

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成24年 6月12日現在

機関番号：82111

研究種目：基盤研究（B）

研究期間：2009～2011

課題番号：21380039

研究課題名（和文） アジア域イネウンカ類の薬剤抵抗性発達メカニズムと広域移動動態の解明

研究課題名（英文） Mechanisms of insecticide resistance and area-wide migration in the rice planthoppers in Asia

研究代表者

松村 正哉（MATSUMURA MASAYA）

独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農業研究センター生産環境研究領域・上席研究員

研究者番号：00370619

研究成果の概要（和文）：ウンカ類の薬剤抵抗性発達程度には種や地域差があり、ベトナム南部のトビイロウンカで抵抗性が極めて高かった。一方、遺伝子多様性からはウンカ類の地域的特徴が明確ではなかった。イミダクロプリド抵抗性は *CYP6ER1* 遺伝子に起因する酵素活性の増加によって起こると考えられた。移動解析から、トビイロウンカの東アジアと東南アジア間の個体群境界を越えた移動、およびベトナム南部では比較的近距离の移動の可能性が示唆された。

研究成果の概要（英文）：Species- and area- specific differences in level of insecticide resistance were found in rice planthoppers in Asia. The brown planthopper (BPH) populations in southern Vietnam developed extremely high level of resistance against imidacloprid. No clear regional differences in COI and ITS regions were detected among Asian rice planthoppers. Imidacloprid resistance mechanism in BPH has been found to be due to the increase of the enzyme encoded by *CYP6ER1* gene. The migration analysis revealed that BPH migrated from the Philippines to Taiwan occurred with the typhoon 2010, showing migration cross the boundary of the Asian populations. In contrast, BPH in southern Vietnam showed relatively short-range migrations in the Vietnamese Mekong Delta.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2009年度	5,700,000	1,710,000	7,410,000
2010年度	4,900,000	1,470,000	6,370,000
2011年度	4,200,000	1,260,000	5,460,000
年度			
年度			
総計	14,800,000	4,440,000	19,240,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：農学・応用昆虫学

キーワード：イネウンカ・シミュレーション・マイクロアレイ・後退軌道解析・薬剤抵抗性・遺伝子配列

1. 研究開始当初の背景

(1) イネウンカ類（トビイロウンカ、セジロウンカ）はアジア地域稲作の最大の害虫として古くから知られている。とりわけ、トビイロウンカは2005年から3年続けて日本を含む東アジア全域で大発生し、この地域の稲作

の極めて大きな脅威となっている。近年の被害拡大の原因として、薬剤抵抗性などの質的变化や、これまでと大きく異なる地域から飛来するなど移動パターンの変化が生じていることが示唆されている。

(2) 具体的には、①2005年にインドシナ半島を中心に中国や日本においてトビイロウンカのネオニコチノイド系殺虫剤に対する感受性低下が報告され、日本や中国において3年連続してトビイロウンカが大発生した。②2006年にベトナム南部でトビイロウンカが媒介するウイルス病2種が大発生して米生産量が大幅に減少し、輸出制限が課せられた。このように、イネウンカ類問題は東アジア地域全体の稲作にとって大きな脅威となっている。

2. 研究の目的

2005年以降、東アジア全域で移動性イネウンカ類が大発生しており、わが国においても近年にない被害が生じている。この背景には、ウンカ類の日本への飛来源であるベトナム、中国南部等の栽培品種や防除薬剤の変化、ウンカの移動手段となる上層気流の流れの変化等が関係している可能性がある。本研究では、アジア地域におけるウンカ類の薬剤抵抗性等の質的变化とその発達メカニズムを個体群および遺伝子レベルで把握するとともに、広域移動解析によってそれら質的变化に関わる遺伝子交流を解明する。これによって東アジア地域全体のイネウンカ類の発生予測を可能とし、効果的な防除対策の構築に貢献することができる。研究内容は以下2点に要約される。①近年大きく変化したイネウンカ類の薬剤抵抗性に関し、DNAを解析しそれに基づいてアジア地域イネウンカ類の遺伝的多様性を類型化するとともに、薬剤抵抗性の発達メカニズムを解明する。②移動予測モデルを用いて地域個体群間の広域移動解析を行い、遺伝的多様性との対応関係を解明するとともに、モデルの高度化を通して東アジア地域全体の移動予測システムを作る。

