

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 5 月 12 日現在

機関番号：82626

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2010～2014

課題番号：22128007

研究課題名（和文）共生細菌による宿主昆虫の体色変化：隠蔽色に関わる共生の分子基盤の解明

研究課題名（英文）Symbiont-induced body color change of insect host: elucidation of molecular mechanisms underpinning symbiosis-mediated crypsis

研究代表者

深津 武馬（Fukatsu, Takema）

独立行政法人産業技術総合研究所・生物プロセス研究部門・首席研究員

研究者番号：00357881

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 109,000,000円

研究成果の概要（和文）：・Rickettsiella感染により増大する緑色素の種別，構造，存在量を明らかにした。・RickettsiellaのゲノムDNA試料を感染虫体液より調製し，全ゲノム配列を決定した。・非感染の赤色の虫および感染した緑色の虫の発現遺伝子をRNAseqにより網羅的に同定し，感染により発現が変化する宿主遺伝子群を解明した。・Rickettsiellaの全ゲノム情報およびアブラムシの発現遺伝子情報からそれぞれ，色素合成酵素系等の体色関連遺伝子群の候補を同定し，それらの発現様式や生物機能を解析した。・その他の多様かつ新規な昆虫・細菌共生系について，ゲノム解析，発現遺伝子解析，機能解析を推進した

研究成果の概要（英文）：† Species, structure and quantity of green pigments induced by Rickettsiella infection were identified. † Genome sequence of the Rickettsiella symbiont was determined. † Genes expressed in uninfected red insects and Rickettsiella-infected green insects were comprehensively identified, thereby analyzing host genes up- or down-regulated with Rickettsiella infection. † Candidate genes involved in pigment synthesis and body color change were surveyed for the symbiont's genome data and host's transcriptomic data, and their expression patterns and potential biological functions were analyzed. † Genomic, transcriptomic and functional analyses on other diverse and unexplored insect-microbe symbiotic systems were promoted.

研究分野：進化生物学

キーワード：共生 体色変化 隠蔽色 擬態 ゲノム 昆虫 微生物

1. 研究開始当初の背景

生物の体色や紋様は一般に、非常に重要かつ多彩な生物機能を有している。種内および種間の個体間認識に影響し、性選択や捕食-被食関係を通じて婚姻色、装飾、隠蔽色、警告色、擬態などのさまざまな興味深い生物現象が進化してきた。しかしそれらの高度かつ巧妙な形態形成機構、発生機構、分子機構等については理解が不十分であった。こういった「複合適応進化形質」の基盤となるメカニズムの解明は、重要かつ挑戦的な研究課題であり、非モデル生物におけるゲノム情報を援用したアプローチが可能となった近年になって、やっと取り組めるようになったばかりの状況であった。

エンドウヒゲナガアブラムシ *Acyrtosiphon pisum* の欧米集団では、緑色および赤色の色彩多型の存在が古くから知られ、遺伝学者や生態学者の関心を集め、多くの先行研究が行われてきた。以下がそれらの知見の概要である：

- ・アブラムシ体色はメンデル遺伝し、赤色が優性、緑色が劣勢である (Müller, 1962)。
- ・アブラムシの主要な捕食者であるナナホシテントウは赤色のアブラムシをより高頻度で捕食するが、それは緑の植物上で赤色のアブラムシがより目立つためである (Losey et al. 1997)。
- ・一方、他のアブラムシの重要な捕食者であるエルビアブラバチは緑色のアブラムシにより高頻度で寄生する傾向がある (Libbrecht et al. 2007)。

すなわち、アブラムシの体色多型はアブラムシ自身の遺伝子型で決まり、異なる捕食者による異なる色彩選好性が、隠蔽色への自然選択を通じて集団中の色彩多型を維持している、というのが従来の定説であった。

ところが最近、我々はこのような従来の定説に修正をせまる新事実を発見した。エンドウヒゲナガアブラムシの欧州集団において *Rickettsiella* 属の新規な共生細菌を同定し、その感染により赤色のアブラムシの体色が緑色に変化することを見いだしたのである。隠蔽色や擬態という高度な生物の適応的形質が、共生細菌により大きな改変や影響を受けるといったまったく予想外の現象であり、「共生関係」を通じた「複合適応進化形質」の進化という新しい概念を提示することになり、その分子、発生、生理、生態、進化機構の解明は大きなインパクトを有すると想定された。

