

令和 5 年 6 月 20 日現在

機関番号：82626

研究種目：国際共同研究加速基金（国際共同研究強化(B））

研究期間：2018～2022

課題番号：18KK0211

研究課題名（和文）全地球規模で解き明かすカメムシ共生細菌の多様性と進化

研究課題名（英文）Global exploration of microbial symbionts in stinkbugs: host-symbiont diversity and evolution

研究代表者

菊池 義智（Yoshitomo, Kikuchi）

国立研究開発法人産業技術総合研究所・生命工学領域・研究グループ長

研究者番号：30571864

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,700,000円

研究成果の概要（和文）：本研究全体を通して、国内に生息しないために内部共生系の実態が未調査のままとなっているカメムシ下目25科にターゲットを絞り、それらカメムシ類の共生様式について世界的調査を目的に研究を行った。新型コロナウイルス感染症の蔓延により共同研究先の新規開拓は困難だったが、本課題の主要共同研究先である米国アリゾナ大学、及びフランスCNRSとの連携を大幅に強化し、カメムシにおける新規共生関連遺伝子の解明、国際的侵入害虫マツヘリカメムシの腸内共生細菌の大陸間比較、任意共生細菌Lariskellaの機能解析、ナガカメムシ上科のミトコンドリアゲノム解析と未調査分類群クロマダナガカメムシ科の共生系解明、を行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

緊密な国際共同研究により、カメムシ下目昆虫の微生物共生系について多くの新知見を得ることができた。特に本研究では、腸内細菌の維持において気管による酸素供給が重要な役割を果たすことを明らかにし、さらにその気管の形成に活性酸素種が必須であることを突きとめた。これは、昆虫と微生物の共生維持機構に関する新発見であるとともに、昆虫における気管形成の新規メカニズムの解明に繋がる重要な成果と言える。本研究ではさらに、国際ネットワークを駆使することで、世界的侵入害虫マツヘリカメムシについて内部共生系の大陸間比較を行うことに初めて成功し、宿主の分布拡大とともに共生系にどのような変化が引き起こされたのか解明した。

研究成果の概要（英文）：In this study, our focus was on 25 families of the infraorder Pentatomomorpha, which had not yet been investigated for their endosymbiosis due to their absence in Japan. Our primary objective was to conduct a comprehensive global survey of symbiosis patterns within these stinkbug groups. Despite the challenges posed by the COVID-19 pandemic, we successfully enhanced our collaboration with the University of Arizona (USA) and CNRS (France), who played a pivotal role as our main collaborators for this project. Consequently, we conducted: 1) Identification of a novel symbiosis-related gene in a stink bug species; 2) Intercontinental comparison of symbiotic bacteria in an invasive pest bug (the pine bug); 3) Functional analyses of a facultative symbiont, Lariskella, in stink bugs; 4) Mitochondrial genome analysis of the superfamily Lygaeoidea and exploration of the symbiosis system in the family Heterogastridae.

研究分野：共生系進化学

キーワード：共生 進化 微生物 昆虫 多様性

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

真核細胞におけるミトコンドリア獲得のインパクトからも明らかのように、細菌との内部共生は生物進化において決定的な役割を果たし、進化の”Major Transitions”の一つと考えられている (West et al. PNAS 2015)。昆虫においてこのような細菌との内部共生は複数回独立に進化しており、その環境適応や多様化において極めて重要な役割を果たしてきたと考えられている。しかし、多くの昆虫群において内部共生の進化的起源は古く、宿主と共生細菌はもはや不可分なほどに高度に統合されており、その進化の過程を類推することは通常困難である。

