

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 5 年 6 月 12 日現在

機関番号：22604

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2019～2022

課題番号：19K06791

研究課題名(和文)チョウ目昆虫における翅形質の退行的な進化を制約する発生・分子機構の解明

研究課題名(英文) Evolutionary constraints of wing reduction in Lepidoptera: Molecular and cellular developmental study

研究代表者

新津 修平 (Niitsu, Shuhei)

東京都立大学・理学研究科・客員研究員

研究者番号：70446524

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：チョウ目昆虫では進化の過程で二次的に翅を退化・消失させている種も少なくない。しかしながら、変態の過程でどのようにして翅を消失させるかについての詳細は細胞・分子レベルで分かっていなかった。本研究により、翅の退化には様々な段階群がり、プログラム細胞死のパターンに一定の規則性があることが示された。分子発生学的な研究からは、プログラム細胞死に関わる遺伝子が、蛹翅原基の分化のごく初期にメス特異的な働きを有することが示唆された。更に次世代シーケンサーを用い、翅退縮に重要な影響を与えるステージの推測を行ったところ、翅退縮が生じる時間帯においてメス特異的に多くの遺伝子の発現が抑制されていることが示された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

翅の退化は主にメス特異的に生じる。その退行段階には、無翅、痕跡翅、短翅などのパターンがあるものの、翅退縮には一旦蛹期まで有翅のオスと同様に翅を発達させた後にプログラム細胞死により翅原基が退縮するという共通する偏動的な発生過程を経ることが分かった。このことは進化の過程で祖先型の有翅から短翅・無翅型へどのように退行的な進化が生じたかを推測する手掛かりが得られた。また本研究ではチョウ目昆虫としては初めて遺伝子発現パターンについて分子発生学的手法を用いて研究に取り組んだ。これらの研究成果は、昆虫の二次的な翅の退化についての進化を理解する上でも重要な知見である。

研究成果の概要(英文)：Some species of insects in the order Lepidoptera have secondarily evolved to reduce their wings during their course of evolution. However, the cellular and molecular mechanisms of wing reduction during metamorphosis have remained poorly understood. Wing degeneration primarily occurs in females. Although there are patterns such as winglessness, vestigial wings, and short wings in the regression stages, we inferred that wing degeneration follows a biased developmental process involving wing development similar to winged males until the pupal stage, followed by programmed cell death leading to the regression of wing primordia. Additionally, this study represents the first attempt in Lepidoptera to investigate gene expression patterns using molecular developmental techniques. These findings are crucial for understanding the secondary wing degeneration in insects and its evolutionary implications.

研究分野：昆虫進化発生学

キーワード：チョウ目昆虫 翅の退化 性的二型 進化的制約 プログラム細胞死 アポトーシス 翅退縮 発生拘束

1. 研究開始当初の背景

昆虫は翅の獲得によって爆発的に生活圏を拡大したが、一方で、二次的にメスのみで翅を退化・消失させる種も多い (Roff, 1990)。チョウ目では、全 125 科中、少なくとも 26 科で 30 回以上独立にメス特異的な翅の退化・消失が獲得された (Sattler, 1991)。メス特異的な翅の退化・消失は、原始的な種から派生的な種まで広範囲のチョウ目で認められる。ミノガ科昆虫の一部のグループに見られる翅の退化パターンを除くすべてのチョウ目において、蛹期に翅原基が伸長し、発達した翅原基「小さい翅」が完成した後に退縮によって翅を失うという経過をたどる。チョウ目昆虫においてメス特異的翅退縮の進化が繰り返される中で、この「小さい翅」の存在は、共通した表現型進化の制約が存在すると想定される貴重な事例であり、そのメカニズムの理解を通じて、発生拘束の実態に単一の機構・遺伝子レベルで迫ることが期待される。

チョウ目昆虫において、メス特異的に翅が退化・消失する現象は、寒冷適応という明確な究極要因によって、30 回以上独立に獲得されている。研究代表者は、原始的なミノガ科から派生的なドクガ科までのほとんどの種で、“小さい翅を作って、あとで壊す”という無駄に見える過程が維持されていることを独自に発見した (Niitsu et al, 2017)。

