

令和 6 年 6 月 3 日現在

機関番号：13901

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2019～2022

課題番号：19H02969

研究課題名(和文)カイガラムシの性分化メカニズム解明とそれを標的とする害虫防除剤開発への応用

研究課題名(英文) Sex-specific adult differentiation of the mealybugs: a potential target of novel insecticides

研究代表者

水口 智江可 (Minakuchi, Chieka)

名古屋大学・生命農学研究科・准教授

研究者番号：90509134

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,300,000円

研究成果の概要(和文)：種々の農作物に被害をもたらす害虫の一種カイガラムシは、雄は翅を持つ成虫へと変態する一方、雌は翅のない成虫になる。本研究は、カイガラムシの性特異的形質発現の制御機構を明らかにすることを目的とした。まずフジコナカイガラムシのゲノム配列解析およびトランスクリプトーム解析を行い、発育時期特異的または性特異的に発現する遺伝子群を明らかにした。次に雄特異的な成虫形態形成を誘導する転写因子の転写調節機構を解析し、ホルモンによる発現制御を明らかにした。さらに、産卵数を低下させる薬剤のスクリーニング系確立を試み、活性指標として使用できる遺伝子を選抜した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究ではフジコナカイガラムシのゲノム配列解析を行い、de novoアセンブリによりコンティグを作成した。カイガラムシ類ではゲノム配列解析が実施された例がほとんどなく、本研究の成果は貴重である。また、雄特異的な成虫形態形成を誘導する転写因子E93の転写調節機構を調べ、ホルモンによる発現制御が示された。この結果は新規性が高く、性特異的な形態形成のメカニズム全容解明につながる重要な知見である。さらに、産卵数を低下させる薬剤のスクリーニング系において、活性の指標として使用できる遺伝子を選抜することに成功した。これは薬剤のスクリーニング系確立における大きな一歩であり、植物保護学分野での貢献が大きい。

研究成果の概要(英文)：Mealybugs grow through sexual dimorphic development: males develop to winged adults, while females develop to neotenic adults. To elucidate the regulatory mechanism of sex-specific development of the mealybugs, sequencing of the genome and transcriptome analysis were performed using Japanese mealybugs. Next, we analyzed transcriptional regulatory mechanism of an adult-specifying transcription factor. We also identified a candidate gene which will be suitable for screening assays of novel insecticides that suppress their oviposition and embryonic development.

研究分野：昆虫生理学

キーワード：カイガラムシ 性的二型

1. 研究開始当初の背景

カイガラムシはカメムシ目カイガラムシ上科に属する昆虫の総称であり、世界各国で様々な農作物に大量発生して生育不良をもたらす。例えば東南アジア諸国でキャッサバに壊滅的な被害をもたらすキャッサバコナカイガラムシや、日本で様々な果樹に大被害を及ぼすフジコナカイガラムシが問題となっている。このようにカイガラムシによって農作物の品質と収量が大きく損なわれることから、世界の安定した食料生産を確保していくためにはカイガラムシの防除が絶対に必要である。カイガラムシの防除には、神経系に作用する殺虫剤が頻繁に用いられるが、これら殺虫剤への感受性が大幅に低下した「殺虫剤抵抗性個体群」が現れており、そうした個体群にも効果のある新規殺虫剤の創製、とりわけ新規の殺虫剤ターゲットの開発が、早急な課題となっている。

カイガラムシは、蛹の時期がなく若虫から成虫へと成長する「不完全変態」と分類されているが、雄は擬蛹と呼ばれる「蛹のような時期」を経て翅を持つ成虫へ変態する一方、雌はそのまま翅のない成虫へと幼形成熟を遂げる。このようにカイガラムシは顕著な性的二型を示す。昆虫の性決定・性分化カスケードに関しては、モデル昆虫であるキイロショウジョウバエやカイコを中心として研究が進み、性決定・性分化の鍵遺伝子 *doublesex (dsx)* の存在が幅広い昆虫種で確認されていた。*dsx* は雌雄で異なった選択的スプライシングを受け、下流の遺伝子群の発現を制御して、最終的に性特異的な形質が発現する。カイガラムシは雌雄共に受精卵から発生するが、雄では *paternal genome elimination* という現象により父親由来のゲノムが不活性化され、母親由来のゲノムのみから遺伝子の発現が起こる (Schrader, *Biol Bull* 1921)。このように単数倍数性の性決定様式を示すが、それに引き続く「性決定・性分化カスケード」の全容は不明であった。

