2024 年度
日本植物病理学会　関東部会
プロログラム・講演要旨予稿集

2024 年 9 月 13 日(金)
東京農工大学　府中キャンパス

PROGRAM & ABSTRACTS
2024 Meeting of the Kanto Division
The Phytopathological Society of Japan
September 13, 2024
Tokyo University of Agriculture and Technology

仮

2024 年度日本植物病理学会関東部会プログラム

東京都府中市 東京農工大学 第 1 講義棟 25 番教室
（2024 年 9 月 13 日）

講演 10 分（予鈴 8 分），討論 2 分

9 月 13 日（金）午前

9:30　開会挨拶

座長：畫間敬（東大院総合）

1. 9:36　〇草島美幸[1,2]・藤田萌香[3]・高橋郁夫[1]・中村英光[1]・仲下英雄[3]・浅見忠男[1]
（[1]東大院農生・[2]慶應大・[3]福井県大）
ストリゴラクトンが植物の病害抵抗性に及ぼす影響の解析

2. 9:48　●小川聡太[1]・小川瑞貴[1]・星野正剛[1]・並木健太郎[1]・須藤深雪[2]・中原健二[2]・北畑信隆[1,3]・粟野眞妃[1]・友井拓実[1]・倉持幸司[1]・安部洋[4]・浅見忠男[3]・木村成介[5]・松井健二[6]・朽津和幸[1]
（[1]東京理科大創域理工・[2]北大農・[3]東大農・[4]理研・[5]京都産業大・[6]山口大農）
植物にジャスモン酸･サリチル酸双方の蓄積を誘導する化合物の耐病性誘導効果と作用機構の解析

3. 10:00　●小山晴主[1]・中井宏美[1]・石田浩高[1]・小倉里江子[1,2]・平塚和之[1]
（[1]横浜国大院環境情報・[2]横浜バイオテクノロジー）
発光レポーターを用いた分解モニタリングに基づく JAZ ファミリータンパク質群の特徴づけ (2)

4. 10:12　〇松井智香子[1]・養田恵美子[1]・梶 翔太[1]・小倉里江子[1,2]・平塚和之[1]
（[1]横浜国大院環境情報・[2]横浜バイオテクノロジー）
プラントアクティベーター活性を有するクマリン類に関する研究

5. 10:24　中村哲太郎[1]・〇前田夏岐[2]・大澤友紀子[1]・小倉里江子[1,3]・平塚和之[1]
（[1]横浜国大院環境情報・[2]横浜国大理工・[3]横浜バイオテクノロジー）

富栄養条件下において防御応答遺伝子発現を誘導する新規プラントアクティベーターに関する研究

座長：キムオッキョン（東京農大院農）

6. 10:36 ●太田真莉・汲田幸平・鈴木寛人・鯉沼宏章・岩渕望・前島健作・難波成任・山次康幸
（東大院農）

斑紋症状を呈するライラックから見出されたカルラウイルスの全ゲノム配列解析

7. 10:48 ○太田江美[1]・篠坂響[2]・石橋和大[3]・冨高保弘[1]・松山桃子[1]・竹山さわな[1]・松下陽介[1]・大﨑康平[2]・久保田健嗣[1]
([1]農研機構植防研・[2]農研機構種苗セ・[3]農研機構生物研)

トマト等種子から tomato brown rugose fruit virus を検出するリアルタイム RT-PCR 用新規プライマーのウイルス種検出特異性の評価

8. 11:00 坂本空・新井亜美・○津田新哉 (法政大植物医科)

発育期の異なるシソサビダニによるシソモザイクウイルス媒介率の差異

座長：石橋和大（農研機構生物研）

9. 11:12 ●藤井悠樹[1]・山岸勇太[2]・佐々木信光[1,2,3]・松下保彦[1,2,3]
([1]農工大院連農・[2]農工大院農・[3]農工大遺伝子)

ヒト *Caspase-3* 分割発現による植物での細胞死誘導

10. 11:24 ●丸山風馨[1,2]・佐々木信光[1,2]・松下保彦[1,2] ([1]農工大院農・[2]農工大遺伝子)

タバコエチレン応答性因子 NtERF#208 の一過的遺伝子発現によるトマトモザイクウイルス増殖抑制

11. 11:36 ●満壽利毅[1]・勝矢英里佳[1]・作田康平[1]・謝肖男[2]・福原敏行[1]・森山裕充[1]
([1]農工大院農・[2]宇都宮大農)

Oryza sativa endornavirus 1 が日本型イネ品種‘日本晴’の生育に与える影響調査

12. 11:48 ○作田康平[1]・Cristiana Maia[2]・Marilia Horta Jung[3]・小松健[1]・植松清次[1]・森山裕充[1]・Thomas Jung[3]・Leticia Bottella[3]
([1]農工大院農, [2]UAlg CCMA, [3]MU PRC)

海洋性卵菌 *Halophytophthora* 属に感染する CRESS DNA ウイルスの性状解明

<昼休み> 12:00〜13:24

9 月 13 日（金）午後

座長：野澤俊介（玉大農）

13. 13:24 〇佐藤豊三[1,2]・澤井学[3]・山本和彦[1]・安食菜穂子[1]・吉松嘉代[1]・河野徳昭[1]
([1]医薬健栄研薬植セ・[2]新潟食農大・[3]富山大)
Musidium stromaticum **(W. Gams & R. H. Stover) Giraldo López & Crous による**
ショウガの茎枯れ症状

14. 13:36 〇加藤寛[1]・松谷峰之介[2]・岩波徹[2] ([1]高崎健大・[2]東京農大)
イチゴ萎黄病菌のカリフォルニア及び岐阜県由来の菌株における特異的配列の特定と
LAMP 法への応用

15. 13:48 ●小林亜沙人[1]・山下一夫[1,2]・篠原弘亮[1]・岩波徹[1]・キムオッキョン[1]
([1]東京農大院農・[2]福地にんにく R&S)
Aspergillus awamori **によるニンニク黒かび病（新称）の発生**

16. 14:00 ●太田琴美・小平伸賢・本橋慶一 (東農大国際)
Phyllosticta neopyrolae **によるベニバナイチヤクソウ褐斑病（新称）**

座長：齊藤宏昌（東京農大院生命）

17. 14:12 〇石井英夫[1,2]・Yang Hong[2]・岡根泉[1] ([1]筑波大生命環境・[2]農環研)
ナシ黒星病菌からの交配型遺伝子検出の試み

18. 14:24 ●吉田優香[1]・入枝泰樹[2] ([1]信大農・[2]信大学術院農)
コスモス炭疽病菌におけるコアエフェクターの重要性とシロイヌナズナ変異体を用いた
MC69 の標的探索

19. 14:36 ●田中聡大[1]・入枝泰樹[2] ([1]信大農・[2]信大学術院農)
糖によりシロイヌナズナへの壊死斑形成が促進する付着器侵入型炭疽病菌の新規同定

20. 14:48 ●本田莉夏子[1]・桐山寛生[1]・大神田淳子[2,3]・真壁秀文[2,3]・河村篤[3]・入枝泰樹[2,3]
([1]信大院総合理工・[2]信大学術院農・[3]信大バイオメディカル研)
Colletotrichum fioriniae **GCA6 から単離した植物の胚軸伸長を促進する新規化合物の同定**

<休憩> 15:00～15:12

座長：古谷綾子（茨大遺伝子）

21. 15:12 ●加藤輔[1]・今井諒佑[2]・高谷憲之[2]・キムオッキョン[1]・岩波徹[1]・篠原弘亮[1]
（[1]東京農大農・[2]株式会社ハイポネックスジャパン）
バイオスティミュラント資材を用いたトマト青枯病の発病抑制

