YAMAGUCHI UNIVERSITY 山口大学　山口大学 One Welfare国際研究センター　広島大学

Press Release

【2026 年 11 月 27 日】
送付枚数　本票含め 4 枚

報道機関　各位

国立大学法人山口大学
国立大学法人広島大学

日本初、食虫性コウモリの腸内細菌叢を包括解析！

―鳥類に類似した特有の細菌叢を発見、人獣共通感染症サーベイランスの新たな基盤へ―

【研究成果のポイント】

- 山口県内に生息する食虫性コウモリ 3 種（ユビナガコウモリ、モモジロコウモリ、キクガシラコウモリ）の腸内細菌叢※1 を、次世代シーケンサー※2 を用いて網羅的に解析しました。日本のコウモリを対象に、腸内細菌叢の全体像とそれを左右する要因を包括的に調べた研究は、本研究が初めてとなります。
- コウモリの腸内細菌叢は、ヒトや多くの陸上哺乳類とは異なり鳥類に近い組成を示し、シュードモナス門（旧プロテオバクテリア門）が約 60%を占めていました。また、3 種のコウモリに共通する 10 属の「コア細菌」が全体の約 75%を占めていたことを明らかにしました。
- 腸内細菌の構成は、コウモリの種類・生息場所・季節によって異なることを明らかにしました。
- 腸内細菌の中に、ヒトや動物に病気を起こしうる菌を含む細菌グループ（セレウス菌群など）が見つかりました。野生動物の腸内細菌叢を調べることが、人獣共通感染症の監視（ワンヘルス・サーベイランス）に役立つことを示しています。

【研究成果の概要】

山口大学共同獣医学部 One Welfare 国際研究センターの清水隆 教授、Ishara Uhanie Perera 助教、度会雅久 教授らの研究グループは、広島大学 IDEC 国際連携機構の丸山史人 教授らの研究グループ、国立感染症研究所との共同研究により、山口県内の食虫性コウモリ 3 種の腸内細菌叢を初めて包括的に解析しました。

その結果、腸内細菌叢はシュードモナス門（63.6%）を中心とする構成で、コウモリの種類・生息場所・季節と関連していることを明らかにしました。また、セレウス菌群など病原性を持ちうる細菌グループを検出することにも成功しました。本成果は、野生動物とヒトの接点における感染症リスクを評価する基礎データとなるもので、2026 年 10 月 23 日付けで国際学術誌「BMC Animal Microbe」に掲載されました。

【発表論文の概要】

- 掲載誌：BMC Animal Microbe
- 論文タイトル：Gut microbiota of insectivorous bats in Japan: host-, location- and season-associated community structure and exploratory screening for bacterial pathogen targets
- 和訳：日本の食虫性コウモリの腸内細菌叢：宿主・場所・季節に関連する群集構造と細菌性病原体標的の探索的スクリーニング
- 著者：Rosalia Mwongeli Makau[1†], Bett Evalyne Chepkirui[1†], Ishara Uhanie Perera[2], 清水隆[2*], 橋野正紀[3], 下田宙[4], 西里 美優香[1], 高野愛[4], 柳田哲也[2], 丸山史人[5], Jianjian Hou[5,6], 渡邉健太[2], 度会雅久[2]（†共同筆頭著者、*責任著者）
- 所属：[1]山口大学大学院共同獣医学研究科獣医学専攻博士課程／[2]同 共同獣医学部病態制御学講座／[3]国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 病原体ゲノム解析研究センター／[4]山口大学共同獣医学部生体機能学講座生虫学研究室／[5]広島大学 IDEC 国際連携機構／[6]岐阜大学 応用生物科学部
- 掲載日：2026 年 10 月 23 日
- DOI：https://doi.org/10.1186/s42523-026-00650-w
- 配列データ：NCBI Sequence Read Archive（BioProject: PRJNA1450296）
- 研究費：日本学術振興会（JSPS）科研費（課題番号 26K01897）

【研究成果の詳細-背景】

腸内細菌叢は宿主の栄養代謝や病原体への防御に関わり、その構成は食事や季節、生息地などの影響を受けます。コウモリは哺乳類の約 22%を占め、その約 7 割が食虫性です。種ごとに体の大きさや採食方法が異なるため、宿主や環境が腸内細菌叢に与える影響を調べられる良いモデルとなります。

