



PRESS RELEASE

本プレスリリースは以下に配信しています

岡山大学記者クラブ、文部科学記者会、科学記者会、
永田クラブ、経済研究会、沖縄県政記者クラブ

平成 30 年 7 月 26 日
岡山大学
沖縄科学技術大学院大学
キール大学

動物と藻類の共生の謎を解明

～ヒドラと共生クロレラの栄養の相互作用と進化をゲノムから読み解く～

◆発表のポイント

- ・動物と藻類の共生はサンゴやクラゲなどさまざまな動物で見られ、栄養交換や安全な生活環境の提供など、お互いに利益を与えあう関係ですが、その詳細はよく分かっていませんでした。
- ・今回、緑藻クロレラが共生するヒドラにおける、協調的な栄養のやりとりや共生クロレラのヒドラへの依存関係を、ゲノム（遺伝情報）解析によって具体的に明らかにしました。
- ・動物—藻類共生メカニズムの理解は、サンゴの白化現象のような環境問題への対策や藻類の産業利用などの基盤になることと期待されます。

岡山大学臨海実験所の濱田麻友子助教と、沖縄科学技術大学院大学の佐藤矩行教授の研究グループ、キール大学の Thomas C. G. Bosch 教授の研究グループは、ヒドラとクロレラの共生関係の謎をゲノム解析によって明らかにしました。これらの研究成果の完全版が 6 月 27 日、英国の科学雑誌「*eLife*」に掲載されました。

動物と藻類の共生はサンゴやクラゲなどさまざまな動物で見られ、栄養の交換や安全な生活環境の提供などお互いに利益を与えあう関係を築いています。しかし、この共生システムにおける具体的なやりとりや、その進化の過程はよく分かっていませんでした。今回、緑藻クロレラが共生するグリーンヒドラの遺伝子を解析することで、クロレラからヒドラに光合成産物を与えることで、ヒドラからクロレラへのアミノ酸などの栄養供給が促されるという協調的な栄養のやりとりがわかりました。また、共生クロレラでは、ヒドラから供給されるアミノ酸を取りこむための輸送体遺伝子が増加している一方、通常の植物にとって重要な硝酸同化システムは退化しており、ヒドラの体内で効率的に生きるために特殊化していることがわかりました。

動物—藻類共生メカニズムの研究は、このようなユニークな共生関係の実態とその進化を理解することにつながるだけでなく、サンゴの白化現象のような環境問題への対策や藻類の産業利用などの基盤になると期待されます。

◆研究者からのひとこと

“光合成人間”は SF の世界の話ですが、ヒドラは藻類と共生することで、光に当たれば栄養が供給されるという、夢の(?)生活を成し遂げています。また、共生クロレラは栄養たっぷりな安全なヒドラの体内に適應した結果、今やヒドラの体外では生きられない体になってしまいました。動物—藻類共生系には、究極の効率的生活を垣間見る思いがします。

今回の成果は、岡山大学その他、沖縄とドイツでの海を越えた共同研究によるもので、それぞれで素晴らしい研究仲間にも恵まれました。今後もワクワクするような研究成果を発信していけたらと考えています。



濱田麻友子 助教

PRESS RELEASE

■発表内容

＜現状＞

生物において栄養獲得とその代謝経路の効率化は重要な生存戦略の一つです。中でも、藻類との共生は単細胞生物ゾウリムシをはじめ、海綿動物、サンゴなどの刺胞動物、シャコガイなどの軟体動物、脊索動物ホヤなど多くの動物種で観察され、その生態的繁栄に寄与してきたと考えられます。この関係は互いに利益を与え合う相利共生であり、共生藻は光合成産物である炭水化物などをホストに供給し、ホストは窒素源などの栄養を共生藻に与えていると考えられています。しかしながら、この共生関係がどのような相互作用で成り立っているのか、いかに進化してきたのかに関しては未だ明らかではありませんでした。