3. 研究の方法

(1) ウンカ類個体群の収集と薬剤抵抗性モニタリング

イネウンカ類（トビイロウンカ、セジロウンカ）の個体群を東アジア（台湾、中国）、インドシナ半島（ベトナム南部と北部）および東南アジア（フィリピン）で採集した。また、日本に飛来するウンカ類個体群についても毎年採集した。採集した全個体群の薬剤感受性を微量局所施用法によって検定した。供試薬剤は日本個体群についてはマラソン、スミチオン、MIPC、BPMC、カルバリル、イミダクロプリド、エトフェンプロックス、フィプロニル、ジノテフランおよびチアメトキサムの10薬剤を、海外個体群についてはBPMC、イミダクロプリド、フィプロニルの3薬剤を用いた。なお、トビイロウンカについてはネオニコチノイド剤間の感受性の相関を明らかにするために、イミダクロプリド、クロチ

アンニジン、ジノテフラン、チアメトキサム、ニテンピラムの5剤について検定した。

イミダクロプリドに抵抗性のベトナム個体群と、感受性のフィリピン個体群それぞれ2系統ずつを用いて、イミダクロプリドのLD₅₀値相当量を微量局所施用法で塗布して人為選択実験を行い、抵抗性系統を作出した。

採集系統（ヒメトビウンカを含むウンカ類3種）については、サンプルを冷凍またはエタノールで固定し、研究項目(2)の遺伝子多様性解析およびネオニコチノイド抵抗性のメカニズム解析に提供した。

(2) 遺伝子・マイクロアレイ解析に基づくウンカ類個体群の遺伝的変異性の解明

採集した各地域系統のウンカから1頭ずつDNAを抽出し、ミトコンドリアゲノムのCOI-COII領域と核の18SリボソームRNA遺伝子のITS領域をPCR増幅した。PCR産物をプラスミドpGEM-Tに組込み、数本のクローンを塩基配列決定に用いた。ウンカ類の共生細菌感染ならびにネジレバネの寄生の有無を調べるには、それぞれのリボソームRNA遺伝子の特異的に増幅するプライマーを用いて、ウンカ個体ごとにPCRを行った。ネジレバネでは、さらに18SリボソームRNA遺伝子とミトコンドリアCOI遺伝子の部分配列決定を行った。

トビイロウンカのイミダクロプリド剤抵抗性の機構解明のために、薬剤標的分子であるニコチン性アセチルコリン受容体（nAChR）のサブユニット遺伝子を縮合プライマーで増幅し、cDNA全長の配列を解析した。また、トビイロウンカのESTとゲノムデータをもとに、マイクロアレイ（アジレント社、4x44Kアレイ）を作製し、イミダクロプリド剤抵抗性個体群と感受性個体群間で分解酵素P450遺伝子の発現量を比較した。

(3) 抵抗性ウンカのnAChRに対するネオニコチノイド親和性の評価

①アミノ酸変異によってひきおこされる抵抗性のメカニズム：ニコチン性アセチルコリン受容体-ネオニコチノイド複合体モデルを用いた解析

ニコチン性アセチルコリン受容体のサロゲートとしてモノアラガイ *Lymnaea stagnalis* のアセチルコリン結合タンパク質AChBPとイミダクロプリドとがつくる複合体のX線結晶構造を用いて、感受性の低下（抵抗性）をもたらす変異によって生じる構造変化を解析した。すなわち、本結晶構造をもとにして、害虫のnAChRのリガンド結合部位(LBD)をソフトウェア Protein Discovery Full Automatic Modeling System Proを用いてモデリングし、さらにMMFF94によってエネルギーを極小化した。こうしてできたLBD-

