

【一般講演要旨】

1. 圃場内におけるイネ紋枯病発病株の分布

○石川浩司^{1,2} (¹新潟県庁経営普及課・²現：新潟農総研作物研)

紋枯病の圃場内における分布は不均一で、それに対応して必要な調査株数や畦畔際の発病調査で圃場全体の発病程度を推定する調査法などが提案されている。2017年9月上旬に「新之助」の圃場において、圃場の東側および西側畦畔沿いの2か所で発病株の分布状況を、それぞれ畦畔際から40条、50株の2000株について調査した。発病株は条方向に連続して存在する傾向が認められ、森下のI δ 指数は東側3.30、西側1.82で発病株は集中分布していた。また、発病株は溝切した溝に隣接した条で多い特徴が認められた。これは、溝切りにより土壤中に埋没していた菌核が株に付着、盛り上がった土が小さな畦畔となって水面を浮遊する菌核が集まる、水稻の生育が旺盛になり感染しやすくなる等によると推測された。発病株は東側、西側ともに畦畔から1条目で最も多く、東側では畦畔際2~5条目の発病株がそれに次いで多く、畦畔からの条数と条別の発病株数との間に指数関数式が適合した。しかし、西側では畦畔際1条目のみで発病が多く、条数と発病株数の間に一定の関係は認められなかった。東側と西側の違いは風向きによると推定されるが、畦畔際から圃場の発病程度を推定する場合には注意が必要と考えられた。

2. 新潟県におけるイネ紋枯病発病株率の時期別推移

○古川舜¹・石川浩司¹・小潟慶司² (¹新潟農総研作物研・²新潟病害虫防除所)

イネ紋枯病は、病斑が上位に進展するほど被害が大きくなる一方、病斑の高さが同程度であっても発病時期が遅いほど被害程度が低下することが知られており、病勢進展曲線下面積と被害との相関が報告されている。しかし、その算出には発病推移の継続的な調査が必要であるため、防除要否の判定に活用された事例はほとんどない。そこで、新潟県病害虫防除所の過去21年間の抽出調査データを用い、イネ紋枯病の発病株率の時期別推移を解析した。その結果、紋枯病の発生は6月後半では1年、7月前半では8年、7月後半以降は全ての年で確認された。発病株率の推移は8月前半または後半から急増する年が一部に見られたものの、多くの年では一定範囲内で推移していた。9月前半の最終調査時点の発病株数に対し、7月中の感染に由来すると考えられる発病株は約40%であり、収量および品質への影響が小さいとされる8月下旬以降の感染も約20%あった。これらの結果から、本県の自然発病条件下では、7月感染より被害が少ないとされる8月以降の感染が全体の約60%を占めることが明らかとなり、要防除水準の策定にはこの点を考慮する必要があると考えられた。

3. イネ紋枯病の前年の発病株率に基づく箱施用剤の要否判断の目安

○中島宏和・島上卓也 (長野農試)

イネ紋枯病は多発すると収量や品質の低下をもたらす。本病は土壌伝染性病害であり、発生量の圃場間差が大きいため、前年と当年の発病株率の関係を検討することで、当年の箱施用剤の要否の目安を設定できる可能性がある。そこで、紋枯病に対して無防除の圃場を対象に解析を行った。まず、2018年~24年の延べ145圃場について、各年次間の前年と当年の発病株率の関係を解析したところ、傾きは年次によって異なったが、高い正の相関関係が認められた。全データを統合すると、前年の発病株率が50%を超えると、当年の発病株率は50%前後で高止まりする傾向であった。次に、2017~25年の25圃場を対象に発病株率と病斑高率の関係を検討した。本病による減収は、次葉~次葉葉鞘までの発病進展に相当する病斑高率50%前後から生じる(中島, 2023)。検討の結果、病斑高率は発病株率の増加と共に高くなる傾向であり、病斑高率50%前後は発病株率20~30%に相当した。そこで、ロジスティック回帰分析により、当年の発病株率20%または30%を超える発生確率50%となる前年の発病株率を推定したところ、25%、31%となった。以上から、前年の発病株率20~30%以上を当年の箱施用剤を使用する目安とした。本試験の一部は農水省委託プロ「省力的なIPMを実現する病害虫予報技術の開発」により実施した。

4. イネ紋枯病に対するドローンを活用した額縁防除の効果

○高田飛鳥・西澤歩南・松田絵里子（石川農総研）

水稻の主要病害である紋枯病は、畦畔際で発生が多い傾向がある（斎藤, 2014）ことから、圃場周縁部のみに薬剤散布を行う（以下額縁防除）ことで、収量に影響を与えることなく農薬使用量を減らすことができる可能性がある。そこで、紋枯病を対象にドローンを用いて畦畔際から 8m 幅で防除する額縁防除の効果について検討した。約 50a (120m×40m) 圃場と約 40a (120m×30m) 圃場の畦畔から 3~5m 地点（額縁部）、8~10m 地点（境界部）、12~14m 地点（中央部）において、農薬散布前の発病株率と成熟期の被害度から、薬剤防除効果を調査するとともに、収量センサ付きコンバインによる収量調査や農薬散布量や農薬散布時間について計測し、経営的な評価も行った。その結果、額縁防除区では、圃場全体の被害度は全面防除区と比較して高くなるものの、収量は同等となり、農薬散布量は 45%程度、農薬散布時間は 27%程度削減された。よって本年は少発生条件下での試験であったが、額縁防除は有効であることが示唆された。

