

琉球大学学術リポジトリ

タイワンシロアリの腸内共生微生物群集の多様性解析

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学21世紀COEプログラム 公開日: 2008-03-07 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 新里, 尚也, Shinzato, Naoya メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/4911

PG-2 タイワンシロアリの腸内共生微生物群集の多様性解析
(Phylogenetic analysis of the gut bacterial microflora of the fungus-growing
termite *Odontotermes formosanus*)

新里尚也 (Naoya Shinzato)

琉球大学遺伝子実験センター 環境生命情報分野

シロアリは枯死植物（木材）を主な食物とする事で熱帯、亜熱帯地域で繁栄している生物であるが、シロアリが食材で生きていく為には、腸内微生物相の働きが必要不可欠である。シロアリの腸内微生物相は基本的に糞食を介した垂直感染により次世代に受け継がれると考えられているが、外部環境である腸内には常に外来微生物が流入しており、シロアリとの間でどのように共生関係が維持されているかは不明確な部分が多い。これまで一部のシロアリにおいて網羅的な腸内微生物相の解析が行われてきたが、宿主であるシロアリとの関係、とりわけ食性との関係や共進化に関する考察を行う上では、より多様なシロアリ種の腸内微生物相に関する知見を収集する事が望まれている。こうした背景において、本研究では、独特な食性を持つシロアリとして、キノコシロアリの腸内微生物相、特に細菌 (*Bacteria*) 相の構成について 16S rRNA 遺伝子に基づいた網羅的解析を行った。キノコシロアリは地下の巣内でシロアリタケ (*Termitomyces*) と呼ばれる担子菌を栽培し、食物のひとつとする独特な生態を持つシロアリである。キノコシロアリに属するシロアリは、日本では沖縄本島以南にタイワンシロアリ (*Odontotermes formosanus*) が生息している。本研究では、本種の消化管より 16S rRNA 遺伝子を特異的に PCR 増幅し、大腸菌へクローニング後に 280 クローンをランダムに選択して RFLP (Restriction fragment length polymorphisms) 解析によるタイピングと全長シーケンス (>1400 bp) を行った。その結果、相同性 97%以上の criterion で 56 の phylotype を確認した。相同性検索による同定を行った結果、*Firumicutes*、*Bacteroidetes/Chlorobi group*、*Proteobacteria*、*Actinobacteria* の 4つの系統群に属する事が示された。クローンの構成比はそれぞれ、54.3%、30.7%、13.9%、1.1%であった。興味深い事にシロアリの主要な腸内微生物群であると考えられている *Spirochaetes* に属するクローンは全く検出されなかった。これまでにシロアリ腸内から見出されている細菌の 16S rRNA 遺伝子を含めて近隣結合法による詳細な系統解析を行った結果、56 phylotype のうち 25 phylotype がシロアリ由来のクローンと非常に近縁である事が示された。さらに、そのうちの 15 phylotype がタイワンシロアリを含む、他のキノコシロアリから得られたクローンとより近縁である事が示された。これらの結果はシロアリとその腸内微生物相の共進化的な関係を示唆しているが、それが世代間の垂直感染の結果であるのか、あるいは外部環境の特定の系統群が水平感染した結果であるのかは、本研究の結果のみからは判断できない。しかしながら、少なくともこれらの結果は、シロアリ腸内環境に特異的に生息する細菌群が存在する事を示しているとともに、シロアリがそれぞれの系統群に適した腸内微生物相を共生させている事を伺わせるものであった。