

令和 3 年 6 月 24 日現在

機関番号：18001

研究種目：挑戦的研究(萌芽)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K19217

研究課題名(和文)ミバエ類の腸内細菌が土壌環境の改変により寄主植物に与える影響の解明

研究課題名(英文)Elucidation of biological impacts on host plants by gut bacteria of tephritid fruit flies

研究代表者

松浦 優 (Matsuura, Yu)

琉球大学・熱帯生物圏研究センター・助教

研究者番号：80723824

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 4,900,000円

研究成果の概要(和文)：本研究ではミバエ類の腸内細菌の多様性や機能を明らかにするため、まず沖縄県6島50地点でミバエを収集し、また県内で保存されていた標本と合わせてミバエ類全11種の細菌遺伝子のアンプリコン解析を実施したところ、腸内細菌科の細菌類が主要な腸内細菌であること、宿主の種、集団や果実により細菌種が類似することが示唆された。ミバエ類から単離した1600株以上の細菌株の解析、分子系統解析、FISH法などの顕微鏡観察により主にフクギミバエとナスミバエの腸内共生系を解明した。近年沖縄に侵入が確認されナス科野菜を加害することで知られるナスミバエの累代飼育系を確立し、腸内細菌の機能に迫る実験系の基盤を構築した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

腸内細菌は宿主動物の生存にとって非常に重要な役割を担うことが知られており、ミバエ類などの重要な害虫種を含む昆虫の適応進化にとっても欠かせない存在である。本研究により、過去に全く注目されていなかった日本の野生のミバエ類の腸内細菌叢の基本的な情報や多くの培養株を取得し、それらの感染動態を明らかにするとともに、ミバエ類が野生の植物果実にどのような影響を与えて自然界で繁栄してきたのか解明するための解析の基盤を築くことができた。今後、腸内細菌の操作を介して各腸内細菌が果たす役割を解明することで、性フェロモン合成や寄主適応などの腸内細菌の新規生物機能を利用した画期的な侵入害虫種の防除法の開発が期待される。

研究成果の概要(英文)：In this study, we first conducted a screening survey of native gut symbiotic bacteria of 11 species tephritid fruit flies in the genus *Bactrocera* in Okinawan islands by 16S rDNA amplicon sequencing, cultural isolation, molecular phylogenetics, FISH microscopy and insect rearing. We have found that the fly bacteriota (both culture-dependent and -independent) are dominated by several bacterial genera in the Enterobacteriaceae such as *Pantoea*, *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Klebsiella*, and *Providencia*. Each population of insects from the same host plant fruit tends to harbor similar bacterial species. We have also identified more than 1633 strains by the culture-dependent assay, and representative 13 bacterial OTUs. Also, stable insect cultures were established with the artificial diet and Solanaceae fruits such as tomatoes and peppers for investigating roles of gut bacteria on the host plant utilization and environmental impacts of the gut symbioses.

研究分野：昆虫科学、共生進化学

キーワード：ミバエ 腸内細菌 寄主植物 内部共生 単離培養 FISH ナスミバエ ナス科野菜

## 1. 研究開始当初の背景

この世界はさまざまな共生関係に満ち溢れている。近年、我々ヒトを含む多くの動物種が腸内に細菌を宿すことが示されており、腸内細菌は宿主の生命活動において重要な役割を担う。地上で最も多様性が高い動物と言われる昆虫類においても、腸内細菌が必須栄養素の合成、難分解性食物の消化、有害物質の分解など、宿主にとって適応的な機能を付与することが知られている。このように腸内細菌が宿主に良い影響をもたらすことが認知されつつある一方で、腸内細菌は昆虫体内に留まるのみならず、宿主の排泄、産卵または死によって宿主体外、つまり環境に放散しているはずである。ところが腸内細菌の環境中における動態や生態学的な位置づけには不明な点が多い。腸内細菌は宿主体外へと排出されたのち、一体どこで何をしており、それはいかなる生態的意義を有するのであろうか？この疑問にきわめて重要な示唆を与えると期待される共生系が存在する。それがミバエ-腸内細菌の関係である。植食性のミバエ類はメス親が野菜や果実内に産卵し、孵化した幼虫が果肉を食べて成長する。このとき腸内細菌は果肉中の難消化性多糖の分解・消化や窒素固定を促進して、幼虫の生育に重要な役割を担うと言われている。我々が注目したのは、ミバエ寄生により果実の腐敗が促進され窒素固定が生じる点であり、このことから以下のような仮説を考案した。1) ミバエの腸内細菌は宿主昆虫体内のみならず、寄主果実内においても定着し高い活性を示す、2) 果肉の腐敗と窒素固定の促進により周辺土壌環境が改変され寄主植物の適応度が増大する、3) 寄主植物の繁栄はミバエの繁栄と連動する、そしてこの両者の繁栄こそが腸内細菌自身の環境中における適応をもたらす、というポジティブフィードバックである。このような腸内細菌が紡ぐ昆虫-細菌-植物の3者間相互作用が環境中で起こりうるのかどうかを検証し、腸内細菌の存在意義ならびにミバエの生態的役割の理解を大きく塗り替えるような、既存の概念の枠を壊すようなアプローチが求められている。

