

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 5 月 23 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26292172

研究課題名(和文) 鱗翅目昆虫の性決定制御に関わるmiRNA-mRNAネットワークの包括的理解

研究課題名(英文) Identification of miRNA-mRNA network involved in regulation of the sex determination in lepidopteran insects

研究代表者

鈴木 雅京 (Suzuki, Masataka)

東京大学・新領域創成科学研究科・准教授

研究者番号：30360572

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 11,200,000円

研究成果の概要(和文)：microRNAがカイコの性分化制御に関与することを検証するため、性決定時期に発現するmiRNAを網羅的に探索した結果、miR-2733i-3pが性決定時期において最も発現量が高いことが判明した。miR-2733i-3pをノックダウンすると、性決定遺伝子Bmdsxの発現量が減少することを突き止めた。in silico解析によりmiR-2733i-3pはBmdsxを標的のすると予測されたため、miR-2733i-3p標的部位のバリデーションを解析を行ったところ、miR-2733i-3pはBmdsx mRNAの3' UTRに存在する標的配列を介して翻訳抑制を引き起こすことが判明した。

研究成果の概要(英文)：To investigate whether microRNAs (miRNAs) are involved in sexual development of the silkworm *Bombyx mori*, we performed genome wide analysis for miRNAs that are highly expressed in the sex determination stage. The analysis identified that miR-2733i-3p is specifically expressed at the sex determination stage. Knockdown of miR-2733i-3p resulted in lower expression of the sex-determining gene Bmdsx in embryonic stage. in silico analysis predicted that Bmdsx is a possible target of miR-2733i-3p. Our validation analysis with reporter assays demonstrated that miR-2733i-3p binds to a target sequence in the Bmdsx 3' UTR and repress its translation. These results suggest that miR-2733i-3p may regulate sexual development of the silkworm by regulating the expression of Bmdsx.

研究分野：分子昆虫学

キーワード：性決定 性分化 microRNA doublesex カイコ

1. 研究開始当初の背景

全ゲノムシーケンスの結果、タンパク質をコードする領域は全ゲノムの数%を占めるに過ぎないことがわかり、その後の大規模トランスクリプトーム解析によって膨大な数の非コード RNA (non-coding RNA: ncRNA) の存在が明るみになった。ncRNA のうち「機能性 RNA」として最も脚光を浴びているのが microRNA(miRNA)である。miRNA は約 20 塩基の単鎖 RNA からなる小分子であり、特定の mRNA の 3'UTR 配列に結合し、その分解や翻訳抑制を引き起こすことによって遺伝子の発現を抑制することが知られている。近年、miRNA が発生・分化・細胞増殖・アポトーシス・記憶や学習など、実に様々なプロセスに関与するとの報告が相次いでいる。しかも miRNA の多くは生物種間において広く保存されていることから、miRNA は複雑な生命現象の謎をひも解く新たな鍵分子としても注目を集めている。miRNA に着目することによって、遺伝子発現の制御因子としてタンパク質に焦点を当ててきた従来のアプローチだけでは解明できなかった多くの遺伝子発現制御機構の理解にも新たなブレイクスルーがもたらされると期待できる。

我々は、次世代シーケンサーを利用した RNA-seq データに基づく大規模トランスクリプトーム比較解析を雌雄間で実施し、性決定が起こるステージのカイコ雌胚子において高発現する RNA を探索した (Sakai et al, 論文投稿中)。その結果、カイコ及びその近縁種の W 染色体に座乗する遺伝子によってコードされる ncRNA を複数見出すことに成功した。その結果、カイコ及びその近縁種の W 染色体に座乗する遺伝子によってコードされる ncRNA を複数見出すことに成功した。しかも、このうちの 1 つ *FET-WI* (*Female Expressed Transcript from W chromosome 1*) をノックダウンすると、雌において性決定遺伝子 *Bmdsx* の雄型のスプライシングが起こることを発見した。詳細な塩基配列解析と RNA 二次構造の予測から、*FET-WI* は *let-7* miRNA の seed 配列と酷似した塩基配列をもつ miRNA (*W-specific let-7 like: Wlet-7-l*) をコードする可能性が高いことが判明した。また、miRNA RT-PCR の結果は、*Wlet-7-l* が雌特異的に発現していることを示唆していた。さらに興味深いことに、*Bmdsx* の雄特異的スプライシング制御因子である *BmIMP* の mRNA の 3'UTR に、この miRNA の seed 配列と完全な相補鎖を形成する塩基配列が見出された。この発見は、ヒト及びショウジョウバエの *IMP* が、その 3'UTR 上に存在する *let-7* 標的配列を介して *let-7* miRNA による発現抑制を受けるという事実を想起させる。我々は最近、*BmIMP* が性決定のメモリーデバイスとしての機能をもつことを発見した (Suzuki et al., 2015)。昆虫の性は、メモリーデバイス遺伝子の ON/OFF によって制