これらの進化的な背景を理解するためには、メス特異的翅退縮をめぐる至近要因の理解・解明が喫緊の課題と考えられた。この「小さい翅」に関わるボディプランが、チョウ目に特徴的なものか、さらに大きな分類群を特徴付けるものか現時点で有力な情報は無い。また、進化過程における制約 (保守性) や発生拘束の実態を明らかにするためにメス特異的翅退縮を示す種が、理想的な研究材料と位置付けられる一方で、チョウ目昆虫の中でも無翅化・短翅化・痕跡翅化が生じている分類群では、野外での研究材料の採集、累代飼育がほとんど確立されていない。従って、多くの発生学的側面が解明されないままとなっており、困難な研究テーマの一つとされていた。そのような状況下、我々は、フユシャクガ類の一種フチグロトゲエダシャクにおいて、メス特異的翅退縮が誘導される種として初めて、安定した通年累代飼育系を確立することに成功し、至近要因解明に向けた独占的な地位を手に入れた。

2. 研究の目的

本研究の第一の目的は、多様な進化の起源を持つメス特異的翅退縮について、その背後にある発生拘束の実態を、解剖レベル (形態・組織)・遺伝子レベルで明らかにすることを究極的な目的としている。そこで、フチグロトゲエダシャクをモデルケースと位置付け、翅退縮を誘導する要因 (誘導要因) の解明を目指す。また、翅を退縮させる要因 (退縮要因) について、内分泌、形態形成、プログラム細胞死に関わる遺伝子群を対象に解析を進め、メス特異的翅退縮が誘導される機構の解明に迫る。これを通じて、チョウ目で頻繁に繰り返されるメス特異的翅退縮の進化の起源・背景や、その際に「小さい翅」が維持される進化的な制約と方向性の解明に向けた研究基盤を構築する。

3. 研究の方法

研究材料として、フチグロトゲエダシャク *Nyssiodes lefuarius* を用いる。フチグロトゲエダシャクは発生の過程で長く深い蛹休眠に入るが、我々は、活性型エクダイソン (20E) 処理を通じて休眠打破、翅の雌雄分化誘導法をすでに確立している。そこで、蛹化 15 日目の雌雄の蛹に 20E 投与による休眠打破処理を行い、継時的な翅退縮の観察を行う。実験では、0-72 時間を

重点的に観察し、メス特異的翅退縮とリンクする細胞内小器官と微細構造の変化を光学顕微鏡と透過型電子顕微鏡を用いて観察する。

生理学的な手法としては、(1) 結合実験(蛹のパラピオーシス)による翅退縮を誘導する要因の絞り込み実験によって異なる状態の蛹間で体液交流可能にさせ、翅退縮の誘導要因の検証を行う。まず、オスとメスを結合し、翅退縮・分化の運命は内分泌物質・性決定どちらの影響を受けるか解析する。内分泌物質の影響下にある場合は、雌雄どちらが優勢かを調べる。これにより、翅退縮誘導の細胞自律性・非自律性を検証できる。そして、さらに柔軟な並体結合実験を遂行し、メス特異的翅退縮に重要な生理発育条件・時期の検証を進める。2番目に(2)蛹期における翅原基の組織培養系を行い、翅退縮を誘導する要因の推定を行う。

