

Title	ゲノムワイド解析関連解析によるシロアリのカースト分化機構の解明
Sub Title	Elucidation of caste differentiation mechanisms in termites by genome-wide association study
Author	林, 良信(Hayashi, Yoshinobu)
Publisher	慶應義塾大学
Publication year	2024
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2023.)
JaLC DOI	
Abstract	シロアリなどの真社会性昆虫では形態・行動・生理状態を特殊化させて特定の役割を果たす個体のグループ（カースト）が複数存在し、コロニーはそれらの分業という相互作用により成り立っている。これまで、各カーストの表現型形成（カースト分化）には環境要因のみが影響すると考えられてきた。一方、遺伝要因が影響する可能性も指摘されているが、それについては真社会性昆虫ではほとんど明らかになっていない。そこで本研究では、高度な社会を形成するヤマトシロアリにおいてゲノムワイド関連解析（GWAS）を行い、カースト分化とカースト間分業に関わる遺伝要因の同定を行った。 本研究ではまず、2種類のカースト（ワーカーとニンフ）についてそれぞれ24個体のゲノムDNAを抽出し、ショートリードによる全ゲノムシークエンスを行った。NCBIからダウンロードしたヤマトシロアリのゲノムアセンブリに個体ごとのシークエンス断片をマッピングをし、各個体の遺伝子型決定をおこなった。この遺伝子多型データを用い、カーストに関するGWASを行った。 GWASの結果、あるゲノムスキファールド内に、低いp値を示す遺伝子座が集中する領域がみつかった。この領域には374のタンパク質コード遺伝子があると予測されている。この374遺伝子のうち、108がジンクフィンガータンパク質（ZFP）の遺伝子であった。ZFPの多くは転写因子であり、遺伝子発現の調節機能を有する。そのため、これらの遺伝子がカースト分化や分業に関わる表現型の発現を制御している可能性がある。今後はこれらの遺伝子のうち、特にどれがカースト分化・分業に関わる表現型の形成に大きく影響するかを明らかにしていく。またタンパク質コード遺伝子以外の、ノンコーディングRNAなどの影響を明らかにするため、今後はその同定も行っていく。これらの解析により、カースト分化・分業の遺伝的基盤の全容解明を目指す。 In termites and other eusocial insects, there are multiple groups of individuals (castes) that play specific roles with specialized morphology, behavior, and physiological states, within their colonies. Colonies are organized based on the interaction of the division of labor among them. To date, it has been thought that only environmental factors influence the phenotypic development of each caste (caste differentiation). On the other hand, it has been pointed out that genetic factors may also influence caste differentiation, but this has not been clarified in eusocial insects. In this study, I conducted a genome-wide association analysis (GWAS) in the termite <i>Reticulitermes speratus</i>, which form advanced societies, to identify genetic factors involved in caste differentiation and inter-caste division of labor. In this study, I first extracted genomic DNA from 24 individuals of each of the two castes (workers and nymphs) and performed whole genome sequencing with short reads, mapped individual sequencing reads to the genome assembly of the termite, downloaded from NCBI, and genotyped each individual. Genotyping of each individual was performed. Using this genetic polymorphism data, we performed a GWAS on the caste. The GWAS results revealed a region with a high concentration of loci that exhibit low p-values in a genome scaffold. This region is predicted to contain 374 protein-coding genes. Of these 374 genes, 108 were zinc finger protein (ZFP) genes, many of which are transcription factors and have regulatory functions in gene expression. Therefore, it is possible that these genes regulate the expression of phenotypes related to caste differentiation and division of labor. In the future, I will clarify which of these genes, in particular, significantly affect development of the phenotypes related to caste differentiation and division of labor. I will also identify non-coding RNAs to clarify their effects. Through these analyses, I aim to elucidate the entire genetic basis of caste differentiation and division of labor.