一般的に昆虫の幼若ホルモン (juvenile hormone, JH) は、蛹や成虫への変態を抑制する「現状維持作用」を有する。カイガラムシにおいて JH の分泌器官であるアラタ体の形態を観察した先行研究 (Pflugfelder, *Zoologica Stuttgart* 1936) では、アラタ体は雄よりも雌の方で大きいという観察結果から、「雌では JH 濃度が高いために成虫への変態が抑制されて幼形成熟が誘導される」という仮説が立てられた。

本研究を開始するよりも前に私たちは、カイガラムシの性的二型形成におけるホルモンの役割に関して、主にフジコナカイガラムシを用いて研究を進めてきた。その結果、内分泌カスケードで作用する転写因子 *E93* の発現における顕著な雌雄差が、性的二型形成の決定因子であることを示す結果を得た。そのような性特異的な *E93* の発現を生じさせる要因として、ホルモン濃度の雌雄差が挙げられるが、それだけで全てを説明するのは困難であると考えた。さらなる検証の結果、「性決定・性分化カスケード」因子である *dsx* が *E93* の転写調節に関わること、また *dsx* の転写調節に JH シグナル伝達に関わる事が予備的に示された。このように「性決定・性分化カスケード」と「内分泌カスケード」の間にクロストークが存在することが示唆されていたが、そのクロストークの全容は不明であった。

2. 研究の目的

本研究は、カイガラムシの性特異的な形質発現において「内分泌カスケード」と「性決定・性分化カスケード」の間に存在するクロストークについて、各カスケード因子の転写調節機構を解析することによって、その全容を明らかにすることを目的とした。さらに、こうしたカイガラムシに特有のカスケードを阻害・攪乱することによって致死効果をもたらすような、画期的な新規害虫防除剤の開発を目指した。

3. 研究の方法

日本の代表的な要防除害虫であるフジコナカイガラムシを用いて、以下のように研究を進めた。

(1) フジコナカイガラムシのゲノム配列の解読

次世代シーケンサーを用いてフジコナカイガラムシの *de novo* ゲノム配列解読を実施した。

(2) 培養細胞系の樹立

カイガラムシ由来の培養細胞系は未だ樹立されていない。そこで、フジコナカイガラムシ組織から培養細胞系の樹立を試みた。初代培養の方法は以下の通りである。

まず卵塊をほぐして綿状分泌物から卵を取り出し、洗浄した。これを培養液に入れ、25°Cのインキュベーターで維持した。このように、胚子由来の細胞の培養を試みた。一方、雌の若虫または成虫を解剖して卵巣を取り出し、培養液に入れて25°Cのインキュベーターで維持した。このようにして卵巣由来の細胞の培養も試みた。

(3) ホルモンにより発現が制御される転写因子 *E93* の転写調節機構の解明

カイガラムシの雄特異的に発現する転写因子 *E93* に関して、転写開始点より上流の部分およびイントロンのゲノム配列の解読を進め、転写調節領域の塩基配列解析を実施した。この転写調節領域内で、転写因子の結合配列を *in silico* で探索した。特に、JH 初期応答遺伝子である転写因子 Krüppel homolog 1 (*Kr-h1*) が結合する可能性を想定し、*Kr-h1* の結合配列を中心として探索した。また *Dsx* が結合する可能性を想定して、*Dsx* の結合配列についても探索した。次に、上記で同定された結合配列が実際に当該転写因子と結合するかどうか、レポーターアッセイによって検証した。

(4) JH 生合成酵素遺伝子の転写調節機構の解明

JH 生合成酵素の1つである *JH acid O-methyltransferase (jhamt)* について、転写調節領域の塩基配列解析を実施した。この転写調節領域内で、転写因子の結合配列を *in silico* で探索した。特に、JH 初期応答遺伝子である転写因子 *Kr-h1* が結合する可能性を想定し、*Kr-h1* の結合配列を中心として探索した。また *Dsx* が結合する可能性を想定して、*Dsx* の結合配列についても探索した。次に、上記で同定された結合配列が実際に当該転写因子と結合するかどうか、レポーターアッセイによって検証した。

