



学術変革領域研究 (A)

共進化表現型創発: 延長された表現型の分子機構解明

Co-evolutionary Emergence of Extended Phenotypes

CEEP Newsletter

Vol. 1 No. 5 (2024)



第47回日本分子生物学会年会シンポジウム
「異種生物同士の相互作用がもたらす『延長され
た表現型』研究の最前線」 開催報告

目次

シンポジウム「異種生物同士の相互作用がもたらす『延長された表現型』研究の最前線」について	丹羽 隆介	1
シンポジウム概要		2
バキュロウイルスによる宿主行動操作の分子機構	勝間 進	4
寄生虫ハリガネムシ類による宿主行動操作の分子機構とその進化	佐藤 拓哉	5
昆虫が誘導する植物の「延長された表現型」 -虫こぶに棲む社会性アブラムシの昆虫-植物間相互作用-	沓掛 磨也子	6
植物虫瘤の創り方	平野 朋子	7
オス殺し細菌と宿主との性を巡る進化的攻防	陰山 大輔	8
昆虫共生体によるオス殺しの分子機構:その共通性と多様性	春本 敏之	9
ショウジョウバエ成虫原基の縮退を誘導する寄生蜂 <i>Asobara japonica</i> の毒タンパク質の同定と寄生成功への貢献	丹羽 隆介	10

シンポジウム「異種生物同士の相互作用がもたらす『延長された表現型』研究の最前線」について

丹羽 隆介(筑波大学)

日本分子生物学会は、遺伝子や RNA、タンパク質などの生体分子の機能の研究を中心に据えつつ、広範な生命科学分野を包括している日本を代表する生命科学の学会である。そして、年1回開催される日本分子生物学会年会は、例年 7,000 名近くの多様な生命科学研究者の集まるプラットフォームであり、日本最大級の学術集会として認識されている。今回、2024 年 11 月 27 日(水)～11 月 29 日(金)に福岡国際会議場で開催された第 47 回日本分子生物学会年会にて、勝間および丹羽を世話人として、シンポジウム「異種生物同士の相互作用がもたらす『延長された表現型』研究の最前線」を開催した。今回は勝間、佐藤、沓掛、平野、陰山、春本、そして丹羽が登壇し、本学術変革領域での研究展開の最新成果を報告した。それぞれの演者の発表内容の要旨は、本ニュースレターに掲載の通りである。

本シンポジウム開催にあたっての裏事情を記載しておく。日本分子生物学会年会では、参加者は「一般演題」としてポスター発表を申し込むことができる。そして、演題登録の際に参加者は、数多く設定されているシンポジウムのいずれかに自分の演題がフィットすると考えた場合、シンポジウムを指定し、その中での口頭発表に応募することができる。シンポジウム世話人は、シンポジウムへの一般演題からの応募を集計した上で、そのうちの数演題を選んでシンポジウムの中での口頭発表をお願いする。当然、今回の我々のオーガナイズしたシンポジウムにも同じ仕組みが適用され、勝間と丹羽はどのような一般演題からの希望が出てくるとワクワクしていたのだが…何と、私たちのシンポジウムでの発表を希望した一般演題は「ゼロ」であった。これには我々は正直大いに落胆したし、もしかして日本分子生物学会の参加者の大半は「共進化表現型創発」の目指すサイエンスに関心がないのだろうか…と不安にも感じた。

しかしながら、この心配は杞憂に終わった。当日の会場は常にほぼ満席で、すべての演題に関して一般聴衆からの質問が途切れることはなかった。結果として、日本の生命科学の最大コミュニティの中においても、異種間生物のエフェクターを介した相互作用に関心を持つ方が多くいらっしゃることを知ることができ、我々として大変に勇気づけられるシンポジウムとすることができた。

【シンポジウム概要】

第 47 回日本分子生物学会年会

公募シンポジウム:[1AS-04] 異種生物同士の相互作用がもたらす「延長された表現型」研究の最前線
2024 年 11 月 27 日(水) 9:00 ~ 11:15 第 4 会場(福岡国際会議場 4F 404+405+406)

[1AS-04] 【J】異種生物同士の相互作用がもたらす「延長された表現型」研究の最前線

オーガナイザー: 丹羽 隆介(筑波大学)、勝間 進(東京大学)

