

環境とバイオテクノロジー
2021 年度採択研究者

2021 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

§ 1. 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。

本来このカメムシは消化管に共生細菌を保持することがわかっている。本年度はまず、この植物共生細菌を実験的に感染させた場合のカメムシの羽化率を算出し、またカメムシの各成長段階での消化管における感染菌数を定量 PCR により定量した。さらに、植物共生細菌を感染させたカメムシを解剖し、摘出した消化管を顕微鏡で観察した。得られた羽化率、感染菌数動態およびカメムシ体内での局在の結果はいずれも、本来のカメムシ共生細菌が感染している場合の結果と同様であった。共生細菌を持たない非感染のカメムシの羽化率が 0%であるという事実と合わせて、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、このカメムシの消化管に感染・定着し、必須共生細菌として機能することが確認できた。

カメムシおよび植物に共生している状態での植物共生細菌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)を実施するため、この植物共生細菌が宿主とする植物の感染実験系の立ち上げに取り組んだ。植物共生細菌を感染させた植物で順調な生育を確認できたことから、宿主植物の感染実験系の立ち上げに成功したと言える。また先行して、カメムシ共生時および培養時の植物共生細菌の RNA-seq データを計画通り取得した。現在、取得したデータの解析を進めている。