

Oral presentation | Oral Presentation

📅 Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM JST | Sun. Mar 31, 2024 12:00 AM - 2:45 AM UTC | 📍 Site A
Tachibana

[A] Symbiotic microorganisms

9:00 AM - 9:15 AM JST | 12:00 AM - 12:15 AM UTC

[A-35] 青色光毒性を用いた人為選抜が駆動した*Drosophila melanogaster*における"Acetobacter 共生菌-脂質代謝に関する表現型"の進化

○Yuta Takada¹, Kokoro Saito³, Wakako Ikeda-Ohtsubo¹, Naoyuki Fuse², Toshiharu Ichinose^{3,4}, Hiromu Tanimoto³, Masatoshi Hori¹ (1. Tohoku Univ, Agl, 2. Tohoku Univ, Pharm, 3. Tohoku Univ, Life, 4. Tohoku Univ, FRIS)

9:15 AM - 9:30 AM JST | 12:15 AM - 12:30 AM UTC

[A-36] 捕食性天敵タバコカスミカメの細菌叢解析

○Yuta Owashi¹, Toma Minami², Taisei Kikuchi^{3,4}, Akemi Yoshida³, Ryohei Nakano^{2,5}, Daisuke Kageyama¹, Tetsuya Adachi-Hagimori² (1. NARO, 2. University of Miyazaki, 3. University of Miyazaki, FS, 4. The University of Tokyo, 5. Shizuoka Pref. Res. Institute)

9:30 AM - 9:45 AM JST | 12:30 AM - 12:45 AM UTC

[A-37] ASKA barcode libraryを用いたカメムシに共生しやすい大腸菌の探索

○Yudai Nishide¹, Yayun Wang², Ryutaro Suzuki², Hirotsada Mori³, Shigeyuki Kakizawa², Takema Fukatsu² (1. NARO, 2. AIST, 3. Guangdong Academy)

9:45 AM - 10:00 AM JST | 12:45 AM - 1:00 AM UTC

[A-38] 外来ボルバキア起因の母性効果によって引き起こされる胚発生阻害

○Daisuke Kageyama¹, Yudai Nishide¹, Kenji Watanabe¹, Hatakeyama Masatsugu¹, Francois Renoz¹ (1. NARO)

10:00 AM - 10:15 AM JST | 1:00 AM - 1:15 AM UTC

[A-39] 細胞質不和合を引き起こすボルバキアに対する宿主応答

Kaede Konishi¹, Takumi Takamatsu¹, Katsuhiko Ito¹, Hiroshi Arai², ○Maki Inoue Inoue¹ (1. TUAT, 2. NARO)

10:15 AM - 10:30 AM JST | 1:15 AM - 1:30 AM UTC

[A-40] カメムシ科昆虫における後脚を用いた共生細菌の新奇な垂直伝達行動

○Minoru Moriyama¹, Takema Fukatsu¹ (1. AIST)

10:30 AM - 10:45 AM JST | 1:30 AM - 1:45 AM UTC

[A-41] IS増幅進化実験によるラボ大腸菌から高度な共生細菌への進化

○Yayun Wang¹, Yuki Kanai², Saburo Tsuru², Ryuichi Koga¹, Chikara Furusawa², Takema Fukatsu¹ (1. AIST, 2. The Univ. of Tokyo)

10:45 AM - 11:00 AM JST | 1:45 AM - 2:00 AM UTC

[A-42] 昆虫共生細菌ゲノム解析におけるシングルセル技術の有効性について

○Hisashi Anbutsu^{1,2}, Yohei Nishikawa^{1,2}, Takuya Aikawa³, Hiroshi Arai^{4,5}, Haruko Takeyama^{1,2,6} (1. AIST-Waseda CBBB-OIL, 2. Waseda Univ. Nano Life, 3. FFPRI, Tohoku, 4. Tokyo Univ. Agr. & Tech., 5. NARO, 6. Waseda Univ. Adv. Sci. & Eng.)