またコウモリは、SARS コロナウイルスなど人獣共通感染症の病原体の自然宿主として知られています。ウイルスの研究が進む一方で、コウモリが保有する細菌の研究は遅れており、国内でもこれまで日本のコウモリの腸内細菌叢の全体像を調べた研究はありませんでした。

【研究成果の詳細-手法】

2021～2022 年に、山口県岩国市のトンネル 2 か所と美祢市の洞窟 1 か所で、許可を得てコウモリ 75 頭を捕獲しました。大腸の内容物から DNA を取り出し、細菌が共通して持つ「16S rRNA 遺伝子」を次世代シーケンサーで一気に読み取ることで、どの細菌がどれだけいるかを調べました。遺伝子を増幅できた 31 頭分を解析に用い、細菌の多様性と構成を種類・場所・季節などで比較しました。さらに、病原性を持ちうる細菌が多い検体については、特定の病原体の遺伝子を高感度に検出するネステッド PCR 法[※3]で 7 種を調べました。

【研究成果の詳細-成果】

1. 「飛ぶ動物」型の腸内細菌叢

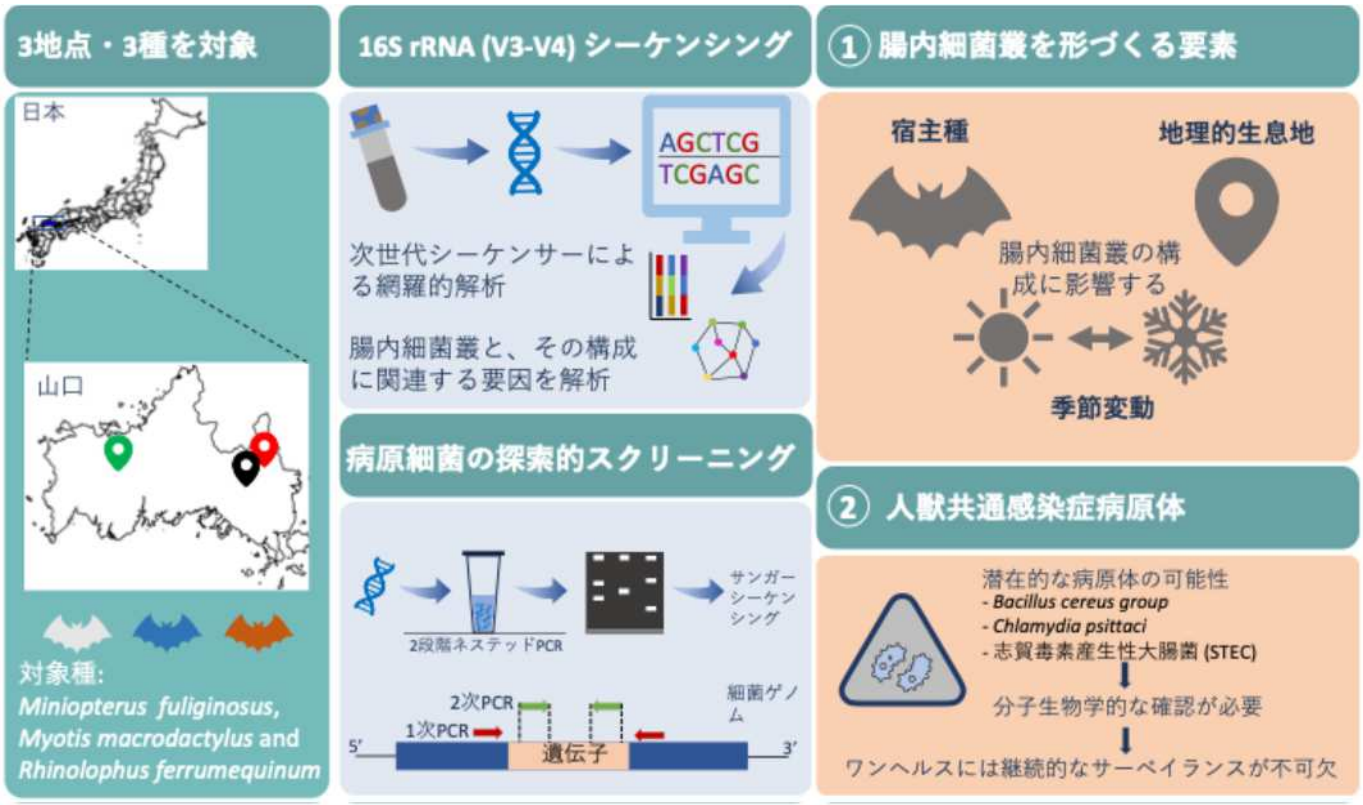
最も多かったのはシュードモナス門（63.6%）で、次にバシロータ門（22.3%）が続きました。ヒトなどの陸上哺乳類とは異なり鳥類に近い構成で、飛翔への適応との関連が考えられます。3 種に共通する 10 属の「コア細菌」が全体の 74.5%を占め、その中には昆虫の殻（キチン）を分解する菌（ハフニア属、セラチア属）も含まれていました。

