

帯広畜産大学原虫病研究センター共同研究報告書

2023年6月15日

採択番号	2022-共同-9		
研究部門	診断治療研究部門	原虫病研究センター 内共同研究担当教員	白藤 梨可
研究課題名	カブリダニの卵形成の分子機構の解明と人工飼料開発への応用		
研究代表者	(ふりがな) 氏 名	所属部局等・職名	
	すずき たけし 鈴木 丈詞	東京農工大学大学院農学研究院・准教授	
研究分担者	もり こうたろう 森 光太郎	石原産業株式会社中央研究所・グループリーダー	
	おさかべ まさひろ 刑部 正博	日本ダニ学会・会長	
	たけだ なおき 武田 直樹	東京農工大学大学院生物システム応用科学府・大学院生	
	のるえいでん がじい あぶるはどる Noureldin Abuelfadl Ghazy	石原産業株式会社中央研究所・研究員	
	しらふじ りか 白藤 梨可	帯広畜産大学原虫病研究センター・准教授	
研究期間	2022年4月1日 ~ 2023年3月31日		
目的・趣旨	<p>農作物の約3割は病害虫によって消失し、食料不足に拍車をかけている。このうちハダニ類(胸板ダニ上目:汎ケダニ目:ハダニ科)は、殺虫剤に対する抵抗性を急速に発達させる難防除害虫の代表格であり、持続可能な防除手法の研究開発が進められている。その一つが、捕食性天敵であるカブリダニ類(胸穴ダニ上目:トゲダニ目:カブリダニ科)の利用である。カブリダニ類の利用は、半世紀以上にわたって研究が進められ、国内でも複数種のカブリダニ剤が市販されている。2017年の統計では、これらカブリダニ剤の国内出荷額は約7億円で、近年も増加傾向である。ただし、この金額は、国内における殺虫剤全体のわずか0.6%程度であり、さらなる普及拡大のためには効率的なカブリダニ剤の生産体制の構築が必要である。</p> <p>ミヤコカブリダニ(<i>Neoseiulus californicus</i>; 以下、ミヤコ)は国内土着種であり、カブリダニ剤としても用いられている。ハダニ類のみ捕食する狭食性のカブリダニ種とは異なり、ミヤコは広食性であるため、その大量生産には、ハダニ類以外にも小型節足動物あるいは花粉が餌として用いられている。しかし、これら餌の管理は煩雑であり、安定的なミヤコ生産のためには人工飼料の開発が重要である。他方、カブリダニ類と同じ胸穴ダニ上目に属するマダニ類(マダニ目:マダニ科)では、卵形成の分子機構研究が進展し、栄養シグナル伝達を担うtarget of rapamycin(TOR)経路によって卵黄タンパク質前駆体である vitellogenin(Vg)の合成が制御されることが判明している。ミヤコのTOR経路やVg合成系で機能する遺伝子群を分子マーカーとすれば、卵形成を促す栄養成分の高効率</p>		

	<p>なスクリーニングが期待できる。さらに、その栄養成分を含有する人工飼料の開発、延いては安定的なミヤコ生産体制の構築も期待できる。ただし、ミヤコのゲノム情報は不足しているため、分子マーカーの探索は困難である。そこで本研究では、まずミヤコのゲノム全塩基配列を解読し、TOR 経路や Vg 合成系を解析するための情報基盤を整備した。</p>
研究経過の概要	<p>ミヤコ卵および成虫からゲノム DNA を抽出し、NovaSeq 6000 を用いたショートリードシーケンシング(リード長:150 bp、深度:81.24×)および MinION を用いたロングリードシーケンシング(N50:2.538 kb、深度:115.4×)を実施した。低品質リードの除去後、MaSuRCA(ver. 4.0.8)を用いたハイブリッドアセンブリを実施し、264 のスキホールドを取得した(N50:1.359 Mb)。本種のゲノムサイズは 179.6 Mb と推定され、既報のカブリダニ 2 種のそれと同等であった。近縁種との相同性および既知の遺伝子配列に基づいた遺伝子予測により、TOR 経路や Vg 合成系で機能する遺伝子群(このうち、Vg は 4 遺伝子)を推定した。</p>
研究成果の概要	<p>飢餓処理(24 h)の有無による比較トランスクリプトームおよびプロテオーム解析を実施し、ミヤコの Vg の動態を調査した。その結果、いずれの Vg も飢餓処理によって RNA およびタンパク質レベルで発現低下する傾向がみられた。今後はこれら Vg の機能解析や TOR 経路の動態解析を進め、卵形成経路におけるマーカー遺伝子を同定し、多産系統の分子育種を目指す。本成果は第 31 回日本ダニ学会大会にて発表した(以下参照)。</p>
研究成果の発表	<p>武田直樹, 新井優香, 鈴木伽奈, 片岡孝介, 由良敬, 白藤(梅宮)梨可, N.A. Ghazy, 森光太郎, 刑部正博, 鈴木丈詞(2022)ミヤコカブリダニのゲノム全塩基配列解読と飢餓応答因子のマルチオミクス解析. 第 31 回日本ダニ学会大会, 京都, 2022 年 9 月 17-18 日(口頭)</p>