

九州病害虫研究会 第 98 回研究発表会

2019 年 11 月 6 日 (水)

会場：全労災ソレイユ

(大分県大分市中央町 4 丁目 2 番 5 号)

講演要旨 (病害)

病害 01

高温順化によりイネばか苗病菌*Fusarium fujikuroi*菌糸に獲得された熱耐性

○横井信太郎・草場基章

イネばか苗病菌の酵母様胞子を穏やかな高温である35°Cで形成させると順化が生じ、25°Cで形成させた酵母様胞子では死滅する致死的高温に対して耐性を示すようになる。今回、同様の順化による熱耐性の向上が本菌の菌糸でも生じたことを報告する。本菌No.6株を25°Cで3日間の前培養後、25°Cおよび35°Cで5日間培養し、PDA培地上に菌叢を形成させた。菌叢上の菌糸を致死的高温に暴露するため、各菌叢から打ち抜いた5mm径のディスク15個を60°Cに加温した滅菌蒸留水に10、15、20分間浸漬した。浸漬後のディスクをPDA培地に置床して25°Cで5日間培養し、菌糸伸長の有無を観察した。その結果、25°C培養で形成させた菌叢由来のディスクでは60°Cの滅菌蒸留水10分間浸漬で3個、15分間で0個、20分間で1個のディスクのみから菌糸伸長が観察され、浸漬時間に関わらずほとんどのディスクで菌糸が死滅したと考えられた。一方、35°C培養の菌叢由来のディスクでは20分間の浸漬でも全てのディスクで菌糸伸長が観察され、ディスク上の菌糸には明らかな熱耐性の向上が認められた。

(佐賀大)

病害 02

ゲノム比較解析によるショウガ科作物青枯病菌に特異的な遺伝子群の同定

○児玉佐和¹・飯山和弘¹・酒井順子²・矢野和孝³・松元 賢⁴・土屋健一¹・堀田光生²・古屋成人¹

ショウガ科作物青枯病は *Ralstonia solanacearum* レース 4 によって引き起こされる土壌伝染性難防除病害である。本菌の他レースはショウガ科作物に対して病原性を示さないことから、レース 4 はショウガ等への感染に関与する特異的な遺伝子を有することが推察された。そこで、国内産レース 4 のゲノム情報を解読し、既報の他レースとの比較により関連遺伝子の特定を試みた。ショウガおよび春ウコン分離株 4 株の全ゲノムを解読した結果、コンティグ総長が約 5.7~5.9 Mb のドラフトゲノム配列が得られ、タンパク質をコードする遺伝子総数は約 5300 と推定された。アミノ酸配列に基づく相同性解析により、25 個の遺伝子が既報のレース 1 等のゲノム中に存在せず、レース 4 特異的と考えられた。これらのうち 17 遺伝子が中国産レース 4 の完全ゲノム配列中にも認められ、全てメガプラスミドに座乗していた。これら遺伝子群の中に、細胞壁分解酵素の一種であるポリガラクトツロナーゼをコードする遺伝子があり、ショウガ等に対する病徴発現との関連が示唆された。

(¹九大院農・²農研機構農業環境セ・³高知農技セ・⁴九大熱研セ)

病害 03

サンセベリア炭疽病菌感染葉を用いた RNA-seq 解析による病原性関連遺伝子の探索

○内村拓人・中村正幸・岩井 久

本実験では、サンセベリア炭疽病菌の分生子接種 24、48 時間後の感染葉を用い、RNA-seq 解析により、感染初期に重要な病原性関連遺伝子の探索を試みた。まずエフェクター候補遺伝子についてそれぞれの時間における発現量の差を解析したところ、24 時間後に 48 時間後と比較して 10 倍以上の高い発現差を示したものが、6 遺伝子認められ、その中に *NISI* 遺伝子と *CIH1* 遺伝子が存在し、残り 4 つは機能未知遺伝子であった。最も発現差が大きかったものは、機能未知遺伝子 (g10663) で、100 倍以上の発現差を示した。次に、本菌の特徴である水浸状病斑に関わると予想される植物細胞壁分解酵素について解析したところ、同様に 10 倍以上の差を示したものが、セルラーゼで 4 遺伝子、ヘミセルラーゼで 1 遺伝子認められ、ペクチナーゼにおいては、発現差は 6 倍であったものの、24 時間後の fpkm 値が 5000 を超え、全ての植物細胞壁分解酵素の中で際立って高い発現量を示す遺伝子 (g13462) が認められた。現在、これら遺伝子の破壊株作出を進めているところである。

(鹿児島大農)