22. 15:24 ●赤堀真子[1]・生方浩[2]・三木静恵[2]・岩渕望[1]・鯉沼宏章[1]・前島健作[1,3]・難波成任[1,3]・山次康幸[1,3]
（[1]東大院農・[2]群馬県農政部・[3]東大植物病院）
緑化症状を示すアジサイより検出されたファイトプラズマの分類および葉化誘導因子の配列解析

23. 15:36 ●磯邊優太・高橋智哉・救仁郷圭祐・安井理美・濱本宏・大島研郎 （法政大植医）
トウカエデ首垂細菌病菌のプラスミド pETa1 は植物体内での増殖に寄与する

座長：前島健作（東大院農）

24. 15:48 ○佐波雅史・井上康宏・藤川貴史 （農研機構植防研）
農研機構ジーンバンクで保存されている *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* 菌株の再分類

25. 16:00 ○芳川諒[1]・椛木海人[2]・篠原弘亮[2]・小木曽秀紀[1] （[1]長野野花試・[2]東京農大農）
***Janthinobacterium agaricidamnosum* および *Ewingera americana* によるエノキタケ褐色腐敗病の発生（病原追加）**

26. 16:12 ●中尾有那[1]・加藤新平[2] （[1]信大院総合理工・[2]信大学術院農）
5 菌株のタバコ野火病菌とベンサミアナタバコとの相互作用における細菌増殖の比較解析

座長：川口章（農研機構西農研）

27. 16:24 ●上澤陽向[1]・太田航輔[1]・亀谷奈央[1]・中村みなみ[2]・齋藤和輝[2]・金山典生[2]・小松健[1]・有江力[1]
（[1]農工大院農・[2]サントリーモルティング）
ビール製造用製麦過程における菌類の消長

28. 16:36 ●横井智希[1]・庄司和幸[2]・坂原優里[2]・牧文典[2]・小松健[1]・有江力[1]

(1農工大院農・2ニッポンジーン)

バナナ萎凋病菌 *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* およびそのレースの LAMP 法による特異識別

29. 16:48 〇前田陽佑[1,2]・秋野聖之[1]・近藤則夫[3]

(1北大院農・2農研機構野花研・3北大総合博物館)

アスパラガス立枯病を抑制する非病原性 *Fusarium oxysporum* のアスパラガスへの定着性について

30. 17:00 〇窪田昌春[1]・上野豪俊[1]・山中聡[2]・関口実里[2] (1農研機構植防研・2アリスタ)

ボーベリアバシアーナ乳剤成分菌の製剤使用時の化学農薬感受性

17:12 閉会挨拶

17:20～20:00 情報交換会 生協農学部食堂

翌日は、同会場にて引き続き『若手の会』が開催されます（参加費無料）。

講 演 会 場：第 1 講義棟 25 番教室（下図 11、 2 階）
休 憩 室 ：第 1 講義棟 21 番、22 番教室（下図 11、 2 階）
生 協（昼食可）：下図 19

情報交換会：9 月 13 日（金） 17:20～20:00 生協農学部食堂（下図 19）
役 員 会 ：9 月 13 日（金） 12:10～13:10 農学部本館第 3 会議室（下図 10、2 階）

1 ○草島美幸[1,2]・藤田萌香[3]・高橋郁夫[1]・中村英光[1]・仲下英雄[3]・浅見忠男[1]

ストリゴラクトンが植物の病害抵抗性に及ぼす影響の解析

Kusajima, M., Fujita, M., Takahashi, I., Nakamura, H., Nakashita, H., Asami, T.: Effect of strigolactones on plant disease resistance

植物ホルモンであるストリゴラクトン（SL）は，植物の枝分かれの抑制およびアーバスキュラー菌根菌の共生促進など，様々な役割を担っている．近年、SL は植物の病害抵抗性に関与することが報告されている．本研究では，SL がイネのサリチル酸（SA）を介した全身性獲得抵抗性（SAR）に及ぼす影響について解析した．まず，合成 SL アナログである 4BD が GR24 と同様に，SL 受容体である D14 とシグナル伝達因子 D3 との相互作用を促進することを Y3H によって明らかにした．遺伝子発現解析と接種試験により，4BD の前処理のみでは変化が見られなかったが，SAR 誘導剤である BIT の効果を促進することを証明した．また，イネの SL シグナル欠損変異体 *d3* においても，SAR の活性化が有意に観察された．さらに、SL 生合成阻害剤 TIS108 処理は病害抵抗性を抑制した．これらの結果から，4BD 前処理はイネの免疫を直接活性化するのではなく，植物にプライミング状態を誘導することが示唆された．

（[1]東大院農生・[2]慶應大・[3]福井県大）

2 ●小川聡太[1]，小川瑞貴[1]，星野正剛[1]，並木健太郎[1]，須藤深雪[2]，中原健二[2]，北畑信隆[1,3]，粟野眞妃[1]，友井拓実[1]，倉持幸司[1]，安部洋[4]，浅見忠男[3]，木村成介[5]，松井健二[6]，朽津和幸[1]

植物にジャスモン酸･サリチル酸双方の蓄積を誘導する化合物の耐病性誘導効果と作用機構の解析

Ogawa, S., Ogawa, M., Hoshino, S., Namiki, K., Sudo, M., Nakahara, K., Kitahata, N., Tomoi, T., Kuramochi, K., Abe, H., Asami, T., Kimura, S., Matsui, K. and Kuchitsu, K.: Mode of action and effects on pathogen resistance of a compound activating both JA and SA pathways in plants

一般にジャスモン酸（JA）経路とサリチル酸（SA）経路は相互に抑制的に機能すると考えられているが，シロイヌナズナ幼植物に処理すると，JA 蓄積にやや遅れて SA の蓄積を誘導する化合物を見出した(令和 6（2024）年度本大会)． JA 生合成に関与する *LIPOXYGENASE 2*（*LOX2*）の欠損変異体を用いた解析から，本化合物処理により LOX2 を介した JA 生合成が活性化される可能性が示唆された．時系列トランスクリプトーム解析の結果，JA・SA の内生量増加に先行して感染防御応答関連遺伝子の発現が誘導され，JA・SA 経路やフェニルプロパノイド経路等の関連する遺伝子の発現が誘導された．シロイヌナズナ成熟個体に処理すると，JA・SA 応答性遺伝子の発現が誘導され，灰色カビ病菌，ミカンキイロアザミウマに対する抵抗性が強化された．ベンサミアナタバコに処理するとクローバ葉脈ウイルスの増殖を抑制した．種々の植物種や病原体への耐病性に対する効果を検討すると共に，ビオチン化誘導体を合成し，標的タンパク質の探索・同定を進めている．

（[1]東京理科大創域理工・[2]北大農・[3]東大農・[4]理研・[5]京都産業大・[6]山口大農）

3 ●小山晴主[1]・中井宏美[1]・石田浩高[1]・小倉里江子[1,2]・平塚和之[1]

発光レポーターを用いた分解モニタリングに基づくJAZファミリータンパク質群の特徴づけ(2)

Koyama, H., Nakai, H., Ishida, H., Ogura, R. and Hiratsuka, K.: Characterization of JAZ family proteins based on degradation monitoring by using a luminescent reporter (2)

Jasmonate-ZIM domain （JAZ）ファミリータンパク質は病害虫耐性に関与するジャスモン酸（JA）シグナル伝達経路の重要な制御因子である．シロイヌナズナにおいてJAZファミリータンパク質は現在13種類知られているが，それぞれの特徴については必ずしも明らかではない．そこで本研究ではJAZタンパク質の分解動態をモニタリングするために，カリフラワーモザイクウイルス35Sプロモーターに各種JAZと発光レポーターとしてホタルルシフェラーゼ（Firefly luciferase: Fluc）遺伝子を連結したカセットを導入した形質転換シロイヌナズナを作成した．これらの形質転換体に様々な化合物を処理し，発光観察を行ったところ，各JAZタンパク質において分解動態の差異が観察され，この結果は各JAZタンパク質が有する異なる機能的特徴を反映していることが示唆された．今後はこのモニタリング系を用い，JAZタンパク質動態を指標とした新規有用物質探索系の構築や，生理活性物質の作用機作解明に応用することが出来ると考えられる．

