Keio Associated Reposi	tory of Academic resouces				
Title	昆虫類における不妊化遺伝子の進化				
Sub Title	Evolution of sterilization genes in insects				
Author	林, 良信(Hayashi, Yoshinobu)				
Publisher	慶應義塾大学				
Publication year	2018				
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2017.)				
JaLC DOI					
JaLC DOI Abstract	社会性は、細菌からヒトまで様々な分類群の生物でみられ、生物進化について理解を深めるために探究すべき重要な現象である。本研究では、特に複雑で巨大な社会を構築するシロアリにおいて、社会性に関わる遺伝子である不妊化遺伝子を同定を目指す。そして、その進化過程を解明することで、昆虫における社会性の進化機構を解明に向けた研究基盤の構築を目的とする。そのために本研究では、次世代DNAシークエンサーを用いた不妊虫と繁殖虫のゲノム解析により、ヤマトシロアリの不妊化遺伝子を同定を試みた。その結果、不妊化遺伝子と連鎖するゲノム領域の特定をすることができた。さらに、カースト特異的にPCR増幅をすることができるプライマーを開発することができた。これらの成果により、不妊化遺伝子の候補が絞り込まれた。さらにどの遺伝子が不妊化遺伝子かを明らかにするためには、すべての候補遺伝子のいて機能解析によって実際に不妊化じ関与するかを調べる必要がある。本研究で候補遺伝子を絞り込めたことは機能解析による不妊化遺伝子の特定に向けて大きな進歩となった。ヤマトシロアリの不妊化遺伝子は性決定因子との強い相互作用があることができなっているため、その機能解析をする際にはシロアリにおける性決定因子との相互作用を調べる必要がある。本研究でばがメル・トランスクリプトーム解析によって、オス特異的に発現し、かつ他昆虫の性決定遺伝子でみられるドメイン構造を有するヤマトシロアリの遺伝子を同定することができた。性が決定される発生段階においてこの遺伝子のメックダウンすることで実際に性が変わるかを今後明らかにし、さらに不妊化遺伝子との相互作用を解明していく。以上の成果によって、シロアリの社会性を実現する上できわめて重要な因子である不妊化遺伝子の特定に大きく近づいた。今後はさらにゲノム解析等を進めることによって、不妊化遺伝子を特定する。 Sociality is very important phenomenon to be explored for understanding biological evolution. This study aims to identify genes involved in sterilization for evolutionary mechanism of insect sociality by further evolutionary analyses on the genes. In this study 1 carried out genome analyses to identify genomic regions linked to the sterilization gene. Moreover, I developed PCR primers that exhibited caste-specific PCR amplifications. By these results candidates for the sterilization genes were found out from the genome. To specify the sterilization genes functional analyses that reveal the involvement to the sterilization for understanding the function of the sterilization genes were found out from the genome. To specify the sterilization genes functional analyses that reveal the involvement to the sterilization for understanding the function of the sterilization genes were found out from the genome. To specify the sterilization genes functional analyses that reveal the interaction by investigated that the sterilization gene interact with sex determining genes and domain found in sex-determining genes of other insects. Further studies are required to reveal the interaction by investigating whether sex is reversed by a knockdown of				
	contribute to understanding social evolution in insects.				
Notes					
Genre	Research Paper				
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2017000001-20170239				

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって 保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the KeiO Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

2017 年度 学事振興資金(個人研究)研究成果実績報告書

研究代表者	所属	法学部	職名	助教(有期)(自然科学)	補助額	300 (A)	千円
	氏名	林 良信	氏名(英語)	Yoshinobu Hayashi	(相切領	300 (A) T	ΤП

研究課題 (日本語)

昆虫類における不妊化遺伝子の進化

研究課題 (英訳)

Evolution of sterilization genes in insects

1. 研究成果実績の概要

社会性は、細菌からヒトまで様々な分類群の生物でみられ、生物進化について理解を深めるために探究すべき重要な現象である。本研究では、特に複雑で巨大な社会を構築するシロアリにおいて、社会性に関わる遺伝子である不妊化遺伝子を同定を目指す。そして、その進化過程を解明することで、昆虫における社会性の進化機構を解明に向けた研究基盤の構築を目的とする。そのために本研究では、次世代 DNA シークエンサーを用いた不妊虫と繁殖虫のゲノム解析により、ヤマトシロアリの不妊化遺伝子を同定を試みた。その結果、不妊化遺伝子と連鎖するゲノム領域の特定をすることができた。さらに、カースト特異的に PCR 増幅をすることができるプライマーを開発することができた。これらの成果により、不妊化遺伝子の候補が絞り込まれた。さらにどの遺伝子が不妊化遺伝子かを明らかにするためには、すべての候補遺伝子について機能解析によって実際に不妊化に関与するかを調べる必要がある。本研究で候補遺伝子を絞り込めたことは機能解析による不妊化遺伝子の特定に向けて大きな進歩となった。

ヤマトシロアリの不妊化遺伝子は性決定因子との強い相互作用があることが示唆されているため、その機能解析をする際にはシロアリにおける性決定因子との相互作用を調べる必要がある。本研究ではゲノム・トランスクリプトーム解析によって、オス特異的に発現し、かつ他昆虫の性決定遺伝子でみられるドメイン構造を有するヤマトシロアリの遺伝子を同定することができた。性が決定される発生段階においてこの遺伝子のノックダウンすることで実際に性が変わるかを今後明らかにし、さらに不妊化遺伝子との相互作用を解明していく。

以上の成果によって、シロアリの社会性を実現する上できわめて重要な因子である不妊化遺伝子の特定に大きく近づいた。今後はさらにゲノム解析等を進めることによって、不妊化遺伝子を特定する。

2. 研究成果実績の概要(英訳)

Sociality is very important phenomenon to be explored for understanding biological evolution. This study aims to identify genes involved in sterilization in termites, which have evolved huge and sophisticated societies, enabling the elucidation of evolutionary mechanism of insect sociality by further evolutionary analyses on the genes. In this study I carried out genome analyses to identify genomic regions linked to the sterilization gene. Moreover, I developed PCR primers that exhibited caste-specific PCR amplifications. By these results candidates for the sterilization genes were found out from the genome. To specify the sterilization genes functional analyses that reveal the involvement to the sterilization for all the candidate genes. It was a great progress for specification of the sterilization genes that this study found out the candidates.

Because it is suggested that the sterilization gene interact with sex determining factors, it is necessary to investigate the interaction for understanding the function of the sterile gene. In this study I identified a gene that exhibited a male-specific expression and possessed a domain found in sex-determining genes of other insects. Further studies are required to reveal the interaction by investigating whether sex is reversed by a knockdown of the sex-determining gene candidate in the developmental stage when sex differentiation occur.

This study made very significant steps to identification of the sterilization gene, which is highly important for social organization in termites. Further genome analyses would identify the gene and contribute to understanding social evolution in insects.

_	<u> </u>						
3. 本研究課題に関する発表							
発表者氏名 (著者・講演者)	発表課題名 (著書名・演題)	発表学術誌名 (著書発行所・講演学会)	学術誌発行年月 (著書発行年月・講演年月)				