5. 抵抗性候補遺伝子 *MRDK* による Sri Lankan cassava mosaic virus の病徴抑制時の遺伝子発現変動

○小林成美¹・五十嵐竜士²・湊菜未^{1,2}・徳永浩樹³・内海好規⁴・鶴家綾香³・石橋和大⁵・関原明⁶・宇垣正志⁷（¹新潟大農・²新潟大院自・³国際農研・⁴福山大生命工・⁵農研機構生物研・⁶理研 CSRS・⁷東大院新領域）

近年東南アジアにおいてキャッサバに葉のモザイクや萎縮などの病徴を引き起こす Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) の被害が深刻化している。これまでに、ベンサミアナタバコにおいて SLCMV の病徴やウイルス蓄積を抵抗性候補遺伝子 *MRDK* が抑制する可能性が報告されている（五十嵐ら、第 75・76 回北陸病害虫研究会）。本研究では、抵抗性候補遺伝子 *MRDK* を一過的に発現させ、その後 SLCMV を接種したベンサミアナタバコの上葉から total RNA を抽出して RNA-seq 解析を行い、病徴抑制時の遺伝子発現変動を調査した。ベンサミアナタバコにおいて *MRDK* を一過的に発現させたところ、GUS 接種区と比較し、上葉における黄化や葉巻などの病徴抑制が認められた。これらの植物から total RNA を抽出して RNA-seq 解析に供試したところ、*MRDK* 接種区において 3,337 遺伝子の発現上昇と 2,317 遺伝子の発現低下がみられ、植物の防御応答に関連する遺伝子群の発現変動が認められた。加えて、*MRDK* 接種区では GUS 接種区で生じた光合成関連遺伝子の発現低下が認められなかった。これらの結果から、抵抗性候補遺伝子 *MRDK* により SLCMV 感染植物における光合成機能が維持されることが示唆された。

6. DNA ポリメラーゼサブユニット POLD1 の SLCMV に対する影響評価

○高橋乃愛¹・五十嵐竜士²・湊菜未^{1,2}・徳永浩樹³・鶴家綾香³・宇垣正志⁴（¹新潟大農・²新潟大院自・³国際農研・⁴東大院新領域）

東南アジアにおいてキャッサバにモザイク症状を引き起こすジェミニウイルス Sri Lankan cassava mosaic virus (SLCMV) の被害が拡大している。真核生物において DNA 複製に関与する DNA ポリメラーゼ δ サブユニット 1 (POLD1) では、広範な植物種において複数のアレルがジェミニウイルス抵抗性に関与することが示唆されている。本研究では、ベンサミアナタバコにおいてキャッサバ由来の野生型 POLD1 と 2 種の変異型 POLD1-G680V および POLD1-L685F をアグロインフィルトレーション法を用いて一過的に発現させ、SLCMV の感染に与える影響を評価した。まず SLCMV の接種に先行して野生型および変異型 POLD1 を一過的に発現させたところ、非接種上葉における病徴およびウイルス感染率はいずれも対照区と同程度であった。次に SLCMV と野生型および変異型 POLD1 を同時に接種したところ、全ての試験区で上葉において SLCMV 単独接種と同程度の葉巻などの病徴が認められ、ウイルス DNA-A および DNA-B が検出された。これらの結果から、一過的発現条件においては SLCMV が誘導する病徴に対して POLD1 の 2 つのアミノ酸変異による影響は認められなかった。

7. イネ科植物における BYDV-PAV 及び CYDV-RPS による媒介昆虫と非媒介昆虫の寄主選好性操作

○登坂圭達・湊菜未（新潟大院自）

コムギにおいて、オオムギ黄萎 PAV ウイルス (BYDV-PAV) 及びムギ類黄萎 RPS ウイルス (CYDV-RPS) の単独または共感染は、媒介昆虫ムギクビレアブラムシ及び非媒介昆虫アカヒゲホソミドリカスミカメの寄主選好性に影響を及ぼすことが示唆されている（中川ら、第 75 回北陸病害虫研究会；登坂ら、第 77 回北陸病害虫研究会）。まず、ムギ類モデル植物であるミナトカモジグサを用いて非感染区と BYDV-PAV / CYDV-RPS 単独感染区及び共感染区間で二者択一の寄主選好性試験を行い、宿主植物種間でのウイルスによる媒介昆虫ムギクビレアブラムシの寄主選択行動操作の普遍性を調査した。その結果、非保毒虫は非感染植物と比較して、BYDV-PAV 単独感染植物を有意に選好した。次に、コムギ由来の嗅覚刺激をカスミカメに与え、寄主選好性を調査した結果、非感染区と CYDV-RPS 単独感染区及び BYDV-PAV との共感染区の間でカスミカメの寄主選好性に差は認められなかった。以上の結果より、BYDV-PAV はコムギへのウイルス感染を促進するように昆虫の寄主選好性を操作している可能性が示唆された。

