

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	社会性昆虫のエピジェネティック制御による利他性の発現とその進化				
研究テーマ (欧文) AZ	Epigenetic regulation of altruistic trait expression and its evolution in social insects				
研究氏 代表 者	カタカナ CC	姓)ハヤシ	名)ヨシノブ	研究期間 B	2015～ 2016年
	漢字 CB	林	良信	報告年度 YR	2016 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	北海道大学大学院地球環境科学研究院・学術研究員				
<p>概要 EA (600字～800字程度にまとめてください。)</p> <p>「単独性から社会性への進化」は生物進化史上の革新的な出来事の一つであり(Maynard Smith & Szathmáry 1995)、社会性生物においては、単独性生物では決してみることのできない特異な性質が数多く進化した。社会性昆虫で見られる不妊個体の存在(すなわち、極端な利他性)は進化生物学の大きな謎であったが、Hamilton (1964)による血縁選択理論の提唱によってその謎を進化生態学的に解き明かした。しかし一方で、利他性に関わる遺伝子はこれまでにほとんど同定されておらず、現在の進化生物学上の最大の謎の1つとなっている。これまでに社会性昆虫であるヤマトシロアリにおいては、交配実験によって不妊形質が X 染色体上の1遺伝子によって決定されることを明らかになっているが(Hayashi et al. 2007)、この遺伝子はまだ同定されていない。</p> <p>そこで本研究では、ヤマトシロアリの不妊形質を制御する遺伝子(利他性遺伝子)の同定を行うことを目的とし、交配実験と次世代 DNA シークエンサーを用いた遺伝子連鎖解析を行った。まず、屋久島産と札幌産のヤマトシロア리를交配させて F2 世代を得ることができた。F2 の表現型の分離比は過去の研究(Hayashi et al. 2007)のモデルから予測される値とほぼ一致した。この F2 個体を使用して今後連鎖解析を行って利他性遺伝子の同定をし、その遺伝子の DNA メチル化状態を明らかにする。また本研究では、次世代シークエンサーを用いてシロアリの性決定機構解明のための研究に用いるオス特異的 DNA マーカーの作成に成功した。シロアリにおいては性決定因子とカースト決定因子の相互作用が指摘されているため、シロアリのカースト決定機構を解明するためには性決定機構も解明する必要がある。今後、オス特異的 DNA マーカーを用いてヤマトシロアリの胚の性判別を行い、胚の性間で発現遺伝子の比較を行って性決定機構の解明を行う。</p>					
キーワード FA	シロアリ	次世代シークエンサー	利他性遺伝子	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}	Male-specific molecular genetic markers in the Japanese subterranean termite <i>Reticulitermes speratus</i> (Isoptera: Rhinotermitidae)							
	著者名 ^{GA}	Yoshinobu Hayashi, Kohei	雑誌名 ^{GC}	Insectes Sociaux					
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}	2	0	1	7	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

Evolution of social from solitary life is one of the major transitions in biological evolution (Maynard Smith & Szathmary 1995). Social organisms have evolved many traits that are never found in solitary organisms. Sterile individuals in eusocial insects had been an enigma in evolutionary biology, but Hamilton (1964) proposed the kin selection theory and elucidated the problem. However, genes regulating expression of the sterility have not yet been identified. So far, in a Japanese subterranean termite (*Reticulitermes speratus*), a eusocial insect, while expression of the sterility is known to be regulated by a single gene on X chromosomes, the gene have not been identified.

In this study, we conducted a linkage analysis using hybrid individuals and a genotyping method with a next generation sequencer. We obtained F2 individuals from crosses of *R. speratus* derived from Yakushima and Sapporo. The segregation ratio of the F2 phenotypes was highly similar to those expected from a single-locus model proposed in a previous study (Hayashi et al. 2007). We will carry out a linkage analysis to identify the sterility gene and examine DNA methylation level of the gene. In this study, furthermore, we developed male-specific molecular genetic markers using a next generation sequencer. In termites, because it is suggested that caste determination factors are interact with sex determination factors, to reveal caste determination mechanisms requires identification of sex determination factors. We will conduct sex discrimination of embryos and then gene expression analyses between female and male embryos to identify sex determination factors.