

毛髪細菌の基礎と発展 ; 毛髪細菌叢の特異性とその 要因および利用

山田, あずさ
九州大学大学院生物資源環境科学府

田代, 幸寛
九州大学大学院農学研究院生命機能科学部門

<https://hdl.handle.net/2324/6617933>

出版情報 : 決断科学. 9, pp.24-31, 2022-11-15. Institute of Decision Science for a Sustainable Society, Kyushu University

バージョン :

権利関係 : (c) 2021 決断・九州・福岡. Creative Commons Attribution (CCBY) に基づくオープンアクセス出版.

論文の種別 (総説) / Type of the Paper (Review)

毛髪細菌の基礎と発展

;毛髪細菌叢の特異性とその要因および利用

山田 あずさ¹, 田代 幸寛²

Fundamental and Development of "Hair-Bacteria"

;Bacterial Communities on Human Scalp Hair and its factor and application

Azusa Yamada¹, Yukihiro Tashiro²

¹ Department of Bioscience and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Graduate School, Kyushu University; 九州大学大学院生物資源環境科学府; yamada.azusa.669@s.kyushu-u.ac.jp

² Department of Bioscience and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Graduate School, Kyushu University; 九州大学大学院農学研究院生命機能科学部門; tashiro@agr.kyushu-u.ac.jp

* Correspondence (責任著者): tashiro@agr.kyushu-u.ac.jp; Tel.: 092-802-4739

Abstract: Bacterial communities on various parts of the human body are distinct. Recently, head are revealed that bacteria of human scalp hair (hair-bacteria) are tightly present on both shaft and roots, and that hair bacterial community structures would be distinct from those on scalp and female public hairs. A new approach, hair bacteria at crime scenes is expected could provide useful information for narrowing down a suspect.

山田・田代. 毛髪細菌の基礎と発展;
毛髪細菌叢の特異性とその要因および
利用. 決断科学, 第9号

(2021), 24-31. <https://doi.org/10.50817/qou.tds0902>

編集者 Takahiro Murakami

2022年04月28日 受付

2022年08月22日 受理

2022年11月15日 出版

抄録: 人体には多様な細菌が常在菌として存在している。表皮、腸内、口腔内の細菌叢は古くから研究が行われ、人体内部および外部の細菌の存在が明らかにされつつある。中でも、多くの細菌にとって人体表皮は複雑な生存場所であり、細菌の種類と存在量は、人体の部位、性別、湿気、皮脂量、発汗量、年齢が関与しているとされ、部位および個人に特異的な細菌叢が形成されている。近年、ヒト毛髪にも常在菌が存在することが明らかとなり(毛髪細菌)、特異的な細菌叢が各地域から報告されている。また、頭髪、頭皮、陰毛ごとの細菌叢の差異が明らかとなり、法医学分野では毛髪細菌を利用した個人特定への応用が期待されている。

Keywords: hair ; hair bacteria ; bacterial community;



© 2021 決断・九州・福岡.

Creative Commons Attribution (CC BY) に基づくオープンアクセス出版

(<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

はじめに

ヒトの皮膚には、細菌、真菌およびウイルスを含む複雑な微生物コミュニティが形成されている[1]。それらは同一人物内でも脂性部位(額, 耳), 湿潤部位(臍, 脇), 乾燥部位(手掌, 臀部)といったニッチ(生態的地位)の違いにより微生物叢が明確に異なる[2,3]。

これまで頭部を対象とした細菌叢解析の研究は、主に頭皮や毛包および皮脂腺といった「生きている領域」を対象に発展してきたが、角化の終了した「死んでいる領域」である毛髪はほとんど対象とされていなかった。その理由として、死んだ領域である毛髪か

ら栄養源が供給されず、常在菌のニッチに適さないと考えられてきた。しかしながら近年、ヒト毛髪にも常在菌が存在し細菌叢を形成していることが明らかとなり[2],[3], 美しい毛髪を保つための基礎として、今日までその組成や特徴を解明する動きが活発となっている。

