKNMLAPREFELVFKDLPFEICTKEEKDALIK QNLFKIAGKVSQKLGKSASSNAKVFEVKMYHEEIDLDVYITGYFACQYVDVMAELQDLFVPSHSIP ELDQRNAVLAASKMEKENSVSVHIRRGDYLSPENVGILGNIASDKYYESAMNYFLEKDENTHFYFTNDHEYAR EHYSDERYTIDWNTGKNSLQDLMMLMSHCKGNICANSTFSFWGARLNKRPRDRELVRTLKMNRNNQEAQPEI MHEYWKNNWILIDENGIVIV	266
ロセオバリウス・ ヌピンヒベンス (<i>Roseovarius</i> <i>nubinihibens</i>) DSM； ロセオバリウス・ ヌピンヒベンス	WP_00981 3856.1	497499658	アルファ-1,2- フコシル トランスフェラーゼ [ロセオバリウス・ ヌピンヒベンス]	22.34	MTDTPPPSQVITSRLFGGAGNQLFQYAAAGRALADRLGCDLMIDARYVAGSRDRGDCCTHFAKARLRDVA LPPAKSDGGLRYALWRKFGSRPRHREGLVDPPEFNLPRGTYLHGYWQSEQYFGPDTDLRRDLTLTAL DAPNAAMAAQIDAAPCPVSHVRRGDYIAAGAYAACTPDYRAAADHLATTLGKPLTCFIFSDNDPAWARD NLDLGQDQVIVDLNDEATGHDVDMALMARCAHHVIANSTFSWWGAWLNPPDKLVVAPRNWVFAQALH NPDLIPEQWHRL	267
ユーバクテリウム (<i>Eubacterium</i>) 種 CAG:581	WP_02250 5071.1	548315094	タンパク質 [ユーバクテリウム種 CAG:581]	22.33	MIEVNIVQLGNQMEFYACARQLQKYGGEIVLNTYEMRKETPNFKLSILDYKLSENVKIISDKPLSSANANN YLVKIMRQYFPNWFNFMAKRGTFVWKSARKYKELPELNEQLSKHIVLNGYWQCDKYFNDVVDTIREDFTP KYPLKAEANEQLLEKISTESVCVTIRRGDFMNEKNKDTFYICDDDYFNKALS KIKELCPDCTFFGSDDDVEWIKK NVNFPGEVYFESGNDPVWEKRLM/SACKHFLVSNSSFSWWAAYLSDNNKIVVAPDIWYKTDGDPKKTALY QDGNWNLHIGD	268

10

20

30

40

プロビデンシア・ アルカリファシエンス (<i>Providencia alkalifaciens</i>)	AFH02807. 1	383289327	グリコシル トランスフェラーゼ [プロビデンシア・ アルカリ ファシエンス]	22.26	MKINGKSSMKIKKKIISHLIGLGNLQFYATSYALAKENNAKIVIDRLFKKYLHGGYRLDKLNIIGEKISS IDKLLFPLILCKLSQKENFIKSTKKFILEKKTSSFKYLTFSDEKHTKMLIGYWQNAIFYQKFSELKEMFVPLDIS QEQLDLSIQIHAQOSVALHVRRGDYISNKNALAMHIGICSIDYKNSIQIHAKLEKPFYIFSNDKLWCENLT PLFDGNFHIVENNSQEIIDLWLISQCQHHIANSTFSWWGAWLANSDSQIVITPDWFWNKEDIPSPVLSHWL KLKK	269
サルモネラ菌	AFW04804. 1	411146173	グリコシル トランス フェラーゼ [サルモネラ菌]	22.26	MFSLSGGLGNQMFQYSAAYILKKNICHACHAQLIIDDSYFYCQPKQKTPRNFENQFNIVFDRVTTDEEKRAISKL RKFKKIPLPFKSNVITEFLFGKSLTDEDFYKVLKNQFTVKMINACLFSLYQDSSLINKYRDLPLFTINDELLQ VCQQLDSYGFIHETNTTSLHRRGDYVTPHAAKFHGTLSMNYYSQAMNYVDHKLKGLQFLIFSDDVQWA AEKFGGRSDCYVNNVNCQFSAIDMYLMSLCNNNIANSTYSWWGAWLNKSEEKLVIAPRKWFAEDKESLL AVNDW/SL	270
スルフロスピリルム・ デレイアナナム; スルフロスピリルム・ デレイアナナムDSM 6946	YP_003304 829.1	268680398	タンパク質 SdeL1779 [スルフロ スピリルム・ デレイアナナム DSM 6946]	22.18	MIIKIMGGGLASQLHKYSVGRALSILKYNTLKLDFWFDNISGSDTIREYHLDKYNVAKIATEQEIKQKPNKY LLKINNLFQKFTNWKINRYNRYNCESFISLENFNLLPDNIYVEGEWSDRYFESHIKELLOKELTLKSEYMDSTNHF LAKQSSDFAHDDNASKLHCTCSLEYKALQYISKLLKMKLLIFSDDLDWLKPNNFNLDNVEFEFVEGFQDY EEFHLMTLSKHNIANSFGSLFFAWLNINHNKIIISLSEWVFEELNKYIIDNIKDKNILENLE	271
シュードビブリオ (<i>Pseudovibrio</i>) 種 F0-BEG1	YP_005080 114.1	374329930	アルファ-1, 2- フコシル トランス フェラーゼ [シュード ビブリオ種 F0-BEG1]	22.15	MSVASQVRISGAARRRKLKPTLIVIRGGIGNQLFQYALGRKIALETGMKLRDSEYDQYFNRSYCLNFKT QGLSATESEMSAVLWPAQSGQTVKLCRKFPYQRRYREDELLQDSETPVLKQSAVLDGWQWQWEIFESI MEQLRDEITLTKPMVLRLKLLQRIKSGPSAALHVRGYDYSQAHNLQNFGLCSAGYYKGAMDFLTERVPGLT FYVFSDSPERAREVVPQQENYFSDPMQDGDGKHEDLMVMSSCDHIVTANSTFSWWAAFLNGNEDKHVIA PLKWFKPNLDDSLIVPPHWQRL	272
ブレボテラ種 口腔分類群472株F0295; ブレボテラ種 口腔分類群472	WP_00923 6633.1	496529942	アルファ-1, 2- フコシル トランスフェラーゼ [ブレボテラ種 口腔分類群472]	22.11	MKIVCIKGLGNLQFEYCRYHGLLRQHNNHGVYLYHRRRTKQHGGVWLDKAFLLTLPTEPWRYKLMVM ALKMLRKLHLFKRLYREDPPRAVLIDDYSQHKQFITNAEILNFRPFAQLDYDVEITSEPFVSVHVRRGDYLL PANKANFGVCSVHYLSAAVAVRERHPDARFFVSDDEIWAAMNLLPNCVFEHAQPPQPDHADLYLMSL CKGHIANSTFSFWGAYLSMGSSAIAIYPKQWFAEPTWNAPDIFLGHWIAL	273
ブチリビブリオ・ フィブリソルベンス	WP_02275 2732.1	551008155	グリコシル トランスフェラーゼ [ブチリビブリオ・ フィブリソルベンス]	22.08	MLIIRVAGGLGNQMQQYAMYRKLKSLGKEVKLDLSWFDVENQEQQLAPRKCELYFDGVDFEECTDAERA YFTKRSILTALNKVFPATCKIFEETEMFHPFIYSFKDYLEGFLCNKYDDILPFQNEIVFPKHSQPKMQKRN EELMERMDGWHTASIHLLRRGDYITEPQNEALFGNIATDAYDAIRYVLDKDYQTHFYFISNDPEYAREHYS DESRYTIVTGNDDGNSLLDMELMSHCRYNICANSTFSFWGARLNKRSDKEMIRTFKMRNNQEVAREMTD YWKDWILIDEKGNRIF	274

