

遺伝子診断法による殺菌剤耐性菌簡易検出技術の開発

1 中核機関・研究総括者

独立行政法人農業環境技術研究所 石井 英夫

2 研究期間

2004 ~ 2006 年度(3 年間)

3 研究目的

殺菌剤による作物の病害防除では、耐性菌の発生が大きな問題となっている。そこで、耐性菌による被害を抑え、有効な防除手段を選択するため、遺伝子診断法を用いて簡易で迅速に判定できる先端的な耐性菌検出技術を開発する。

4 研究内容及び実施体制

病原菌の収集と薬剤耐性菌発生状況のモニタリング(全農、栃木県農業試験場、神奈川県農業総合研究所)

イチゴ及びウリ類うどんこ病菌と灰色かび病菌の DMI 剤、ストロビルリン系薬剤耐性菌の年次別発生分布マップを作成する。

イチゴ及びウリ類うどんこ病菌における DMI 剤耐性機構の解明と遺伝子診断技術の開発(栃木県農業試験場、神奈川県農業総合研究所)

PCR を用いた DMI 剤耐性菌の遺伝子診断手法を開発する。

イチゴ及びウリ類うどんこ病菌におけるストロビルリン系薬剤耐性の遺伝子診断技術の開発((独) 農業環境技術研究所、神奈川県農業総合研究所)

SNP 検出によるストロビルリン系薬剤耐性菌検出手法を開発する。

灰色かび病菌の複合耐性遺伝子診断技術の開発(東洋大学、栃木県農業試験場、神奈川県農業総合研究所)

ベノミル剤、ジエトフェンカルブ剤、ジカルボキシイミド剤及びフェンヘキサミド剤等に対する複合耐性の遺伝子診断技術を開発する。

5 目標とする成果

現場ニーズに対応した薬剤耐性菌の早期検出と的確な防除が可能になり、耐性菌の蔓延による被害の発生が回避できるようになる。また、農薬の適正な使用により、農産物の安全性向上と農薬の環境負荷軽減にも大きく貢献することが期待される。