

吸汁性昆虫キジラミ-細菌間の多様な複合共生系

中鉢 淳¹, 井上広光², 広瀬 侑¹ (¹豊橋技科大, ²農業・食品産業技術総合研究機構)

私どものEII RISプロジェクト研究では、昆虫共生細菌からの新規二次代謝産物の獲得と、その応用利用を目指した機能解析を進めている。これまでに、1) 他に類例のないオルガネラ様防衛共生体「*Candidatus Profftella armatura* (Gammaproteobacteria: Burkholderiales)」が重要害虫「ミカンキジラミ(*Diaphorina citri*, 半翅目: キジラミ上科)」やその近縁種に存在し、新規ポリケチド「ディアフォリン」を産生していること、2) ディアフォリンが抗腫瘍活性をはじめとする興味深い生物活性を持つこと、などを明らかにしている。今回は、さらに新たな共生細菌を見出すべく、次世代シーケンサーを用いてキジラミ科に属する日本産キジラミ12種の共生細菌叢を解析した。

各キジラミ種の雌雄各5頭より抽出したDNAを鋳型として16S rRNA遺伝子のV3-V4領域をPCR増幅し、MiSeqによる塩基配列決定後、QIIME2で群集解析を行い、RAxMLを用いた最尤法により系統解析。

キジラミの種ごとに多様で新規な共生細菌叢を解明。とくに、

- これまでアブラムシ(半翅目: アブラムシ上科)の共生体としてのみ認識されていた*Ca. Fukutsuia symbiotica*と*Serratia symbiotica* (Gammaproteobacteria: Enterobacteriales)を、世界で初めてキジラミから検出した。

- 世界の柑橘産業に致命的な打撃を与えている*Ca. Liberibacter asiaticus* (Alphaproteobacteria: Rhizobiales)と同属の潜在的植物病原体*Ca. Liberibacter europaeus*を、クワの害虫であるクワキジラミ(*Anomoneura mori*)から、世界で初めて検出した。

その他、様々な共生細菌を検出。今後解析を進めることで、新規有用物質の獲得を目指す。

[BMC microbiology 2022, 22(1):15]

