

学 術

中国甘肅省の放牧豚と日本の東北地方の舎飼豚 および放牧豚の糞便細菌叢の比較

志村洋一郎¹, 河田 和^{1*}, 徐 継英², 盧 建雄², 稲元民夫¹

1 秋田県立大学生物資源科学部

2 西北民族大学生命工程学院

* 現(有)石川養豚場

要 約

豚放牧飼育による腸内細菌叢への影響をみるため、中国甘肅省の高原地域で放牧飼育される合作豚糞便3種と日本の舎内飼育豚糞便4種および半放牧飼育豚糞便3種について、次世代シーケンサGS Jrによる菌叢解析を行った。全ての糞便試料でFirmicutes門が主体であり、門レベルでは一般的な豚腸内細菌叢を形成していると考えられた。属レベルでは、日本の舎飼豚ではStreptococcus属およびLactobacillus属が、そして放牧豚ではStreptococcus属が主体であったが、合作豚ではClostridium属が主体であり、日本の豚と合作豚で主体菌は大きく異なっていた。日本の放牧豚では放牧期間の進むに従いClostridium sensu strictoの増加が見られたが、合作豚ではClostridium sensu strictoが主であり日本の放牧飼育豚とも異なることが明らかとなった。

キーワード：合作豚，クロストリジウム，腸内細菌叢，豚放牧，ラクトバチルス

中国における家畜品種の調査は古くから行われ、ブタ品種は地理や経済的な要因により、華北系、華中系、長江下流域系、華南系、南西系そして高原系の6系統に分けられる¹⁾。高原系は甘肅省や青海省周辺の高原地域で飼育され、特に甘肅省合作市で放牧飼育されるものは合作(Hezuo)豚と呼ばれ、周辺に自生するバラ科の薬草「蕨麻(ジュマ) Potentilla anserine」の根や葉を好むことから現地では「蕨麻豚(猪)」とも呼ばれる。密集した長い黒色体毛で覆われ、平均産子数は4~7頭で、成体でも30kg程度と小柄な形態的特徴を持つ¹⁾。ゲッチンゲンミニブタとクラウン系ミニブタ成体が約50kg²⁾と約20kg³⁾ということから、その大きさは想像できるだろう。遺伝学的な解析では梅山豚に近い品種に位置付ける報告もある⁴⁾。夏期(4~9月)は放牧、冬期(10~3月)は日中放牧され夜間に大麦給与の

飼育形態である。

我々は2010~12年に西北民族大学生命工程学院との研究交流の機会を得て、中国甘肅省甘南チベット族自治州合作市の海拔3000m前後の乾燥冷涼な高原地域で飼育される合作豚の腸内細菌叢を調査した。そこで、放牧が豚腸内細菌叢にどのような変化を与えるのか知ることのできる絶好の機会と捉え、合作豚(3種)と日本の東北地方の管理状態で飼育される豚(4種)、そして東北地方で3ヶ月程度放牧飼育された豚(3種)について、糞便から抽出したDNAを用い次世代シーケンサGS Jr(ロシュ・ダイアグノスティック、注)で細菌叢を解析したので、少し古いデータであるが紹介させていただく。なお、日本畜産学会第116回大会(2013)で発表した内容を一部含んでいる。

材料および方法

糞便試料：合作豚の糞便試料は、妊娠豚1頭（舎飼い大麦給与、2011年11月採取、親）、生後6ヶ月の子豚の放牧飼育期（終日放牧、2011年8月採取、放牧子）と同個体の半放牧飼育期（昼間放牧・夜間舎飼い大麦給与、2011年11月採取、半放牧子）の3種類を用いた。なお子豚糞便は5個体の糞便をよく混合したものを使用した。日本豚の糞便試料は、舎飼い飼育として東北地方の2つの畜産試験場（AとB）および2つのSPF豚舎由来（SPF-CとSPF-D）のもの計4種を用いた。また、放牧飼育として山形県内で夏季に放牧飼育された3種、7月（放牧初期、Y7）、8月（放牧中期、Y8）そして9月（放牧終期、Y9）の糞便を用いた。日本豚の糞便試料は全て2010年に採取され、使用まで-80℃で保存した。