（[1]横浜国大院環境情報・[2]横浜バイオテクノロジー）

4 ○松井智香子[1]・養田恵美子[1]・梶翔太[1]・小倉里江子[1,2]・平塚和之[1]

プラントアクティベーター活性を有するクマリン類に関する研究

Matsui, C., Youda, E., Kaji, S., M., Ogura, R., and Hiratsuka, K. Characterization of coumarins with plant activator activity

我々は植物免疫機構の中でも，防御遺伝子群が発動する前のサリチル酸（SA）の多面的で主導的な介在に焦点をあわせ，合成化合物ライブラリーおよび新規合成化合物からプラントアクティベーター候補物質を探索し複数選抜してきた．今回はSA応答性のタバコ*PR-1a*プロモーターとホタルルシフェラーゼの融合遺伝子を導入したシロイヌナズナを用いて，生物発光を指標として選抜されたクマリン類と，その各種類縁体について*PR-1a*プロモーター誘導能を指標として検討し，*PR-1a*発現誘導活性に必要な基本構造および修飾基に関する情報を得ることができた．また，これらのうち高い*PR-1a*誘導能と炭疽病菌（*Colletotrichum higginsianum*）防除効果を示す化合物について，発光バクテリアを用いたバイオセンサー法により化合物処理シロイヌナズナのSA含量の経時的変動を調べたところ，明瞭なSA蓄積量の上昇が観察された．従って，本研究で見いだされた*PR-1a*発現誘導活性を有するクマリン類はSAシグナル伝達系の上流に作用することが示唆される．

（[1]横浜国大院環境情報・[2]横浜バイオテクノロジー）

5　中村哲太郎[1]・○前田夏岐[2]・大澤友紀子[1]・小倉里江子[1,3]・平塚和之[1]

富栄養条件下において防御応答遺伝子発現を誘導する新規プラントアクティベーターに関する研究

Nakamura, T., Maeda, N., Osawa Y., Ogura, R., and Hiratsuka, K.: Characterization of a novel plant activator that can induce defense gene expression under nutrition-rich conditions

タバコ由来の *Pathogenesis-related protein 1a*（*PR-1a*）のプロモーターとホタルルシフェラーゼの融合遺伝子を導入した形質転換シロイヌナズナの芽生えを用い，多穴プレート中で発光量を指標とした遺伝子発現モニタリングが可能である．この技術によってプラントアクティベーター活性の探索・評価に応用されてきた．その過程で，全身獲得抵抗性（SAR）を誘導するサリチル酸(SA)やアシベンゾラル S メチル（ASM)などを処理した際に，富栄養条件下で *PR-1a* プロモーターの発現誘導が強く抑制される現象が観察され，さらにシロイヌナズナ内在性防御応答遺伝子の発現抑制も確認された（中村ら，令和 4 年度大会）．一方，富栄養条件下においても *PR-1a* プロモーターの発現誘導活性を示す新規化合物の選抜に成功し，その性状に興味が持たれた．今回はその新規化合物処理により発現変動するシロイヌナズナ遺伝子群の網羅的解析を実施し, SA あるいは ASM との比較を試みた結果を中心に報告する．

（[1]横浜国大院環境情報・[2]横浜国大理工・[3]横浜バイオテクノロジー）

6 ●太田真莉・汲田幸平・鈴木寛人・鯉沼宏章・岩渕望・前島健作・難波成任・山次康幸

斑紋症状を呈するライラックから見出されたカルラウイルスの全ゲノム配列解析

Ota, M., Kumita, K., Suzuki, H., Maejima, K., Namba, S., and Yamaji, Y.: Complete genome sequence of a carlavirus infecting *Syringa vulgaris* with spotted symptoms.

ライラック（ムラサキハシドイ)(*Syringa vulgaris*) はモクセイ科の花木で，日本各地で定植されている．2019 年以降，国内の複数地点で葉に斑紋症状を呈する個体を見出した．電子顕微鏡によるウイルス粒子の観察によりカルラウイルスの感染が疑われたため，同属特異的プライマーを用いた RT-PCR を行い，増幅断片のシークエンス解析を行ったところ, カルラウイルスの ligustrum virus A (LVA) と最も高い配列同一性を示した．そこで種同定に向け全ゲノム配列を決定した結果，全長 8,517 塩基で，カルラウイルスに共通の 6 つの ORF が予測された．複製酵素と外被タンパク質の配列を LVA と比較した結果，いずれもカルラウイルス属の種分類基準を上回ったため同種であると考えられた. LVA は今回が国内初報告であり，ライラックへの感染も初めて示された．なお，国内でライラック輪紋病の病原として報告があるカルラウイルス lilac ringspot virus (LiRSV)(楠木ら，1977) は配列情報未詳のため異同の確認は困難だった．斑紋症状の病原が LVA か否かは今後検証したい．

（東大院農）

7 ○太田江美[1]・篠坂響[2]・石橋和大[3]・冨高保弘[1]・松山桃子[1]・竹山さわな[1]・松下陽介[1]・大﨑康平[2]・久保田健嗣[1]

トマト等種子から tomato brown rugose fruit virus を検出するリアルタイム RT-PCR 用新規プライマーのウイルス種検出特異性の評価

Ota, E., Shinosaka, H., Ishibashi, K., Tomitaka, Y., Matsuyama, M., Takeyama, S., Matsushita, Y., Osaki, K., and Kubota, K.: Evaluation of the ability of new RT-qPCR primers to distinguish tomato brown rugose fruit virus from other tobamoviruses in tomato seeds

我々はこれまでに tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV)を検出するための RT-qPCR（SYBR Green）法を，トマト等種子検査手法として開発した．本法のプライマーは，ToBRFV の幅広い分離株に対する検出性と，トマトモザイクウイルス（ToMV）等他種ナス科トバモウイルスとの識別性とを考慮して設計されたが，その識別能の評価は不十分であった．今回，トマトまたはピーマンの健全種子の RNA に，ToBRFV，または ToMV 等 6 種トバモウイルスの精製粒子由来の RNA を等量ずつ添加した試料に対して，本 RT-qPCR を実施した．その結果，いずれの他種ウイルスの増幅曲線も，ToBRFV より立ち上がりが遅く，前者の Ct 値は後者よりおよそ 18 大きな値を示した．また融解温度曲線解析では，他種ウイルスでは Tm 値が 78℃前後の不明瞭なピークであったが，ToBRFV では，Tm 値が 81.2℃のシャープなピークを示した．よって本 RT-qPCR は ToBRFV と近縁ウイルスとの明確な区別が可能であった．本研究は農林水産省レギュラトリーサイエンス事業（JP J008617. 20320466）により実施した．

（[1]農研機構植防研・[2]農研機構種苗セ・[3]農研機構生物研）

8 坂本空・新井亜美・○津田新哉

発育期の異なるシソサビダニによるシソモザイクウイルス媒介率の差異

Sakamoto, S., Arai, A., and Tsuda, S.: Differences in the transmission rates of perilla mosaic virus by *Aculops thymmi* (perilla rust mites) at different developmental stages

