

令和 6 年 6 月 19 日現在

機関番号：82111

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2021～2023

課題番号：21H03831

研究課題名(和文)シルクの構造・物性の多様性を担う分子基盤の解明

研究課題名(英文)Elucidation of the molecular basis for the diversity of structural and physical properties of silk

研究代表者

瀬筒 秀樹 (Sezutsu, Hideki)

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・研究領域長

研究者番号：70342805

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,400,000円

研究成果の概要(和文)：ヤママユガ科のクスサンとエリサンには、カイコに存在するフィブロインL鎖やフィブロヘキサメリンというシルク遺伝子が存在しないことがわかった。また、カイコと比べるとエリサンで発現が共通しているシルク関連遺伝子および異なる遺伝子が多数存在することを見出した。クスサンのシルクは、ヤママユガ科の中でもフィブロインH鎖のアミノ酸配列における繰り返し特徴配列の規則性が極めて高いため、これをモデルシルクとし、力学応答挙動の一部である破断伸度と特徴配列中のアミノ酸配列との相関関係を導くX線散乱解析手法を確立した。本手法は、ヤママユガ科シルクの力学応答挙動を一次構造情報から予測可能とする初めての手法となった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

シルクの構造・物性の多様性を理解するため、ヤママユガ科のクスサンやエリサンのシルク遺伝子を調べたところ、カイコとはシルク遺伝子の種類が異なることを示した。また、クスサンのシルクをモデルシルクとし、シルクの特徴的なアミノ酸配列(一次構造)と力学応答挙動の一部である破断伸度との相関関係を導くX線散乱解析手法を確立した。本手法は、ヤママユガ科シルクの力学応答挙動を一次構造情報から予測可能とする初めての手法であり、将来的には、ヤママユガ科シルクのゲノム編集によりシルクの力学応答挙動を任意にデザインすることを可能にする基盤技術となった。

研究成果の概要(英文)：We found that the two saturniid moths (*Saturnia japonica* and *Samia ricini*) lack the major silk genes, fibroin l-chain and fibrohexamerin, present in the domesticated silkworm, *Bombyx mori*. We also found that there are a number of silk-related genes are differentially or commonly expressed in *S. ricini* compared to *B. mori*. Since the silk of *S. japonica* has an extremely high regularity of repetitive sequences in the amino acid sequence of the fibroin H-chain among saturniid moths, we used this silk as a model silk and established an X-ray scattering analysis method to derive a correlation between the elongation at break, which is a part of mechanical response behavior, and the amino acid sequence in the feature sequence. This is the first method to predict the mechanical response behavior of silk from primary structural information.

研究分野：昆虫生物学

キーワード：シルク フィブロイン クスサン カイコ X線散乱解析 階層構造 一次構造 力学物性

様式 C - 19、F - 19 - 1 (共通)

1. 研究開始当初の背景

(1) チョウ目昆虫の最大の特徴は、構造や物性面で多彩な性質を持つ「繭」を作ることである。繭は蛹の時期に外敵から身を守る役割があり、繭の性質の違いは生存戦略の違いを反映しているものと考えられる。したがって、繭の多様性を産み出すメカニズムを明らかにすることは、昆虫の環境適応と、素材としてのシルクを理解する上できわめて重要である。

(2) 繭の多様性を考える上で、繭の構成要素である絹糸(シルク)の性質(とくに繭の強度に影響を与える力学物性)の理解が重要となる。しかし、シルクの力学物性が多様であることは広く認識されているものの、その多様性を与える分子基盤、すなわち、シルクタンパク質の種類やアミノ酸配列など「タンパク一次構造」と力学物性との因果関係はほとんど明らかにされていない。シルクの一次構造と力学物性との因果関係を理解するためには、一次構造と力学物性とを繋ぐ「繊維階層構造」の概念がとくに重要となる。シルクタンパクは、結晶部と非晶部から成る複雑な階層構造をつくり、これが力学物性に直接関係する構造となる。したがって、シルクの多様性を与える分子基盤を理解するためには、一次構造 - 階層構造 - 力学物性の三者の関係を明らかにする必要がある。

