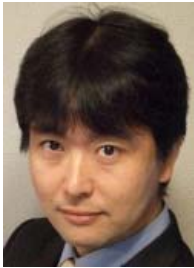


平成25年度 (基盤研究(S)) 研究概要(採択時)

【基盤研究(S)】

生物系(生物学)



研究課題名 昆虫—大腸菌人工共生系による共生進化および分子機構の解明

産業技術総合研究所・生物プロセス研究部門・首席研究員

ふかつ 深津 たけま 武馬

研究分野: 基礎生物学

キーワード: 実験進化学、比較ゲノム、機能進化

【研究の背景・目的】

生物界において微生物との共生関係は普遍的であり、しばしば重要な生物機能を担っている。高度な共生関係が具体的にどのように始まり、成立したのかは進化生物学における重要な問題である。

最近私たちは、チャバネアオカメムシという昆虫において、生存に必須な腸内共生細菌が自然集団で顕著な多型を示すことを発見した。さらに、もとの共生細菌と大腸菌の置換により、正常な感染局在を示し、垂直伝達され、継代維持が可能であり、さまざまな操作実験や分子遺伝学の適用が可能な人工共生系の創出に成功した(図1)。

本研究課題では、この画期的なモデル共生系について、実験進化学的アプローチ、ゲノム科学的アプローチおよび分子遺伝学的アプローチを駆使し、共生進化の過程および機構の本質に関する理解を従来し得なかったレベルにまで深めることを目指す。

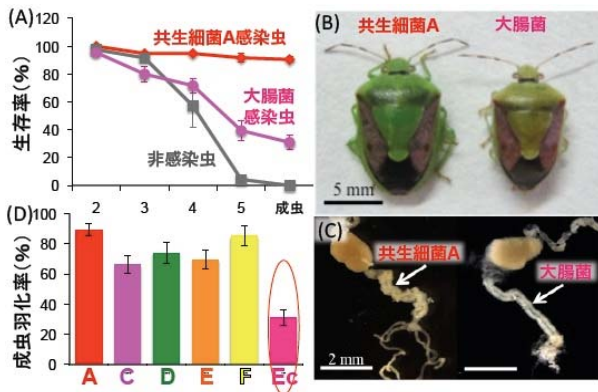


図1 チャバネアオカメムシにおける(A)共生細菌A感染虫、大腸菌感染虫、非感染虫の生存曲線。(B)共生細菌A感染虫と大腸菌感染虫の外観および(C)共生器官の発達過程。(D)共生細菌A-Fに感染した虫と大腸菌感染虫の成虫羽化率の比較。

【研究の方法】

チャバネアオカメムシ共生系について、以下の研究を推進する:

- (1) 6種の共生細菌ゲノムの完全塩基配列決定
- (2) 共生細菌の形質転換系、遺伝子破壊系の確立
- (3) 共生細菌フォスミドライブラリー導入大腸菌のスクリーニングによる共生関連遺伝子候補の網羅的取得

- (4) 共生関連遺伝子の同定, 機能解析
- (5) 異なる共生細菌間での共生関連遺伝子群の比較解析
- (6) チャバネアオカメムシに人工共生させた大腸菌の継続的な飼育維持, 選抜による実験共生進化解析

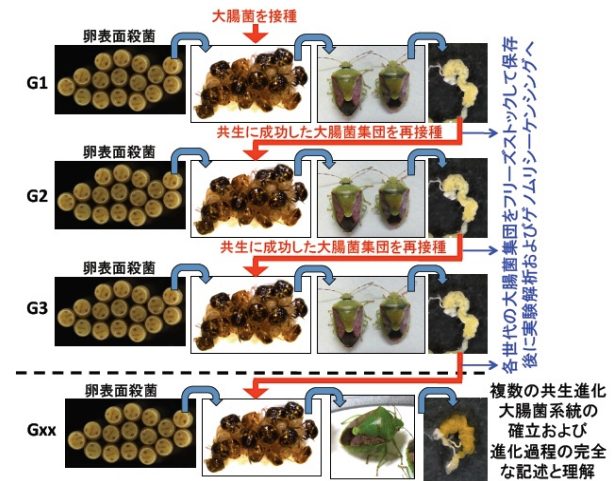


図2 大腸菌人工共生進化実験デザインの概要。

【期待される成果と意義】

大腸菌の高度な分子遺伝学的システムとリソースを駆使して共生の分子基盤を徹底的に明らかにし、さらに大腸菌が共生細菌に進化していく様子をリアルタイムで記述し、解析することにより、共生進化の過程および機構に関して従来にない画期的な理解が得られることが期待される。

【当該研究課題と関連の深い論文・著書】

- ・深津武馬 (2011) [特集] 共に生きる昆虫と微生物—運命共同体となる仕組み。遺伝 65(1): 19-79.
- ・Kikuchi Y., Hosokawa T., Fukatsu T. (2008) Diversity of bacterial symbiosis in stinkbugs. In: *Microb. Ecol. Res. Trends* (ed. T. V. Dijk), pp. 39-63. Nova Science Publishers Inc., N. Y.

【研究期間と研究経費】

平成25年度—29年度
104,100千円

【ホームページ等】

<http://staff.aist.go.jp/t-fukatsu/>