

---

## 反芻動物におけるルーメンの「原核生物-ウイルス」の関係の解明

宇都宮大学農学部生物資源科学科・助教 佐藤 元映

---

### ■ 目的

反芻動物の第一胃(ルーメン)には複雑で多様な生態系を構成している。これらのルーメン微生物は、飼料中に含まれるセルロースやヘミセルロースなどの繊維成分の分解に関与している。近年広く行われているルーメン微生物叢を対象とした研究では、ルーメン細菌や古細菌にのみ焦点が当てられ、ルーメンウイルスの影響は見落とされている。その一因に、ルーメンウイルスゲノムカタログが存在しないことがあげられる。そこで、本研究では世界初のルーメンウイルスゲノムカタログを構築することを目的とした。さらに、ルーメン内の「原核生物-ウイルス」の関係を解明することを試みた。

### ■ 方法

本研究では、日本の2牧場で飼養された黒毛和種8頭、交雑種(黒毛和種×ホルスタイン種)12頭および日本短角種2頭の合計22頭より採取されたルーメン液を使用した。各サンプルより、ウイルス様粒子(VLPs)の精製を行い、DNAを抽出後、HiSeqX(2×150 bp)によりシーケンスを行った。シーケンスデータは、アセンブル後、ウイルスゲノム(5 kb以上)を取得し、クオリティチェックを行った。高品質なルーメンウイルスゲノム(RVG1 vOTUs)の感染宿主を、原核生物のtRNA 遺伝子およびCRISPR スペーサー配列との比較により予測した。

### ■ 結果および考察

本研究では8,232 RVG1 vOTUsを取得した。「原核生物-ウイルス」の関係解析の結果、8,232 RVG1 vOTUsのうち1,223 RVG1 vOTUsの感染宿主が予測された。そのうち1,146 RVG1 vOTUsはルーメンに存在する原核生物を感染宿主とすることが明らかになった。これらの結果から、ルーメン内に存在するウイルスの大部分は、ルーメン細菌および古細菌に特異的に感染することが示唆された。宿主予測されたRVG1 vOTUsの多くの宿主は、ルーメン内の主要な細菌であることが報告されているFirmicutes 門およびBacteroidetes 門に属する細菌であった。以上より、ルーメン内のウイルスは主要なルーメン細菌に感染することで、ルーメン細菌叢に影響を及ぼし、飼料の分解等に関与している可能性が示唆された。

本研究ではルーメン古細菌を宿主とする22 RVG1 vOTUsも取得した。そのうち17 RVG1 vOTUsはルーメン内の主要なメタン生成古細菌である*Methanobrevibacter* 属を宿主とすることが予測された。これらの結果から、ルーメン内の古細菌に感染するウイルスがメタン生成古細菌の動態を制御し、メタン生成にも関与している可能性が示唆された。

### ■ 結語

本研究では、8,232 RVG1 vOTUsを得ることに成功した。また、宿主予測により、ルーメンウイルスの大部分はルーメン原核生物に特異的に感染することが示唆された。さらに、ルーメン古細菌を宿主とするウイルスも存在することを明らかにした。今後、本研究で構築されたルーメンウイルスゲノムカタログや、ルーメンウイルスに関する知識を用いることで、ルーメンウイルスの研究がさらに促進されると期待される。