8. 高刈りによる畦畔植生と生物相への影響

○谷本悠輔・尾山智洋・松田絵里子（石川農総研）

水稻栽培における畦畔除草は作業性の確保とともに斑点米カメムシ類の発生源における密度低下対策に重要である。一方、過度な除草による畦畔植生の単一化や生物多様性の低下が懸念されており、草刈高を高くした除草（高刈り）は一年生イネ科雑草の被覆率や斑点米カメムシ類の密度を抑制し、土着天敵を増加させる（稲垣ら、2012）ことが知られている。そこで、石川県内の水田畦畔で草刈高を変えた除草を行い、畦畔の植生および生物相への影響、斑点米発生率調査した。その結果、草刈高を 5 cm 程度または 10 cm 程度とした高刈り区では、雑草を地際から刈り取る地際刈り区と比較し、イネ科雑草の増加が抑えられる傾向があり、昆虫類、カエル類の密度が高くなる傾向がみられた。一方、畦畔の雑草の種数は試験期間を通して大きく変化しなかった。また、斑点米カメムシ類の密度は高刈り区で高い傾向がみられたが、斑点米発生率調査では、いずれの区も一等米基準である 0.1% 以下を満たしていた。以上の結果から、高刈りは斑点米カメムシ類が生息するイネ科雑草の増加を抑制する有効な手段である可能性があり、昆虫類、カエル類の密度を増加させる傾向があることが示唆された。

9. クモヘリカメムシの品種別発生動態と防除時期の検討

○高橋和夫・岩田大介（新潟農総研作物研）

クモヘリカメムシは、斑点米カメムシ類の一種として新潟県の一部地域で斑点米被害要因の 1 つとなっている。また、生産現場では品種構成の多様化に伴い、極早生から晩生まで出穂期の異なる品種が混在しており、本種による影響は品種別に評価する必要がある。そこで、発生動態と被害状況を品種別に調査した。その結果、いずれの品種も出穂期頃に成虫が侵入し、その後の幼虫発生が確認された。特に晩生品種では登熟後半まで幼虫が高密度に存在した。斑点米率は、葉月みのり（出穂期 7/13）は 0.04~0.08%、こしいぶき（7/29）は 0.08~0.13%、コシヒカリ（8/3）は 0.12~0.30% であったのに対し、新之助（8/11）は 0.80~0.87% であり、登熟後半の加害が被害を助長したと考えられた。さらに、調査地域の共同防除は 7 月下旬の 1 回散布が基本であり、中生・晩生品種では出穂前に行われていることから、新之助を対象に適切な防除時期を検討した。共同防除のみでは斑点米率 0.72~1.11% であったが、適期防除（出穂 6 日後）の実施で 0.04~0.13% まで低減した。追加防除（出穂 13 日後）の有無による差は判然としなかったが、晩生品種における適期防除の有効性が示された。追加防除が必要な条件については今後さらなる検討が求められる。

10. メッシュ農業気象データを活用した石川県におけるクモヘリカメムシの分布拡大期の推定

○藪哲男^{1,2}・尾山智洋¹・谷本悠輔¹・田淵研³・堀雅敏² (¹石川農総研, ²東北大院農, ³農研機構東北農研)

石川県のクモヘリカメムシ初採取は1996年である。一方、病害虫防除室の調査では、2004年に1か所、その後、2008年以降広範囲に確認されている。冬期間の気温データを用いた本種の発生地域の推定の先行研究(大江ら, 2017; 松木ら, 2021 など)では、最寒月の旬別の平均最高気温が4.7℃を超えると翌夏の発生確率が高まるとされている。東日本では1980年代~2010年代にかけて本種の越冬可能地域が拡大しており(田淵, 2020), 本県における分布拡大もこの期間に含まれる。そこで、メッシュ農業気象データを活用して本県における本種の分布拡大時期の推定を試みた。分析の対象とした地点は病害虫防除室の調査地点のうち、本種の越冬地であるスギ・ヒノキから100m以内の8地点とした。各地点の最寒月旬に当たる1月下旬の平均最高気温の平均は1993年~2002年で4.7℃、2008年~2017年は5.9℃となり、90年代半ばから分布拡大した可能性が高いと考えられた。一方、目的変数にクモヘリカメムシ発生有無(2008年以前は発生無と仮定, 2008年以降は実際の発生有無), 冬期間の旬別気温を説明変数としてロジスティック回帰で解析した結果、AICは1月中旬最低気温の平均が最も低く、以下1月中旬平均, 1月下旬最高の順であった。

11. 水稻地域予察データの可視化・共有を支援するWebアプリケーションの開発

○岩田大介・高橋和大(新潟農総研作物研)

新潟県における水稻発生予察事業は、県全体を対象とした「県予察」と、市町村など地域ごとを対象とした「地域予察」により実施されている。地域予察では、市町村、地域共済、農協、農業者など各地域の関係者が調査を担当しており、その調査ほ場数は全県で約1,800ほ場に上る。そのため、得られるデータ量は膨大であり、効率的な把握・共有および活用が課題となっている。そこで、地域予察データの効果的な活用を目的に、データの可視化と共有を支援するWebアプリケーションを開発した。フレームワークにはPythonのWebアプリケーション作成ライブラリであるFlaskを用いた。本アプリケーションは、防除指導担当者や地域予察関係者が病害虫発生状況を迅速かつ俯瞰的に把握し、情報共有や防除判断に活用することを目的に、各種調査データを地図上で可視化する機能を実装した。プロトタイプを作成し、2025年4月以降は上越病害虫防除協議会の協力を得て、データ提供およびフィードバックを受けながら改良を進め、地点名表示機能や複数地区表示機能を追加した。次年度は、上越地域での実証を継続するとともに、県内全域への展開可能性や地域予察データの共有基盤としての活用を検討する。