我々はカメムシ下目 (Pentatomomorpha) を対象に研究を進める中で、この昆虫グループが極めて多様な共生様式を持つことを発見した。カメムシ下目は系統的によくまとまった分類群であるにもかかわらず、腸内共生から細胞内共生まで幅広い共生様式を持ち (図1)、また共生細菌の伝達方法も母子間伝播から環境獲得に至るまで多様な様式が観察されている (Takeshita and Kikuchi Res. Microbiol. 2016)。単一の分類群においてこれほど多様な共生様式が見られる例は他にはなく、カメムシ下目は内部共生の起源およびその進化プロセスを解明する上で極めて重要な研究対象であると言える。カメムシ下目は半翅目カメムシ亜目 (Hemiptera: Heteroptera) に属し、世界で 43 科 18,407 種が知られる多様な昆虫群である (Henry, T. J. “Biodiversity of Heteroptera” 2017)。カメムシ下目のほとんどの種は植食性で農作物の重要害虫としても知られ、汎世界的に分布するミナミアオカメムシや、近年アメリカ合衆国に侵入して果樹や大豆に甚大な被害を及ぼしているクサギカメムシやマルカメムシなどが含まれている。それら植食性カメムシの多くは消化管に盲嚢 (もうのう) と呼ばれる袋状の組織を多数発達させており、その内腔中に大量の共生細菌を保持している (Kikuchi Microbes Environ. 2009)。抗生物質などによりこれら共生細菌を除去すると宿主カメムシには生存率低下・成長遅延・不妊化が観察されることから、共生細菌はカメムシの栄養代謝において重要な役割を果たしていると考えられている。我々はこの 10 年ほどで国内に生息する 18 科 300 種以上のカメムシについて調査を行い、その共生系が驚くほど多様であることを明らかにしてきた。

2. 研究の目的

上述のように、我々はこれまでに国内に生息するカメムシ下目 18 科 300 種以上を対象に調査を行い、これら分類群が極めて多様な共生系を持つことを明らかにしてきた。しかし、その調査種数は世界に分布する全カメムシ下目 18,407 種の 1/60 にも満たない数であり、科レベルで見ても全 43 科のおよそ半数にあたる 25 科についてはまったく調査が行われていなかった。そこで本研究では、国際的なネットワークを構築・強化することで、これまで全く調査されていないカメムシ下目 25 科についてその共生系の全貌を解明することを目的とする。本研究は仮説検証ではなく探索発見に重きを置いた研究課題であり、野外におけるカメムシ共生系を地球規模で調査することにより新たな共生現象を見出すことを目的としている。本課題は手法や研究アプローチの新規性を追求するものではないが、地道な現地調査を広範かつ徹底的に行うことで、想像もしない新たな発見につながる可能性を秘めている。

3. 研究の方法

本研究課題の主要共同研究先である米国アリゾナ大学の Martha Hunter 教授と、以前より共同研究を継続しているフランス CNRS の Peter Mergaert 博士との連携強化を核として、海外にしか生息していないカメムシ下目の未調査分類群について新たに海外の研究者と協力関係を構築することで昆虫試料を入手し、その共生系の解剖学的・組織学的な記載を行いつつ、併せて共生細菌の遺伝子解析や宿主の遺伝子解析を行い、分子系統樹に基づく進化プロセスの推定を行うことを当所の計画としていた。カメムシ下目の新たな分類群のサンプル取得を目指して米国やヨーロッパ、オーストラリアを中心に新たな共同研究先の開拓を順調に進めていたが、共同研究契約や研究試料の調査手続きを進めている最中に新型コロナウイルス感染症による世界的なパンデミックが発生し、連携先との連絡も困難な状況に陥ってしまった。これにより当初の計画をそのまま進めることは困難となり、また共同研究先の新規開拓も困難を極めたことから、すでに関係が構築されている共同研究先とのさらなる連携強化に主軸を置き、研究を進めた。具体的には、海外の共同研究者との連携により、①ホソヘリカメムシにおける新規共生関連遺伝子の解明、②近年汎世界的に分布を拡大しているマツヘリカメムシの腸内共生細菌の大陸間比較解析、③カメムシ類の任意共生細菌 *Lariskella* の機能解析、④ナガカメムシ上科のミトコンドリアゲノム解析と未調査分類群クロマダラナガカメムシ科の共生系解明、を行った。

