



テングザルの太鼓腹に共生する細菌叢を初解明 —豊かな森は、サルのおなかの菌も豊かにする—

ポイント

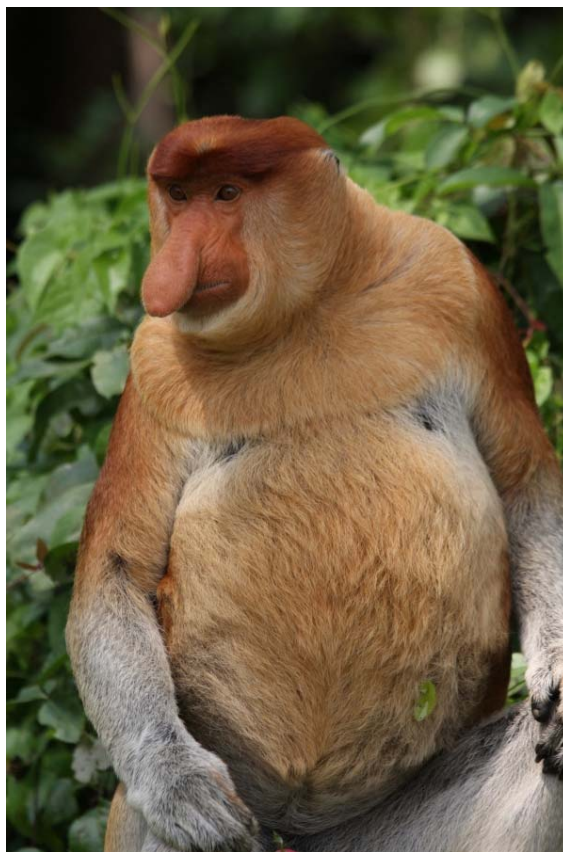
- 複胃をもつ野生霊長類の前胃内に共生する細菌叢を、テングザルで初めて解明した。
- テングザルの前胃内共生細菌の多様性は、環境との相互作用によって育まれている。食べ物となる植物の多様性が高い、豊かな森に住むテングザルほど、細菌叢がより多様化していることを示した。
- 餌付けした群れや飼育個体の前胃内には、ヒトが食べるような食べ物の消化に必要と思われる菌種が共生している。つまり、菌叢のヒト化が観察された。
- 宿主である霊長類と、消化管微生物叢が、生態・環境との相互作用によりどのように共進化してきたのか、更なる解明を推進していく。

概要

テングザルは、東南アジアのボルネオ島の沿岸部から川沿いに広がる密林にのみ生息する絶滅危惧種で、長い鼻と大きな太鼓腹が特徴です。その太鼓腹には、反すう動物と類似した複胃と呼ばれる4つにくびれた特殊な胃がおさまっており、霊長類で唯一、反すう行動が観察されています。テングザルは、この胃に共生する微生物群（細菌叢）を使って、葉に含まれる繊維を発酵・分解してエネルギーに変換できることが知られています。

京都大学霊長類研究所 早川卓志 特定助教と中部大学創発学術院 松田一希 准教授、そして海外の動物園や研究機関からなる国際共同研究グループは、長期にわたる野外観察によって、生活環境の異なる6頭の大人のテングザルのオスから前胃の内容物を採取しました。そして、その内容物に含まれている細菌のDNA配列を網羅的に解析した結果、多様な細菌叢を同定することに世界で初めて成功しました。さらに、テングザルが生活環境との相互作用によって、環境に適した細菌叢を胃の内部に育てていることも明らかになりました。

本研究は、2018年7月11日に微生物学の国際専門学術誌「Environmental Microbiology Reports」のオンライン版に掲載されました。



テングザルの雄の体重は約20キロ、雌はその半分くらいの重さしかありません。長く大きな鼻に加えて大きな太鼓腹が特徴的なサルです。(写真提供：中部大学 松田一希)

1. 背景

テングザルは、テングのような長い鼻に加えて、大きな太鼓腹が特徴的なサルです。東南アジアのボルネオ島の沿岸部から川沿いに広がる密林にのみ生息する絶滅危惧種です。テングザルの太鼓腹の中には、複胃とよばれる4つにくびれた特殊な胃がおさまっており、ウシやシカなどの反すう動物によく類似しています。成人の胃の3倍ほどもある大きな胃です。複胃の中でも一番目の胃（前胃）がその大半を占めています。pHは中性付近に保たれていて、細菌などの多種多様な微生物が共生しています。テングザルは、これらの共生する微生物を使い、葉に含まれる繊維を発酵・分解して活動エネルギーに変えることができます。反すう動物と類似した胃をもっているというだけでなく、テングザルは霊長類で唯一、反すう行動をすることが観察されているのも大きな特徴です。