(3) チョウ目昆虫シルクの構造、物性研究では、カイコガ科と、チョウ目の中でも特に多様なシルクを作る「野蚕」と呼ばれるヤマモユガ科の研究が活発に行われているが、研究分担者の吉岡は、これらのシルクがいずれも、結晶部と非晶部の周期構造から成る類似の階層構造を形成することを明らかにしてきた(文献)。一方、研究代表者の瀬筒、分担者の坪田、横井らは、これらシルクのフィブロイン H 鎖のアミノ酸配列に特徴的相違が存在することを明らかにしてきた(文献)。

(4) 上述したように、チョウ目昆虫は多様なシルクを作るものの、多様性を産み出す分子基盤については不明な点が多い。これまで、様々なシルクについて、タンパク一次構造の解析、繊維階層構造の解析、力学物性の解析は個別に行われ、三者間の因果関係は、考察の域に止まっていた。しかし、近年のゲノム編集技術の急速な進歩にともない、標的とする遺伝子を自在に改変し、遺伝子機能解析を行うことが可能になってきた。同時に、次世代シーケンス技術の発展により、ロングリードを利用したゲノム解読や大規模 RNA 解析を低コストで行うことも可能になってきた。これらの技術を効果的に用いることで、これまで推察、あるいは仮説で止まっていた「シルクの一次構造 - 階層構造 - 力学物性の三者間の因果関係に関する考察」に対し、ゲノム編集シルクを用いた検証実験が可能となり、本研究目的である、シルクの多様性と、その創出に関わる遺伝子の機能および配列(すなわち、一次構造)との関係を明らかにできるとの着想に至った。

2. 研究の目的

(1) 本研究の目的は、シルクの多様性を与える分子基盤を解明することである。シルクのタンパク分子の種類やアミノ酸配列の違いが、繊維階層構造の形成にどの様に寄与し、結果として力学物性に影響を与えているのか?を明らかにすることが課題となる。目的達成に向け上述の学術的「問い」に答える必要があるが、我々はその答えとして(次項(2)に示す)「実験事実に基づくある仮説」を有している。本研究ではこの仮説を検証するために、一次構造と力学物性がいずれも特徴的かつ顕著に異なる「カイコとエリサンシルクの一次構造」をゲノム編集により目的に応じ様々な改変することで、繊維階層構造(およびその形成機構)ならびに力学物性への一次構造の影響を明らかにする。シルクの構造・物性研究を目的とするゲノム編集技術の応用は、応募者らのグループ以外では世界的に例がなく(文献)、学術的独自性と創造性を兼ね備えた挑戦と言える。

(2) シルクの主タンパク質(フィブロイン H 鎖(H-Fib))は、分子鎖の中で結晶化に寄与し得るアミノ酸配列領域(結晶領域)と寄与し得ない領域(非晶領域)とが繰り返した構造をとっている。このため階層構造形成には、結晶化領域同士が位置を揃えて集合・凝集する必要があり、「位置を揃えるための何らかの凝集力」が存在するはずである。吉岡らは、ヤマモユガ科の H-Fib に共通的に認められるポリアラニン配列が β -ヘリックスを形成し、それらが自己組織化的に「六方細密充填」状に凝集することで位置を揃え、吐糸時の延伸による効率的な β -シート結晶構造への転移が生じることを明らかにした。すなわち、ヘリックス同士の疎水-疎水相互作用が、「位置揃えの凝集力」の役割を果たすことを結論した。では、ポリアラニン領域を持たないカイコガ科シルクは何を凝集力とするのか?上述の学術的「問い」に答えるためには、カイコガ科シルクの「位置揃えの凝集力」を明らかにする必要がある。

(3) カイコガ科シルクは、H-Fib/フィブロイン L 鎖(L-Fib)/フィブロヘキサメリン(Fhx)の3種類のタンパク質の複合体で形成されており、1本のFhxが6本のH-Fib(各H-Fibには1本のL-FibがSS結合を介して結合)を疎水性相互作用により「六方細密充填様」に束ねた構造

