

# ゲノム情報を利用した 殺虫剤抵抗性発達の分子メカニズムの解析

SATテクノロジー・ショーケース2018

## ■ はじめに

農業の現場において、農業害虫の殺虫剤抵抗性の発達による、害虫の大発生がしばしば問題になっている。本問題に対応するためには、異なる種類の殺虫剤を併用して防除する、いわゆる殺虫剤のローテーション使用を行う。ローテーションを行う際には農業現場における、殺虫剤抵抗性関連のモニタリングを行うことでローテーションの計画を練る。モニタリングは主に農業現場の害虫を採取し、薬剤に対する抵抗性を測定することで行う(これを生物検定という)。生物検定に変わるモニタリング方法として遺伝子診断マーカーによる抵抗性系統の判定法の開発を農林水産省委託プロジェクト・次世代ゲノム基盤プロジェクト(<http://www.naro.affrc.go.jp/archive/nias/cropgenome/kenkyu/index.html>)の一環として演者らは行ってきた。具体的には

- 1: 薬剤抵抗性系統の害虫を用いて次世代シーケンサーを用いて、抵抗性の原因遺伝子を同定する。
- 2: 同定された遺伝子の一塩基多型を探し出し、抵抗性と感受性の塩基配列の差を同定する。
- 3: 抵抗性と感受性の塩基配列の差を利用して遺伝子診断マーカーを作成する。

これにより迅速かつ正確に農業現場における農業害虫の抵抗性の判定を行うことが可能になる。

実際に演者らが開発した遺伝子診断マーカーの具体例としてイネの飛翔性害虫であるトビイロウンカがあげられる。トビイロウンカは近年、主要な殺虫剤の一種であるイミダクロプリド抵抗性の発達が問題になっており、農業に深刻な経済的な被害を起している。演者らはイミダクロプリド抵抗の原因遺伝子が解毒分解酵素遺伝子の1種であるCYP6ER1であること、抵抗性系統ではCYP6ER1が高発現していることを明らかにし、この知見をもとにして遺伝子診断マーカーを開発した。

一方、抵抗性においてのみCYP6ER1が高発現しているメカニズムについて明らかになっておらず、高発現に関わる遺伝子等も明らかになっていない。そこで演者らはCYP6ER1の上流に位置する発現調節領域を、ゲノム情報を用いて解析したので発表する。解毒分解酵素の過剰発現のメカニズムを分子・遺伝子のレベルで明らかにすることは学術的に大きな意義がある。同時に、関連する遺伝子産物をターゲットにした新規農薬開発にもつながる。

## ■ 活動内容

1. 主要農業害虫の遺伝子診断マーカーの開発

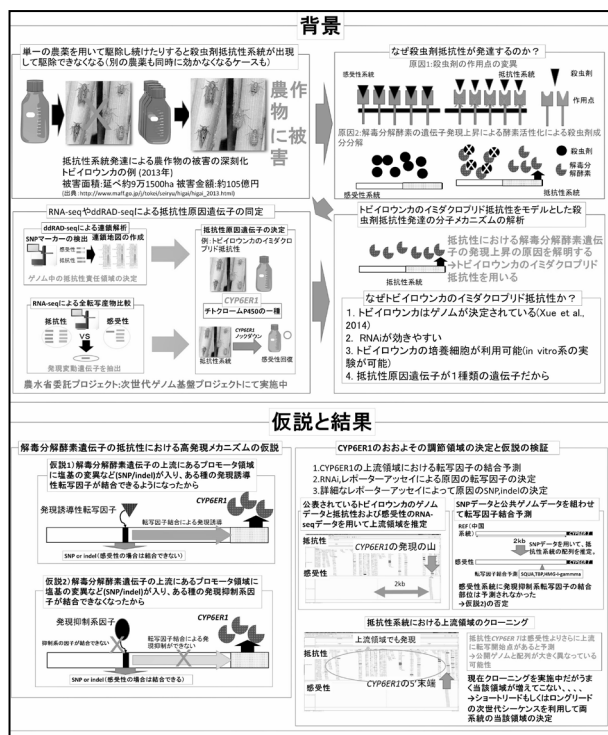
農業現場において農業害虫深刻な被害をもたらす原因の1つが殺虫剤抵抗性の発達による大発生である。抵抗性発達のモニタリングを簡便かつ正確に行うための遺伝子診断マーカーの開発を、次世代シーケンサーや農業害虫のゲノム情報を用いて行っている。

## 2. 殺虫剤抵抗性発達の分子メカニズムの解明

次世代シーケンサーによって様々な昆虫種でゲノム情報を得ることができるようになったきた。分子生物学的手法をゲノム情報をフル活用して殺虫剤抵抗性発達のメカニズムを遺伝子・分子レベルで解明を行っている。

## ■ 関連情報等(特許関係、施設)

本研究に関連した特許の取得予定は今のところない。



代表発表者 秋月 岳(あきつき ぐく)  
所属 農研機構  
生物機能利用研究部門 昆虫制御研究領域  
昆虫機能制御ユニット

■ キーワード: (1) 殺虫剤抵抗性  
(2) 農業害虫  
(3) 新規農薬開発

■ 共同研究者: 横井 翔  
上薬 明也  
(農研機構・生物機能利用研究部門)

問合せ先 〒305-8634 茨城県つくば市大わし1-2  
TEL: 029-838-6117 FAX: 029-838-6117  
E-mail: akiduki@affrc.go.jp