

令和8年4月7日

虫に感染するキノコはどうやって標的を見つけるのか？

－感染を左右する“鍵タンパク質”を解明－

■研究概要

サナギタケ (*Cordyceps militaris*) は、昆虫に感染し子実体 (きのこ) を形成する昆虫病原性真菌類の1種であり、東アジアでは古くから薬用として利用されてきました。しかしながら、サナギタケがどのように宿主を見つけて感染するのか、その仕組みはまだよく分かっていません。

これまでの研究で、宿主の昆虫表皮にあるキチンを認識する新しいタンパク質 (CmLec4) を発見し、このタンパク質が宿主の蛹の羽化を遅らせることでその感染に有利な環境を延長させていること、さらに、サナギタケから *cmlec4* 遺伝子を破壊すると子実体の形成が低下することを明らかにしました (図)。これらの結果から、CmLec4 は感染および発生において重要な役割を果たす可能性が示唆されています。宇都宮大学バイオサイエンス教育研究センターの鈴木智大准教授らの研究グループは、*cmlec4* がこのキノコの一生の中でどのように働くのかを明らかにするため、*cmlec4* 遺伝子を破壊したサナギタケ (以下 $\Delta cmlec4$) を用いて、感染能の評価と、感染時期と子実体形成時期におけるトランスクリプトーム解析を行いました。

その結果、 $\Delta cmlec4$ 株は野生株 (遺伝子を破壊していない通常のサナギタケ) と比較して感染初期での感染能が低下したことが確認されました。さらに、トランスクリプトーム解析では、感染初期段階 (接種後2週間) および子実体形成段階 (接種後6週間) の両方において多くの遺伝子の働きが大きく変化していることが分かりました。CmLec4 は、宿主認識や代謝の調整、感染に関わる働きを担う重要なタンパク質であることが分かりました。本成果は、2026年2月18日付で国際学術誌 *AMB Express* に掲載されました。

■研究背景

昆虫病原性真菌類は種によって感染できる昆虫の種類が異なることが知られています。



図 野生株の子実体形成期 (上)、*cmlec4* 遺伝子破壊株の子実体形成期 (下)。遺伝子破壊株では子実体 (オレンジ色) が形成されない。

本研究では、レクチン（糖を認識するタンパク質）に着目し、レクチンが宿主昆虫への感染や、どの昆虫に感染できるかの決定に関わっている可能性があると考えました。レクチンは細胞どうしが結びつく際に働くタンパク質で、ウイルスでは宿主を認識する際にレクチン様物質を利用すると報告されています。しかし、レクチンに関する研究は医療応用や診断薬の開発に向けた研究は進んでいるものの、生物の中での役割はまだよく分かっていません。

これまでに、本研究室の先行研究により、宿主の昆虫表皮に豊富に存在するキチンを特異的に認識する新しいタンパク質（CmLec4）を発見し、このレクチンが宿主の蛹の羽化を遅らせ、サナギタケ自身の感染に有利な期間を延長させること、本レクチンの遺伝子破壊株はその子実体形成能が顕著に低下することを報告しました。このことは本レクチンがサナギタケの宿主認識や宿主の成長の制御および内部シグナルなど、生体内で様々な働きを持つ可能性が示されています。

■研究成果

本研究では、まず *cmlec4* 遺伝子を破壊したサナギタケを用いて、感染能力の変化を調べました。その結果、感染初期において *cmlec4* 遺伝子破壊株では野生株と比べて宿主昆虫への感染能力が明らかに低下することがわかり、*cmlec4* 遺伝子はサナギタケの感染の初期段階に関わっていることが示されました。

次に、野生株と *cmlec4* 遺伝子破壊株を用いて感染初期（接種後 2 週間）および子実体形成期（接種後 6 週間）におけるトランスクリプトーム解析を実施し、各成長段階での遺伝子の働きの違いを比較しました。その結果、*cmlec4* 遺伝子破壊株において多くの遺伝子の働きが変化していることが分かりました。特に、遺伝子破壊株においてキチンを分解・認識する遺伝子（chitinase や LysM）が減少し、一方で物質の輸送に関わるタンパク質（MFS transporter など）が増加していたことから、*cmlec4* 遺伝子が細胞内の情報伝達や遺伝子の働きの調節に関わる可能性があり、*cmlec4* はさまざまな役割を担う重要な遺伝子であることが示されました。