シソモザイクウイルス(PerMV)はシソなどに感染しモザイクや奇形葉を引き起こす．PerMV はシソサビダニ(*Aculops thymmi*)によって媒介されるがその様式などは不明な点が多い．そこで，その媒介様式を明らかにするため，発育期の異なるシソサビダニによる PerMV 媒介の効率を比較した．はじめに，健全シソ葉で累代飼育している無保毒のシソサビダニ成虫を PerMV 感染シソの葉片上で 0.5，1，2，3，5 時間，3 日間および 7 日間獲得吸汁させた後，それらを健全シソ 1 株に対して 5～10 頭を放飼し接種吸汁させた．その結果，7 日間の獲得吸汁区において僅かに 1 株だけが発病したが（0.85%），その他は無発病で RT-PCR 検定でも陰性であった．次に，第 1 若虫，第 2 若虫および成虫と異なる発育期のシソサビダニに 24 時間，5 日間または 7 日間獲得吸汁させ，それらを同様に健全シソ 1 株に対して 10 頭を接種吸汁させた．その結果，第 1 若虫はすべての獲得吸汁区において合計で 75%の媒介率を示した．第 2 若虫は 5 日と 7 日間の獲得吸汁区で約 50%，成虫も両方の吸汁区で約 11%の媒介率を示した．以上から，シソサビダニによる PerMV 媒介は，第 1 若虫ほど短い獲得吸汁時間で高い媒介率を示す傾向にあることが示唆された．

（法政大植物医科）

9 ●藤井悠樹[1]・山岸勇太[2]・佐々木信光[1,2,3]・松下保彦[1,2,3]

ヒト *Caspase-3* 分割発現による植物での細胞死誘導

Fujii, Y., Yamagishi, Y., Sasaki, N., and Matsushita, Y.: Co-expression of the gene encoding subunit-1 and -2 of human Caspase-3 induces cell death in plants

植物にウイルスが感染した際，そのウイルスに対する抵抗性遺伝子を持つ植物では，過敏感反応が誘導され，壊死斑形成とウイルス封じ込めが起こる．昨年の本関東部会において，動物のプログラム細胞死誘導過程で実行因子として機能するヒトの Caspase-3 の遺伝子をトマトモザイクウイルス及びジャガイモ X ウイルス由来のウイルスベクター(TogJ 及び pGR107)に組み込むことで，抵抗性遺伝子を持たない植物においてもウイルス感染に伴って壊死斑が形成され，ウイルスの増殖が抑制される可能性があることを報告した．本研究では Caspase-3 をサブユニット単位で分割合成する系が有効かどうか解析した．サブユニット 1(p17)を pGR107 ウイルスベクターに，サブユニット 2(p12)を 35S プロモーターによる一過的発現が可能な pART27 ベクターに導入し，*Nicotiana tabacum* 及び *N. benthamiana* において共発現した結果，壊死斑が形成された．以上より，*Caspase-3* は分割発現した際にも活性を損なわず，*Caspase-3* 全長配列発現時と同様の効果が得られる可能性が示唆された．

（[1]農工大院連農・[2]農工大院農・[3]農工大遺伝子）

10 ●丸山風馨[1,2]・佐々木信光[1,2]・松下保彦[1,2]

タバコエチレン応答性因子 NtERF#208 の一過的遺伝子発現によるトマトモザイクウイルス増殖抑制

Maruyama, F., Sasaki, N., and Matsushita, Y.：Transient gene expression of tobacco ethylene response factor NtERF#208 suppresses tomato mosaic virus infection

植物は細胞死誘導を伴って病原体の増殖を抑制する過敏感反応（HR）を誘導する．タバコにタバコモザイクウイルス（TMV）が感染すると HR が誘導され，その過程でエチレン応答性因子(ERF) 遺伝子が発現する．タバコ *ERF* の一種 *NtERF#208* は，この HR の過程で発現しないが，タバコの葉で人為的に過剰発現させると細胞死を誘導する．このことから *NtERF#208* をウイルスの増殖抑制に利用できないかと考え，TMV と同じトバモウイルス属に分類されるトマトモザイクウイルス（ToMV）の感染を抑制する働きがあるのか解析した．ToMV の感染性 cDNA を，全長型 NtERF#208 を合成するための遺伝子コンストラクトと共に，アグロバクテリウム浸潤法を用いてベンサミアナタバコの葉に共導入した．その結果，NtERF#208 には ToMV の増殖を抑制する働きがあることが示唆された．

（[1]農工大院農・[2]農工大遺伝子）

11 ●満壽利毅[1]・勝矢英里佳[1]・作田康平[1]・謝肖男[2]・福原敏行[1]・森山裕充[1]

Oryza sativa endornavirus 1 が日本型イネ品種‘日本晴’の生育に与える影響調査

Masu, T., Katsuya, E., Sakuta, K., Xie, X., Fukuhara, T., and Moriyama, H.: Investigation of the effects of Oryza sativa endornavirus 1 on growth of japonica rice cultivar ‘Nipponbare’

Oryza sativa endornavirus 1（OsEV1）は全長約 14kb のプラス鎖一本鎖 RNA ウイルスであり，多くの日本型イネ品種（*Oryza sativa* L.）から検出される．OsEV1 は他の植物ウイルスにみられる外被タンパク質（CP）や移行タンパク質（MP）を有さず，水平感染の事例はなく，生殖細胞を介して高確率で後代植物体に垂直感染する．本研究では，OsEV1 がイネの初期生長ならびに生殖生長に及ぼす僅差な影響について調査した．その結果，日本晴 OsEV1 感染株は OsEV1 非感染株よりも初期生長が僅かに遅延する傾向がみられたが，出穂までに両者の生育差はほとんどみられなくなった．出穂期は，OsEV1 感染株は OsEV1 非感染株よりも 1 日程度遅れる傾向にあった（調査個体数各 23 株）．播種後 25℃，3 日目の発芽率（種子 100 粒 5 回試行）は OsEV1 感染種子が 40.5％で OsEV1 非感染種子が 52.1％と有意に低下した．LC-MS/MS より種子の発芽抑制に働くアブシジン酸（ABA）を定量した結果，ABA 内生量が OsEV1 感染種子は OsEV1 非感染種子と比較して 1.2 倍高いことが示された．尚，種子の吸水量に差はなく，発芽率の差は水刺激に因らないことが示唆された．現在，イネの収量ならびに品質について調査を進めている．

（[1]農工大院農・[2]宇都宮大農）

12 ○作田康平[1]・Cristiana Maia[2]・Marilia Horta Jung[3]・小松健[1]・植松清次[1]・森山裕充[1]・Thomas Jung[3]・Leticia Bottella[3]

海洋性卵菌 *Halophytophthora thermoambigua* に感染する CRESS DNA ウイルスの性状解析

Sakuta, K., Maia, C., Jung, M., H., Komatsu, K., Uematsu, S., Moriyama, H., Jung, T., and Bottela, L.: Characterization of CRESS DNA virus infecting the marine oomycete *Halophytophthora thermoambigua*

Single-stranded DNA(以下, ssDNA)ウイルスのうち，環状 DNA をゲノムとして持つウイルスは circular rep-encoding single-stranded DNA viruses (以下, CRESS DNA viruses)と総称される．真菌類での CRESS DNA ウイルスは報告が少なく，卵菌類では未同定であった．我々はポルトガル南部の河口生態系に生息する *Halophytophthora thermoambigua* から卵菌類では初の報告となる CRESS DNA ウイルスを発見した．その全塩基配列を決定したところ，ゲノムサイズは 2793 nt であり，複製関連タンパク質（Rep）と hypothetical protein (HP)の 2 つのオープンリーディングフレームをコードしていた．Rep 領域のアミノ酸配列による分子系統解析を行ったところ，最も近縁 Gopherus associated circular DNA virus 1 と Identity が 25.22 %しかなく，既存の CRESS DNA ウイルスを構成する 8 科には属さず，未分類の CRESS DNA ウイルスとクレードを形成した．この結果を踏まえ，暫定的に Halophytophthora thermoambigua circular single-stranded DNA virus 1 と命名した．

([1]農工大院農・[2]UAlg CCMA・[3]MendelU PRC)

13 ○佐藤豊三[1,2]・澤井学[3]・山本和彦[1]・安食菜穂子[1]・吉松嘉代[1]・河野徳昭[1]

Musidium stromaticum (W. Gams & R. H. Stover) Giraldo López & Crous によるショウガの茎枯れ症状

Sato, T., Sawai, S., Yamamoto, K., Anjiki, N., Yoshimatsu, K. and Kawano, N.: Stem blight of ginger (*Zingiber officinale* (Willd.) Rosc.) caused by *Musidium stromaticum* (W. Gams & R. H. Stover) Giraldo López & Crous.

