

## マダラシミ *Thermobia domestica* における性決定関連遺伝子 *doublesex*, *transformer* の遺伝子構造

千頭 康彦・新美 輝幸

### Yasuhiko CHIKAMI<sup>1)</sup> and Teruyuki NIIMI<sup>2)</sup>: Gene Structures of Sex-determination Related Genes, *doublesex* and *transformer* in *Thermobia domestica*\*

<sup>1)</sup> Department of Basic Biology in the School of Life Science, SOKENDAI, Nishigonaka 38, Okazaki, Aichi 444-8585, Japan

<sup>2)</sup> Division of Evolutionary Developmental Biology, National Institute for Basic Biology, Nishigonaka 38, Myodaiji, Okazaki 444-8585, Japan

E-mail: chikami@nibb.ac.jp (YC)

節足動物の雄と雌の違いは、転写因子である *doublesex* (*dsx*) により生み出される。完全変態類の *dsx* はスプライシング制御因子である *transformer* (*tra*) により、雄と雌で異なるスプライシング制御を受け、結果的に雌雄で異なるタンパク質を生じる (Suzuki, 2018)。すなわち、完全変態類の *dsx* は性特異的スプライシング制御により、雌雄差を形成している。しかしながら、節足動物における *dsx* 制御メカニズムの具体的な進化プロセスは未だ不明のままである。この進化プロセスの理解には、*dsx*, *tra* の遺伝子構造や発現、機能に関して、完全変態類以外の昆虫類からの知見が必要である。

そこで、本研究は、昆虫類の *dsx*, *tra* の遺伝子構造と発現における祖先状態の理解を目的とした。そのため、本研究は有翅昆虫類の姉妹群にあたり、初期に分岐した昆虫類である総尾目のマダラシミ *Thermobia domestica* に着目し、*dsx*, *tra* mRNA の全長配列決定および雌雄での発現解析を行なった。

トランスクリプトーム解析および Rapid Amplification of cDNA End (RACE) 法を用いて、マダラシミ *dsx*, *tra* の全長配列に成功した。その結果、*dsx* と *tra* に複数のアイ

ソフォームを見出した。*dsx* アイソフォームは多量体化ドメインに違いが見られた。*tra* アイソフォームはいずれもタンパク質となりうることが予測された。RT-PCR 法により、*dsx*, *tra* アイソフォームは雌雄共通もしくは雌特異的であることが明らかとなった。さらに、定量 PCR 法による雌雄での発現比較から、*dsx*, *tra* 各アイソフォームは雌雄いずれかに高い発現を示すことが明らかとなった。

以上の結果および先行研究を踏まえると、マダラシミ *dsx* と *tra* の遺伝子構造と発現は、完全変態類との共通点および甲殻類との類似点をあわせもつと解釈される。すなわち、昆虫類 *dsx*, *tra* の祖先状態は、完全変態類と甲殻類の中間型の特徴であった可能性が考えられる。

#### 引用文献

Suzuki, M.G. (2018) Sex determination cascade in insects: a great treasure house of alternative splicing. In K. Kobayashi, T. Kitano, Y. Iwao and M. Kondo (eds.), Reproductive and Developmental Strategies. The Continuity of Life, pp. 267-288. Springer, Tokyo.