菌叢解析：糞便からのDNA抽出は河田らの方法⁵⁾で行なった。得られた糞便抽出DNAを鋳型としてPCR法で16S rRNA遺伝子のV3~4領域を含む領域について、バーコード配列を持つプライマを使用してPCR反応で増幅し、GS Jrによる菌叢解析を行なった。サンプル調製はメーカーの説明書に従い行なった。得られた配列データをRPD Pyrosequencing Pipeline (Michigan State University) に供して得られたバーコード配列を除いた400塩基以上のリードについて、RDP Classifier⁶⁾を用いて属レベルで配列データを分割し解析した。また、クロストリジウム属菌のデータは、16S rRNA遺伝子データベース（2012年6月ダウンロード）に対しBLAST解析を行い、種レベル（98%以上の相同性）で同定した。なお、GS Jrによる配列解析は、機器の都合上、5つの糞便サンプルを1つにまとめて2回実施した。1回目は合作

豚試料3種、AおよびBを、そして2回目はSPF豚試料2種および日本の放牧豚試料3種を混合したサンプルで実施した。

結果および考察

GS Jrによるシーケンス解析1回目の総リード数は100283で、平均リード長はプライマを含む450bpであった。2回目の総リード数は25437で、平均リード長はプライマを含む453bpであった。得られたリードをRDP Pyrosequencing Pipelineにより試料毎にデータを分割し、日本豚試料、A、B、SPF-C、SPF-D、Y7、Y8およびY9のリード数は3408、3973、1687、1025、1797、9942および4235であった。合作豚親、半放牧子および放牧子のリード数は2171、65559および9534であった。これらの結果をもとに、得られたリード数を相対的な菌数として、豚糞便細菌叢を解析した。

門レベルの結果は本稿では示さないが、全ての糞便試料でFirmicutes門（低GCグラム陽性菌）が主体であった。一般的な豚腸内細菌叢はFirmicutes門およびBacteroides門が主体であり^{7,8)}、報告によっては80%近くがFirmicutes門との報告もある⁹⁾。このことから、全ての糞便試料は門レベルでは一般的な細菌叢であったと考えられる。

しかしながら、属レベルでみると日本の飼育豚と合作豚で菌叢は大きく異なっていた（表1-3）。日本の舎飼い飼育であるA、B、SPF-CおよびSPF-DではStreptococcus属が全体の29.1~42.0%を占め、次にLactobacillus属が13.4~21.7%であった（表1）。放牧飼育では、放牧初期Y7ではLactobacillus属が全体の51%、次いでStreptococcus属が16.8%であった

表1 日本舎飼い豚糞便のFirmicutes門構成菌

A		B		SPF-C		SPF-D			
順位	属名	配列数	全菌%	属名	配列数	全菌%	属名	配列数	全菌%
1	<i>Streptococcus</i>	995	29.1	<i>Streptococcus</i>	1287	32.4	<i>Streptococcus</i>	404	39.4
2	<i>Lactobacillus</i>	551	16.2	<i>Lactobacillus</i>	864	21.7	<i>Lactobacillus</i>	137	13.4
3	<i>Megasphaera</i>	219	6.43	<i>Collonella</i>	156	3.93	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	40	3.90
4	<i>Blautia</i>	205	6.02	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	126	3.17	<i>Coprococcus</i>	34	3.32
5	<i>Prevotella</i>	166	4.87	<i>Clostridium S. S. *</i>	102	2.57	<i>Blautia</i>	34	3.32
6	<i>Clostridium S. S. *</i>	158	4.64	<i>Blautia</i>	98	2.47	<i>Prevotella</i>	18	1.76
7	<i>Faecalibacterium</i>	87	2.55	<i>Gemmiger</i>	85	2.14	<i>Dorea</i>	7	0.68
8	<i>Gemmiger</i>	64	1.88	<i>Olsenella</i>	84	2.11	<i>Butyricoccus</i>	7	0.68
9	<i>Dorea</i>	59	1.73	<i>Clostridium XI</i>	65	1.64	<i>Clostridium S. S. *</i>	7	0.68
10	<i>Clostridium XI</i>	51	1.50	<i>Coprococcus</i>	60	1.51	<i>Peptococcus</i>	7	0.68
11	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	47	1.38	<i>Bifidobacterium</i>	51	1.28	<i>Clostridium XI</i>	6	0.59
12	<i>Roseburia</i>	45	1.32	<i>Oribacterium</i>	41	1.03	<i>Phascolarctobacterium</i>	5	0.49
13	<i>Selenomonas</i>	43	1.26	<i>Eubacterium</i>	38	0.96	<i>Collonella</i>	5	0.49
14	<i>Collonella</i>	42	1.23	<i>Enterorhabdus</i>	37	0.93	<i>Clostridium XIVa</i>	5	0.49
15	<i>Dialister</i>	39	1.14	<i>Dorea</i>	29	0.73	<i>Anaerostipes</i>	5	0.49
							<i>Clostridium XIVa</i>	7	0.41

