

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		シロアリ腸内培養不能微生物群共生機構解明のための分子進化学的研究			
研究テーマ (欧文) AZ		Molecular evolutionary study of the symbiotic system of unculturable microbiota in termite guts			
研究氏 代表名 者	カタカナ CC	姓)ホンゴウ	名)ユウイチ	研究期間 B	2009 ~ 2010 年
	漢字 CB	本郷	裕一	報告年度 YR	2011 年
	ローマ字 CZ	Hongoh	Yuichi	研究機関名	東京工業大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		本郷裕一 東京工業大学大学院生命理工学研究科 准教授			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>シロアリは枯死植物のみを摂食する重要な分解者である。人間にとっては木材の大害虫である一方、その高効率な木質分解能力を生かしたバイオ燃料開発への応用も期待されている。ところが、シロアリの生存に必須な腸内共生微生物群の大多数は培養不能であり、それらの詳細な生理・生態は未知のままである。報告者・本郷は、この培養不能な腸内共生微生物群集の分子生態学的解析に取り組み、群集構造解析やゲノム解析を行ってきた。例えば、イエシロアリ腸内に生息する培養不能原生生物 <i>Pseudotriconympha grassii</i> の、さらにその細胞内に共生する培養不能真正細菌 CfPt1-2 のゲノム完全長配列取得に成功し、機能を推定した(2008 年)。</p> <p>報告者らのゲノム解析で明らかとなった CfPt1-2 細菌の最大の特徴は、空中窒素固定能である。これは原核生物特有の能力だが、窒素分に乏しい木材のみを摂食するシロアリにとっては必要不可欠なものである。興味深いことに、CfPt1-2 の窒素固定遺伝子(<i>nifH</i>)を分子系統解析したところ、既知細菌種の同遺伝子とは配列相同性が低く、多様なシロアリ種の腸内から PCR 法で取得された <i>nifH</i> と単系統群を形成した。つまり、シロアリ腸内細菌に特異的な <i>nifH</i> クラスタが存在している。それら <i>nifH</i> 配列の由来細菌種を同定することで、シロアリ腸内細菌群集における窒素固定能の進化を推定するのが、本研究の主目的である。</p> <p>そこでまず、イエシロアリ腸内の <i>P. grassii</i> が必ず CfPt1-2 細菌を保有し、それら CfPt1-2 細菌が常に <i>nifH</i> を持つことを確認した後、ミゾガシラシロアリ科の他のシロアリ種の <i>Pseudotriconympha</i> の共生細菌(CfPt1-2 に近縁)についても調べたところ、意外なことに、<i>nifH</i> を検出できなかった。現在さらに他の CfPt1-2 に近縁な共生細菌種について調査を続行している。また蛍光セルソーター(FACS)を用いて、様々なシロアリ種の多様な腸内細菌種を細胞ごとに単離し、<i>nifH</i> 配列と rRNA 配列の multiplex PCR などによる網羅的な取得も進めている。これらにより、シロアリ腸内共生微生物群集の機能進化に関する研究を発展させていきたい。</p> <p>研究内容の論文等での発表については、さらにデータを蓄積した上で、行う予定である。</p>					
キーワード FA	昆虫	共生	腸内細菌	原生生物	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

Termites are one of the most important decomposers, which feed only on dead plant matters. They are destructive pests for woody buildings, but at once their ability to efficiently degrade lignocellulose has attracted researchers for the development of novel biofuels. Despite the ecological and economical importance of termites, the symbiotic mechanism with gut microbiota that enables termites to survive on such recalcitrant and nitrogen-poor food remains unclear. This is mostly due to the enormous diversity and formidable unculturability of the gut microbes. I and colleagues have been studying these unculturable microbial gut communities using molecular ecological technique and environmental genomics. For example, we obtained and analyzed the complete genome sequence of an unculturable bacterium, CfPt1-2, which inhabits exclusively the cytoplasm of the flagellated protist *Pseudotrichonympha grassii* in the gut of the Formosan subterranean termite *Coptotermes formosanus* in 2008.

CfPt1-2 bacteria possess a gene cluster responsible for nitrogen-fixation. One of the genes, *nifH*, showed low sequence similarity to those of known bacteria and formed a monophyletic cluster together with the *nifH* sequences obtained by PCR from diverse termite species. To understand the origin and evolution of nitrogen-fixation in termite gut, I confirmed that all of *P. grassii* harbor CfPt1-2 bacteria, and that all the CfPt1-2 communities possess *nifH* gene, as the first step. However, unexpectedly, I found other CfPt1-2-like endosymbionts of *Pseudotrichonympha* spp. did not possess *nifH*. I am currently analyzing the relationship of *nifH* sequence and 16S rRNA sequences more comprehensively.