分子生物学的手法としては、まずリアルタイム定量 PCR による翅形成関連遺伝子の経時的発現解析を行った。解析する遺伝子としては、アポトーシス関連遺伝子候補として Caspase3、形態形成関連遺伝子候補として Vestigial を対象として、脱皮ホルモン投与後 0h, 12h, 24h, 48h, 72h の各サンプルを対象に解析を行った。サンプルは、PBS 中で解剖し、取り出した翅原基は抽出後すぐ RNA 抽出用バッファ中に移し、液体窒素中で急冷、RNA 抽出まで -80 で保存した。RNA 抽出は RNeasy plus mini kit(キアゲン)を用いた。抽出した total RNA 溶液は、NanoDrop Lite (Thermo Fisher Scientific) による吸光度測定を通じて、RNA の濃度を測定した。Total RNA の逆転写反応については、Total RNA の総量が 100ng となるよう、希釈し、逆転写反応を行った。これにより、持ち込む RNA 量が一定となり、定量時にサンプル間比較が可能になる。逆転写反応には PrimeScript™ II 1st strand cDNA Synthesis Kit (タカラバイオ)を用い、反応プロトコルは説明書に従って行なった。定量 PCR は LightCycler® 96 System (ロシュ)を用いて行なった。反応試薬としては KOD SYBR® qPCR Mix (東洋紡)を用い、PCR 反応は初期変性を 98 で 2 分行なった後、変性 98 10 秒、アニーリングおよび伸長 60 60 秒のサイクルを 50 サイクル行なった。増幅に用いたプライマーは、内部標準遺伝子として Rpl7 遺伝子 (Rpl7_F "5' - TCACGGTGGCCTTGTGAGA-3'", Rpl7_R "5' - AGGTCCGCAAAGTCCTCCAG-3'")を用い、増幅に用いた vestigial およびカスパーゼ 3 は、それぞれ以下の配列を用いた。 vestigial_F "5' - GCGTCGTGTTACGCACTAC-3'", vestigial_R "5' - GCAGGTTGCGAGACACCATC-3'", caspase3_F "5' - CGCAAGTACCCCGTGTGAGA-3'", caspase3_R "5' - GTGTGCCCTGTTCTGCAAGC-3'".

RNA-seq 解析については、リアルタイム PCR の結果から推定された翅退縮誘導シグナルの推定発現ステージとして、脱皮ホルモン投与後 3h および 12h、翅退縮を引き起こす形態形成遺伝子の推定発現ステージとして、脱皮ホルモン投与後 48h および 72h の 4 ステージについて、雌雄それぞれに由来する翅原基 4 反復をサンプルとして計 32 サンプルを用いて解析を行なった。RNA 抽出は RNeasy plus mini kit(キアゲン)を用いた。抽出した total RNA 溶液は、NanoDrop Lite (Thermo Fisher Scientific) による吸光度測定を通じて、RNA の濃度を測定した。RNA-seq については、Novaseq6000(Illumina)を用いてペアエンド 150bp の大規模シーケンスを行なった。得られた生データについては、trim galore!でトリミングを行い、まず、trinity で de novo assembly を行なって、リファレンスとなる mRNA データを構築した。この時、TransDecoder によって、de novo assembly データからタンパク質コード領域の推定を行なった。次に、de novo assembly データに Hisat2 でリードのマッピングを行い、StringTie と GffCompare でリファレンスとなる遺伝子リストを作成、featureCount で各遺伝子にマッピングされたリード数の係数を行なった。この結果を基に、edgeR によって、脱皮ホルモン投与後 3h, 12h, 48h, 72h の各ステージにおける雌雄の遺伝子発現の網羅的比較解析を行なった。

4. 研究成果

(1) 組織・細胞超微形態学的アプローチによる雌特異的な翅の退縮機構

フチグロトゲエダシャクの蛹化 15 日後の休眠蛹に脱皮ホルモンを微量投与した休眠打破蛹を作成し実験系を確立した。次に、休眠打破蛹を用いて透過型電子顕微鏡観察により、雌雄間で蛹

翅原基の翅膜上皮を観察し、翅退縮時に特異的に見られる細胞小器官の発現動態を明らかにした。具体的には、雌特異的な翅の退縮がプログラム細胞死により生じる直前のステージ（脱皮ホルモン投与 48 時間後）では、メスの翅膜上皮細胞においては、核膜の輪郭が歪んでいるのに対し、オスでは核膜の輪郭の歪みは無く粗面小胞体が同じステージのメスより発達していた。脱皮ホルモン投与 72 時間後では、メスにおいて、アポトーシス小体とオートファジー性細胞死の特徴である隔離膜を持つオートファゴソームが見られた。退縮が進む 96 時間後では、オスでは正常な構造のミトコンドリアが多数みられたのに対し、メスではリング状に構造が変性したミトコンドリアが細胞質内に多数見られた。