12. トマト地上部の病害に対する低濃度メチオニン処理の効果

○田中智也・藤田萌香・成田楓都・仲下英雄(福井県大院)

既存の抵抗性誘導剤は、サリチル酸経路を活性化することにより病害抵抗性を誘導するが、この性質がナス科等の園芸作物では生育障害の原因となることから、イネ以外での使用は限られているのが現状である。含硫アミノ酸であるメチオニンはエチレン生合成の原料となり、病害抵抗性に働くことが報告されている。本研究では、トマトにおける低濃度メチオニン処理の病害抵抗性誘導効果および作用機構の解明を目的とした。トマト(桃太郎)を用いて、メチオニン処理の病害抑制効果を検討した結果、メチオニン(0.1 mg/ml)の葉面散布処理は、トマト斑葉細菌病菌(*Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000)、トマト灰色カビ病菌(*Botrytis cinerea*)の感染に対して発病抑制効果を示した。作用機構を解析するために、メチオニンを処理した植物における防御関連遺伝子の発現を解析した。その結果、メチオニン処理のみでは防御関連遺伝子の発現は誘導されないが、病原菌感染後には、防御関連遺伝子の発現がメチオニンを処理した植物においてより早く、かつ強く誘導されていた。これらの結果から、メチオニンは植物免疫をプライミングすることにより病害抵抗性を誘導することが明らかとなった。

13. トマトの地上部および根部の病害に対する新規抵抗性誘導剤 UT34 の効果

○仲下英雄¹・田中智也¹・藤田萌香¹・草島美幸²・浅見忠男³（¹福井県大院・²慶応大・³横浜市大）

抵抗性誘導剤はサリチル酸経路を活性化することにより病害抵抗性を誘導するが、この性質が園芸作物では生育障害の原因となることから、イネ以外ではほとんど使用されていない。新規抵抗性誘導剤 UT34 は、シロイヌナズナ、イネを用いた研究から新しい作用機構により病害抵抗性を誘導することが示されている。そこで本研究では、ナス科作物であるトマトの病害に対する UT34 の効果を明らかにすることを目的とした。トマト(桃太郎、ポンテローザ)を用いて、UT34 の病害抑制効果を検討した結果、UT34 (300 μM) の葉面散布処理は、地上部の病害であるトマト斑葉細菌病 (*Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000)、トマト灰色かび病 (*Botrytis cinerea*) の発病を抑制するだけでなく、土壌病害であるトマト青枯病 (*Ralstonia solanacearum*)、トマト萎凋病 (*Fusarium oxysporum* f. sp. *Lycopersici*) に対しても病害抑制効果を示した。UT34 の作用機構を明らかにするために、UT34 を処理したトマト葉における防御関連遺伝子の発現を解析したところ、UT34 はサリチル酸シグナルおよびジャスモン酸シグナルの両方を活性化することが判明した。また、UT34 を処理した葉では、病原菌感染後の防御応答遺伝子の発現がより早く、強く誘導されていたことから、UT34 の病害抑制機構には植物免疫プライミングが関与していることが明らかになった。

14. 新潟市内の黄化葉巻症トマトから分離されたスイカズラ葉脈黄化ウイルスの性状解析

○轟舞花・佐野義孝（新潟大農）

新潟市西区の新潟大学農学部圃場において黄化葉巻症を呈したトマトが見られたため、トマト黄化葉巻ウイルス (TYLCV) に対するプライマーで PCR 検定したところ、微弱な増幅が見られたため、クローニングの後全ゲノム配列を解析した結果、スイカズラ葉脈黄化ウイルス (HYVV) 茨城分離株 (AB287439) および奈良分離株 (AB079689) と各々 91.9% および 91.5% の塩基配列同一性が見られた。また、既報の配列を基に作成したプライマーによりウイルスゲノムに随伴する β-サテライト DNA も確認され、スイカズラ葉脈黄化モザイク-熊本分離株 (AB236327) およびオーストラリア分離株 (JX416175) に付随する β-サテライト DNA と 80.8% の配列同一性が見られた。さらに大学キャンパス内に自生するスイカズラを調査した結果、HYVV-DNA が検出され、本ウイルスが普遍的に自然感染していることが明らかとなった。

15. 富山県で発生した国内未報告のシャクヤク細菌性病害の伝染源および防除法

○松岡淳一¹・高川祐輔²（¹農研機構中農研・²富山農総七園研）

令和 5 年度に富山県内のシャクヤク栽培圃場において葉に紫色または褐色の斑点や穿孔、茎にえそを生じる株が確認され、切り花の商品価値がなくなるため問題となった。その病原は *Xanthomonas* 属の細菌であり、米国で “Bacterial Spot of Peony” (Oliver et al., 2012) として報告された病害と同一と考えられ、国内では未報告であった。本病害の伝染源を明らかにするために、刈り払い後の地上部残渣等からの病原菌の分離を試みた。その結果、発病株の地上部残渣では全てのサンプルで病原菌が分離され、地下部の新芽からは分離されなかった。また、地上部刈り払い後の健全株の株元に前年の罹病残渣を株あたり 5g ずつ散布した結果、翌年萌芽後に全ての処理株で高い発病率となった。一方で発病株の地下部を株分けし、健全土に植付けても翌年の発病は栽培期間を通してみられなかった。よって本病の主要な伝染源は前年の地上部残渣と考えられ、刈り払い後の圃場外への持ち出しが効果的な耕種的防除対策と考えられた。また萌芽期以降の防除対策として、薬剤葉面散布による防除効果を 2 か年にわたり検討した。その結果、複数の抗生物質剤や銅剤は、開花期までの発病率を抑える効果があることを確認した。