であることが知られている（文献 ）。この複合体形成は、絹糸腺の細胞から H-Fib を正常に分泌するために必要と言われているが、同時に、階層構造形成における「位置揃えの凝集力」としての役割りを果たすものと推察される。すなわち、「ヤママユガ科シルクにおいて H-Fib のポリアラニン配列が担う「位置揃えの凝集力」を、カイコガ科シルクでは Fhx（あるいは、L-Fib と Fhx）が担っている」との仮説が成り立つ。この仮説を検証するため、カイコとエリサンをモデル試料とし、構造形成のための凝集力に寄与すると考えられる因子のゲノム編集による改変を「戦略」とすることで、階層構造形成ならびに力学物性への一次構造の寄与を明らかにする。

3. 研究の方法

(1) ヤママユガ科シルクに l-fib と fhx 遺伝子が存在しないことの確認

ヤママユガ科シルクに L-Fib と Fhx がいないことを明らかにするため、ヤママユガ科の昆虫（エリサン、テンサン、クスサン、シンジュサン等）の絹糸腺から抽出したゲノム DNA を用い、全ゲノム解読および絹糸腺トランスクリプトーム解析を行った。アセンブルしたゲノム配列をカイコと比較し、l-fib と fhx 遺伝子の存在の有無を明らかにすることとした。また、最新のショートリードシーケンサーから出力されるデータ量（例：Illumina Novaseq 6000 では 45Gb 程度）であれば、低レベルで発現する遺伝子も十分に検出することができるため、絹糸腺のトランスクリプトーム解析からも、l-fib と fhx 遺伝子の発現の有無を確かめた。同時に、カイコの高精度ゲノムアセンブリを行い、比較に用いるレファレンスとして用いた。

(2) l-fib および fhx 遺伝子ノックアウトカイコ作出とそのシルクへの影響解析、アラニン配列のノックアウトエリサンの作出とそのシルクへの影響解析

ノックアウトカイコについては、カイコのゲノム編集技術は既に確立されており、標的遺伝子を効率よくノックアウトするシステムが構築されている。fhx 遺伝子や、l-fib 遺伝子のプロモーター領域をターゲットにしたノックアウトカイコを、TALEN または CRISPR/Cas9 を用いて作出する。各々より得られる L-Fib および Fhx ノックアウトカイコシルクの階層構造およびその形成機構、ならびに力学物性を解析し、L-Fib と Fhx の構造・物性への影響を明らかにする。

ノックアウトエリサンについては、これまでに安定的な作出法は確立されていないが、H-Fib のポリアラニン配列をノックアウトしたエリサンの作出を目指す。具体的には、1 分子の H-Fib 中に 90 箇所以上存在するポリアラニン配列のうち、標的特異性が担保される部位を見出し TALEN の設計を行う。将来的にはノックアウトによるシルクの構造および物性への影響を明らかにすることを目指す。

(3) シルクの構造解析

ヤママユガ科のクスサンの幼虫を野外で採集し飼育することに成功したため、クスサンのシルクの構造解析を行った。クスサンのシルクは、ヤママユガ科の中でも H-Fib のアミノ酸配列における繰り返し特徴配列の規則性が極めて高いため、クスサンのシルクをモデルシルクとし、力学応答挙動の一部である破断伸度と特徴配列中のアミノ酸配列との相関関係を導く X 線散乱解析手法を確立した。クスサン繭糸の階層構造情報に基づき、クスサン繭糸の力学引張挙動における応力ひずみ挙動と最大破断伸度をアミノ酸配列（一次構造）より予測した。

4. 研究成果

(1) ヤママユガ科のクスサンのゲノムシーケンス解析と RNAseq

ヤママユガ科のクスサンの幼虫を野外で採集することができたため、飼育体制を構築しながら、終齢幼虫から複数の組織をサンプリングし、ゲノム DNA と RNA の抽出を試みるとともに、繭糸の構造解析を行った。クスサンのゲノム DNA 抽出及び RNA 抽出を試みたが、ゲノム DNA 抽出において、体液成分等の影響で DNA 抽出効率が低く、工夫が必要であった。しかしながら、ゲノム DNA 及び RNA を抽出してゲノムシーケンス解析を行うことができ、RNAseq も進めた。

