

生命にとって「共生」はイノベーション（新規性創出）の大きな源である。共生によって宿主単独では生存が困難な環境に適応可能になる。アミノ酸合成、酸素呼吸、窒素固定、発光—これらの生化学的能力を共生によって獲得した生物種は枚挙に暇がない。私たちは、昆虫アブラムシとその共生細菌ブフネラの共生系をモデルに、共生を支える分子・遺伝子基盤とその進化を研究している。最先端のゲノム科学を駆使したアプローチが特徴である。

昆虫アブラムシはブフネラと呼ばれる共生微生物を持っておりお互い相手無しでは生存不可能である。（左）エンドウヒゲナガアブラムシ。（右）アブラムシ卵巣内で発生中の卵にブフネラ（内部の小さい顆粒）が垂直感染する様子。スケールバーは 20 μ m。

共生ゲノム学

近年、「共生」の重要性に強い関心が持たれている。地球上には様々な形の共生が観察されるが、われわれがこれまで考えていた以上に、共生が生命進化や生態系において重要な役割を果たしていることが明らかになってきたからである。身近な例では、ヒトの体内および体表には、ヒト細胞の 10 倍もの数の微生物が存在し、われわれはその多くと共生関係にある。また、細胞内小器官ミトコンドリアがかつては独立した細菌であった、と考える「細胞内共生説」は今や広く受け入れられている。私たちは、最先端のゲノム科学で共生を理解する「共生ゲノム学」を開拓してきた。

モデルとして、アブラムシと共生細菌「ブフネラ」の細胞内共生系を研究している。半翅目昆虫アブラムシは腹部体腔内に共生器官を持ち、その細胞内に共生細菌ブフネラを恒常的に維持している。両者の間には絶対的な相互依存関係が築かれ、お互い相手なしでは生存できない。アブラムシは餌である植物の師管液に不足している栄養分（必須アミノ酸など）をブフネラに完全に依存しているからである。私たちは、宿主昆虫と共生細菌両方のゲノムを解読することに成功した（文献 1,4）。その結果、栄養分のアブラムシ／ブフネラ間のギブアンドテイクの関係が遺伝子レパートリーの相補性という形で見事に表れていることが明らかになった。また、多細胞生物としては例外的に細菌に対する免疫系の遺伝子の多くが失われていた。

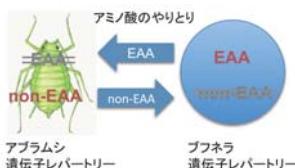


図 1. アミノ酸のアブラムシ／ブフネラ間のギブアンドテイクの関係が遺伝子レパートリーの相補性という形で表れている
EAA: 必須アミノ酸、non-EAA: 可欠アミノ酸

特任准教授
重信 秀治



NIBB リサーチフェロー
小川 浩太

特別共同利用研究員
Yi-Min Hsiao (蕭 逸旻)

特任専門員
鈴木 みゆず

次世代シーケンサーによる非モデル生物のトランスクリプトーム解析

私たちは、次世代 RNA-seq

シーケンサーを用いた網羅的遺伝子発現解析をアブラムシ共生系に適用し、共生器官特異的に発現する新規分泌タンパク質（BCR ファミリーと命名）を同定した（文献 1）。

RNA-seq

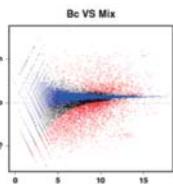


図 2. 次世代シーケンサーを用いた網羅的遺伝子発現解析 RNA-seq は強力なポストゲノムツールである

この過程で開発したライブライリ調製法からインフォマティクスに至る一連の技術を、アブラムシだけでなく他の新興モデル生物や非モデル生物のトランスクリプトーム解析に応用できるように汎用化し、共同利用研究に生かしている。たとえば、クロレラと共生するミドリゾウリムシや、シロアリのトランスクリプトーム解析などの成果を報告している。

参考文献

1. Shigenobu, S., and Stern, D. (2013). Aphids evolved novel secreted proteins for symbiosis with bacterial endosymbiont. *Proc Royal Society B*. 280, 20121952.
2. Shigenobu, S., and Wilson, A. C. C. (2011). Genomic revelations of a mutualism: the pea aphid and its obligate bacterial symbiont. *Cellular and Molecular Life Sciences : CMLS*, 68(8), 1297-1309.
3. International Aphid Genomics Consortium. (2010). Genome sequence of the pea aphid *Acythosiphon pisum*. *PLoS Biol*. 8, e1000313.
4. Shigenobu, S., Watanabe, H., Hattori, M., Sakaki, Y., and Ishikawa, H. (2000). Genome sequence of the endocellular bacterial symbiont of aphids *Buchnera* sp APS. *Nature* 407, 81-86.