10

20

30

40

レウィネラ・ペルシカ (<i>Lewinella persica</i>)	WP_02057 1066.1	522059857	タンパク質 [レウィネラ・ ペルシカ]	22.04	MVISRLHSGLGQMFQYAFARRIQLQLNVKLRIDLSILLDSRPPDGYIKREYDLDFKLSPAYHCNPTSLRILYA PGKYRWSQVVRDLARKGYVYMEKFSVDNTLLDSPDNVIYQGYWQSEYFSEVANTIRKDFAFQHSIQP QSESLAREIRKEDSVCLNIRRKDYLASPTHNVTDITYENCICQMRERFSGARFFLFSDDLVWCREFFADFHD VVIVGHDHAGPKFEGNYLQLMAQCHHYIPNSTFAWWAAWLGERTGSGVIMAPERWFGTDEFDYRDVVPER WLKVPN	275
--	--------------------	-----------	---------------------------	-------	--	-----

【 0 1 2 0 】
他の態様

10

20

30

40

50

本発明はその詳細な説明に関連して説明されているが、これまでの説明は例示を意図したものであり、発明の範囲を限定するものではなく、発明の範囲は添付の特許請求の範囲によって定義されるものである。他の局面、利点および変更も添付の特許請求の範囲に含まれる。

【0121】

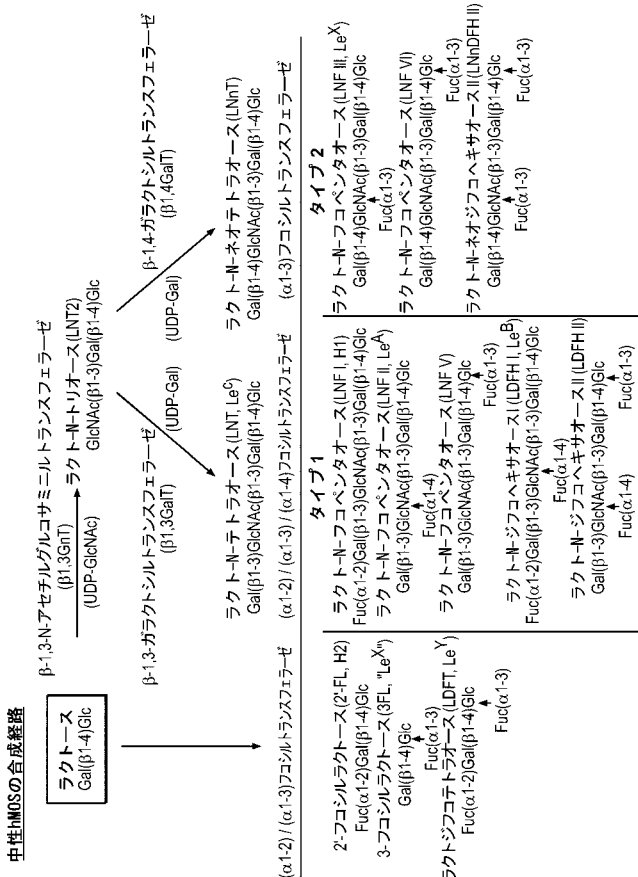
本明細書で言及されている特許および科学文献は、当業者が入手可能な知見を示すものである。本明細書で引用されているすべての米国特許および公開または未公開の米国特許出願は、参照により組み入れられる。本明細書で引用されているすべての公開された外国特許および特許出願は、参照により本明細書に組み入れられる。本明細書で引用されているアクセッション番号によって示されるGenBankおよびNCBI提出物は、参照により本明細書に組み入れられる。本明細書で引用されているすべての他の公開された参考文献、書類、原稿および科学文献は、参照により本明細書に組み入れられる。

