

機関番号：17102

研究種目：基盤研究（C）

研究期間：2008～2010

課題番号：20570088

研究課題名（和文） DNA バーコーディングを利用したウンカ・ヨコバイ類の分子分類

研究課題名（英文） Molecular taxonomy of Auchenorrhyncha with DNA barcodes

研究代表者

紙谷 聡志（KAMITANI SATOSHI）

九州大学・大学院農学研究院・准教授

研究者番号：80274520

研究成果の概要（和文）：

DNA バーコーディングを利用したウンカ・ヨコバイ類の分子分類を行うためのモデル生物としてクワキヨコバイ属を用いて研究を行った。本研究では、形態分類とミトコンドリア DNA を用いた分子系統樹の作成を行った。その結果、形態比較によると 2 既知種と 4 未記載種に分けることができた。本研究では、交尾器による形態分類は必ずしも分子情報に支持されなかった。このことから交尾器形態による種同定の有効性、もしくは、DNA バーコードを用いた分類の正確性が問われる結果となった。

研究成果の概要（英文）：

Only five DNA barcodes of Japanese leafhoppers have been recorded. In this study, 63 barcodes under 45 species are newly added to the database of DNA barcodes. Barcodes of Japanese leafhoppers had different COI sequences, and none was shared between species. COI differences between most cicadellid species exceeded those within species.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2008年度	1,100,000円	330,000円	1,430,000円
2009年度	1,400,000円	420,000円	1,820,000円
2009年度	1,100,000円	330,000円	1,430,000円
年度			
年度			
総計	3,600,000円	1,080,000円	4,680,000円

研究分野：農学

科研費の分科・細目：応用昆虫学

キーワード：分子分類, 分類学, 昆虫, DNA バーコーディング, COI

## 1. 研究開始当初の背景

DNA バーコーディング (DNA Barcoding) とは、生物の種などの分類群を簡易に同定することや、分類学や進化系統学的な研究を補完することなどを目的として、規定された DNA 塩基配列のごく一部を種の標徴的な”バイオマーカー”として利用するものである。DNA バーコーディングでは、すべての動物に対して、ユニバーサル・プライマーを用い、規定した DNA 塩基配列 (mtDNA の COI 領

域の一部、約 700bp) を対象として解析をするために、すべての動物に対して同じ手法で情報を得ることができるという大きな利点がある。

昆虫類の DNA バーコーディングに関しては、チョウやガからなる鱗翅目以外ではほとんどバーコードの登録がない。したがって、すべての分類群に関してバーコードの登録が必要とされるが、とくに、農業害虫とされる昆虫類に関しては社会的な必要性が高い

といえる。

DNA バーコーディングにおけるもうひとつの問題点は、DNA を解析した昆虫の参照標本を昆虫分類学の模式標本と同様に永久的に保存しなくてはならないことである。しかし、模式標本と異なり、参照標本の数は解析した昆虫の数と等しく存在するために、収蔵する公的機関が必要とされる。そこで、九州大学では申請者が所属する農学研究院および総合研究博物館でこれらの参照標本を組織的に収蔵することを計画している。

## 2. 研究の目的

昆虫類の DNA バーコーディングに関しては、チョウやガからなる鱗翅目以外ではほとんどバーコードの登録がない。したがって、すべての分類群に関してバーコードの登録が必要とされるが、とくに、農業害虫とされる昆虫類に関しては社会的な必要性が高いといえる。東アジアや東南アジアにおいて、もっとも主要な作物であるイネは、現在もツマグロヨコバイをはじめとする様々なヨコバイ類の被害を受けている。日本においては発生予察事業等によって同定方法が確立されているが、日本以外の諸国では雄成虫でしか同定ができないために正確な発生予察の資料を作ることができず、被害を抑えることが困難な状況である。

DNA バーコーディングにおけるもうひとつの問題点は、DNA を解析した昆虫の参照標本を昆虫分類学の模式標本と同様に永久的に保存しなくてはならないことである。しかし、模式標本と異なり、参照標本の数は解析した昆虫の数と等しく存在するために、収蔵する公的機関が必要とされる。そこで、九州大学では申請者が所属する農学研究院および総合研究博物館でこれらの参照標本を組織的に収蔵することを計画している（日本昆虫学会 2006 年大会小集会）。