(5) 発育ステージごとのトランスクリプトーム解析の実施

フジコナカイガラムシを雌雄別かつ発育ステージごとに集めて RNA 抽出を行い、トランスクリプトーム解析を実施した。異なる発育ステージ間、もしくは雌雄間で発現比較解析 (DEG) を実施し、発現変動遺伝子を明らかにした。

(6) 薬剤投与により内分泌カスケードを攪乱した場合の発育や産卵数への影響調査

JH 様活性を持つ薬剤 (以下、JH ミミックと省略) を雌に局所投与した場合の、発育および外部形態への影響を調べた。また、性決定・性分化カスケード因子の遺伝子発現への影響を調べた。さらに、JH ミミック投与を受けた雌個体の産卵数を調べ、さらにその卵がその後正常にふ化・成長するかどうか観察を続けた。

(7) 産卵数を低下させる薬剤のスクリーニング系の確立

上記の実験で、JH ミミック処理による内分泌カスケードの攪乱が産卵数減少を引き起こすことが確認できたならば、雌個体ごとの産卵数を実際に数えるよりも容易に JH ミミックの活性を評価できるような、高効率スクリーニング系を確立する。具体的に、JH ミミック処理後の個体における以下の2因子の発現量を、定量 RT-PCR で調べることを想定している。

- 内分泌カスケード因子である、JH 初期応答遺伝子 *Kr-h1* (JH 活性の指標となる)
- 卵黄タンパク質遺伝子 *Vitellogenin (Vg)* (卵形成の指標となる)

Kr-h1 の cDNA 塩基配列は既に単離済みであるが *Vg* については未単離であったため、まずは *Vg* の cDNA 単離を行うことにした。

また、カイガラムシと同じカメムシ目に属するホソヘリカメムシの JH 受容体タンパク質を *in vitro* で発現させた two-hybrid システムの実験系を構築し、蛍光強度によって JH 活性を評価することを目指した。

4. 研究成果

(1) フジコナカイガラムシのゲノム配列の解読

フジコナカイガラムシ成虫からゲノム DNA を抽出し、次世代シーケンサー Sequel IIe (PacBio) を用いた塩基配列の解析を行った。そのデータについて *de novo* アセンブリを実施し、128本のコンティグを作成することができた。現在のところ、染色体レベルのアセンブリ

には至っていない。

続いて、このゲノムデータを基にして ORF 領域の遺伝子予測とアノテーションを実施した。その結果、核ゲノム中にある約 22,000 個の遺伝子についてアノテーションを行うことができた。さらに、フジコナカイガラムシに共生する 2 種の内部共生菌についても、完全長のゲノム配列を決定した。

(2) 培養細胞系の樹立

【胚子からの培養】培養開始後数日で、紡錘形の付着細胞や球状の浮遊細胞が見られ、組織塊の周囲にも生細胞が見られた。その後、細胞が塊状になり、2 か月程度は生存が確認できた。しかしながら、その後増殖には至らなかった。

【卵巣からの培養】今回用いた個体の多くでは、卵巣内で既に卵形成が進行してしまっており、そのような卵巣は培養に用いることができなかった。培養に供することができた卵巣については、培養液中で組織が生存し、球状の浮遊細胞が多く観察された。しかし、それらの遊出した細胞が増殖することはなかった。

(3) 転写因子 *E93* の転写調節機構の解明

カイガラムシの雄特異的に発現する転写因子 *E93* に関して、転写開始点より上流の部分およびイントロンのゲノム配列の解読を進め、転写調節領域の塩基配列解析を実施した。

まず JH による *E93* の発現制御機構を明らかにすることを目的として、約 6.2 kb の *E93* プロモーター領域について、転写因子の結合配列を *in silico* で探索した。その結果、2 つの Kr-h1 結合配列が、コンセンサス配列と相同性の高い候補配列として見つかった。Dsx 結合配列についても探索したが、この領域内には見あたらなかった。