動物の腸内細菌の先行研究は、上述の通り宿主と細菌の関係性ばかりが注目されている。その一方で、昆虫と微生物に関する研究、特に植食性昆虫が寄主植物へ及ぼす影響については農学的観点から食害や病原菌の媒介に研究が偏りがちである。特にミバエ類では、農作物の寄主植物への食害があまりにも重要であるがゆえに、もともとの寄主植物の野外での影響やそれに伴う環境への影響に関する理解が欠如している。世界中の青果産業が害虫ミバエによって甚大な被害を受けてきたのは疑いようのない事実であるが、このような大害虫はミバエ科全五千種の中の一部に限られるのでミバエ類が野生植物にとって基本的に有害な存在であるとは言えない。既に多くのミバエ類が腸内細菌と共生することは先行研究により欧米では知られていたが、日本産ミバエ類については腸内細菌に関する研究がそもそも皆無の状況であった。現在、沖縄を含む南西諸島には多様な食性を示す野生ミバエ類が生息し、過去には既に一度根絶されたミカンコミバエやナスミバエのように侵入を繰り返し、日本へと分布を広げうる重要害虫種も存在する。

## 2. 研究の目的

本研究課題では、南西諸島における植物寄生性のミバエ類 (*Bactrocera* 属) を対象に、野生個体と寄主植物を採集してそれらに感染する細菌叢を 16S rRNA 遺伝子配列のアンプリコン解析、全長クローニング、FISH 法により網羅的に解析および観察することで、昆虫腸内および植物体中での細菌叢や感染動態を調査する。並行して、各種ミバエの飼育実験系と腸内細菌の単離培養、感染・非感染を操作する室内実験系を立ち上げ、腸内細菌の有無がミバエ幼虫の生育に与える影響、また、同様に果肉腐敗度に与える影響を調査する。加えて、寄主植物の栽培実験により、ミ

バエ寄生と腸内細菌の存在が植物の発芽と生長や土壌に及ぼす影響を検証し、ミバエ体外での腸内細菌の動態と機能を解明することを目的とする。

### 3. 研究の方法

#### (1) 沖縄県に生息するミバエ類の収集、解剖および抽出 DNA を用いた微生物叢の網羅的解析

沖縄県の島々において *Bactrocera* 属 8 種のミバエが寄主する植物の果実等を収集後、出てきた幼虫、蛹、成虫を回収して数日間飼育したのち、腸などの組織を摘出して DNA を抽出する。同じ野外調査で得られた寄主植物果実のハエ有無を分類、植物体からも DNA を抽出する。県の病害虫防除センターに保管されていた 3 種の害虫ミバエの液浸標本からも DNA を抽出する。細菌 16S rDNA の V4 領域を増幅するユニバーサルプライマーとアダプター配列でインデックス化した PCR 産物を精製、イルミナ社の iSeq シーケンサーで網羅的に解析してサンプル毎に 1 万リードのデータを得ることを目指す。解析は主に QIIME2 のパイプラインで行い、各細菌 OTU のリード数、相対的割合や多様性指数を算出して細菌叢の特異性、多様性などを明らかにする。

#### (2) 腸内細菌の単離培養、16SrDNA 全長配列の系統解析、wFISH 法による腸内細菌の局在解析

腸内細菌の詳細な系統的位置の推定、単離培養株の確保と選別、ミバエ内での局在特定などのために採集してきたミバエの DNA 抽出用の組織破碎液の一部を YG または R2A 固形培地に塗布して 1 個体あたり 8 コロニーを単離する。16SrDNA の 5'側約 600bp をサンガー法により決定、相同性検索により新規株を選別し、凍結保存して全長配列も得る。一方で、培養を介さず 16SrDNA を PCR 増幅、サブクローニングして主な腸内細菌の全長配列も決定する。同一配列を除いた全ての全長配列を用いて近隣接合法と最尤法による分子系統解析を行い、OTU を選別と分類して宿主種・集団・個体に特徴的な細菌を確定する。それらの配列に特異的な蛍光標識プローブを設計したのち腸内細菌単離株と固定処理したミバエ組織にホールマウント蛍光 *in situ* hybridization(wFISH)法による顕微鏡観察を行い、ミバエ体内での腸内細菌局在を明らかにする。