病害 04

沖縄県のインゲンマメにおけるカッコウアザミ葉脈黄化ウイルスによる黄化葉巻病（仮称）の発生

○富高保弘¹・山口綾子²・田中彩友美¹・河野伸二³・大貫正俊¹

2016年11月に沖縄県石垣島で栽培するインゲンマメで、茎頂部に黄化や葉巻症状を伴うウイルス感染様の症状が散見された。それらの症状からベゴモウイルスの感染が疑われたため、tomato yellow leaf curl virus および ageratum yellow vein virus (AYVV) の DNA-A に特異的なプライマーセットを用いて PCR を行ったところ、AYVV のみが検出された。そこで、ベゴモウイルスの DNA-A、DNA-β および DNA-α のユニバーサルプライマーセットを用いて PCR を行ったところ、DNA-A および DNA-β の全長配列が増幅され、DNA-α は増幅されなかった。次に、DNA-A および DNA-β の全塩基配列を解読し、BLAST 検索を行ったところ、DNA-A および DNA-β は既報の AYVV 株とそれぞれ 99.9% および 97.9% の同一性を示した。さらに、タバココナジラミの MEAM1 および MED 系統を用いて、AYVV のインゲンマメへの媒介試験を行ったところ、いずれの系統でも媒介され、原病徴が再現された。以上から、本病名を ageratum yellow vein virus によって引き起こされる「インゲンマメ黄化葉巻病」と提案する。

(¹農研機構九州沖縄農研・²沖縄県病虫防技セ・³沖縄農研セ)

病害 05

ブドウから検出されたホップ矮化ウイルスの特異な変異体と新アプスカウイルス

○千秋祐也・伊藤隆男

農研機構のブドウ遺伝資源を対象として、次世代シーケンス解析によるウイルス性病原体の探索を行ったところ、新規性のある2種のウイルス様配列が検出され、両者ともに接ぎ木伝染性も確認できた。一つは、全長が296塩基からなり、ホップ矮化ウイルス (HpSVd) と82%程度の塩基配列相同性を示し、その変異は、病原性領域や可変領域を中心に散在することが確認できた。既知の HpSVd 変異株との系統解析では、それらとの類縁関係は非常に近いものの、明らかに離れて位置した。他方は367塩基からなり、アプスカウイルス属に特徴的な2次構造を有して、塩基配列の一部はブドウ由来のアプスカウイルスとも高い相同性を示した。一方で、系統解析を行うと、68%程度の塩基配列相同性を示すカキ潜在ウイルス (PLVd) と最も近く、ブドウ由来の他のアプスカウイルスとは異なるクレードに位置した。HpSVd はブドウも宿主とするが、PLVd がブドウを宿主とするかは不明であり、前者は HpSVd の特異な変異株、後者はアプスカウイルス属の新種ウイルスと考えられる。

(農研機構果茶研)

病害 06

宮崎県の施設栽培キュウリ周辺雑草におけるメロン黄化えそウイルスおよびミナミキイロアザミウマの発生状況

○安達修平¹・田中彩友美¹・富高保弘¹・竹原剛史²・黒木修一²

宮崎県のキュウリ栽培において、ミナミキイロアザミウマ (ミナミキイロ) で媒介されるメロン黄化えそウイルス (MYSV) による黄化えそ病が問題となっており、伝染源として雑草が推定されるが詳細は不明である。そこで、綾町と宮崎市のキュウリ栽培施設周辺の雑草でミナミキイロの寄生と MYSV 感染の有無を調査した。また、施設内外に青色粘着トラップを設置し、ミナミキイロの誘殺数および MYSV 保毒虫率を調査した。調査は、2018年7月から2019年2月まで毎月実施した。施設内の雑草では両地点ともミナミキイロは確認されなかったが、施設外では綾町のみでミナミキイロが7月にノグシで10個体 (保毒虫率10%)、12月にホトケノザで2個体 (保毒虫率50%) 確認された。トラップ調査では、両地点ともキュウリの定植以降に施設外ではミナミキイロが誘殺されたが、施設内では宮崎市だけで誘殺された。保毒虫率はいずれも0%であった。両地点の施設内外の雑草で MYSV 感染は認められず、MYSV の第1次伝染源としてのリスクを評価するには、より詳細な調査が必要である。

(¹農研機構九州沖縄農研・²宮崎総農試)

