

イチゴ萎黄病菌など分子マーカーによる *Fusarium oxysporum* の分化型・レースの診断法

岐阜大学生命科学総合研究支援センターゲノム研究分野 須賀晴久

はじめに

Fusarium oxysporum は世界中の土壌に生息し、100種以上の植物に萎凋、つる割れ、根腐れ等の病害を引き起こす重要な病原菌である。しかし、種という単位ではなく菌株という単位で見ると病気を起こす植物は基本的に1種ないし数種に限られている。つまり、個々の菌株には宿主植物種に対する特異性があり、例えばトマトの病原菌株は、トマト以外のイチゴなどに病気を起こすことはなく、逆にイチゴの病原菌株は、イチゴ以外のトマトなどに病気を起こすことはない。そこで、*F. oxysporum* は宿主植物種への特異性に基づいて、例えばトマトの病原菌は forma specialis (f. sp.) *lycopersici*, イチゴの病原菌は f. sp. *fragariae* のように種内が分化型 (f. sp.) に細分化されている。また分化型によってはさらに個々の菌株に植物品種への特異性が見られるものもあり、そのような分化型はさらにレースとして細分化されている。植物栽培現場では植物体や土壌等から *F. oxysporum* がよく分離されるが、病原菌の特定にあたっては特に注意を要する。というのも *F. oxysporum* は植物病原菌ばかりではなく、病気を起こさない、つまり非病原菌もあり、極端な場合、病斑部から分離されたものでも必ずしも病原菌とは限らないからである。非病原性 *F. oxysporum* は病害の発生の有無にかかわらず、栽培現場で頻繁に分離されるが、病原菌とは形態的な見分けがつかないため、病原菌と混同されやすい。分離された *F. oxysporum* が病原菌かどうかを判定するには、実際に分離菌を植物に接種して病気を起こさせてみなければならない。接種試験には設備、知識、技術が必要なうえ、植物を栽培するための期間、さらに接種して発病するまでの期間も必要で、通常はかなりの時間が必要となる。先に述べたように非病原性の *F. oxysporum* は植物栽培現場には普遍的に存在するため、*F. oxysporum* が分離された場合に病原菌か非病

原菌かにかかわらずすべて防除するというのでは、作業量やコストがかかり過ぎることになる。そこで *F. oxysporum* について、迅速簡易に病原菌 (分化型やレース) を診断するための方法が求められている。ここでは *F. oxysporum* において分化型・レース特異的な PCR 用プライマーの開発に利用されている inter-retrotransposon amplified polymorphism (IRAP)-PCR およびそれを利用したイチゴ萎黄病菌の簡易診断法の開発、これまでに開発された *F. oxysporum* の分化型・レース診断用分子マーカーを紹介する。

I IRAP-PCR とは

IRAP-PCR とは、ゲノム上のトランスポゾン関連配列間を PCR で増幅させる方法のことで、主に増幅 DNA の多型を検出する目的に利用されている。通常トランスポゾンそのものを PCR で増幅するのであれば、1ペア (2種類) のプライマーを内向きになるように用意する。これに対し IRAP-PCR では、あえて外向きのプライマーを使用して PCR を行う。外向きのプライマーで PCR を実施すると、理論上、プライマーはゲノム DNA にアニーリングして新しい DNA 鎖を合成するが、近傍に反対向きにアニーリングするもう 1 種類のプライマーがない限り、指数関数的な DNA の増幅が起こらない。ここで言う近傍とは PCR による増幅が可能なサイズ (距離) のことである。一般の Taq DNA ポリメラーゼの場合、PCR で増幅できる DNA は、数千 bp であり、特殊な Long PCR 用のポリメラーゼを利用する場合でも 10 Kbp 程度とされている。一般にゲノム上でこのような近距離にトランスポゾン関連配列が位置することは多くないため、外向きのプライマーを用いた PCR ではあまり DNA の増幅を期待できない。しかし、*F. oxysporum* の場合、これまでにゲノムから様々な種類のトランスポゾン関連配列が多数検出されており、ゲノム全体の 5% にも達するとされている。実際に *F. oxysporum* では IRAP-PCR により DNA が増幅し、その増幅パターンに種内多型も認められている。したがって、そのような増幅 DNA 中に分化型やレースに特異的なものが見つければ、それらを診断用の分子マーカーにすることができる。本来、分化型やレースの診断ではそれらを決定している遺伝子を

Diagnostic Methods of Forma Specialis Including f. sp. *fragariae* and Race of *Fusarium oxysporum* Based on Molecular Markers.
By Haruhisa SUGA

(キーワード: 同定, 宿主特異性, 分子診断, 土壌伝染性植物病原菌, 検出)

