

氏名	敖道胡 (Aodaohu)		
授与した学位	博士		
専攻分野の名称	農学		
学位授与番号	博甲第	7074	号
学位授与の日付	2024年 3月 25日		
学位授与の要件	環境生命科学研究科 農生命科学専攻 (学位規則第4条第1項該当)		
学位論文の題目	Milk, udder skin, and fecal microbiota and their relationships with blood metabolites and milk composition in dairy herds (乳牛の乳汁、乳房皮膚および糞便細菌叢と血液性状および乳成分の関係)		
論文審査委員	教授 木村康二	教授 森田英利	准教授 鶴田剛司 教授 西野直樹
<b>学位論文内容の要旨</b>			
<p>Owing to improvements in milking devices and procedures, milk is now less likely to be contaminated with high numbers of pathogens that cause contagious mastitis and foodborne illnesses. However, controlling the pathogens that cause environmental mastitis remains insufficient and requires further improvement. This study examined the milk, udder skin, and fecal microbiota in healthy cows managed using automatic milking systems in a free-stall barn. Samples were collected during the summers of 2018 (Exp. 1) and 2020 (Exp. 2). Milk protein, fat, and solid-not-fat contents were higher, and blood urea nitrogen and non-esterified fatty acid levels were lower in the 2020 samples. Principal coordinate analysis demonstrated that milk, udder skin, and fecal microbiota were separate groups. Regardless of the sampling year, the fecal microbiota was characterized by Ruminococcaceae, Christensenellaceae, and Oscillospiraceae. The milk microbiota was characterized by Moraxellaceae, Bacillaceae, and Enterococcaceae in the 2018 samples and Oxalobacteraceae and Muribacuraceae in the 2020 samples. The udder skin microbiota was characterized by Erysipelotrichaceae in the 2018 samples, and Rhizobiaceae, Sphingomonadaceae, and Lactobacillaceae in the 2020 samples. Through network analysis, many bacterial taxa in the milk, udder skin, and fecal microbiota were shown to be related to blood metabolites and milk composition. However, only a few have shown a positive or negative relationship across the 2018 and 2020 samples. None of the milk composition was related to milk, udder skin, or fecal microbiota. Except for the relationships between BUN and udder skin Erysipelotrichaceae and between BUN and udder skin Peptostreptococcaceae, blood metabolites were unrelated to milk, udder skin, or fecal microbiota. No blood metabolites were associated with typical mastitis pathogens, regardless of the milk, udder skin, fecal, or bedding microbiota.</p> <p>These findings indicated that milk and udder skin microbiota varied at the herd level and were unrelated to the nutritional status and milk composition in cows without clinical mastitis. Although several prevalent taxa were shared in the bedding and udder skin microbiota and the udder skin and milk microbiota, selection and elimination occurred during transmission, regardless of pathogens and non-pathogens. The udder skin and milk microbiota were not related to the milk composition and blood metabolites, indicating that the nutritional status of the cows may not dictate milk contamination with environmental microbiota.</p>			

## 論文審査結果の要旨

搾乳機器や搾乳手順の改善により、伝染性乳房炎や食中毒の原因となる病原菌に乳汁が汚染されることは少なくなった。しかし、環境性乳房炎を引き起こす病原菌の制御はまだ十分でない。本研究では、フリーストール牛舎および搾乳ロボットで管理された健康な牛を対象として、乳汁、乳房皮膚、糞便細菌叢と血液性状、乳成分の関係を調べた。サンプルは2018年と2020年の夏に採取した。2020年のサンプルでは、乳タンパク質、乳脂肪、無脂固形分含量が高く、血中BUNとNEFAレベルが低かった。 $\beta$ 多様性解析により、乳汁、乳房皮膚、糞便細菌叢はそれぞれ別のグループであることが示された。サンプリングの年に関係なく、糞便細菌叢はRuminococcaceae、Christensenellaceae、Oscillospiraceaeによって特徴づけられた。また、乳汁細菌叢はMoraxellaceae、Bacillaceae、EnterococcaceaeあるいはOxalobacteraceae、Muribacuraceaeに、乳房皮膚細菌叢はErysipelotrichaceaeあるいはRhizobiaceae、Sphingomonadaceae、Lactobacillaceaeに特徴づけられた。ネットワーク解析の結果、乳汁、乳房皮膚、糞便細菌叢の多くの細菌群が、血中代謝物や乳成分と関連していることが示されたが、2018年と2020年に共通して正または負の関係を示したものはわずかであり、代表的な乳房炎病原菌との関係はみられなかった。これらの結果は、乳汁および乳房皮膚の細菌叢は牛群レベルで変動しており、臨床症状を示さない健康牛の栄養状態や乳成分とは無関係であることを示している。牛床と乳房皮膚、乳房皮膚と乳汁で起こる選択と排除に病原性は強く関わらないこと、環境細菌叢による乳汁汚染は牛の栄養状態に左右されないことも興味深い知見として得られた。

実態調査をもとに、乳牛の飼養管理、環境管理法改善に向けた科学的情報を示した意義は大きい。よって、敖道胡氏は博士（農学）の学位を授与される資格があると判断した。