## 3. 研究の方法

平成 20 年度

ユニバーサル・プライマーを用いてバーコード領域を PCR 増幅させた場合、ヨコバイ類では、次の 3 つのような結果が得られた：領域のみが増幅する場合、非特異的領域も併せて増幅してしまう場合、増幅しない場合。増幅しなかったサンプルの割合は 21% であったが、残りの増幅したサンプルの中でアライメントが良好に行えたのは 37% しか得られなかった。このことから、今後、ユニバーサル・プライマーの改良が必要であることが示唆された。

次に、アライメントを行ったサンプルについて、クワキヨコバイ属の分類体系と DNA バーコードとの整合性を検証した結果、属レ

ベル、種群レベルならびに種レベルでも高い整合性がみられ、DNA バーコードを用いた同定が可能であると考えられた。

平成 21 年度

ヨコバイ科 16 亜科 46 種 85 個体、ウンカ科 1 科 1 属 1 種を用いて、DNA バーコードの解析を行った。その結果、すべての個体において DNA 抽出、PCR 増幅が確認された。プライマーの認識配列部分とその周辺では塩基のピークが判別しにくいために 467bp にまでアライメントを行って、バーコードの有用性を検証した。

すべてのバーコードは、ほとんどの種においては 1 種に対して対応していたことから、同定ツールとしてのバーコードは非常に有用であることが明らかになった。また、近縁種間や、一部の属では高い信頼性の系統樹を得ることができたために、系統樹を用いた分類学的位置の推定の可能性が示唆された。

平成 22 年度

本年度は、初年度に確立した解析プロトコルを用いて、以下の研究を行う

1) ツマグロヨコバイの DNA バーコードを明らかとする。

昨年度から継続して、ツマグロヨコバイの DNA バーコードの地域変異を解明する。本種は、すでに地域分化が生じていることが推測されているために、国内のサンプルを用いて地域変異が DNA バーコードによって、どの程度、解明できるかについて検証を行う。なお、国内のサンプルについては、各県の試験場にサンプルの提供を依頼する。

2) クワキヨコバイ属の DNA バーコードを明らかとする。

ウンカ・ヨコバイ類の分子分類のモデルケースとして、クワキヨコバイ属 *Pagaronia* の DNA バーコードを解析する。この属は、国内における種分化が著しく、形態による分類で注目されている。本年度は、西日本での分化が著しいオカダクワキヨコバイ *P. okadai* とその近縁種の DNA バーコードについて研究を行う。

3) 日本におけるイネを加害するウンカ・ヨコバイ類の DNA バーコードを明らかとする。

日本におけるイネの害虫のうちウンカ・ヨコバイ類は、日本応用動物昆虫学会編「農林有害動物・昆虫名鑑 増補改訂版 2006」によると、ウンカ科（セジロウンカ、トビイロウンカ、ヒメトビウンカ、ホソミドリウンカ）、シマウンカ科（シマウンカ）、ヒシウンカ科（ヒシウンカ）、ハゴロモ科（ヒメベッコウハゴロモ）、ヨコバイ科（イナズマヨコバイ、オオヨコバイ、クロスジツマグロヨコバイ、タイワンツマグロヨコバイ、ツマグロヨコバイ、ナカグロホソサジヨコバイ、ヒメフタテンヨコバイ、マラヤツマグロヨコバイ、ヨツ