11:00 AM - 11:15 AM JST | 2:00 AM - 2:15 AM UTC

[A-43] 吸血性ケブカクモバエの内部共生細菌*Aschnera chinzeii*のゲノム解析

○Ryuichi KOGA¹ (1. AIST)

11:15 AM - 11:30 AM JST | 2:15 AM - 2:30 AM UTC

[A-44] マダラケシツブゾウムシ超入れ子型共生系を用いた、植物—昆虫—共生細菌間相互作用研究

○Tutomu TSUCHIDA¹, Ryoma Sugimoto¹, Ryo Ushima¹, Yota Sano¹, Hinako Ogi¹, Ryuichiro Ino¹, Ayaka Yokomichi¹, Kanako Bessho-Uehara², Naruo Nikoh³ (1. University of Toyama, 2. Tohoku University, 3. Open University of Japan)

11:30 AM - 11:45 AM JST | 2:30 AM - 2:45 AM UTC

[A-45] パートナーの置換と進化：クリオオアブラムシ-*Buchnera-Serratia*の複合共生系

○Tomonari Nozaki^{1,2}, Yuuki Kobayashi¹, Shuji Shigenobu^{1,2} (1. NIBB, 2. SOKENDAI)

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

9:00 AM - 9:15 AM

[A-35]青色光毒性を用いた人為選抜が駆動した*Drosophila melanogaster*における"*Acetobacter*共生菌-脂質代謝に関する表現型"の進化

○Yuta Takada¹, Kokoro Saito³, Wakako Ikeda-Ohtsubo¹, Naoyuki Fuse², Toshiharu Ichinose^{3,4}, Hiromu Tanimoto³, Masatoshi Hori¹ (1. Tohoku Univ, Agl, 2. Tohoku Univ, Pharm, 3. Tohoku Univ, Life, 4. Tohoku Univ, FRIS)

青色光の連続的な照射は昆虫に対して毒性を発揮する。我々は、キイロショウジョウバエを青色光毒性によって選抜することで、青色光に対して高い適応性をもつ系統を確立した（以下、選抜系統）。選抜系統雌成虫の表現型として、以下2点の特徴がみられた。1.体重が重く、脂質含量が高い。2.中腸が長く、宿主の脂質代謝に関連すると考えられる*Acetobacter*共生菌の含量が高い。選抜/非選抜系統間の腸内細菌叢にほとんど違いはなく、菌叢の99%以上が単一の*Acetobacter*共生菌(*Acetobacter persici*)であった。感染実験では、無菌化した選抜系統において体重減少と青色光毒性に対する感受性向上がみられた。また、無菌化個体に選抜系統由来の腸内容物を経口投与し、腸内細菌を再感染させると、体重増加と適応性の回復がみられた。系統/有菌無菌状態間の成虫におけるRNA-seq解析をおこなったところ、選抜系統では有菌特異的に脂質分解や輸送に関する遺伝子の発現量が低下していた。以上より、選抜系統では*Acetobacter*共生菌を介した脂質の蓄積が生じていること、*Acetobacter*共生菌-脂質代謝に関する表現型が青色光に対する適応性に寄与している可能性を見出した。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

9:15 AM - 9:30 AM

[A-36]捕食性天敵タバコカスミカメの細菌叢解析

○Yuta Owashi¹, Toma Minami², Taisei Kikuchi^{3,4}, Akemi Yoshida³, Ryohei Nakano^{2,5}, Daisuke Kageyama¹, Tetsuya Adachi-Hagimori² (1. NARO, 2. University of Miyazaki, 3. University of Miyazaki, FS, 4. The University of Tokyo, 5. Shizuoka Pref. Res. Institute)

昆虫に感染する共生細菌は、宿主の摂食や繁殖、分布等に影響を与えることが報告されている。本研究では、捕食性天敵タバコカスミカメの細菌叢を明らかにし、感染頻度と地理的要因の相関から、細菌との相互関係を考察した。16S rRNA遺伝子のアンプリコンシーケンス解析の結果、国内14地点で採集したタバコカスミカメから、9種の主要な細菌 (*Rickettsia*, 2系統の*Wolbachia*, *Spiroplasma*, *Providencia*, *Serratia*, *Pseudochrobactrum*, *Lactococcus*, *Stenotrophomonas*) が同定された。これらのうち、昆虫類に広く感染している生殖操作細菌について診断 PCR (n=360) を行ったところ、最も高頻度で感染していた細菌は*Rickettsia* (69.2%)、続いて*Wolbachia* (39.2%)、*Spiroplasma* (6.1%)であった。*Rickettsia*の感染頻度と緯度、気温には相関が見られ、*Wolbachia*, *Spiroplasma*の感染頻度は、寄主植物との相関が見られた。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

9:30 AM - 9:45 AM

[A-37]ASKA barcode libraryを用いたカメムシに共生しやすい大腸菌の探索

○Yudai Nishide¹, Yayun Wang², Ryutarō Suzuki², Hirotada Mori³, Shigeyuki Kakizawa², Takema Fukatsu²
(1. NARO, 2. AIST, 3. Guangdong Academy)

