

# 植物生命科学セミナー

Open Seminar hosted by the Department of Plant-Biosciences

## 第 6 回

### チョウ目昆虫の性、性染色体進化、種分化と 嗅覚受容遺伝子について

日時: 2017 年 11 月 24 日 (金) 15:30~17:30、親睦会 17:45~

セミナー場所: 農学部南講義棟 5 番講義室

親睦会: 農学部 2 号館 2 階 204 号室 (共通セミナー室)

チョウ目昆虫を対象に研究を進めている研究者 3 名から、性決定や性染色体の進化、味やにおいなどの感知に重要な役割を持つ嗅覚受容遺伝子の多様性について話題提供いただきます。チョウ目昆虫では、性フェロモン受容や雌の産卵選好性にも嗅覚受容遺伝子が関与すると考えられております。演題と縁者は以下の通りです。なお、セミナー修了後には親睦会を催します。参加費無料、持ち込み歓迎にて実施いたします。セミナー親睦会とも多数のご来場をお待ちしております。

#### 話題提供者と演題

##### 1. 15:30~16:15

From sex chromosomes to sex determination in Lepidoptera

チョウ目昆虫の性染色体から性決定について

Dr. František Marec (Institute of Entomology, Biology Centre CAS, Ceske Budejovice, Czech Republic)

##### 2. 16:15~16:45

Understanding of complex sex chromosome evolutions in wood white butterflies

ヒメシロチョウ属の数種の性染色体進化解明にむけて

Dr. Atsuo Yoshido (Iwate University and CAS)

##### 3. 16:45~17:30

Gain and loss of odorant receptor genes leads to variable organization among *Ostrinia* moths

嗅覚受容体遺伝子の重複・欠失とアワノメイガ属内での遺伝子構成の多様化

Dr. Yuji Yasukochi (Institute of Agrobiological Sciences, NARO)

## 要旨 (Abstract)

### 1. 15:30~16:15

From sex chromosomes to sex determination in Lepidoptera

Dr. František Marec (Institute of Entomology, Biology Centre CAS, Ceske Budejovice, Czech Republic, [marec@entu.cas.cz](mailto:marec@entu.cas.cz))

Moths and butterflies (Lepidoptera) have sex chromosome systems with female heterogamety (WZ/ZZ or derived variants). However, the actual mechanism of sex determination is largely unknown. Only recently the primary sex-determining factor was discovered in the silkworm (*Bombyx mori*). In this model species, the W chromosome encodes the Fem piRNA, which promotes femaleness by downregulation of the expression of a Z-linked gene, *Masculinizer* (*Masc*), promoting male development in the absence of the W chromosome. However, little is known about the role of W chromosome in other Lepidoptera. The W chromosome is a novelty in Lepidoptera, as it is absent in the sister order Trichoptera (caddisflies) and in the most primitive moths such as Micropterigidae. Our recent data on the W presence/absence in lower Lepidoptera, together with conserved synteny of Z-linked genes, suggest the multiple origin of the W chromosome, although its single origin followed by repeated losses cannot be ruled out. Recent findings in wild silkmoths (*Samia cynthia* ssp.) questioned the conserved role of W chromosome in determining the female sex. Hybrids of wild silkmoths from crosses between geographical subspecies with different sex chromosome constitutions produced offspring, in which the W chromosome was inherited by both genders without any effects on their fitness. Little is also known about sequence composition of lepidopteran W chromosomes because they have mostly been excluded from whole genome sequencing projects due to the high amount of repetitive sequences. We have developed a straightforward strategy to analyze the W chromosome DNA. In the diamondback moth (*Plutella xylostella*), we prepared DNA samples of the W chromosome by laser microdissection for next-generation sequencing. The obtained W-sequence reads were used for read mapping on a PacBio female genome assembly to identify large W-contigs. The W-read-mapping produced a high quality PacBio W-chromosome assembly of 9.6 Mb, mainly composed of repetitive DNA sequences, but also of genes of viral and eukaryotic origin, most notably tandemly arranged truncated *Masc* copies. Interestingly, we have recently identified several genes of the silkworm sex-determining pathway in the flour moth (*Ephestia kuehniella*) and also found *Masc* copies located in the W chromosome. The function of these copies is currently being tested experimentally.

## チョウ目昆虫の性染色体から性決定について

### フランティゼック マレツツ (Frantisek Marec)

チョウ目昆虫は、雌ヘテロ型 (WZ/ZZ) とその変異型の性染色体システムを持つ。最近カイコにおいて、初期性決定因子が同定されるという大発見があったが、雌ヘテロ型の性決定メカニズムの大部分は未解明

である。チョウ目昆虫のモデル種であるカイコの W 染色体にコードされる Fem piRNA は、Z 関連の *Masculinizer (Masc)* 遺伝子を下方抑制する。このため、W 不在下 (ZZ) では、雄への発生が誘起される。チョウ目昆虫は一般的に W 染色体を持つが、姉妹系統群のトビケラ目昆虫とコバネガ科など祖先的なチョウ目昆虫は W を持たない。W 染色体が何度も欠失したことを想定した単一祖先であるとの説は完全には除外できない。しかし、我々が明らかにした祖先的チョウ目昆虫種における W の有り／なしは、W 染色体が複数起源であることを示唆している。最近、野蚕のシンジュサンにおいて、W 染色体の性決定機構の保存性を疑問視させる発見があった。異なる性染色体構成を持つ地理的亜種間での交配から、W 染色体は雌雄どちらにも遺伝し、子孫の適応度にも影響を与えないことが明らかになったのである。