御されると考えられている (Saccone et al., 1998) ことから、W 染色体上の miRNA が *BmIMP* の発現制御に関わることをほのめかすこれらの発見は、極めて理に叶っているといえる。

以上の新発見に基づき、我々は *FET-WI* がコードする新規 miRNA *Wlet-7-l* がカイコの性決定のマスタースイッチとして機能するとともにユニークな仮説を立て、それを立証するために本研究課題を着想するに至った。

2. 研究の目的

本研究では、我々が独自に発見した *Wlet-7-l* miRNA が性決定のマスタースイッチとしての役割をもつことを調べることを最初の目的とする。このために *Wlet-7-l* miRNA の seed 領域を標的とする LNA オリゴマーを用いた機能阻害実験を行い、性転換などの表現型が生じるか否かを確認する。次に、*Wlet-7-l* miRNA の seed 配列に相補的な塩基配列をその 3' UTR 上にもつ *BmIMP* mRNA の分解や翻訳阻害が *Wlet-7-l* miRNA によって引き起こされることを確認する。また、*Wlet-7-l* miRNA の標的バリデーションを目的として、*BmIMP* の野生型 3'UTR もしくは *Wlet-7-l* の標的部位に変異を導入した 3'UTR 配列をレポーター遺伝子下流に組み込み、レポーター活性の変化を調べる。更に *Wlet-7-l* miRNA の標的となる mRNA を同定するため、Targetscan を用いた in silico での標的 mRNA の予測を行うと共に、miRNA-mRNA ペアリング解析を行うことによって生化学的に標的 mRNA の同定を試みる。こうして同定された mRNA をコードする個々の遺伝子を CRISPR/Cas9 システム利用したジーンターゲットングにより破壊し、性徴や妊性に及ぼす影響を観察することによって、当該遺伝子が実際に性決定や性分化に関与するか否かを評価する。これらの作業を体系的に反復することにより、カイコの性決定制御に関わる miRNA-mRNA ネットワークの全体像を明らかにすることを最終的な目的とする。

3. 研究の方法

W 染色体上の遺伝子 *FET-WI* がコードする *Wlet-7-l* miRNA が性決定のマスタースイッチと機能することを確認するため、LNA オリゴマーを用いた機能阻害実験を行う。次に *Wlet-7-l* miRNA seed 配列に相補的な塩基配列をその 3' UTR 上にもつ *BmIMP* mRNA に着目し、その分解や翻訳阻害が *Wlet-7-l* miRNA によって引き起こされることを確認すると共に、レポーターアッセイを用いた *Wlet-7-l* miRNA 標的配列のバリデーションを行う。更に in silico での標的 mRNA の予測を行うと共に、miRNA-mRNA ペアリング解析を行うことによって標的 mRNA の同定を試みる。同定された個々の遺伝子が性決定・性分化・妊性などに関わるか否かを機能阻害及び機能喪失

実験により評価する。このようにして、カイコの性決定制御に関わる miRNA-mRNA ネットワークの全体像を明らかにすると共に、同様の miRNA-mRNA ネットワークが他の鱗翅目昆虫の性決定制御や共生細菌による宿主の性転換を説明し得るか検証を行う。