ヒト毛髪細菌の細胞密度と安定性

皮膚からの露出部を毛幹部、皮膚内部の部位を毛根部といい、細菌密度は毛幹部に 10^5 cell/cm², 毛根部に 10^7 cell/cm² 存在する[3]。図 1 では毛髪表面に存在する毛髪細菌（桿菌・球菌）の様子がみられる（約 5 μ m の白い点が細菌様細胞である）。表皮の細菌密度は部位に依存して 10^2 - 10^7 cell/cm² であることから[4], 毛髪上では、高密度に何らかの栄養源を獲得しながら、生存していることが示唆される。また、毛髪細菌は年間を通して細菌数に変化しないことから、常在菌であることが示された。一方で、脱落毛では時間経過により細菌 DNA 量が徐々に減少し、常温で 6 ヶ月経過した脱落毛では細菌 DNA 量が半分になる[2]。従って、毛髪細菌はヒト頭皮から拡散される皮脂や汗等の栄養供給を受けると示唆されている[2]。また、シャンプー等の洗髪による影響はほとんど受けず、洗髪後でも細胞密度は変化せず、強固に固着している[6-8]。さらに、一般的なシャンプー残量 (0.01-0.1% \geq) では毛髪細菌の生育阻害を生じない[5]。これらのことから、毛髪細菌は洗髪などに関わらず年間を通して安定に存在する、常在菌であるといえる。

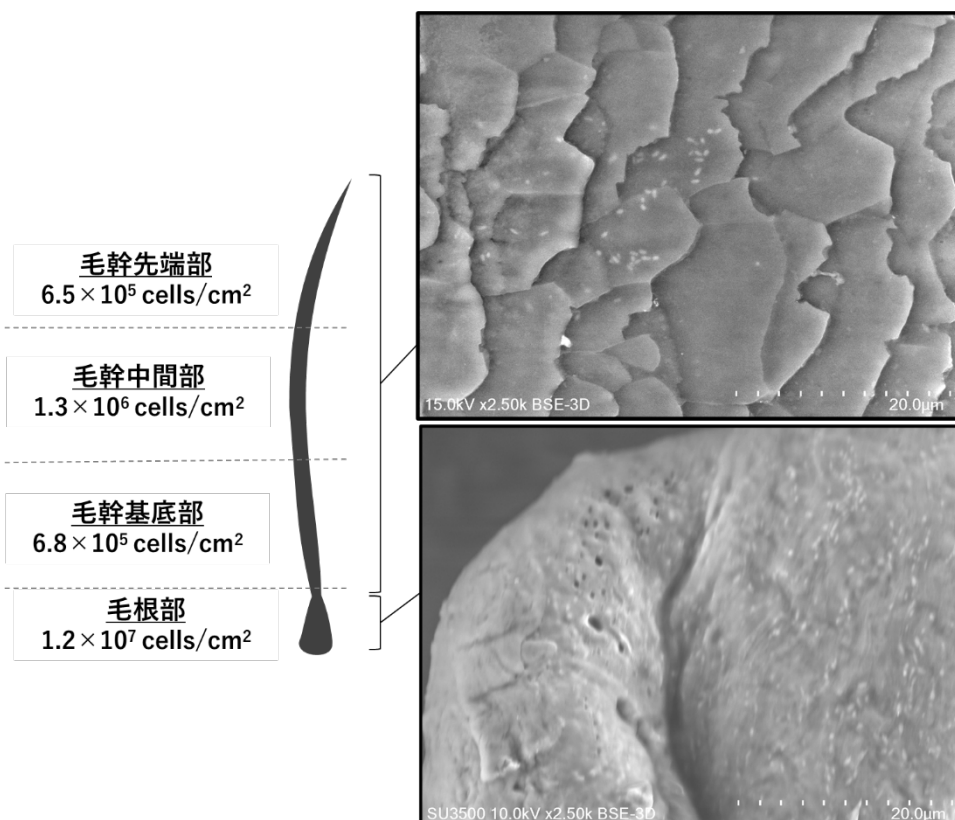


図 1 毛髪の部位別細菌数ならびに毛髪細菌の SEM 画像 ([3]を一部改変)