【0122】

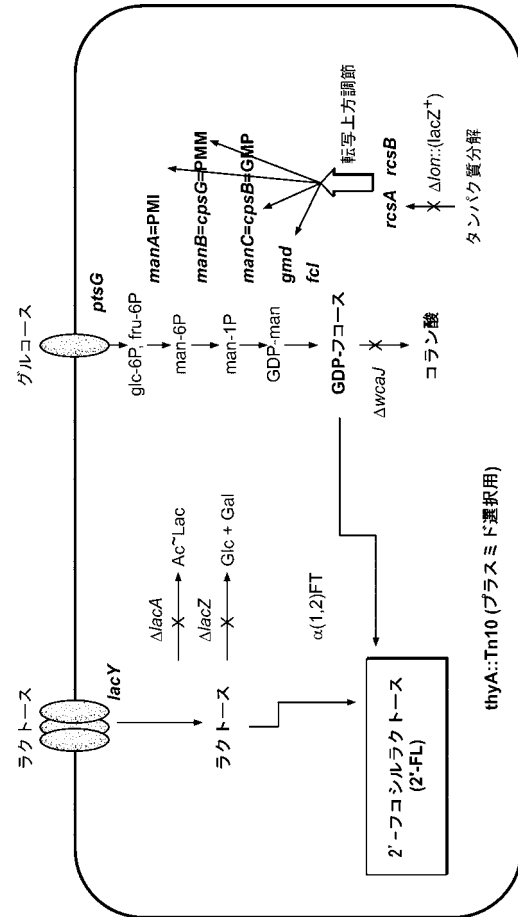
本発明は、その好ましい態様を参照して具体的に示され説明されているが、添付の特許請求の範囲に含まれる本発明の範囲から逸脱することなくその中で形式および詳細に関する様々な変更がなされ得ることが当業者に理解されるであろう。

10

【図1】



【図2】



【 ㄨ 3 B 】

	1	2	3	4
1		70.10	23.97	22.57
2	70.10		27.04	21.36
3	23.97	27.04		31.23
4	22.57	21.36	31.23	

H. ピロリ菌	MAFKVVQJ-CGGGLGNQMFQYAFKSKLQKHSNTPVLDDITFSDWSDRKMQL
H. ムステラエ菌	MFKIIVQVHGSLGNQMFQYAFKSLQTLNDDITFTTDDWGNREGLGH
バクテロイデス・ブルガタス菌	M--RLIKVHGSLGNQMFYAF--YRMKKYYPKVRILDSDMHMKYVHYGHE
大腸菌 0126 wblgl	M--SIIKQGGSLGNQLQFSEGYALSKINGTPLYFDISHYAENDDDHGGYRI
H. ピロリ菌	LKPSRLTYFGYFQDPRYFDAISPLIKOTFTLPPPPENKNNKKEEYEQI
H. ムステラエ菌	FEPSPAIYFHYGQDPRYFEDIPLIKOTFTLPHPTTEH-----AEQYS
バクテロイデス・ブルガタス菌	---WPLLYFKGYQSERFADIKDEVRESFTFDK-----NKANSRS
大腸菌 0126 wblgl	AAKWKSKEYIGWYQSEHFHFKILDLKEFF-IPK-----NWJSEQAN
H. ピロリ菌	FVFCEDLEFT-QNLDLGYPFMDMTTRDKEEAXWDMLLMQSCQHGIANS
H. ムステラエ菌	FLFCEDLEFV-QNLDLGYPFVDMVTRDGA--AHWDMMLMQSCCKHGI TNS
バクテロイデス・ブルガタス菌	YIFSDDI AWKENLP--LQNAVYI DWNITDEL SWODMMLNSHCKHHI ICNS
大腸菌 0126 wblgl	FIFSDI FWCKENIETLLSKKYNISYEDLSQSEGEFQWDMMLNSHCKHHI IANS

LFPIDLPYASAKETAI AKMQL - - - - - PKLVRDALXCMGFDVRVSEIVFEYEPKL 100
LFPIDLQCAASQIQAAMHONL - - - - - PRLVGALRRMGLGRVSKETVFEYMPKL 100
MHRVFNLPHTFCINQPK - LKKVIEFL - - - - - FFKKIYERKKQAPNSRAF - - - - - EKK - YF 95
LNNL - QIPEELQXATQKLNJN IYKFLVRGSRRLYE IFLGLGFNEFHGAYDFE - YI 103
CKLSLTLAA - KNSVFVH IRRGDYVG - - - - - LGCQLGIDYQKKALEYMAKRVPNMEL 200
RKLSQILAA - KNSVFVH IRRGDYMR - - - - - LGWQLD I SYQLRAIYMAKRVRQNLEL 193
LNNLIE LKODENAVSLH IRRGDYLPQKHPWAT TGSCVGLPYQNA IEAMSRVASPSY 190
ALLAAKLTES - QSSLSIH IRRGDYTKNKTAT LTHGVCVSLLEYKALKNIRDLAM IRDV 199
TYSWMAAYLTENPEKI IGPKHLFGHENI - - - - - LCKEWVKIESHFVKSQKYN* 301
TYSWMAAYLKNPEKI IGPSHWYIGNENI - - - - - LCKDWVKIESQFETKS* - - - - - 287
TFSWMAAYLNNKDTVYSPRWFQSEAPDIYP - TGWIKVPVKS* - - - - - 282
TFSWMAAYLGTSAQIYIYPTPYWDI TPKNTYIP IVNHNIVDKHSSC - - - - - 298

【 ㄨ 4 B 】

H. ピロリ菌C
 H. ムスセラエフル
 パウチロリス・フス・フル
 太陽菌0126 wbol
 プレボテラ・メラニ・ザニカフルYP 0038145172
 ワロストリジウム・ボルテラエ+13 Fup WP 0025707681
 ラクノスピラセアエ種 FuoQ WP 0092513431
 マタマタスファエラ・ラ
 タネレラ種 Fup WP 0024672131
 パウチロリス・フルYP 0219239871
 カルモモナ種 Fup WP 0056757071
 プレボテラ種 Fup WP 0024812861
 ジョーニフィア種 Fup WP 0081588831
 アケルマンシア・ムンフィア種 Fup WP 001787555
 カルモモナ種 Fup WP 0023214330
 パウチロリス種 Fup WP 00221618801
 ワロストリジウム・ボルテラ種 Fup WP 0025707681