モンヒメヨコバイ)、アワフキムシ科(ヒメフタテンナガアワフキ、マルアワフキ)の計18種が知られている。これらの種について、DNAバーコードを明らかにする。

#### 4) 国際頸吻類学会への参加

フランスにおいて開催される第8回国際頸吻類学会において、本研究の成果を発表した。

#### 4. 研究成果

九州地方に広く分布しているオカダクワキヨコバイ *P. okadai* ANUFRIEV, 1971 は、オス交尾器の *pygofer* に鑿構造をもち、*aedeagus* の *shaft* がS字状に湾曲するという特徴をもつ。このような形態的特徴をもつ種は、OKADA (1976)によって *P. daisenensis* OKADA, 1976, *P. dogoyamensis* OKADA, 1976, *P. shobarana* OKADA, 1976 が中国地方から記載、HAYASHI & YOSHIDA (1995)によって *P. recurvata* HAYASHI et YOSHIDA, 1995 が福岡県の脊振山から記載された。これらの5種は *okadai* 種群としてまとめられた。*okadai* 種群の中でオカダクワキヨコバイは、挿入器 *aedeagus* の *shaft* 中央の腹面に左右に広がる大きな葉状片が発達する点が、本種の特徴である。しかし、近年の研究によって、山口県の数地域で非常に小さな葉状片をもち、記載種5種とは異なる交尾器形態をもつ種が確認された(本研究ではそれらの個体を *P. sp. 1* と表記する)。また、長崎県雲仙市においても同様に非常に小さな葉状片を有する個体が採集されている(*P. sp. 2*)。これら2種は *aedeagus* の *shaft* を側面からみたときの幅が異なっており、*P. sp. 1* は *P. sp. 2* に比べて明らかに幅広い。オカダクワキヨコバイ、*P. sp. 1*、*P. sp. 2* の形態差は安定しているため、分類形質を正しく判断できる専門家であれば誤同定を導くことはないが、分類に不慣れな者にとってはこれらの種の同定は困難である。このため、同定を支援するツールが期待されている。

新たな同定の手法として、HERBERT et al. (2003) により DNA バーコーディングが提唱されている。DNAバーコーディングとは、生物のDNA塩基配列の一部をバーコードに見立て、種の標徴的なバイオマーカー(DNAバーコード)としてデータベース化し、生物の簡易同定や検索に用いる手法である。従来の形態情報を用いた同定手法と比べてこの手法は、プロトコルの標準化によってほとんどすべての分類群で速やかに同質のデータが得られることが挙げられる。最近では、乾燥標本にも適用が可能となってきたために、利用範囲が大幅に広がっている。このため、形態的特徴が非常に乏しく同定が困難な分類群や、同定が特定の性やステージに限定される分類群、著しい性的二型を示す分類群、多くの隠蔽種を持つ可能性のある分類群な

どにおいて非常に有用な同定手法となり、さらに、破損した標本や部分的な標本の同定にも有効であると考えられている。現在、動物におけるDNAバーコードは、ミトコンドリア・ゲノム上の *cytochrome oxidase subunit I* の5'末端の約600bpの領域(COIバーコード領域)が採用されており、多くの分類群で共通して使用できるユニバーサル・プライマーが用いられている(FOLMER et al., 1994; HERBERT et al., 2003)。

本研究では、オカダクワキヨコバイや *P. sp. 1*、*P. sp. 2*、*okadai* 種群の近縁種について、葉状片形質を中心にオス交尾器の詳細な形態比較・分類を行うとともに、DNAバーコードに基づく分子系統樹を作成し、形態による分類が分子データからも支持されるか否かについてを考察することを目的とした。

#### 材料及び方法

##### 1. ヨコバイの採集及び形態観察による同定

2010年4月24日から5月27日の間、オカダクワキヨコバイが確認されている山口県、高知県、九州地方において野外調査を行い、計53産地で本属の標本を得た。採集には直径42cmの捕虫網と150cm柄を用い、スウィーピング法を採用した。林縁部のヨモギ(*Artemisia indica* var. *maximowiczii* (NAKAI) H.HARA) やヤマグワ(*Morus australis* POIRET)、イヌビワ(*Ficus erecta* THUNB.)を対象にし、周辺の草本・木本類とともにスウィーピングを行った。得られた個体はクロロホルムで殺虫し、合成-99(日本アルコール販売)(工業用99.5% Ethanol)にて処理し、4°Cで保存した。また、乾燥標本に関しては18°Cで保存した。実験には著者らによって採集されたヨコバイと、九州大学昆虫学研究室所蔵の2008年に採集された標本を使用した(表1)。オカダクワキヨコバイの近縁種と考えられる *okadai* 種群に属する74個体を用い、また外群としてクワキヨコバイ属のうち *okadai* 種群に含まれない種を11個体用いた。

各地で得た標本はまず頭部、胸部、前翅の観察を行った。次に、オス交尾器を用いた形態比較に基づき、種の同定を行った。オスの交尾器の観察を容易にするために、腹部第8節以降を腹部から切り離し、5% KOHの入った10mlのねじ口瓶に入れ、それを沸騰した水の入ったビーカーの中に約10分間入れ、タンパク質等を溶解した。観察には実体顕微鏡を用い、倍率は50倍とした。観察後、生殖器はグリセリンの入ったポリエチレンチューブ(Hibiki: Polyethylene Tubing High class grade, Size 9)の中に封入し、保存した。

