

共生・ゲノム・進化

地球上のすべての生命体は、様々な生物間相互作用のネットワークの中で存在している。中でも「共生」は、広くみられる生物の適応戦略であり、イノベーション（新奇性創出）の大きな源である。アミノ酸合成、酸素呼吸、窒素固定、発光—など新奇形質を共生によって獲得した生物種は枚挙に暇がない。共生によって単一の生物個体では生存が困難な環境に適応することができる。そのため、近年、生態系や生物進化における共生の重要性が認識されてきているが、最近まで共生生物学は分子・遺伝子レベルの実証的アプローチが困難な研究分野だった。この状況にブレークスルーをもたらしたのが革命的な進歩を遂げているゲノム科学とゲノム編集の技術である。私たちは最先端のゲノム科学的アプローチによって共生を理解する「共生ゲノム学」(Symbiogenomics) を推進している。共生系を支える分子メカニズムと進化プロセスを明らかにすること、そして、その多様性と共通原理を理解することを目指している。



Members

教授
重信 秀治

助教
Jia-Hsin Huang
(6月1日より)

特任助教
依田 真一 (10月1日より)

日本学術振興会特別研究員
野崎 友成
松田 直樹

博士研究員
Chen-yo Chung
小林 裕樹

総合研究大学院大学
大学院生
頼本 隼汰
Kathrine Tan

技術支援員
鈴木 みゆず
池田 弥華
温 欣宜

事務支援員
市川 真理子

昆虫アブラムシはブ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なほどの絶対的な共生関係にある。(左)当研究室が共生研究のモデルに用いている、エンドウヒゲナガアブラムシ (*Acyrtosiphon pisum*)。 (右) アブラムシ卵巣内で発生中の初期胚にブネラ (内部の小さい顆粒) が感染する様子。母親の体内で母親由来のブネラが、次の世代に垂直感染するのである。スケールバーは 20 μ m。

アブラムシとブフネラの共生ゲノム学

私たちの研究室は「共生ゲノム学」のモデルとして、半翅目昆虫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。両者はお互い相手なしでは生存が不可能なほど緊密な相互関係にあり、生理的にも解剖構造的にもまるでひとつの生物のように統合化されている。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。私たちは、宿主昆虫と共生細菌両方のゲノムを解読し（文献 4,5）、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など、ゲノムレベルでの共生の理解を深めてきた。また、私たちは、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）をアブラムシ共生器官に適用し、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（文献 3）、さらに BCR が抗菌活性を有することを明らかにした（文献 1）。近年、いくつかの植物と細菌の共生においても同様の抗菌ペプチド様分子が共生系の維持と制御に重要な役割を果たしていることが報告されており、動植物を越えた共生系進化の共通原理の存在を示唆するものとして興味深い。

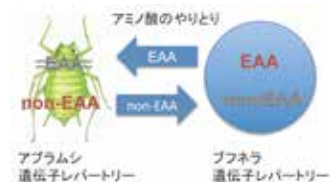


図 1. アミノ酸のアブラムシ/ブフネラ間のギブアンドテイクの関係が遺伝子レパートリーの相補性という形で表れている。
EAA: 必須アミノ酸、non-EAA: 可欠アミノ酸

昆虫のゲノム進化学と新規モデル昆虫の開発

次世代シーケンシング（NGS）に代表されるゲノム科学技術、CRISPR/Cas9 ゲノム編集等の遺伝子改変技術、超解像度顕微鏡等のイメージング技術 — ここ数年の生物機能の解析手法のめざましい技術革新により、これまで困難であった非モデル生物の分子・遺伝子・細胞レベルの研究が可能になってきた。地球上で最も多様性に富む生物群とも言われる昆虫の研究分野もこれら技術革新の恩恵を大いに享受し、新しい昆虫科学が始まりつつある。NGS で得られた情報をもとにそれぞれの昆虫特有の興味深い形態や生理などの進化を遺伝子・ゲノムレベルで明らかにし、さらにゲノム編集で機能解析を行う、このような新規モデル昆虫研究パイプライン

の構築を目指している。例えば、私たちは、社会性進化研究のモデルとしてシロアリや社会性アブラムシを、発光生物学のモデルとしてホタルを研究している。最近私たちは、ヘイケボタルのゲノムを解読した（文献 2）。ホタルの発光については、ルシフェラーゼ酵素がルシフェリンを基質として、酸素と ATP を使って光を発生することがすでに明らかにされているが、ゲノム解析により、ルシフェラーゼ遺伝子の起源は、光らない生物でも普遍的に持っているアシル CoA 合成酵素と呼ばれる脂肪酸代謝酵素の遺伝子であること、この遺伝子が何度も重複を繰り返しそのひとつが発光活性を持つルシフェラーゼに進化したことが明らかになった。

また、私たちは昆虫のゲノムを「読む」だけでなく、「編集する」技術の開発にも取り組んでいる。私たちは、CRISPR/Cas9 によるアブラムシのゲノム編集技術を確立することに成功した。

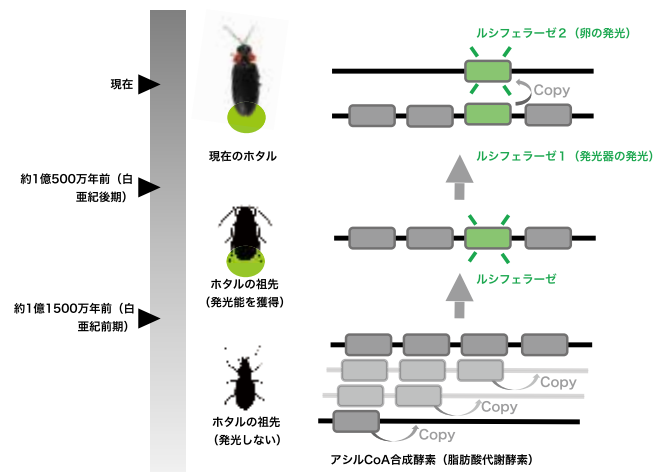


図 2. ヘイケボタルゲノム解読から明らかになった発光遺伝子ルシフェラーゼの進化。発光と関連のない脂肪酸代謝酵素の一種が重複を繰り返し、そのひとつが発光能を獲得したと推定される。

参考文献

1. Uchi, N. *et al.*, (2019). Antimicrobial Activities of Cysteine-rich Peptides Specific to Bacteriocytes of the Pea Aphid *Acyrtosiphon pisum*. *Microbes Environ.* 34, 155-160.
2. Fallon, T.R. *et al.*, (2018). Firefly genomes illuminate parallel origins of bioluminescence in beetles. *eLife* 7, e36495.
3. Shigenobu, S., and Stern, D. (2013). Aphids evolved novel secreted proteins for symbiosis with bacterial endosymbiont. *Proc. Biol. Sci.* 280, 20121952.
4. Shigenobu, S., and Wilson, A.C.C. (2011). Genomic revelations of a mutualism: the pea aphid and its obligate bacterial symbiont. *Cell. Mol. Life Sci.* 68, 1297-1309.
5. 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.

教授
重信 秀治

助教
Jia-Hsin Huang

特任助教
依田 真一