イミダクロプリド複合体の3Dモデルをソフト Sybyl でグラフィック表示した。

②野生型および変異をもつ $\alpha 7$ ニコチン性アセチルコリン受容体に対するネオニコチノイドの活性

変異を有する $\alpha 7$ ニコチン性アセチルコリン受容体遺伝子は QuikChange キットを用いて作製した。野生型および変異を有する本受容体の cDNA を鋳型として cRNA を *in vitro* で合成し、アフリカツメガエル卵母細胞にマイクロインジェクションし、受容体を発現させた。 $\alpha 7$ 受容体のネオニコチノイドに対する応答は二極膜電位固定法によって電気生理学的に測定した。得られた電流データは A/D 変換し、ソフト pClamp10 で解析した。

(4) 3次元シミュレーションによるウンカ類個体群のアジア広域移動の解析

南ベトナムのトビイロウンカは薬剤抵抗性が発達し、ウイルス病を媒介する強毒性の個体群である。4-5 月と 7-8 月に台湾に飛来したウンカの飛来源の一部は南ベトナムと推定されているが、移動実態は十分に明らかになっていない。また近年、台湾東部ではトビイロウンカによる坪枯れが発生する頻度が高まっており、フィリピンからの飛来が疑われている。特に台湾第 1 期作で増殖するウンカは、6 月中旬までに日本に飛来する可能が指摘されているため、注意深く監視する必要がある。そこで、台湾で捕獲した個体群の薬剤検定等と移動解析とを合わせて行うことで飛来源を精度良く推定する手法を開発する。具体的には、東南アジア-東アジア間の広域移動の可能性について、台湾と南ベトナムでの現地調査、過去の気象データおよびウンカ捕獲トラップのデータを用いて移動解析を行う。薬剤検定等では研究項目(1)、(2)と連携し、移動解析結果と合わせて飛来源を推定する。このことによって、東南-東アジア間での広域移動実態を解明する。

イネ縞葉枯病を媒介するヒメトビウンカについては、過去に海外からの飛来が西日本でどの程度の頻度で発生したかを、気象データと移動シミュレーション、九州でのネットトラップ捕獲データを用いて解析した。

イネラギットスタントウイルスを媒介するトビイロウンカについては、ベトナム南部のメコンデルタで、予察灯データと、衛星リモートセンシングデータと流跡線解析を用いて移動実態を明らかにする。ベトナム南部のトビイロウンカ個体群は、殺虫剤抵抗性であり、その移動実態が明らかとなっていないため、本解析が重要である。

4. 研究成果

(1) ウンカ類個体群の収集と薬剤抵抗性モニ

タリング

東アジアおよびインドシナ半島地域では、トビイロウンカはイミダクロプリドに対し、セジロウンカはフィプロニルに対し、2006 年以降に起こった種特異的な薬剤感受性低下が 2011 年まで続いていた。一方、ウンカ種と薬剤の逆の組み合わせでは感受性低下は見られなかった。フィリピンでは、トビイロウンカのイミダクロプリドに対する感受性の低下は見られなかった。

トビイロウンカのイミダクロプリドに対する LD₅₀ 値は東アジアとインドシナ半島では 2006-09 年にかけて増加し 2010 年と 11 年はやや低下した。ピーク時の LD₅₀ 値は東アジア（日本、中国、台湾）とベトナム北部では 60-80 μ g/g、これに対してメコンデルタ（ベトナム南部とカンボジア）では 150-250 μ g/g と感受性が大きく低下していた。

ベトナム南部のメコンデルタでは、チアメトキサムとクロチアニジンの LD₅₀ 値はイミダクロプリドに比べ低いながらも最大 10 μ g/g 程度であったが、ジノテフランとニテンピラムの LD₅₀ 値は最大 2 μ g/g 程度と前二者に比べて低かった。イミダクロプリドと他の 4 剤の LD₅₀ 値との間には有意な相関があったが、相関係数はチアメトキサムとクロチアニジンで高く、他の 2 剤では低かった。

トビイロウンカを用いてイミダクロプリドに対する人為選択実験を 11 世代以上継続したところ、イミダクロプリド抵抗性のベトナム南部個体群については約 3 倍、感受性のフィリピン個体群からは約 150 倍の抵抗性系統が得られた(2012 年 5 月時点)。今後さらに数世代の選択を行うとともに、これら系統について代謝酵素阻害剤の塗布実験あるいは遺伝子解析を行って、抵抗性が代謝活性に寄って起こるのか、受容体の突然変異によって起こるのかを解明する。