*. *Clostridium sensu strict* ; **. *Lachnospiraceae incertae sedis*

表2 日本放牧飼育豚糞便のFirmicutes門構成菌

順位	Y7		Y8		Y9	
	属名	配列数 全菌%	属名	配列数 全菌%	属名	配列数 全菌%
1	<i>Lactobacillus</i>	917 51.0	<i>Streptococcus</i>	1933 19.4	<i>Streptococcus</i>	953 22.5
2	<i>Streptococcus</i>	302 16.8	<i>Prevotella</i>	1223 12.3	<i>Clostridium S. S. *</i>	621 14.7
3	<i>Blautia</i>	154 8.57	<i>Blautia</i>	907 9.12	<i>Prevotella</i>	94 2.22
4	<i>Coprococcus</i>	49 2.73	<i>Faecalibacterium</i>	574 5.87	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	82 1.94
5	<i>Dorea</i>	47 2.62	<i>Roseburia</i>	563 5.66	<i>Dorea</i>	78 1.84
6	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	26 1.45	<i>Gemmiger</i>	388 3.90	<i>Weissella</i>	78 1.84
7	<i>Gemmiger</i>	24 1.34	<i>Coprococcus</i>	251 2.52	<i>Anaerovibrio</i>	74 1.75
8	<i>Collonella</i>	22 1.22	<i>Phascolarctobacterium</i>	229 2.30	<i>Blautia</i>	68 1.61
9	<i>Roseburia</i>	22 1.22	<i>Dorea</i>	195 1.96	<i>Clostridium XI</i>	68 1.61
10	<i>Megasphaera</i>	16 0.89	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	161 1.62	<i>Coprococcus</i>	45 1.06
11	<i>Escheirchia/Shigella</i>	9 0.50	<i>Butyricoccus</i>	113 1.14	<i>Lactobacillus</i>	42 0.99
12	<i>Erysipelotrichaceae I. S. **</i>	7 0.39	<i>Mitsuokella</i>	108 1.09	<i>Mitsuokella</i>	38 0.90
13	<i>Butyricoccus</i>	6 0.33	<i>Clostridium S. S. *</i>	83 0.83	<i>Eubacterium</i>	38 0.90
14	<i>Olsenella</i>	6 0.33	<i>Clostridium XI</i>	83 0.83	<i>Erysipelotrichaceae I. S. **</i>	23 0.54
15	<i>Peptococcus</i>	4 0.22	<i>Selenomonas</i>	77 0.77	<i>Clostridium XVIa</i>	22 0.52

*, *Clostridium sensu stricto* ; **, *Lachnospiraceae incertae sedis* ; ***, *Erysipelotrichaceae incertae sedis*