毛髪細菌叢の独自性 (毛髪・皮膚・頭皮)

健康な毛髪の主要な細菌門は Actinobacteria (約 54%), Proteobacteria (約 30%), Firmicutes (約 10%) である[6]。毛髪における細菌叢解析はいくつかの報告があるが、最

も大規模で 109 名を対象にした報告では、興味深いことに Proteobacteria 門である *Pseudomonas* 属が主要細菌として約 19%を占め、*P. lini* (約 9%)、*P. alcaliphila* (約 3%)、*Ps. antarctica* (約 2%) を含む *Pseudomonas* の 9 種が、毛髪細菌種上位 60 種以内に存在する[10,11]。*Pseudomonas* は、皮膚常在菌としても存在するが、皮膚における占有率は約 <2%である点や[7]、*P. fluorescens* や病原菌 *P. aeruginosa* (緑膿菌) などが大部分を占めること、皮膚常在菌 *Pseudomonas* の多様度が乏しいことなど[13,14]、*Pseudomonas* 属のみでも皮膚と毛髪では、明確に異なる細菌叢が形成されている (図 2a)。

毛根部と毛幹部 (基底部, 中間部, 先端部) では、毛根部の細菌密度が 10^2 倍大きく、毛幹部の多様性がわずかに高いなどの違いがある。ところが、優占の細菌叢は非常に類似していることから[3]、毛幹部の毛髪細菌は毛根部を起源とすることが示唆されている。

また、毛髪は頭皮から伸びているが毛髪と頭皮の細菌叢は異なっている (図 2b) [8]。まず、細菌種の多様度を示す α 多様性 (Observed OTUs, Shannon) は、毛髪細菌叢の方が頭皮細菌叢と比べて有意に大きい。また、各組成に関しては主要な細菌門はいずれも共通だが、毛髪には Proteobacteria 門が有意に多い一方、Firmicutes 門は頭皮で有意に多く存在することが明らかになっている[8]。詳細には、*Staphylococcus* 属が頭皮に多く (頭皮: 32%, 毛髪: 5%)、*Pseudomonas* が毛髪に多い (頭皮: 7%, 毛髪: 17%)。表皮環境による生育細菌種の違いとして、Actinobacteria は脂性部位、Proteobacteria は乾燥部位、Firmicutes は湿潤部位での占有率が高いことから[9]、毛髪は脂性と乾燥を併せ持つニッチであり、頭皮は脂性および湿潤部位の特徴を示すことが考えられる。

