

「野菜類を加害する薬剤抵抗性ネギアザミウマの遺伝子解析」

研究者名: 武澤 友二
所属・役職: 北海道立総合研究機構 中央農業試験場
・研究主任
共同研究者: なし

番号: T-3-16	研究分野	研究キーワード
	生物・農学系 研究領域	ネギアザミウマ 薬剤抵抗性 ハプロタイプ

背景・目的

ネギ類を加害する微小害虫であるネギアザミウマが、たまねぎやねぎだけでなくキャベツなどでも多発するなど、各種野菜類においてネギアザミウマ被害が問題となっている。
昨年、道内で採集された一部個体からはピレスロイド剤抵抗性遺伝子が検出され、さらに、道内に分布が確認されていないハプロタイプも確認された。このような状況から、従来のネギアザミウマに対する知見だけでは適切な対応がとれないことが危惧されたため、本研究ではネギアザミウマ道内個体群の遺伝的構成を明らかにすることを目的とする。

研究の成果

道央地域のたまねぎ・ねぎ・アスパラガス・キャベツほ場のべ25地点からネギアザミウマ成虫671個体を採集し、各地点8個体程度について遺伝子解析をおこなった。ミトコンドリアCOI遺伝子塩基配列を解析した結果、産雄性単為生殖型(AR)のハプロタイプ計57個体、産雌性単為生殖型(TH)のハプロタイプ計137個体が確認された。このうち120個体のナトリウムチャンネル遺伝子塩基配列を解析した結果、ピレスロイド剤感受性であるtype I がTHのハプロタイプ13および14からのみ、抵抗性のtype IIIがARからのみ、強抵抗性のtype IVがハプロタイプ13と14以外のTHからのみ確認された。また、Type IIIおよびIVの抵抗性遺伝子、ARおよびTHの診断法としてPCR-RFLP法を試みたところ、塩基配列解析と同様の結果が得られた。
今回採集された個体は全て雌であり、type IIIがAR以外で検出されなかったことから、懸念されていた有性生殖による抵抗性遺伝子の拡大リスクは小さいと推測される。また、ハプロタイプ分布は地点ごとに大きく異なるケースが認められたものの、作物ごとでは一定の傾向は認められなかった。

将来展望

効果的な薬剤防除をおこなうためには、薬剤抵抗性の迅速な診断方法が確立される必要がある。今後、ピレスロイド剤抵抗性遺伝子の診断法としてナトリウムチャンネル遺伝子のPCR-RFLP法が塩基配列解析に代替可能であるか、解析例数を増やし確認する必要がある。しかし、Type IIIと異なりtype IVにおいては制限酵素認識部位が抵抗性と直接関係のないアミノ酸同義置換変異部位であるため、信頼性に不安が残る。一方、本研究でネギアザミウマ北海道個体群においてはハプロタイプとピレスロイド剤抵抗性に強い相関傾向があることが判明したため、COI遺伝子のPCR-RFLP法によるAR/TH診断法と、THの一部ハプロタイプを検出できる方法を新たに開発し、これらを組み合わせる事で抵抗性診断の信頼性を高める事が可能と考えられる。THの一部ハプロタイプの検出法としては、ハプロタイプ特異的プライマーによるPCRなどを想定している。
本研究においては、ネギアザミウマの被害が特に問題となっている道央地域の個体群の調査をおこなったが、今後は、オホーツク地方のたまねぎ、道南地域のねぎ、十勝地方等のアブラナ科野菜などからもネギアザミウマを採集して、抵抗性個体群がどの程度拡大しているか早急に把握する必要がある。

図表・グラフ・写真・ポンチ絵・フロー図:

ネギアザミウマ道内個体群の遺伝的構成(道央地域)