近年、単一菌種の分離培養を必要としないメタゲノム解析の技術が発展し、霊長類の消化管に共生する微生物を網羅的に解析することができるようになりました。しかし、テングザルはもちろんのこと、霊長類で複胃を進化させ、葉食性に特化している野生のコロブス類の前胃内の微生物叢の詳細な研究例は未だありませんでした。

本研究グループは、2005年よりマレーシア・サバ州の様々な植生環境下に生息するテングザルの野外観察を通じて、テングザルの生態データを蓄積してきました。長期野外観察データに加え、かれらの前胃内細菌叢を解析し、テングザルの太鼓腹に共生する細菌叢が、彼らの生息する環境の変化にあわせてどのように共進化をとげてきたのかの解明に挑みました。

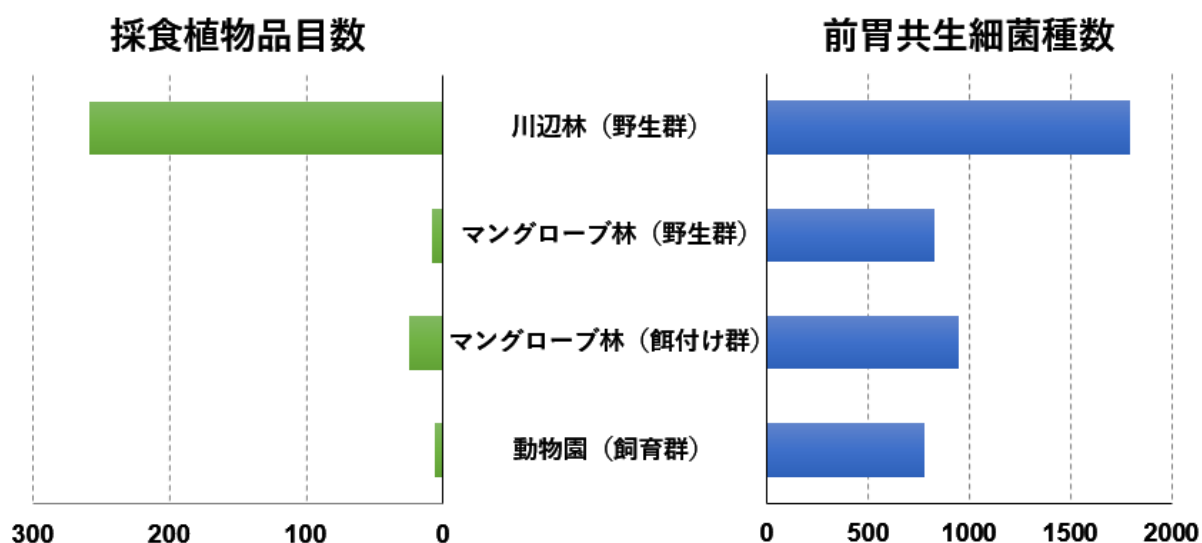
2. 研究手法・成果

2013年から2014年の間に、マレーシア・サバ州政府とイギリスのカーデフ大学が主導となり、テングザル保全プロジェクトが実施されました。その一環として、テングザルにGPS内蔵の首輪を取り付けるために野生個体の捕獲が実施されました。動物倫理に配慮しながら、本研究グループは様々な環境で生活する6頭のオスの大人のテングザルから前胃の内容物を採取しました。具体的には、食べ物となる植物種の多様性の高い川辺林と、単調なマングローブ林に生息する野生個体それぞれ2頭、野外で餌付けをしている個体1頭、動物園で飼育されている個体1頭から前胃内容物を採取しました。次世代シーケンサーを用いて、採取した前胃内容物に含まれている細菌のDNA配列を網羅的に解析して細菌叢の多様性を同定し、生息環境の違いと細菌叢の相違・類似性を比較しました。