#### (3) ミバエの飼育系統確立、各餌での生育パフォーマンス比較、抗生物質・細菌感染処理

沖縄でよく植えられているフクギの実から発生するフクギミバエ、雑草やナス科野菜由来のナスミバエの寄生果を各地から収集し、腐敗果実から出てくる幼虫と蛹を回収後、羽化率を記録する。成虫に人工飼料を与え、親と同じ種類の実に産卵させて飼育系統を維持する。数世代維持したのち、もとの由来と異なる果実や人工飼料のみを用いて飼育可能か検討する。そして、抗生物質により腸内細菌を除去したメス成虫に産卵させ、果実の腐敗が生じるか、またハエが生存可能か検証する。生育に負の影響がある場合は単離培養した腸内細菌を与えてレスキューできるか確認する。実験後のハエ・果実に対して PCR と FISH 法により細菌の定着や増減を確認する。

#### (4) 寄主植物栽培実験、土壌解析

フクギミバエ寄主のフクギ、ナスミバエ寄主のシマトウガラシ、シシトウ、ピーマンなどのナス科果実を用いて、まずミバエの寄生の有無、腸内細菌の接種処理の有無の別で果実を分類し、ミバエの脱出後、処理果実をそれぞれ苗木用ポッドで栽培する。種子の発芽、生長を記録した後、植物本体および栽培土を冷凍保存して腸内細菌の土壌中の有無の解析土壌の成分分析を行う。

#### (5) 宿主ミバエ類の遺伝的多様性および侵入種についての解析

腸内細菌の特異性と宿主の遺伝的多様性の調査のために、先行研究と既存の DNA 配列データに基づき複数のミトコンドリア遺伝子に対するプライマーを検討・設計して、分子系統樹推定と種内集団遺伝構造解析を行う。ナスミバエの各島の集団と古い乾燥標本を用いて解析する。

### 4. 研究成果

(1) 野外調査で得たミバエ類および県の病害虫対策施設に保管されていた液浸標本などを加えて、ミバエ類 10 種の計 303 個体の各組織や全身由来 DNA、6 種の寄主果実(フクギ、島唐辛

子、ピーマン、シシトウ等)計 110 個より QIAGEN の抽出キットでリゾチーム添加後細菌を含む DNA を抽出した。細菌の v4 領域 (515F-806R) をターゲットに PCR 増幅したところミバエ類において非特異的な増幅がしばしば見られたため、ユニバーサルプライマーを使い分けて精製方法を改善した。結果的に 96 サンプル×5 ラン分のライブラリを iSeq でシーケンスした結果、5,654,700 リード (平均およそ 1 万 3 千) の十分なデータを取得に成功した。解析の結果、多数のミバエ類において先行研究で知られている Proteobacteria 門腸内細菌科の *Pantoea*, *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Providencia*, *Klebsiella* 属に近縁な配列が大半を占めることがわかった。次に多いものとして Firmicutes 門に属する *Lactococcus* 属に近縁な細菌が検出された。植物果実はミバエの寄生を受けていない場合は配列の 8-9 割近くを葉緑体の 16SrDNA が占めており、細菌が大変少ないこと、一方で腐敗が進んだ寄生果からは多様な細菌類が検出され、ミバエ類と共通する細菌種も存在することが示唆された。フクギミバエでは *Pantoea* または *Enterobacter* が優占し、ナスミバエでは各集団