病害 07

ホオズキのトバモウイルスに対する乾熱滅菌処理種子由来の実生苗の防除効果

○臼井真奈美¹・田爪久美子²

宮崎県のホオズキ産地では、タバコ微斑モザイクウイルス (TMGMV) およびトマトモザイクウイルス (ToMV) による葉やがくの異常が問題となっている。一般的な栽培では、前作の地下茎を次作の苗として使用しており、この地下茎が重要な伝染源となる。対策として、乾熱消毒した種子から育成した株の地下茎を苗とする「実生苗」の利用が現地で先行的に取り組まれており、今回その効果について検証した。両ウイルスに複合感染した株から採取した種子を、予熱した後 73°C で 5 日間処理し、播種・育成した株の地下茎を両ウイルスが複合発生した現地圃場に 2～3 月に定植して収穫期の 7 月にウイルス症状の発生状況を調査した。2017 年の試験では、前作の外観健全株から採取した地下茎を定植した対照区では、97.2%の株で葉のウイルス症状が発生したが、実生苗区では 38.8%の発生にとどまった。2019 年の試験では、葉のウイルス症状発生株率は対照区で 98.3%、実生苗区で 17.5%であった。またがくの異常も、対照区の 31.7%に対し、実生苗区では 8.9%と低かった。

(¹ 宮崎総農試・² 宮崎県児湯農林振興局)

病害 08

タマネギベと病の防除の効率化を目的とした異なるノズルによる散布での水滴付着程度の評価

○井手洋一・古田明子

タマネギベと病の二次感染による病斑は、株元の葉身分岐部における同時期の感染で生じることが示唆されている (田代ら, 2019) ことから、薬剤散布に使用するノズルの違いが株元の葉身分岐部付近の薬液付着に及ぼす影響を、収穫直前のタマネギ圃場において、1.5cm×1.5cmに細断した感水紙を用いて調査した。その結果、一般的に広く使用され細かい水滴を霧状に噴射するスズランノズルを用いた場合の水滴付着は、200L/10a散布区に比べて 300L/10a散布区の方が優れたが、葉身分岐部における薬液付着は少なかった。一方、高圧力で粒子の大きい薬液を勢よく噴霧するピストルノズルを用いた場合の葉身分岐部付近の水滴付着は、スズラン型ノズルよりも著しく向上したが、作業性の点では改良の余地があると思われた。今後は、各種ノズルを用いて実際に防除薬剤を散布した場合の防除効果について評価するとともに、防除効果、作業性の点の両方で慣行ノズルよりも優れたノズルの探索、開発を行う予定である。

(佐賀農業セ)

病害 09

タマネギベと病の二次感染発病直後からでもアジュバントを加用した殺菌剤併用散布で収量低下を回避できる

○田代暢哉・中山伸一・宮崎尚子・宮口邦子・浦川綾子・川内孝太・田中義樹

タマネギベと病二次感染発病株が発生した場合でも収量低下を回避できる殺菌剤使用方法の開発を試みた。圃場全面に初発株を認めた翌日の 2019 年 4 月 11 日から 7 日間隔で 3 回、マンゼブ水和剤 (MZ) に CAA (混合) 剤、QoI (混合) 剤、抵抗性誘導剤 (アシベンゾラル S メチル: ASM) 等、計 13 剤を併用し、エーテル型やエステル型の非イオン系アジュバント (NSA) を加用して散布する区も設け (120 株・3 連/区、品種ターザン)、6 月 5 日に収穫した。M 球以上収量 (kg/a) は 3 月からの慣行散布区 (発病株割合 22%) の 561kg に対し、無散布で 80kg、MZ 単独でも 109kg と極めて少なかったが、ASM 併用で 240kg、オキサチアピプロリン・マンジプロパミド (OM; CAA 混合剤)、アゾキシストロビン (AS; QoI 剤) 併用ではともに 207kg と多く、さらに NSA 加用で顕著に増収し、OM で 426kg、他の CAA 混合剤で 327～367kg、AS で 323kg であった。NSA 間で差はなかった。圃場全面発生直後からでも、NSA を加用した殺菌剤併用散布で慣行の最大 76%の収量が確保され、大幅な減収を回避できた。

(佐賀上場営農セ)