(2) 遺伝子・マイクロアレイ解析に基づくウンカ類個体群の遺伝的変異性の解明

①ウンカ類の東南アジア地域系統における遺伝子塩基配列比較

遺伝的変異を利用したアジア地域個体群の識別とウンカの日本への飛来源特定を目指して、ミトコンドリアゲノムの一部 (COI [cytochrome oxidase subunit I]-ロイシン tRNA-COII 遺伝子) の塩基配列 (トビイロウンカ 1,928 bp ; セジロウンカ 1,927 bp) を、それぞれ 579 個体 (31 地域) と 464 個体 (25 地域) 解読した。それぞれ 30 と 20 個のハプロタイプ変異を見いだしたが、両ウンカとも、1 地域個体群内に複数のハプロタイプが存在すること、同じハプロタイプが複数の地域から見つかることが明らかとなった。

リボソーム RNA 遺伝子の ITS 領域 (ITS1 - 5.8S - ITS2) の解析を行った。トビイロウン

カでは、6カ国から採集した94個体、394クローン(1,445 - 1,459 bp)の配列を決定した。1,456 bpの配列がもっと多く、変異は比較的小さかった。セジロウカでは6カ国33個体群の172個体において932クローンの配列を決定した。ITS1領域に66 bpの反復配列が認められ、その反復数によってクローンごとに領域のサイズが異なった。配列の特徴や反復配列の数などに地域的特徴を見つけることはできなかった。

ミトコンドリアやITS領域のように、比較の変異の大きいと考えられる塩基の配列比較を行ったが、特徴的な違いを明確にすることはできなかった。これは、この両ウカの移動性が高く、遺伝子が混ざり合っていることが一因であると考えられた。

②ウカ類の細菌感染とネジレバネ寄生

ウカ類にはいろいろな細菌が共生している。そこでウォルバキア、カルディニウム、リケッチア、スピロプラズマの感染を上記東南アジア個体群からPCR検出した。トビイロウカの一部個体群でウォルバキア感染が、セジロウカのほとんどの個体でウォルバキアとカルディニウム感染が認められた。リケッチア、スピロプラズマの感染も一部の個体でみられたが、個体群間に特定の細菌が感染しているという特徴は認められなかった。

ウカ類は共通してネジレバネに寄生されるので、トビイロウカ、セジロウカ、ヒメトビウカから得た寄生ネジレバネ40個体のリボソームRNA遺伝子配列とミトコンドリアCOI配列を解読した。3種類の大きく異なる配列が識別でき、現在ウカにはエダヒゲネジレバネ1種が寄生するとされているが、少なくとも3種のウカ寄生ネジレバネの存在が示唆された。

③イミダクロプリド剤抵抗性機構の解明

トビイロウカでは、ネオニコチノイド剤の1種であるイミダクロプリドに対する抵抗性が顕著にみられる。そこで、一般に抵抗性の二つの主要因、すなわち標的分子であるnAChRと分解酵素であるP450に関する研究を行った。nAChRサブユニットの遺伝子をトビイロウカからクローニングし、9種類の α タイプと3種類の β タイプの配列を明らかにした。抵抗性系統と感受性系統のウカ間で、共通したアミノ酸配列の違いを見つけることには成功していない。分解酵素活性の違いが抵抗性の主要因である可能性が考えられたので、トビイロウカのマイクロアレイを作製して、抵抗性と感受性の個体群間でP450遺伝子の発現量を比較した。その結果、*CYP6ER1* 遺伝子の発現量が抵抗性で数十倍に高まっており、この酵素の活性増加によって実際の抵抗性比(数十倍)を説明できると

考えられた。また、この遺伝子が抵抗性系統のゲノム内で重複によって増えているかどうかを定量PCRで調査したが、せいぜい2倍程度にしか増えておらず、数十倍の抵抗性はこの遺伝子の発現調節機構の変化によるものと推定される。