自然界では、ある生物の遺伝情報が、他種の生物の表現型として発現していると解釈される現象が、特に寄生や内部共生といった近接的な生物間相互作用において普遍的にみられる。このような現象は、Dawkins (1982) によって提唱された「延長された表現型」の典型例である。ところが、その具体的なメカニズムについてはほとんど理解が進んでいない。本シンポジウムは、近年の技術革新を援用して難航不落であった非モデル生物による「延長された表現型」の分子機構研究の最前線を紹介することを目的とする。

9:00 - 9:04

Introduction

9:04 - 9:22

[1AS-04-01]

バキュロウイルスによる宿主行動操作の分子機構

○勝間 進 1、國生 龍平 1、疋田 弘之 2 (1. 東大・院農・生産環境生物学、2. 京大・化研・バイオインフォマティクスセンター)

9:22 - 9:40

[1AS-04-02]

寄生虫ハリガネムシ類による宿主行動操作の分子機構とその進化

○佐藤 拓哉 1、西野 貴騎 1、森山 実 6、三品 達平 2、邱 名鍾 3、岩谷 靖 4、深津 武馬 6、岡田 龍一 5、佐倉緑 5 (1. 京大・生態研セ、2. 九大・院農、3. 国立台湾大・昆虫、4. 近大・工、5. 神戸大・院理、6. 産総研・生物)

9:40 - 9:58

[1AS-04-03]

昆虫が誘導する植物の「延長された表現型」 - 虫こぶに棲む社会性アブラムシの昆虫-植物間相互作用 -

○杳掛 磨也子 1、植松 圭吾 2、森山 実 3、深津 武馬 3 (1. 産総研・細胞分子、2. 慶應大・法・生物、3. 産総研・生物プロセス)

9:58 - 10:16

[1AS-04-04]

植物虫瘤の創り方

○平野 朋子 1、佐藤 雅彦 1 (1. 京都府立大学)

10:16 - 10:34

[1AS-04-05]

オス殺し細菌と宿主との性を巡る進化的攻防

林 正幸 1、長峯 啓佑 1、新井 大 2、ホーネット エミリー 2、ハースト グレグ 2、○陰山 大輔 1 (1. 農研機構、2. リバプール大)

10:34 - 10:52

[1AS-04-06]

昆虫共生体によるオス殺しの分子機構:その共通性と多様性

○春本 敏之 1、和多田 正義 2、陰山 大輔 3 (1. 京大・白眉・生命、2. 東京都立大・生命、3. 農研機構・生物機能)

10:52 - 11:10

[1AS-04-07(1P-648)]

ショウジョウバエ成虫原基の縮退を誘導する寄生蜂 *Asobara japonica* の毒タンパク質の同定と寄生成功への貢献

上山 拓己 1、島田 裕子 1、森 一葉 2、谷 直紀 3、竹股 ひとみ 2、藤井 美月 2、高巢 晃 4、片山 南美 2、桑原嵩佳 2、清家 和樹 2、松田-今井 典子 5、千田 俊哉 4、勝間 進 5、中村 輝 3、○丹羽 隆介 1 (1. 筑波大学・TARA、2. 筑波大学・生物、3. 熊本大学・発生医学研、4. 高エネ研、5. 東大・農)