4. 研究成果

①ホソヘリカメムシにおける新規共生関連遺伝子の解明

フランス CNRS との共同により、ホソヘリカメムシ (*Riptortus pedestris*) の腸内共生の維持において Dual oxidase (Duox) が重要な役割を果たすことを明らかにした。ホソヘリカメムシは消化管に盲嚢と呼ばれる袋状組織を発達させており、その内腔に共生細菌 *Caballeronia insecticola* を保持している。この共生細菌は宿主カメムシの成長と繁殖に重要な役割を果たしており、また殺虫剤抵抗性にも大きく寄与することが知られている。ホソヘリカメムシにおいて Duox の RNAi を行ったところ、ショウジョウバエの場合とは異なり、Duox の発現抑制により腸内の共生細菌量が大きく減少することが明らかとなった。Duox はタンパク質間のジチロシンネットワーク (DTN) 形成にも関与することから、DTN 抗体を用いた免疫染色を行ってみたところ、面白いことに消化管を取り巻く呼吸器官 (気管) が特異的に染まることが明らかとなった。さらに、Duox-RNAi や抗酸化物質を摂取させた個体では DTN シグナルは大きく減少し気管形成が大きく阻害されていることが明らかとなった。加えて、高酸素濃度条件下で Duox-RNAi 個体を飼育したところ、共生細菌量が大きく回復することが確認できた。以上の結果から、ホソヘリカメムシ消化管において Duox は気管の形成に関与し、腸内共生細菌への酸素供給を安定化することで共生系の維持に大きく寄与するものと考えられる。関連業績: Jang et al. (2021) *PNAS* 118(10): e2020922118.

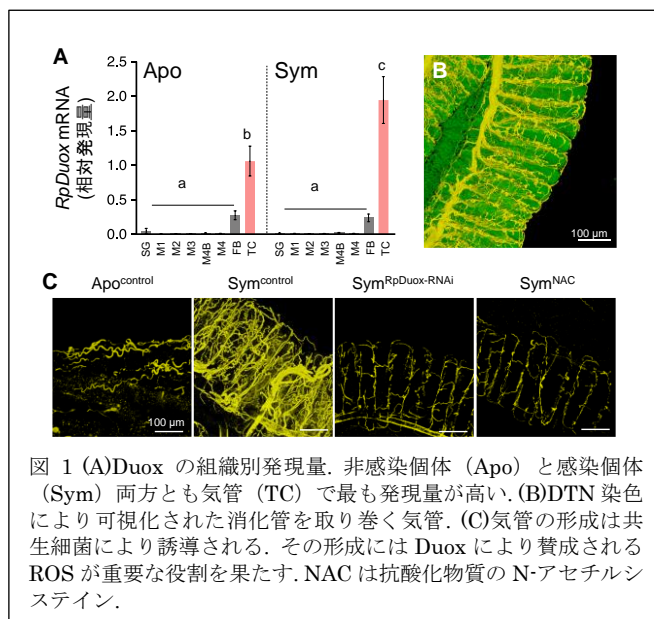


図 1 (A)Duox の組織別発現量. 非感染個体 (Apo) と感染個体 (Sym) 両方とも気管 (TC) で最も発現量が高い. (B)DTN 染色により可視化された消化管を取り巻く気管. (C)気管の形成は共生細菌により誘導される. その形成には Duox により賛成される ROS が重要な役割を果たす. NAC は抗酸化物質の N-アセチルシステイン.

②近年汎世界的に分布を拡大しているマツヘリカメムシの腸内共生細菌の大陸間比較解析

マツヘリカメムシ (*Leptoglossus occidentalis*) は北米を原産とする針葉樹類の重要害虫として知られ、近年ヨーロッパやアジア・オセアニア地域に侵入しその生息域を急拡大している。本研究では米国アリゾナ大学、テキサス大学、フランス CNRS、オーストラリア CSIRO の研究者らと協力し、北米・欧州・日本のマツヘリカメムシについてその腸内共生細菌の比較を行った。マツヘリカメムシを含むヘリカメムシ上科 (Coreoidea) に属する多くのカメムシ類は土壌中から *Caballeronia* 共生細菌を獲得し、中腸後方の盲嚢部で *Caballeronia* を保持している。共生細菌はさらに α 系統と β 系統のサブグループに分かれ、これまでの研究で日本やアメリカに生息するカメムシは α 系統を保有する一方、欧州のカメムシは β 系統を保有する傾向がみられた。しかし、これまでに調査されたカメムシの種類が少数であったため、カメムシの地理的分布と *Caballeronia* 共生細菌の多様性の関連には疑問符が残っていた。そこで、世界の侵略的外来種として知られるマツヘリカメムシに着目し、北米・欧州・日本で採集したカメムシの共生細菌系統の多様性を 16S rRNA 遺伝子を用いて調査した。その結果、調査したすべての国のカメムシにおいて β 系統が優勢し、 α 系統を保有するカメムシはほとんど存在しなかった。実験室における飼育実験を通じて、非感染の個体と α または β 系統に感染したカメムシの生存率を調べたところ、非感染のほとんどの個体は生長初期で死亡してしまった一方、 α または β 系統に感染したカメムシはいずれも高い生存率を示した。このことから、共生細菌の系統に関わらず共生はマツヘリカメムシに対して極めて有益であることが確認された。