16. 石川県の砂土圃場におけるガスバリアー性フィルムを用いた土壌くん蒸剤施用量削減効果

○西澤歩南・松田絵里子・尾山智洋・高田飛鳥・谷本悠輔（石川農総研）

本講演要旨は、試験研究上の制限により本文の掲載を非公開といたします。

17. LAMP 法を利用したイネもみ枯細菌病の簡易診断キットの開発

○三室元気¹・山本知里²・坂原優里³・木谷雅和³・牧文典³（¹富山農総セ農研・²富山県農業技術課・³（株）ニッポンジーン）

水稻の重要種子伝染性病害であるイネもみ枯細菌病は発生が増加傾向にあり、種子生産現場での早期発見が不可欠となっているが、従来の遺伝子診断は専用装置や煩雑な DNA 抽出を要する課題があった。そこで本研究では、現場環境で簡便に診断可能な LAMP 法による簡易診断キットを開発し、その実用性を検討した。本キットはアルカリ試薬による簡易なサンプル調製と、66°C で 60 分間の反応後の蛍光黄緑色で陽性となる目視判定を特徴とする。検討の結果、抽出から判定までの全工程を概ね 90 分で完了でき、検出限界は 4×10^2 cfu/mL と従来の検出機器と同等の高感度を示した。さらに、発病の程度を問わず 1 本の苗からの診断が可能であり、70 粒中に 1 粒の割合で病稈が混入したサンプルからも陽性反応を確認した。以上より、本キットは特殊な装置を必要とせず、現場に近い環境での迅速かつ高精度な診断が可能であり、育苗期における本病の早期発見や本田への持ち込み防止に寄与すると考えられた。

18. ドローンセンシングを活用したセイヨウナシごま色斑点病の診断手法

○五十嵐憲郎¹・杉山洋行²・鈴木浩之³（¹新潟農総研園芸研・²富山農総セ園研・³新潟食農大）

近年、水稻や畑作を中心にドローンセンシングを用いた生育診断や可変施肥などの栽培管理技術の実用化が進んでいるが、病害診断では一部品目で病徴検出の可能性を示す実証試験にとどまり、実用化は進んでいない。本研究では西洋なし‘ルレクチェ’のごま色斑点病 (*Entomosporium mespili*) を対象に、ドローン画像と AI 解析を組み合わせた病徴検出及び識別に基づく診断手法を検討した。園芸研究センターほ場において肉眼による発病調査とドローン撮影を行い、植生指数 (NDVI, GNDVI, LCI, NDRE) と発病状況を比較した。その結果、葉の黄化よりも病徴の有無との間に強い負の相関が認められ、罹病による早期落葉が生じる 10 月末までが病害検出に有効であることが示唆された。また、罹病葉画像を用いて YOLOv8 で学習した AI モデルは mAP50 が 0.716 となり、近接画像では罹病葉の識別が可能であったが、ドローン画像では SAHI 処理を併用しても検出精度は十分ではなく、さらなる改善が必要である。以上より、植生指数による樹冠レベルの異常抽出と AI 画像診断を組み合わせることで、センシングによる病害診断の可能性が示された。

19. 新潟県における日本なしのジョイント仕立て用大型苗木に発生する病害虫及び土着天敵

○長谷川拓也¹・土田祥子^{1,2}・根津潔¹・大村宏和^{1,2} (¹新潟農総研園芸研・²現：新潟農総研佐渡農技)

日本なしのジョイント仕立て用大型苗木の育成では、苗木長が 3.3m 以上となるまで新梢を伸ばす必要があるため、病害虫の種類や発生時期が通常の栽培とは異なる可能性がある。そこで、大型苗木育成期間の病害虫及び天敵の発生推移を調査した。1, 2 年生ポット苗（品種「新美月」, 「新王」, 「新碧」）を供試した。2022～2024 年の 4～9 月に、月 2 回の頻度で、病害、葉上の害虫及び土着天敵を調査した。薬剤防除は県内慣行に準じ、天敵に影響の大きい薬剤も使用した。病害では、5～7 月にナシ花腐細菌病による新梢黒変症状が発生し、病斑部をせん除したため新梢の生育が停滞した。害虫では、5～6 月にアブラムシ類、7 月以降にハダニ類、アザミウマ類、ヨコバイ類が多く発生した。アザミウマ類は新梢先端を加害し、新梢の生育を停滞させた。土着天敵では、7 月以降ヒメハナカメムシ類が低密度ながら発生した。以上から、大型苗木育成期間の防除では、ナシ花腐細菌病、並びに、通常の栽培で新梢伸長が停止する 7 月以降に新梢先端を加害するアザミウマ類やヨコバイ類を重点防除対象に加える必要があると考えられた。今後は、土着天敵の活用を含めた大型苗木専用の防除体系の確立が課題である。