より多様な環境である川辺林に生息し、多様な食物種を摂取しているテングザルの前胃内細菌叢は、単調なマングローブ林で限られた植物を食べて暮らしている個体に比べ、2倍以上も高い多様性を持っていることが明らかとなりました。一方、野外で餌付けされているテングザル個体、飼育されている個体の食性のパターンは単調であるにもかかわらず、野生のマングローブで暮らすテングザルよりも菌叢が多様でした。その理由は、餌付けや飼育されている個体の菌叢には、ヒトの消化管で見られるような菌種が多く含まれているということにありました。つまり、ヒトに近い環境で暮らすテングザルは、ヒトの食べ物の消化に必要な菌種も前胃内に共生させているのです。ヒトから伝播した菌種を前胃内に定着させている可能性も考えられました。

詳細に統計的な分析をおこなったところ、分析した6個体のテングザルから検出された細菌由来のDNAバーコード配列の種数（OTU: operational taxonomic unit と呼びます）は、合計で2700個ありましたが、どの生息環境にも共通するOTU数はわずか153個でした。これらの153個のOTUは生息環境によって左右されないテングザルにとって重要な菌種であると考えられ、主にフィルミクテス門とプロテオバクテリア門に分類されました。逆に、各環境に特有のOTU数は、川辺林の743種、マングローブ林の160種、餌付けした個体の181

種、飼育個体では 382 種であり、種内において大きな差がありました。フィルミクテス門、バクテロイデス門に属するものが多く、異なる植生／食性環境にテングザルが適応する上での調整役になっている可能性が示唆されました。



図：生息環境による前胃共生細菌種数（OTU 数から推定）の違い。食べ物となる植物の多様性が高い川辺林では、圧倒的に多様な細菌種が共生している。（発表論文をもとに作成）

3. 波及効果、今後の予定

DNA による解析技術が発展したことで、ヒトを含むさまざまな霊長類の消化管に共生する微生物叢の研究が盛んに行われています。しかし、長期野外調査により得られる、動物の生息する環境や、食性データも踏まえた上で、消化管微生物叢の構造を議論した研究はほとんどありません。特に、野生霊長類の前胃内の微生物叢の解明は、本研究が世界で初めてです。

私たちの研究から、熱帯地域の多様な植生／食性環境は、多様な動物相を形成するだけでなく、共生する微生物叢をも多様に行っていることが明らかとなりました。急激な熱帯森の伐採により多様性を失った森林環境に野生動物が曝されることは、彼らの生命の健全性を維持するための有用な共生微生物叢の消失にもつながる可能性があります。今後は、野生動物の消化管内微生物叢にも着目した動植物の保全を考えていく必要があると考えられます。

生きた野生動物の胃内容物収集のころみには多大な慎重さと倫理が要求されます。そのため、今回は 6 個体しか分析できず、本研究成果を単純には一般化できていません。野外での地道な長期調査を続け、分析する個体数や霊長類種を増やすことで、より包括的で一般性のある議論を展開することを目指します。

4. 研究プロジェクトについて

<予算>

- 人類進化の霊長類的起源の解明に向けた若手研究者育成国際プログラム HOPE (京都大学霊長類研究所)
- 科学研究費助成事業 若手 A (#21770261 松田)、萌芽 (#15K14605 松田)、特別研究員奨励費 (#12J04270 早川)、若手 B (#16K18630 早川)
- National Geographic Society (#9254-13 松田)
- Yayasan Sime Darby (Goossens、Nathan、Stark、Ramirez),

- 科学技術振興機構（JST） 戦略的創造研究推進事業（CREST）研究領域「人間と情報環境の共生インタラクション基盤技術の創出と展開」（研究総括：間瀬健二）「脳領域／個体／集団間のインタラクション創発原理の解明と適用」（代表者：津田一郎）

<関連研究機関>

中部大学創発学術院、京都大学霊長類研究所、サバ州野生動物局、ダナウギランフィールドセンター、カーデフ大学、京都大学野生動物研究センター、日本モンキーセンター、慶應義塾大学先端生命科学研究所、サバ大学熱帯保全研究所

<論文タイトルと著者>

タイトル：First report of foregut microbial community in proboscis monkeys: Are diverse forests a reservoir for diverse microbiomes? (テナグザルにおける前胃内微生物叢の初報告：多様な森は多様なマイクロバイオーームを生み出すのか?)

著 者：早川卓志、Senthilvel K. S. S. Nathan、Danica J. Stark、Diana A. R. Ramirez、Rosa Sipangkui、Rosa Sipangkui、Benoit Goossens、Augustine Tuuga、Marcus Clauss、澤田晶子、福田真嗣、今井啓雄、松田一希

掲 載 誌：Environmental Microbiology Reports DOI : 10.1111/1758-2229.12677