(2) チョウ目昆虫における蛹期の翅形成パターンモデルの推定

チョウ目昆虫において蛾類の中には、雌特有の飛べない形態を持つことで、顕著な性的二型性を示す。翅退化の進化的な段階は様々で、翅を持たないものから短い翅を持つものまでである。痕跡翅型と短翅型の基礎となる個体発生過程はよく研究されているが、その形態が発達するメカニズムについてはあまり理解されていなかった。我々は光学顕微鏡と透過型電子顕微鏡を用いて、メスが痕跡翅型のカバシタムクゲエダシャクと、メスが短翅型のトギレフユエダシャクにおける翅の縮小に影響する発生過程を調べるとともに、本種の翅の縮小の発生過程を無翅型のフチグロトゲエダシャクと比較した。その結果、トギレフユエダシャクでは、翅の外縁部の 3 分の 1 程度が細胞死を起こすことにより短くなるが、カバシタムクゲエダシャクでは、翅の退縮が翅膜全体で生じる。後に退縮過程の途中で蛹の翅上皮の消失が終了するのに対し、無翅型のフチグロトゲエダシャクでは蛹の翅上皮がほぼ完全に消失し、最終的な翅の姿は無翅型間でわずかに異なることがわかった。我々は、蛹翅の細胞死の程度と位置が、様々なパターンの翅の縮小に重要な役割を果たすことを提唱する。

(3) 結合実験（蛹のパラピオーシス）による翅退縮誘導要因の推定

性特異的な翅退縮の体液的な要因を推定する目的で、蛹のパラピオーシス実験系の確立に向けた実験を複数回にわたり行った。実験には蛹化 15 日後の休眠蛹を複数用い、事前に脱皮ホルモンをマイクロシリンジで微量投与処理を施し、結合後に成虫分化が速やかに進むような工夫をした。結合には、オス - オス (N=5 ペア)、メス - メス (N=6 ペア)、オス - メス (N=6 ペア) を用いた。蛹は、実験前に 30 分以上氷水で麻酔した。その後、エタノール消毒した眼科ハサミで、腹部体節 6 - 7 節の節間部（径小さい方）と、腹部体節 7 - 8 節の節間部（径大きい方）を切除した後で、大きい径の切断面と小さい径の切断面を向かい合わせに挟み込むように結合させた後で、アルコールランプで温めたパラフィンで結合部を固定した。実験後は、並体結合の蛹をキムワイプを敷いたプラスチックの飼育容器に並べた後で、休眠蛹を管理していた飼育恒温槽と同様の条件環の 20 16L:8D で置いて、6 日後に全て解剖し、蛹翅の状態を撮影し、必要に応じて樹脂包埋用に組織固定し、準薄切片を作成した。その結果、オス - メスのパラピオーシスで、オス側での翅の退縮が観察されたが、一方メス側では未分化であった (N=2 ペア)。また、メス - メスのパラピオーシスでは、翅が退縮する個体としない個体が現れた (N=2 ペア)。さらに、オス - メスのパラピオーシスで、オス側での翅退縮個体のサンプル組織を樹脂包埋切片法により光学顕微鏡で観察したところ、翅膜の表面にはクチクラの分泌構造が観察されたが、細胞死や血球細胞による貪食は見られなかった。一連の実験結果から、パラピオーシスを施したサンプルの半分以上は数日後に腐敗して死亡する上に、生存したパラピオーシス個体には結果のばらつきも多く、この方法では翅退縮の雌雄の影響について考察することはできなかった。

