

C-71

シロアリ腸内共生メタン生成古細菌の分子系統解析と
ホストシロアリとの共進化に関する考察

やまだあきり いのうえつし おおくまりや かどうかあき

○山田明徳^{1,2}、井上徹志^{2,3}、大熊盛也^{2,3}、工藤俊章^{2,3,4}¹京大・生態研七、²理研・微生物生態機能、³ 科技団・ICORP、⁴ 横浜市大

【目的】シロアリとその腸内共生微生物による枯死植物体の分解過程で水素と二酸化炭素が生ずるが、特に還元当量の処理産物である水素は、発酵過程の制限要因として極めて重要である。シロアリの腸内では、メタン細菌などの水素利用細菌の働きにより水素が除かれ、有機物が効率良く分解される。分解過程での機能を担う腸内共生微生物は、“親から子へ垂直に”受け渡されていると考えられているが、シロアリと共生微生物の進化関係についての研究例は少ない。シロアリに共生するメタン生成古細菌は、PCR増幅した16S rDNAの解析により、ルーメン及び環境中から単離されたメタン生成古細菌とグループ化される *Methanobrevibacter* 属のもの (MBB-gp)、ゴキブリの腸から単離されたものとグループ化される *Methanomicrococcus* 属に近縁なもの (MMC-gp)、シロアリの腸内以外からは近縁なものがない *Methanomicrobiales* 目に属するもの (MMB-gp) の3つに大別されている。特に後2者は、高等シロアリからのみ取得されている。我々はタイに分布する11属14種の高等シロアリを用いて、メタン生成古細菌の分子系統解析を行い、これらメタン生成古細菌とホストシロアリとの進化関係について考察した。

【方法と結果】高等シロアリはその食性により大きく4つのグループに分けられ、木食いと土食いの中間型食性の *Termes* 属に属するもののメタン放出量が特に多く、次いで木食い型及び土食い型のもの、キノコ栽培型と地衣類食型ものは相対的にメタン放出量が少なかった。共生メタン生成古細菌の16S rDNA-PCR増幅産物を用いたT-RFLP解析により、シロアリの食性や系統などによって腸内メタン生成古細菌の組成が異なることが示された。

16 SrDNAクローンの塩基配列に基づく分子系統解析の結果、1つの配列を除く全ての配列が3つのグループのいずれかに属していた。MMB-gpに属するメタン生成古細菌の配列は、7属9種のシロアリから取得され、ホストシロアリの種ごとにまとまったクラスターをつくった。これらのメタン生成古細菌の系統樹とシロアリの系統樹のトポロジーがよく一致し、共種分化すなわち“親から子へ垂直に”受け渡されていることが示唆された。MMC-gpについては、9属11種のシロアリから取得され、シロアリの属レベルでまとまったクラスターをつくったが、メタン生成古細菌とシロアリとの明瞭な共種分化はみられなかった。一方で、*Hospitalitermes* sp. から取得された配列のひとつが、*Termes* spp. から取得されたものに非常に近縁であったことは、これらのシロアリがしばしば同所的に生息していることなどと合わせて、シロアリ種間での共生メタン生成古細菌の水平伝播を示唆する。MBB-gpについては、9属12種のシロアリから取得された。これらの配列はグループ内で散在しており、シロアリの系統などへの特異性はみられなかった。*Termes comis* から取得されたメタン生成古細菌の系統が、2つの調査地間で異なっており、シロアリの生息環境がこのグループのメタン生成古細菌の系統に影響する可能性が考えられた。

(山田明徳: ayamada@postman.riken.go.jp)