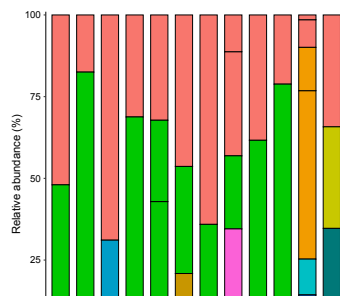


図1. キジラミ科12種の体内共生細菌叢。

縦軸: 各分類群に対応する配列の相対頻度。

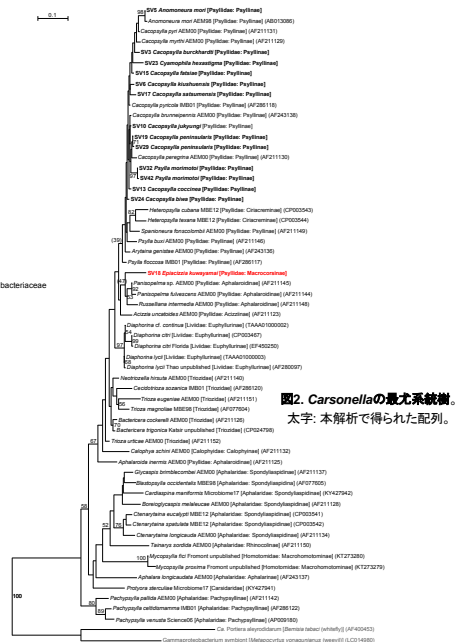


図2. Carsonellaの最尤系統樹。
太字: 本解析で得られた配列。

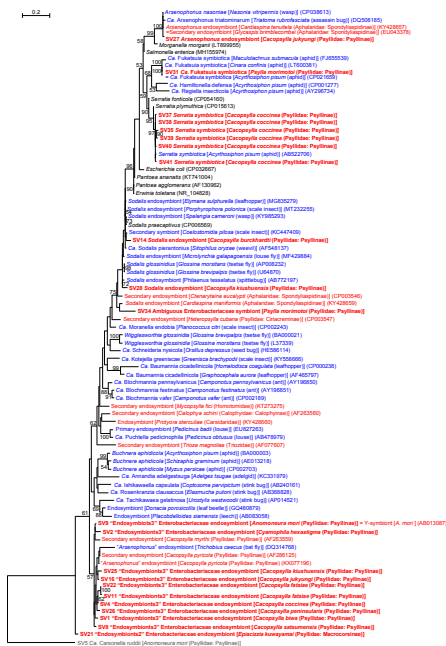


図3. 腸内細菌科共生細菌の最尤系統樹。

赤字: キジラミの共生細菌, 青字: それ以外の動物の共生細菌。
世界で初めてキジラミから*Ca. Fukutsuia symbiotica*と*Serratia symbiotica*を検出。

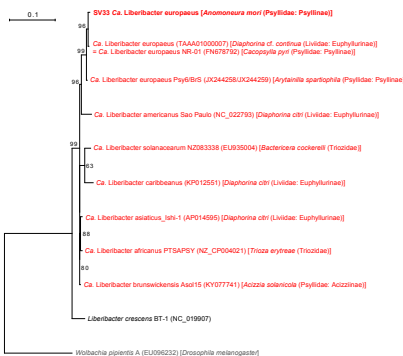


図6. Liberibacterの最尤系統樹。

太字: 世界で初めてクワキジラミ(*Anomoneura mori*)から*Liberibacter*を検出。

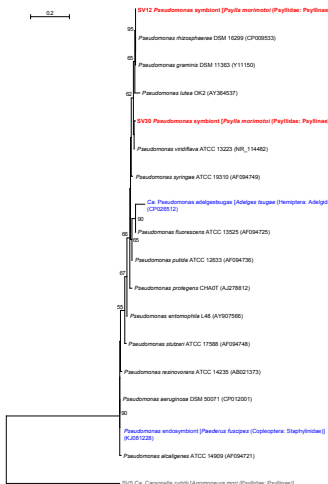


図4. Pseudomonasの最尤系統樹。

赤字: キジラミの共生細菌, 青字: それ以外の動物の共生細菌。

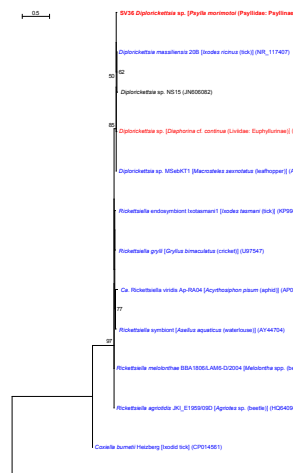


図5. Diploickettsiaの最尤系統樹。

赤字: キジラミの共生細菌, 青字: それ以外の動物の共生細菌。

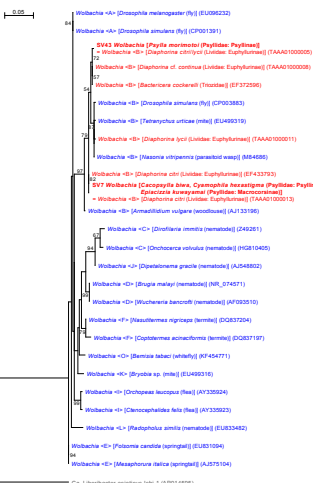


図7. Wolbachiaの最尤系統樹。

赤字: キジラミの共生細菌, 青字: それ以外の動物の共生細菌。

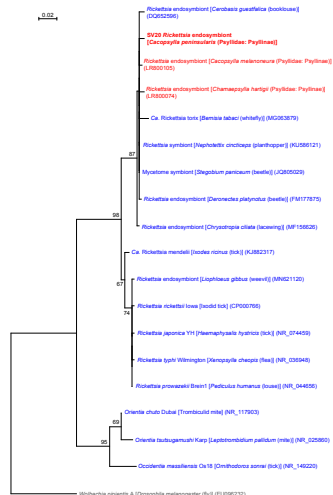


図8. Rickettsiaの最尤系統樹。

赤字: キジラミの共生細菌, 青字: それ以外の動物の共生細菌。