4. 研究成果

(1) カイコの性決定の記憶素子 *Imp* は *let-7* miRNA の標的ではないことを明らかにした

Imp は、ヒトやショウジョウバエにおいて *let-7* による発現抑制を受ける。一方、我々はカイコの *Imp* の 3'UTR に *let-7* の seed 配列と相補鎖を成す配列を見出している。*Imp* はカイコの *dsx* (*Bmdsx*) の性特異的スプライシングを雌型から雄型にシフトするために必要な因子であり、雄分化に関与するとされている。また、*Imp* は自動制御機構を通して雄において自己の発現を維持し続ける性決定の記憶素子として機能することもわかっている (Suzuki et al., MOD, 2015)。我々は、miRNA がカイコの性決定に関わる可能性を検証するため、カイコにおける *let-7* と *Imp* との関連性について調べることにした。当研究室において継代している雄胚由来 NIAS-Bm-M1 と卵巣由来 BmN 細胞における *let-7* の発現について調べたところ、注目すべきことに NIAS-Bm-M1 細胞には mature form が存在せず、BmN 細胞にのみ *let-7* mature miRNA が発現することが判明した。この発見により、これらの培養細胞は *let-7* の機能を解析する上で優れたアッセイ系として利用できることがわかった。しかも、anti-*let7* LNA をトランスフェクションするだけ簡便且つ完全に *let-7* の発現を抑制できることも判明した。そこでこの培養細胞と LNA を用いたノックダウンを併用した *let-7* アッセイ系を構築することにより、*let-7* と IMP タンパク質の発現量、及びそれ以外のカイコの性決定に関わる遺伝子 (*Fem*、*Masc*、*Bmdsx*) の発現量についての関連性について調べたところ、IMP タンパク質の発現量に変動は見られず、その他の性決定遺伝子の発現量も変化しないことが判明した。以上の結果から、*Imp* は *let-7* miRNA の標的では無く、また、カイコの性決定遺伝子は *let-7* miRNA の制御を受けないことが明らかとなった (松野ら、第 37 回日本分子生物学会年会; 松野ら、第 1 回蚕糸・昆虫機能利用関東地区学術講演会)。

(2) *FET-W1* はカイコの雌決定のマスター遺伝子 *Fem* であることを明らかにした

本研究課題を申請した時点で、我々は W 染色体に座乗する ncRNA をコードする遺伝子 *FET-W1* (*Female Expressed Transcript from W chromosome 1*) をノックダウンすると、雌において性決定遺伝子 *Bmdsx* の雄型のスプライシングが起こることを発見していた (酒井、平成 26 年度蚕糸・昆虫機能利

用学術講演会)。そこでこの遺伝子がカイコの性決定カスケードに占める位置と役割を明らかにするため、*FET-W1* のノックダウンが他の性決定遺伝子の発現に及ぼす影響を調べることにした。その結果、*FET-W1* のノックダウン雄において雄型 *Imp* の発現量が有意に減少することが判明した。さらに *FET-W1* のノックダウン雄では雌型 *Bmdsx* の発現がみられることもわかった。以上の結果から、*FET-W1* は性決定カスケードの最上流に位置することが予想された (Sakai et al., MOD, 2015)。

時を同じくして東京大学農学部の勝間らの研究グループが *Hikaru* とよばれる W 染色体特異的遺伝子を同定しており、*Hikaru* と *FET-W1* は全く同一の遺伝子であることが明らかとなった。その後の共同研究により、この遺伝子がカイコの雌決定の最上流遺伝子として古くから予測されてきた *Fem* そのものであることが判明した (Kiuchi et al., Nature, 2014; Sakai et al., The Seventh International Symposium on Molecular Insect Science; 酒井ら、第 37 回日本分子生物学会年会)。

(3) *Masc* は雄分化にとって重要な機能をもつことを明らかにした

Kiuchi ら (2014) により、*Fem* の下流の標的として *Masc* が同定された。*Masc* は雄型 *Bmdsx* の発現に必要であることから、雄分化に関わる機能をもつと予想されていたが、この点について不明のままであった。

