


 巻頭言

ハダニの薬剤抵抗性管理とゲノム情報



京都大学大学院農学研究科 おさか 刑 べ 部 まさ 正 ひろ 博

農作物におけるダニ類の研究が本格的に始まったのは、第二次世界大戦後となる1960年代くらいからではないだろうか。害虫管理学において、いずれの対象害虫の場合でもそうであるように、初期段階では「どんな種がいるのか」、圃場に発生している種の分類・同定に始まり、発生生態や天敵との関係等が詳細に調べられてきた。この間に種々の防除法が検討され、また多くの殺ダニ剤が開発されてきた。しかし、ナミハダニをはじめとするハダニ類は新たに開発された殺ダニ剤に対して次々に薬剤抵抗性を発達させ、難防除害虫の代表的存在の一つとなってしまった。

研究を始めたばかりのころに、「害虫防除の研究ではまず、害虫を飼育することが大事で、自由に飼育できるようになれば研究の半分は終わったようなものだ」と何処かで聞いたような気がする。正直なところ、増殖能力が高いハダニ類の飼育はそれほど難しいものではない。むしろ、薬剤抵抗性に関して最も問題の大きなナミハダニは極めて広い食性と旺盛な繁殖能力を持ち、インゲンマメ葉片などへ移してやれば、直径9cmのシャーレ内で数百～数千個体の飼育も可能である。しかし、薬剤抵抗性問題の深刻さを考えると、なかなか半分終わったとは言えない心境である。

他方、2003年に完了したヒトゲノムプロジェクトから、多くのモデル生物のゲノム解析プロジェクトが始まり、さらに次世代シーケンサーの登場によって、個々の研究者が自分の材料で自由にゲノム分析ができる時代がやってきた。ハダニでは、2011年に西オントリオ大学のGrbic博士らのグループによってナミハダニのゲノムDNAの配列と遺伝子情報がNature誌に発表され、データベースが公開された。これによって、ナミハダニに関する様々な遺伝子情報が利用可能になった。

このような流れは、当然、殺虫剤でも同様であり、2014～18年の5年間に渡り、「ゲノム情報等を活用した薬剤抵抗性管理技術の開発」が農林水産省委託プロジェクト研究として実施された。そこでは、ハダニを含めた主要害虫種を対象として、ゲノム情報と次世代シーケンサーによる網羅的分析技術などを使って抵抗性原因遺伝子を迅速に同定する方法の開発や、DNAの変異を利用して野外の害虫が抵抗性遺伝子を持っているかどうかを簡便かつ迅速に診断する方法の開発等が行われた。

体長0.5mmと微細で解剖できないハダニでは、昆虫で行われているような生理学実験が困難である。しかし、DNAやRNA等の分子レベルでは、PCR法などの

増幅・分析技術の利用により、個体ごとの変異の分析も可能である。その意味で、ハダニの薬剤抵抗性は遺伝子分析技術の進歩とゲノム情報の恩恵を大いに受けている研究分野の一つといえる。こうなってくると、狭い面積で簡単に増殖できて薬剤検定や観察が容易なハダニ類は、むしろ薬剤抵抗性メカニズム研究の格好な材料になってきたともいえそうである。その意味では、今後も殺ダニ剤抵抗性に関する様々な新知見が得られるものと期待される。

これら薬剤抵抗性メカニズムの解明や検出技術の開発は、新規薬剤の開発や防除計画等に有効に活用される。一方で、薬剤抵抗性の発達という現象は、もともとごくわずかに存在すると考えられる抵抗性遺伝子の頻度を、農薬による防除を通じた淘汰によって高めてしまうことで顕在化する。さらに、抵抗性遺伝子を高頻度を持つ個体群が周辺に分散することによって、地域における抵抗性遺伝子頻度が上昇して、抵抗性が発達し易い状況が生まれるものと思われる。このような考えが正しいかどうかを検証し、抵抗性遺伝子の拡散を防ぐ方策を確立することが、薬剤抵抗性に対するリスクマネジメントとして重要なポイントではないかと思う。

具体的に抵抗性遺伝子の拡散の可能性を測るには、害虫の移動分散方法と範囲を知ることが重要である。ハダニの移動分散方法としては、歩行分散はもちろんであるが、それ以外にも風や上昇気流を利用した空中分散が知られている。どんな分散方法が主流になるかは、環境条件によって変化する。ところが、実際に野外でハダニの分散方法を観察するのは簡単ではない。しかし、遺伝子マーカーとして有効なマイクロサテライトなどの変異をゲノム情報からピックアップして利用することにより、移動分散の程度を推定することができる。さらに、薬剤抵抗性に関連する作用点変異がわかっているならば、抵抗性遺伝子の拡散を直接モニタリングすることも可能である。

もちろん、地域への抵抗性遺伝子の拡散元となり得るすべての圃場において、抵抗性遺伝子の頻度上昇を抑制する方策が重要であることは当然である。そのために、抵抗性の発達を抑制もしくは遅延させる薬剤の使用方法に関するモデル研究も精力的に行われている。それらのモデルの実証実験にも、ゲノム情報をもとにした遺伝子診断法は役立つものと思われる。今後、さらに分析技術の簡便化などにより、ゲノム情報が様々な場面でハダニの薬剤抵抗性管理技術の確立に役立てられていくことを期待したい。(日本ダニ学会副会長)