採集したサンプルは合成-99(日本アルコール販売)(工業用99.5% Ethanol)にて処理し、

冷蔵庫内(4°C)または標本室(18°C)で保存した。所蔵標本は上記のようにアルコール処理されたもの、若しくは乾燥標本を用いた。オス交尾器の形態観察によるサンプルの同定を行うため、紙谷聡志准教授、神代瞬氏によってサンプルを1時間蒸留水に浸し、浸水後、腹部のみを摘出し、5% KOH(Wako:168-21815)で5分間加熱処理を行った。KOH処理後、交尾器の形態から同定を行った。

## 2. 塩基配列の決定

Ethanol洗浄後、サンプルを入れたPCR tubeにそれぞれ10µlのHi-Di Formamidを加え、94°Cで5分間のHeat shock処理を行った。処理後、速やかに氷上に戻し、3分静置し、96 well plateに移し、3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems)を用いてシーケンスを行った。3100 Genetic Analyzerの反応後、解析データをMEGA ver. 4.0.2により668bpの長さまで塩基配列の決定を行った。

## 3. 塩基配列解析

それぞれの塩基配列から、MEGA4.0.2を用いた近隣結合法(neighbor-joining method: NJ)法、Mr Bayesを用いたベイズ(bayes)法の系統樹を作成した。この際、約4%以上の分岐をひとつのクレードとして認めた。

## 結果

### 1. 交尾器の形態比較

用意した標本のオス個体に関して、交尾器の形態比較を行った。その結果、*P. okadai*, *P. recurvata* 既知種2種と、*P. sp.* 1~4の未記載種4種に分けることができた。

### 2. 分子情報の解析

*P. okadai* とその近縁種74個体のうち66個体においてDNA抽出、PCR増幅、シーケンスの成功が確認された。また、外群として用いた11個体のうち、5個体においてDNA抽出、PCR増幅の成功が確認された。また、実験に成功したうち山口県山口市で採集した1個体(サンプル番号38)、他種とは全く異なる配列をもつものがあり、BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)を行った結果、類似指数 Query Coverage はハモグリバエの1種(*Phytomyza davisii* WALTON, 1912)の塩基配列と99%で一致した。さらに、Barcode Of Life Data Systems V 2.5 (<http://www.boldsystems.org/views/login.php>)において検索にかけて、NJ系統樹を計算させたところ、アタマアブ科の一種とクレードを形成した(図9)。

### 3. 分子系統樹

NJ法とベイズ法による分子系統樹をそれぞれ図10, 11に示した。NJ法により作成した分子系統樹において、分岐の深さから6つのcladeに分けることができた。それぞれクレード1~クレード6とした。

クレード1には、*P. okadai* (サンプル番号11, 12, 44, 47, 48, 52-59, 68)と、*P. recurvata* (45, 46), *P. sp.*2 (19, 40-42)が含まれた。*P. okadai*の産地は、高知県四万十市、福岡県福岡市、同県朝倉市、熊本県合志市、大分県由布市、鹿児島県霧島市であった。

クレード2には、クレード1に含まれない*P. okadai* (16, 17, 24, 30, 35, 43, 49, 54, 55, 61-64)が含まれ、これらの産地は山口県山口市、大分県大分市、同県国東市、宮崎県宮崎市、同県日向市であった。

クレード3と4には、それぞれ*P. sp.*3 (10, 30), *P. sp.*4 (13, 21, 22, 28, 34, 36, 37, 51, 65-67, 69-71)のみが含まれた。

クレード5と6には、*P. sp.*1のみが含まれたが、山口県長門市で採集された3個体(72-74)は他の*P. sp.*1とは独立してクレード6を形成した。

## 考察

### 1. 実験に失敗した個体

実験に用いた85個体のうち、14個体でDNAの増幅が確認できなかった。このうち10個体(サンプル番号1, 2, 4-6, 9, 38, 50, 56, 57)に関してはそのほとんどが実験初期のものであることから、実験手法に不慣れであったための失敗と考えられる。残り(サンプル番号31-33, 39)は、5個体用いた乾燥標本のうちの4個体であった。