ゲノムシーケンス解析では、ゲノムアセンブルのため、PacBioSequeli を使用して、平均リード長 19kb、合計 138Gb のロングリードシーケンスデータを取得した。また、配列のポリッシング用に、同一の DNA サンプルを用いて IlluminaNovaseq6000 により 51.9Gb のショートリードシーケンスデータを取得した。ショートリードシーケンスデータから推測されたゲノムサイズは 537.5Mb だった。wtDBG2 によるアセンブリ、purge_haplotigs による一倍体アセンブリ化によって、最終的に N50=4.8Mb、最大コンティグ長 19.6Mb、ゲノムサイズ 574Mb のゲノムアセンブリを構築した。エリサン(458Mb)、ヤママユガ(656Mb)、サクサン(720Mb)からしても妥当なサイズであった。

RNA-seq 解析では、IlluminaNovaseq6000 を使用して、クスサンの異なる 9 組織（前部/中部/後部絹糸腺、唾液腺、中腸、脂肪体、マルピーギ管、精巣、卵巣）×3 反復、計 27 サンプルの RNA-seq を行った。その結果、l-fib および fhx 遺伝子が存在しないことがわかった。

	caligula_redbean.ctg.lay
# contigs (>= 0 bp)	1287
# contigs (>= 1000 bp)	1287
# contigs (>= 5000 bp)	1182
# contigs (>= 10000 bp)	743
# contigs (>= 25000 bp)	366
# contigs (>= 50000 bp)	249
Total length (>= 0 bp)	574218782
Total length (>= 1000 bp)	574218782
Total length (>= 5000 bp)	573768443
Total length (>= 10000 bp)	570612613
Total length (>= 25000 bp)	564679036
Total length (>= 50000 bp)	560760754
# contigs	1287
Largest contig	19644430
Total length	574218782
GC (%)	34.47
N50	4759082
N75	2682779
L50	34
L75	73
# N's per 100 kbp	0.00

図1 クスサンのゲノムシーケンス解析結果

(2) ヤママユガ科のエリサンのゲノムシーケンス解析と RNAseq

公開されているエリサンのゲノムアセンブリデータおよび自ら取得した RNAseq データを用いて、絹糸腺のトランスクリプトーム解析を行い、エリサンシルク遺伝子座のゲノム構造がユニークであることや、カイコとエリサンで発現が共通している遺伝子および異なる遺伝子が多数存在することを見出した。エリサンには主要なシルク遺伝子は存在するものの、I-fib および fhx 遺伝子は存在しないことがわかった。エリサンやクスサンにおける本知見は、シルクの多様性を担う分子基盤を理解する上での重要な足掛かりとなるものである。