2. 研究の目的

本研究課題では、アブラムシ体色を構成する色素の解析、この共生細菌のゲノム解析、共生細菌の感染にともなう宿主アブラムシの遺伝子発現解析、関連候補遺伝子の機能解析、共生細菌感染及び体色変化がアブラムシの生理や生態に与える影響の解析などを通じて、この現象を徹底的に解明し、理解する

ことを目的とする。次世代 DNA シーケンサーを擁し高度な情報遺伝子生産及び解析能力をもつ方法開発班との有機的かつ密接な協力のもとに、最終的に「共生関係」に駆動される「複合適応進化形質」の進化という生物学的概念の構築および提示をめざす。

3. 研究の方法

(I) 共生細菌感染前後の宿主アブラムシ体色素の解析：

複数のアブラムシ系統について、非感染の赤色の虫および感染した緑色の虫を作成し、薄層クロマトグラフィー、液体クロマトグラフィー、質量分析などを駆使して、*Rickettsiella* 感染により減少する色素、増大する色素、新生する色素の種別、構造、存在量を明らかにする。

(II) 体色を変化させる共生細菌のゲノム解析：

アブラムシ体色を変化させる *Rickettsiella* のゲノム DNA 試料を感染虫体液より調製し、全ゲノム配列を決定し、この共生細菌の全遺伝子レパートリーを解明する。

(III) 共生細菌による体色変化にともなう宿主アブラムシの発現遺伝子解析：

非感染の赤色の虫および感染した緑色の虫の発現遺伝子を RNAseq により網羅的に同定し、感染により発現が上昇する宿主遺伝子群、減少する宿主遺伝子群を解明する。

(IV) 宿主アブラムシおよび共生細菌の体色関連遺伝子の発現および機能解析：

Rickettsiella の全ゲノム情報およびアブラムシの発現遺伝子情報からそれぞれ、色素合成酵素系等の体色関連遺伝子群の候補を同定し、それらの発現様式や生物機能を解析する。

(V) 多様な昆虫-細菌共生系のゲノム解析、発現遺伝子解析、機能解析：

その他の多様かつ新規な昆虫-細菌共生系について、次世代 DNA シーケンサーを擁し高度な情報遺伝子生産及び解析能力をもつ方法開発班と共同で、ゲノム解析、発現遺伝子解析、機能解析を推進する。

(VI) 共生による複合適応形質に関わる遺伝子ネットワークの進化過程の推定：

最終的に、アブラムシの体色がどのような機構で形成され、その機構に共生細菌がどのような仕組みで干渉、影響することにより体色が変わるのかを明らかにすることにより、共生による体色変化という現象を成立させている遺伝子ネットワークを明らかにし、その進化プロセスについて考察する。

4. 研究成果

[1. アブラムシの体色を変える新規共生細菌 *Rickettsiella* の発見]

ヨーロッパの野外集団由来のアブラムシ系統を収集したところ、緑色の母虫が赤色の幼虫を産む系統がいくつか得られた。これら

の系統の幼虫は成長するにつれて体色が赤から緑に変化し、4 令幼虫から成虫に至ると完全に緑色になった。これらのアブラムシ系統の共生細菌叢を調べたところ、必須共生細菌 *Buchnera* 以外に 2 種類の共生細菌が感染していることがわかった。1 つは既知の共生細菌 *Hamiltonella* もしくは *Serratia* で、いずれかが感染していた。それに加えて、未知の *Rickettsiella* 属の共生細菌が共感染していた。ヨーロッパのアブラムシ集団由来の 353 個体について調べたところ、28 個体 (7.9%) が *Rickettsiella* に感染しており、自然界における広範な分布が判明した。*Rickettsiella* に感染したアブラムシから体液を採取して、感染していない系統に微小注入し、その子孫を個別に飼育して、遺伝的背景が同一でありながら *Rickettsiella* 感染/非感染のみが異なるアブラムシ系統を多数作成した。すると、*Rickettsiella* に感染した赤色系統のアブラムシは、すべて体色が緑色になった。一方、もともと緑色だった系統に *Rickettsiella* を感染させても特段の変化は見られなかった。3 系統のアブラムシについて *Rickettsiella* 感染個体と非感染個体を作成して、体重、成長速度、産子数、寿命を比較したが、ほとんど有意な違いは見られなかった。すなわち、この *Rickettsiella* は特に宿主アブラムシに悪影響を与えることなく、赤色の体色を緑色に変えることが判明した。