■今後の展望

本研究は、サナギタケの発生段階におけるキチン結合レクチン CmLec4 の役割を包括的に理解するために、トランスクリプトーム解析を実施しました。レクチンは従来、医療や診断分野での応用に注目されてきた一方で、宿主と寄生体との相互作用における生物学的役割については十分に理解されていません。本研究の結果から、CmLec4 は感染、子実体形成、さらには代謝制御において多面的な役割を果たすことが明らかになりました。本研究は、レクチンを単なる応用・利用としての分子ではなく、生物学的に機能する分子として再定義し、異種間認識や真菌の適応において中核的な役割を果たす存在として位置づけました。今後は、真菌レクチンに関する研究により宿主特異性、病原性機構、さらには昆虫病原性真菌の進化戦略に関する新たな知見をもたらすことを目指します。

■研究支援

本研究は、日本学術振興会 科学研究費補助金（課題番号：24K08697、25H00426）、公益財団法人発酵研究所（IFO）からの研究助成（助成番号：LA-2022-029）の支援を受けて実施されました。

■用語解説

【昆虫病原性真菌類】

昆虫に感染し、その体表から侵入して体内で増殖することにより宿主を死に至らせ、最終的に子実体や胞子を形成して次の宿主へと伝播する生活環を有する真菌群であり、生物農薬として利用されている。

【トランスクリプトーム解析】

特定の生理状態や環境条件下における全転写産物を網羅的に定量・比較することで、遺伝子発現の動態およびその機能的意義を解明する解析手法である。

【レクチン】

レクチンは、特定の糖鎖構造に対して高い特異性で結合する非酵素性タンパク質であり、細胞間認識や宿主-病原体相互作用などに関与する分子群である。

【野生株】

遺伝子操作を行っていない、自然の状態の菌株のこと。本研究では、比較対象として用いた通常のサナギタケを指す。

【遺伝子破壊株】

特定の遺伝子の働きを調べるために、その遺伝子を人為的に壊した菌株のこと。本研究では、*cmlec4* 遺伝子を破壊したサナギタケを指す。

■筆頭著者より一言

ZHANG JILI (ちょう きちれい) 博士後期課程3年生

修士課程から継続して取り組んできたサナギタケの研究において、本研究成果を発表できたことを大変嬉しく思います。入学後に習得した分子生物学およびバイオインフォマティクスの知識・技術を基盤とし、研究室の皆様のご協力のもとで本研究を進めることができました。本研究を通じて、大きなやりがいと成長を実感しています。今後も本研究をさらに発展させ、継続的に有意義な成果を創出・報告できるよう努力してまいります。

■研究者情報

鈴木 智大 宇都宮大学 バイオサイエンス教育研究センター 准教授

天然物化学・生物化学・生命情報科学を専門とし、特に担子菌類（きのこ）を対象に、機能的成分や二次代謝産物の探索、遺伝子解析を通じて生理活性や代謝機構の解明に取り組ん

でいます。

論文情報

論文名 : Transcriptomic insights into the role of CmLec4 in infection and development of *Cordyceps militaris*. (トランスクリプトーム解析による CmLec4 の感染および発生における機能解明)

著者 : Jili Zhang, Rina Matsuda, Asuka Kimura, Keisuke Mitsukuni, Tamaki Okada, Hitoshi Miyakawa, Akiko Ono*, Tomohiro Suzuki*

掲載誌 : AMB Express

URL : <https://doi.org/10.1186/s13568-026-02026-4>

英文概要

The entomopathogenic fungus *Cordyceps militaris* infects insects and forms fruiting bodies, and has long been utilized as a traditional medicinal resource in East Asia. However, the molecular mechanisms underlying host recognition and infection in this species remain poorly understood. In our previous study, we identified a novel chitin-binding lectin, CmLec4, and demonstrated that this protein delays host pupal emergence, while disruption of the *cmlec4* gene reduces fruiting body formation. To further elucidate the molecular functions of CmLec4 throughout the fungal life cycle, we conducted infection assays using a *cmlec4* knockout strain ($\Delta cmlec4$) and performed transcriptome analyses at different developmental stages. As a result, the $\Delta cmlec4$ strain exhibited reduced infectivity during the early stage of infection compared with the wild-type strain. Furthermore, transcriptome analysis revealed substantial transcriptional changes at both the early infection stage and the fruiting body formation stage. These results indicate that CmLec4 functions as a multifunctional lectin that integratively regulates host recognition, metabolic processes, and pathogenic development.

本件に関する問合せ

(研究内容について)

国立大学法人 宇都宮大学 バイオサイエンス教育研究センター 准教授 鈴木智大

TEL:028-649-5527 FAX:028-649-8651

E-mail: suzukit@a.utsunomiya-u.ac.jp

(報道対応)

国立大学法人 宇都宮大学 広報室(広報係)

TEL:028-649-5201 FAX:028-649-5027

E-mail: kkouhou@a.utsunomiya-u.ac.jp