そこで *Fem* の制御を免れる *Masc-R* の発現を人為的に制御することが可能な遺伝子組換え体がどのような異常を示すか調べることにした。その結果、*Masc-R* をもつほとんどの雌において卵巣に異常が見られること、卵巣に含まれる卵の数も顕著に少ないことが確認された。そこでこれらの雌における性分化遺伝子 *Bmdsx* の発現を確認したところ、雌であるにも関わらず雄型 *Bmdsx* の発現がみられることが判明した。さらに雌の体液において特徴的にみられるタンパク質であるピテロジェニンの量を調べたところ、*Masc-R* をもつ雌の体液にはピテロジェニンがほとんどみられないことが明らかとなった。また、異常を示した卵巣を組織学的・解剖学的に調査した結果、異常卵巣の中に精巣に酷似した組織の形成がみられることを突き止めた。この精巣様組織では、精巣特異的な遺伝子の発現がみられたばかりでなく、多数の精子の形成もみられることがわかった。さらに外部生殖器や腹部の特徴についても雄化の傾向がみられた。これらのことから、*Masc* は体や組織を形づくる体細胞と精子や卵のもととなる生殖細胞のいずれにおいても雄化を引き起こす機能をもつことが明らかとなった。本研究は、鱗翅目昆虫の雄化に関わる遺伝子の機能を解明した世界で初めての報告である (Sakai et al., PLOS Genet., 2016; 酒

井ら、第 38 回日本分子生物学会年会; 酒井ら、第 85 回蚕糸・昆虫機能利用学術講演会)。

Masc は Zn フィンガータンパク質に属するタンパク質をコードすることがわかっている。同様のタンパク質をコードする遺伝子は多くの生物のゲノムに見出されており、そのいくつかについては詳細な機能解析がなされていますが、雄化を引き起こす機能をもつことが示された例はこれまでにひとつ存在しない。カイコに近縁のいくつかの蛾類昆虫でも *Masc* が雄化に関わることを示唆する報告があることから、*Masc* は蛾類昆虫が進化する過程で雄化を引き起こす機能を獲得した蛾類昆虫にユニークな性決定遺伝子であると考えられる。

(4) 性分化遺伝子 *Bmdsx* の制御に関わる miRNA を発見した

本研究の本来の目的である、性分化制御に関わる miRNA を同定するため、カイコの性決定時期における small RNA シーケンスを実施し、性決定時期において特異的に高発現する miRNA を同定することにした。そもそも miRNA がカイコの性決定遺伝子の発現パターンや発現量の制御に関与するかどうかを検証するため、miRNA による翻訳抑制に必須の因子である *Ago1* のノックダウンを行い、miRNA 経路を遮断した場合に性決定遺伝子の発現量に変化がみられるか調査した。その結果、*Bmdsx* の発現量が雌雄どちらにおいても著しく減少することが判明したことから、miRNA が *Bmdsx* の発現量の維持に関わるのが強く示唆された。そこで、*Bmdsx* の発現量の制御に関わる miRNA を同定するため、性決定時期に発現する miRNA を網羅的に同定した後、発現量に性差のある miRNA を探索した。その結果、雌で高い発現を示す miRNA を 282 個、雄で高い発現を示す miRNA を 330 個同定することができた。それぞれ上位 50 個の miRNA について RT-PCR 及び qRT-PCR を行い、胚発生時期における発現パターンと発現量の推移について詳細に調べた。その結果、miR-2733i-3p のみが性決定時期の雄において最も発現量が高いことが判明した。そこで miR-2733i-3p をノックダウンした卵における性決定遺伝子の発現量を調べたところ、*Bmdsx* の発現量は雌雄どちらにおいても減少することが判明した。miR-2733i-3p の標的遺伝子を推定するため、in silico 解析を行った結果、1851 遺伝子が標的として予測された。これらを予測信頼度の高い順に並べたところ、転写因子としては *Bmdsx* が最高位であることが判明した。レポーターアッセイによる miR-2733i-3p 標的部位のバリデーションを行った結果、miR-2733i-3p は *Bmdsx* mRNA の 3' UTR の 509~531nt に存在する標的配列を介して翻訳抑制を引き起こすことが判明した。以上の結果、最も有力な miR-2733i-3p の標的遺伝子は、*Bmdsx* であると結論づけた (松野ら、第 1 回蚕糸・昆虫機能利用関東

