

# 野外昆虫集団における環境細菌から共生細菌への進化過程の解明

産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門 首席研究員

深津 武馬

(お問い合わせ先) E-MAIL : t-fukatsu@aist.go.jp



## 研究の背景

多くの動物の消化管には、さまざまな細菌、真菌、原生動物などの腸内微生物叢がみられ、重要な機能を担っています。シロアリやカメムシなど腸内に共生する微生物なしで生存できない生物も珍しくありません。近年はヒトでも腸内細菌叢が健康に関わるという知見が得られ、腸内微生物の多様性や機能、起源の研究は大きな注目を集めています。

このように高度な生物機能を担うように特殊化した共生微生物も、元来は環境中に存在する普通の微生物だったはずですが、どのような過程を経て高度な共生微生物が生じたのかはよくわかっていませんでした。

## 研究の成果

柑橘などの害虫として知られるチャバネアオカメムシ(図1A)は消化管後部に共生器官をもち(図1B)、大腸菌と近縁な共生細菌(図1C)を保有しています。この共生細菌は幼虫の生育に必須で、母虫が産卵の際に共生細菌入りの分泌物を卵の表面に塗りつけ、ふ化した幼虫がそれを摂食することで垂直感染します(図1D)。従来知られていた必須共生細菌は、宿主集団に関わらずほとんど1種類に限定されていましたが、チャバネアオカメムシでは顕著な種内多型がみられることを発見しました。

日本本土集団では単一種の共生細菌が席巻しているのに対し、南西諸島集団では同一集団中に6種類もの共生細菌が共存していたのです(図2)。南西諸島のカメムシ集団を詳細に解析したところ、(1)宿主体外で培養できず、垂直感染のみで次世代に伝わる共生細菌、(2)宿主体外で培養可能で環境中でも生存でき、垂直感染も環境獲得も起こり、かつ他種カメムシにも感染可能な共生細菌、(3)通常はカメムシに共生していないが、実験的に感染させると潜在的な共生能力を示す環境細菌など、さまざまな共生進化の段階にある細菌がみつかりました。このことは、野外における現在進行中の共生進化の過程を示しているものと思われます。

## 今後の展望

自然界における共生進化の過程をとらえたことで、共生の起源と進化の理解がさらに深まることが期待されます。チャバネアオカメムシに大腸菌を共生させる系を確立し、野外と実験室の双方で、実験進化的アプローチから共生関係の本質的な理解をめざしています。

## 関連する科研費

2013-2017年度 基盤研究(S)「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」

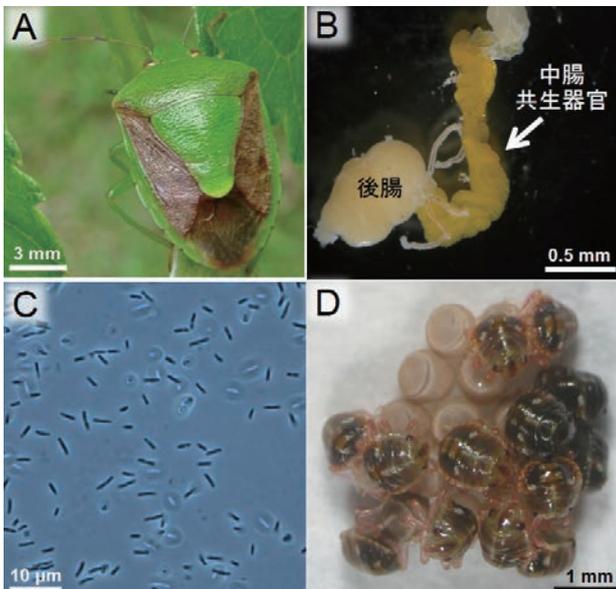


図1 (A) チャバネアオカメムシ成虫。(B) 摘出した消化管後部の共生器官。(C) 共生細菌の位相差顕微鏡像。(D) 卵表面から共生細菌を獲得中の孵化幼虫。

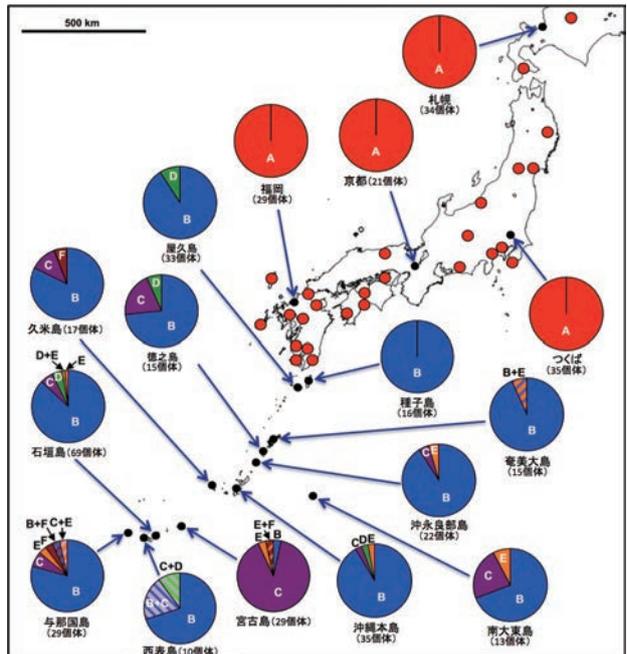


図2 日本のチャバネアオカメムシ集団における腸内共生細菌6種の感染分布パターン。