Notes	
Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2023000010-20230135

2023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	専任講師	補助額	300千円 (A)
	氏名	林 良信	氏名（英語）	Yoshinobu Hayashi		
研究課題（日本語）						
ゲノムワイド解析関連解析によるシロアリのカースト分化機構の解明						
研究課題（英訳）						
Elucidation of caste differentiation mechanisms in termites by genome-wide association study						
1. 研究成果実績の概要						
シロアリなどの真社会性昆虫では形態・行動・生理状態を特殊化させて特定の役割を果たす個体のグループ（カースト）が複数存在し、コロニーはそれらの分業という相互作用により成り立っている。これまで、各カーストの表現型形成（カースト分化）には環境要因のみが影響すると考えられてきた。一方、遺伝要因が影響する可能性も指摘されているが、それについては真社会性昆虫ではほとんど明らかになっていない。そこで本研究では、高度な社会を形成するヤマトシロアリにおいてゲノムワイド関連解析（GWAS）を行い、カースト分化とカースト間分業に関わる遺伝要因の同定を行った。 本研究ではまず、2種類のカースト（ワーカーとニンフ）についてそれぞれ24個体のゲノムDNAを抽出し、ショートリードによる全ゲノムゲノムシーケンスを行った。NCBIからダウンロードしたヤマトシロアリのゲノムアセンブリに個体ごとのシーケンス断片をマッピングをし、各個体の遺伝子型決定をおこなった。この遺伝子多型データを用い、カーストに関するGWASを行った。 GWASの結果、あるゲノムスキュフォールド内に、低いp値を示す遺伝子座が集中する領域が見つかった。この領域には374のタンパク質コード遺伝子があると予測されている。この374遺伝子のうち、108がジンクフィンガータンパク質（ZFP）の遺伝子であった。ZFPの多くは転写因子であり、遺伝子発現の調節機能を有する。そのため、これらの遺伝子がカースト分化や分業に関わる表現型の発現を制御している可能性がある。今後はこれらの遺伝子のうち、特にどれがカースト分化・分業に関わる表現型の形成に大きく影響するかを明らかにしていく。またタンパク質コード遺伝子以外の、ノンコーディングRNAなどの影響を明らかにするため、今後はその同定も行っていく。これらの解析により、カースト分化・分業の遺伝的基盤の全容解明を目指す。						
2. 研究成果実績の概要（英訳）						
In termites and other eusocial insects, there are multiple groups of individuals (castes) that play specific roles with specialized morphology, behavior, and physiological states, within their colonies. Colonies are organized based on the interaction of the division of labor among them. To date, it has been thought that only environmental factors influence the phenotypic development of each caste (caste differentiation). On the other hand, it has been pointed out that genetic factors may also influence caste differentiation, but this has not been clarified in eusocial insects. In this study, I conducted a genome-wide association analysis (GWAS) in the termite <i>Reticulitermes speratus</i>, which form advanced societies, to identify genetic factors involved in caste differentiation and inter-caste division of labor. In this study, I first extracted genomic DNA from 24 individuals of each of the two castes (workers and nymphs) and performed whole genome sequencing with short reads, mapped individual sequencing reads to the genome assembly of the termite, downloaded from NCBI, and genotyped each individual. Genotyping of each individual was performed. Using this genetic polymorphism data, we performed a GWAS on the caste. The GWAS results revealed a region with a high concentration of loci that exhibit low p-values in a genome scaffold. This region is predicted to contain 374 protein-coding genes. Of these 374 genes, 108 were zinc finger protein (ZFP) genes, many of which are transcription factors and have regulatory functions in gene expression. Therefore, it is possible that these genes regulate the expression of phenotypes related to caste differentiation and division of labor. In the future, I will clarify which of these genes, in particular, significantly affect development of the phenotypes related to caste differentiation and division of labor. I will also identify non-coding RNAs to clarify their effects. Through these analyses, I aim to elucidate the entire genetic basis of caste differentiation and division of labor.						
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)			