(4) 組織培養法による翅退縮要因の解析

オスの翅形成とメスの翅退縮の内分泌学的要因の探索が目的で、休眠中の蛹翅の初代器官培養実験を行った。実験には蛹化直後の蛹と蛹化 15 日後の休眠蛹を複数用い、培地に脱皮ホルモンを添加した実験区と、脱皮ホルモンの溶媒を実験区とした 2 実験区を採用した。また、この条件下で 24 ウェルプレートを用いた静置培養と、1.5 ml チューブにローターを使った回転培養の 2 種類の培養法を採用し、合計で 4 実験区を設けた。培養した蛹翅は 48 時間後に回収し、樹脂包埋法を前提とした組織固定を行い、包埋後に準薄切片を作成し、光学顕微鏡を用いて培養した蛹翅の組織を観察した。その結果、雌雄共にアポリシスが観察され、メスでは組織の一部に細胞死を起こしたと思われる組織の退縮が観察された。オスでは蛹のクチクラから剥離しているものの、鱗片細胞の分化は観察されなかった。一連の結果から、休眠蛹を用いて初代組織培養をある一定の短期間、コンタミネーションを生じさせずに維持することに成功したが、生体内の現象を再現することはできなかった。

(5) リアルタイム定量 PCR 法による遺伝子発現解析

アポトーシス関連遺伝子候補である Caspase3 は、脱皮ホルモン投与前からメスで高い傾向が見られるが、その後 12h で雌雄差が最大になった (図)。また、脱皮ホルモン投与後 72h において雌雄での発現差が拡大する傾向が見られた。形態形成関連遺伝子候補 Vestigial においては、脱皮ホルモン投与前に雌雄差が最大であったが、その後、明確な雌雄差はなくなり、72h においてメスで発現が上昇する傾向が見られた。これらの結果から、メス特異的翅退縮の誘導にかかる因子は脱皮ホルモン投与後 12h までには発現が開始されると推定された。また、解剖学的解析から、脱皮ホルモン投与後 48h では徐々に翅原基に変化が生じ、翅退縮現象が起こり始めることがわかっているが、遺伝子発現の面からは、72h でより明確な雌雄差が生じていることが推定された。

(6) RNA-Seq 法を用いた翅退縮に関する遺伝子の網羅的な発現比較解析

そこで、脱皮ホルモン投与後 12h までを、翅退縮誘導の初期シグナルが働く時期と仮定し、脱皮ホルモン投与後 72h を翅退縮開始時期と仮定し、それぞれの因子を網羅的にスクリーニングするべく、雌雄それぞれの翅原基を脱皮ホルモン投与後 3h, 12h, 48h, 72h の各ステージにおいて RNA-seq データの雌雄比較解析を行なった (図)。

その結果、翅退縮誘導に関わる初期シグナルの検出を目指した、脱皮ホルモン投与後 3h および 12h では有意な発現変動を示す遺伝子は検出されなかったが、3h ではメスで発現が低下する傾向のある遺伝子が目立った一方で、12h ではメスで発現が上昇する傾向のある遺伝子が目立った。我々は、この 12h の中で発現上昇を示す遺伝子の中に、翅退縮誘導の初期シグナルが含まれる可能性があると考えており、今後、これらの遺伝子を精査し、初期シグナルのスクリーニングを進めていく予定である。