次に、上記で同定された結合配列が実際に当該転写因子と結合するかどうか、レポーターアッセイによって検証した。約 6.2 kb の *E93* プロモーター領域を含むレポーターベクターを作成し、JH の初期応答遺伝子である Kr-h1 タンパク質発現ベクターと組み合わせてレポーターアッセイを実施した。段階的な削り込みにより、Kr-h1 の結合する領域を約 160 bp にまで絞り込んだ。

さらに、性決定因子 Dsx による *E93* の発現制御機構を明らかにすることを目的として、以下の実験を行った。約 6.2 kb の *E93* プロモーター領域を含むレポーターベクターを作成し、性決定因子 Dsx のタンパク質発現ベクターを組み合わせてレポーターアッセイを実施した。しかし、顕著なレポーター活性は見られなかった。従って、*E93* は Dsx によって転写が制御されるターゲット遺伝子であると証明することはできなかった。

(4) JH 生合成酵素遺伝子の転写調節機構の解明

JH 生合成酵素の 1 つである *jhamt* について、転写調節領域の塩基配列解析を実施した。約 5.3 kb の転写調節領域内で、転写因子の結合配列を *in silico* で探索した結果、1 つの Kr-h1 結合配列、および 4 つの Dsx 結合配列が、いずれもコンセンサス配列と相同性の高い候補配列として見つかった。

次に、この *jhamt* プロモーター領域を含むレポーターベクターを作成し、Dsx のタンパク質発現ベクターを組み合わせてレポーターアッセイを実施した。しかし顕著なレポーター活性は検出されなかった。よって、約 5.3 kb の *jhamt* プロモーター領域に Dsx タンパク質が結合する可能性は低いと考えた。

(5) 発育ステージごとのトランスクリプトーム解析の実施

フジコナカイガラムシを雌雄別かつ発育ステージごとに集めて RNA 抽出を行い、トランスクリプトーム解析を実施した。フジコナカイガラムシは個体サイズが小さいため、多数の個体をプールして RNA 抽出を実施した。サンプルの種類は、2 齢若虫、雄 prepupa、雄成虫 0 日齢、雌 3 齢若虫、雌成虫 0 日齢、および雌成虫 7 日齢の計 6 種類である。

まずトランスクリプトーム解析で得られた配列について、過去に他種昆虫との配列相同性を利用して cDNA 単離を行った配列が含まれているか確認した。その結果、*Kr-h1*、*JH acid methyltransferase*、*chinmo*、および *E93* などの配列が含まれていることが確認できた。

次に、発育ステージの異なる 6 つのサンプル間で発現比較解析 (DEG) を実施し、発現変

動遺伝子を明らかにした。すでに定量 RT-PCR で発現変動を解析済みの因子 (*E93* など) の発現量を確認したところ、定量 RT-PCR の結果とよく一致することが確認できた。雄成虫 0 日齢と雌成虫 0 日齢のサンプル間で DEG を実施することにより、性特異的に発現する遺伝子を同定した。同様に、2 齢若虫と雌成虫のサンプル間で DEG を実施することにより、雌成虫に特異的に発現する遺伝子を同定した。Blast 解析により、それら遺伝子のアノテーションを進めている。

(6) 薬剤投与により内分泌カスケードを攪乱した場合の発育や産卵数への影響調査

JH ミミックを雌に局所投与した場合の、発育および外部形態への影響を調べた。その結果、高い致死効果はなく、多くの個体が成虫へと脱皮することが確認された。外部形態に関しては、通常の成虫と比べてやや細長い体型をしていることが観察された。

また、JH ミミック投与を受けた雌個体の産卵数を調べたところ、産卵数が顕著に減少することが確認された。

(7) 産卵数を低下させる薬剤のスクリーニング系の確立

雌個体ごとの産卵数を実際に数えるよりも容易に JH ミミックの活性を評価できるような、高効率スクリーニング系を確立することを目指し、JH ミミック処理後の個体における以下の 2 因子の発現量を、定量 RT-PCR で調べることにした。