多くの昆虫は共生細菌と密接な関係を結んでおり、お互いの存在なくしては生育できないことが知られている。一方で、長い歴史の中で共生細菌がほかの細菌種に置き換わっていることも見られ、昆虫と細菌の関係は絶対的なものではないことが分かる。では、共生細菌が全く別の細菌に入れ替わるとき、新たな共生細菌はどのような細菌なのだろうか？具体的に言えば、土の中などで自由生活していた細菌がカメムシの腸内で暮らすという大きな変化に適応できる細菌はどのような特性を持つのだろうか？我々は、1遺伝子欠損株大腸菌である ASKA libraryをふ化直後のチャバネアオカメムシに共生させ、カメムシの腸内共生部位から大腸菌を取り出すことで、どのような遺伝子欠損株が共生に有利であるかを調査した。その結果、通常の大腸菌と1遺伝子欠損株を1:1の割合で混ぜても、ほぼ1遺伝子欠損株しか現れないような共生能力が著しく高い株をいくつか取得することが出来た。さらに、この株たちはチャバネアオカメムシの生存率を著しく上げることは無い、cheaterと呼べるような共生しやすいだけの株であることが分かった。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

9:45 AM - 10:00 AM

[A-38] 外来ボルバキア起因の母性効果によって引き起こされる胚発生阻害

○Daisuke Kageyama¹, Yudai Nishide¹, Kenji Watanabe¹, Hatakeyama Masatsugu¹, Francois Renoz¹ (1. NARO)

キタキチョウの細胞内共生細菌ボルバキアを、カブラハバチの幼虫に移植すると、その世代でボルバキアは増殖するが、次世代には伝わらない。ところが興味深いことに、ボルバキアが伝わらなかった次世代の胚発生が全く進まない。ボルバキアが移植された個体の生育には目立った影響が見られないことから、ボルバキアの爆発的増殖、いわゆる敗血症のような現象ではなく、生殖・発生への世代を越えた影響であると考えられる。本講演では、これと同様の現象が、カブラハバチのみならず、カイコおよびチャバネアオカメムシの幼虫にこのボルバキアを移植しても起こることを報告する。また、チャバネアオカメムシおよびカブラハバチを材料に、この現象の仕組みを紐解くための取り組みを紹介する。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

10:00 AM - 10:15 AM

[A-39]細胞質不和合を引き起こすボルバキアに対する宿主応答

Kaede Konishi¹, Takumi Takamatsu¹, Katsuhiko Ito¹, Hiroshi Arai², Maki Inoue Inoue¹ (1. TUAT, 2. NARO)

細胞内共生微生物ボルバキアは、感染している宿主メスの適応度を上げる一方、さまざまな繁殖操作を行う。そのうちのひとつ、細胞質不和合（CI）はボルバキア感染オスと非感染メス間での交配により胚期致死が起きる現象である。茶の重要害虫であるチャハマキには、機能未知のwHm-a、CIを引き起こすwHm-b、メスの適応度を上げるwHm-cの3種類のボルバキアが感染している。CIは、3重感染オスあるいはwHm-b単独オスと非感染メスとの交配により起こり、ふ化率が低下する。野外で採集した成虫のうち、メスでは適応度が最も高い3重感染が優占するのに対して、オスではwHm-bの感染率が低い。そこで本研究では、チャハマキのオスが適応度を下げるwHm-bに対する増殖抑制メカニズムをもつとの仮説をもとに、宿主応答を明らかにすることを目的とした。PCRおよびqPCRにより、母親から垂直伝播したボルバキアはwHm-bのみ4齢2日目から全身で減少すること、RNAseqおよびRT-qPCRにより抗菌ペプチドの遺伝子発現量が増加することが分かり、wHm-b特異的な免疫応答が示唆された。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

10:15 AM - 10:30 AM

[A-40]カメムシ科昆虫における後脚を用いた共生細菌の新奇な垂直伝達行動

○Minoru Moriyama¹, Takema Fukatsu¹ (1. AIST)