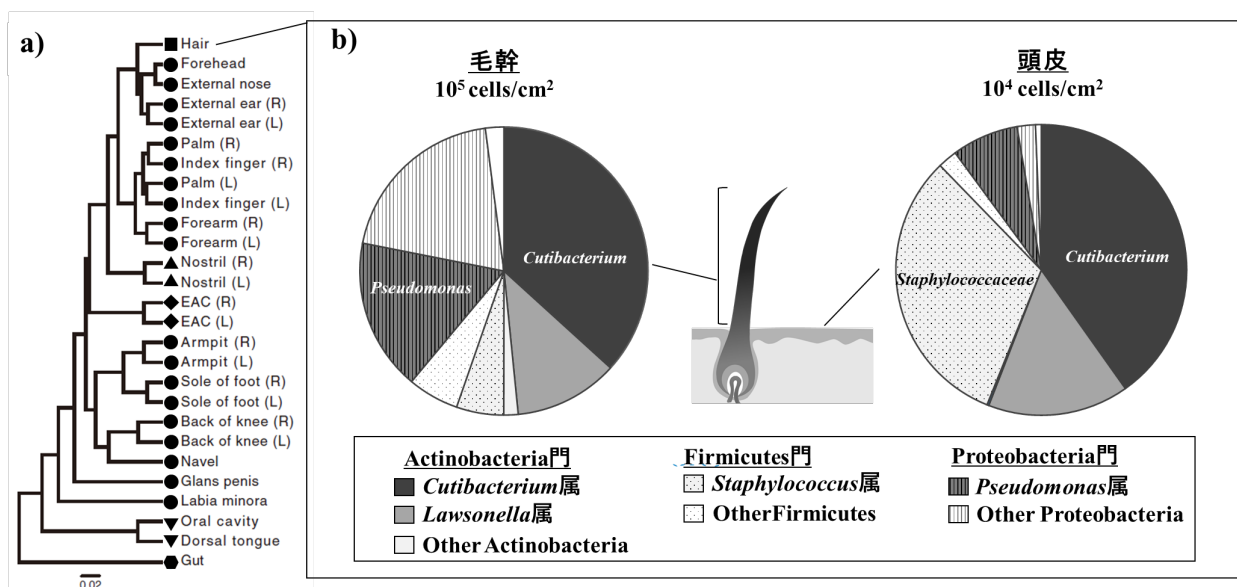


図 2 人体の各部における細菌叢の階層的クラスタ分析 (左) と、毛髪・頭皮の細菌叢比較 ([11,15]を一部改変)

個人間の毛髪細菌叢と細菌叢形成の寄与因子

細菌の種類と占有率は、人体の部位、性別、湿気、皮脂の量、汗の産生、ホルモン状況、年齢に左右される。中でも毛髪は、他部位と比べ、シャンプー、コンディショナー、整髪料、染料、ブリーチなどの化学処理に晒される頻度が高く、毛髪細菌叢に影響を及ぼすことが推測される。すなわち、それらの使用実績は個人で大きく異なるために個人で特有の細菌叢形成の寄与因子となり得る。16S アンプリコン解析による細菌叢解析結果では、細菌種は共通するものの占有率は個人間で大きくばらつくことが報告された[6]。さらに、ヒト毛髪細菌叢の個性は *Cutibacterium* 優勢の Cu-type と *Pseudomonas* 優勢の Ps-type に分類されることが明らかとなっている。前述の通り、細菌叢の形成には、内的要

因(性別等)と外的要因(ヘアワックス, ヘアカラー等)に寄与することが推測される。内的因子である性別において, 主要細菌属の細菌密度は性別間での差異はない一方で, *Cutibacterium*, *Lawsonella*, *Moraxella*, *Staphylococcus* は女性よりも男性の方が有意に多い。また, 女性は *Pseudomonas* の細菌数が多く Ps-type の比率が高いのに対し, 男性では Cu-type の比率が高い。外的因子においては, 女性ではヘアワックスの使用により *Cutibacterium*, *Lawsonella*, *Moraxella* が減少し, ヘアブリーチによる処置では *Pseudomonas* が減少する。また, 男性ではヘアカラーによる処置により *Cutibacterium*, *Lawsonella*, *Staphylococcus* が減少し, ドライヤーによる乾燥では *Staphylococcus* が減少する。従って, 男女ともにヘアワックスおよびヘアカラーの使用により Ps-type の比率が高くなる。一方女性でのみ, ヘアコンディショナー, ヘアケア剤, およびパーマによる処置により Ps-type の比率が高くなり, ヘアブリーチによる処置では Cu-type の比率が高くなる[6]。従って, 外的要因が細菌叢の形成に寄与することが示唆された。一方で, いくつかの報告では男女での毛髪細菌叢による相違は無いとされており[4, 15-17], 性別による Ps-Cu-type の傾向は, ヘアワックスやヘアケア剤の性差による選択性に依存するとも考えられる。男性と比べ女性では細菌種が多様であり, 個人間によるヘア関連化粧品の幅広さや化学処理の頻度が影響を与えていると考えられる。従って, 内的要因(性別等)が直接影響しているかは明確でないが, 生活習慣における外的因子が細菌叢に影響することにより, ヒト毛髪細菌叢の個人による特異性が形成されていると考えられている。

日・米・豪における地理の違いによる細菌叢の差異

前述の通り, 毛髪細菌叢形成には外的因子が影響するが[6], 居住環境の差においても菌叢が異なることが予想される。同一研究グループで異国間の毛髪細菌叢を解析した報告は無いが, これまでにアメリカ, オーストラリアおよび日本における各国の報告があり, 本内容では各試料採取地と報告内容を比較する。なお, 日本を除く各報告では被験者数が 7-9 名と少ないことから個人の毛髪細菌叢に強く依存した結果であることを考慮し, 普遍的な比較に留めている。