### 2. サンプル番号38の個体

サンプル番号38の塩基配列はBLASTによる相同性検索とBOLDによるNJ系統樹では推定された昆虫が異なっていた。NJ系統樹で推測されたアタマアブはウンカ・ヨコバイ類に内部寄生することが知られており(平嶋ら, 1989)、BLASTによって推測されたハモグリバエよりも生態的な一致性は高いと思われた。しかし、アタマアブとの相同率は94%であり、ハモグリバエとの相同率99%よりも著しく低い点が問題である。

### 3. 形態分類と分子分類の整合性

本研究では*P. okadai* とその近縁種をaedeagusの形態比較から2既知種4未記載種に分類した。しかし、ミトコンドリアDNAのCOI領域を用いた分子系統樹ではaedeagusの形態による比較を支持せず、形態種を混在した6つのクレードを形成した。

#### 4-1. クレード1, 2

クレード1には*P. okadai* と *P. recurvata*, *P. sp.*2が含まれた。このことから、形態により別種と分類される*P. okadai* と *P. recurvata* は、分子情報に基づくと同種である可能性が示された。本実験では、COIのみを用いているため、今後は他の領域の遺伝子情報も加えて再検討する必要がある。一方、クレード2には、クレード1に含まれない*P.*

okadai が全て含まれた。しかし、クレード 1, 2 間の *P. okadai* には形態的特徴で区別することができず、産地を見ても区別することができなかった。このことから *P. okadai* には 2 系統があり、*P. okadai* として分類されているものの中には、隠蔽種が存在する可能性がある。従って、今後は分子情報の追加、生態的隔離の有無を調べるための生態実験等を行うことで本分類群の解明へとつながる。

#### 4-2. クレード 3, 4

クレード 3 には、*P. sp. 3* のみが含まれ、*P. sp. 3* は形態分類の結果と合致した。同様に、クレード 4 には *P. sp. 4* のみが含まれ、*aedeagus* が類似する *P. recurvata* とは異なるクレードを形成し、それぞれ別種と見なされた。*P. sp. 3*, *P. sp. 4* は分子情報が形態分類を支持し、それぞれ *okadai* 種群の中で独立した種として支持された。

#### 4-3. クレード 5, 6

クレード 5 には *P. sp. 1* のみが含まれた。*P. sp. 1* は *aedeagus* 腹面中央に葉状片を持ち、形態的には *P. okadai* と類似するが、*P. okadai* とは異なるクレードを形成し別種であると考えられた。

#### 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 11 件)

査読付

- (1) Higuchi, T., S. Kamitani & S. Okudera, 2008. Four new species of the *harpagonis*-group in the genus *Pagaronia*. *Japanese Journal of Systematic Entomology*, 14: 253-259.
- (2) Kamitani S. & S. Okudera, 2009. Four new species of the genus *Pagaronia* (Auchenorrhyncha, Cicadellidae, Evacanthinae) from the Kii Peninsula and its adjacent areas, central Honshu, Japan. *Japanese Journal of Systematic Entomology*, 15: 347-354.
- (3) Mita, T., N. Ohara, S. Kamitani & H. Nishimoto, 2009. New host record of *Aphelopus sharkeyi* Olmi and *Anteon abdunnouri* Olmi from Japan (Hymenoptera, Dryinidae). *Japanese Journal of Systematic Entomology*, 15: 309-311.
- (4) Hayashi, M., S. Kamitani & N. Ohara, 2010. Auchenorrhynchan biodiversity in Japan. 13th International Auchenorrhyncha Congress, talks and posters, 116-117.
- (5) Kamitani, S., M. Hayashi, N. Ohara & S. Okudera, 2010. Taxonomic studies of Japanese Cicadellidae. 13th International Auchenorrhyncha Congress, talks and posters, 118-119.

- (6) Hayashi, M., S. Kamitani, S. Okudera & K. Yoshida, 2010. Biodiversity and species-group classification of East Asian *Pagaronia*. 13th International Auchenorrhyncha Congress, talks and posters, 120-121.