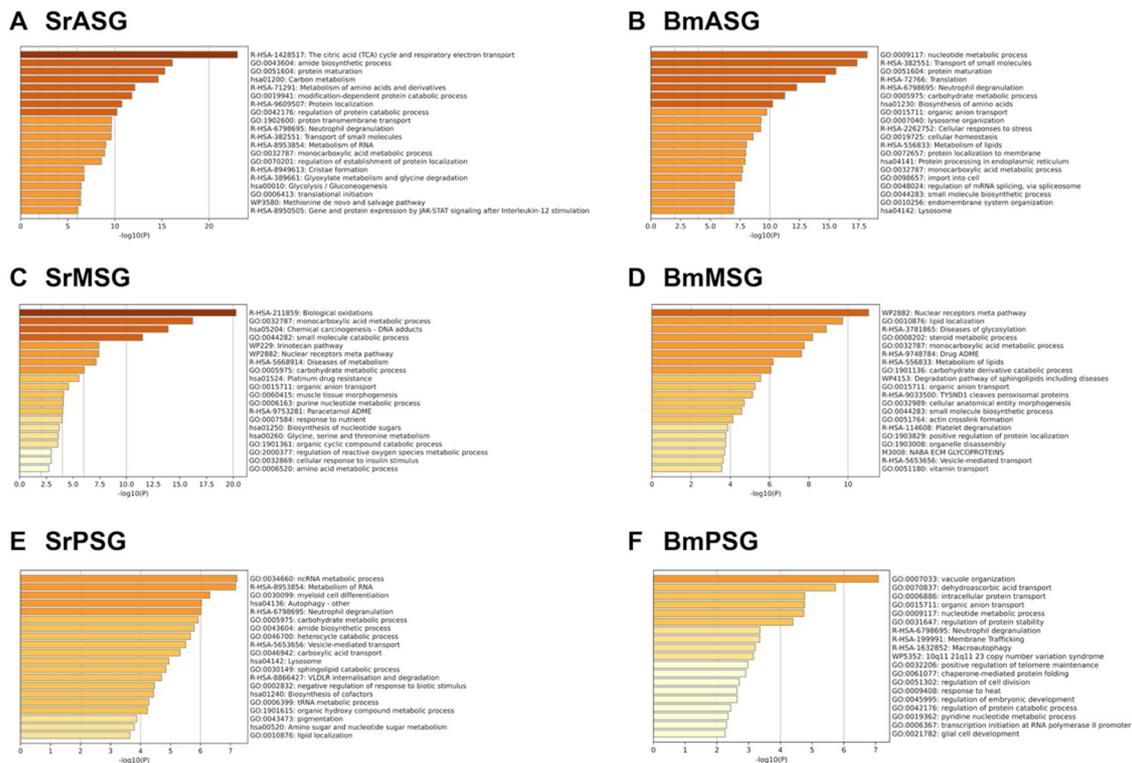


図2 エリサン (Sr) とカイコ (Bm) の絹糸腺 (前部絹糸腺 ASG、中部絹糸腺 MSG、後部絹糸腺 PSG) で発現している遺伝子群

(3) カイコガ科のカイコの高精度ゲノムシーケンス解析

リファレンスとなるカイコの高精度ゲノムアセンブリ等も行なった。シーケンス解析法やデータは他昆虫にも利用した。さらに、クスサンやエリサン等の野蚕のゲノムのリファレンスとなるカイコ(日 01 という実用品種)の高精度ゲノムを構築することに成功し、論文発表を行なった。

(4) ノックアウトカイコ・エリサンの作出の検討

I-fib および fhx 遺伝子ノックアウトカイコおよびH-Fib のポリアラニン配列をノックアウトしたエリサンの作出の検討を進めた。実験昆虫の飼育体制の構築やゲノム編集は一般に簡単ではなく、実験昆虫の飼育や採卵は失敗を伴うが、人工気象器等の導入により、カイコやヤマモガ科の飼育条件をコントロールし、実験昆虫等を適切に飼育・採卵できる目処をつけた。エリサンのノックアウトは未だに難しい状況であるが、fhx 遺伝子のノックアウトカイコはすでに作出されて系統の利用が可能であり、カイコにおいては H-Fib へのノックイン手法が現在確立されつつあるため、将来的には実現できる見込みとなった。

(5) クスサンのシルクの構造解析

クスサン繭糸の X 線構造解析を行った。広角 X 線回折(WAXD)解析より、ポリアラニン型のシート結晶構造であることを明らかにした。小角 X 線散乱(SAXS)解析より、7.3nm の長周期構造(繊維の長さ方向に沿った結晶相と非晶相の繰り返し周期構造)の存在を明らかにした(図3)。結晶相と非晶相の二相電子密度分布を仮定した自己相関関数解析より、長周期を結晶相と非晶相の各層厚の寄与(4.2nm および 3.1nm)に分離することに成功した。h-Fib アミノ酸配列中の繰り返し特徴配列の内、ポリアラニン領域が結晶相を、非ポリアラニン領域が非晶相を形成していることを明らかにし、タンパクの一次構造(アミノ酸配列)と繊維の結晶/非晶周期構造とを定量的に結び付ける階層構造モデルを構築できた。

