
反芻動物におけるルーメンおよび腸内ウイルスの特徴の解明

宇都宮大学農学部生物資源科学科・助教 佐藤 元映

■ 目 的

ウイルスには原核生物に感染し、微生物集団に影響を及ぼすものが存在する。反芻動物のルーメン細菌および腸内細菌は生産性と関連するため、ウイルスも間接的に生産性に影響を及ぼすと考えられる。そのため、ルーメンおよび腸内ウイルスの理解を深めることは家畜生産にとって重要である。本研究では、反芻動物のルーメンおよび腸内ウイルスの違いや特徴を明らかにすること、そして「原核生物-ウイルス」の感染関係を解明することを目的とした。

■ 方 法

本研究では去勢綿羊 4 頭より採取されたルーメン液および糞便を用いた。去勢綿羊は粗飼料と濃厚飼料を乾物比 30 : 70 (n=2) および 70 : 30 (n=2) で 14 日間給与された。ウイルス叢の解析では、各サンプルより、ウイルス様粒子の精製を行い、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、種レベルのウイルスゲノム (vOTUs) を取得し、感染宿主を予測した。また、全ゲノムのショットガンシーケンスを行い、原核生物の Metagenome-assembled genomes (MAGs) を取得し、系統分類を行なった。さらに、ルーメンと腸内の原核生物叢およびウイルス叢を比較するため、 β 多様性の解析を行なった。

■ 結果および考察

ルーメンウイルスの解析の結果、5,757 vOTUs を取得し、396 vOTUs の感染宿主を予測した。また、糞便より 670 vOTUs を取得し、31 vOTUs の感染宿主を同定した。その結果、ルーメンウイルスおよび腸内ウイルスはどちらも Firmicutes 門および Bacteroidota 門の原核生物に感染するウイルスが多く存在していることが明らかになった。さらに、ルーメンより取得した vOTUs にはメタン産生古細菌に感染するウイルスが存在したが、糞便より取得した vOTU には存在しなかった。全ゲノムのショットガンシーケンスの結果、307 MAGs を取得し、その大部分が Firmicutes 門および Bacteroidota 門であることが明らかになった。以上より、ルーメンおよび腸内ウイルスは各々の環境下に多く存在する原核生物に感染するウイルスが大多数を占めていることが示唆された。また、 β 多様性の解析の結果、ルーメンと腸内では形成されるウイルス叢および原核生物叢が大きく異なることが明らかになった。

■ 結 語

本研究の結果、反芻動物の腸内とルーメンでは明らかに異なる原核生物叢およびウイルス叢が形成されていることが明らかになった。また、これらのウイルスはルーメンおよび腸内の主要な原核生物に感染し、原核生物の動態をコントロールしている可能性が考えられた。今後はこれらウイルスが反芻家畜の生産性やメタン産生に与える影響を調べる必要があると考えられる。