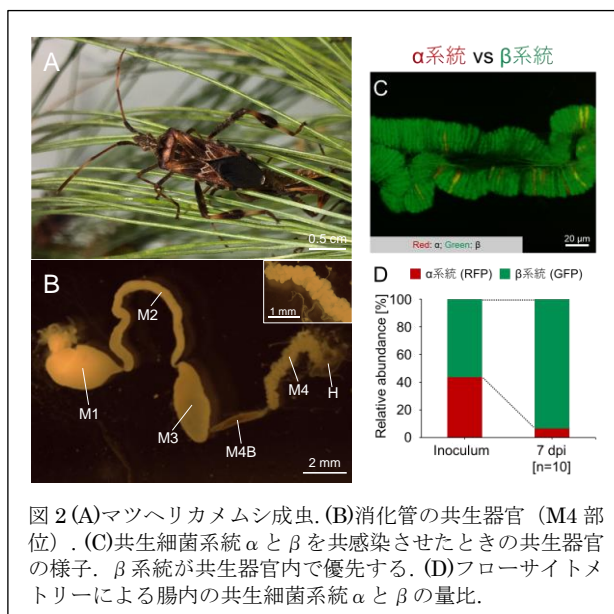


図 2 (A)マツヘリカメムシ成虫. (B)消化管の共生器官 (M4 部位). (C)共生細菌系統 α と β を共感染させたときの共生器官の様子. β 系統が共生器官内で優先する. (D)フローサイトメトリーによる腸内の共生細菌系統 α と β の量比.

また、 α 系統と β 系統を用いたマツヘリカメムシへの競合感染実験を行ったところ、 β が α を打ち負かしてマツヘリカメムシ腸内に優先的に定着することが確認された。これらの結果から、マツヘリカメムシにおいては地理的分布より宿主カメムシの影響が強く、*Caballeronia* 共生細菌の多様性に寄与していると考えられた。

関連業績: Ohbayashi et al. (2022) *Microbes Environ.* 37(3): ME22042.

③カメムシ類の任意共生細菌 *Lariskella* の機能解析

米国アリゾナ大学との共同研究では、先行研究で日本のヒメナガカメムシやその他の多様なカメムシ類から同定された生物機能が全く不明の任意共生細菌 *Ca. Lariskella arthropodarum* (Matsuura et al. 2012) に注目し、本種が宿主昆虫に与える影響の解析、定量的 PCR による感染動態の解析、ゲノム解析等を試みた。まず、アリゾナ大学の研究者たちが中心となり、ヘリカメムシ類の 1 種 *Leptoglossus zonatus* の飼育系統に感染する *Lariskella* を抗生物質により除去して維持、交配実験したところ、感染虫同士、非感染虫同士の交配実験では卵の発生や幼虫の成長に影響はなかったが、非感染メスに感染オスを交配させた際に有意に卵孵化率が下がった (平均 84%→56%) ことから、本種が細胞質不和合性 (CI) を有することが示唆された。日本の一部のナガカメムシ類で観察されたのと同様、*L. zonatus* の *Lariskella* は野外集団においても 72 から 100% の高い頻度で感染していたことから CI により本細菌は宿主集団内に固定している可能性が考えられたことから、本種の生物機能を示唆する重要な知見である。そこで、*Lariskella* の感染能力や遺伝的基盤を解明するため、日本のヒメナガカメムシから解読済み *Lariskella* ゲノム (Matsuura et al. 未発表) の dnaA 遺伝子配列をもとに定量 PCR の実験系を立ち上げ、宿主カメムシ体内の *Lariskella* ゲノムコピー数を定量したところ、ヒメナガカメムシ成虫では個体あたり最低 2.32×10^{-4} から最大 5.61×10^{-6} 程度存在すること、そして *L. zonatus* では卵巣および未孵化卵において最も *Lariskella* の感染量が多いことが明らかとなった。これらの結果に基づき、*L. zonatus* の卵を大量に集めて DNA 抽出を行い *Lariskella* ゲノムの解読を試みたが、卵由来の酵素反応阻害物質の影響でライブラリ作成が困難だったため、今後は別のアプローチが必要であることが分かった。