カメムシ下目に属する昆虫の多くは、中腸後部に形成された共生器官の中に生存に必須な相利共生細菌を保持している。共生細菌の垂直伝達をおこなう種では、産卵の際に共生細菌を封入した物質を卵の側に分泌し、孵化幼虫がそれを口から取り込むことによって子へと受け継がれることが知られる。カメムシ科昆虫の場合、卵表面を覆う粘着物質中に共生細菌が含まれると考えられていた。最近、私たちはチャバネアオカメムシのメス成虫が、卵を産下するたびに後脚ふ節で卵に触れるという奇妙な行動をおこなうことを発見した。また、産卵直前には排泄口からの分泌物を後脚ふ節に予め付着させる行動をとることも観察された。そこで、免疫染色や蛍光タンパク質組み換え発現、電子顕微鏡等の可視化技法を用い、この分泌物中に共生細菌が含まれており、上記の行動シーケンスによって共生細菌が卵側面に局所的に塗布されることを明らかにした。さらに、さまざまなカメムシ類における産卵行動の普遍性を調査したところ、この後脚をもちいた垂直伝達行動はカメムシ科昆虫においてのみ観察された。以上の結果に加え、カメムシ類でみられる多様な垂直伝達の様式や、後脚を用いた類似の産卵関連行動を紹介しながら、新奇な垂直伝達行動の進化について考察する。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

10:30 AM - 10:45 AM

[A-41] IS増幅進化実験によるラボ大腸菌から高度な共生細菌への進化

○Yayun Wang¹, Yuki Kanai², Saburo Tsuru², Ryuichi Koga¹, Chikara Furusawa², Takema Fukatsu¹ (1. AIST, 2. The Univ. of Tokyo)

多くの昆虫類の共生細菌では、自由生活性から共生関係への進化過程において、挿入配列（insertion sequence、IS）の爆発的な増加を伴うゲノム組み換えが頻繁に進行し、これによってゲノム縮小および高度な相互依存が促進されるという仮説がある。チャバネアオカメムシの中腸後部は共生器官に特殊化し、生存に必須な *Pantoea* 属の共生細菌を保有する。このようなダイナミックな共生進化の過程と機構を実証的に理解するために、チャバネアオカメムシの本来の共生細菌を、人工的に多コピー数の IS をゲノム中に蓄積した大腸菌に置換して、継代維持することで共生細菌に進化させるという IS 増幅進化実験系を開発した。IS 進化大腸菌株では、IS のコピー数が世代を経て着実に増加するのが観察された。いくつかの進化系統では、羽化率の上昇、体色改善など、宿主適応度の向上が見られた。また、IS 増幅に伴って大規模なゲノム構造の変化が同定され、世代間やコロニー間で多様なゲノム構造を示した。さらに、IS 進化大腸菌株では培養性の低下、資化能力の低下などの共生細菌的な性質がみられた。すなわち IS 増幅進化実験において、ラボ大腸菌から高度な共生細菌への進化を実験室で再現することができた可能性がある。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

10:45 AM - 11:00 AM

[A-42] 昆虫共生細菌ゲノム解析におけるシングルセル技術の有効性について

○Hisashi Anbutsu^{1,2}, Yohei Nishikawa^{1,2}, Takuya Aikawa³, Hiroshi Arai^{4,5}, Haruko Takeyama^{1,2,6} (1. AIST-Waseda CBB-D-OIL, 2. Waseda Univ. Nano Life, 3. FFPRI, Tohoku, 4. Tokyo Univ. Agr. &Tech., 5. NARO, 6. Waseda Univ. Adv. Sci. &Eng.)

最近の、ロングリードシーケンサーを始めとしたゲノム配列取得技術やアセンブルなどの情報解析技術の進歩には目覚ましいものがあり、これまで手を出すことが難しかった対象についても様々な解析が可能になってきている。産総研・早大生体システムビッグデータ解析オープンイノベーションラボラトリでは、特に微小液滴を用いたシングルセル技術によるゲノム解析を得意とし、早大で開発・改良されてきたサンプル取得技術および情報解析技術を用いて、様々な環境・生体サンプルを対象として研究を行ってきた。例えば、昆虫共生細菌においては、宿主体内での存在量が極めて少なかったり、近縁な複数系統の共生細菌が共存かつ分離困難な場合、必要量のゲノム DNA 調製やゲノム取得後のアセンブルが不可能であった。このようなケースでは、一細胞単位で細菌を微小液滴に封入後、全ゲノム増幅とゲノム解析を行うシングルセル解析が極めて有効である。今回は、当ラボにおけるシングルセル技術を用いた昆虫共生細菌のゲノム解析の事例を紹介し、その有効性と課題について議論したい。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