Pseudomonas syringae pv. *actinidiae* (Psa) によって引き起こされるキウイフルーツかいよう病 2023 年 9 月，種子島の温室内で栽培されていたショウガ（*Zingiber officinale*）の地際茎が褐変・枯死し倒伏した．罹病組織からは高率に同一の糸状菌が分離された．同菌は PDA 上で比較的生育が遅く，菌叢は平坦で薄く湿性でフェルト状，汚白色，裏面ははじめ無色，後に子座様組織により徐々に灰黒色になる．分生子柄は単純で直立し，無色透明，壁は平滑，長さ 20 - 67 (平均 37) µm，基部幅 1.2 - 2.6 µm，分生子形成様式は内出芽フィアロ型．分生子は両端の丸い円筒形から楕円形，単細胞，無色透明，壁は平滑，大きさは 3.6 - 6.9×1.6 - 2.4 (平均 5.1×2.0) µm，長さ幅比は 1.7 - 3.4 (平均 2.6)．子座様菌糸は分枝し，壁は褐色で厚く平滑．これらの形態と rDNA-ITS 領域の塩基配列により同菌を *Musidium stromaticum* と同定した．同菌を地際茎に有傷接種した結果，原病徴が再現された．また，根茎に分生子を接種した結果，褐色しみ症状が現れ一部は腐敗した．発病した茎と根茎から接種菌が再分離された．以上より，ショウガ褐色しみ病菌 *M. stromaticum* はショウガの茎枯れを起こすことが明らかとなった．

（[1]医薬健栄研薬植セ・[2]新潟食農大・[3]富山大）

14 ○加藤寛[1]・松谷峰之介[2]・岩波徹[2]

イチゴ萎黄病菌のカリフォルニア及び岐阜県由来の菌株における特異的配列の特定と LAMP 法への応用

Katoh, H., Matsutani, M., and Iwanami, T.: Identification of Specific Sequences in strawberry fusarium wilt fungal strains from California and Gifu Prefecture and application for LAMP

既報の PCR（Suga et al., 2013）を参考に，イチゴ萎黄病菌 *Fusarium oxysporum* f. sp. *fragariae* に特異的な LAMP 法をデザインしたところ，カリフォルニア由来の 2 菌株（GL1270, GL1385, Henry et al. 2017）は検出に 90 分を要し（Katoh et al. 2021），岐阜県の 2 菌株（GF725, GF726）には陰性反応だったことから，これら 4 菌株について異なる配列の保持が示唆された．そこで 4 菌株について Illumina 社のショートリードシークエンサを用いてゲノム情報を取得し，LAMP 法への応用を試みた．いずれのサンプルも 8-10Gb 程度のデータ量が得られ，ゲノムアセンブリで GL1270 は 52,831,903 bp，GL1385 は 56,193,646 bp，GF725 は 48,474,798 bp そして GF726 は 48,885,122 bp の概要ゲノムを得た．4 菌株間で保存性が高い約 300bp の複数の候補の中から，*F. oxysporum* 非病原性菌株（GL1552, GL1702, GL1703, GL1704, Burkhardt et al. 2019）のゲノム配列中で確認されない配列を選抜した．以上の条件を満たす GF726 の 230bp を標的にした LAMP 法は，60 分の処理で 4 菌株に陽性反応を示した．

（[1]高崎健大・[2]東京農大）

15 ●小林亜沙人[1]・山下一夫[1,2]・篠原弘亮[1]・岩波徹[1]・キムオッキョン[1]

***Aspergillus awamori* によるニンニク黒かび病（新称）の発生**

Kobayashi, A., Yamashita, K., Shinohara H., Iwanami T., and Kim O.-K.: Occurrence of black mold on *Allium sativum* L. caused by *Aspergillus awamori* in Japan

2023 年 7 月に市販されていた香川県産ニンニク（品種：‘太倉’）の鱗球外皮が黒色のカビに侵食され，内部の鱗片発根部が黒変，腐敗していた．症状を呈したニンニクから糸状菌を分離（Ag1-2 株と Ag2-1 株）し，作製した胞子懸濁液を市販ニンニクの鱗片に針接種した 7 日後，鱗片表面に黒色胞子の形成が見られ，原病徴が再現，接種菌が再分離された．上記の分離株をそれぞれ CYA 培地，CY20S 培地，CZ 培地，MEA 培地にて 25℃暗黒条件下で 7 日間培養，CYA 培地については 37℃でも培養し，マクロ形態とミクロ形態を観察したところ，*Aspergillus awamori* と酷似していた．分離菌株の rDNA-ITS 領域，β チューブリンおよびカルモジュリン遺伝子の塩基配列は，いずれも *A. awamori* と 99%以上の高い同一性を示した．特にカルモジュリン遺伝子の部分塩基配列を用いた分子系統解析で，本分離菌株は *A. awamori* のタイプ系統（AJ964874）と韓国産ニンニクからの分離菌株（KU239101）と同一のクレードを形成した．以上，本菌を *A. awamori* と同定し，病名をニンニク黒かび病（新称）と提案する．

（[1]東農大院農・[2]福地にんにく R&S）

16 ●太田琴美・小平伸賢・本橋慶一

***Phyllosticta neopyrolae* によるベニバナイチヤクソウ褐斑病（新称）**

Ota, K., Kodaira, N., and Motohashi, K.: Brown leaf spot disease on *Pyrola asarifolia* subsp. *incarnata* caused by *Phyllosticta neopyrolae*

2023 年 9 月，長野県上田市において，ベニバナイチヤクソウの葉に褐斑症状を呈する病害が観察された．病斑は始め小黒点で，後に暗褐色，中央部は淡褐色の円形から不整形となり，直径約 5mm に拡大した．さらに暗褐色の病斑は拡大もしくは融合し，健全部と病斑部の境界はやや不明瞭で，やがて枯死した．病斑内部には，黒点となる分生子殻が形成され，そこから単胞子分離による分離菌株を得た．分離菌株上に形成した分生子を用いて接種試験を行ったところ，17 日後に原病徴を再現し，病斑から接種した菌が再分離され，病原性が確認された．本病原菌の菌種を同定した結果，形態学的特徴および宿主から *Phyllosticta neopyrolae* Wikee, Crous, Motohashi, K.D. Hyde & McKenzie と同定した．続いて，本病原菌の rDNA ITS および ACT 領域による Blastn による検索を行ったところ，*P. neopyrolae* の ex-type 株とほぼ一致した．以上の結果から，*P. neopyrolae* による本病害をベニバナイチヤクソウ褐斑病と提案する．

（東農大国際）

17 ○石井英夫[1,2]・Yang Hong[2]・岡根泉[1]

ナシ黒星病菌からの交配型遺伝子検出の試み

Ishii, H., Yang, H., and Okane, I.: Trials to detect mating type genes in *Venturia nashicola*, the causal agent of Asian pear scab

