

BIRD “Microbiome” WATCHING

西原亜理沙

鳥類は、他の生物と同様に、多様な細菌とさまざまな共生関係を築いている。近年、シーケンス技術の発展により、菌叢解析が容易になった。現在までに60種以上の鳥類に対して腸などの体内器官内の菌叢解析が行われている¹⁾。鳥類はそれぞれの食性や習性に応じ、種によって種類や形状の異なる体内器官を持つ。その中には哺乳類にはない特殊な器官も存在し、特殊な微生物生態系が構築されている。

鳥類の多くの種は、尾羽の付け根に尾脂腺という油の分泌腺を持つ。羽繕いのときに、嘴を使って尾脂腺から出る油を羽根に塗り広げることで、羽根の耐水性やしなやかさを保ったり、汚れなどを防いだりすると考えられている。ヤツガシラ (*Upupa epops*) という鳥では、オスや非繁殖期のメスは白色の分泌液を尾脂腺から出す。一方、雛鳥や繁殖中のメスの尾脂腺の分泌液は白色ではなく茶色であり、共生細菌が多量に含まれている²⁾。それら共生細菌は、尾脂腺内部で高密度に凝集していることが顕微鏡観察により明らかにされた。共生細菌は鳥類に不利益な病原細菌や羽根を溶解する細菌に対して抗菌作用を持つことが、分離細菌を用いた実験で示されている。

尾脂腺からの分泌液を好氣的に培養することによって、主に Firmicutes 門の *Enterococcus faecalis* 細菌などがこれまでに分泌液から分離されてきた。尾脂腺からの分離細菌 *E. faecalis* は、病原性細菌 *E. faecalis* S-47 や *Listeria innocua* CECT 4030、および羽根を溶解する *Bacillus licheniformis* D13 に対して生育阻害の効果を示した。また、*E. faecalis* が他菌に及ぼす生育阻害効果は、プロテアーゼの添加によって抑制されるため、バクテリオシンのような抗菌ペプチドによるものと考えられている²⁾。鳥の羽根や羽根の主成分であるケラチンを分解する *B. licheniformis* に対しては、*E. faecalis* が生産するバクテリオシンの効果を試した追加実験がある³⁾。*B. licheniformis* に *E. faecalis* の生菌体、もしくは *E. faecalis* が産生するバクテリオシンを加えて培養すると、鳥の羽根や純粋ケラチンの分解が抑制された³⁾。よって、ヤツガシラはバクテリオシン生産菌と共生することで、*B. licheniformis* による羽根の溶解を防ぐ機構を持つことが示唆された。

ヤツガシラの雛鳥や繁殖中のメスでは、尾脂腺からの分泌液が孵化率にも影響することが実験で確認されている。実験では、抱卵中の卵の下にプロテアーゼを染み込

ませたカーペットを敷き、分泌液由来のバクテリオシンの効果を抑制した。その結果、プロテアーゼの代わりに水を染み込ませたコントロールに比べて、卵への細菌感染率が高くなり、孵化率が低下した。一方で、プロテアーゼによる負の作用は、もともと尾脂腺に細菌がないムクドリ (*Sturnus unicolor*) では見られなかった²⁾。

イエスズメ (*Passer domesticus*) で尾脂腺の共生細菌の作用を調べた研究では、ヤツガシラとは異なる作用が観察された。イエスズメでも尾脂腺の分泌液が、羽根に付着している細菌の数を減少させる作用は見つかった。しかし、ヤツガシラとは異なり、イエスズメの羽根にも存在する羽根の溶解細菌 *B. licheniformis* に対する抗菌作用はなかった⁴⁾。このように、鳥の種類によって、尾脂腺の効果やそこに存在する細菌との共生関係は異なっている。多様な鳥で多様な抗菌作用や抗菌メカニズムがあることが示唆されており、鳥類の生存戦略としての興味だけでなく、新規な抗菌剤の発見にも期待したい。

また鳥類の腸内からは新規性の高い細菌の分布も報告されている。たとえば、ツメバケイ (*Opisthocomus hoazin*) は体臭の悪臭が有名な鳥である。彼らの悪臭は、彼らが持つ発酵器官に起因する。ツメバケイは樹木の葉を常食とする特性があり、牛のルーメンと同じような発酵器官を持っている。前腸で発酵をおこない、栄養を取る唯一の鳥類である。ツメバケイの発酵器官の菌叢はとても興味深い。菌叢解析の結果からは、発酵器官を占める細菌のうち94%は未記載種に近縁であることが分かった。また、アーキアのみを対象とした発酵器官における菌叢解析を行なった研究では、発酵器官に分布する70%以上のメタン生成アーキアが新種あるいは新属に相当することが明らかとなった⁵⁾。

鳥類はとても身近な動物であるが、その内部は未だ多くの謎に包まれている。双眼鏡を使ったバードウォッチングが野外で盛んに行われているが、今後、顕微鏡やDNAをメインにしたマイクロビオームウォッチングの情報が蓄積されていくことで、微生物叢と宿主の相互作用の理解や、応用研究への発展が期待される。

- 1) Hird, S. M. et al.: *Front. Microbiol.*, **6**, 1403 (2015).
- 2) Soler, J. J. et al.: *Funct. Ecol.*, **22**, 864 (2008).
- 3) Ruiz-Rodríguez, M. et al.: *J. Exp. Biol.*, **212**, 3621 (2009).
- 4) Czirják, G. Á. et al.: *Naturwissenschaften*, **100**, 145 (2013).
- 5) Hird, S. M.: *Front. Microbiol.*, **8**, 725 (2017).