

京都府公立大学法人若手研究者・地域未来づくり支援事業研究成果報告書

	(所 属)	(職名・学年)	(氏 名)
研究者 (研究代表者)	生命環境科学研究科 応用生命科学専攻	博士前期過程・ 1 回生	田井 博登
研究の名称	翅の有無を切り替える遺伝基盤の解明とそこから探る昆虫の翅の起源		
研究の キーワード	昆虫・翅多型・ゲノム・琉球列島・集団遺伝学		
研究の概要	<p>昆虫は翅（はね）の獲得によって様々な環境への進出が可能になり，その多様性と分布域が飛躍的に広がったと考えられている．一方，翅という構造の維持・飛行は昆虫にとってエネルギー的にコストのかかる生き方でもある．そのため，翅を持つ昆虫では成虫期に翅の有無・長さを調節する能力を獲得した種が見られ，そのような形質は翅多型と呼ばれる．翅多型を示す種では，通常の翅を持つ個体（長翅型）や翅を全く持たない個体（無翅型）などが見られ，飛行能力の違いから個体間において大きな違いが生まれることとなるため，生活史に多大な影響を与える発生上の変更がどのような遺伝基盤によって制御されているのかに大きな興味もたれる．</p> <p>本研究で着目するセスジアメンボ <i>Limnogonus fossarum fossarum</i> は，東洋区の熱帯，亜熱帯地域に分布するアメンボ科の昆虫で，日本では琉球列島に生息する．本種には長翅型と無翅型の翅多型が見られ，申請者らのこれまでの研究により，長翅型と無翅型の切り替えに関与すると思われるゲノム領域が，1本の染色体上に特定されつつある．しかし，現段階で解読できているセスジアメンボのゲノム情報は非常に断片的であり，特定されつつあるゲノム領域にどのような遺伝子が存在するのかは全く分かっていない．</p> <p>そこで本研究では，まず翅型決定に関与すると思われるゲノム領域にどのような遺伝子が存在しているのかを調べるため，部分的な配列しか得られていない核ゲノム情報をより長く正確に解読することを目指す．さらに，長翅型と無翅型で発現している転写産物を比較することで，翅型の決定に関わる可能性がある遺伝子を探索し，翅の有無の切り替えと翅の獲得に関与した遺伝子の特定を目指す．</p>		

<p>研究の背景</p>	<p>昆虫の翅の発生を制御する遺伝基盤については、キイロショウジョウバエをはじめとしたモデル生物での研究が進められており、これまでに複数の候補遺伝子の存在が報告されている。しかし、それらの遺伝子の機能や遺伝子間での反応経路には未だ解明されていない点も多く残されている。</p> <p>翅多型を持つ昆虫では、翅型の異なる個体間の発現比較によって翅発生に関与すると考えられる既知の遺伝子が検出されている一方、その機能が未知である転写産物も存在する。これらの昆虫は、種内で翅の有無を切り替えているため、通常翅型の異なる個体間で翅発生に関与すると考えられる遺伝子以外の発現量に大きな差は見られないと予想される。そのため、翅多型を示す昆虫において発現比較を行った場合には、翅発生に関与している可能性のある未知の遺伝子の発見が期待できる。</p>
<p>研究手法</p>	<p>セスジアメンボの全ゲノムシーケンシングでは、1つの解析断片ごとに数kbの配列情報を読み取ることができる第3代シーケンサーのPacBio Sequel IIを用いる。今回のシーケンシングでは、申請者らの研究により得られた、十分に近親交配が進んだ無翅型の純系選抜の個体から得られたDNA抽出産物を用いる。この抽出サンプルは、予備的に行ったIllumina社のHiSeqを用いた短い断片長のゲノム解析でも用いており、本申請課題で取得するPacBioのデータと統合することで、セスジアメンボのゲノム情報の質を飛躍的に向上させる。データの解析には、スーパーコンピューターを使用する。</p>
<p>研究の成果 (実現できた研究の質の向上又は地域振興の内容等)</p>	<p>本年度の研究では、PacBio Sequel IIを用いたロングリードシーケンスによって、利用可能な本種のゲノム情報量を大幅に向上させることに成功した。具体的には、リード数で620万以上、塩基対にして578億ほどの情報が得られ、各リードのうち、実際に解析に用いる差ブリードで総取得長577億ほど、N50で12k以上、平均長でも8kほどの長い配列が得られた。セスジアメンボのゲノムサイズは10億塩基対ほどであり、ロングリードのデータだけで6x近くの情報が得られ、長翅型と無翅型の切り替えに関与すると思われるゲノム領域の配列情報量が飛躍的に向上した。さらに、昨年度に引き続き行っている野生個体に対するゲノムワイドな解析の結果、琉球列島における本種の集団構造についてゲノム全体としての傾向が明らかになりつつある。</p>

<p>今後の期待</p>	<p>今後は、PacBioとIllumina HiSeq Xのそれぞれを用いて得られた配列情報を統合することで、リファレンスゲノムの質を大幅に向上させられることが期待できる。そのため、集団解析・系統解析において、利用できる遺伝的な多型情報の量の向上が見込めるため、これまでの連鎖解析によって特定されつつある翅発生に関与するゲノム領域の配列が解明できると考えられる。また、RNA-seqを行い、長翅型と無翅型の間で発現量が有意に異なる遺伝子があった場合には、その遺伝子のカタログ化を行う。その中に、もし翅発生関与遺伝子として未知の物が含まれていた場合には、昆虫の翅という発生学上重要なテーマについて非常にインパクトのあるデータとなることが期待できる。さらにそれらの遺伝子をリファレンスゲノム上にマッピングすることで、これまでの連鎖解析によって特定されつつある翅発生に関与するゲノム領域にどのような遺伝子が存在するのか、という問いについても明らかにできる可能性がある。</p>
<p>研究発表</p>	<p>田井博登, 中村勇斗, 大島一正, (2020.09.07) 飛行能力に関与するゲノム領域にはどのような分化パターンが見られるか? 日本進化学会第22回オンライン大会.(ポスター発表)</p>