11:00 AM - 11:15 AM

[A-43]吸血性ケブカクモバエの内部共生細菌 *Aschnera chinzeii* のゲノム解析

○Ryuichi KOGA¹ (1. AIST)

昆虫と微生物の共生関係は自然界に遍く存在し、この関係において共生微生物は宿主昆虫にとって極めて重要な生物学的役割を果たすことが多い。特に栄養バランスの悪いエサ資源を利用する昆虫、例えばツエツエバエ、シラミ、ナンキンムシなど脊椎動物の血液を利用する吸血性昆虫はビタミン B群の不足を補うために特定の微生物共生体を保有することが知られている。これらの中でクモバエはコウモリの体表でほぼ一生を過ごす外部寄生性昆虫で、細胞内共生細菌 "*Candidatus Aschnera chinzeii*" を保有している。本発表では、ケブカクモバエ由来の *Aschnera* の完全長ゲノム配列を初めて報告する。*Aschnera* は 0.77 Mb の極小のゲノムを持ち、核酸や必須アミノ酸の合成経路遺伝子など多くの重要な機能性遺伝子を欠いている一方で、ビオチンをはじめとするビタミン B群の合成経路遺伝子は完全あるいはほぼ完全に保持しており、宿主クモバエが食する血液に不足するこれらの補酵素類を *Aschnera* が供給していることが示唆された。ゲノムから推定される主要代謝経路の存否や多座位系統解析の結果に基づいて、この *Aschnera* も含めた吸血昆虫の内部共生細菌の進化パターンを考察する。

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

11:15 AM - 11:30 AM

[A-44] マダラケシツブゾウムシ超入れ子型共生系を用いた、植物—昆虫— 共生細菌間相互作用研究

○Tsutomu TSUCHIDA¹, Ryoma Sugimoto¹, Ryo Ushima¹, Yota Sano¹, Hinako Ogi¹, Ryuichiro Ino¹, Ayaka Yokomichi¹, Kanako Bessho-Uehara², Naruo Nikoh³ (1. University of Toyama, 2. Tohoku University, 3. Open University of Japan)

The molecular mechanisms underlying insect gall formation remain unclear. A major reason for the inability to identify the responsible genes is that only few systems can be experimentally validated in the laboratory. To overcome these problems, we established a new galling insect model, *Smicronyx madaranus*. Our manipulation experiments revealed that *Smicronyx madaranus* showed that gall formation consists of two processes: initiation by adults and enlargement by larvae. In addition, we found the symbiotic bacterium *Sodalis* in all individuals. When the *Sodalis* was eliminated by antibiotic treatment, the timing of elytra tanning and gall formation were significantly delayed. The results suggest that the *Sodalis* symbiont plays crucial roles for *S. madaranus*. In this conference, we will report on the progress made in gene function analysis of the weevil and genome analysis of symbiotic bacteria to elucidate the mechanism of interaction in this "hypernested symbiotic system" consisting of plants, parasitic plants, insects and symbiotic bacteria.

Oral presentation

[A] Symbiotic microorganisms

Sun. Mar 31, 2024 9:00 AM - 11:45 AM Site A (Tachibana)

11:30 AM - 11:45 AM

[A-45] パートナーの置換と進化：クリオオアブラムシ-*Buchnera*-*Serratia* の複合共生系

○Tomonari Nozaki^{1,2}, Yuuki Kobayashi¹, Shuji Shigenobu^{1,2} (1. NIBB, 2. SOKENDAI)

多くの昆虫が微生物との共生関係を結んでいる一方で、これらの関係は動的であることも示唆されている。いくつかの系統で、長い時間をかけて共進化・代謝レベルで統合化した共生者でさえも新規の共生微生物へと置換された例が知られている。ただし、共生関係が変化する瞬間を捉えることは難しく、事例の蓄積は共生関係の進化史を理解するうえで依然重要である。本研究では、アブラムシ特有の細菌*Buchnera*に加え、*Serratia*を体内に保有するクリオオアブラムシ*Lachnus tropicalis*の共生系を記載する。まず、この*Serratia* (SLt) が、*Buchnera* (BLt) と同様にアブラムシ共生宿主細胞内に局在することと、垂直伝達することを示した。次に共生細菌のゲノム解析から、BLt (0.43Mb) と SLt (2.88Mb) のゲノムが協調的に昆虫に必須なアミノ酸および補酵素を合成できることを見出した。*Lachnus*属における祖先状態を考慮すると、本属の種分化過程で*Serratia* clade Bから clade Aへの置換が生じた可能性が高い。