クスサン繭糸の階層構造情報に基づき、クスサン繭糸の力学引張挙動における応力ひずみ挙動と最大破断伸度をアミノ酸配列(一次構造)より予測した。クスサン繭糸の力学引張試験を実施し、一次構造から予測した挙動と比較した。その結果、応力ひずみ挙動ならびに破断伸度が、構造モデルから予測される挙動と良い一致を示すことを確認した。このことは、「一次構造-階層構造-力学物性の三者の関係解明」において、階層構造を解析することで、一次構造から力学挙動を、あるいは力学挙動から一次構造を予測可能であることを示す結果であり、研究目的である「シルクの構造・物性の多様性を担う分子基盤の解明」の一部を担う成果である。

このように、クスサンのシルクは、ヤマモガ科の中でも H-Fib のアミノ酸配列における繰り返し特徴配列の規則性が極めて高いため、クスサンのシルクをモデルシルクとし、力学応答挙動の一部である破断伸度と特徴配列中のアミノ酸配列との相関関係を導く X 線散乱解析手法を確立した。本手法は、ヤマモガ科シルクの力学応答挙動を一次構造情報から予測可能とする初めての手法であり、将来的には、ヤマモガ科シルクのゲノム編集によりシルクの力学応答挙動を任意にデザインすることを可能にする基盤技術となった。

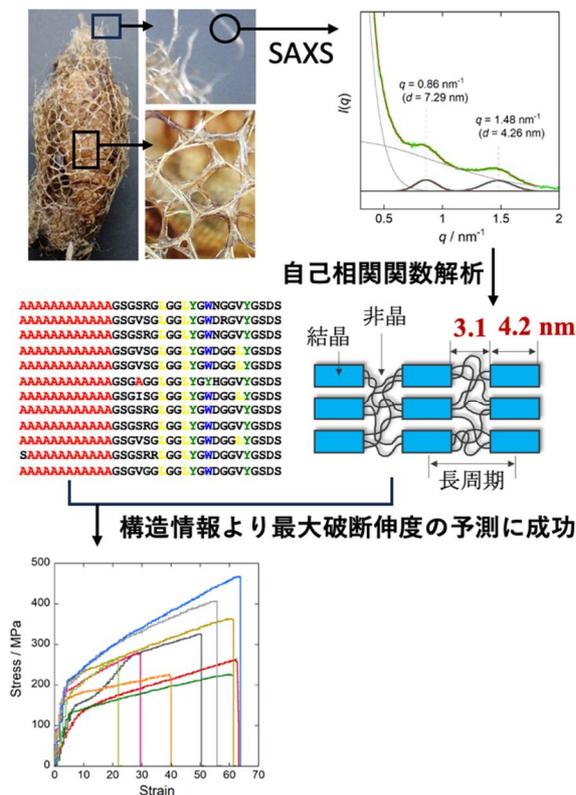


図3 クスサンのシルクの構造解析

<引用文献>

吉岡太陽(2020)繊維学会誌 76:372-376

Sezutsu H. et al., (2000) J. Mol. Evol. 51: 329-338

Yoshioka T., Takasu Y. Sezutsu H. et al. (2018) ACS Biomater. Sci. Eng. 4: 832-835

Tanaka K. et al. (1999) Insect Biochem. Mol. Biol. 29: 269

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計9件（うち査読付論文 6件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 7件）