11:10 - 11:15

総合討論

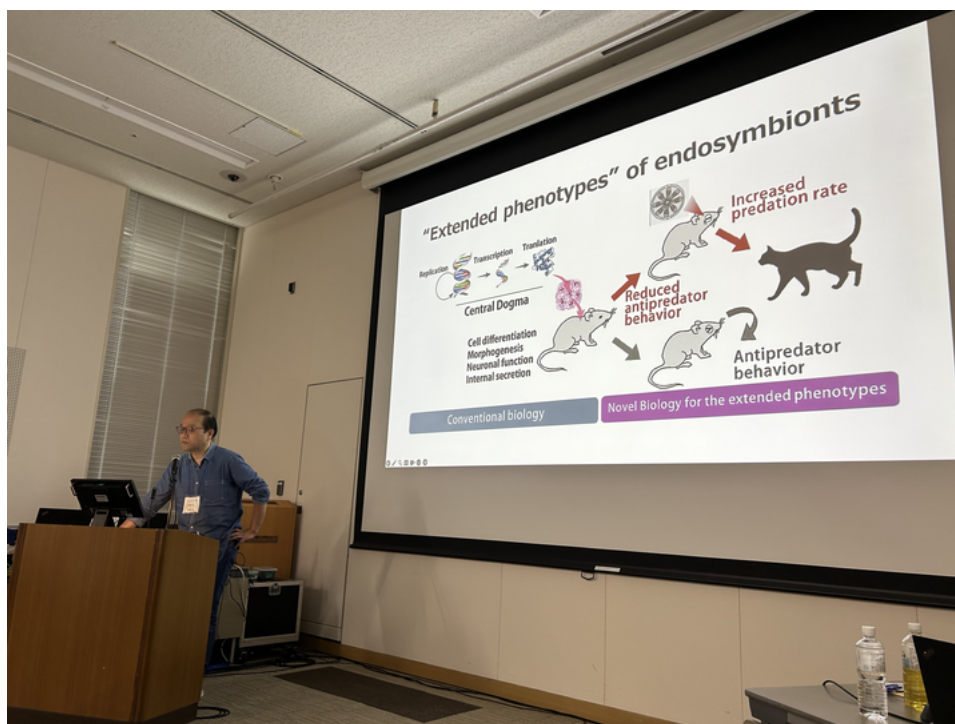


満員の会場の様子

[1AS-04-01]バキュロウイルスによる宿主行動操作の分子機構

○勝間 進 1、國生 龍平 1、疋田 弘之 2 (1. 東大・院農・生産環境生物学、2. 京大・化研・バイオインフォマティクスセンター)

昆虫ウイルスの一種であるバキュロウイルスは大型の二本鎖 DNA ウィルスであり、感染後期にウィルス粒子を含む多角体を感染細胞核内に大量に形成する。ウィルスゲノム上には 100 個以上のタンパク質コード遺伝子があり、自身の増殖、複製に必要な遺伝子のほかに多くの補助遺伝子を持つ。例えば、エクジソン UDP グルコース転移酵素遺伝子(egt)は、脱皮ホルモンであるエクジソンを不活化することによって昆虫の脱皮を阻害する。また、バキュロウイルス感染による宿主昆虫の死後溶解も、ウィルスが持つカテプシンやキチナーゼによって積極的に引き起こされている。昆虫ウイルス学の分野では、「Wipfelkrankheit」と呼ばれる病気が 100 年以上前から知られている。これは、バキュロウイルスに罹患したチョウ目昆虫の幼虫が木の枝の先でぶら下がって致死する病気である。バキュロウイルスは、その感染末期に宿主の行動を活発にし、寄主植物の上方に移動させ、その場で致死させる。その結果、鳥などへの捕食や風雨による死体からのウィルスの飛散が促進され、次代が広範囲に伝播する。つまり、この病気はバキュロウイルスによる利己的な行動制御の末路であり、古くから「延長された表現型」の典型例として研究されてきた。私たちは、カイコとその病原バキュロウイルスである BmNPV を用いて、行動制御に関与するウィルス遺伝子を探索し、ptp, Bm8, arif-1 などが行動制御に関わることを明らかにした。さらに他グループのマイマイガを用いた研究から、egt が Wipfelkrankheit に関わる遺伝子として同定されている。しかし、現時点では、異なるバキュロウイルス-宿主間に共通したウィルス側の行動制御遺伝子は発見できていない。一方、私たちの研究によって、ウィルス感染時の行動実行に関わる宿主側の因子についても、知見が得られつつある。本発表では、遺伝子から見たバキュロウイルスの行動制御と宿主昆虫における行動実行の研究について、その現状を報告する。



[1AS-04-02]寄生虫ハリガネムシ類による宿主行動操作の分子機構とその進化

○佐藤 拓哉¹、西野 貴騎¹、森山 実⁶、三品 達平²、邱 名鍾³、岩谷 靖⁴、深津 武馬⁶、岡田 龍一⁵、佐倉 緑⁵ (1. 京大・生態研セ、2. 九大・院農、3. 国立台湾大・昆虫、4. 近大・工、5. 神戸大・院理、6. 産総研・生物)