KKMQL	ELFPIIDL	PYASAKEIAIAKMQHLPKLVDRALKCM	GDFRV	SQEI	IVF	94
LDLELGL	HLFPIID	QCAQAQIAAAMHONPRLVRGALRRM	GLGRVSE	I	VF	94
YKVHYGEMHVRVFNLP	TEFCINOP	LKALIEFLFKKIY	ERKQAPN	85		
DHGGYRLNNL	QIPEEV	LOYVTPKINNIXFVLGRSRLYPEILFLPGFCNEFHAY	96			
HGYHLNGFELENI	FSVTAQ	AKAAQIMRIAYYPNYLLWIRKRLPRRKM	CLESSSL	93		
KFELYN	FGIKIN	VASEKDIRNSDCQADFVSRIRKIFGKXSF	SEKDN	93		
RRPR	QLDVG	IYDRASRELIMETDASMDALSVRKRLTGRTK	AYRERDI	94		
DTDTPRYRLNW	YNIIGT	IASAKIQLIEREAGQRGYLLSKISDLTLPMYRT	YVYERMH	102		
YDRHYGLE	LEKVFNL	SCPIINRLHRNLQ	KRSFAKH	VYKS		
RNYPLHNGFEVDRI	FAQKAP	VASWRNLIKVAYYPNYRFFWKIGKYLPRKRTM	CVERKNF	99		
RIP	ILSRW	GGVEYDRATDEEILNLTDSKMDLFSRIRKRLTGRTK	RIDEES	94		
YNVHYGVELHVKVFLGPL	TEFCINOP	LKALIEFLFKKIY	ERKQH	G	84	
YKVHNGYEMNRI	EDSQ	TEFCINLTKLILIEFLFKKIY	ERRODPS	85		
RRVC	ELHHFRV	SLPILGGPPWAA	FREEKRH	89		
DTDTRVSRLENG	FNISYDR	FSFAD	EKEKILLRKFRKRNPPFKQISEIDSLALPGKVALSDRA	104		
YVHYHGGYEMHVRVFNLP	TEFCINOP	LKALIEFLFKKIY	ERKQDGN	85		
KFELYN	FGIKIN	VASEKDIRNSDCQADFVSRIRKIFGKXSF	SEKDN	80		

<input checked="" type="checkbox"/> 4A	<input checked="" type="checkbox"/> 4B
<input checked="" type="checkbox"/> 4C	<input checked="" type="checkbox"/> 4D
<input checked="" type="checkbox"/> 4E	<input checked="" type="checkbox"/> 4F

【 図 4 C 】

H. ピロリ菌C EYEPKLLKPSR-LTYFFGFQDPRYF---DAISPLIKQTFTLPPPPEN
H. ムステラエ菌 EYMPELFEPSP-IAVYFHGFQDPRYF---EDISPLIKQTFTLPHPTTEH
H. ムステラエ菌 SLRAFEKKYFWP-LLYFKGFYQSERFF---ADIKDEVRESFTF---DKI
バクテロイデス・ブルガタス菌 大腸菌 0126 wbol
GVDFEYIAQWKSCKYIGWQSEHFFHKHLL-DLKEFFI-----P
プレボナ・メラニノザニカ菌FuO YP_003814512.1 RFEDESILR-M-DNVYLSGWQTEKYF---SNTREKLLEDYSF-ALVNS
クロストリジウム・ボルテアエ+13菌FuP WP_002570768.1 CYENDILR-M-DNVYLSGWQTEKYF---SNTREKLLEDYSF-ALVNS
ラクノスピラセアエ種FuQ WP_009251343.1 NFDPLVME--KDPALLGCFQSDKYF--RDCEGRVREAYRFRGIESG
メタノスファエルラ・バリストリス菌FuR YP_002467213.1 TFDKAILT-VPDNVLDSGWQTEKYF--KDIEELRREVTLKDEPDS
タネレラ種Fus WP_021929367.1 EFDEPYRGLRPYRYRGWQNEGYFV--DIEPMIREAFQFNVLIS
バクテロイデス・カカエ菌FuU WP_005675707.1 SFDAAVLT-RKGDCYDYGWQHEEYF--CDMKETIWEAFSEFPVDG
プチリビリオ菌FuU WP_02272718.1 KENPEILE--KENAVLVGWQCDKYFDDKDVVREIREAFSEFPVDG
プレボナ種FuW WP_022481266.1 RMEPTYCQYVWP-LVYFKGFYQSERFF--SEVKDEVRECFTF---NP
バクテロイデス・ジョソノニイ菌FuY YP_001871555 GFDPGLAAPRRHTYFKGFYQSERFF--FDIKDQVRAFSF---NL
アケルマンシア・ムニフィリア菌FuZ YP_001871555 FYTFETIKNIKACLFSFYQAD---LLNKYKQLILPLFEILR---DD
サルモネラ菌FuZ WP_023214330 バクテロイデス種FuZ WP_022161880.1 SLRAFEKKYFWP-LLYFKGFYQSERFF--ADIKDEVRAFTF---DS
クロストリジウム・ボルテアエ菌FuP WP_002570768.1 CYENDILR-M-DNVYLSGWQTEKYF---SNTREKLLEDYSF-ALVNS

【 図 4 E 】

H. ピロリ菌C NMELVFCEDELEFT-QNLDLGYP-----FMDMTTRDKFEFEAYWDMILMG
H. ムステラエ菌 NLELFLFCDELEFV-QNLDLGYP-----FVDMTTRDGA--AHWDMILMG
H. ムステラエ菌 PS-YYIFSDDI AWKKNL-----PLQNAVYIDWNTDE-DSWQDMILMS
バクテロイデス・ブルガタス菌 大腸菌 0126 wbol
ROVFI FSDDI FWCKENIETLLSKKYNIIYSEDL SOEE---DLWLS
プレボナ・メラニノザニカ菌FuO YP_003814512.1 SL-FCIFSDDI TWQQRHLQPLKAP-VVYVYTN TGV-ESYRDMQILMS
クロストリジウム・ボルテアエ+13菌FuP WP_002570768.1 AK-FFVFSDDVEWVKQOED-----FKGFVIVDRNEYS-SALSDMYLMS
ラクノスピラセアエ種FuQ WP_009251343.1 AR-FFLSNDPEWTRHEF-----SKNCVLVEGSTED-TGYMDLYLMS
メタノスファエルラ・バリストリス菌FuR YP_002467213.1 PS-FFIFSDDI PNAKENLD--IPGEKT-FVAHNGPE-KEYCDLWILMS
タネレラ種Fus WP_021929367.1 NICFYLFSDDI INWVEENLQL-----ENRCIIIDWNGQE-DSWQDMYILMS
バクテロイデス・カカエ菌FuU WP_005675707.1 QL-YCVFSNDMANCESHLRLLPGKEVYVYDWNKGA-ESYVDMRLMS
プチリビリオ菌FuU WP_02272718.1 AV-FFIFTDDKEWRDHFK-----GPNFIVVELEGGDTIAENRILMS
プレボナ種FuW WP_022481266.1 PH-FYVFSDDL DWKKNL-----PLENAQYIDWKNKGA-DSWQDMILMS
バクテロイデス・ジョソノニイ菌FuY YP_001871555 PS-YYVFSDDI SWVKENI-----PLKKAVYVYWNKGE-DSWQDMILMS
アケルマンシア・ムニフィリア菌FuZ YP_001871555 SLRYFI FSDDI EWARQNLRLPALP---HHVVDINDG-GTGYFDELEMLR
サルモネラ菌FuZ WP_023214330 QKNFI IFSDDVRWAQKAFLE---NDCYVINKSDYDFSAIDMYLMS
バクテロイデス種FuZ WP_022161880.1 PS-YYVFSDDI AWKKNI-----PLQNAVYIDWKNKGE-ESWQDMILMS
クロストリジウム・ボルテアエ菌FuP WP_002570768.1 AK-FFVFSDDVEWVKQOED-----FKGFVIVDRNEYS-SALSDMYLMS