アブラムシの体色は主に、黄色から赤色のカロテノイド系色素と、緑色から青色などさまざまな色の多環性キノン系色素から構成される。*Rickettsiella* に感染した緑色のアブラムシと非感染の赤色のアブラムシの色素分析を行ったところ、カロテノイド系色素の組成や量には大きな違いは見られなかった。一方、緑色系の色素については、感染状態による色素組成の変化はなかったが、その量が感染アブラムシでは非感染アブラムシの 3 倍以上に増加していた。*Rickettsiella* 感染により、宿主アブラムシの緑色色素の生産が何らかの形で活性化されて体色変化が起こると推察された。

Rickettsiella が感染して体色が赤から緑に変化すると、テントウムシには食べられにくくなるが、寄生蜂の攻撃は受けやすくなることが予想される。興味深いことに、*Rickettsiella* に感染しているアブラムシの大部分 (約 80%) が *Hamiltonella* もしくは *Serratia* という共生細菌にも感染していた。*Hamiltonella* や *Serratia* は産みつけられた卵や幼虫を殺すことにより、寄生蜂に対する耐性を賦与する。このことは、*Rickettsiella* はアブラムシの体色を緑に変えてテントウムシに捕食されにくくすると同時に、緑色のアブラムシに好んで産卵する寄生蜂に対する耐性を与える共生細菌と共感染することによって、宿主アブラムシの生存率、ひいては自分自身の生存率を上げている可能

性が示唆された。

以上の研究成果は Science 誌に発表され (Tsuchida et al. 2010)、2010 年 11 月 19 日にプレス発表をおこない、各種メディアに広く取り上げられた。擬態や隠蔽色といった新規複合形質の進化に微生物との共生が関与しうることを示した重要な発見と位置づけることができる。

[2. アブラムシ共生 *Rickettsiella* の微生物学的解析および記載]

エンドウヒゲナガアブラムシの体色を変える共生細菌 *Rickettsiella* の体内局在、宿主への適応度効果、共感染する共生細菌 *Hamiltonella* との相互作用などを微生物学的に詳細に解析し、暫定学名 “*Candidatus Rickettsiella viridis*” を提唱した (Tsuchida et al. 2014)。

[3. *Rickettsiella* 感染によって誘導されるアブラムシ体色色素の同定]

LC-MS を用いて、体色変化に関与する主要な 3 種の緑色色素 Viridaphin A1, Viridaphin A2, Viridaphin B1 を同定した。本色素群は、アブラムシ上科に属する様々な種が共通に保有することが示唆された。現在、論文発表準備中である。

[4. アブラムシの体色を変える共生細菌 *Rickettsiella* のゲノム解析]

体色を変化させる共生細菌 *Rickettsiella* の全ゲノム塩基配列 1,576,143 bp を決定した。タンパク質をコードすると推定される遺伝子は 1,406 個、リボソーム RNA 遺伝子は 6 個、転移 RNA 遺伝子は 42 個、GC 含量は 38.3%, coding content は 87%であった。遺伝子組成は同じレジオネラ科の *Rickettsiella grylli*, *Coxiella*, *Legionella* などと類似しており、アブラムシ任意共生細菌 *Hamiltonella*, *Serratia* などとは似ていなかった。代謝系としては、アミノ酸は Gly と Glu 以外は合成できず、ビタミン B で合成できるのは biotin および thiamine のみであった。一方、脂肪酸、ペプチドグリカン、リポ多糖などの細胞壁や細胞膜の生合成遺伝子はかなりよく保存されている傾向があった。現在、論文発表準備中である。