ナシ黒星病菌はヘテロタリックであると考えられ，子のう胞子は圃場における第一次伝染源として重要であるほか，遺伝的組換えに伴い菌の病原性や薬剤感受性に変化をもたらすこともある．そこで，培養した単分生子分離株から抽出した DNA を用いて交配型遺伝子 *MAT1-1*（α-box protein）と *MAT1-2*（HMG box protein）の PCR とシークエンシングによる検出を試みた．NCBI のデータベースより取得し *V. inaequalis* の *MAT1-1* 配列から Primer-BLAST によりプライマー Vi-7F（5'-ACCGCAGAACGCAAGAAGTA-3'）と Vi-7R（5'-AGGCTTCCACCATCCCATTG-3'）を，また *MAT1-2* には VnMAT F（5'-ATCCGAAAGCCAATCGCTGAA-3'），VnMAT R（5'-TCCGTCCATGCATATATCCCA- 3'）をそれぞれ設計して用いた．94℃・2.5 分，（94℃・30 秒，56℃・10 秒，72℃・10 秒）× 35 サイクル，72℃・5 分で増幅した．*MAT1-1* も *MAT1 -2* もともに日本，中国及び台湾由来の DNA から検出されたが，同一菌株から *MAT1-1* と *MAT1-2* の両者が検出される場合が多くみられ，今後なお検討を要する．

（[1]筑波大生命環境・[2]農環研）

18 ●吉田優香[1]・入枝泰樹[2]

コスモス炭疽病菌におけるコアエフェクターの重要性とシロイヌナズナ変異体を用いた MC69 の標的探索

Yoshida, Y. and Irieda, H.: Importance of core effectors in cosmos anthracnose fungus *Colletotrichum fioriniae* CC1 and screening for *Arabidopsis* mutants related to plant targets of core effector MC69

植物病原糸状菌間での保存性が高く，炭疽病菌（*Colletotrichum* 属菌）も有するコアエフェクターに，植物の BAK1 や BIK1 を標的とする NIS1 と植物内標的が不明の MC69 がある．*NIS1* ホモログ遺伝子の破壊はイネいもち病菌やリンゴ腐らん病菌の病原性を低下させるが，ウリ類炭疽病菌では影響がない．また，トウガラシ炭疽病菌の *NIS1* 破壊株では，胞子形成や菌糸生育の低下とともに病原性の低下も認められている．一方，*MC69* ホモログ遺伝子は共通してイネいもち病菌やウリ類炭疽病菌，トマト根腐れ病菌の病原性に寄与する．今回，これらコアエフェクターの重要性をさらに調査するため，コスモス炭疽病菌 *C. fioriniae* CC1 の *NIS1* および *MC69* 破壊株を作出し，シロイヌナズナ免疫変異体を活用して表皮侵入および壊死斑形成を解析した．その結果，*NIS1* 破壊株と異なり，*MC69* 破壊株で侵入率と壊死斑形成の低下が認められた．現在，MC69 の植物内標的因子の情報を得るため，シロイヌナズナ既知変異体に対するスクリーニングにより，*MC69* 破壊株の壊死斑形成が低下しないものを探索している．

（[1]信大農・[2]信大学術院農）

19 ●田中聡大[1]・入枝泰樹[2]

糖によりシロイヌナズナへの壊死斑形成が促進する付着器侵入型炭疽病菌の新規同定

Tanaka, S. and Irieda, H.: Identification of *Colletotrichum* fungi characterized by a sugar-promoted lesion formation on *Arabidopsis thaliana*

炭疽病菌（*Colletotrichum* 属菌）は多様な種・菌株を含む植物病原糸状菌であり，メラニン化付着器を介した典型的な植物侵入様式（MAE）を示す．大部分の炭疽病菌株は非宿主であるシロイヌナズナに不適応型のため侵入を阻止されるが，免疫因子に変異をもつシロイヌナズナを用いることで不適応型菌の MAE 解析が可能である．一方，糖存在下で付着器形成が抑制され，伸長した発芽管様の菌糸先端から免疫変異体に直接侵入する非典型の侵入様式（HTE）も一部で認められる．これまで，HTE 型菌に糖を与えて HTE を誘導した方が糖非存在下の MAE より壊死斑形成が向上することが知られていた．しかし，糖存在下でも HTE を誘導しない MAE 型菌に糖が与える影響はこれまでほとんど解析されていない．今回，糖存在下において壊死斑形成が促進する複数の MAE 型菌を新規に同定した．顕微鏡観察の結果，これらの菌株は糖存在下でもメラニン化付着器を形成していた．現在，これら MAE 型菌の壊死斑形成が糖により促進する要因を解析している．

（[1]信大農・[2]信大学術院農）

20 ●本田莉夏子[1]・桐山寛生[1]・大神田淳子[2,3]・真壁秀文[2,3]・河村篤[3]・入枝泰樹[2,3]

***Colletotrichum fioriniae* GCA6 から単離した植物の胚軸伸長を促進する新規化合物の同定**

Honda, R., Kiriyama, H., Ohkanda, J., Makabe, H., Kawamura, A., and Irieda, H.: Identification of novel plant hypocotyl growth-promoting compounds isolated from *Colletotrichum fioriniae* GCA6

植物病原菌は植物に病害を引き起こす一方で，植物に正の生理活性を示す化合物を生産する場合もある．本研究では、約 50 菌株の炭疽病菌のコロニー抽出液に対し，ベンサミアナタバコへの影響を指標にスクリーニングを実施した．その結果，*C. fioriniae* GCA6 由来物質を含む抽出液に胚軸伸長活性を見出した．HPLC を用いて活性を有する複数の化合物のピークを取得後，7 つの化合物について各種 NMR スペクトルを解析した．その結果，インドール-3-酢酸（IAA）やその類縁体など，4 つの既知化合物が含まれていた．一方で，化合物 a は IAA 骨格にヘキシトールがエステル結合した新規化合物，化合物 b は化合物 a のカルボニル基の α 位にメチル基を有する新規化合物と推定された．また，化合物 c は Acremoauxin A と同じ分子式であり，IAA のカルボニル基の α 位にメチル基を有する骨格に Acremoauxin A とは異なるペンチトールがエステル結合した新規化合物と推定された．今後はこれら化合物の詳細な構造を調査する．

（[1]信大院総合理工・[2]信大学術院農・[3]信大バイオメディカル研）

21 ●加藤輔[1]・今井諒佑[2]・高谷憲之[2]・キムオッキョン[1]・岩波徹[1]・篠原弘亮[1]

バイオスティミュラント資材を用いたトマト青枯病の発病抑制

Kato, T., Imai, R., Takaya, N., Kim, O.-K., Iwanami, T. and Shinohara, H.: Suppression of disease development of bacterial wilt of tomato by using a biostimulant material

アミノ酸や糖は青枯病の発病を抑制すると報告されている（Posas et al.，2007）．今回はそれに代わり，アミノ酸、フルボ酸及び多糖類を含有するバイオスティミュラント（BS）資材を用いて，青枯病の発病抑制を検討した．無加温のガラス温室でポット栽培したトマト（*Solanum lycopersicum*）‘桃太郎ピース’の本葉 2 枚展開後，BS 資材を 1 株あたり 50 ml ずつ 1 週間毎に合計 3 回潅注処理した．処理 2 日後に茎を採取し，石原ら（2012）に準じて qPCR 法で青枯病に対しての 2 つの抵抗性関連遺伝子の発現量を測定したところ，BS 資材 250 倍，500 倍，1000 倍希釈処理区で両遺伝子の発現量が無処理区に比べ 2～8 倍増加した．そこで，BS 資材を同様に 3 回処理した‘桃太郎ピース’に，*Ralstonia solanacearum* KK1（トマト由来，biovar4，菌群 1，phylotype1）の懸濁液（約 10^8 CFU/ml）を 3 回目の処理から 2 日後に断根潅注接種した．接種 2 週間後に発病を調査したところ，無処理区の発病株率 84%に対して，BS 資材 250 倍希釈処理で 38%，500 倍で 16%，1000 倍で 19%であった．