④ナガカメムシ上科のミトコンドリアゲノム解析と未調査分類群クロマダラナガカメムシ科の共生系解明

ナガカメムシ上科 (Lygaeoidea) の一部の種では細胞内共生が独立に複数回進化しており、細胞内共生や菌細胞の進化を探るうえで興味深い研究対象である。そこで、ヨーロッパのナガカメムシ種も含め、ドイツ、アメリカの研究者とともに多様な共生器官発生の解析や共生細菌のゲノム解析などを行なった。まず、ナガカメムシ類 5 科にまたがる多様な菌細胞の形成過程について、5 種の胚発生を wFISH 法により詳細に観察し、共生細菌の始原菌細胞への感染過程、形成パターンを記述した。そして、欧州産および日本産の 2 科 3 種のナガカメムシ類の共生細菌のメタゲノム解析に取り組み、具体的には *Kleidocerys resedae* の共生細菌 *Ca. Kleidoceria schneideria* (505 kbp, 420 CDS)、*Arocatus longiceps* の *Ca. Arocacia carayoni* (1.56 Mbp, 1003 CDS)、*Nysius* sp. より *Ca. Schneideria nysicola* (572 kbp, 538 CDS) をドイツの研究者と共同で決定し、必須アミノ酸などの栄養合成機能を同定、phylogenomics 解析に用いたところ、全て *Sodalis* と呼ばれる γ プロテオバクテリア内の昆虫共生細菌のグループから派生してきたことが確認できた。これらの 3 種に加えて、他のナガカメムシ類 3 科 3 種のミトコンドリアゲノムを決定して上科全体の系統学的な位置関係および共生系の進化的起源の推定を行ったところ、ナガカメムシ類では祖先的な腸内共生系が複数回失われた後に菌細胞共生系が進化してきたことが再確認された。加えて、国内で未調査であったクロマダラナガカメムシ科 (Heterogastridae) について複数種の採集と内部共生系の調査を進め、*Caballeronia* 属細菌を細胞内共生させている可能性が示唆された。クロマダラナガカメムシ科の系統的な位置は明確な解析結果を得ることができなかったが、上記ナガカメムシ類と同様にミトコンドリアゲノムを決定し解析を進めることで、ナガカメムシ上科における細胞内共生の進化プロセスをより明確にすることができると考えられる。

関連業績 : Kuechler et al. (2019) *Environ. Microbiol.* 21(11):4378-4394.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計15件（うち査読付論文 15件／うち国際共著 6件／うちオープンアクセス 6件）