各地域の毛髪細菌叢の共通点は, 門レベルでは Actinobacteria, Firmicutes, Proteobacteria で構成されることである(図3)。また目レベルに着目すると, L. Brinkarら[10]によるアメリカ国内(California (CA)と Maryland (MD))の毛髪細菌叢の比較(n=8)では主要細菌と示された Corynebacteriaceae (CA:約3%, MD:約11%)と Staphylococcaceae (CA:約17%, MD:約46%)の占有率が顕著に相違する。同様に Elizabeth K. Costelloら[11]による Colorado (CO)の毛髪細菌解析(n=9)では, Corynebacteriaceae および Staphylococcaceae の占有率にばらつきが見られることから, 毛髪細菌叢には地域による特異性があることが示唆される。しかしながら, COでは最優占細菌として示された Propionibacteriaceae (約63%)が, CAやMDでは検出されていない。そのほか西オーストラリア(WA)(n=7)や福岡(FK)(n=109)とも比較すると, Pseudomonadaceae は日本でのみ優占であり, 採取地により細菌叢が大きく相違している(表1)。これらの相違は, 毛髪試料からの細菌 DNA 抽出方法の違いが関係する可能性もあるが, 居住環境(温度, 湿度, 紫外線量)や生活習慣が細菌叢の差異に寄与することも示唆される。しかし, 地域差による詳細な因子解明には至っていない。また, 日本の報告に対してその他の報告によるサンプルサイズが大きく異なる点も細菌種や占有率がばらつく要因であると考えられる。今後, 大規模な被験者および採取地点による毛髪細菌叢の地域による特異性を評価することが期待される。

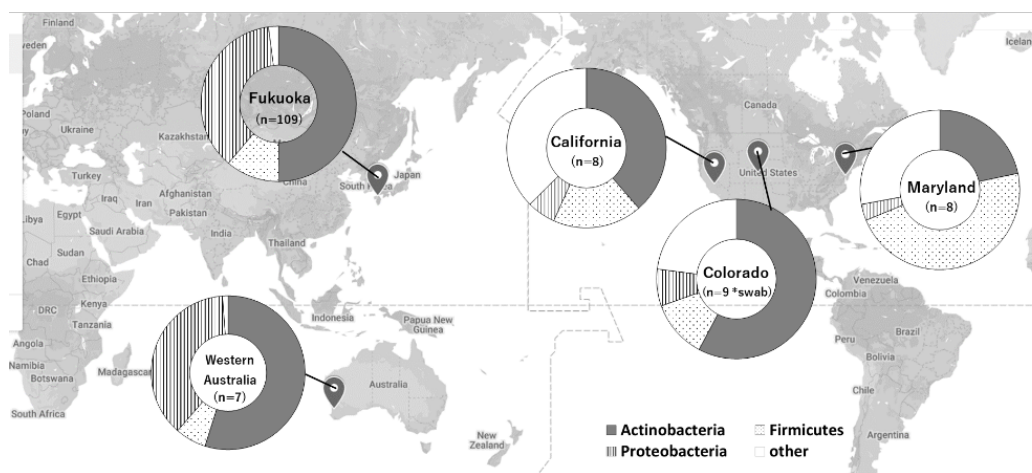


図 3 地域による毛髪細菌叢（門レベル）の相違 ([10,15-17]より参照)

表 1 各毛髪採取地 California (CA), Maryland (MD), Colorado (CO), 西オーストラリア (WA), 福岡 (FK) での主要な毛髪細菌 (ND:検出なし) ([10,15-17]より参照)