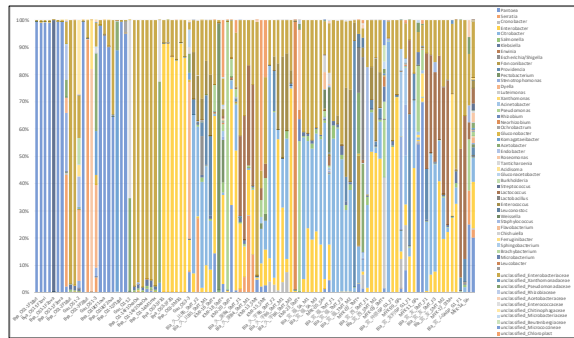


図 1 フクギミバエ・ナスミバエとその寄生果の細菌叢データの一部

や寄生果毎に腸内細菌叢が似通う傾向が見られた(図 1)。

(2) 沖縄島、宮古島、久米島産のナスミバエおよびフクギミバエ成虫から単離培養法によって得た細菌 1633 株を 16SrDNA の部分配列で分類したところ 35 のグループに分けられることが判明した。それらの代表培養株の全長配列とサブクローニング法により培養せず得た 16S rDNA の全長配列について、分子系統解析と iSeq リードのマッピングにより OTU を整理して、上述の 35 から 13 の主要な細菌種に絞り込んだ。主要 OTU に分類された計 134 の培養株を実験用に凍結保存した。次に、腸内細菌を識別する 5 種の蛍光オリゴヌクレオチドプローブを設計、培養株の FISH による細胞の染め分け実験に成功した。同プローブによりナスミバエの幼虫および成虫を観察したところ、腸内細菌が中腸と後腸に大量に保持されていることを確認した (図 2)。しかし、最も検出頻度の高かった腸内細菌 OTU1 ならびに OTU4, OTU5, OTU8 は互いによく似た 16S rDNA をもつ上に、ゲノム中のコピー間の多型が多いことから FISH 法による染め分けが大変困難であり、これらについては共通領域でまとめて染色せざるを得なかった。8 世代に渡り室内で飼育したナスミバエ系統から再度腸内細菌を DNA 解析、単離培養した結果、宿主系統ごとに腸内細菌が安定的に維持されていることを確認した。これらのことを総合し、フクギミバエとナスミバエは主に腸内細菌科に属する細菌を母子間伝達と同果実内の幼虫間で共有することで共生系を維持していることが示唆された。

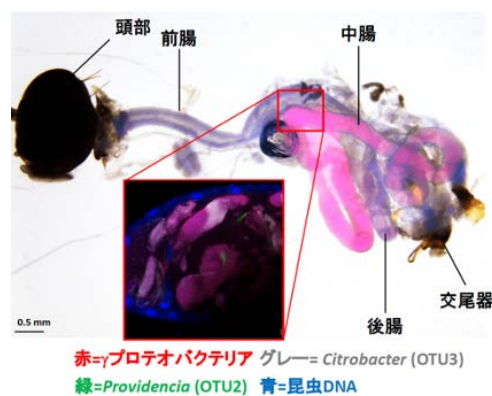


図 2 ナスミバエの中腸に存在する腸内細菌の wFISH 像

(3) 那覇市、南城市、西原町、読谷村の公園、大学敷地内からフクギミバエの産卵が疑われる果実を回収し実ごとに分けて観察した結果 (図 3A)、一つの果実から最低 1、最大で 248 個体の幼虫が採集できることがわかった。しかし、幼虫の数が多くなればなるほど腐敗が早く過食状態となり、未熟な幼虫が大量に出てくるため、1 果実では数十個体程度しか許容できないこともわかった。成虫を新鮮な果実に産卵させると一時的に次世代を確保でき、成虫の生存期間も半年と長い、人工飼料や冷蔵・冷凍保存した果実では飼育できず、フクギミバエは累代飼育には向い

ていない。次に久米島、宮古島、沖縄島で採集したナスミバエ（図 3B）に採集時と同様にシシトウ、ピーマン、キダチトウガラシ、トマトを産卵基質として与え、成虫は人工飼料で飼育したところ、現在 2 年間 10 世代にわたる累代飼育に成功した。ただし、雑草のテリミノイヌホオズキは発生時期が限られ、キダチトウガラシは農薬の影響が大きく増殖が困難であったことからこれらの系統については別の産卵基質へと変更を余儀なくされたが、それでも飼育は可能であった。本来の計画では、この後ナスミバエに抗生物質処理を施して果実の腐敗と幼虫の生存を比較検討し、昆虫が嫌う辛味成分のカプサイシンを多く含むトウガラシ類を用いて腸内細菌が幼虫の生存に果たす役割を調査する予定であったが、新型コロナウイルスによる出勤制限の影響を大きく受けたため、作業時間と累代飼育系統を大幅に縮小せざるを得ず、本格的な飼育実験を実施することができなかった。



