

外来雑草エゾノギシギシを摂食するコガタリハムシの腸内シュウ酸分解細菌の共生機能の解明



TOHOKU UNIVERSITY



エゾノギシギシの葉

コガタリハムシの幼虫

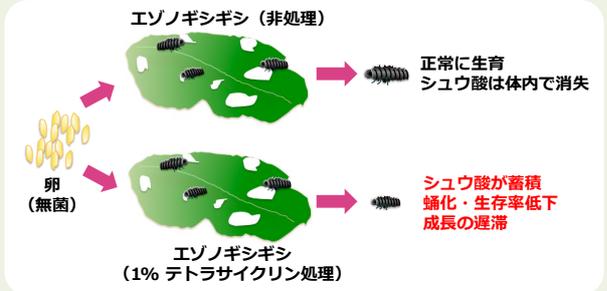
大坪 和香子 (東北大学大学院農学研究科)

Wakako Ikeda-Ohtsubo (Grad. School of Agricultural Science, Tohoku University, Japan)

共同研究者: 宮城 敦子 (埼玉大学理工学部)、小島 紀幸 (東北学院中学校)、森 宙史 (国立遺伝学研究所生命情報研究センター)、菊池 義智 (産業技術総合研究所北海道センター生物プロセス研究部門)、Aram Mikaelyan (Department of Entomology and Plant Pathology, North Carolina State University)

研究の背景と目的

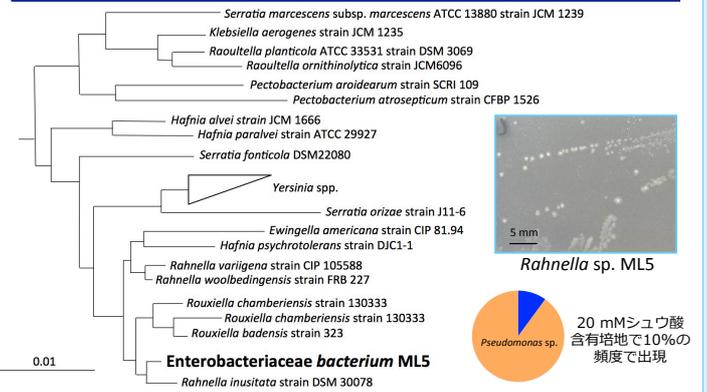
ヨーロッパ原産の外来雑草エゾノギシギシ (*Rumex obtusifolius*) は高濃度のシュウ酸やタンニンを含むことから、多くの動物や昆虫が摂食を避けるが、コガタリハムシ (*Gynandrus atrocyaneus*; Chrysomelidae) は、幼虫および成虫共にエゾノギシギシを旺盛に摂食する。孵化直後のコガタリハムシの幼虫に抗菌処理 (1%テトラサイクリン溶液に浸漬) したエゾノギシギシ生葉を摂食させると、幼虫の生育遅延、蛹化率の低下、および体内にシュウ酸の蓄積が見られたという先行研究 (右図) から、**腸内に共生する細菌がハムシのシュウ酸代謝 (無毒化) 能力や成長に重要な役割をもつ可能性**が示唆された。そこで、本研究ではコガタリハムシ腸管に共生するシュウ酸分解能力を有する細菌を単離し、その性質およびゲノム配列を解析することにより、その共生機能を明らかにすることを目的とした。



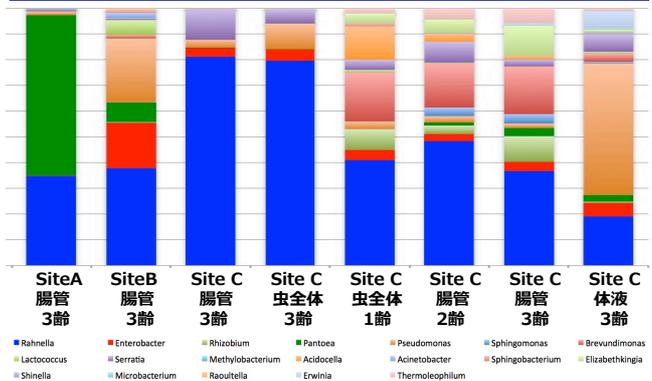
実験手法



シュウ酸資化細菌ML5のドラフトゲノム解析

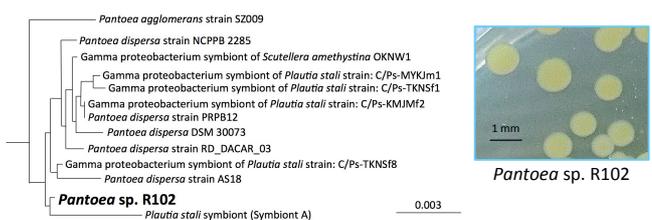


コガタリハムシ腸管・体液中の細菌叢

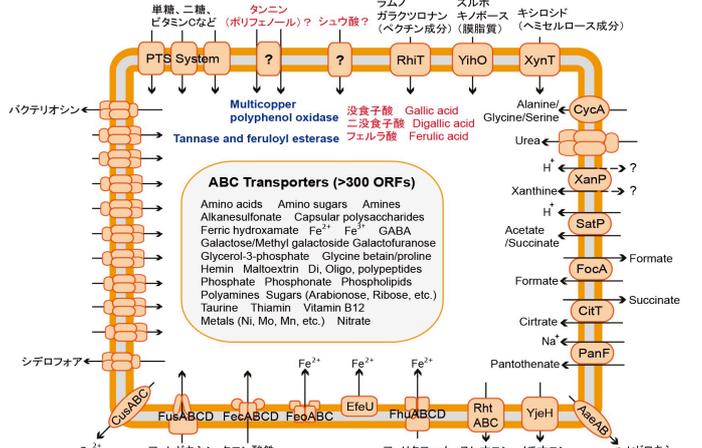


FISH解析および細菌叢解析の結果から、①共生細菌は腸管に特異的な付着が見られない (体液中にも存在)、②1 齢幼虫時に獲得した細菌叢が維持される、③ **Rahnella** 属 (上図青色) が優勢種である、ことが知られた。

カメムシ腸内共生細菌との共通性



本研究において、シュウ酸含有培地を用いてスクリーニング・単離された細菌の約40%が、カメムシ腸管由来の共生細菌と最も高い16S rRNA 遺伝子の相同性を示した。特に、栽培エゾノギシギシを摂食させた飼育条件のコガタリハムシから単離されたR102は、シュウ酸脱炭酸酵素を始めとするドラフトゲノム中の遺伝子配列の多くが、チャバネアオカメムシの必須共生細菌 (*Plautia stali* symbiont) と最も近縁であった。



菌叢解析において優勢であった **Rahnella** 属に近縁 (未分類) であるシュウ酸資化細菌ML5のドラフトゲノムアセンブリ中には、既知のシュウ酸分解関連遺伝子は見出されなかった。今回得られたドラフトゲノムの特徴として、①多数のトランスポーターが存在し、特に鉄の取り込みおよび植物細胞壁成分を代謝する高い能力が予測される、②タンニン (ポリフェノール様物質) の取り込み、分解に関する遺伝子が存在する、③各機能遺伝子の最も高い相同性は、タイリクヤツバキクイムシの共生細菌由来のゲノム配列に見出された。

本研究で使用したドラフトゲノムアセンブリの概要 (illumina MiSeq, PATRIC)

	Rahnella sp. ML5	Pantoea sp. R102
サイズ (bp)	4,929,253	4,790,695
コンティグ数	160	56
GC含量	52.72	57.56
N50値	66958	180616
遺伝子数	5798	4655