

演題番号：E7

16S rRNA シークエンス解析を用いた ハナゴンドウ (*Grampus griseus*) とバンドウイルカ (*Tursiops truncatus*) の腸内細菌叢比較

○星 英之¹⁾, 宮野雄貴¹⁾, 寺山弘樹²⁾, 石川 創³⁾, 浅木裕志³⁾

¹⁾ 大阪公立大, ²⁾ 日本ドルフィンセンター, ³⁾ 大阪海洋研

1. はじめに：腸内細菌叢は宿主の健康に関わることがヒトを含む動物で報告されており、生息環境や、食事の内容、抗生物質の使用などの外来因子からも影響を受けることが知られている。本研究では研究例が少ない飼育下のハナゴンドウ (*Grampus griseus*) の腸内細菌叢をバンドウイルカ (*Tursiops truncatus*) の腸内細菌叢解析と比較し、食性及び治療歴の違いが腸内細菌叢に及ぼす影響を解析した。

2. 材料および方法：和歌山県東牟婁郡太地町にあるドルフィンリゾートで飼育されているメスのバンドウイルカ4頭及びハナゴンドウ3頭の計7頭の糞便を検体として、各個体間の腸内細菌叢の比較を行った。バンドウイルカはサバを給餌されているのに対してハナゴンドウはイカ及びホッケが給餌されていた。またハナゴンドウについては、3個体中2個体にWBC(白血球)上昇が認められたことにより、検体採取日以前に1個体にはニューキノロン系を、もう1個体にはテトラサイクリン系の抗生物質を投与されていた。

3. 結果：ハナゴンドウおよびバンドウイルカの糞便サンプルの細菌叢を門レベルで比較したところ、ハナゴンドウ及びバンドウイルカから *Proteobacteria*、*Firmicutes* 及び

Fusobacteriota を中心として、それぞれ計9及び計10の細菌門が同定された。バンドウイルカ4頭中3頭からハナゴンドウには認められない *Patescibacter* が検出された。また、糖エネルギー代謝及びBCAA(分岐鎖アミノ酸)の産生に関与する *Prevotella* 属もバンドウイルカのみ認められた。ハナゴンドウ及びバンドウイルカの腸内細菌叢の α 多様性、 β 多様性を解析したところ、 α 多様性については有意差が認められなかった。 β 多様性については、バンドウイルカの4頭については類似性が認められたが、ハナゴンドウの3頭に類似性が認められなかった。

4. 考察および結語：バンドウイルカのみで認められた *Patescibacteria* 及び *Prevotella* は共に栄養代謝に密接に関与していることからBCAAを豊富に含むサバを餌としていることに起因すると考えられた。 β 多様性でハナゴンドウの腸内細菌叢について、個体差が大きかった原因として抗生物質の投与歴が関係していると考えられた。