異種生物間にみられる「延長された表現型」の顕著な例として、寄生生物の中には、自らの利益(感染率向上)のために、宿主個体の行動を操作する種が多く存在する。例えば、寄生虫ハリガネムシ類は、水域で繁殖をするために、陸域の終宿主(カマキリやカマドウマ類)の入水行動を生起する。この奇妙な入水行動は、100年以上も前から世界各地で報告されているが、その分子機構は未だ謎に包まれている。演者らは近年、ハリガネムシに行動操作をされているカマキリ宿主において、活動量の上昇がみられること、水面からの反射光に多く含まれる水平偏光への正の走性強化がみられること、およびそれらが正午付近に顕著になることを明らかにした。さらに、ハリガネムシの一種 *Chordodes fukuui* では、宿主のチョウセンカマキリ *Tenodera angustipennis* からの大規模な遺伝子水平伝播を受けており、それらの遺伝子を行動操作に際して顕著に発現上昇させていることが明らかになってきている。本発表では、「活動量」・「偏光走性」・「日周性」に注目することで、陸生昆虫の入水行動の生起という劇的な行動動作が達成される分子機構について、これまでに明らかになってきたことを報告する。



[1AS-04-03]昆虫が誘導する植物の「延長された表現型」 -虫こぶに棲む社会性アブラムシの昆虫-植物間相互作用-

○沓掛 磨也子¹、植松 圭吾²、森山 実³、深津 武馬³ (1. 産総研・細胞分子、2. 慶應大・法・生物、3. 産総研・生物プロセス)

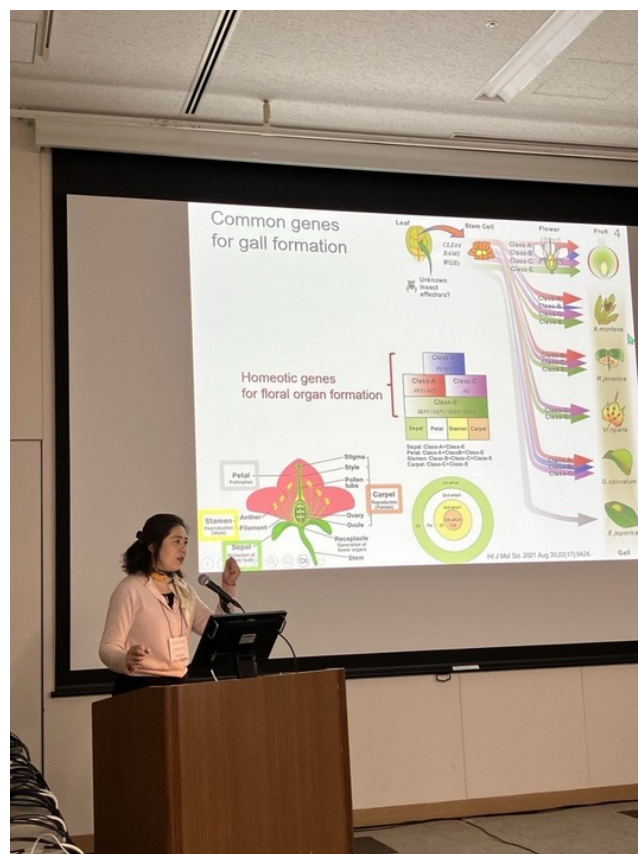
虫こぶとは、昆虫の寄生により植物組織が肥大化または奇形化した特殊な構造物であり、昆虫が自分の都合の良いように植物の形や生理状態を操作して、自身のための安全な住処と良質な栄養源に改変したものである。虫こぶをつくる昆虫は様々だが、植物の害虫として知られるアブラムシの一部にも、虫こぶのなかで集団生活を営む種が存在する。興味深いことに、このような虫こぶをつくるアブラムシには、ハチやアリのように社会を形成する種が多数存在し、兵隊階級とよばれる一部の利他個体が、コロニー防衛を行うほか、虫こぶを維持するための清掃や修復といった様々な労働を行うことが知られている。私はこれまで、このような虫こぶで生活する社会性アブラムシを対象に、兵隊の社会行動に関わる分子基盤や、虫こぶに関わる昆虫-植物間相互作用に関する研究をおこなってきた。本講演では、これらの研究から明らかになったアブラムシによる植物の「延長された表現型」の具体例として、「兵隊幼虫による虫こぶ修復」と「閉鎖型虫こぶにおける吸水機能」について紹介する。また、これらの生物現象はいずれもアブラムシの虫こぶ形成能を利用したものであることから、昆虫による植物形態操作の分子メカニズムを昆虫・植物の両面から解明することを目指し、最近、我々はエゴノネコシアブラムシの虫こぶに着目した研究を開始した。この系では、形成途中のアブラムシが死亡した失敗虫こぶから、異常な形態をした花が咲くという、「遅れ花」とよばれる特異な現象が知られている。この現象は、虫こぶ形成過程において、花形成や花器官決定に関連する遺伝子が関与することを示すものあり、他の昆虫にはない独自の切り口から虫こぶ形成メカニズムに迫ることができると考えている。これまでに得られている結果と、今後の展開についてもお話ししたい。