図 3 (A) フクギミバエ脱出後のフクギ (B) ナスミバエが寄生しているシシトウ

(4) 植物栽培実験では、沖縄 3 地点から集めたフクギミバエの寄生果と未寄生果を分けて、幼虫が脱出するまで個別に容器で維持したのち、一つずつポットに植えて栽培した（図 4A）。2018 年の試験では未寄生と標識した果実も観察の結果寄生を受けた実がほとんどであり、種子が残った実のほとんどが春に発芽、夏までに成長した（図 4B）。翌年は採集時期を早めて寄生を受けていない時期に果実を採集し、前年度から飼育していたフクギミバエに産卵させたのち栽培したが、実験途中にコロナ禍の影響により、手入れや管理が不十分になり野生アリが多くのプランターとポットに巣を作り、苗木の根圏環境が大きく改変されてしまったことから実験を中止した。同様に、ナスミバエの寄生果の栽培実験も未実施である。結果、研究期間内に本課題で掲げた仮説の検証には至らなかったが、夏季に採集・栽培したフクギ果実はほとんど全てがミバエの寄生を受けており、そもそもミバエ寄生により発芽に悪影響があるわけではないというヒントを得た。今後も研究を継続し、ミバエ類と腸内細菌が寄主植物に与える影響について検証する。

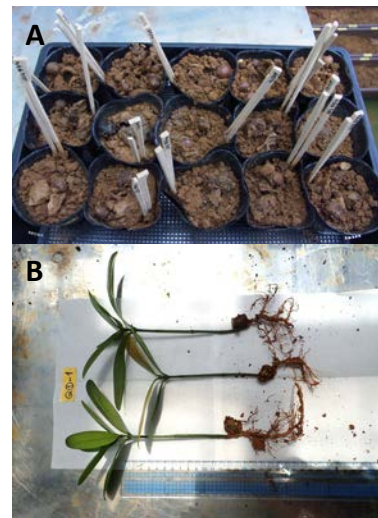


図 4 (A) ミバエ寄生果のポット栽培 (B) 半年後に回収した苗木

(5) 上述の実験が困難になったため、代わりに宿主の遺伝的多様性、侵入外来種の由来を特定し、食性や腸内細菌との関係を調べる DNA 実験を開始した。沖縄に侵入するミバエ類は主に東・東南アジアの国々に由来するが、形態的な特徴だけでは種同定が困難であり、遺伝子マーカーの開発が必須である。先行研究やミトコンドリアゲノム配列を元に、COI, COII, 16S rDNA, ND2, ND4 の 5 つの遺伝子を各ミバエ種でシーケンスし、最尤法による系統解析、配列間のホモロジーを比較した結果、種同定には全ての遺伝子が有効であること、種内変異検出には COII と ND4 が適していると判断した。また沖縄県内で分布を拡大しているナスミバエには最低 2 つの系統群が存在することが示唆された。今後も県内のミバエ研究者と協力してミカンコミバエなどの重要害虫種の種判別方法や遺伝的構造を解析予定である。