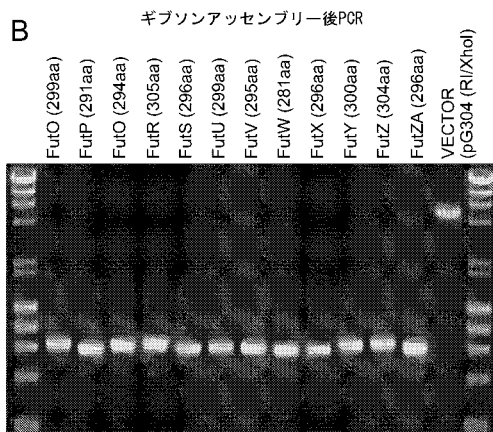
【 図 4 D 】

NKNNKKEEYQCKLSLILAAKNSVVFVHIRRGDYVG-----IGCOLGIDYOKKALEYMAKRV-----P 196
AEQYSRKLSQLAAKNSVVFVHIRRGDYMR-----LGMOLDISYQLRAIYMAKRV-----Q 189
ANRSNLNMLELDKDNAYSLHIRRGDYLO-PKHWATTGSVCQLPYQNAIAEMSRV-----AS 187
KN-VSEGANLLAAKILLESOSLSIHIRGDYIK-NKTATLTHGVCSLEYKKALNKIRDLAMI-----196
EN-L-SLL-----EKLDENSIALHVRGDYVG-NNL---YQGICDLDYRTAIEKMAHV-----TP 194
QV---SEWEDSI---R-NKNSVSIHIRRGDYLO-GEL---YGGICTSLYYAEAIEYIKMVR-----PN 187
AF---PLPEDI LREKQIEDCQSVSVHIRRGDYLD-ESHGGLTYGICTEAYYKEAFARMERLV-----PG 198
IN---LEMAERI---QAC---HSVSLHVRGDYVS-NPTTQFHGCCSIDYNRAISLIEEKV-----DD 201
KK---TKAIAS---KMRREL SVS IHVRGDYEN-PEAKAMHGGICSLDYHKAIDFIRQL-----DN 192
RN---KEIGALL---CASD---SASLHVRGDYVN-HPL---FRGICDLDYKRAIHYMEERV-----NP 195
AL---TDASSWSTLQ-QIECCESVSHVRRTDYVD-EEHIIHN-ICTEYKNAIDRVKQY-----PS 196
NI---ANRSGQMMEQIQNDPQAVSIHIRGDYLN-PKHVDTIGCICQLPYKHAYSEIKKYV-----SN 186
EN---ARILEDI---RSCCSISLHRRDYLSNP-----YLSPPPLEYILRSWAEMEGRRAAGAQE 191
LL---DICKNLEYSILQRSNNITALLHIRRGDYVT-NQHAAYHGVLDISYNHAMEYVERE-----RG 205
SK---VNAESAELLRLLDANAYSLHIRRGDYLO-PQHWATTGSVCQLPYQNAIAEMNRV-----AA 187
QV---SEWEDSI---R-NKNSVSIHIRRGDYLO-GEL---YGGICTSLYYAEAIEYIKMVR-----PN 174