[1AS-04-04]植物虫瘤の創り方

○平野 朋子¹、佐藤 雅彦¹ (1. 京都府立大学)

虫こぶ形成昆虫は、有限な植物の捕食にとどまらず、植物を操り、一度分化した植物の「葉」などの器官を「果実」に似た「虫こぶ器官」に改造させて、持続的栄養供給と安全なシェルターを獲得している。この「虫こぶ」は、単純な細胞の塊ではなく、「中央の居住空洞」を取り囲む「内層の栄養豊富な組織」とその間に張り巡らされた「維管束」、リグニン化した「外層の硬質組織」という4つの特徴的な構造で構成されている。多様な虫こぶ形成昆虫と宿主植物のペアにより生み出される数千種ともいわれる「虫こぶ」は、紀元前から知られ、研究対象として魅了されてきたものの、モデル生物が存在しないことから、虫こぶ形成の分子メカニズムはほとんど未解明であった。私たちは、宿主植物ヌルデとその寄生昆虫ヌルデシロアブラムシ、一年生草本の宿主植物ムシクサを材料に、以下のように、細胞分子生物学的アプローチを進めた。まず、ヌルデの葉、花、果実、虫こぶの各器官と、複数種類の「虫こぶ」の網羅的遺伝子発現解 RNA-seq により、虫こぶ器官は、花器官や果実の形成遺伝子の部分的な発現で形成されることを明らかにした。さらに、虫こぶ形成昆虫の破碎液が、モデル植物シロイヌナズナに虫こぶ様構造の形成を引き起こすことを発見し、虫こぶ形成メカニズムを解析する新規バイオアッセイ、Ab-GALFA (Arabidopsis-based GALI Formation Assay) 法を開発した。そして、RNAseq 解析を駆使した *in silico* スクリーニングから、虫こぶ形成因子として、バクテリア、酵母から、動物、植物まで広く保存された機能未知のタンパク質 CAP の部分配列、CAP ペプチドを同定した。続いて、ムシクサの芽生えを、CAP ペプチドを含む培地で培養することで、創造した人工的虫こぶ様構造が、上記、4つの形態的な特徴と60%以上の遺伝子発現相同性をもつことから、虫こぶ形成の必須要素を突き止めた。本講演では、これまでの試みの進捗を紹介し、生物の改変・操作能の本質について議論したい。



[1AS-04-05]オス殺し細菌と宿主との性を巡る進化的攻防

林 正幸¹、長峯 啓佑¹、新井 大²、ホーネット エミリー²、ハースト グレグ²、○陰山 大輔¹ (1. 農研機構、2. リバプール大)

昆虫の細胞内には、多様な共生微生物が存在しているが、その中でも、宿主の生殖システムを劇的な方法で操作しているものが多数見つかっており、注目を集めている。これらの微生物は、母から子に伝播するため、宿主の性比をメスに偏らせることが進化的に有利な戦略の1つであるが、そのなかでも胚期にオスのみを殺す「オス殺し」は、多様な細菌やウイルスによって引き起こされている。一方、宿主にとってみれば、性比1:1であることが好ましいので、共生微生物と宿主の間でせめぎ合いが生じる。カオマダラクサカゲロウでは、オス殺しを起こす共生細菌スピロプラズマが蔓延することにより、集団性比が著しくメスに偏っていたが、その後5年で宿主側の抵抗性が発達し、集団性比はほぼ1:1になった。抵抗性発達の前後で集団ゲノム解析を行うことにより、宿主ゲノム中での抵抗性遺伝子の位置を絞り込むことに成功した。また、宿主側の抵抗性を解除できるオス殺しスピロプラズマ系統が存在することを見出した。これは、オス殺し細菌と宿主との間で繰り広げられる性を巡る進化的軍拡競争の一局面を示唆している。このようなプロセスが昆虫の進化に与える影響やその意義について議論する。