（[1]東京農大農・[2]株式会社ハイポネックスジャパン）

22 ●赤堀真子[1]・生方浩[2]・三木静恵[2]・岩渕望[1]・鯉沼宏章[1]・前島健作[1,3]・難波成任[1,3]・山次康幸[1,3]

緑化症状を示すアジサイより検出されたファイトプラズマの分類および葉化誘導因子の配列解析

Akahori, M., Ubukata, H., Miki, S., Iwabuchi, N., Koinuma, H., Maejima, K., Namba, S., and Yamaji, Y: Classification of phytoplasma detected in *Hydrangea* plants showing virescence in Japan, and sequence analysis of its phyllogen

本年，群馬県で緑化（花器官の緑色化）症状を呈するアジサイが見出され，東京大学植物病院で診断を行った．ファイトプラズマの 23S rDNA を標的とする LAMP 検査の結果，供試した 3 品種 9 検体全てで陽性となった．そこで，16S rDNA を PCR 増幅し塩基配列を決定した結果，全て配列が一致し，‘*Candidatus* Phytoplasma asteris’に属すると考えられた．しかし，過去に国内で報告されたアジサイ葉化病（hydrangea phyllody, HP）系統（Takinami *et al.*, 2013）ではなく，国内の野菜類で発生報告のあるタマネギ萎黄病（onion yellows, OY）系統などと最も近縁であった．さらに，葉化誘導因子ファイロジェン（PHYL）の塩基配列の一部を解析した結果，$PHYL_{HP}$ ではなく $PHYL_{OY}$ と一致し，葉化誘導能を低下させる 33 番目のアミノ酸多型 33K（Tokuda *et al.*, 2023）を有していた．以上より，本ファイトプラズマ病をアジサイ緑化病（hydrangea virescence, HV）系統による緑化病（新称）としたい．本研究は，ファイロジェンの配列多型をもとに葉化症状の程度を説明した初めての例である．

(1 東大院農・2 群馬県農政部・3 東大植物病院)

23 ●磯邊優太・高橋智哉・救仁郷圭祐・安井理美・濱本宏・大島研郎

トウカエデ首垂細菌病菌のプラスミド pETa1 は植物体内での増殖に寄与する

Isobe, Y., Takahashi, T., Kunigo, K., Yasui, S., Hamamoto, H., and Oshima, K.：The plasmid pETa1 from *Erwinia* sp., a causal agent of shoot drooping disease, contributes to its proliferation in planta

トウカエデ首垂細菌病菌（*Erwinia* sp.）はトウカエデに水浸状の病斑や褐変，新梢の湾曲落葉，枯死などを引き起こす病原細菌である．東京都西東京市のトウカエデから単離された *Erwinia* sp. Ta27 は約 46 kbp のプラスミド（pETa1）を保持していた．近縁種の *E. amylovora* が持つプラスミドは病原性に関与することが報告されている．本研究では，pETa1 を除去したキュアリング株を作出し，*Erwinia* sp. Ta27 における pETa1 の役割を調査した．キュアリング株をトウカエデに接種し，植物体内での増殖との関連性を調査した．その結果，pETa1 のキュアリングは感染率に影響を与えなかったが，病徴の発現率，および植物体内での増殖能を低下させる傾向が認められた．この結果から，pETa1 は植物体内での *Erwinia* sp. Ta27 の増殖に寄与する可能性が考えられた．また，野生株の pETa1 にコードされる薬剤排出ポンプ *tolC* の mRNA 量を調べたところ，培地上に比べて植物感染時に増加していた．この結果から，薬剤排出ポンプが植物体内で何らかの役割を持つ可能性が考えられた．

（法政大植医）

24 ○佐波雅史・井上康宏・藤川貴史

農研機構ジーンバンクで保存されている *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* 菌株の再分類

Saba, M., Inoue, Y., and Fujikawa, T.: Reclassification of *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* strains preserved in the NARO Genebank

Pseudomonas syringae pv. *lachrymans* (Psl) はキュウリ斑点細菌病の原因菌として知られている．一方で，*P. syringae* pv. *syringae* (Pss) もキュウリ葉に斑点症状を引き起こすことが報告されており（Olczak-Woltman et al., 2006），これらの種を識別することは病気の発生原因を正確に特定する上で重要である．本研究では農研機構ジーンバンクで保存されている 49 株の Psl の遺伝学的再分類を試みた．*hrpZ* 遺伝子配列を用いたグルーピングの結果，46 菌株が Group IB に分類されたが、3 菌株（MAFF301415, 311518, 311519）は Group III に分類された．また，Group IB の菌株と Group III の 3 菌株をそれぞれキュウリに接種すると，前者ではいずれもキュウリ斑点細菌病の典型的な症状である葉脈に囲まれた多角形の病斑が生じたのに対し，後者では円～楕円形の褐色小斑点が生じた．さらに，MLSA による遺伝子解析を行ったところ，Group III 菌株は Pss のクレードに位置しており，Psl 株とは遺伝的に異なることが示された．加えて Psl と Group III 菌株の生化学的特徴の差異についても報告する．

（農研機構植防研）

25 ○芳川諒[1]・椛木海人[2]・篠原弘亮[2]・小木曽秀紀[1]

Janthinobacterium agaricidamnosum および _Ewingera americana_ によるエノキタケ褐色腐敗病の発生（病原追加）

Yoshikawa, R., Kabaki, K., Shinohara, H., and Ogiso, H.: Bacterial brown soft-rot symptoms, a new disease of enokitake (*Flammullina velutipes*) caused by *Janthinobacterium agaricidamnosum* and *Ewingera americana*

長野県内の複数のエノキタケ栽培施設において，2021 年以降従来発生していた *Pseudomonas tolaasii* による黒腐細菌病とは異なる病徴の罹病株を確認した．これらの病徴は *Erwinia* sp.による褐色腐敗病に類似しており，子実体が水浸状に褐変，腐敗していた．罹病部から常法で細菌を分離し，分離細菌の懸濁液（約 10^8cfu/ml）をエノキタケに滴下したところ，病原性に強弱は認められたが原病徴が再現された.分離細菌を西山（1996）の簡易同定 96（API20NE）等により，細菌学的性質を検討したところ,病原性が強く API-PI が 0444044 となる A 群と病原性が弱く API-PI が 5466741 となる B 群とに分かれた. また,分離細菌は A 群がツクリタケ(マッシュルーム), B 群がシイタケの子実体切片に対する病原性も認められた．両群の 16S rRNA 遺伝子を解析したところ，A 群は *Janthinobacterium agaricidamnosum* ，B 群は *Ewingera americana* とそれぞれ 99%以上の相同性が認められた．以上，本病の病原に *J. agaricidamnosum* と *Ew. americana* を追加することを提案する．

（[1]長野野花試・[2]東京農業大学）

26 ●中尾有那[1]・加藤新平[2]

5 菌株のタバコ野火病菌とベンサミアナタバコとの相互作用における細菌増殖の比較解析

Nakao, Y., and Katou, S.: Comparative analysis of bacterial growth on interactions between five strains of *Pseudomonas amygdali* pv. *tabaci* and *Nicotiana benthamiana*

タバコ野火病菌（*Pseudomonas amygdali* pv. *tabaci*, *Pta*）はタバコに対し野火病を引き起こすモデル病原細菌である．*Pta* の菌株が数多く単離されているが，ベンサミアナタバコ（*Nicotiana benthamiana*）に対する各菌株の病原力は不明である．本研究では日本で単離された *Pta* 6605, 6823，7372，7375 および 7380 とベンサミアナタバコの相互作用について解析した．培地上では，*Pta* 7375 を除く 4 菌株間で増殖に大きな差は見られなかった．ベンサミアナタバコの *Pta* 6605 および 6823 接種区画では，*Pta* 7372 の 100 倍，*Pta* 7380 の 10^5 倍を超える増殖が確認された．各菌株の接種区画では浸潤が確認され，*Pta* 6605，6823 および 7372 接種区画では他 2 菌株と比較して浸潤が早く誘導された．浸潤が確認された際，*Pta* 6823，7372 および 7380 接種区画ではサリチル酸の蓄積が確認されたが，*Pta* 6605 接種区画では確認されなかった．以上の結果から，*Pta* 6605 は強い病原力を持ち，接種区画に水浸漬を誘導する可能性が示唆された．