20. バリエーションのある鳥糞に擬態するナミアゲハ幼虫の色彩のおよび形状的特徴

○安田沙藍・弘中満太郎（石川県立大）

鳥糞擬態は捕食者からの攻撃を回避する有効な防御戦略として知られている。しかし、擬態者が進化的にどのようにモデルを選択してきたのかは十分に理解されていない。また、先行研究の多くは体色や模様などの色彩的特徴に焦点を当てており、形状的特徴や捕食者の視覚に基づく定量的な評価は限られている。鳥糞擬態の典型例とされるナミアゲハ *Papilio xuthus* の 4 齢幼虫を材料に、鳥糞との色彩のおよび形状の類似性を調べた。採集した鳥糞は、白色の割合によって白色、白斑、黒斑、黒色の 4 つに分類され、白色鳥糞が約 8 割を占めていた。幼虫と鳥糞の色彩を比較すると、白色部分では幼虫が紫外反射を欠いており、黒色部分では幼虫の反射率がやや低かった。また、形状を比較すると、その厚みは白色鳥糞では薄く、黒斑および黒色鳥糞では幼虫と類似して厚かった。野外での鳥による捕食実験では、白色鳥糞よりも厚くした白色模型が最も注視されやすいことが示された。これらの結果は、ナミアゲハ幼虫が頻度は高いものの薄い形状の白色鳥糞をモデルにすることが困難であり、厚みに制限されて体色が進化した結果、黒斑鳥糞をモデルとして擬態している可能性を示唆している。

21. コナガの飛翔阻害に着目した光反射マルチの防除メカニズムの解明

○鶴来寛子・弘中満太郎（石川県立大）

害虫防除を目的とした光反射マルチフィルム（以下、防虫マルチ）は、高反射率を示す白色や銀色のフィルムであり、害虫の発生を抑制する。しかし、その防除メカニズムは、いまだ十分な検証がなされていない。各種マルチ上でコナガ *Plutella xylostella* を飛翔させて行動を観察することで、防虫マルチの防除メカニズムを検討した。昼間の晴天時では、タイベック、シルバー、白、黒の各マルチと土におけるコナガの落下率はそれぞれ 58.6%、13.3%、13.8%、0.0%、0.0%であった。曇天時でもタイベックでは飛翔距離が短くなり、土と有意な差が認められた。一部の飛翔性昆虫では、下方からの照射に対して背光反応を示して飛翔阻害を起すことから、飛翔姿勢を比較した。黒色の低反射の布に対するコナガのピッチングの角度は 90° 未満で、正常に飛翔していたのに対して、水平および垂直なタイベックでは 157.1° と 168.2° を示し、マルチに背を向けるように回転していた。これらの結果は、マルチの反射光に対して背光反応を示したことによる飛翔阻害が、防虫マルチの防除メカニズムであることを強く示唆している。

22. アブラナ科炭疽病菌の感染特異性と原因遺伝子の同定

○西澤弥子・日比野隼平・坂根光星・高原浩之（石川県立大）

アブラナ科炭疽病菌 *Colletotrichum higginsianum* は、アブラナ属やダイコン属を含む複数のアブラナ科植物種に葉枯れ・葉腐れ症状を引き起こす病原糸状菌である。しかしながら、その宿主特異性や感染特異性に関する知見はほとんど報告されていない。我々は、日本の複数地点から分離されたアブラナ科炭疽病菌株を取得し、宿主シロイヌナズナに対する病徴比較をおこなった。その結果、菌株間で病徴に違いがあることを見出した。そこで本研究では、アブラナ科炭疽病菌の2菌株についてシロイヌナズナ11系統に対する感染性を調査した。その結果、一般的に本菌に感受性とされるCo1-0系統に対して2菌株間で病徴が異なることが判明した。さらに、両菌株の違いを調べる過程で、病原性が低下した株では、本来存在する染色体が欠損もしくは配列が大きく異なる可能性が示唆された。以上より、当該染色体上に位置する因子が、両菌株のCo1-0系統に対する病徴の差異に寄与していると考えられた。

23. アブラナ科炭疽病菌における新規エフェクター候補因子の機能解析

○黒崎実侑・松岡千寛・坂根光星・高原浩之（石川県立大）

アブラナ科炭疽病菌 *Colletotrichum higginsianum* はアブラナ科農産物に広く感染し、葉枯れ・葉腐れ症状を通じて収量や品質に影響を及ぼす病原糸状菌である。宿主感染の成立には、本菌から分泌する病原性関連因子（エフェクター因子）が重要な役割を担うと考えられている。先行研究により、宿主感染時に発現する100種以上のエフェクター候補タンパク質をコードする遺伝子群（ChECs）が本菌のcDNAライブラリーやゲノム解析から同定されているが、個々の遺伝子機能や感染における役割分担など未解明な点が多い。本研究では、ChECsから一つの分泌型タンパク質をコードする遺伝子の解析をおこなった。配列及び構造の特徴から、本因子は病原性細菌がもつ毒素タンパク質と類似していることが判明した。また植物葉での一過的発現試験により、本因子が複数の植物種に対して細胞死を誘導することが明らかとなった。以上のことから、当該因子はアブラナ科炭疽病菌の病原性に強く関与するエフェクターの可能性が高いと考えられた。

