

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		社会性昆虫の表現型多型と社会組織化におけるDNAメチル化の影響			
研究テーマ (欧文) AZ		Influence of DNA methylation on phenotypic plasticity and social organization in social insects			
研究氏 代 表 名 者	カタカナ CC	姓) ハヤシ	名) ヨシノブ	研究期間 B	2011～2012年
	漢字 CB	林	良信	報告年度 YR	2012年
	ローマ字 CZ	Hayashi	Yoshinobu	研究機関名	北海道大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		林良信・北海道大学大学院地球環境科学研究院・日本学術振興会特別研究員(PD)			
概要 EA (600字～800字程度にまとめてください。)					
<p>社会性昆虫であるシロアリは、女王アリや働きアリなど異なる役割を果たす個体（カースト）が非常に調和のとれた、効率の良い分業を行っている。シロアリにおいては、異なるカーストは極端に表現型が異なっているがカーストに関しては同一のゲノム情報をもっており、環境要因により各個体のカースト発生運命が決定する。環境要因に応じて遺伝子発現を調整し異なる表現型を生み出す機構の代表的なものとしてDNAメチル化があげられるが、シロアリにおいてはDNAメチル化が生じているか明らかになっていない。本研究ではシロアリにおいてDNAメチル化が生じているか明らかにすることを目的とした。</p> <p>本研究では、オオシロアリ、ヤマトシロアリ、タカサゴシロアリの Expressed sequence tag (EST) ライブラリを作成した。そしてESTライブラリ中にDNAメチル化に必須の遺伝子が含まれているか調べた結果、3種ともにdnmt1とmdbがESTライブラリに含まれていた。また、ESTライブラリデータから予測したcoding sequence (CDS)を用いてDNAメチル化の程度の指標となるCpG 0/Eを計算した。いずれのシロアリにおいてもCpG 0/Eの頻度分布は二峰性であり、またほとんどのCDSが1より小さいCpG 0/E値を示した。これらのことは、シロアリにおいてはDNAメチル化がほとんどの遺伝子に生じていることを示唆している。</p> <p>さらに本研究ではシロアリの姉妹群である亜社会性のキゴキブリのESTライブラリを作成しCDSのCpG 0/Eを計算した。その結果、キゴキブリでは、CpG 0/Eの頻度分布はシロアリとあまり変わらず、またシロアリと同様にほとんどの遺伝子が1より小さいCpG 0/E値を示した。この結果より、シロアリ類の進化にともないDNAメチル化の状態が大きく変化したわけではなく、真社会性の獲得とDNAメチル化の関連性は低いと推察される。</p>					
キーワード FA	社会性昆虫	DNAメチル化			

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}	Construction and characterization of normalized cDNA libraries by 454 pyrosequencing and estimation of DNA methylation levels in three distantly related termite species.							
	著者名 ^{GA}	Yoshinobu Hayashi, Shuji	雑誌名 ^{GC}	PLoS One					
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}	2	0	1	3	巻号 ^{GD}	in press
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要^{EZ}

Termites, one of the major social insect groups, live in colonies and construct complex societies with highly sophisticated division of labor among castes, which show distinctive behavior and morphology for their specialized tasks. Distinct castes express different sets of genes and are differentiated from each other through differential gene expression during postembryonic development in response to environmental factors. DNA methylation is known to be one of the most important mechanisms for generating differential gene expression triggered by environmental cues. However, in termites, the occurrence of DNA methylation has not been examined. In this study I examined the possibility of DNA methylation in three termite species, *Hodotermopsis sjostedti*, *Reticulitermes speratus* and *Nasutitermes takasagoensis*. First we constructed expressed sequence tag (EST) libraries of the three species. Then we searched EST libraries for the DNA methylation-related genes. We found *dnmt1* and *mbd* genes in all the three species. To estimate DNA methylation level, CpG O/E of the coding sequences (CDS), which is a proxy for DNA methylation level, was calculated. In all the three species, the frequency distribution of CpG O/E was bimodal and CpG O/E values of the most genes were lower than 1, strongly suggest the occurrence of DNA methylation. We also generated EST library of *Cryptocercus punctulatus* and calculated CpG O/E. Also in *C. punctulatus*, we found bimodality in the frequency distribution of CpG O/E and low CpG O/E values. These results suggest that DNA methylation status was not drastically changed during the evolution of termites.