(3) 抵抗性ウカのnAChRに対するネオニコチノイド親和性の評価

①アミノ酸変異によってひきおこされる抵抗性のメカニズム：ニコチン性アセチルコリン受容体-ネオニコチノイド複合体モデルを用いた解析

AChBP-imidacloprid複合体のX線結晶構造(PDB code 2ZJU)をもとに、野生型およびトビイロウカでネオニコチノイド抵抗性の原因として発見されたY151S変異に相当するアミノ酸置換を導入したヘテロ型(α とnon- α の二種類のサブユニットからなるという意)ニコチン性アセチルコリン受容体のLBDとイミダクロプリド複合体をモデル化した。これまでの研究によって、イミダクロプリドのイミダゾリジン部もメチレン鎖(-CH₂-CH₂-)はLBDを構築するloop BのトリプトファンとCH- π 相互作用を行うことが明らかにされている。抵抗性をもたらすチロシンからセリンへの変化によって、LBDモデルはCH- π 相互作用に寄与するトリプトファンに揺らぎが生じて当該相互作用が弱まるため、LBDに対するイミダクロプリドの結合力が低下することを示した(図1)。

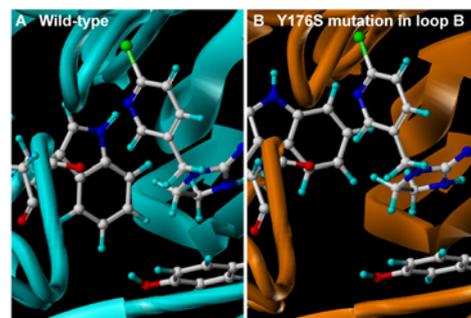


図1. A: 野生型, B: loopBの変異体

②野生型および変異をもつ $\alpha 7$ ニコチン性アセチルコリン受容体に対するネオニコチノイドの活性

ホモマー型(単一のサブユニットからなるの意) $\alpha 7$ ニコチン性ネオニコチノイドにネオニコチノイドの活性低下をもたらすと言われているloop Bのチロシンからセリンへのアミノ酸を導入し、それによって受容体に対するイミダクロプリドのアゴニスト活性が変化するか調べた。その結果、受容体に対するイミダクロプリドの活性は当該変化によって有意な影響を受けないことが明らかとなった。このことから、トビイロウカで報告

された Y151S 変異は、ニコチン性アセチルコリン受容体全てにネオニコチノイド抵抗性をもたらす普遍的な構造変化ではなく、ヘテロ型アセチルコリン受容体に限定される現象であると推察された。

(4) 3次元シミュレーションによるウンカ類個体群のアジア広域移動の解析

アジア広域移動の解明のために、台湾東部のライトトラップを用いたトビイロウンカとセジロウンカのモニタリングと後退軌道解析を行った。その結果、フィリピンから台湾東部へ飛来侵入したと推定される事例が2007年から2009年の3年間で4例見つかった。いずれの場合も気象条件は、台風などによりフィリピンから強風が吹いていた。

さらに、台湾東部のライトトラップを用いたトビイロウンカのモニタリングと飛来予測、現地捕獲調査を行った。その結果、2010年台風10号が台湾南部に接近した時にフィリピンからの飛来が予測され、通過直後に台東市で捕獲したトビイロウンカはフィリピン個体群と同様に殺虫剤イミダクロプリドに感受性を示した。このためフィリピンから台湾へのトビイロウンカの移動が明らかにされた。このように東南アジア個体群（フィリピン）から東アジア個体群（台湾）への個体群間の境界を越える移動実態が明らかになった。

ヒメトビウンカの長距離移動によるイネ縞葉枯病ウイルス伝搬過程の解明については、2000年から2009年の10年間で、2008年と2006年にヒメトビウンカが中国東部から九州へ飛来したと推定された。一方韓国東部では、2009年、2011年に中国東部から飛来があったと推定された。このように東アジアでは、ヒメトビウンカの海外からの移動によるイネ縞葉枯病ウイルスの伝搬過程が明らかとなった。海外からの移動の発生時期が6月上旬に限定されるので、この時期の警戒と飛来後の防除対策が重要となる。

