

2023 年度年次報告書
環境とバイオテクノロジー
2022 年度採択研究代表者

別所-上原 奏子

東北大学 大学院生命科学研究科
助教

植物形態を改変させる甲虫由来因子の同定

研究成果の概要

虫こぶとは、植物の持つ発生プログラムが昆虫によって書き換えられることにより作り出される異形な器官である。昆虫綱では 30 目のうち 6 目に虫こぶ形成を行う種が含まれ、昆虫の特定の目で虫こぶ形成能が独立に獲得されたことが示唆される。また寄生昆虫が異なれば同一植物上でも異なった形態の虫こぶが形成されることから、昆虫側に虫こぶ形成の要因があると考えられる。本研究では、虫こぶ形成昆虫の中でも甲虫を研究材料とし、発現解析、進化解析によって昆虫由来の虫こぶ誘導因子の同定を目指す。

2023 年度は、前年度のトランスクリプトーム解析により得られた遺伝子モデルを利用し、虫こぶ形成昆虫 3 種(甲虫目だけでなく膜翅目、双翅目昆虫を含む)とその近縁種、また各昆虫の宿主植物と近縁種の遺伝子配列を利用し、植物から昆虫への遺伝子水平伝播(HGT)により獲得された遺伝子があるか精査した。その結果、5 つの候補 HGT 遺伝子が得られ、そのうち一つは植物の細胞壁分解酵素であることがわかった。この遺伝子は虫こぶ形成種でない甲虫において、真菌からの HGT により獲得されたことが先行研究により示されている(Kirsch et al. 2014)ことから、虫こぶ形成には重要でないと考えられる。しかし、この結果は HGT 解析自体はうまくいっていることを示唆するため、他 4 つの候補遺伝子に焦点を当て解析を進める。具体的には共同研究者により対象甲虫での RNAi が確立されたことから、次年度は候補 HGT 遺伝子をノックダウンしその効果を確かめる。また、研究の過程で、正確な進化解析を行うには対象甲虫のゲノム情報が必要不可欠であることが明らかになった。しかし、ACT-X 予算では賄うことが難しいため新たにグラントを獲得し、ゲノム解読およびアセンブルを行った。2024 年度中にアノテーション作業を終え、PAML および CAFE を用いた進化解析により、虫こぶ形成甲虫 3 種において共通して正の自然選択を受けた領域の探索を進める。