[5. 共生細菌による体色変化にともなう宿主アブラムシの発現遺伝子解析]

人工感染法によって作出した遺伝的に同一で *Rickettsiella* 感染の有無のみが異なるアブラムシ系統を用い、体色の違いが最も大きくなる 11 日令の感染虫・非感染虫のそれぞれ 5 試料ずつについて、次世代シーケンサー 5500 SOLiD システムによる RNA-Seq 法をおこなった。片側 50 bp、約 4.5 億 leads のシーケンスランをおこない、リファレンス mRNA 配列およびゲノムへのマッピング等の作業を進めた。TbT 法に

よる正規化後、感染によって発現量が有意に ($P < 0.01$) 変動したのものとして 54 遺伝子を同定した。

[6. 宿主アブラムシの色素合成候補遺伝子の特定]

それらのうち 2 種のポリケチド/脂肪酸合成酵素遺伝子 (AP0006, AP0012) が色素関連候補と想定されたため、アブラムシの成長に伴う発現量を定量 PCR 法によって解析した。その結果、*Rickettsiella* 感染虫では、体色が赤色の初令幼虫から緑色の成虫に至る段階で、これらの脂肪酸合成酵素遺伝子の発現が 100 倍以上に上昇していることが示された。一方、非感染虫では、これらの遺伝子発現はわずかに減少する傾向が示された。さらに、同一の遺伝的背景を持つアブラムシに体色を変えない別種の共生細菌 *Regiella* および *Hamiltonella* を人工導入した系統についても経時的発現解析を行い、これらの遺伝子発現の上昇が *Rickettsiella* 感染に特有であることを確認した。また、上述の 2 種の脂肪酸合成酵素とは別に、アブラムシゲノムデータベースから検出した 78 遺伝子から、RNA-seq による発現量を基準に絞り込んだ 3 種類の脂肪酸合成酵素に対しても発現解析を行ったが、感染により有意に発現が上昇するものは同定されなかった。以上の結果より、これら 2 種の脂肪酸合成酵素遺伝子が有力な色素合成関連候補であることが示唆された。siRNA を用いた発現抑制解析により、これらの遺伝子発現が抑制された個体ほど、体色の変化が生じにくくなる傾向があったが、実験的な再現性に問題があり、最終的な証明には至らなかった。

[7. 共生細菌の発現遺伝子解析]

感染虫および非感染虫の比較解析から、色素はアブラムシ自身によって生産されていることが示唆されるが、合成の律速因子となる代謝中間体を *Rickettsiella* が作っている可能性も考えられる。そこで中間体生産に関わる候補遺伝子として、ポリケチド/脂肪酸合成酵素遺伝子を対象として相同性検索を行ったところ、*Rickettsiella* ゲノムから 11 個の候補遺伝子が検出された。これらの候補遺伝子発現の経時変化を解析したところ、複数の遺伝子において発現の増加が確認されたが、それほど顕著ではなく、体色変化への寄与は不明であった。

[8. アカトンボの体色変化の分子基盤の解明]

アブラムシ共生系で開発した色素分析技術の援用により、アカトンボの雄が性成熟に伴って黄色から赤色に体色を変化させる機構について、オモクローム色素の雄特異的な酸化還元によることを明らかにした。これは計画にない予定外の研究成果であったが

PNAS 誌に発表され (Futahashi et al. 2012)、2012 年 7 月 10 日にプレスリリースをおこない、国内外における新聞報道等で社会に広く紹介される研究成果となった。

[9. ホソヘリカメムシ共生細菌のゲノム解析]

ホソヘリカメムシの環境獲得型共生細菌である腸内共生細菌 *Burkholderia* RPE64 系統の全ゲノム塩基配列 6.96 Mb を決定し、論文発表した (Shibata et al. 2013)。ホソヘリカメムシ腸内共生細菌 *Burkholderia* RPE67 系統についても全ゲノム塩基配列 8.69 Mb を決定し、論文発表した (Takeshita et al. 2014)。

[10. コナカイガラムシ細胞内共生系のゲノム解析]