ベトナム南部のトビイロウンカ個体群の広域的な発生と移動実態を、予察灯データと衛星リモートセンシングデータを用いて解析した。その結果、約30日間隔で発生ピークがあり、それらはイネの収穫地域で増殖した長翅成虫であった。この解析と流跡線解析により、移出個体群は西からの季節風を利用し100km程度移動したことが初めて推定できた。この距離はベトナム北部個体群に比べ10分の1以下の値であった。このことから、ベトナム南部の個体群はメコンデルタ内を主な移動範囲としていることが示唆された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕（計13件）

- ①Fu Q, Matsumoto Y, Matsumura M, Noda H, 他2名, Presence of a short repeat sequence in the internal transcribed spacer (ITS) 1 of the rRNA gene of *Sogatella furcifera* (Hemiptera: Delphacidae) from geographically different populations in Asia. *Appl. Entomol. Zool.*, 査読有, 47, 2012, 95-101.
[DOI:10.1007/s13355-012-0093-y](https://doi.org/10.1007/s13355-012-0093-y)
- ②Matsumoto Y, Matsumura M, Noda H, 他2名, Strepsipteran parasite of planthoppers *Elenchus japonicus* (Strepsiptera, Elenchidae) consists of three genotypes. *Appl. Entomol. Zool.*, 査読有, 46, 2011, 435-442.
[DOI:10.1007/s13355-011-0060-z](https://doi.org/10.1007/s13355-011-0060-z)
- ③Sanada-Morimura S and Matsumura M, Effect of acetone solution in a topical application method on mortality of rice planthoppers, *Nilaparvata lugens*, *Sogatella furcifera*, and *Laodelphax striatellus* (Homoptera: Delphacidae). *Appl. Entomol. Zool.*, 査読有, 46, 2011, 443-447.
[DOI:10.1007/s13355-011-0047-9](https://doi.org/10.1007/s13355-011-0047-9)
- ④Syobu S., Otuka A, Matsumura M, Trap catches of the small brown planthopper, *Laodelphax striatellus* (Fallen) (Hemiptera: Delphacidae), in northern Kyushu district, Japan in relation to weather conditions, *Appl. Entomol. Zool.*, 査読有, 46, 2011, 41-50.
[DOI:10.1007/s13355-010-0005-y](https://doi.org/10.1007/s13355-010-0005-y)
- ⑤Sanada-Morimura S, Otuka A, Matsumura M, 他4名, Current status of insecticide resistance in the small brown planthopper, *Laodelphax striatellus*, in Japan, Taiwan, and Vietnam. *Appl. Entomol. Zool.*, 査読有, 46, 2011, 65-73.
[DOI:10.1007/s13355-010-0009-7](https://doi.org/10.1007/s13355-010-0009-7)
- ⑥Huang SH, Otuka A, 他3名, Estimating the immigration source of rice planthoppers, *Nilaparvata lugens* (Stål) and *Sogatella furcifera* (Horváth) (Homoptera: Delphacidae), in Taiwan. *Appl. Entomol. Zool.*, 査読有, 45, 2010, 521-531.
[DOI:10.1303/aez.2010.521](https://doi.org/10.1303/aez.2010.521)
- ⑦Kikuta S, Noda H, 他4名, Sugar transporter genes of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*: A facilitated glucose/fructose transporter. *Insect Biochem. Mol. Biol.*, 査読有, 40, 2010, 805-813.
[DOI:10.1016/j.ibmb.2010.07.008](https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2010.07.008)
- ⑧Otuka A, Matsumura M, Sanada S, Takeuchi H, Watanabe T, 他2名, The 2008 overseas mass migration of the small brown planthopper, *Laodelphax striatellus*, and subsequent outbreak of rice stripe disease in western Japan, *Appl. Entomol. Zoology*, 査読有, 45, 2010, 259-266.
[DOI:10.1303/aez.2010.259](https://doi.org/10.1303/aez.2010.259)

⑨ Matsuda K, Kanaoka S, 他 2 名, Diverse actions and target-site selectivity of neonicotinoids: structural insights. *Mol. Pharmacol.*, 査読有, 76, 2009, 1-10.
DOI:10.1124/mol.109.055186

⑩ Konishi H, Noda H, 他 2 名, Proteomic analysis of the salivary glands of the rice brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Stål) (Homoptera: Delphacidae). *Appl. Entomol. Zool.*, 査読有, 44, 2009, 525-534.
DOI:10.1303/aez.2009.525