- 内分泌カスケード因子である、JH 初期応答遺伝子 *Kr-h1* (JH 活性の指標)
- 卵黄タンパク質遺伝子 *Vitellogenin (Vg)* (卵形成の指標)

まず、まだ配列解析の行われていなかった *Vg* の cDNA 単離を行うことにした。得られた候補配列について、カイガラムシの発育に伴う発現変動を定量 RT-PCR で調査したところ、雌成虫で特異的に発現するという予想に反して、雄成虫でも発現が見られた。今回単離した cDNA が真のものではないという可能性も排除できないことから、配列について再検討を進めている。JH 初期応答遺伝子 *Kr-h1* に関しては、JH ミミックの局所投与により発現が誘導されることが確認できた。そのため、JH ミミックの活性を評価できるような高効率スクリーニング系において、*Kr-h1* を JH 活性の指標として使うことができると判断した。

また、ホソヘリカメムシの JH 受容体タンパク質を *in vitro* で発現させた two-hybrid システムの実験系を構築し、JH および JH ミミックの存在下で強い蛍光を検出できることを確認した。このように、JH 活性を容易に評価できる実験系を確立した。今後は同様の実験系を、フジコナカイガラムシの JH 受容体タンパク質を用いて作成する予定である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計8件（うち査読付論文 6件/うち国際共著 2件/うちオープンアクセス 5件）

1. 著者名 Suzuki Y, Shiotsuki T, Jouraku A, Miura K, Minakuchi C	4. 巻 16
2. 論文標題 Characterization of E93 in neometabolous thrips <i>Frankliniella occidentalis</i> and <i>Haplothrips brevitubus</i> .	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 PLoS One	6. 最初と最後の頁 e0254963
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0254963	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 -
1. 著者名 Muramatsu M, Tsuji T, Tanaka S, Shiotsuki T, Jouraku A, Miura K, Veá IM, Minakuchi C	4. 巻 15
2. 論文標題 Sex-specific expression profiles of ecdysteroid biosynthesis and ecdysone response genes in extreme sexual dimorphism of the mealybug <i>Planococcus kraunhiae</i> (Kuwana)	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 PLoS One	6. 最初と最後の頁 e0231451
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0231451	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 Veá IM, Minakuchi C	4. 巻 43
2. 論文標題 Atypical insects: molecular mechanisms of unusual life history strategies.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Curr Opin Insect Sci	6. 最初と最後の頁 46-53
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.cois.2020.09.016	査読の有無 無
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 Naruse S, Ogino M, Nakagawa T, Yasuno Y, Jouraku A, Shiotsuki T, Shinada T, Miura K, Minakuchi C	4. 巻 46
2. 論文標題 Ovicidal activity of juvenile hormone mimics in the bean bug, <i>Riptortus pedestris</i> .	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 J Pestic Sci	6. 最初と最後の頁 60-67
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1584/jpestics.D20-075	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 -

1. 著者名 Shouya Naruse, Yumiko Washidu, Ken Miura, Tetsuro Shinoda and Chieka Minakuchi	4. 巻 121
2. 論文標題 Methoprene-tolerant is essential for embryonic development of the red flour beetle <i>Tribolium castaneum</i>	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Insect Physiology	6. 最初と最後の頁 104017
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.jinsphys.2020.104017	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 Muramatsu M, Tsuji T, Tanaka S, Shiotsuki T, Jouraku A, Miura K, Veal IM, Minakuchi C	4. 巻 15
2. 論文標題 Sex-specific expression profiles of ecdysteroid biosynthesis and ecdysone response genes in extreme sexual dimorphism of the mealybug <i>Planococcus kraunhiae</i> (Kuwana).	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 PLOS One	6. 最初と最後の頁 e0231451
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0231451	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 -

1. 著者名 Sapin GD, Tomoda K, Tanaka S, Shinoda T, Miura K, Minakuchi C	4. 巻 126
2. 論文標題 Involvement of the transcription factor E75 in adult cuticular formation in the red flour beetle <i>Tribolium castaneum</i> .	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Insect Biochemistry and Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 103450
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ibmb.2020.103450	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 水口智江可	4. 巻 54
2. 論文標題 不完全変態昆虫の性決定	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 昆虫と自然	6. 最初と最後の頁 8-10
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
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14件（うち招待講演 2件 / うち国際学会 3件）