そのほかの研究として、冬虫夏草の進化学的研究やシロアリの腸内細菌、トゲオオハリアリの新規腸内細菌の解析を分子系統学的解析、顕微鏡観察などを駆使して進めた（成果発表参照）。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 4件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Araujo Joao P. M., Moriguchi Mitsuru G., Uchiyama Shigeru, Kinjo Noriko, Matsuura Yu	4. 巻 12
2. 論文標題 Ophiocordyceps salganeicola, a parasite of social cockroaches in Japan and insights into the evolution of other closely-related Blattodea-associated lineages	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 IMA Fungus	6. 最初と最後の頁 1-17
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s43008-020-00053-9	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Matsuura Yu, Moriyama Minoru, Lukasik Piotr, Vanderpool Dan, Tanahashi Masahiko, Meng Xian-Ying, McCutcheon John P., Fukatsu Takema	4. 巻 115
2. 論文標題 Recurrent symbiont recruitment from fungal parasites in cicadas	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 E5970 ~ E5979
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1073/pnas.1803245115	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Tokuda Gaku, Mikaelyan Aram, Fukui Chiho, Matsuura Yu, Watanabe Hirofumi, Fujishima Masahiro, Brune Andreas	4. 巻 115
2. 論文標題 Fiber-associated spirochetes are major agents of hemicellulose degradation in the hindgut of wood-feeding higher termites	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 E11996 ~ E12004
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1073/pnas.1810550115	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Lukasik Piotr, Chong Rebecca A, Nazario Katherine, Matsuura Yu, Bublitz De Anna C, Campbell Matthew A, Meyer Mariah C, Van Leuven James T, Pessacq Pablo, Veloso Claudio, Simon Chris, McCutcheon John P	4. 巻 110
2. 論文標題 One Hundred Mitochondrial Genomes of Cicadas	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Journal of Heredity	6. 最初と最後の頁 247 ~ 256
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/jhered/esy068	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計15件（うち招待講演 3件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 松浦 優
2. 発表標題 セミと冬虫夏草の切っても切れない共生関係の進化
3. 学会等名 第75回つくば進化生態学セミナー（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 山下倫桜, 松浦優, 伊藤英臣, 北條賢, 菊池義智, 下地博之
2. 発表標題 アリにおける腸内共生細菌の新規伝播様式
3. 学会等名 日本生態学会第68回全国大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 松浦 優
2. 発表標題 冬虫夏草とセミにみられる共生関係の進化
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度仙台大会、大会シンポジウム「微生物研究の新機軸としての相互作用研究」（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 山下倫桜, 松浦優, 伊藤英臣, 北條賢, 菊池義智, 下地博之
2. 発表標題 アリにおける腸内共生細菌の新規伝播様式
3. 学会等名 第65回日本応用動物昆虫学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 松浦優
2. 発表標題 冬虫夏草とセミにみられる複雑な共生関係の進化
3. 学会等名 日本菌学会第63回大会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 松浦 優, Araujo Joao, Vanderpool Dan, McCutcheon John
2. 発表標題 セミ寄生性の冬虫夏草から共生菌への進化
3. 学会等名 日本進化学会第21回 北海道大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 伊藤英臣
2. 発表標題 環境微生物と動物との関係を解く - 現象の理解と産業への活用を目指して -
3. 学会等名 令和元年度第6回TBRCセミナー
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 松浦 優, 伊藤 英臣, 本間 淳
2. 発表標題 沖縄産ミバ工類の腸内細菌叢の多様性解析と研究の展望
3. 学会等名 第64回日本応用動物昆虫学会大会（みなし開催）
4. 発表年 2020年



1. 発表者名 Araujo Joao, Matsuura Yu
2. 発表標題 The Ecological Plasticity of Ophiocordyceps Fungi
3. 学会等名 第64回日本応用動物昆虫学会大会（みなし開催）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 栗原駿太、竹下和貴、松浦 優、徳田岳、曾根輝雄、伊藤英臣、菊池義智
2. 発表標題 腸内から細胞内へ：ナガカメムシの細胞内共生進化
3. 学会等名 第32回日本微生物生態学会沖縄大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 下地博之、伊藤英臣、松浦優、菊池義智
2. 発表標題 メタゲノムで解き明かすトゲオオハリアリの細菌叢 -社会に潜むその多様性と分布-
3. 学会等名 第32回日本微生物生態学会沖縄大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Kuechler Stefan, 松浦優
2. 発表標題 Evolution of symbiotic organs in lygaeoid stinkbugs
3. 学会等名 日本進化学会第20回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 下地博之、伊藤英臣、松浦優、菊池義智
2. 発表標題 Hidden diversity under ground: ant- and nest-associated bacterial communities revealed by meta-genomic analyses
3. 学会等名 International Union for the Study of Social Insects 2018
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 松浦優、森山実、Lukasik Piotr、Vanderpool Dan、棚橋 薫彦、孟憲英、McCutcheon John、深津 武馬
2. 発表標題 セミの共生真菌は冬虫夏草から進化した
3. 学会等名 日本動物学会第89回大会2018札幌
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 下地博之、伊藤英臣、松浦優、菊池義智
2. 発表標題 メタゲノム解析によって明らかにされたアリのバクテリア叢の多様性
3. 学会等名 第66回日本生態学会大会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>日本進化学会研究奨励賞受賞(2019) 「昆虫共生系の進化発生および共生微生物の多様性に関する研究」 <a href="http://sesj.kenkyukai.jp/special/?id=31183">http://sesj.kenkyukai.jp/special/?id=31183</a></p> <p>研究室website <a href="https://sm1042.skr.u-ryukyu.ac.jp/matsuura/">https://sm1042.skr.u-ryukyu.ac.jp/matsuura/</a></p>
---

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担者	伊藤 英臣  (Itoh Hideomi)  (70748425)	国立研究開発法人産業技術総合研究所・生命工学領域・主任 研究員   (82626)	

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 協力者	本間 淳  (Honma Atsushi)		

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関