表3 合作豚糞便のFirmicutes門構成菌

順位	合作豚・親		合作豚・放牧子		合作豚・半放牧子	
	属名	配列数 全菌%	属名	配列数 全菌%	属名	配列数 全菌%
1	<i>Lactobacillus</i>	1206 55.6	<i>Clostridium S. S. *</i>	22149 33.8	<i>Clostridium S. S. *</i>	2114 22.2
2	<i>Clostridium S. S. *</i>	170 7.83	<i>Lactobacillus</i>	4091 6.24	<i>Lactobacillus</i>	552 5.79
3	<i>Blautia</i>	133 6.13	<i>Clostridium XI</i>	2919 4.45	<i>Psychrobacter</i>	431 4.52
4	<i>Ruminococcus</i>	57 2.63	<i>Echerichia/Shigella</i>	1817 4.30	<i>Blautia</i>	359 3.77
5	<i>Clostridium XI</i>	45 2.07	<i>Enterococcus</i>	1131 1.73	<i>Clostridium XI</i>	355 3.72
6	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	38 1.75	<i>Cellulosilyticum</i>	959 1.46	<i>Prevotella</i>	219 2.30
7	<i>Anaerovibrio</i>	25 1.15	<i>Clostridium IV</i>	697 1.06	<i>Ruminococcus</i>	181 1.90
8	<i>Roseburia</i>	14 0.64	<i>Blautia</i>	490 0.75	<i>Corynebacterium</i>	168 1.76
9	<i>Megasphaera</i>	13 0.60	<i>Coprococcus</i>	465 0.71	<i>Facklamia</i>	106 1.11
10	<i>Prevotella</i>	8 0.37	<i>Dorea</i>	408 0.62	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	92 0.96
11	<i>Bifidobacterium</i>	7 0.32	<i>Streptococcus</i>	393 0.60	<i>Phascolarctobacterium</i>	84 0.88
12	<i>Cellulosilyticum</i>	7 0.32	<i>Lachnospiraceae I. S. **</i>	336 0.51	<i>Arthrobacter</i>	68 0.71
13	<i>Oscillibacter</i>	6 0.28	<i>Bifidobacterium</i>	322 0.49	<i>Anaerovibrio</i>	66 0.69
14	<i>Clostridium IV</i>	6 0.28	<i>Prevotella</i>	280 0.43	<i>Streptococcus</i>	62 0.62
15	<i>Acinetobacter</i>	6 0.28	<i>Erysipelotrichaceae I. S. **</i>	265 0.43	<i>Bifidobacterium</i>	44 0.46

*, *Clostridium sensu stricto* ; **, *Lachnospiraceae incertae sedis* ; ***, *Erysipelotrichaceae incertae sedis*

表4 日本舎飼い豚糞便のClostridium属構成菌種

A		B		SPC-C		SPF-D	
種名	配列数 全菌%	種名	配列数 全菌%	種名	配列数 全菌%	種名	配列数 全菌%
<i>C. dispersicum</i>	132 3.89	<i>C. dispersicum</i>	70 1.76	<i>C. glycolicum</i>	6 0.59	<i>C. chartatab. *</i>	6 0.36
<i>C. glycolicum</i>	43 1.26	<i>C. glycolicum</i>	60 1.51	<i>C. butyricum</i>	5 0.49	<i>C. celerecres. *</i>	2 0.12
<i>C. butyricum</i>	22 0.65	<i>C. baratii</i>	14 0.35	<i>C. xylanolyticum</i>	3 0.29	<i>C. glycolicum</i>	2 0.12
<i>C. bartlettii</i>	6 0.18	<i>C. butyricum</i>	14 0.35	<i>C. chartatab. *</i>	1 0.10	<i>C. butyricum</i>	1 0.06
<i>C. chartatab. *</i>	4 0.12	<i>C. chartatab. *</i>	4 0.10	<i>Clostridium sp.</i>	1 0.10	<i>C. baratii</i>	1 0.06
		<i>C. bartlettii</i>	3 0.08				

*, *C. chartatabidum* ; **, *C. celerecrescens*

が、放牧中期Y8では*Streptococcus*属および*Prevotella*属が全体の19.4および12.3%を示し、Y7で主体菌であった*Lactobacillus*属は1%以下に減少した(表2)。放牧終期Y9での主体菌は*Streptococcus*属でY8と変わらなかったものの、2番目が*Clostridium sensu stricto*となり、Y8では0.83%であったものがY9では14.7%に増加した。日本豚では舎飼4種と放牧初期Y7で*Streptococcus*属と*Lactobacillus*属が多く、これは飼料変化による影響と推測されるが、放牧により飼料や環境の変化により前者よりも後者の方が影響を受けやすいものと考えられた。これに対し合作豚親では*Lactobacillus*属が55.6%で主であ

り、次いで*Clostridium sensu stricto*の7.83%であった(表3)。放牧子の主体菌は*Clostridium sensu stricto*が33.8%で、次に*Lactobacillus*属(6.24%)であったが、半放牧子では*Clostridium sensu stricto*が22.2%、次いで*Lactobacillus*属(5.79%)そして*Psychrobacter*属(4.52%)の順であった。合作豚親と半放牧子では大麦給与があり、これにより*Lactobacillus*属が増加すると推測された。

