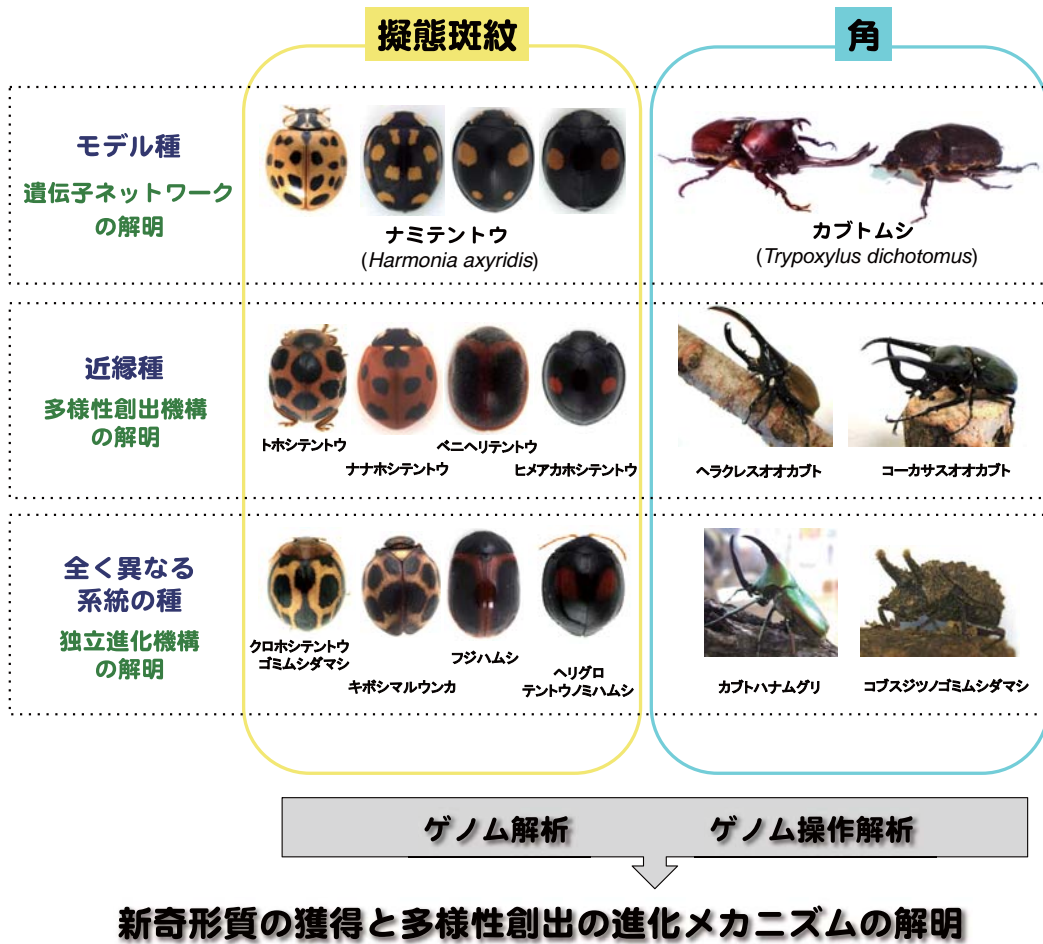


Evo-Devo で探る昆虫の多様性

圧倒的な種数の豊富さを誇る昆虫は、4億年以上にわたる進化の歴史の中で、地球上のあらゆる環境に適応し、それぞれの種が各々の環境に適応すべく多様化した形質を発達させている。100万種以上にも及ぶ昆虫は、多様性の宝庫であり、多様性創出の進化メカニズムを解き明かすための研究材料として未知で無限の可能性を秘めている。進化発生研究部門では、昆虫が進化の過程で獲得した新奇形質に着目し、昆虫の多様な形質をもたらす分子基盤および進化メカニズムを解明することを目指している。



カメノコテントウ



Members

教授
新美 輝幸

助教
大出 高弘
安藤 俊哉

技術課技術職員
水谷 健

NIBB リサーチフェロー
森田 慎一

特別共同利用研究員
間瀬 睦月
(名古屋大学)
彌富 丈一郎
(名古屋大学)

技術支援員
川口 はるか
齋藤 永子
森田 淳子



シロタニガワカゲロウ



マダラシミ

昆虫翅の起源と多様化

翅の獲得及び多様化は、昆虫がこの地球上で最も繁栄する動物群となる大きな要因となっている。手や足と独立に存在する昆虫翅は、他の生物にはない昆虫固有の形質である。翅の起源に関する仮説は2世紀も前から様々なものが提唱されてきたが、翅の起源に関する統一見解は未だ得られていない。また我々は、これまで翅が存在しないと考えられてきた前胸や腹部に翅の連続相同構造が存在することを世界で初めて示すことに成功した。そこで、翅形成のマスター遺伝子 *vestigial* を解析ツールに、翅の起源構造や多様な翅連続相同構造をもたらされる進化メカニズムを探っている。

