

環境とバイオテクノロジー
2021 年度採択研究代表者

2022 年度
年次報告書

竹下 和貴

秋田県立大学 生物資源科学部
助教

細菌の宿主体内適応に関わる分子基盤の解明

研究成果の概要

本研究では、研究者が見出した、あるカメムシ目昆虫(以下、カメムシ)の必須共生細菌としても機能する植物共生細菌を対象に、この植物共生細菌が昆虫と植物という全く異なる宿主生物の体内に適応することを可能としている分子基盤の解明に挑戦する。

まず、植物共生細菌がカメムシ必須共生細菌としても機能し得ることを実証することに取り組んだ。昨年度、植物共生細菌を感染させた場合のカメムシの羽化率を算出し、本来のカメムシ共生細菌を感染させた場合と同程度であること、また非感染のカメムシの羽化率が0%であることを確認した。本年度はさらに、羽化するまでに要した日数(成長速度)および羽化個体の体長、体幅、体重を測定し比較した。その結果、これらに関して植物共生細菌を感染させた個体とカメムシ共生細菌を感染させた個体との間で違いは認められなかった。以上のことから、この植物共生細菌が、本来のカメムシ共生細菌に遜色なく、このカメムシの必須共生細菌として機能することが実証できた。

続いて、当該の植物共生細菌が植物とカメムシに共生するために共通して必須な遺伝子の探索に取り組んだ。本研究ではカメムシおよび植物に共生している状態と培養時の植物共生細菌を対象とした比較トランスクリプトーム解析(RNA-seq)を計画した。昨年度取得したカメムシ共生時および培養時のRNA-seqデータを解析し、培養時に比べてカメムシ共生時に高発現する遺伝子を139遺伝子同定した。そのうち、共生への関与がより強く疑われる6遺伝子に関して、植物共生細菌の遺伝子欠損株の作製に成功した。一方で植物共生時のRNA-seqは、NGS解析で求められる量と質のRNAサンプルを自身で調製することができず、今年度完了させることができなかった。来年度、同領域のACT-X研究者にRNA抽出を依頼することでRNA-seqを完了させる計画である。