合作豚で*Clostridium*属の存在比が高かったため、次に全試料について*Clostridium* (*sensu stricto*, IV, XIおよびXVIa)の種の解析を行った(表4-6)。日本の舎飼豚では5~6種が検出された。AとBで

表5 日本放牧豚糞便の*Clostridium*属構成菌種

Y7			Y8			Y9		
種名	配列数	全菌%	種名	配列数	全菌%	種名	配列数	全菌%
<i>C. butyricum</i>	1	0.056	<i>C. glycolicum</i>	68	0.68	<i>C. chartatab. *</i>	334	7.89
			<i>C. baratii</i>	27	0.27	<i>C. butyricum</i>	136	3.21
			<i>C. butyricum</i>	24	0.24	<i>C. baratii</i>	96	2.27
			<i>C. disporicum</i>	11	0.11	<i>C. glycolicum</i>	34	1.46
			<i>C. chartatab. *</i>	9	0.09	<i>C. disporicum</i>	10	0.80
			<i>C. aurantibut. *</i>	4	0.04	<i>C. aurantibut. * *</i>	8	0.24
			<i>C. bartlettii</i>	4	0.04	<i>C. lavalense</i>	6	0.19
			<i>C. septicum</i>	4	0.04	<i>C. xylanolyticum</i>	3	0.14
			<i>C. lavalense</i>	2	0.02	<i>C. bartlettii</i>	1	0.07
			<i>C. saccharolyticum</i>	2	0.02	<i>C. populeti</i>	1	0.02
			<i>C. xylanolyticum</i>	1	0.01	<i>C. saccharolyticum</i>	1	0.02
						<i>C. saccharoperbut. * * *</i>	1	0.02

*, *C. chartatabidum*; **, *C. aurantibutyricum*; * * *, *C. saccharoperbutylaceticum*

表6 合作豚糞便の*Clostridium*属構成菌種

合作豚・親		合作豚・放牧子		合作豚・半放牧子	
種名	配列数 全菌%	種名	配列数 全菌%	種名	配列数 全菌%
<i>C. butyricum</i>	162 7.46	<i>C. disporicum</i>	15231 23.2	<i>C. disporicum</i>	2015 21.1
<i>C. glycolicum</i>	37 1.70	<i>C. chartatab. *</i>	4139 6.31	<i>C. glycolicum</i>	336 3.83
<i>C. bartlettii</i>	5 0.23	<i>C. glycolicum</i>	2508 3.83	<i>C. butyricum</i>	36 0.40
<i>C. butyricum</i>	4 0.18	<i>C. butyricum</i>	1637 2.50	<i>C. chartatab. *</i>	33 0.35
<i>C. chartatab. *</i>	3 0.14	<i>C. aurantibut. * *</i>	371 0.57	<i>C. paraputrificum</i>	17 0.18
<i>C. saccharoperbutylac. * * *</i>	1 0.05	<i>C. paraputrificum</i>	274 0.42	<i>C. bartlettii</i>	13 0.14
		<i>C. bartlettii</i>	97 0.15	<i>C. aurantibut. * *</i>	4 0.04
		<i>C. septicum</i>	29 0.04		
		<i>C. baratii</i>	26 0.04		
		<i>C. uliginosum</i>	26 0.04		
		<i>C. saccharoperb. * * *</i>	14 0.02		
		<i>C. sartagoforme</i>	14 0.02		
		<i>C. colicanis</i>	9 0.01		
		<i>C. mesophilum</i>	5 0.01		
		<i>C. sulfidigenes</i>	5 0.01		
		<i>C. sardiniense</i>	5 0.01		
		<i>C. tertium</i>	4 0.01		
		<i>C. cochlearium</i>	4 0.01		
		<i>C. nocyi</i>	4 0.01		
		<i>C. saccharobutylicum</i>	3 0.005		
		<i>C. sporogene</i>	3 0.005		
		<i>C. thermopalmarium</i>	3 0.005		
		<i>C. vincentii</i>	3 0.005		
		<i>C. chauvoei</i>	2 0.003		
		<i>C. bowmanii</i>	1 0.002		
		<i>C. puniceum</i>	1 0.002		