（[1]信大院総合理工・[2]信大学術院農）

27 ●上澤陽向[1]・太田航輔[1]・亀谷奈央[1]・中村みなみ[2]・齋藤和輝[2]・金山典生[2]・小松健[1]・有江力[1]

ビール製造用製麦過程における菌類の消長

Uesawa, H., Ohta, K., Kameya, N., Nakamura, M., Saitou, K., Kanayama, N., Komatsu, K., and Arie, T.: Fungal dynamics in malt for beer

ビールの主原料である麦芽は，主に二条オオムギ（*Hordeum vulgare*）の麦粒を発芽させて作られる．この製造過程を製麦と呼ぶ．一般的に製麦は，水で洗浄・吸水させる浸麦工程，発根・発芽させる発芽工程，発芽を止め，香りや色素を付与する焙燥工程からなる．発芽させるため滅菌工程がないため，麦粒には微生物が付随していると考えられた．本研究では，製麦における菌類の消長を調査するため，圃場の麦粒（群馬県産 cv. アスカゴールデン），乾燥後の麦粒，浸麦工程後の麦粒，発芽工程の麦粒から菌類の分離を試みた．その結果、浸麦工程後および発芽工程の麦粒から *Geotrichum* spp.や *Rhizopus* spp.が分離された．*Rhizopus* spp.は，酵素を生産し麦芽中の多糖やタンパク質を過剰に分解し品質に影響を与える場合があった．一方，浸麦工程で麦粒に *Geotrichum* spp.が十分に付着すると，それ以降の *Rhizopus* spp.が低減することが判明した。まとめると，製麦工程において，*Geotrichum* spp.が *Rhizopus* spp.などの繁殖をコントロールしていること，菌が多糖やタンパク質の分解に関与していることが示唆された．

（[1]農工大院農・[2]サントリーモルティング）

28 ●横井智希[1]・庄司和幸[2]・坂原優里[2]・牧文典[2]・小松健[1]・有江力[1]

バナナ萎凋病菌 *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* およびそのレースの LAMP 法による特異識別

Yokoi, S., Shoji, K., Sakahara, Y., Maki, F., Komatsu, K., and Arie, T.: Specific determination of the banana wilt pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* and its races by the LAMP

バナナ萎凋病（パナマ病）は *F. oxysporum* f. sp. *cubense*（*Foc*）による病害で，世界的にバナナ生産の脅威である．*Foc* には複数のレースが存在し，現在は主にレース 1，SR4（subtropical race 4），TR4（tropical race 4）が発生している．このうちレース TR4 はいわゆる「新パナマ病」の病原であり，病原性が強く，抵抗性バナナ品種が存在しないため，各国が侵入を警戒している．本研究では，バナナ萎凋病菌およびそのレースに特異的なアクセサリー染色体領域上の遺伝子をターゲットに特異プライマーセットを設計，Loop-mediated Isothermal Amplification（LAMP）法によるバナナ萎凋病菌およびそのレースの迅速特異識別技術の構築を試みた．バナナ萎凋病菌，レース 4，レース SR4，レース TR4 特異識別用プライマーセットをそれぞれ，*Ce15*，*SIX8a*，*SIX7*，*SIX6a* 上に設計した．菌体抽出 DNA，罹病植物組織抽出 DNA を鋳型として使用可能であった．これらのプライマーセットを用いた LAMP によって，ペルー・ティンゴマリア地域，日本・関東地方由来の分離株をそれぞれレース SR4、TR4 と識別した．

（[1]農工大院農・[2]ニッポンジーン）

29 ○前田陽佑[1,2]・秋野聖之[1]・近藤則夫[3]

アスパラガス立枯病を抑制する非病原性 *Fusarium oxysporum* のアスパラガスへの定着性について

Maeda, Y., Akino, S., and Kondo, N.: Characteristics of colonization on asparagus by nonpathogenic *Fusarium oxysporum* suppressing Fusarium crown and root rot of asparagus

アスパラガス立枯病に対する発病抑制効果を示す非病原性 *Fusarium oxysporum* SM007 および FAoc5 の 2 菌株それぞれをアスパラガス種子に接種し，その効果と定着性を確認した．1.0×10^6 bud-cell/ml の分生子懸濁液に一晩浸漬したアスパラガス種子（cv. メリーワシントン）を，立枯病菌厚壁胞子を接種して密度を 1.0×10^3 cfu/g soil にした病土に播種し， 1 か月後に生存率を比較した．接種対照区の生存率は 0%であったのに対し，SM007 および FAoc5 の両処理区でそれぞれ 18%，14%であった．また，滅菌培土で 2 週間栽培したアスパラガスの根圏土壌から両非病原性菌はどちらも 10^5 cfu/g soil と高密度で分離されたが，さらに滅菌培土および北海道大学圃場土に植物体を移植し 2 か月間栽培すると，どちらの菌株も，滅菌培土では菌密度が増加したのに対して，圃場土では菌密度に変化がなかった．根からの再分離頻度についても，滅菌培土と比較して圃場土で栽培した場合に低下した．

（[1]北大院農・[2]農研機構野花研・[3]北大総合博物館）

30 ○窪田昌春[1]・上野豪俊[1]・山中聡[2]・関口実里[2]

ボーベリアバシアーナ乳剤成分菌の製剤使用時の化学農薬感受性

Kubota, M., Ueno, T., Yamanaka, S and Sekiguchi, M..: Susceptibility of a biocontrol fungus *Beauveria bassiana* strain GHA in emulsion to chemical pesticides

うどんこ病と微小害虫を対象とする微生物農薬ボーベリアバシアーナ乳剤（ボタニガード ES，B 剤）の成分菌 GHA 株の分生子と混合して植物葉に接種した場合に GHA 株の生残を阻害した化学農薬について，B 剤と混用して GHA 株の植物上での生残率を調査した．B 剤を 1000 倍希釈して，12 殺虫剤と 25 殺菌剤の各使用濃度と混和した 10μL を，切り取ったキュウリ葉に滴下して 7 日間湿室で培養した．接種部の葉片を 0.05% Tween-20 中で振とうして得た菌液を選択培地に塗抹して生育した該当菌種のコロニー数を計測して，接種直後からの増減率の log 値平均を求め，増減率に再換算した．農薬無処理での増減率は 1.9 であった．殺菌剤の炭酸水素カリウム水溶剤，マンゼブ，キャプタンと TPN 水和剤で増減率が 0.1 未満となり，フルジオキソニル水和剤で 0.21 であった．分生子との混用で GHA 株の生残を阻害した他剤は，増減率 0.3 以上となり，強い阻害作用はないと考えられた．上記の 5 剤は，混用した場合に B 剤の効果を妨げる可能性がある．

（[1]農研機構植防研・[2]アリスタ）

本予稿集掲載の講演要旨は，座長，部会長などが検討の上，
日本植物病理学会報第 91 巻 1 号に掲載される予定です.

2024 年度
日本植物病理学会関東部会　プログラム・講演要旨予稿集
(2024 年 9 月 12 日発行)

編集　2024 年度日本植物病理学会関東部会事務局
〒183-8509 東京都府中市幸町 3-5-8
東京農工大学大学院農学研究院
植物病理学研究室
有江力・小松健

印刷　株式会社　春日
〒630-8126　奈良市三条栄町 9-18