1. 著者名 Ishigami Kota, Jang Seonghan, Itoh Hideomi, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 17
2. 論文標題 Insecticide resistance governed by gut symbiosis in a rice pest, <i>Cletus punctiger</i> , under laboratory conditions	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Biology Letters	6. 最初と最後の頁 20200780
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1098/rsbl.2020.0780	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Jang Seonghan, Mergaert Peter, Ohbayashi Tsubasa, Ishigami Kota, Shigenobu Shuji, Itoh Hideomi, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 118
2. 論文標題 Dual oxidase enables insect gut symbiosis by mediating respiratory network formation	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 e2020922118
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1073/pnas.2020922118	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Sato Yuya, Jang Seonghan, Takeshita Kazutaka, Itoh Hideomi, Koike Hideaki, Tago Kanako, Hayatsu Masahito, Hori Tomoyuki, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 12
2. 論文標題 Insecticide resistance by a host-symbiont reciprocal detoxification	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 6432
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41467-021-26649-2	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Jang Seonghan, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 41
2. 論文標題 Impact of the insect gut microbiota on ecology, evolution, and industry	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Current Opinion in Insect Science	6. 最初と最後の頁 33～39
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.cois.2020.06.004	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kikuchi Yoshitomo, Ohbayashi Tsubasa, Jang Seonghan, Mergaert Peter	4. 巻 14
2. 論文標題 Burkholderia insecticola triggers midgut closure in the bean bug Riptortus pedestris to prevent secondary bacterial infections of midgut crypts	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 The ISME Journal	6. 最初と最後の頁 1627 ~ 1638
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41396-020-0633-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Takeshita Kazutaka, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 11
2. 論文標題 Genomic Comparison of Insect Gut Symbionts from Divergent Burkholderia Subclades	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 744 ~ 744
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes11070744	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Jang Seonghan, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 23
2. 論文標題 Re-opening of the symbiont sorting organ with aging in Riptortus pedestris	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Asia-Pacific Entomology	6. 最初と最後の頁 1089 ~ 1095
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.aspen.2020.09.005	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Ishigami Kota, Jang Seonghan, Itoh Hideomi, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 17
2. 論文標題 Insecticide resistance governed by gut symbiosis in a rice pest, Cletus punctiger, under laboratory conditions	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Biology Letters	6. 最初と最後の頁 20200780
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1098/rsbl.2020.0780	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Jang Seonghan, Mergaert Peter, Ohbayashi Tsubasa, Ishigami Kota, Shigenobu Shuji, Itoh Hideomi, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 118
2. 論文標題 Dual oxidase enables insect gut symbiosis by mediating respiratory network formation	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 e2020922118
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1073/pnas.2020922118	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Ohbayashi Tsubasa, Itoh Hideomi, Lachat Joy, Kikuchi Yoshitomo, Mergaert Peter	4. 巻 34
2. 論文標題 Burkholderia Gut Symbionts Associated with European and Japanese Populations of the Dock Bug <i>Coreus marginatus</i> (Coreoidea: Coreidae)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	6. 最初と最後の頁 219 ~ 222
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1264/jsme2.ME19011	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Ohbayashi Tsubasa, Futahashi Ryo, Terashima Mia, Barriere Quentin, Lamouche Florian, Takeshita Kazutaka, Meng Xian-Ying, Mitani Yasuo, Sone Teruo, Shigenobu Shuji, Fukatsu Takema, Mergaert Peter, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 13
2. 論文標題 Comparative cytology, physiology and transcriptomics of <i>Burkholderia insecticola</i> in symbiosis with the bean bug <i>Riptortus pedestris</i> and in culture	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 The ISME Journal	6. 最初と最後の頁 1469 ~ 1483
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41396-019-0361-8	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Itoh Hideomi, Jang Seonghan, Takeshita Kazutaka, Ohbayashi Tsubasa, Ohnishi Naomi, Meng Xian-Ying, Mitani Yasuo, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 116
2. 論文標題 Host-symbiont specificity determined by microbe-microbe competition in an insect gut	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 22673 ~ 22682
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1073/pnas.1912397116	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Takeshita Kazutaka, Jang Seonghan, Kikuchi Yoshitomo	4. 巻 9
2. 論文標題 Complete Genome Sequence of Burkholderia sp. Strain THE68, a Bacterial Symbiont Isolated from Midgut Crypts of the Seed Bug Togo hemipterus	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e00041-20
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/MRA.00041-20	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Aoyagi Tomo, Morishita Fumiaki, Sugiyama Yutaka, Ichikawa Daisuke, Mayumi Daisuke, Kikuchi Yoshitomo, Ogata Atsushi, Muraoka Kenji, Habe Hiroshi, Hori Tomoyuki	4. 巻 12
2. 論文標題 Identification of active and taxonomically diverse 1,4-dioxane degraders in a full-scale activated sludge system by high-sensitivity stable isotope probing	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 The ISME Journal	6. 最初と最後の頁 2376 ~ 2388
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41396-018-0201-2	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Takeshita Kazutaka, Tamaki Hideyuki, Ohbayashi Tsubasa, Meng Xian-Ying, Sone Teruo, Mitani Yasuo, Peeters Charlotte, Kikuchi Yoshitomo, Vandamme Peter	4. 巻 68
2. 論文標題 Burkholderia insecticola sp. nov., a gut symbiotic bacterium of the bean bug Riptortus pedestris	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology	6. 最初と最後の頁 2370 ~ 2374
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/ijsem.0.002848	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計22件(うち招待講演 7件/うち国際学会 5件)