[学会発表] (計 3 3 件)

① 松井 美佳奈, 松田 一彦, 他 4 名, ニコチンとネオニコチノイドの活性に対するニコチン性受容体の古典的および非古典的ループ構造の影響、日本農芸化学会 2012 年度大会、2012.3.24.、京都市

② 野田博明, 真田幸代, 松村正哉, 他 8 名, トビイロウンカのイミダクロプリド抵抗性機構の現状：P450 酵素遺伝子の高発現、日本農薬学会第 37 回大会、2012.3.14-16.、岡山大学

③ 中村有希, 真田幸代, 松村正哉, 野田博明, 他 4 名, 殺虫剤処理により発現変動するトビイロウンカ遺伝子のマイクロアレイ解析、第 56 回日本応用動物昆虫学会、2012.3.28.、近畿大学

④ 松村正哉, 真田幸代, 大塚彰, アジア地域トビイロウンカのネオニコチノイド剤 5 種に対する感受性の比較、第 56 回日本応用動物昆虫学会大会、2012.3.28.、近畿大学

⑤ 大塚彰, 真田幸代, 松村正哉, 他 1 名, 台風によりアジアの個体群間境界を越えて移動するトビイロウンカの解析事例、第 56 回日本応用動物昆虫学会、2012.3.28.、近畿大学

⑥ Matsumura M, Asian rice planthoppers have developed species- and area- specific insecticide resistance since mid-2000s, Symposium on "Management of Insecticide Resistance" Under the NSFC -JSPS Scientific Cooperation Program, 2011.9.20., 中国・貴州省・貴陽市

⑦ Asano T, Matsuda H, 他 6 名, Crystal structure of acetylcholine binding proteins in complex with neonicotinoids reveal the roles for the basic residues in the selective interactions with neonicotinoids of insect nicotinic acetylcholine receptors. 12th International Congress of Pesticide Chemistry, 2010.7.4-8., Merbourne Convention & Exhibition Center, Australia

⑧ Noda H, Genomic studies of rice planthoppers for insecticide resistance management. Japan-Korea Joint Seminar: New Trends in Insecticide Resistance Management, 2009.11.20., Seoul National University, Seoul, Korea

[図書] (計 4 件)

① Watanabe T, Matsumura M, Otuka A, Recent occurrences of long-distance migratory planthoppers and factors causing outbreaks in Japan. In: "Planthoppers: new threats to the sustainability of intensive rice production systems in Asia" (Heong KL and Hardy B eds.), International Rice Research Institute, 2009, pp.179-190.

② Matsumura M, Takeuchi H, Sanada-Morimura S, Otuka A, Watanabe T, 他 2 名, Thanh Current status of insecticide resistance in rice planthoppers in Asia. 同上, pp.233-244.

③ Otuka A, Migration of rice planthoppers and simulation techniques. 同上, pp.343-356.

④ Noda H, How can planthopper genomics be useful for planthopper management? 同上, pp.429-446.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

松村 正哉 (MATSUMURA MASAYA)
独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農研・上席研究員
研究者番号： 00370619

(2) 研究分担者

野田 博明 (NODA HIROAKI)
独立行政法人農業生物資源研究所・昆虫科学研究領域・特任上級研究員
研究者番号： 40343991
松田 一彦 (MATSUDA KAZUHIKO)
近畿大学・農学部・教授
研究者番号： 00199796
大塚 彰 (OTUKA AKIRA)
独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農研・主任研究員
研究者番号： 20370497

(3) 連携研究者

竹内 博昭 (TAKEUCHI HIROAKI)
独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・中央農研・主任研究員
研究者番号： 50370507
真田 幸代 (SANADA SACHIYO)
独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農研・主任研究員
研究者番号： 80533140
渡邊 朋也 (WATANABE TOMONARI)
独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・中央農研・研究領域長
研究者番号： 20355548
松本 由記子 (MATSUMOTO YUKIKO)
独立行政法人農業生物資源研究所・昆虫科学研究領域・研究員
研究者番号： 80414944