地区学術講演会; 松野ら、第 38 回日本分子生物学会年会)。

胚子期における miR2733 のノックダウンが性分化に及ぼす影響について調べることにした。カイコの実験卵に anti-miR2733 LNA を注射したところ、孵化個体が得られず胚致死することが判明した。そこで胚子期における性分化に及ぼす影響に焦点を絞った解析を行うことにした。胚子期における性的二型については知見がなかったため、胚子の切片標本をステージ毎に作製し、雌雄で比較した結果、催青 II 期(孵化 1 日前)のステージにおいて生殖巣の大きさや生殖細胞の数に有意な雌雄差を認めることができた (Sakai et al., JIBS, 2016; 酒井ら、第 1 回蚕糸・昆虫機能利用関東地区学術講演会; 酒井ら、第 86 回蚕糸・昆虫機能利用学術講演会)。anti-miR2733 LNA を注射した胚子はこのステージまで発生する前に致死に至ったため、miR2733 が性分化に及ぼす影響について明らかにすることはできなかった。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 8 件)

Sakai H, Sumitani M, Chikami Y, Yahata, K, Uchino K, Kiuchi T, Katsuma S, Aoki F, Sezutsu H, Suzuki MG, Transgenic expression of the piRNA-resistant *Masclnizer* gene induces female-specific lethality and partial female-to-male sex reversal in the silkworm, *Bombyx mori*. PLOS Genetics, 査読有, 12, 2016, e1006203, DOI: 10.1371/journal.pgen.1006203

Sakai H, Kirino Y, Katsuma S, Aoki F, Suzuki MG, Morphological and histological structures of testes and ovaries in early developmental stages of the silkworm, *Bombyx mori*. Journal of Insect Biotechnology and Sericulture, 査読有, vol 85, 2016, 15-20, URL: https://www.jstage.jst.go.jp/article/jibs/85/1/85_1_015/_pdf

Suzuki MG, Tochigi M, Sakaguchi H, Aoki F, Miyamoto N, Identification of a *transformer* homolog in the acorn worm, *Saccoglossus kowalevskii*, and analysis of its activity in insect cells. Dev Genes Evol, 査読有, vol 225, 2015, 161-169, DOI: 10.1007/s00427-015-0498-z

Sakai H, Sakaguchi H, Aoki F, Suzuki MG, Functional analysis of sex-determination genes by gene silencing with LNA-DNA gapmers in the silkworm, *Bombyx mori*. Mech Dev, 査読有, vol 137, 2015, 45-52, DOI: 10.1016/j.mod.2015.03.002

Suzuki M. G., Kobayashi S., Aoki F., Male-specific splicing of the silkworm *Imp* gene is maintained by an autoregulatory mechanism. *Mech. Dev.*, 査読有, vol 131, 2014, 47-56, DOI: 10.1016/j.mod.2013.10.004.

Sakai H., Aoki F., Suzuki M. G., Identification of the key stages for sex determination in the silkworm, *Bombyx mori*. *Dev. Genes. Evol.*, 査読有, vol 224, 2014, 119-123, DOI: 10.1007/s00427-013-0461-9

Suzuki M. G., Ito H., Aoki F., Effects of RNAi-Mediated Knockdown of Histone Methyltransferases on the Sex-Specific mRNA Expression of *Imp* in the Silkworm *Bombyx mori*. *Int. J. Mol. Sci.*, 査読有, vol 15, 2014, 6772-6796, DOI: 10.3390/ijms1504772.

Kiuchi T., Koga H., Kawamoto M., Shoji K., Sakai H., Arai Y., Ishihara G., Kawaoka S., Sugano S., Shimada T., Suzuki Y., Suzuki M. G., and Katsuma S., A single female specific piRNA is the primary determiner of sex in the silkworm, *Nature*, 査読有, vol 509, 2014, 633-636, DOI: 10.1038/nature13315.

