

黒毛和種牛における重要ルーメン細菌群とそれらの動態に関する研究

生物資源科学専攻 家畜生産生物学講座 動物機能栄養学 橋本拓弥

1. 背景と目的

日本の代表的な肉用牛品種である黒毛和種は、良好な脂肪交雑を得るために1年以上にわたって濃厚飼料多給による肥育を行う。ウシが摂取した飼料は第一胃（ルーメン）で細菌による分解・発酵を受け、栄養源へと転換されるため、黒毛和種の安定生産においてはルーメン細菌叢および発酵を健全に維持することが極めて重要である。本研究では異なる飼養条件下にある黒毛和種肥育牛のルーメン細菌叢について網羅的解析ならびに横断的比較を実施し、個体や飼料によらず高密度で分布する重要ルーメン細菌群とそれらの動態を明らかにした。

2. 方法

ルーメン内容物は1道4県の5つの牧場で飼養されている黒毛和種肥育牛74頭から経口採取した。飼料は一般的な肥育に用いられる慣行飼料の他に、濃厚飼料の一部をコーンサイレージまたは飼料用米に置換したものを給与した。サンプリングは同一個体について肥育前期（14~17ヶ月齢）、中期（21~22ヶ月齢）および後期（26ヶ月齢）に実施した。ルーメン内容物から抽出した総細菌DNAを用いてMiSeqによる網羅的シーケンシング解析を行った。得られたDNA塩基配列データは、配列相同性に基づいてOTU（Operational taxonomic unit, 類似の機能が推定される集団, 以下、細菌群）にグルーピングした後、データ解析に供した。

3. 結果と考察

黒毛和種牛ルーメンにおいて、牧場、個体または飼料によらず一定割合で分布する細菌群が78個検出され、その分布割合は合計で総細菌の約80%を占めていた。そのうち、32細菌群はいずれも総細菌の1%以上の分布割合で存在し、合計分布割合は総細菌の約60%を占めたことから、これらが黒毛和種ルーメンにおける重要細菌群と考えられる。重要細菌群は、DNA塩基配列の相同性から *Prevotella ruminicola*, *Ruminococcus bromii*, *Succinivibrionium ruminis* といった既知ルーメン細菌と推定された。特に澱粉分解菌として知られる *P. ruminicola* および *R. bromii* に近縁な細菌群が多数検出され、これらが濃厚飼料を多給する黒毛和種肥育牛のルーメン内での澱粉分解に貢献していると考えられる。肥育ステージの進行に伴い、重要細菌の一部は分布割合が大きく変動し、特に肥育前期から中期にかけて *Prevotella* の減少および *Ruminococcus* と *Butyrivibrio* の増加が確認された。これは肥育ステージの進行に伴う濃厚飼料の増給によって *Prevotella* が減少し、そのニッチを *Ruminococcus* と *Butyrivibrio* が補完したためと推察された。一方、8つの細菌群は肥育期間を通じてほぼ一定の分布割合（合計分布割合は総細菌の8~13%）を保っており、これらは安定的なルーメン発酵維持の基盤を担う細菌群と考えられる。以上、本研究では黒毛和種肥育牛の健全なルーメン発酵に貢献する重要細菌群を特定し、肥育中期には重要細菌群の構成が変化するものの、異なる細菌群が役割を補完し合うことで安定的な発酵が維持される可能性を示した。