1. 著者名 Masuoka Yudai, Cao Wei, Jouraku Akiya, Sakai Hiroki, Sezutsu Hideki, Yokoi Kakeru	4. 巻 13
2. 論文標題 Co-Expression Network and Time-Course Expression Analyses to Identify Silk Protein Regulatory Factors in Bombyx mori	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Insects	6. 最初と最後の頁 131 ~ 131
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/insects13020131	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 Waizumi Ryusei, Tsubota Takuya, Jouraku Akiya, Kuwazaki Seigo, Yokoi Kakeru, Iizuka Tetsuya, Yamamoto Kimiko, Sezutsu Hideki	4. 巻 13
2. 論文標題 Highly accurate genome assembly of an improved high-yielding silkworm strain, Nichi01	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 G3 Genes Genomes Genetics	6. 最初と最後の頁 jkad044
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/g3journal/jkad044	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 Hideki Sezutsu, Toshiki Tamura	4. 巻 -
2. 論文標題 Silkworm Transgenesis and its Applications	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Transgenic Insects 2nd edition	6. 最初と最後の頁 395 ~ 415
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1079/9781800621176.002	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 -
1. 著者名 Tsubota Takuya, Sakai Hiroki, Sezutsu Hideki	4. 巻 -
2. 論文標題 Genome Editing of Silkworms	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Methods in Molecular Biology (2nd Edition)	6. 最初と最後の頁 359 ~ 374
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-1-0716-3016-7_27	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 -

1. 著者名 Yokoi Kakeru, Tsubota Takuya, Jouraku Akiya, Sezutsu Hideki, Bono Hidemasa	4. 巻 12
2. 論文標題 Reference Transcriptome Data in Silkworm <i>Bombyx mori</i>	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Insects	6. 最初と最後の頁 519 ~ 519
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/insects12060519	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 Yang Ching-chia, Yokoi Kakeru, Yamamoto Kimiko, Jouraku Akiya	4. 巻 2021
2. 論文標題 An update of KAIKObase, the silkworm genome database	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Database	6. 最初と最後の頁 baaa099
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/database/baaa099	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 YOKOI Kakeru, KATO Daiki, MIURA Ken	4. 巻 119
2. 論文標題 Pelle and Tube contribute to the Toll pathway-dependent antimicrobial peptide production in the red flour beetle, <i>Tribolium castaneum</i> (Coleoptera: Tenebrionidae)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 European Journal of Entomology	6. 最初と最後の頁 111 ~ 121
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.14411/eje.2022.012	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 YOKOI Kakeru, ITO Wataru, KATO Daiki, MIURA Ken	4. 巻 119
2. 論文標題 RNA interference-based characterization of Caspar, DREDD and FADD genes in immune signaling pathways of the red flour beetle, <i>Tribolium castaneum</i> (Coleoptera: Tenebrionidae)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 European Journal of Entomology	6. 最初と最後の頁 23 ~ 35
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.14411/eje.2022.003	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 横井 翔, 瀬筒 秀樹	4. 巻 15
2. 論文標題 カイコの遺伝子データ拡張とその利用	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 NARO Technical Report	6. 最初と最後の頁 22 ~ 25
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 オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計5件 (うち招待講演 2件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 吉岡太陽, 和泉隆誠, 横井翔, 坪田拓也, 瀬筒秀樹
2. 発表標題 クスサンシルクのアミノ酸配列から予測される力学応答挙動
3. 学会等名 第69回日本シルク学会研究発表会
4. 発表年 2022年 ~ 2023年

1. 発表者名 横井翔
2. 発表標題 はじめに NGSデータ解析をやってみよう
3. 学会等名 第67回日本応用動物昆虫学会大会 小集会
4. 発表年 2022年 ~ 2023年

1. 発表者名 和泉隆誠, 坪田拓也, 横井翔, 飯塚哲也, 桑崎誠剛, 上樂明也, 山本公子, 瀬筒秀樹
2. 発表標題 日本改良種日01号の新規ゲノムアセンブリ
3. 学会等名 第92回蚕糸・昆虫機能利用学術講演会・日本蚕糸学会大会
4. 発表年 2021年 ~ 2022年

1. 発表者名 横井翔
2. 発表標題 昆虫遺伝子機能アノテーションをどうするか
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（招待講演）
4. 発表年 2023年～2024年

1. 発表者名 横井翔
2. 発表標題 昆虫ゲノムデータ解析を始める
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（招待講演）
4. 発表年 2023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	横井 翔 (Yokoi Kakeru) (40773073)	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)	
研究分担者	吉岡 太陽 (Yoshioka Taiyo) (90596165)	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・上級研究員 (82111)	
研究分担者	坪田 拓也 (Tsubota Takuya) (00612772)	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・上級研究員 (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
---------	---------