[学会発表](計29件)

峰 翔太郎, 畠山正統, 炭谷めぐみ, 青木不学, 鈴木雅京, カブラハバチの *doublesex* オルソログの同定とその機能解析, 第39回日本分子生物学会年会, 2016年11月30日~2016年12月2日, パシフィコ横浜(神奈川県横浜市)

高瀬 鍛, 青木不学, 鈴木雅京, 中枢神経系で発現する *doublesex* 標的遺伝子の探索, 第39回日本分子生物学会年会, 2016年11月30日~2016年12月2日, パシフィコ横浜(神奈川県横浜市)

田中有沙, 青木不学, 鈴木雅京, イエバエの雌決定遺伝子 *transformer* は自己の雌型スプライシングを制御する, 第39回日本分子生物学会年会, 2016年11月30日~2016年12月2日, パシフィコ横浜(神奈川県横浜市)

我満俊祐, 青木不学, 鈴木雅京, ショウジョウバエの雌生殖器原基における *lozenge* の発現に必要な *DSX* 結合シスエレメントの同定, 第39回日本分子生物学会年会, 2016年11月30日~2016年12月2日, パシフィコ横浜(神奈川県横浜市)

酒井弘貴, 青木不学, 鈴木雅京, *Fem* ノックダウンが引き起こす卵巣の形態異常, 第2回蚕糸・昆虫機能利用関東地区学術講演会, 2016年11月5日, 宇都宮大学峰キャンパス(栃木県宇都宮市)

峰 翔太郎, 畠山正統, 炭谷めぐみ, 青木不学, 鈴木雅京, カブラハバチの性決定に関わる遺伝子の同定とその機能解析,

第2回蚕糸・昆虫機能利用関東地区学術講演会, 2016年11月5日, 宇都宮大学峰キャンパス(栃木県宇都宮市)

田中有沙, 青木不学, 鈴木雅京, イエバエの雌決定遺伝子 *transformer* は自己の雌型スプライシングを制御する, 第2回蚕糸・昆虫機能利用関東地区学術講演会, 2016年11月5日, 宇都宮大学峰キャンパス(栃木県宇都宮市)

笠原良太, 青木不学, 鈴木雅京, カイコのDMRT 遺伝子とその発現解析, 第2回蚕糸・昆虫機能利用関東地区学術講演会, 2016年11月5日, 宇都宮大学峰キャンパス(栃木県宇都宮市)

酒井弘貴, 鈴木雅京, 雄化を引き起こす解雇遺伝子組換えシステムの解析, 第10回昆虫ワークショップ, 2016年8月30日~2016年9月1日, 富士箱根ランド(静岡県田方郡)

高瀬 鍛, 鈴木雅京, 中枢神経系で発現する *doublesex* 標的遺伝子の探索, 第10回昆虫ワークショップ, 2016年8月30日~2016年9月1日, 富士箱根ランド(静岡県田方郡)

峰 翔太郎, 鈴木雅京, カブラハバチの *dsx* オルソログの同定とその機能解析, 第10回昆虫ワークショップ, 2016年8月30日~2016年9月1日, 富士箱根ランド(静岡県田方郡)

鈴木雅京, 我満俊祐, 青木不学, *DSX* はどのようにして生殖器の性分化を制御するか?, 第10回昆虫ワークショップ, 2016年8月30日~2016年9月1日, 富士箱根ランド(静岡県田方郡)

Sakai H, Sumitani M, Chikami Y, Yahata, K. Uchino K, Kiuchi T, Katsuma S, Aoki F., Sezutsu H, Suzuki MG. Transgenic expression of the *Masculinizer* gene induces female specific lethality and aberrant sexual differentiation in the silkworm, *Bombyx mori*, 第60回日本応用動物昆虫学会大会, 2016年3月26日~2016年3月29日, 大阪府立大学中百舌鳥キャンパス(大阪府堺市)

峰 翔太郎, 畠山正統, 炭谷めぐみ, 青木不学, 鈴木雅京, カブラハバチの *tra-2* 及び *dsx* オルソログの同定とその発現解析, 2016年3月26日~2016年3月29日, 大阪府立大学中百舌鳥キャンパス(大阪府堺市)