チョウ目昆虫の W 染色体を構成する塩基配列もほとんど決定されていない。W 染色体は、高度な繰り返し配列から構成されるため、全ゲノム配列決定プロジェクトでは、雄の配列決定が行われてきたからである。なんとか W 染色体の配列を決定するため、我々は、直接、W 染色体 DNA を解析する方法を開発した。コナガの W 染色体をレーザーマイクダイセクションし、次世代シーケンスに供試するという方法である。W 配列は、PacBio による雌ゲノムアセンブルに用いられ 9.6Mb にも達する大きな W コンテイングが得られた。その大部分は勿論、繰り返し配列から構成されていたが、ウイルスや真核由来の遺伝子やトランケートとなった *Masc* のコピーがタンデムに配置される配列も得られた。我々は、このところスジコナマダラメイガにおいて、カイコ性決定関連遺伝子のホモログの同定を行っている。その過程で、スジコナマダラメイガの W 染色体にも *Masc* のコピーが存在しているという興味深い発見をした。これら *Masc* 連遺伝子のコピーに関する機能解析を実施しているところである。

## 2. 16:15~16:45

### Understanding of complex sex chromosome evolutions in wood white butterflies

Dr. Atsuo Yoshido<sup>1,2</sup> (1. Iwate University, 2. Biology Centre of The Czech Academy of Science)

Sex chromosomes often play important role in sex determinations or fundamental evolutionary process, such as adaptation and speciation. Thus their evolution and molecular differentiation belong to most intriguing questions of evolutionary genetics. It has been believed that sex chromosome rearrangements between closely related species may contribute to formation of reproductive barriers and facilitate divergence toward speciation. Wood white butterflies of the genus *Leptidea* (Pyrallidae) are one of good models for studying the relationships between their chromosome evolutions and reproductive isolations. Three Western Palearctic cryptic species, *Leptidea juvernica*, *L. sinapis*, *L. reali* clearly differ in their genetic and karyotype characteristics. Recent works reported that their karyotypes show variable chromosome numbers even within species and they have a unique system of multiple sex chromosomes with 3-4 W chromosomes and 3-6 Z chromosomes originating from complex chromosome rearrangements between ancestral sex chromosome and autosome. However little is known about their molecular genetic markers and genome information. Colleagues of mine and I are now trying to reconstruct complex sex chromosome evolutions in *Leptidea* genus and clarify their role in speciation. To identify genomic regions involved in their complex sex chromosomes, we have

established several genomic tools (BAC library, de novo assembled transcriptome, array-CGH etc.) in *Leptidea* species. Using the tools we are analyzing complex sex chromosomes in *Leptidea* species. In this seminar, I will introduce a part of our projects in the wood white butterflies.

## ヒメシロチョウ属の数種の性染色体進化解明にむけて

吉戸敦生（岩手大学農学部）

蝶や蛾が属するチョウ目昆虫は、動物界で最も種数が多い昆虫種の 1 つである。種間での性染色体構成の違いは、生殖隔離さらには種分化に深く関与することが理論的には提唱されているが、その実証例はこれまでにほとんど無い。シロチョウ科コバネシロチョウ亜科に属する *Leptidea* 属（ヒメシロチョウの仲間）は、性染色体構成の変化が生殖隔離にどのように関与しているかを実証するのに適した鱗翅目昆虫種の 1 つである。ヨーロッパに生息するヒメシロチョウ属の 3 種 *Leptidea juvernica*、*L. sinapis*、*L. reali* は、形態的に区別するのは非常に困難であるが、遺伝的に明らかに区別でき、それらの染色体数もそれぞれの種で異なっている。さらに最近、それら 3 種の性染色体構成はそれぞれの種で異なっており、W 染色体が 3-4、Z 染色体が 3-6 と非常に複雑で多様性に富んでいることが報告されている。*Leptidea* 属の性染色体システムは、複雑であるが故に、分子遺伝学的情報・ゲノム情報が皆無である。そこで、演者らは、複雑な性染色体同定を目指し、様々な手法 *Leptidea* 属の分子遺伝マーカーを構築し、ヒメシロチョウ属間の性染色体構成変化と種分化の関連性解明に向けて研究に取り組んでいる。本講演では、我々のヒメシロチョウの染色体研究の一部を紹介したい。

### 3. 16:45~17:30

Gain and loss of odorant receptor genes leads to variable organization among *Ostrinia* moths

Dr. Yuji Yaskochi (Institute of Agrobiological Sciences, NARO)

More than 50 odorant receptor genes are located in lepidopteran genomes, however, little is known about differences among closely related species, which might lead to phenotype changes in sex pheromone response and host plant selection. We compared pheromone receptor gene clusters among three *Ostrinia* moths, and found variable gene organization due to gene duplications and subsequent inactivation.

## 嗅覚受容体遺伝子の重複・欠失とアワノメイガ属内での遺伝子構成の多様化

安河内祐二（農研機構）

嗅覚受容体遺伝子は、チョウ目ではゲノム上に 50 コピー以上存在するが、近縁種間にどのような相違が存在して性フェロモン受容や食草選択などの表現型に影響しているのかは明らかではない。性フェロモン成分の異なるアワノメイガ属 3 種で、性フェロモン受容体サブファミリーに属する遺伝子クラスターの構造を比較したところ、遺伝子の重複・欠失に伴う遺伝子構成の違いが見出された。その他の嗅覚受容体遺伝子の多様性についても解析を進めているので、合わせて紹介したい。