査読無

- (1) Kamitani, S., 2008. Taxonomic Study on Two Taiwanese Species of the Genus *Xestocephalus* (Auchenorrhyncha, Cicadellidae). *Esakia*, (48): 41-46.
- (2) Yoshimatsu, A., S. Kamitani, M. Hayashi & M. Ohara, 2008. New record of *Hiratettix arisanellus* (Auchenorrhyncha: Cicadellidae) from Kyushu and the Amami Iss. *Esakia*, (48): 59.
- (3) Kamitani, S., R. Ubaidilah, S. Kahono & I.A. Ghani, 2009. Taxonomic Study on four Southeast Asian species of the Genus *Xestocephalus* (Auchenorrhyncha, Cicadellidae). *Esakia*, (49): 95-101.
- (4) Kamitani, S., R. Ubaidilah, & S. Kahono, 2011. Two new species and new record of the genus *Hishimonus* (Hemiptera: Auchenorrhyncha: Cicadellidae) in the Krakatau Isls. and Java, Indonesia. *Esakia*, (50): 75-80.
- (5) Kamitani, S., 2011. DNA Barcodes of Japanese Leafhoppers. *Esakia*, (50): 81-88.

〔学会発表〕(計 15 件)

- (1) 吉松晶子・紙谷聡志 (2008.9) 日本産 *Batracomorphus* 属の分類学的研究. 第 68 回日本昆虫学会大会, 高松.
- (2) 紙谷聡志・樋口敏幸 (2008.9) *Pagaronia protecta* 種群に関する分類学的研究. 第 68 回日本昆虫学会大会, 高松.
- (3) 紙谷聡志・田津原陽平・大田綾子 (2008.9) DNA バーコードを用いたヨコバイ類の同定. 第 68 回日本昆虫学会大会, 高松.
- (4) 大田綾子・紙谷聡志・田津原陽平 (2008.12) DNA バーコードを用いたヨコバイ類の同定. 平成 20 年度日本昆虫学会大会九州支部大会, 北九州.
- (5) 紙谷聡志・林正美 (2009.10) 日本産スカシヨコバイ属 *Scaphoideus* の分類学的再検討(カメムシ目: ヨコバイ科). 第 69 回日本昆虫学会大会, 津.
- (6) 安藤藍子・紙谷聡志 (2009.10) DNA バ

- ーコードを用いた日本産ヨコバイ科の  
同定(カメムシ目: ヨコバイ科). 第 69  
回日本昆虫学会大会, 津.
- (7) 神代瞬・奥寺繁・紙谷聡志 (2009.12)  
九州産クワキヨコバイ属 (カメムシ目、  
ヨコバイ科) の分類学的研究. 平成 21  
年度日本昆虫学会大会九州支部大会,  
別府.
- (8) 紙谷聡志・林正美 (2009.10) 日本産ス  
カシヨコバイ属 *Scaphoideus* の分類学  
的再検討(カメムシ目: ヨコバイ科). 第  
69 回日本昆虫学会大会, 津.
- (9) 紙谷聡志・奥寺 繁・神代 瞬・久富倫  
子 (2010.9) オカダクワキヨコバイお  
よびその近縁種に関する生物地理・分  
類学的研究. 第 70 回日本昆虫学会大会,  
鶴岡.
- (10) . 神代 瞬・紙谷聡志・奥寺 繁 (2010.9)  
クワキヨコバイ属 *okadai* 種群の分類  
学的研究. 第 70 回日本昆虫学会大会,  
鶴岡.
- (11) 久富倫子・紙谷聡志・奥寺 繁・神代  
瞬 (2010.12) オカダクワキヨコバイ  
とその近縁種に関する分類学的研究.  
平成 22 年度日本昆虫学会大会九州支  
部大会, 福岡.
- (12) Hayashi, M., S. Kamitani & N.  
Ohara, 2010. Auchenorrhyncan  
biodiversity in Japan. 13th  
International Auchenorrhyncha  
Congress (Vaison la Romaine,  
France).
- (13) Kamitani, S., M. Hayashi, N. Ohara  
& S. Okudera, 2010. Taxonomic  
studies of Japanese Cicadellidae.  
13th International Auchenorrhyncha  
Congress (Vaison la Romaine,  
France).
- (14) Hayashi, M., S. Kamitani, S.  
Okudera & K. Yoshida, 2010.  
Biodiversity and species-group  
classification of East Asian  
*Pagaronia*. 13th International  
Auchenorrhyncha Congress (Vaison  
la Romaine, France).

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

紙谷 聡志 (KAMITANI SATOSHI)  
九州大学・大学院農学研究院・准教授  
研究者番号: 8 0 2 7 4 5 2 0

### (2) 研究分担者

なし

### (3) 連携研究者

なし