酒井弘貴, 青木不学, 鈴木雅京, カイコの胚子期及び若齢幼虫における生殖巣の組織学的及び形態学的観察, 平成28年度蚕糸・昆虫機能利用学術講演会, 2016年3月17日~2016年3月18日, 京都工芸繊維大学(京都府京都市)

Masataka G. Suzuki. Identification of novel sex-determining genes in insects and conserved gene regulatory networks governing sexual dimorphisms, Joint

Symposium on Integrated Biosciences between Zhenjiang University and The University of Tokyo, 2016年3月14日～2016年3月17日, 浙江大学紫金港校(中国浙江省)

Masataka G. Suzuki, Transgenic analysis of the functional role of *Masculinizer* in sexual differentiation of the silkworm, *Bombyx mori*, Collaborative studies on genomic diversity among bombycoid silkmoths in Asia, 2016年2月22日～2016年2月23日, Centre for DNA Fingerprinting and Diagnostics (CDFD) (Hyderabad, India)

松野久美子, 酒井弘貴, 青木不学, 鈴木雅京, カイコの性決定遺伝子の発現量を制御する microRNA の同定, 第38回日本分子生物学会年会, 2015年12月1日～2015年12月4日, 神戸国際会議場(兵庫県神戸市)

酒井弘貴, 笠嶋めぐみ, 青木不学, 瀬筒秀樹, 鈴木雅京, 雄化を引き起こすカイコ遺伝子組換え系統の解析, 第38回日本分子生物学会年会, 2015年12月1日～2015年12月4日, 神戸国際会議場(兵庫県神戸市)

酒井弘貴, 笠嶋めぐみ, 青木不学, 瀬筒秀樹, 鈴木雅京, カイコの性決定カスケードの解明とその機能解析, 平成27年度蚕糸・昆虫機能利用学術講演会, 2015年9月26日～2015年9月27日, 北海道大学農学部(北海道札幌市)

他9件

〔図書〕(計2件)

峰 翔太郎, 畠山正統, 炭谷めぐみ, 青木不学, 鈴木雅京, 昆虫DNA研究会出版, 昆虫DNA研究会ニュースレター25巻, 2016, 31-32.

鈴木雅京, 株式会社 NTS, 生物の科学遺伝 2016年9月号, 2016, 398-403.

〔産業財産権〕

出願状況(計1件)

名称: 雌カイコ致死カイコ系統
発明者: 瀬筒秀樹, 勝間 進, 木内隆史, 鈴木雅京
権利者: 同上
種類: 特許
番号: 特願 2014-232218
出願年月日: 2014年11月14日
国内外の別: 国内

取得状況(計0件)

〔その他〕

ホームページ等

資源生物制御学分野ホームページ
<http://park.itc.u-tokyo.ac.jp/seigyoo/>

東京大学大学院新領域創成科学研究科二
コース

http://www.k.u-tokyo.ac.jp/info/entry/22_entry506/

UTokyo Research News

<http://www.u-tokyo.ac.jp/ja/utokyo-research/research-news/sperm-production-induced-in-female-silkworms.html>

報道関連情報

「メスなのに精子をつくるカイコ-東大が作出に成功」マイナビニュース. 2016年9月15日号

<http://news.mynavi.jp/news/2016/09/15/066/>

「雌のカイコに精子 雄化する遺伝子解明」農業協同組合新聞電子版. 2016年9月21日号

<http://www.jacom.or.jp/saibai/news/2016/09/160921-30899.php>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

鈴木 雅京 (SUZUKI, Masataka)
東京大学・大学院新領域創成科学研究科・准教授
研究者番号: 30360572

(2) 研究分担者

なし

(3) 連携研究者

青木不学 (AOKI, Fugaku)
東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授
研究者番号: 20175160

(4) 研究協力者

酒井弘貴 (SAKAI, Hiroki)
笠嶋めぐみ (KASASHIMA, Megumi)
瀬筒秀樹 (SEZUTSU, Hideki)
畠山正統 (HATAKEYAMA, Masatsugu)