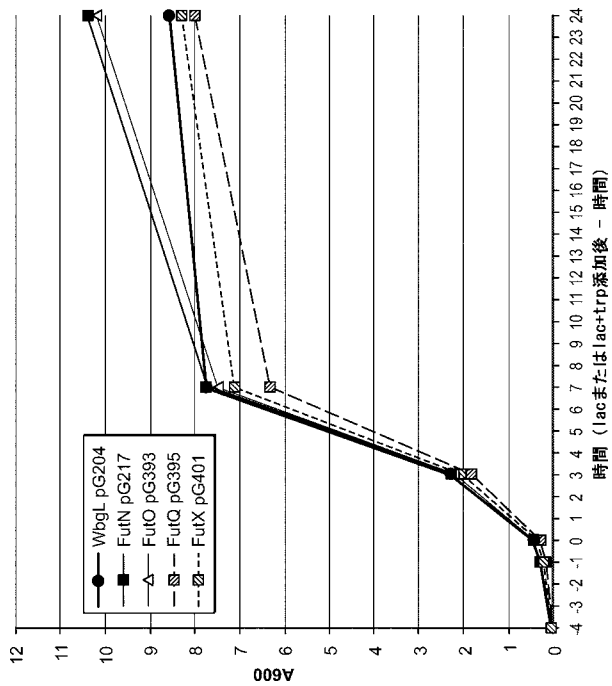
【 図 4 F 】

SCQHHII ANSTYSWAAVLIENPEKIIIGPKHMLFGHFNIL-----CKEWVKIFSHFEVKSQKVN A- 301
SKCHHII TNSTYSWAAVLIKNPEKIIIGPSHWIYGNENIL-----CKDWKIESQFETKS* 287
HCKHHII CNSTFSWGAWLNPMDKTVI VPSRWFG-----HSEAPDIYPT--GWIKV--PVS* 282
LANHHII ANSSFSWGAYLGTSAQIVIYPTPWYDITPKNTY-----IPVNHWIVDKHSSC* 298
CCAHHII ANSSFSWGAWLQNREKVIAPKKWLN-MEECHFTLPA-S---W-I---KI-----288
LCKHNI ANSSFSWGAWLNRNEEKIV IAPRWLNGKCT-----PDIWCK-KW-I---RI-----278
RCRHHII ANSSFSWGAWLNRNPEKVIAPAKWLNGR-----ECRDIYTE-RW-I---RL-----289
LCQHHII ANSSFSWGAWLGDGAKMVIAPRWALSESFTSDIIPD-S---W-I---TI-----295
CCRHHII ANSSFSWGAWLNPKNKIVLTPNKWFN-----HTDAVGIVPK-SWIKI---PVF-----287
LCRHHII ANSSFSWGAWLNRNPKQVNVAPERMNSPIED-----PV-SD-KW-I---KL-----289
RCKHHII CNSTFSWGAWLNDSPKIV IAPQKVINNR-----DMDDIYTE-RWTKI---AL-----282
CCKHHII CNSTFSWGAWLNPSPVEKTVIMPEQWTS-----RQDSVDFVASCGRWVRV---KTE-----281
HCRHHII ANSTYSWGAWLNPKEKIV IAPCRWFQ-----HKETPDMYPK-EWIKV---PIN-----290
NCRHHII ANSTFSWGAWLNEHAEKIV IAPRIWFNREEDGRYHTDAILP-GSWLRI-----LRASWITL-----298
LCKNNII ANSTYSWGAWLNKYEDKLVISPKQWFLGNNETS-----HCETPNIYPA-GWVKV---AIN-----281
HCRHHII CNSTFSWGAWLDPHEBKIV IVPNRWFG-----PDIWCK-KW-I---RI-----265
LCKHNI ANSSFSWGAWLNRNEEKIV IAPRWLNGKCT-----PDIWCK-KW-I---RI-----265