キュウコンコナカイガラムシの細胞内共生細菌 *Tremblaya phenacola* の 0.17 Mb の極小ゲノム塩基配列を完全決定した。さらにミカンコナカイガラムシの入れ子状細胞内共生細菌 *Tremblaya princeps* および *Moranella endobia* のゲノム配列、さらに菌細胞の RNAseq データをあわせて解析することにより、コナカイガラムシの共生器官では宿主昆虫の代謝遺伝子群、2 種の共生細菌の代謝遺伝子群、さらに少なくとも 6 系統の異なる細菌から宿主昆虫のゲノム上に水平転移した代謝遺伝子群が、モザイク状に組み合わさって発現することにより、アミノ酸合成、ビタミン合成、細胞壁合成などの機能的な代謝系が構築されていることを明らかにした。これは従来の常識を超えた複雑な共生システムの解明であり、生物のゲノム、細胞、個体などの基本概念の定義や区分に一石を投じる新知見である。本研究成果は Cell に論文発表され (Husnik et al. 2013)、コナカイガラムシの写真が雑誌の表紙を飾り、プレスリリースをおこなった。

[11. クヌギカメムシの共生細菌含有卵塊ゼリーの機能解析およびゲノム解析]

クヌギカメムシの卵塊ゼリーに含まれる縮小ゲノム腸内共生細菌 *Tachikawaea gelatinosa* の 0.71 Mb の完全ゲノム配列を決定し、必須アミノ酸供給機能を推定するとともに、卵塊ゼリーの主成分がガラクトンゲルであること、孵化幼虫が 3 令まで育つのに十分な栄養を含むことなど、生物学的意義を解明した。本研究成果は Cur Biol に論文発表され (Kaiwa et al. 2014)、プレスリリースをおこなった。

[12. トコジラミの菌細胞共生 *Wolbachia* のゲノム解析および遺伝子水平転移によるビタミン B7 合成系の獲得の発見]

トコジラミの菌細胞塊に局在する栄養相利共生 *Wolbachia* の 1.25 Mb の完全ゲノム配列を決定し、宿主に主にビオチン (ビタミン

B7) を供給していることを示し、このビタミン合成系遺伝子群が他の共生細菌からの遺伝子水平転移で獲得されたものであることを明らかにした。本研究成果は PNAS に論文発表され (Nikoh et al. 2014)、プレスリリースをおこなった。

[13. 共生による複合適応形質に関わる遺伝子ネットワークの進化過程の推定]

共生により宿主昆虫の体色が変化したり、新規代謝系が付加されたりといった進化的新奇性が創出され、そこには宿主昆虫側と共生細菌側の双方でのゲノムや代謝の変化がともなう。本研究課題においては、そのような共生による複合適応形質進化について、次世代シーケンサーを用いたビッグデータを宿主昆虫と共生細菌の双方からアプローチすることにより、従来にないレベルでの共生進化の理解を得ることができた。

アブラムシにおける共生細菌 *Rickettsiella* による体色変化機構については、共生細菌が緑色色素を産生しているのではなく、共生によりアブラムシの緑色色素産生に関わる代謝機構が活性化することによって明らかになった。

コナカイガラムシにおける共生細菌 *Tremblaya* および *Moranella* による共生系構築や、トコジラミにおける共生細菌 *Wolbachia* によるビタミン供給においては、共生相互作用の進化及び構築に遺伝子水平転移が重要な役割を果たして来たことを解明した。

これら我々の明らかにした新知見は、複合適応形質を担う遺伝子ネットワーク構築のプロセスおよびメカニズムの理解に重要な洞察をもたらすものである。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 16 件)

(1) Tsuchida T, Koga R, Horikawa M, Tsunoda T, Maoka T, Matsumoto S, Simon JC, Fukatsu T (2010) Symbiotic bacterium modifies aphid body color. *Science* 303, 1102-1104. 査読有 DOI: 10.1126/science.1195463

(2) 古賀隆一、深津武馬 (2011) 昆虫の体色を変化させる共生細菌の発見 産総研 Today 11, 11. 査読無

http://www.aist.go.jp/Portals/0/resource_images/aist_j/aistinfo/aist_today/vol13_12/vol13_12_p14.pdf