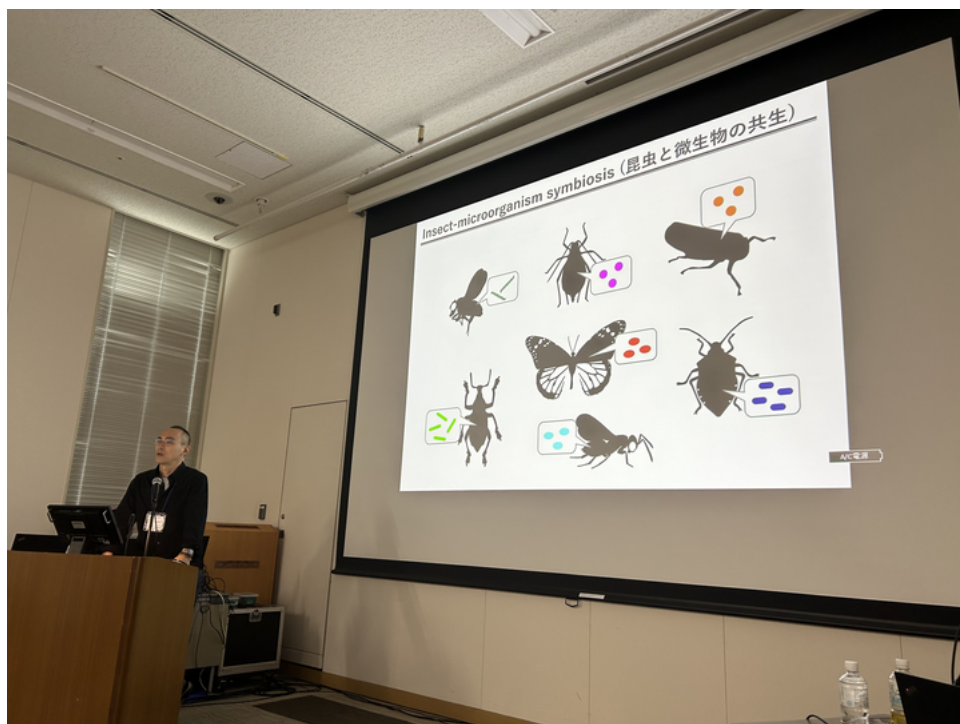


[1AS-04-06]昆虫共生体によるオス殺しの分子機構:その共通性と多様性

○春本 敏之¹、和多田 正義²、陰山 大輔³ (1. 京大・白眉・生命、2. 東京都立大・生命、3. 農研機構・生物機能)

地球上に生息する昆虫の約半数には、何らかの微生物が共生しているといわれている。これら共生微生物は、宿主昆虫に必須の栄養素を供給したり、天敵に対する抵抗性・耐性を付与したりすることで、昆虫の生存と繁栄を支えてきた。一方、共生微生物のなかには、宿主昆虫の生殖を操作することで自身の感染を拡大しようとする利己的なものも存在する。そういった共生微生物による生殖操作の一つに「オス殺し」がある。オス殺しは、共生微生物に感染した宿主メスが生む次世代のうち、オスだけが選択的に殺されてしまう現象で、最初の論文報告は 1950 年代にまでさかのぼる。