2. 種類・場所・季節による違い

細菌叢の構成は、コウモリの種類（p=0.005）・捕獲場所（p=0.005）・季節（p=0.015）と有意に関連し、性別や体重とは関連しませんでした。たとえば、川の上で採食するモモジロコウモリでは水環境に多いエロモナス属が多く見られました。ただし、試料の偏りにより、3 要因の影響を完全には切り分けられていません。

3. 病原性を持ちうる細菌グループの検出

クラミジア属やブドウ球菌属など、病原菌を含む細菌属が検出されました。特に、ヒトや動物に病気を起こしうる食中毒菌のセレウス菌や炭疽菌を含む「セレウス菌群」が 31 検体中 6 検体から見つかりました。ネステッド PCR 法では、セレウス菌群・オウム病クラミジア・志賀毒素遺伝子を標的とした検査で想定サイズの増幅が得られました。ただし、病原体の種の確定には至っておらず、今後調べるべき候補を絞り込んだ段階です。



図：研究の概略図。３種のコウモリの細菌叢を解析した結果、コウモリの細菌叢は鳥類の細菌叢に近く、宿主種や生息地、季節によって変動することが明らかとなった。また複数の病原体を保有していることが示唆された。

【研究成果の詳細−今後の展望】

今後は、今回研究の候補となったセレウス菌群などを分離培養や種特異的な遺伝子解析で調べ、病原性の有無を明らかにします。また、試料をバランスよく集めた調査や食事内容の分析を加え、腸内細菌叢を左右する要因をより明確にします。これらを通じて、ヒト・動物・環境の健康を一体としてとらえる「ワンヘルス」の観点から、野生動物由来の感染症リスクの評価と予防に貢献することが期待されます。

【用語解説】

※1 腸内細菌叢：腸内に棲む細菌の集合体であり、健康維持に重要な役割を果たしています。理想的な腸内環境では、善玉菌が 2 割、悪玉菌が 1 割、日和見菌が 7 割の比率で存在し、このバランスが健康維持に重要です。腸内細菌叢は、私たちの腸内に生息する細菌の集合体であり、複雑な生態系を形成しています。細菌同士、そして宿主である私たち人間との間で代謝物のやり取りを通じて相互作用し、私たちの健康に大きな影響を与えています。

※2 次世代シーケンサー（Next Generation Sequencing, NGS）：核酸配列を大量かつ高速に読み取る技術で、従来の DNA シーケンサー（サンガー法）と比較して解析速度・データ量・コスト効率が飛躍的に向上しています。NGS は数百万～数十億の DNA 断片を並列処理でき、ゲノム解析や遺伝子発現解析など幅広い用途に利用されます。

※3 ネステッド PCR 法：2 組のプライマー（DNA の合成を開始させる目印となる短い一本鎖 DNA または RNA）を用いて 2 段階の PCR を連続して行うことで、標的とする DNA を高感度かつ高特異的に増幅させる手法です。

【お問い合わせ先】

＜研究に関する問い合わせ＞
山口大学共同獣医学部病態制御学講座
教授　清水 隆（しみず たかし）
E-mail：shimizut@yamaguchi-u.ac.jp

＜報道に関する問い合わせ＞
山口大学総務部総務課広報室
電話：083-933-5007
E-mail：sh011@yamaguchi-u.ac.jp

広島大学財務・総務室 総務・広報部広報グループ
電話：082-424-4383
E-mail：koho@office.hiroshima-u.ac.jp