

Poster Presentation

[PS02] ポスター発表(学生 B:コアタイム2)

Sat. Mar 30, 2024 12:30 PM - 1:30 PM Sakura (Student) (Sakura)

[PS02-106]ミヤコカブリダニのゲノム全塩基配列解読とピリダベン抵抗性因子の推定

○Naoki Takeda¹, Yuka Arai¹, Kosuke Kataoka², Kei Yura^{3,4}, Rika Shirafuji-Umemiya⁵, Nouredin Abuelfadl Ghazy⁶, Kotaro Mori⁶, Masahiro Osakabe⁷, Norihide Hinomoto⁷, Takeshi Suzuki¹ (1. BASE, TUAT, 2. CRO, Waseda Univ., 3. ASE, Waseda Univ., 4. GSHS, Ochanomizu Univ., 5. NRCPD, OUAVM, 6. Ishihara Sangyo Kaisha, 7. Fac. Agriculture, Kyoto Univ.)

殺虫剤抵抗性の発達リスクが高いハダニ類に対し、捕食性天敵であるカブリダニ類は生物的防除資材として半世紀以上利用されてきた。しかし、一般的にハダニ類と比較してカブリダニ類は殺虫剤に対する感受性が高く、カブリダニ類と殺虫剤との併用は困難である。そのため、殺虫剤抵抗性のカブリダニ類の作出は、ハダニ類のIPM体系を推進する上で重要である。本研究では、ピリダベン抵抗性が判明したミヤコカブリダニ（ミヤコ）のゲノム全塩基配列の決定し、抵抗性因子を推定した。ロングリードとショートリードのシーケンスデータを組み合わせたハイブリッドアセンブルを実施し、連続的かつ高精度なゲノムを取得した。ゲノムサイズは179.6 Mbと推定され、既報のカブリダニ2種のそれと同等であった。ピリダベンを含むミトコンドリア電子伝達系複合体 I 阻害剤（METI）の結合部位は、PSSTと49kDaサブユニット間に存在する。そこで、ミヤコの抵抗性と感受性系統において、これらの配列を比較した。その結果、抵抗性系統のPSSTではV94M、49kDaではM190VとF193Lにおいて、それぞれアミノ酸置換が生じていた。さらに、ミヤコの複合体 I の立体構造モデルを作製し、これら置換部位は立体構造上において近傍に位置していることも判明した。