採取地	主要毛髪細菌の占有率 (%)				16s アンプリコン解析手法		
	Actinobacteria Corynebacteriaceae	Actinobacteria Propionibacteriaceae	Firmicutesu Staphylococcaceae	Proteobacteria Pseudomonadaceae	試料	16s rRNA	NGS 使用機器
CA	3.1	ND	17.4	1.3	毛髪	V4	Illumina MiSEQ
MD	11.0	ND	46.9	1.1	毛髪	V4	Illumina MiSEQ
CO	2.6	62.8	2.6	0.6	毛髪	V2	Genome Sequencer FLX System
WA	48.4	ND	ND	1.0	脱脂綿	V4	GS-Junior
FK	0.6	36.7	5.3	17.0	毛髪	V4	Illumina MiSEQ

法科学分野から見た体毛細菌叢の違い

体毛は犯罪現場の遺留資料として多く発見される資料の1つである[2]。ヒトの毛髪は1日に約50本から150本抜ける（自然脱落毛）とされ、凶悪犯罪の事件現場や性犯罪事件での被害者の身体や着衣等から犯人の体毛が遺留される場合もある。毛髪によるDNA型鑑定には、毛根部に毛根鞘等の組織が付着していることを必要とするが、脱落毛は毛根鞘を含まないことから、毛幹部の外観形状や色調および長さ等による形態所見資料としてのみ用いられている。しかし近年では、体毛の微生物叢の違いから体毛による個人識別を試みる研究が進んでいる。

陰毛では男女の明確な区別が可能であり、女性は *Lactobacillus* の占有率が約30%と高いのに対し、男性はこれらの細菌が存在しない[12]。これは膣および膣分泌物における *Lactobacillus* の存在に起因したものと考えられている[13]。さらに同棲する男女においても陰毛細菌叢は明確に異なるが、性交後18時間以内の陰毛にはシャワー後であっても男性に *Lactobacillus* が存在する。このことから、陰毛細菌叢は接触により一時的な組成変化をもたらす。

また、脱落毛を主とする毛髪はDNA鑑定には不適切であるが、個人間のばらつきを利用した毛幹部の細菌叢プロファイリングによる異動識別が可能である[2]。なお、個人によっては類似した細菌叢を持つケースもあることから、容疑者候補群からの1次スク

リーニングとして用いることが望ましいと考えられ、科学的証拠としての採用が期待されている。

陰毛と毛髪の細菌叢を比較すると、男女ともに多様度は毛髪が大きく菌数は陰毛が多い[6]。加えて男女の陰毛には *Actinomycetaceae* が約 1.5% 存在するが、男女の毛髪および男性の陰毛における細菌叢は類似しており、女性陰毛を除いて部位との明確な相関は示さない[12]。

当項で述べた法科学分野への応用利用はまだ導入されていないが、個人に特異的な毛髪細菌叢を利用することにより、現在のヒト DNA 型 鑑定では識別が困難な一卵性双生児の識別が可能である。また、細菌叢解析以外の検査から得られた毛髪の形態学的検査データや他の組織成分などと統合することで、異動識別の精度向上が可能となることから、技術導入されることを期待する。

おわりに

常在菌として毛髪細菌の存在が報告されてからわずか 8 年であるが、毛髪細菌叢に関する研究は年々加速している。毛髪は、直接生命に関与しないものの個人の印象に重要な役割を果たす部位であり、現代においては感情や行動の表現を助長し、他人とのコミュニケーションに役立つ機能を保持する。だからこそ、毛髪を健康に美しく保つことを望まない人はいないだろう。毛髪はこれまで皮膚科学で発展してきたが、微生物学の観点から毛髪研究が進むことで、今後、根本的な治療が乏しい脱毛症や育毛に有効な薬の開発への道が開けるかもしれない。毛髪細菌に関する研究はまだまだ少ないが、今後多くの基礎、臨床、民間企業の目が向けられ医学や化粧品学および微生物学などの分野の発展に貢献することを願っている。

