



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Gut microbiota assembly and social complexity in wild primates
Author(s)	北山, 遼
Description	この博士論文の全文は利用可能日以降に公開されます。利用可能日以前の閲覧方法は https://www.lib.hokudai.ac.jp/dissertations/copy-guides/ をご参照ください。
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(環境科学)
Dissertation Number	甲第16726号
Issue Date	2026-03-25
DOI	https://doi.org/10.14943/doctoral.k16726
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/99571
Type	doctoral thesis
File Information	KITAYAMA_Haruka_abstract.pdf, 論文内容の要旨 https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/



学 位 論 文 内 容 の 要 旨/Dissertation Abstract

博士（環境科学）

氏 名/Applicant 北山 遼

学 位 論 文 題 名/Title of Dissertation

Gut microbiota assembly and social complexity in wild primates

（野生霊長類における腸内微生物群集の集合過程と社会の複雑性に関する研究）

本博士論文の目的は、野生霊長類において腸内微生物群集の集合過程が社会構造の複雑性によっていかに組織化されるのかを、社会マイクロバイオームの視点から検証することである。腸内マイクロバイオームは宿主の代謝や免疫を調節し、ときに行動にも影響を与える個体の生存に不可欠な形質である。従来、腸内マイクロバイオームの多様性の決定因子としては、主として食物や環境、血縁度の影響が検証されてきた。一方、近年の研究は、身体的接触や環境の共有を通じて、宿主の社会関係そのものが微生物の伝播経路・フィルターとして機能するという「社会マイクロバイオーム」のプロセスの重要性を示している。しかしながら、これまでの多くの社会マイクロバイオーム研究は単一の社会階層に焦点を当てるか、飼育環境での検証にとどまり、野外に実在する動物の社会の複雑性を十分に扱ってこなかった。本博士論文では、他種共存系である混群と、文化的行動である温泉入浴行動という二つの異なる社会的複雑性に着目し、行動・個体・群れ・種という階層をまたいで、腸内微生物群集の構造と機能がどのように組織化されるかを検討した。

第2章では、ウガンダ・カリンズ森林に生息するアカオザル（*Cercopithecus ascanius*）とブルーモンキー（*C. mitis*）の混群を対象に、異種間の社会マイクロバイオームを検証した。混群とは、異なる種がともに遊動や採食を行う群れを指す。本章では、種を超えた社会性が腸内微生物群集の多様性に与える影響を明らかにすることを目的とした。16S rRNAアンプリコン解析の結果、両種は優占細菌門および検出された細菌種の約8割を共有していたにもかかわらず、PhILR非類似度に基づく β 多様性は宿主種間で有意に異なっており、種境界を越える微生物共有と種固有性の共存が示された。混群内の個体間で社会的距離と腸内微生物群集の非類似度の関係を調べたところ、種を区別しない全てのペアおよび異種ペアにおいて、社会的に近い個体ほど腸内微生物群集が類似しており、社会マイクロバイオームのパターンが種境界を越えて現れることがわかった。一方、それぞれの種内の個体ペアに限定すると、腸内微生物群集と社会的距離の間に有意な関係は見られなかった。さらに、3組の混群とアカオザル単独群を含む7群を対象とした群れレベルの解析では、混群のメンバーシップが、宿主の系統や群れ同士の地理的距離、採食類似性よりも強く腸内微生物群集の構造を説明し、群れ間の社会的距離と腸内微生物群集の非類似度との間に正の相関が認められた。共起ネットワークの解析では、各群れごとに異なるモジュールハブやコネクターが同定される一方で、*Oscillospirales*目に属するある細菌種（RUG13077 sp.）のみがすべての混群で共通のコネクターとして検出され、混群ごとに歴史的偶然性を含む独自の集合過程をたどりながらも、種特異的なモジュール同士を橋

渡しする共有微生物が存在する可能性が示された。

第3章では、長野県・地獄谷野猿公苑におけるニホンザル (*Macaca fuscata*) で見られる文化的行動である温泉入浴に着目し、社会的学習によって獲得される行動が腸内微生物群集に与える影響を検証した。ショットガンメタゲノム解析により、サル糞便と温泉水（源泉および浴槽）から計344の種レベルゲノムビン (SGB) を再構築したところ、サルと浴槽水は多くのSGBを共有する一方、サルと源泉水の間には共有が認められず、温泉の浴槽がサル由来微生物のリザーバーとして機能する可能性が示された。同じ群れの中には温泉に頻繁に入る個体とほとんど入らない個体が共存していたが、SGBレベルの $\alpha \cdot \beta$ 多様性には顕著な差はみられなかった。一方で、KEGG Orthology (KO) プロファイルに基づく機能構造では、温泉入浴頻度の高い個体群内で有意な収束がみられ、入浴行動の有無によって有意に変動するKOが3つ検出された。入浴頻度の高い個体で有意に高い相対存在量を示したKOを保有する *Megasphaera elsdenii* では、入浴個体と浴槽水の間でほぼ同一の株が検出され、温泉を介した株レベルの微生物共有が示唆された。これらの結果は、同じ社会集団の内部においても、文化的に伝達される行動が共有水環境への曝露パターンを変化させることで、腸内微生物群集の機能構造や株レベルの組成を改変しうることを示している。

以上の結果から、本博士論文は、野生霊長類における腸内微生物群集の集合過程が、宿主系統や食性、空間環境といった古典的要因に加えて、(1) 混群という種境界を越えた社会構造と、(2) 同一群れ内における文化的行動に起因する環境利用の差という種内の行動的ニッチ分化、という二つの側面からも強く影響を受けることを示した。一方で、宿主の系統や発達段階、栄養・消化や免疫といった生理的制約は依然として強く働いており、社会的混合は腸内微生物群集を完全に均質化するのではなく、部分的な重なりを生み出すにとどまることも明らかになった。本博士論文は、混群が種間の社会マイクロバイオーームを形成しうることを示し、動物の社会を、行動・個体・群れ・種といった複数階層が重なり合う微生物メタコミュニティとして捉える枠組みの有効性を示すものである。