1. 発表者名 JANG Seonghan, 石神広太, 大林翼, 松浦優, MERGAERT Peter, 菊池義智
2. 発表標題 Homeobox遺伝子によって調節される共生器官の驚くべき形態変化!
3. 学会等名 日本進化学会第23回東京大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 石神広太, Jang Seonghan, 伊藤英臣, Mergaert Peter, 菊池義智
2. 発表標題 カビが運命付けるバクテリア-昆虫の相利共生
3. 学会等名 日本進化学会第23回東京大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 石神 広太, Seonghan Jang, 伊藤 英臣, 大林 翼, Peter Mergaert, 菊池 義智
2. 発表標題 カビが繋ぐ昆虫とバクテリアの共生系サイクル
3. 学会等名 日本微生物生態学会第34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 菊池義智
2. 発表標題 昆虫腸内共生の成立機構
3. 学会等名 第62回日本植物生理学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 The bean bug <i>Riptortus pedestris</i> and its <i>Burkholderia</i> symbiont
3. 学会等名 Harmful Organisms 2019 (South Kore) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 大林翼, 二橋 亮, 重信秀治, 深津 武馬, Peter Mergaert, 菊池 義智
2. 発表標題 Comparative cytology, physiology and transcriptomics between free-living and symbiotic Burkholderia symbionts reveal adaptations for colonization of its bean bug host
3. 学会等名 International Symbiosis Society 2018 (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 Host-symbiont cooperation for in vivo detoxification of an insecticide
3. 学会等名 Gordon Research Conference (U.S.A.) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 昆虫における腸内共生の分子基盤
3. 学会等名 日本放線菌学会第65回学術講演会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 伊藤 英臣, 菊池 義智
2. 発表標題 土壌微生物が昆虫に及ぼす生態系サービスの解明
3. 学会等名 日本土壌肥料学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 共生細菌であるということ
3. 学会等名 第93会日本細菌学会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 The simplest gut microbiota shaped by partner choice and microbial competition
3. 学会等名 日本生態学会第67回全国大会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Jang Seonghan, 菊池 義智
2. 発表標題 A novel function of Duox in insect-microbe gut symbiosis: development of trachea network and stabilization of symbiont colonization
3. 学会等名 第63回日本応用動物昆虫学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 佐藤 由也, Jang Seonghan, 伊藤 英臣, 堀 知行, 菊池 義智
2. 発表標題 腸内細菌による殺虫剤のin vivo解毒プロセスの解明
3. 学会等名 第63回日本応用動物昆虫学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 Molecular bases of the stinkbug-Burkholderia gut symbiosis
3. 学会等名 2018 ESA, ESC and ESBC Joint Annual Meeting (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 共生微生物による害虫の進化～多様性と機能
3. 学会等名 平成 30 年度 (第 28 回) 植物細菌病談話会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 昆虫のプロバイオティクス
3. 学会等名 2018年度日本乳酸菌学会セミナー (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 下地 博之, 伊藤 英臣, 松浦 優, 菊池 義智
2. 発表標題 Hidden diversity under ground: ant- and nest-associated bacterial communities revealed by meta-genomic analyses
3. 学会等名 International Union for the Study of Social Insects 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 菊池 義智
2. 発表標題 "害虫"の誕生と共生微生物
3. 学会等名 2018年度北日本支部札幌シンポジウム(招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 佐野 友紀, 木原 稔, 堀 知行, 曾根 輝雄, 菊池 義智, 伊藤 英臣
2. 発表標題 Fish egg-associated microbiota acquired from ambient soils 水生動物の卵が土壌から獲得する細菌叢
3. 学会等名 日本微生物生態学会第32回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 伊藤 英臣, 堀 知行, 菊池 義智
2. 発表標題 Diversity and distribution of microbiota associated with medaka fish メダカ常在細菌叢の多様性と分布: エラ、体表、ヒレ、腸、卵に発達する細菌叢の解明
3. 学会等名 日本微生物生態学会第32回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 栗原 駿太, 竹下和貴, 松浦 優, 徳田岳, 曾根 輝雄, 伊藤 英臣, 菊池 義智
2. 発表標題 Intracellular symbiosis in lygaeoid species 腸内から細胞内へ: ナガカメムシの細胞内共生進化
3. 学会等名 日本微生物生態学会第32回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 下地 博之, 伊藤 英臣, 松浦 優, 菊池 義智
2. 発表標題 "Ant- and nest-associated bacterial communities revealed by meta-genomic analyses メタゲノムで解き明かすトゲオオハリアリの細菌叢 -社会に潜むその多様性と分布-"
3. 学会等名 日本微生物生態学会第32回大会
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	伊藤 英臣 (Itoh Hideomi) (70748425)	国立研究開発法人産業技術総合研究所・生命工学領域・主任 研究員 (82626)	
研究分担者	細川 貴弘 (Hosokawa Takahiro) (80722206)	九州大学・理学研究院・助教 (17102)	
研究分担者	松浦 優 (Matsuura Yu) (80723824)	琉球大学・熱帯生物圏研究センター・助教 (18001)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
米国	アリゾナ大学	テキサス大学		
フランス	CNRS			
オーストラリア	CSIRO			

共同研究相手国	相手方研究機関			
ベルギー	Ghent University			