引用文献

1. Dethlefsen, L.; McFall-Ngai, M.; Relman, D. A. An ecological and evolutionary perspective on humang-microbe mutualism and disease. *Nature* **2007**, *449*(7164), 811–818.
2. Grice, E. A.; Kong, H. H.; Conlan, S.; Deming, C. B.; Davis, J.; Young, A. C.; Bouffard, G. G.; Blakesley, R. W.; Murray, P. R.; Green, E. D.; Turner, M. L.; Segre, J. A.. Topographical and temporal diversity of the human skin microbiome. *Science*. **2009**, *324*(5931), 1190–1192.
3. Grice, E. A.; Segre, J. A. The skin microbiome. *Nat Rev Microbiol*. **2011**, *9*(4), 244–253.
4. Watanabe, K.; Nishi, E.; Tashiro, Y.; Sakai, K.. Mode and structure of the bacterial community on human scalp hair. *Microbes Environ*. **2019**, *34*(3), 252–259.
5. Fredricks, D. N. Microbial ecology of human skin in health and disease. *J Invest Dermatol Symp Proc*. **2001**, *6*(3), 167–169.
6. Nishi, E.; Watanabe, K.; Tashiro, Y.; Sakai, K.. Terminal restriction fragment length polymorphism profiling of bacterial flora derived from single human hair shafts can discriminate individuals. *Leg Med*. **2017**, *25*, 75–82.
7. Yun, A.; Yang, E. J.; Lee, Y. M.; Chae, S. S.; Seo, H. N.; Park, D. H. Quantitative and qualitative estimation of bacteria contaminating human hairs. *J Bacteriol Virol*. **2010**, *40*(1), 11–18.
8. IKEDA, N.; SHIRAI, F.; DOHI, Y. Washing Hairs with Shampoo Remained Alive Bacteria on Them, That May be Prevented from Their Growth by Subsequent Drying. *J Japanese Soc Nurs Res*. **2006**, *29*(5), 19–25.
9. Kerk, S. K.; Lai, H. Y.; Sze, S. K.; Ng, K. W.; Schmidtchen, A.; Adav, S. S. Bacteria display differential growth and adhesion characteristics on human hair shafts. *Front Microbiol*. **2018**, *9*(SEP), 1–9.
10. Watanabe, K.; Yamada, A.; Nishi, Y.; Tashiro, Y.; Sakai, K. Host factors that shape the bacterial community structure on scalp hair shaft. *Sci Rep*. **2021**, *11*(1), 1–11.

11. Watanabe, K.; Yamada, A.; Nishi Y.; Tashiro, Y.; Sakai, K. Relationship between the bacterial community structures on human hair and scalp. *Biosci Biotechnol Biochem.* **2020**, *84*(12), 2585–2596.
12. Capone, K. A.; Dowd, S. E.; Stamatas, G. N.; Nikolovski, J. Diversity of the human skin microbiome early in life. *J Invest Dermatol.* **2011**, *131*(10), 2026–2032.
13. Cogen, A. L.; Nizet, V.; Gallo, R. L. Skin microbiota: A source of disease or defence? *Br J Dermatol.* **2008**, *158*(3), 442–455.
14. Oh, J.; Byrd, A.L.; Park, M.; Kong, H.H.; Segre, J.A. Temporal Stability of the Human Skin Microbiome. *Cell* **2016**, *165*(4), 854-866.
15. Elizabeth, K.C.; Christian, L. L.; Micah H.; Noah F.; Gordon, G. I.; Rob K. Bacterial Community Variation in Human Body Habitats Across Space and Time. *Science* **2009**, *326*(5960), 1694-1697.
16. Brinkac, L.; Clarke, T. H.; Singh, H.; Greco, C.; Gomez, A.; Torralba, M. G.; Frank, B.; Nelson, K. E. Spatial and Environmental Variation of the Human Hair Microbiota. *Sci. Rep.* **2018**, *8*(1), 1–7.
17. Tridico, S. R.; Murray, D. C.; Addison, J.; Kirkbride, K. P.; Bunce, M.. Metagenomic analyses of bacteria on human hairs: A qualitative assessment for applications in forensic science. *Investig. Genet.* **2014**, *5*:16.
18. Witkin, S. S.; Linhares, I. M.; Giraldo, P. Bacterial flora of the female genital tract: function and immune regulation. *Best Pract. Res. Clin. Obstet. Gynaecol.* **2007**, *21*(3), 347–354.