*, *C. chartatabidum*; **, *C. aurantibutyricum*; * * *, *C. saccharoperbutylaceticum*

は、*C. disporicum*および*C. glycolicum*が高かったが、全体の4%未満であった。また、それらはSPF-CおよびSPF-Dでは1%以下であった(表4)。日本の放牧豚について、Y7では*C. butyricum*のみが、Y8では*C. butyricum*を含む11種が検出されたが、Y7およびY8での割合は全体の1%以下であった(表5)。Y9では13種が検出されるとともにその割合も全体の約16%にまで増加し、*C. chartatabidum* (7.89%)、*C. butyricum* (3.21%)、*C. baratii* (2.27%)そして*C. glycolicum* (1.46%)が高く検出された。合作豚において、親では*Clostridium*属6種が検出され、その中でも*C. disporicum*が全体の7.46%と最も高く検

出された(表6)。半放牧子では7種が検出され、*C. disporicum*が21.1%および*C. glycolicum*が3.52%と多かった。放牧子では27種が検出され、*C. disporicum* (23.2%)、*C. chartatabidum* (6.31%)、*C. glycolicum* (3.83%)そして*C. butyricum* (2.5%)の順であった。放牧期間の長い合作豚放牧子および日本の放牧豚Y9において、*Clostridium*属菌の種の多様性が増していた。

本実験で主体菌として検出された*Streptococcus*属や*Clostridium*属などの菌は豚腸内細菌叢全体で5%程度であったとの報告があるが⁷⁾、次世代シーケンサによる豚腸内細菌叢解析では*Clostridium sensu*

*stricto*が主体との報告はない。そこで、合作豚で存在比が多かった*Clostridium*属について種レベルでの解析を行った。その結果、合作豚では*Clostridium*属の中でも*C. disporicum*の全体に対する割合が7～23%と高いことが明らかとなった。この菌はグラム陽性嫌気性菌で、細胞中に2芽胞形成すること、25℃～26℃および38.5℃～44℃と二峰性の至適発育温度があること、そして糖がない培地では成長できないなどの特徴を持つ¹⁰⁾。豚糞便にこの菌の16S rRNA 遺伝子配列を検出した報告では、検出頻度が極めて少なく常在菌とは捉えられていない¹¹⁾。本実験において、SPF豚以外、即ちパドックなど屋外飼育の経験を持つA, B, Y7, Y8およびY9でこの菌が検出されており、土壌に接する機会を与えられている豚では常在するものと考えられる。合作豚の放牧子は蕨麻のような草根を土から掘り出して食するため、放牧の場合には食物繊維豊富なエサの消化に*C. disporicum*のような糖分解菌株が有用である可能性もある。一方で、単に土をエサと一緒に飲み込むため、常在菌とまではいかなくても常に腸内に存在している可能性も高い。そうは言っても、日本豚と比較し合作豚における*C. disporicum*の存在比は極めて高いため、腸管内での消化吸収や生理代謝に何らかの影響を与えている可能性はあるだろう。この菌が日和見感染菌である可能性やスカトール産生に関わる可能性が示唆されている^{11,12)}。*Clostridium sensu stricto*には病原菌が多く含まれるが¹³⁾、糞便採取時の我々の観察では蕨麻豚に疾病の徴候は見られず健康そのものであったため、腸内菌叢の主体を形成するこの菌が高い病原性を示す可能性は極めて低いと考えている。日本の放牧豚において腸内*Clostridium*菌数の減少と背脂肪中スカトール濃度が低下したことや¹⁴⁾、逆に全菌とともに*Clostridium*菌が増加したにも関わらずスカトール濃度が舎飼豚よりも低下したことが報告されている¹⁵⁾。本報では*Clostridium*属の全体に対する割合は増えたがスカトール産生菌は検出されておらず、放牧による腸内*Clostridium*種の多様性の増加やストレス低下により相対的にスカトール産生菌や産生量が減少したとも解釈できる。*C. disporicum*の詳細な性質を知ることが、放牧時の腸内細菌叢の応答解明や新規生菌剤開発に繋がるも

のと考えている。

謝 辞

豚糞便試料を提供していただいた秋田県畜産試験場、宮城県畜産試験場、有限会社ポークランド、帝京科学大学アニマルサイエンス学科戸澤あきつ講師および佐藤衆介東北大学名誉教授にこの場をかりて謝意を示します。GS Jr機器による解析は、秋田県立大学生物資源科学部バイオテクノロジーセンターで実施した。