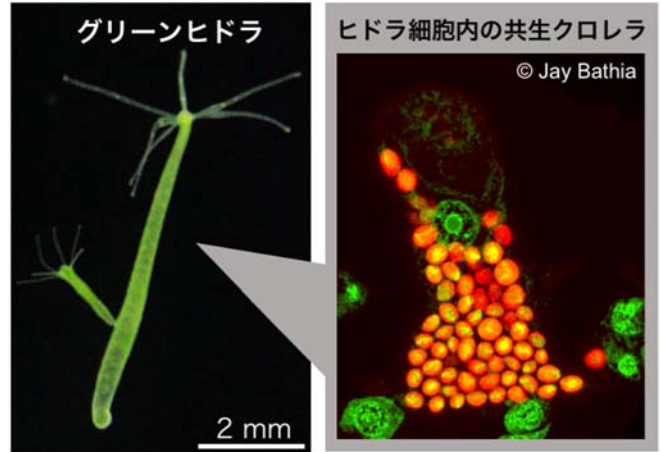


図1 グリーンヒドラと共生クロレラ
ヒドラの細胞内に約30個の共生クロレラが存在する。
(赤) 共生クロレラ、(緑) ヒドラ細胞の核

＜研究成果の内容＞

そこで我々はグリーンヒドラを用い、ゲノム・トランスクリプトーム解析(1)による動物—藻類共生システムの解明を目指しました。グリーンヒドラはサンゴやクラゲなどと同じ刺胞動物で、飼育が簡単で実験手法も確立しており、共生メカニズムの分子的解析に適した生物です。グリーンヒドラは細胞内に特定の緑藻クロレラを共生させています(図1)。この共生クロレラはヒドラの次世代に直接受け継がれ、ヒドラの体外では生きることができません。

グリーンヒドラ *Hydra viridissima* A99 の遺伝子発現解析の結果、共生クロレラから光合成産物であるマルトースが供給されることによって、ヒドラは窒素代謝に重要であるグルタミン合成酵素やリン酸輸送体などの遺伝子発現を上昇させることがわかりました(図2)。このことは、ヒドラとクロレラとの間の栄養のギブ&テイクが協調的に調節されていることを示していると考えられます。また、別種の共生クロレラを人工的に共生させたヒドラではこれらの遺伝子の発現上昇は見られず、ホストと共生藻の関係は種特異的であるといえます。

さらに、共生クロレラのゲノムを解読したところ、非常に多くのアミノ酸輸送体遺伝子が存在

する一方、通常の植物にとって重要な硝酸同化に関わる遺伝子が失われていることがわかりました(図3)。このことから、ヒドラから供給されるグルタミンなどのアミノ酸を効率的に取り込むことができる一方、代謝にコストのかかる硝酸同化システムは退化してしまったと考えられます。

以上のように、ヒドラとクロレラの共生関係は栄養交換の協調的な相互作用によって成り立っており、この関係は種特異的であることが明らかになりました。また、共生クロレラはヒドラの体内で効率的に生きるために特殊化

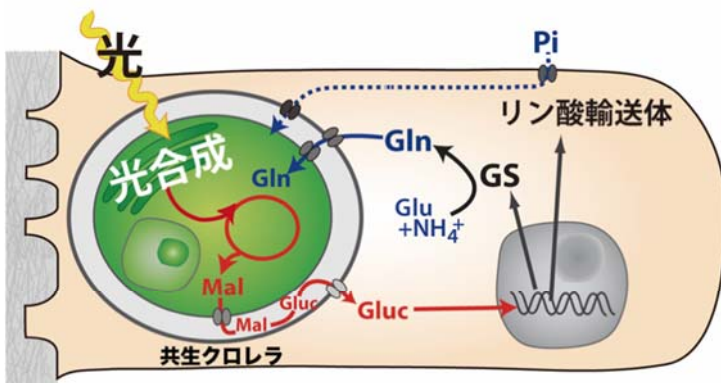


図2 ヒドラ細胞内における共生クロレラとの相互作用モデル

共生クロレラは光合成をし、マルトース(Mal)を合成・分泌する。Malはグルコース(Gluc)に分解されたのち、ヒドラ細胞へ輸送される。このことがヒドラ細胞におけるリン酸輸送体やグルタミン合成酵素(GS)の遺伝子発現を上昇させ、共生クロレラへリン酸(Pi)やグルタミン(Gln)が栄養として供給される。

PRESS RELEASE

していることがゲノム解読からわかりました。このようなユニークな生存戦略は、ヒドラとクロレラが環境に応じて共に進化した結果であると考えられます。

<社会的な意義>

藻類との共生はさまざまな動物で独立して出現したと考えられていますが、他の動物の藻類共生システムと比較することで、その中心的な意義が明確になると考えられます。特に、栄養の依存とその代謝経路の縮小は共生進化における普遍的な現象です。例えば、葉緑体の起源は光合成細菌であると考えられており、原始真核生物との共生に伴って遺伝子の多くを失い、ホストと一つの生命体へと統合された究極の姿と言えるでしょう。その一方、ヒドラのような動物における藻類共生システムは共生進化の中間状態にあるといえ、その理解は葉緑体やミトコンドリアのような細胞小器官の進化の過程にも示唆を与えると考えられます。