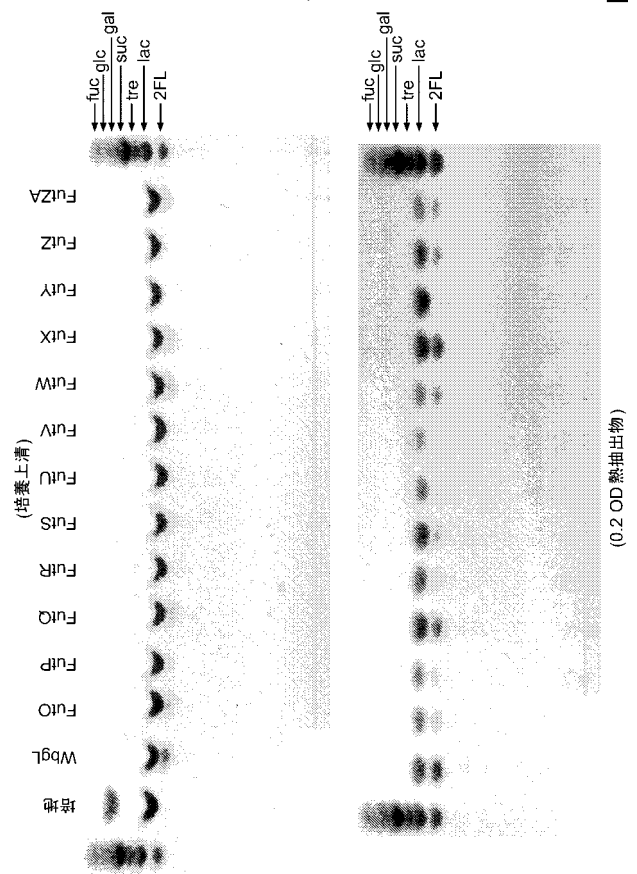
A



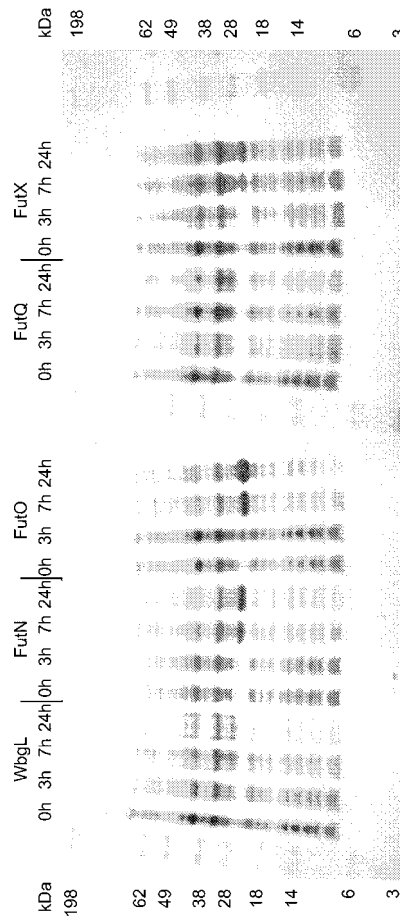
【圖 7】



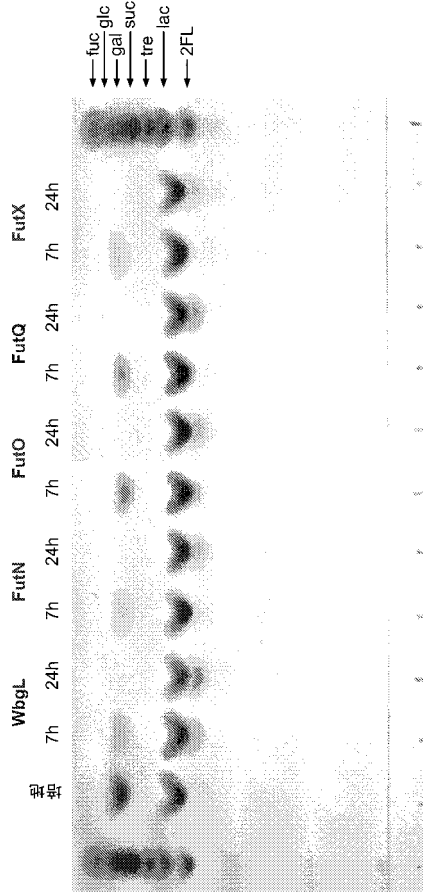
A



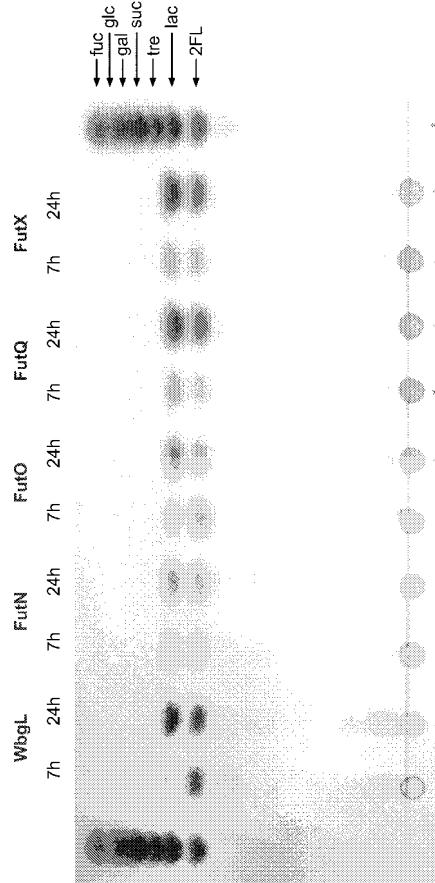
【 図 8 】



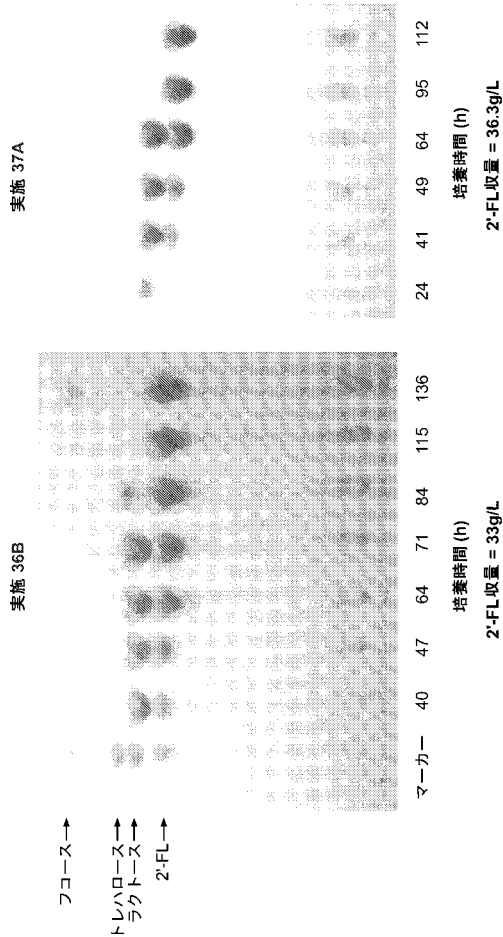
【図 9 A】



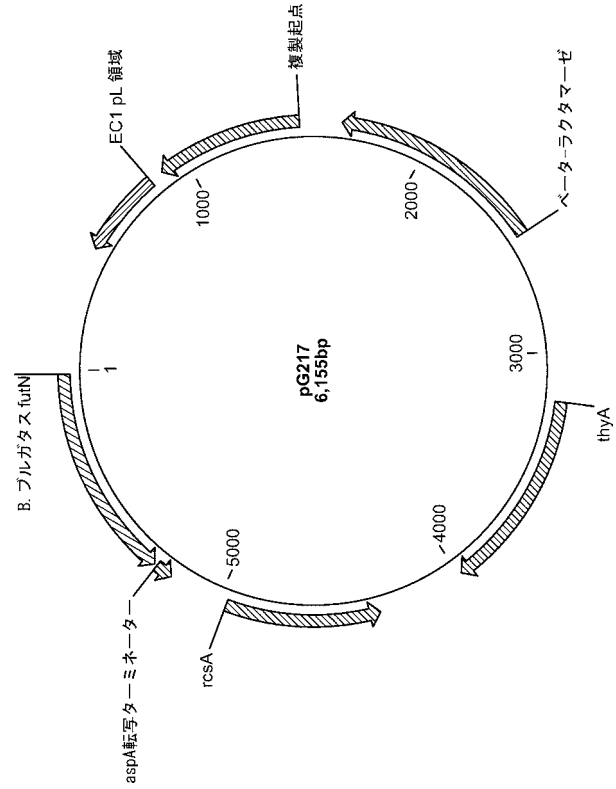
【図 9 B】

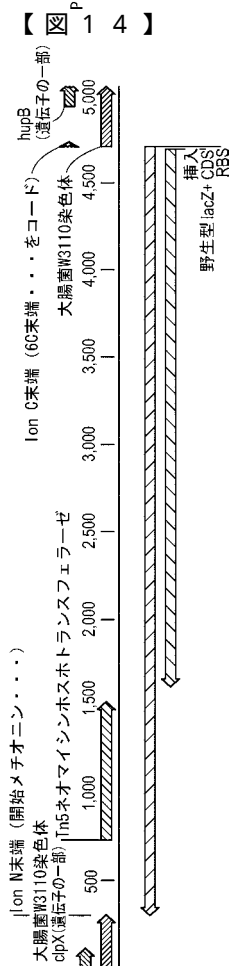
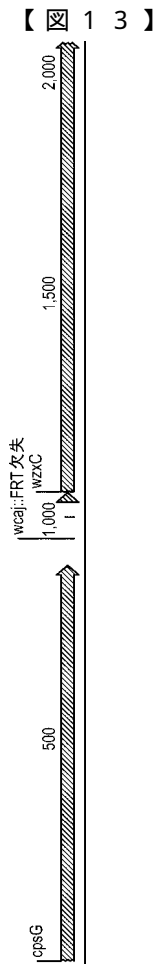
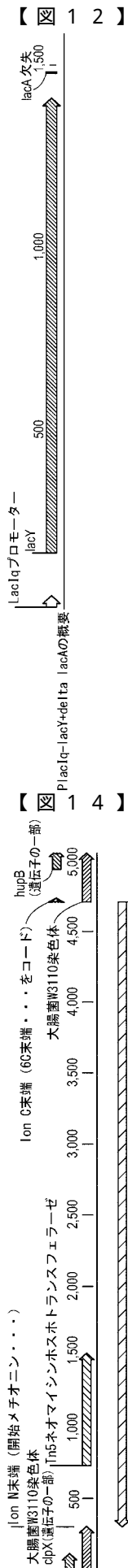