(3) 土`田 努 (2011) 昆虫の色や天敵からの逃れやすさが、細菌感染で変わる 生物科学 63(1), 8-16. 査読無

http://www.ruralnet.or.jp/seibutsu/063_01.htm

(4) 土`田 努 (2011) 昆虫が体内に宿す不思議な力-共生細菌がアブラムシの性質を変える- *Biophilia* 27, 58-61. 査読無

<http://annex.biophilia.jp/index.php/biophilia/article/view/438>

(5) 土`田 努 (2011) 昆虫の体色を変化させる共生細菌の発見 感染によって多環性キノン系色素の生産が活性化. 生態系にも影響? 化学と生物 49 (12), 806-807. 査読無 https://www.jstage.jst.go.jp/article/kagakutoseibutsu/49/12/49_806/_pdf

(6) Futahashi R, Kurita R, Mano H, Fukatsu T (2012) Redox alters yellow dragonflies into red. *Proc Natl Acad Sci USA* 109, 12626-12631. 査読有

DOI: 10.1073/pnas.1207114109

(7) 土`田 努 (2012) 共生細菌が変えるアブラムシの環境適応 植物防疫 66(2), 20-23. 査読無

http://www.jppa.or.jp/shuppan/month_2012.html#M2

(8) Shibata TF, Maeda T, Nikoh N, Yamaguchi K, Oshima K, Hattori M, Nishiyama T, Hasebe M, Fukatsu T, Kikuchi Y, Shigenobu S (2013) Complete genome sequence of *Burkholderia* sp. strain RPE64, bacterial symbiont of the bean bug *Riptortus pedestris*. *Genome Announc* 1(4), e00441-13. 査読有

DOI: 10.1128/genomeA.00441-13

(9) Husnik F, Nikoh N, Koga R, Ross L, Duncan RP, Fujie M, Tanaka M, Satoh N, Bachtrog D, Wilson ACC, von Dohlen CD, Fukatsu T, McCutcheon JP (2013) Horizontal gene transfer from diverse bacteria to an insect genome enables a tripartite nested mealybug symbiosis. *Cell* 153, 1567-1578. 査読有

DOI: 10.1016/j.cell.2013.05.040

(10) Tsuchida T, Koga R, Fujiwara A, Fukatsu T (2014) Phenotypic effect of “*Candidatus Rickettsiella viridis*,” a facultative symbiont of the pea aphid (*Acyrtosiphon pisum*), and its interaction with a coexisting symbiont. *Appl Environ Microbiol* 80, 525-533. 査読有

DOI: 10.1128/AEM.03049-13

(11) Takeshita K, Shibata TF, Nikoh N, Yamaguchi K, Nishiyama T, Hasebe M, Fukatsu T, Shigenobu S, Kikuchi Y (2014) Whole-genome sequence of *Burkholderia* sp. strain RPE67, a bacterial gut symbiont of the bean bug *Riptortus pedestris*. *Genome Announc* 2(3), e00556-14. 査読有

DOI: 10.1128/genomeA.00556-14

(12) Nikoh N, Hosokawa T, Moriyama M, Oshima K, Hattori M, Fukatsu T (2014) Evolutionary origin of insect-*Wolbachia* nutritional mutualism. *Proc Natl Acad Sci USA* 111, 10257-10262. 査読有

DOI: 10.1073/pnas.1409284111

(13) Kaiwa N, Hosokawa T, Nikoh N, Tanahashi M, Moriyama M, Meng XY, Maeda T,

Yamaguchi K, Shigenobu S, Ito M, Fukatsu T (2014) Symbiont-supplemented maternal investment underpinning host's ecological adaptation. *Cur Biol* 24, 2465-2470. 査読有

DOI: 10.1016/j.cub.2014.08.065

(14) 土`田努 (2014) 共生細菌とアブラムシの環境適応 蚕糸・昆虫バイオテック 83, 203-208. 査読無

https://www.jstage.jst.go.jp/article/konchubiotec/83/3/83_3_203/_pdf

(15) Hosokawa T, Koga R, Tanaka K, Moriyama M, Anbutsu H, Fukatsu T (2015) *Nardonella* endosymbionts of Japanese pest and non-pest weevils (Coleoptera: Curculionidae). *Appl Entomol Zool* 50, 223-229. 査読有