病害 10

ジャガイモ疫病初発生予測プログラム FLABS 長崎版への農研機構メッシュ農業気象データの適用

○菅 康弘

長崎県病害虫防除所ではジャガイモ疫病の初発生予測に FLABS 長崎版（難波，2011）を利用しているが、圃場での気象観測値の取得が困難であるため、AMeDAS 地点のデータを入力している。ここでは、任意の地点の気象データを「農研機構メッシュ農業気象データ」から取得して疫病初発生日を予測するプログラム（FLABS_N）を作成し、利用の可能性を検討した。FLABS_N はジャガイモの出芽日（50%出芽）、圃場の緯度および経度を入力すると感染危険指数を累積した値が 21 以上となった日（基準日）と初発生予測日（基準日の 14 日後）を出力する。過去の県内調査データ 25 事例を用いて常設の気象観測装置等による気象データを現行の FLABS に入力した場合の予測日と、FLABS_N による予測日を比較したところ、両者は最大 6 日の相異はあったものの概ね一致していた。圃場観察による初発生日と比較すると、25 事例中 10 例で誤差 5 日以内となった。以上より FLABS_N を利用することで、現行と同程度の精度で任意の地点のジャガイモ疫病初発生予測が可能と考えられた。

（長崎農技セ）

病害 11

2016～2018 年の九州地方における飼料用イネ品種から分離されたイネいもち病菌のレースについて

○園田亮一¹・井上博喜¹・川上 颯²・宮坂 篤¹・林 長生³

2016 年から 3 年間、福岡県、熊本県、宮崎県および鹿児島県で飼料用に栽培されているイネ品種の葉および穂いもち病斑からイネいもち病菌を単孢子分離し、常法によりレース検定を行った。2016 年に品種「ミズホチカラ」から分離した福岡県 A 市 1 地点 6 菌株はレース 007.2、鹿児島県 B 市 4 地点 24 菌株は 037.3 が 1 菌株、307.2 が 3 菌株、残りが 007.2 と推定された。2017 年に熊本県 C 市の「べこあおば」からの 1 地点 7 菌株のレースは 307.0、「夢あおば」からの 1 地点 2 菌株は 007.2、「ミズホチカラ」からの 1 地点 8 菌株は 007.2、鹿児島県 B 市の「オオナリ」からの 1 地点 8 菌株は 007.2 と推定された。2018 年に「ミズホチカラ」から分離した熊本県 D 市 1 地点 6 菌株および鹿児島県 B 市 2 地点 14 菌株は 007.2 と推定された。同年、宮崎県 E 市周辺の「ミナミュタカ」からの 4 地点 22 菌株については、006.4 と推定された。

（¹農研機構九州沖縄農研・²農研機構西日本農研・³農研機構生物研）

病害 12

Gilbertella persicaria によるアセロラ実腐病（新称）

○澤嵜哲也¹・山城麻希¹・河野伸二¹・松村まさと²

2017 年 9 月、沖縄県本部町、名護市および糸満市の露地アセロラにおいて、収穫後の追熟過程で果面に灰黒色でくもの巣状の菌糸が生じ、その先端が黒点状になり軟化腐敗する症状が発生した。罹病果実より得られた分離菌を健全果実へ有傷接種したところ、原病徴が再現され、病斑部から接種菌が再分離された。分離菌は長さ 0.6～1.4mm の胞子のう柄を単生し、その先端に黒色球形の胞子のうを形成した。胞子のう柄先端の柱軸は卵形、洋なし型で淡褐色、基部にカラーが観察された。胞子のう胞子は球形、無色で表面に稜線があり、大きさ 6.6～9.8×5.6～8.5μm であった。分離菌と交配型の異なる菌株との対峙培養により、接合胞子が形成された。菌糸は 15～35℃で生育し、適温は 25～30℃であった。分離菌の rDNA-ITS 領域の塩基配列は、*Gilbertella persicaria* のタイプ由来株（HM999958 等）と 99～100%で一致し、系統樹でも同一のクレードを形成した。以上より、分離菌を *G. persicaria*（E.D. Eddy）Hesseltine と同定した。本病は国内外で未記録のため、アセロラ実腐病（Fruit Rot）と命名したい。

（¹沖縄農研セ・²沖縄農研セ名護）

病害 13

パイナップルコナカイガラムシによるパインアップル小果腐敗病菌 *Fusarium ananatum* の媒介の可能性

○山城麻希¹・河野伸二¹・澤峠哲也¹・稲田拓郎¹・竹内誠人²・大嶺悠太²

パインアップル小果腐敗病の病原菌 *Fusarium ananatum* (F. a) は、主に開花期に感染することが明らかになっているが、感染経路については不明である。これまでに、F. a はパイナップルコナカイガラムシ (カイガラムシ) およびパインアップル葉面から分離されることを報告した (山城ら, 平成 30 年度本大会)。そこで、本病の虫媒伝染の可能性を探るため、カイガラムシの体表面および体内からの病原菌の分離を試みた。2018 年 10~12 月、パインアップルの根と葉より採集したカイガラムシからの分離の結果、F. a は葉上のカイガラムシの体表面から分離された (36 頭中 7 頭) が、体内からは分離されなかった。一方、根のカイガラムシの体表面と体内からは、F. a は分離されなかった。分離菌は、EF1- α 領域に基づく遺伝子解析により F. a と同一のクレードを形成し、果実への接種試験により病原性が認められた。以上より、F. a は、カイガラムシに対して病原性はなく、葉上のカイガラムシの体表面に付着しながら伝搬される可能性が示唆された。

