

## シロアリ腸内微生物の進化の起源が明らかに



沖縄科学技術大学院大学（OIST、学長ピーター・グルース）の研究チームは、オーストラリアのシドニー大学などと共同で、シロアリの腸内細菌が、親からの継承とコロニーからの伝播の両方に由来していることを明らかにしました。研究成果は、*Current Biology* 誌 2月19日号に掲載されます。

枯れ木、落ち葉、土埃といったものは、私たちにとっては、庭のゴミのように見えるかもしれませんが、しかし、シロアリにとっては栄養価の高い食事です。

シロアリは、木材を常食として生きていくことができる、非常に稀な生物のひとつです。この特殊能力により、熱帯の陸上動物のうちで最も多く生息している種のひとつになり得たのですから、シロアリは自分たちの腸内細菌に感謝しなければなりません。

多くの動物は、消化プロセスにおいて腸内微生物群に頼っています。例えば、ヒトの消化管には、約 39 兆個の細菌が存在しています。しかしシロアリの腸内は、動物の中でも最も複雑な微生物叢を持っています。すなわち、多様な細菌、原生生物、菌類からなる混合体を腸内に保持し、木材中のリグノセルロースなどの通常動物が消化できないものを分解し、それらから必須栄養素を抽出しているのです。

シロアリの腸内細菌叢については、一世紀以上もの間研究されてきましたが、それがどのように進化してきたかという重要な疑問については、研究者間でも意見が分かれていました。

シロアリの腸内細菌叢は、親から子へと「垂直伝播」と呼ばれる過程で継承されるとされてきました。しかし一方で、進化の過程において、固有の食性を持つ系統でそれぞれ独立に環境中から獲得されたとする「水平伝播」と呼ばれる様式を支持する研究者もいます。

OIST の進化ゲノミクスユニットは、シドニー大学との共同研究で、シロアリ腸内微生物についてこれまでにない規模での DNA 調査研究を行っており、この度、上記の仮説の双方を統合する答えを見つけました。

「私たちは、シロアリは主に親と、他のシロアリのコロニーの両方から、腸内細菌を得ることを発見しました。すなわちこれは、150 万年に及ぶシロアリの進化過程において、垂直伝播及び水平



伝播の両方が重要であったということの意味するのです。」と、進化ゲノミクスユニットを率いるトマ・ブーギニオン准教授は説明します。

過去のシロアリ研究は、限られた範囲の場所や食性から採取された 20 種以下のサンプルに基づいたものでした。ところが、今回の研究でトマ・ブーギニオン准教授らは、アジア、オセアニア、南米、アフリカの 4 つの異なる大陸にまたがって採取された 94 種もの異なるシロアリの腸内から 211 種類に及ぶ細菌の系統を分析しました。

シロアリ腸内細菌から DNA を抽出し、細菌種を識別するためによく使用される 16S rRNA と呼ばれる遺伝子の特定領域を解析しました。この遺伝情報を使うと、細菌種間の系統関係を再構築することができ、それらの進化の歴史を推定することができます。

結果として、シロアリ腸内微生物叢が、コロニー間の水平伝播及び、親コロニーから子コロニーへの垂直伝播を組み合わせた「混合様式」によって形成されていることが示されたのです。

細菌がシロアリの世代間で垂直に伝播すると、シロアリの宿主と共に進化することとなり、食餌、生息地、および病気の特徴に非常に特異的なものとなります。「私たちが見つけた細菌の多くはシロアリの体内にしか存在せず、中にはシロアリ腸内の特定の部位にしか含まれないものもありました。」とブーギニオン准教授は説明します。

垂直伝播は人間の腸内微生物叢においても重要です。2016 年には、私たち人類の腸内微生物の一部は、大型類人猿のものと同じであることが明らかになりました。

しかし、シロアリの生活様式を見てみると、腸内細菌の水平伝播を受けやすい特徴を持っていることがわかります。争いの最中に強いシロアリが弱いシロアリを食べてしまうことがよくあるため、シロアリ間を細菌が伝播し得るのです。シロアリはまた、糞便を摂取することによって土壌又はその他の食料源を介し、他種のシロアリ、あるいは全く異なる他の動物由来の腸内細菌を摂取している可能性もあります。

進化の過程で宿主を切り替える細菌があるという発見により、シロアリ腸内細菌のいくつかの種は、これまで考えられていたよりもはるかに広い範囲の生物種に伝播されていた可能性があります。

OIST 進化ゲノミクスユニットは現在、木材の分解に関する特定の酵素群について知見を深めるため、シロアリ腸内細菌の遺伝学についてさらなる研究を行っています。

「この興味深い生き物については、まだまだ学ぶことがたくさんあるのですよ。」とブーギニオン准教授は目を輝かせます。

#### 発表論文詳細

発表先および発表日： *Current Biology* 2月19日号（オンライン版は2月9日）

論文タイトル： Rampant host-switching shaped the termite gut microbiome

DOI： <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.01.035>

著者： Thomas Bourguignon,<sup>1,2,3,9,\*</sup> Nathan Lo,<sup>1,9,10,\*</sup> Carsten Dietrich,<sup>4,5</sup> Jan Šobotník,<sup>2</sup> Sarah Sidek,<sup>6</sup> Yves Roisin,<sup>7</sup> Andreas Brune,<sup>4</sup> Theodore A. Evans<sup>6,8</sup>

<sup>1</sup> School of Life and Environmental Sciences, University of Sydney, Sydney, NSW 2006, Australia

<sup>2</sup> Faculty of Forestry and Wood Sciences, Czech University of Life Sciences, Prague, Czech Republic



OIST

OKINAWA INSTITUTE OF SCIENCE AND TECHNOLOGY GRADUATE UNIVERSITY  
沖縄科学技術大学院大学

<sup>3</sup> Okinawa Institute of Science & Technology Graduate University, 1919–1 Tancha, Onna-son, Okinawa, 904–0495, Japan

<sup>4</sup> Department of Biogeochemistry, Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology, Marburg, Germany

<sup>5</sup> Strategy and Innovation Technology Center, Siemens Healthcare GmbH, Erlangen, Germany

<sup>6</sup> Department of Biological Sciences, National University of Singapore, 117543 Singapore, Singapore

<sup>7</sup> Evolutionary Biology and Ecology, Université Libre de Bruxelles, Belgium

<sup>8</sup> School of Animal Biology, University of Western Australia, Perth WA 6009, Australia.

<sup>9</sup> These authors contributed equally

<sup>10</sup> Lead Contact