DOI: 10.1007/s13355-015-0326-y

(16) Sugimoto TN, Tsuchida T (2015) Simple electroporation device for gene functional analyses in insects. *Appl Entomol Zool* 50, 271-275. 査読有

DOI: 10.1007/s13355-014-0315-6

[学会発表] (計4件)

(1) Fukatsu T (2014) "Biodiversity, Endosymbiosis and Evolution" The 1st Asian Invertebrate Immunology Symposium (Busan, Korea)

(2) Fukatsu T (2014) "Symbiosis, evolution and insect diversity" The 20th IOM Congress (Blumenau, Brazil)

(3) Fukatsu T (2014) "Symbiosis, evolution and biodiversity" EPFL Life Science Seminar (Lausanne, Switzerland)

(4) Fukatsu T (2014) "Biodiversity, symbiosis and evolution" 15th International Symposium on Microbial Ecology (Seoul, Korea)

(5) 深津武馬 (2014) 「共生がもたらす生命の多様性」日本化学会第94春季年会 市民公開講座 (名古屋)

(6) 深津武馬 (2014) 「昆虫と微生物の共進化」琉球大学熱帯生物圏研究センターセミナー (沖縄)

(7) 深津武馬 (2014) 「共生がもたらす新規生物機能」生物科学セミナー (東京)

(8) 深津武馬 (2014) 「共生、進化、生物多様性」日本学術会議公開シンポジウム「進化は生物学を統合する」(東京)

(9) 深津武馬 (2014) 「共生で進化する生命」日本進化学会第16回大阪大会 市民公開講座サイエンストーク&シアター「生きものはつながりの中に」(高槻)

(10) 深津武馬 (2014) 「昆虫と内部共生細菌との生物間相互作用を介した共進化適応過程の解明」日本進化学会第16回大阪大会 日本進化学会学会賞および木村資生記念学術賞 受賞講演 (高槻)

(11) 深津武馬 (2014) 「虫だけ見てもわから

ないこと：微生物との共生による昆虫の環境適応と進化」日本昆虫学会第74回大会 (広島)

(12) 深津武馬 (2014) 「共生と生物進化」筑波大学生命環境科学系 地球・人類共生科学研究機構発足記念シンポジウム (つくば)

(13) 松澤宏明、杉本貴文、重信秀治、前川清人、鎌倉昌樹、二河成男、深津武馬、土`田努 (2014) 「共生細菌が引き起こすアブラムシ体色変化の分子機構」第58回日本応用動物昆虫学会大会 (高知)

(14) 土`田努 (2014) 「昆虫の環境適応と共生細菌」第8回細菌学若手コロッセウム “共生微生物エースセッション” (ニセコ)

(15) 土`田努 (2014) 「昆虫の暮らしを支える小さな仲間 その秘密を理解し、活用する」第7回北陸合同バイオシンポジウム in 越中八尾 (富山)

[図書] (計2件)

(1) 深津武馬、市野川容孝 (著)、鈴木晃 (編) (2013) 【対話】共生—生命の教養学 VIII 252頁

(2) 深津武馬 他 (共著)、長谷部光泰 (編) (印刷中) ゲノムで進化の謎を解く! 学研メディカル秀潤社

[産業財産権]

○出願状況 (計0件)

○取得状況 (計0件)

[その他]

ホームページ等

<https://staff.aist.go.jp/t-fukatsu/SGJHome.html>

<https://staff.aist.go.jp/t-fukatsu/SGJFukatsu.html>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

深津 武馬 (FUKATSU, Takema)

産業技術総合研究所・生物プロセス研究部門・首席研究員

研究者番号：00357881

(2) 研究分担者

土`田 努 (TSUCHIDA, Tsutomu)

富山大学・理工学研究部 (理学)・准教授
研究者番号：60513398

二河 成男 (NIKOH, Naruo)

放送大学・教養学部・教授

研究者番号：70364916