24. タンパク質の構造類似性に着目したアブラナ科炭疽病菌エフェクターの特徴づけ

○佐々木統唯・高原浩之（石川県立大院）

植物病原菌は宿主への感染過程において、エフェクターと呼ばれるタンパク質を分泌する。エフェクターは植物の細胞組織に作用することで、病原菌の宿主感染を有利に進める因子であると考えられている。しかしながら、エフェクターは既知タンパク質とのアミノ酸配列の保存性が低く、配列相同性に基づく機能既知タンパク質の探索には限界があり、その多様な機能は十分に解明されていない。そこで本研究では、アブラナ科炭疽病菌が宿主感染時に発現するエフェクター候補遺伝子群を対象に、タンパク質立体構造の類似性に基いた検索をこころみた。その結果、いくつかの因子において配列非依存でも機能を予測することが可能であった。この手法を用いて、一つのアブラナ科炭疽病菌エフェクター候補因子を調べたところ、本因子と高い構造類似性を示す他菌の既知タンパク質に加え、7つの類似因子をアブラナ科炭疽病菌から新たに同定した。本発表では、同定された因子の特徴についても紹介する。

25. シロイヌナズナにおけるオオバコモザイクウイルス Vi 分離株およびその変異ウイルスの蓄積量

○森平将聡¹・中村奈輔¹・湊菜未^{1,2}・小松健³・藤晋一⁴ (¹新潟大院自・²新潟大農・³東京農工大院農・⁴秋田県立大生資)

タチツボスミレより分離されたオオバコモザイクウイルス (P1AMV) の Vi 分離株はシロイヌナズナ Col-0 系統に感染できない一方で、本ウイルスに対する新規感受性候補系統として Sue-0 が同定されている (森平ら, 第 77 回北陸病害虫研究会)。また, Vi 分離株由来の変異ウイルス LC_{GFP}39 は Col-0 系統に無病徴で全身感染し, LC_{GFP}5 はベンサミアナタバコに縮葉病徴を誘導する (中村ら, 令和 6 年度日本植物病理学会大会)。本研究において, まず, GFP で標識された P1AMV Vi の感染性クローン Vi_{GFP} を Sue-0 に接種した結果, 70 % 以上の個体で無病徴感染が認められた。同じ Sue-0 系統に Vi 分離株由来の GFP で標識された変異ウイルスの感染性クローンを接種すると, いずれも全身移行が認められ, RT-qPCR でウイルス蓄積量を調査したところ, Vi_{GFP} との間で上葉での蓄積量に差は無かった。一方, Col-0 系統の上葉においては, LC_{GFP}39 は Vi_{GFP} および LC_{GFP}5 と比較して多く蓄積することが示された。加えて, LC_{GFP}5 を接種した Sue-0 系統では上葉に壊死が誘導された。Sue-0 系統ではウイルス間で蓄積量に差が認められなかったことから, LC_{GFP}5 の病徴誘導はウイルス蓄積量非依存的である可能性が示唆された。

26. オオバコモザイクウイルス (P1AMV) NJ および OL 分離株のシロイヌナズナ野生系統集団における全身感染性

○岩村真歩¹・中村奈輔²・湊菜未^{1,2}・小松健³・藤晋一⁴ (¹新潟大農・²新潟大院自・³東京農工大院農・⁴秋田県立大生資)

シロイヌナズナ Col-0 系統において, ナンテン (*Nandina domestica*) より分離されたオオバコモザイクウイルス (P1AMV) の NJ 分離株は全身感染できるが, 鑑賞ユリより分離された OL 分離株は全身感染できないことが明らかになっている (中村ら, 令和 6 年度日本植物病理学会大会)。本研究では, NJ 分離株の GFP で標識された感染性クローンである P1AMV NJ_{GFP} および OL 分離株の感染性クローンである P1AMV OL_{GFP} を用いてシロイヌナズナ野生系統集団への接種試験を行った。まず, NJ_{GFP} をシロイヌナズナ野生系統集団 gr1 および gr8 の計 100 系統 238 個体に対してアグロインフィльтраーション法を用いて接種した。その結果, gr1 では約 40%, gr8 では約 47%の個体において非接種上葉で GFP 蛍光が認められ, gr1 の約 15%, gr8 の約 6%で RT-PCR によりウイルスが検出された。次に, OL_{GFP} をシロイヌナズナ野生系統集団 gr1 の計 50 系統 192 個体に対して接種した。その結果, 接種個体の約 23%において非接種上葉で GFP 蛍光が認められたが, 明瞭な GFP 蛍光を呈した系統は認められなかった。これらの結果から, NJ 分離株は OL 分離株と比較しシロイヌナズナの多くの系統へ感染が可能であり, 全身感染性はシロイヌナズナとウイルスの種内多様性に依存することが示唆された。

27. オオバコモザイクウイルス (P1AMV) 野草分離株の継代接種による病原性および全身移行能への影響

○青木智哉¹・湊菜未^{1,2}・中村奈輔²・小松健³・藤晋一⁴ (¹新潟大農・²新潟大院自・³東京農工大院農・⁴秋田県立大生資)