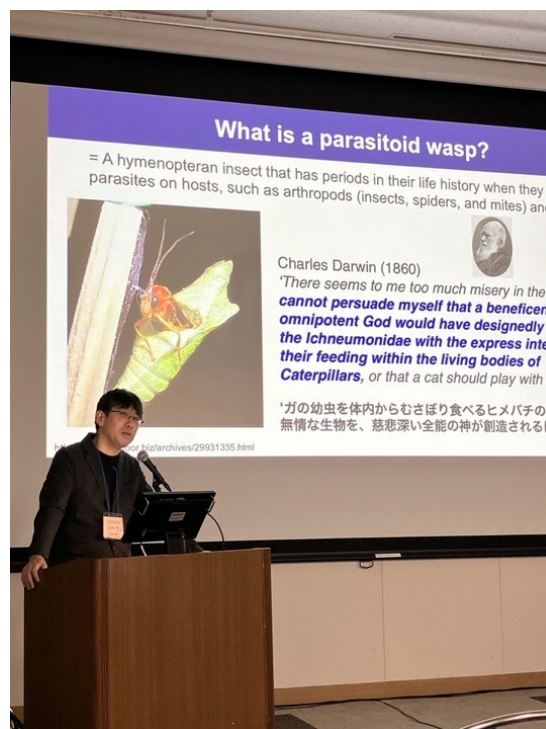
本講演ではまず、キイロショウジョウバエの共生細菌スピロプラズマによるオス殺しの分子機構について、特にスピロプラズマが産生するオス殺しタンパク質 **Spaid** の作用機序に焦点をあてて概説する。次に、最近になってヤマカオジロショウジョウバエより発見されたオス殺しウイルスに話題を移し、ウイルス由来のオス殺しタンパク質の作用機構について、最近の実験データを交えながら解説する。最後に、両者の作用機序の比較を通して、この一見奇妙に見える相互作用の背景にある、分子機構の共通性と多様性について議論したい。



[1AS-04-07(1P-648)]ショウジョウバエ成虫原基の縮退を誘導する寄生蜂 *Asobara japonica* の毒タンパク質の同定と寄生成功への貢献

上山 拓己¹、島田 裕子¹、森 一葉²、谷 直紀³、竹股 ひとみ²、藤井 美月²、高巢 晃⁴、片山 南美²、桑原 嵩佳²、清家 和樹²、松田-今井 典子⁵、千田 俊哉⁴、勝間 進⁵、中村 輝³、○丹羽 隆介¹ (1. 筑波大学・TARA、2. 筑波大学・生物、3. 熊本大学・発生医学研、4. 高エネ研、5. 東大・農)

寄生蜂は、その生活環の中で、他の生物種(宿主)に寄生するハチ目昆虫である。寄生蜂は、宿主に様々な毒を注入することで、免疫防御機構を逃れ、宿主の発生を操作し、そして宿主から資源を搾取して自身を成長させる。すなわち寄生蜂は、宿主という別の生物の表現型に大きな影響を与えており、「延長された表現型」を実現する生物として注目に値する。寄生蜂による宿主操作のメカニズムを理解するためには、寄生蜂が産生する毒とその作用機序の解明が必須である。しかしながら、生活環の特殊性や試料サイズの小ささにより、寄生蜂の毒の分子実体や、毒が宿主細胞に及ぼす影響を分子レベルで追究する研究は未だに大きく立ち後れている。この問題に取り組むために我々は、遺伝学に優れたキイロショウジョウバエ *Drosophila melanogaster* を宿主とする寄生蜂ニホンアソバラコマユバチ *Asobara japonica* に着目した。ニホンアソバラコマユバチは、多くのショウジョウバエ属の幼虫に産卵し、宿主蛹から羽化する。我々は、ニホンアソバラコマユバチが産卵時に注入する毒の作用によって、キイロショウジョウバエ幼虫体内に存在する予定成虫組織である成虫原基(imaginal disc)の成長を著しく抑制される現象を見出し、imaginal disc degradation (IDD) と命名した。IDD の結果、宿主は変態できずに致死となる。さらに我々は、寄生蜂の全ゲノム配列解読と遺伝子アノテーション、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析、および RNAi スクリーニングを通じて、この現象を引き起こすのに必須の毒タンパク質 IDD factor (IDDF)-1 および IDDF-2 の同定に成功した。IDDF のノックダウン個体を用いた感染実験では、宿主幼虫の成虫原基の縮退が抑制された。本研究により、ニホンアソバラコマユバチの毒は、宿主の成虫原基を標的にすることで、高い寄生成功率の実現に寄与することが示唆された。



CEEP Newsletter Vol. 1 No. 5

発 行:2024 年 12 月 2 日

発行者:学術変革領域(A)「共進化表現型創発:延長された表現型の分子機構解明」

(領域代表者 勝間 進)

編 集:CEEP Newsletter 編集委員会(編集責任者 深津 武馬)

領域 URL: <https://www.extended-phenotype.org/>