【図 10】



【図 11】





【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT		International application No. PCT/US 15/30823									
A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER IPC(8) - C12N 1/21, C12N 15/63, C12P 19/18 (2015.01) CPC - C12N 15/63, C12N 9/1051, C12Y 204/01069 According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC											
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) IPC(8) - C12N 1/21, C12N 15/63, C12P 19/18 (2015.01) CPC - C12N 15/63, C12N 9/1051, C12Y 204/01069 Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched CPC - C12N 15/70, C12N 15/74, C12P 19/18 (keyword limited; terms below) Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used) PatBase, PubWEST (USPT,PGPB,EPAB,JPAB), Google Scholar Search terms: fucosyltransferase, bacteria, bacterium, E. coli, coli, lactose, vector, plasmid, FutC, FutN, FutX, FutQ, FutO, FutW, FutZA, FutS, FutP, FutU, FutX, FutR, FutV, FutY											
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT <table border="1"> <thead> <tr> <th>Category*</th> <th>Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages</th> <th>Relevant to claim No.</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>X</td> <td>US 2014/0031541 A1 (HEIDTMAN et al.) 30 January 2014 (30.01.2014) para [0003], [0004], [0012], [0016], [0017], [0079], SEQ ID NO: 8</td> <td>1-3, 34-36, 40-42</td> </tr> <tr> <td>A</td> <td>US 2010/0120701 A1 (MCCOY et al.) 13 May 2010 (13.05.2010) para [0003], [0009], [0011], [0019], [0035], SEQ ID NO: 21</td> <td>1, 34, 40</td> </tr> </tbody> </table>			Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.	X	US 2014/0031541 A1 (HEIDTMAN et al.) 30 January 2014 (30.01.2014) para [0003], [0004], [0012], [0016], [0017], [0079], SEQ ID NO: 8	1-3, 34-36, 40-42	A	US 2010/0120701 A1 (MCCOY et al.) 13 May 2010 (13.05.2010) para [0003], [0009], [0011], [0019], [0035], SEQ ID NO: 21	1, 34, 40
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.									
X	US 2014/0031541 A1 (HEIDTMAN et al.) 30 January 2014 (30.01.2014) para [0003], [0004], [0012], [0016], [0017], [0079], SEQ ID NO: 8	1-3, 34-36, 40-42									
A	US 2010/0120701 A1 (MCCOY et al.) 13 May 2010 (13.05.2010) para [0003], [0009], [0011], [0019], [0035], SEQ ID NO: 21	1, 34, 40									
<input type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of Box C. <input type="checkbox"/>											
* Special categories of cited documents: "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance "E" earlier application or patent but published on or after the international filing date "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified) "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art "&" document member of the same patent family											
Date of the actual completion of the international search 11 August 2015 (11.08.2015)		Date of mailing of the international search report 03 SEP 2015									
Name and mailing address of the ISA/US Mail Stop PCT, Attn: ISA/US, Commissioner for Patents P.O. Box 1450, Alexandria, Virginia 22313-1450 Facsimile No. 571-273-8300		Authorized officer: Lee W. Young PCT Helpdesk: 571-272-4300 PCT OSP: 571-272-7774									

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/US 15/30823

Box No. I Nucleotide and/or amino acid sequence(s) (Continuation of item 1.c of the first sheet)

1. With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application, the international search was carried out on the basis of a sequence listing:
- a. ☐ forming part of the international application as filed:
☐ in the form of an Annex C/ST.25 text file.
☐ on paper or in the form of an image file.
- b. ☐ furnished together with the international application under PCT Rule 13ter.1(a) for the purposes of international search only in the form of an Annex C/ST.25 text file.
- c. ☒ furnished subsequent to the international filing date for the purposes of international search only:
☒ in the form of an Annex C/ST.25 text file (Rule 13ter.1(a)).
☐ on paper or in the form of an image file (Rule 13ter.1(b) and Administrative Instructions, Section 713).
2. ☒ In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that forming part of the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.
3. Additional comments:

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/US 15/30823

Box No. II Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of Item 2 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☒ Claims Nos.: 4-33, 37-39, 43-47
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box No. III Observations where unity of invention is lacking (Continuation of Item 3 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying additional fees, this Authority did not invite payment of additional fees.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest and, where applicable, the payment of a protest fee.
- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest but the applicable protest fee was not paid within the time limit specified in the invitation.
- ☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

フロントページの続き

(81)指定国 AP(BW, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), EA(AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), EP(AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OA(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG), AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IR, IS, JP, KE, KG, KN, KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US

(74)代理人 100142929
弁理士 井上 隆一

(74)代理人 100148699
弁理士 佐藤 利光

(74)代理人 100128048
弁理士 新見 浩一

(74)代理人 100129506
弁理士 小林 智彦

(74)代理人 100205707
弁理士 小寺 秀紀

(74)代理人 100114340
弁理士 大関 雅人

(74)代理人 100114889
弁理士 五十嵐 義弘

(74)代理人 100121072
弁理士 川本 和弥

(72)発明者 マッコイ ジョン エム .
アメリカ合衆国 01867 マサチューセッツ州 レディング ハワード ストリート 56

(72)発明者 ハイトマン マシュー イアン
アメリカ合衆国 02135 マサチューセッツ州 ブライトン サウス ストリート 15 ア
パートメント 2

(72)発明者 メリーギ マッシモ
アメリカ合衆国 02143 マサチューセッツ州 サマービル ベントン ロード 38 アパ
ートメント 2

F ターム(参考) 4B050 CC07 DD02 LL02 LL05
4B064 AF03 AF04 CA19 CB30 CC24 DA10
4B065 AA15X AA26X AA30X AA34X AA41X AA49X AC14 CA41