ユリに被害をもたらすオオバコモザイクウイルス (P1AMV) は、宿主範囲が広く多くの野草から分離されている。タチツボスミレ由来の Vi 分離株では、ベンサミアナタバコ上での継代により病原性の変化および上葉移行の早期化が示されている (中村ら, 第 75 回北陸病害虫研究会)。本研究では、Vi 分離株と近縁であるオオバコ由来の PL1-1 分離株および系統的に異なるクレードに属するナンテン由来の NJ 分離株について、GFP で標識された感染性クローンである P1AMV PL1-1_{GFP} および NJ_{GFP} を用いて、ベンサミアナタバコにおける継代接種を行った。まず、PL1-1_{GFP} および NJ_{GFP} をアグロインフィルトレーション法により接種したところ、無病徴で全身感染が認められた。その後、GFP 蛍光を呈した非接種上葉を汁液接種に用いて 28 日毎に 6 代目まで継代接種したところ、両分離株で上葉移行の早期化が認められ、継代 6 代目には縮葉や壊死斑が誘導された。さらに、PL1-1_{GFP} の蓄積量を RT-qPCR により経時的に解析したところ、継代前と比較して継代 6 代目の接種後 14 日の上葉におけるウイルス蓄積量が増加した。以上の結果から、両分離株ともに継代することでベンサミアナタバコにおける病原性および全身移行能が高くなったことが示唆された。

28. 白ネギの定植時薬剤処理によるネギハモグリバエの防除効果の検討

○坂本圭 (福井農試)

ネギハモグリバエはネギを加害する重要病害虫であり、9 月以降に密度が増加するため、それまでに密度を抑えておくことが重要であるが、散布剤による防除は負担が大きく、また白ネギは作付け期間が長いので、散布剤や成分の使用回数制限に十分留意する必要がある。そこで、本試験ではネギの定植時に登録のある薬剤を定植前のチェーンポット苗に処理し、初期防除の削減を目指した省力的な技術を検討した。結果、クロラントラニプロール・チアメトキサム水和剤の防除効果および持続性が最も高く、処理 58 日後でも効果はやや低いが、持続した。アセタミプリド・シアントラニプロール粒剤とアセタミプリド粒剤の防除効果については、やや低いながらも防除効果が認められたが、処理後 35 日を過ぎると防除効果が低減する傾向があったことから、以降は他の防除技術も組み合わせながら総合的な防除を実施する必要がある。

29. ネギハモグリバエの越冬世代発消長と土着寄生蜂相

○尾山智洋・谷本悠輔・松田絵里子 (石川農総研)

石川県の露地ねぎはネギハモグリバエ (以下、ネギハモ) による被害が問題となっており、2022 年にはバイオタイプ B の発生も確認され、被害が深刻化して化学農薬の依存が高まっている。一方、みどり戦略では化学農薬の使用量削減が求められており、本県では環境保全型農業を推進している。そこで、本研究では化学農薬の使用量を削減するための基礎的研究として、ネギハモ越冬世代の発消長、土着寄生蜂の種構成と寄生率を調査した。その結果、2025 年 3 月上旬～5 月末の発消長調査では、県北部の七尾市で 4 月下旬頃からネギハモ越冬世代が羽化し始めることが示唆された。一方で、県南部の白山市では密度が低く、発生時期は判然としなかった。この両地点での越冬世代の発生密度の違いは、七尾市は連作、白山市は水稻との輪作が大半であることが影響している可能性が考えられた。また、同年の露地ねぎ栽培期間中の寄生蜂は *Halticoptera circulus*, *Pnigalio katonis*, *Diglyphus isaea*, *Chrysocharis pentheus* の 4 種が確認された。防除圧の低い七尾市ではネギハモの被害度が多～甚であったが、寄生蜂の寄生率が高く、重要な天敵として働いていた。一方、防除圧の高い白山市ではネギハモの被害度が無～多で、寄生蜂の寄生率が低く、その重要性は低かった。

30. 富山県におけるダイズカメムシ類の発消長の確認

○黒田貴仁¹・桑名ひまり¹・向井 環²・青木浩和²・仲俣ひとみ³・宝田 慎⁴・小杉昌代⁴・蛭谷朋佳⁴・伊山幸秀⁴・米澤奈菜⁴・村岡裕一⁵・野口翔吾⁵ (¹富山農総セ農研・²新川農振セ・³富山農振セ・⁴高岡農振セ・⁵砺波農振セ)

近年、富山県では、ダイズカメムシ類による子実被害が問題となっており、発生状況も変化していることから、2025年に県内7カ所のダイズほ場において払い落とし調査及びフェロモントラップ調査を行った。払い落とし調査では、ホソヘリカメムシ（以下、ホソヘリ）の成虫はほとんど確認されなかったが、幼虫が8月下旬から9月中旬に発生した。イチモンジカメムシ（以下）は、7月下旬から8月中旬に成虫が増加し、8月下旬～9月中旬に幼虫が増加した。その他、トゲシラホシカメムシ、マルカメムシ、ブチヒゲカメムシ、アオクサカメムシが確認された。フェロモントラップ調査では、ホソヘリは7月上旬中旬から確認され、8月中旬に盛期を迎えた後、9月中下旬にかけて再び増加した。一方、イチモンジは7月中旬に1回目のピークがあり、9月中下旬に再び増加した。また、2014～2015年に実施した同様の調査と発消長を比較したところ、ホソヘリとイチモンジの発生時期は大きく変わらないものの、発生量は増加傾向であった。いずれの調査ほ場においても、ミナミアオカメムシは確認されなかった。

(病害20題 虫害10題 計30題)