(¹ 沖縄農研セ・² 沖縄農研セ名護)

病害 14

サツマイモ基腐病菌 *Plenodomus destruens* Harter の nit 変異株の作製

○野見山孝司¹・富岡啓介²・中保一浩¹

サツマイモ主産地の南九州および沖縄地域で 2018 年に日本で初めて発生が認められた基腐病は、有効な防除手段を確立できておらず、さらなる被害拡大が危惧されている。本病の病原菌 *Plenodomus destruens* Harter の発生生態に不明な点が多いことが防除法の策定を難しくしている一因である。そこで、野外でのマーカー菌株として活用するために、宮崎県で分離された野生株 2 菌株から硝酸塩利用能欠損変異株 (nit 変異株) の作製を試みた。ポテトデキストロース寒天培地またはスイートポテトデキストロース寒天 (SPDA) 培地で培養した野生株の菌叢片を塩素酸カリウム含有最少培地 (MMC 培地) に置床し、室温で約 3 週間培養したところ、MMC 培地内へ菌糸が伸長している複数の菌叢片が確認された。各野生株につき伸長菌叢それぞれ 30 株を塩素酸カリウム含有 SPDA 斜面培地に移植すると、親株とは対照的に旺盛な生育を示し、nit 変異株が作出された。今後、得られた変異株について病原性の確認および表現型の類別を行い、環境中での基腐病菌の動態解析に用いる予定である。

(¹ 農研機構野花研・² 農研機構西日本農研)

病害 15

キウイフルーツかいよう病に対するポット苗を用いた抵抗性評価方法の検討

○菊原賢次

キウイフルーツかいよう病に対する品種の抵抗性評価法は切り取り葉、休眠枝、ポット苗を用いた方法が開発され、ポット苗を用いた評価法は苗の育成等に労力がかかるが、圃場の発生状況に最も近い結果が得られると考えられる (生咲, 2018)。ポット苗の評価法は実施事例が少なく、条件が十分に検討されていない。接種方法、栽培温度、調査方法について検討した。接種方法は、苗木の上部を切除し、菌液を浸した脱脂綿の設置する三好ら (2012) の方法を用いた。栽培温度は本病の発生盛期である 4 月の気象条件である 20℃明条件 12 時間、10℃暗条件 12 時間の日長とした。接種約 2 か月後に次の指数で調査を実施した。0: 発病なし, 1: 上~1/4 が生育不良, 3: ~1/2 が生育不良, 5: ~3/4 が生育不良, 7: 全体が生育不良, 10: 赤褐色の樹液漏出あるいは枯死。この方法で中国系 2 倍体品種 R, 4 倍体品種 A, 緑色系 6 倍体品種 H について、2018 年 1 月に各 8 個体接種し、約 2 か月後に評価した。平均指数は R で 8.0, A で 6.4, H で 3.5 となり、圃場の発生状況に近い結果が得られた。

(福岡農林試)

長崎県の半促成長期どり栽培アスパラガスにおける品種 UC157 および Grande の茎枯病耐病性の雌雄間差

○中村吉秀¹・江頭桃子²

長崎県のアスパラガス栽培において収量性、収益性に優れる品種の導入促進を図るため、単位収量、一本重量に優れる品種 UC157（慣行品種、雌株：雄株＝3：7 の混合品種）の雌株、収量性、収益性に優れる品種 Grande（雌雄混合品種）および単価が高い春芽の収量性に優れる品種 Atticus（全雄品種）の茎枯病に対する耐病性をポット試験で検討した。検定は孢子懸濁液接種（Atticus は本法のみ）および罹病茎置床接種により行った。その結果、UC157 雌株は UC157 雄株の耐病性と同等であった。また、薬剤の体系散布による防除効果に雌雄間差は認められなかった。Grande 雌株と雄株の発病程度は同等で、耐病性に雌雄間差は認められなかった。また、雌株、雄株ともに UC157 雄株の発病程度と同等であった。Atticus の発病程度は UC157 雄株と同等であった。以上のポット試験の傾向から、有望品種を導入した場合も慣行の茎枯病防除体系で栽培できると考えられた。

（¹長崎農技セ・²現長崎県農産園芸課）