また、動物—藻類共生システムは生態系において重要な役割を持っています。例えば、近年大きな環境問題となっているサンゴの白化現象は、藻類との共生システムの崩壊によって生じることが知られています。グリーンヒドラで得られた知見は、共生関係の成立と崩壊のメカニズム解明の手がかりとして環境保全の基盤となると期待されます。

共生藻はホストの環境を利用して、効率的に光合成産物を合成し、大量の糖類として体外に分泌しています。近年、藻類を利用したバイオエタノールや遊離糖の合成が注目されていますが、共生藻の糖類合成・分泌メカニズムの解明は、効率的な炭水化物合成の新たな技術へ発展する可能性があります。

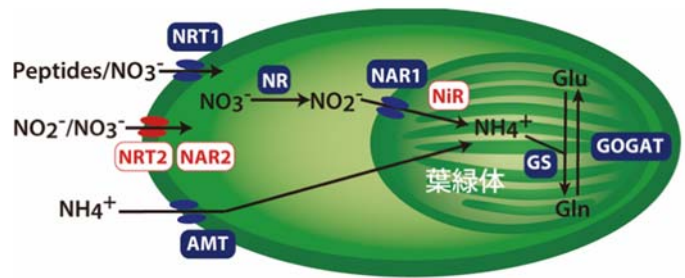


図3 共生クロレラの窒素同化経路における遺伝子欠失
共生クロレラゲノムからは硝酸の同化に重要である硝酸輸送体 (NRT2, NAR2) や亜硝酸還元酵素 (NiR) の遺伝子が失われていた。AMT: アンモニア輸送体、NR: 硝酸還元酵素、GS: グルタミン合成酵素、GOGAT: グルタミン酸合成酵素

■論文情報

論文名: Metabolic co-dependence drives the evolutionarily ancient *Hydra-Chlorella* symbiosis.

邦題名: 代謝系の共依存は長い進化の歴史を持つヒドラとクロレラの共生を推進する

掲載紙: *eLife*

著者: Mayuko Hamada, Katja Schröder, Jay Bathia, Ulrich Kürn, Sebastian Fraune, Mariia Khalturina, Konstantin Khalturin, Chuya Shinzato, Nori Satoh, Thomas CG Bosch

DOI: 10.7554/eLife.35122

URL: <https://elifesciences.org/articles/35122>



■研究資金

本研究は、JSPS 科研費 若手研究(B)25840132、基盤研究(C)15K07173 (研究代表: 濱田麻友子) の助成を受け、実施しました。

■補足・用語説明

(1) ゲノム・トランスクリプトーム解析

ゲノムとは、生物の DNA 上のすべての遺伝情報のことであり、遺伝子も含まれます。また、トラ



PRESS RELEASE

ンスクリプトームとは、対象となる細胞や組織に存在するすべての mRNA のことです。つまり、ゲノム・トランスクリプトーム解析を行うことで、その生物が持っている遺伝情報と遺伝子の発現状態の全体像がわかります。近年の DNA 配列の解読技術の飛躍的向上によって、さまざまな生物のゲノム・トランスクリプトーム解析が可能になりました。

<お問い合わせ>

岡山大学 理学部附属臨海実験所

助教 濱田麻友子

(電話番号) 0869-34-5210

(FAX) 0869-34-5211

(メール) hamadam@okayama-u.ac.jp

(URL) <http://www.science.okayama-u.ac.jp/~rinkai/index.html>

沖縄科学技術大学院大学 マリンゲノミクスユニット

教授 佐藤 矩行

(電話番号) 098-966-8634

(FAX) 098-966-2890

(メール) norisky@oist.jp

(URL) <https://groups.oist.jp/ja/mgu>

Kiel University, Zoological Institute

Prof. Thomas C. G. Bosch

(電話番号) +49 431 880 4169

(FAX) +49 431 880 4747

(メール) office@zoologie.uni-kiel.de

(URL) <http://www.bosch.zoologie.uni-kiel.de/>