1. 発表者名 Gelyn D. Sapin, Yudai Masuoka, Chieka Minakuchi
2. 発表標題 Expression profile of E75 common, its isoforms, and tyrosine hydroxylase during caste development of the damp wood termites, <i>Zootermopsis nevadensis</i> (Hagen) (Blattodea: Termopsidae)
3. 学会等名 52nd pest management council of the Philippines annual meeting
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Gelyn D. Sapin, Hidetake Miyamoto, Ken Miura, Chieka Minakuchi
2. 発表標題 Hormonal regulation of the transcription of an adult cuticular protein CPR27 in the red flour beetle, <i>Tribolium castaneum</i>
3. 学会等名 International Insect Hormone Workshop 2021 (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 多田正信、三浦健、水口智江可
2. 発表標題 フジコナカイガラムシ雌の性成熟における幼若ホルモンの作用
3. 学会等名 第11回東海昆虫研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Soten Chea, Ken Miura, Chieka Minakuchi
2. 発表標題 トビイロウンカにおける発育時期特異的なクチクラタンパク質遺伝子の発現制御機構
3. 学会等名 第66回日本応用動物昆虫学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 水口智江可
2. 発表標題 アザミウマおよびカイガラムシにおける脱皮変態の内分泌制御機構
3. 学会等名 第8回東海昆虫研究会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 水口智江可
2. 発表標題 アザミウマとカイガラムシにおける脱皮変態の内分泌制御
3. 学会等名 日本蚕糸学会中部支部第76回・東海支部第72回研究発表会（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 中川貴雄、成瀬祥矢、三浦健、水口智江可
2. 発表標題 ホソヘリカメムシにおける幼若ホルモン様活性物質の変態抑制活性
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 小塚光平、栗原武志、三浦健、水口智江可
2. 発表標題 性的二型を示すオオシママドボタルの発育とdoublesex遺伝子のcDNA単離
3. 学会等名 第9回東海昆虫研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 水口智江可
2. 発表標題 アザミウマおよびカイガラムシにおける脱皮変態の内分泌制御機構
3. 学会等名 第8回東海昆虫研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 水口智江可
2. 発表標題 アザミウマの脱皮・変態とその内分泌制御機構
3. 学会等名 第4回アザミウマ研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Gelyn Sapin, Kai Tomoda, Sayumi Tanaka, Tetsuro Shinoda, Ken Miura and Chieka Minakuchi
2. 発表標題 Effects of exogenous juvenile hormone mimics in adult cuticle formation of the red flour beetle, <i>Tribolium castaneum</i>
3. 学会等名 4th International Insect Hormone Workshop (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 成瀬祥矢、荻野真由子、中川貴雄、品田哲郎、三浦健、水口智江可
2. 発表標題 ホソヘリカメムシに対する幼若ホルモン (JH) およびJH様活性物質 (JHM) の殺卵活性評価
3. 学会等名 日本農業学会第45回大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 長島涼、中川貴雄、品田哲郎、粥川琢巳、水口智江可
2. 発表標題 ホソヘリカメムシおよびコクヌストモドキに対する幼若ホルモン様活性物質の活性発現機構の解明
3. 学会等名 日本昆虫学会第84回大会・第68回日本応用動物昆虫学会大会 合同大会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 Isabelle Mifom Vea, Sayumi Tanaka, Miyuki Muramatsu, Tomohiro Tsuji, Toshiharu Ishikawa, Hitoshi Otani, Kenji Ichianagi, Takahiro Shiotsuki, Akiya Jouraku, Takumi Kayukawa, Chieka Minakuchi
2. 発表標題 Hormonal regulation of sexually dimorphic development of the Japanese mealybug Planococcus kraunhiae
3. 学会等名 International Congress of Entomology 2024 (国際学会)
4. 発表年 2024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	新美 輝幸 (Niimi Teruyuki) (00293712)	基礎生物学研究所・進化発生研究部門・教授 (63904)	
研究分担者	粥川 琢巳 (Kayukawa Takumi) (70580463)	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・主任研究員 (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
---------	---------