一方、翅退縮を引き起こす因子の検出を目指した、脱皮ホルモン投与後 48h および 72h では、有意に発現変動を示す遺伝子が検出された。48h ではメスで有意な発現低下を示す遺伝子が 1 つのみ検出されたが、72h では、メスで有意に発現上昇する遺伝子が 1 つ、有意に発現低下する遺伝子が 10 検出された。この結果は、48h では翅退縮はまだ活発には進んでおらず、72h では活発に進むようになっている結果と推定され、解剖学的観察の結果とよく整合性が取れる。この結果からは、翅退縮の誘導には、翅形成のために働く遺伝子が、“発現しなくなる”ことが重要な役割を果たしているような印象を受ける。しかし、現段階では個々の遺伝子の精査までは解析を進められていないため、詳細な遺伝子の動きについては今後、解析を進めていく必要がある。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 5件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Niitsu Shuhei, Kamito Takehiko	4. 巻 387
2. 論文標題 Early cellular development induced by ecdysteroid in sex-specific wing degeneration of the wingless female winter moth	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Cell and Tissue Research	6. 最初と最後の頁 29~38
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s00441-021-03540-6	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 -
1. 著者名 Niitsu Shuhei, Kamito Takehiko	4. 巻 282
2. 論文標題 Morphological and histological examination of short wing formation in the winter moth <i>Protalcis concinnata</i> (Insecta: Lepidoptera, Geometridae)	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Morphology	6. 最初と最後の頁 160-168
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1002/jmor.21293	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 -
1. 著者名 Niitsu Shuhei, Hayashi Masayuki, Nemoto Taichi, Nomura Masashi, Kamito Takehiko	4. 巻 282
2. 論文標題 Discovery of wing imaginal discs in the penultimate instar of the lacewing <i>Mallada desjardinsi</i> (Insecta: Neuroptera: Chrysopidae) with histological notes on postembryonic imaginal disc development	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Morphology	6. 最初と最後の頁 679-684
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1002/jmor.21338	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 -
1. 著者名 Hiroshi Kubota, Jin Yoshimura, Shuhei Niitsu, Akira Shimizu	4. 巻 9
2. 論文標題 Morphology of the tentorium in the ant genus <i>Lasius</i> Fabricius (Hymenoptera: Formicidae)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific reports	6. 最初と最後の頁 1-8
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-019-43175-w	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 Shuhei Niitsu, Daisuke Maeda	4. 巻 73
2. 論文標題 Discovery of <i>Psyche casta</i> (Pallas, 1767) (Psychidae, Psychinae) in Japan	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Lepidoptera Science	6. 最初と最後の頁 7-11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.18984/lepid.73.1_7	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 -

〔学会発表〕 計11件 (うち招待講演 1件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 新津修平、上遠岳彦
2. 発表標題 トギリフユエダシヤクにおける性的二型と翅形成過程
3. 学会等名 日本鱗翅学会第67回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 新津 修平、伊藤勇人、尾上佳奈子、中秀司、上遠岳彦、矢後勝也
2. 発表標題 昼飛行フユシヤクガにおける翅の退化と早春活動性の進化
3. 学会等名 第67回生態学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 新津修平
2. 発表標題 カバシタムクゲエダシヤクの翅の退化現象とその生態学的特性
3. 学会等名 日本鱗翅学会 関東支部 春のつどい
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 新津修平
2. 発表標題 鱗翅目昆虫における翅退化をもたらす発生的な共通原理を探る
3. 学会等名 日本昆虫学会第82回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 新津修平
2. 発表標題 蛾類における翅の退化 - 退行的な形態進化の多様性とその発生メカニズム -
3. 学会等名 昆虫DNA研究会第18回研究集会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 新津修平、前田大輔
2. 発表標題 本州中部山岳域と北海道からはげんされた日本未記録のミノガ科の一種について
3. 学会等名 日本鱗翅学会 関東支部 春のつどい
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 新津修平、林正幸、根本太一、野村昌史、上遠岳彦
2. 発表標題 アミメカゲロウ目で初めて観察された亜終齡期の翅原基と、その後胚発生
3. 学会等名 日本節足動物発生学会第55回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 新津修平
2. 発表標題 驚愕のミノガ採集法
3. 学会等名 日本蛾類学会総会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 新津修平
2. 発表標題 菅平高原実験所内で発見された日本未記録のミノガについて
3. 学会等名 第40回菅平動物学セミナー
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 新津修平
2. 発表標題 トギレフユエダシャクの翅形成
3. 学会等名 日本鱗翅学会 関東支部 秋のつどい
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 新津修平
2. 発表標題 東京都におけるオオミノガの生息状況
3. 学会等名 日本蛾類学会例会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

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	杉本 貴史 (Sugimoto Takafumi) (20726707)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・生物機能利用研究部門・契約研究員 (82111)	

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
---------	---------