注：ロシュ・ダイアグノスティック社次世代シーケンサGS Jr機器および関連試薬類は2013年末および2016年末で販売終了となっている。

引用文献

- 1) Cheng P: PIG BREEDS Livestock breeds of China, FAO Animal Production and Health paper 46, 159～194, Food and Agriculture of the United Nations, Roma (1984)
- 2) 石井和雄：ブタ，最新畜産ハンドブック，扇元敬司他編，22～25，講談社，東京（2014）
- 3) 高尾尊身，藤吉利信，松原修一郎，上村亮三，瀬戸山健太郎，鳥取潤一：ミニブタの医学応用—とくにクラウン系ミニブタについて—，日本疾患モデル学会記録，22，64～69（2006）
- 4) Liu Y, Xiong Y, Deng C: Analysis of genetic diversity and relationships of seven Chinese indigenous pig breeds and Three exotic pig breeds using the DNA differential display technique, Agricultural Science in China, 5, 713～717（2006）
- 5) 河田和，志村洋一郎，福島淳，稲元民夫：豚腸内細菌叢解析におけるDNA抽出方法の検討，第115回日本畜産学会大会講演要旨集，118（2012）
- 6) Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, Cole J R: Naïve Bayesian Classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy, Appl Environ Microbiol, 73, 5261～5267（2007）
- 7) Lamendela R, Sant Domingo J W, Ghosh S, Martinson J, Oerther D B: Comparative fecal metagenomics unveils unique functional capacity of the swine gut, BMC Microbiol, 11, 103（2011）
- 8) Poroyko V, White J R, Wang M, Donovan S, Alverdy J, Liu D C, Morowitz M J: Gut microbial gene expression in mother-fed and formula-fed piglets, PLOS ONE, 5, e12459（2010）
- 9) Leser T D, Amenuvor J Z, Jensen T K, Lindecrona R H,

- Boye M, Møller K: Culture-independent analysis of gut bacteria: the pig gastrointestinal tract microbiota revisited, *Appl Environ Microbiol*, 68, 673~690 (2002)
- 10) Horn N: *Clostridium disporicum* sp. nov., a saccharolytic species able to form two spore per cell, isolated from a rat cecum, *Int J Syst Microbiol*, 59, 398~401 (1987)
- 11) Kobayashi Y, Itoh A, Miyawaki K, Koike S, Iwabuchi O, Iimura Y, Kobashi Y, Kawashima T, Wakamatsu J, Hattori A, Murakami H, Morimatsu F, Nakaebisu T, Hishinuma T: Effect of liquid whey feeding on fecal microbiota of mature and growing pigs, *Anim Sci J*, 82, 607~615 (2011)
- 12) Li C, Liu J, Wang Y, Wu Y, Wang J, Zhou Y: Influence of differing carbohydrate sources on L-tryptophan metabolism by porcine fecal microbiota studied in vitro, *Livestock Sci*, 120, 43~50 (2009)
- 13) Gupta R S, Gao B: Phylogenomic analysis of clostridia and identification of novel protein signatures that are specific to the genus *Clostridium sensu stricto* (cluster I), *Int J Syst Evol Microbiol*, 59, 285~294 (2009)
- 14) 戸澤あきつ, 高橋敏能, 佐藤衆介: 放牧飼育が肥育豚の行動, 肺病変・腸内環境, および豚肉の臭気に与える影響, *東北畜産学会報*66, 23~32 (2016)
- 15) 戸澤あきつ, 田中繁史, 佐藤衆介: 最高級豚肉の生産につながる放牧効果の解明, 平成24年度食肉に関する助成研究調査報告書31, 70~77, 公益財団法人伊藤記念財団, 東京 (2013)

プロフィール

志村洋一郎

秋田県立大学 生物資源科学部 応用生物科学科 准教授

1993年日本大学農獣医学部農芸化学科卒業後, 東京農工大学大学院農学研究科修士課程および東京農工大学大学院連合農学研究科博士課程修了, 博士(農学)取得. Wayne State University (医学校病理学科) ポスドク, 秋田県立大学生物資源科学部助手, 助教を経て, 2020年4月より現職