昆虫は、様々な環境に適応するため機能分化した翅を発達させた。甲虫は、飛翔から体の保護へと機能転換した前翅(鞘翅)を獲得し、全動物種の4分の1を占める圧倒的な種数の豊富さで繁栄を極めている。甲虫の前翅と後翅の比較トランスクリプトーム解析と RNAi スクリーニングを行い、鞘翅をもたらした遺伝子ネットワークを解明したい。

テントウムシの斑紋と擬態

ナミテントウの斑紋には遺伝的多型が存在し、単一遺伝子座の複対立遺伝子による支配を受けることが知られている。RNAi 法や形質転換ナミテントウを用いた遺伝子機能解析により斑紋形成メカニズムを解明する。

テントウムシの赤色と黒色からなる目立つ斑紋は、捕食者に対する警告色として機能する。テントウムシへの擬態により捕食を回避する昆虫は様々な分類群に存在する。系統的に遠縁であるにも関わらず、類似した擬態斑紋が形成されるメカニズムは依然として謎のままである。各種テントウムシやテントウムシに擬態したヘリグロテントウノミハムシを材料に、遺伝子機能解析を通して擬態進化の謎に挑む。

多様な角の進化

角は、全く異なる独立した系統で何度も獲得され、それぞれの系統内には多様な形態が存在する。カブトムシをモデルに比較トランスクリプトーム解析及び RNAi 法などにより、角形成遺伝子ネットワークを解明する。カブトムシから得られた知見を、多様な角を持つ近縁種間で比較し、角の多様化をもたらすゲノム上の変化を探る。さらに、角を独立に獲得した種を用いて同様の比較解析を行い、角の独立進化メカニズムの解明に迫りたい。

昆虫特異的な性決定メカニズムの進化

昆虫の性決定カスケードは、性特異的なスプライシング調節が中心的な役割を果たす点で、他の生物群には存在しない昆虫特異的な分子メカニズムである。無変態昆虫や不完全変態昆虫の遺伝子機能解析を通して、昆虫に特異的な性決定メカニズムの進化的起源の解明を目指す。

遺伝子機能解析ツールの開発

非モデル昆虫の興味深い現象を分子レベルで解明するためには、遺伝子機能解析ツールが必要不可欠となる。そこで、非モデル昆虫での遺伝子機能解析を容易にするために独自に工夫した形質転換体を利用した遺伝子機能解析系、種々の RNAi 法やゲノム編集技術などの開発を行っている。

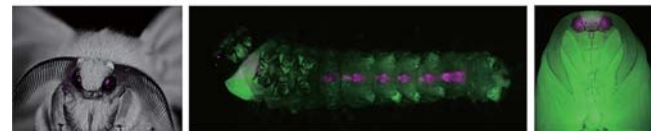


図 1. 形質転換ナミテントウ (上段) と形質転換カイコ (下段)

参考文献

- Gotoh, H., Nishikawa, H., Sahara, K., Yaginuma, T. and Niimi, T. (2015). A new molecular technique for determining the sex of *Harmonia axyridis*. *J. Insect Biotechnol. Sericol.*, *84*, 9-15.
- Kuwayama, H., Gotoh, H., Konishi, Y., Nishikawa, H., Yaginuma, T. and Niimi, T. (2014). Establishment of transgenic lines for jumpstarter method using a composite transposon vector in the ladybird beetle, *Harmonia axyridis*. *PLoS ONE*, *9*, e100804.
- Ito, Y., Harigai, A., Nakata, M., Hosoya, T., Araya, K., Oba, Y., Ito, A., Ohde, T., Yaginuma, T. and Niimi, T. (2013). The role of *doublesex* in the evolution of exaggerated horns in the Japanese rhinoceros beetle. *EMBO Rep.*, *14*, 561-567.
- Ohde, T., Yaginuma, T. and Niimi, T. (2013). Insect morphological diversification through the modification of wing serial homologs. *Science*, *340*, 495-498.
- Masumoto, M., Ohde, T., Shiomi, K., Yaginuma, T. and Niimi, T. (2012). A baculovirus immediate-early gene, *ie1*, promoter drives efficient expression of a transgene in both *Drosophila melanogaster* and *Bombyx mori*. *PLoS ONE*, *7*, e49323.
- Ohde, T., Masumoto, M., Morita-Miwa, M., Matsuura, H., Yoshioka, H., Yaginuma, T. and Niimi, T. (2009). *Vestigial* and *scalloped* in the ladybird beetle: a conserved function in wing development and a novel function in pupal ecdysis. *Insect Mol. Biol.*, *18*, 571-581.

教授
新美 輝幸



助教
大出 高弘



助教
安藤 俊哉