診断の標的にするのが理想ではあるが, *f. sp. lycopersici* を除いて *Foxysporum* ではそのような遺伝子がわかっておらず, また PCR でそのような遺伝子が検出されたとしても必ずしもその遺伝子が機能しているとは限らない。このようなことから, これまで開発された *Foxysporum* の分化型・レース診断用分子マーカーは IRAP-PCR を含めて RAPD など, 基本的には診断したい分化型・レースの菌株と, それ以外の菌株との間違いを見いだして分子マーカー化したものである。したがって, 分化型・レース診断用分子マーカーの開発においては, 比較株間でそのような違いを見いだせるかが成功のカギとなる。*Foxysporum* と別の菌種を識別するための分子マーカーに比べ, *Foxysporum* 内のある分化型と非病原性菌 (あるいは別の分化型), あるいは同一分化型内の異なるレースを識別できるような分子マーカーを開発するには, 遺伝的に近縁なゲノム上において識別したい株間に共通した違いを見いだすことが必要で, 開発がより難しくなる。IRAP-PCR はそのような状況下において違いを見いだすうえで大きな利点を有している。それは, *Foxysporum* から検出されているトランスポゾン関連配列は種類数が多いことから, 違いを見いだす際に試す外向きのプライマーの数を多くできるためである。例えばゲノム上で近距離に *Skippy* と呼ばれるトランスポゾンが隣り合っている場合, *Skippy* の外向きプライマーの PCR で *Skippy* 間のゲノム領域が増幅することになるが, 近距離であっても *Skippy* と, *Skippy* 以外のトランスポゾンが隣り合っている場合は DNA が増幅されないことになる。そこで例えば *Skippy* とそれとは別のトランスポゾンとして *Hornet1* が隣り合っている場合を想定して, *Skippy* の外向きのプライマーと *Hornet1* の外向きのプライマーでも PCR を実施してみる。さらにプライマーを変えて *Hornet1* 以外の様々なトランスポゾン関連配列についても同様に PCR を実施して DNA の増幅を試みる。隣接するトランスポゾン関連配列の方向についても, 両方とも同じ方向と逆方向の場合それぞれを想定することになるため, PCR で DNA の増幅を試みるプライマーの組合せはさらに増える。*Foxysporum* からは少なくとも 26 ファミリーに属する様々なトランスポゾン関連配列が検出されており, 試験できるプライマーの組合せも膨大になるため, 増幅 DNA の中から分化型・レースに特異的なものを探し出せる可能性が高まっている。それまでも *Foxysporum f. sp. albedinis* や *f. sp. chrisanthemi*, *f. sp. dianthi* のレース診断用の分子マーカーの開発にトランスポゾン関連配列が利用されてきたが (LIEVENS et al., 2008), 外向きのプライマーを使用する

IRAP-PCR は, *F. oxysporum f. sp. lactucae* レース 1 診断用分子マーカーの開発において初めて利用された (PASQUALI et al., 2007)。一方で, トランスポゾンのゲノム内転移の性質を考慮すれば, IRAP-PCR をもとに開発された分子マーカーは安定しない可能性も考えられるが, 転移の頻度はよくわかっておらず, 結局のところマーカーとして安定性は実際に使ってみなければわからない。また, トランスポゾンには移動タイプだけでなく, 増幅タイプもある。増幅タイプのトランスポゾンは, ゲノム内で増加はしても, 移動してなくなることはないため, そのような配列に設計されたプライマーはマーカーとしてより安定しているかもしれない。また, 移動タイプのトランスポゾンでも移動の際に特有の塩基配列を残すものや, 既に移動機能を失っているものもあり, そのような塩基配列に設計されたプライマーも安定しているかもしれない。以下には IRAP-PCR を利用してイチゴ萎黄病菌 *F. oxysporum f. sp. fragariae* 診断用分子マーカーを開発した際の例を挙げるが (SUGA et al., 2013), IRAP-PCR はこの分化型の分子マーカーの開発に限られた技術ではない。他の様々な *F. oxysporum* の分化型あるいはレースについても, 比較のための病原性, 分離地, 分離年, 分離源等の多様性が確保された菌株を多数用意できれば, IRAP-PCR で診断用分子マーカーを開発できる可能性がある。

II *F. oxysporum f. sp. fragariae* 診断用分子マーカーの開発

開発にあたってはまず, イチゴへの接種試験で病気を起こすことを確認した *F. oxysporum f. sp. fragariae* を 33 菌株 (複数地域, 複数年に分離された菌株), イチゴから分離されたもののイチゴへの接種試験で病気は起こさなかった *F. oxysporum* を 6 菌株 (複数地域, 複数年に分離されたもので, ここではこれらの菌株を非病原性 *F. oxysporum* とした) および *f. sp. fragariae* 以外の五つの分化型各 1 株づつを用意した。分離地の多様性確保の観点からは国内だけでなく外国分離菌株も使用するが理想であるが, 入手が困難だったためここでは国内分離株のみを使用した。最初は, *f. sp. fragariae* がどのようなトランスポゾン関連配列を持つのかを調べるため, 通常の, つまり内向きプライマーを用いた PCR により 7 種類のトランスポゾン関連配列の検出を試みた。その結果, 5 種類トランスポゾン関連配列が *f. sp. fragariae* 33 菌株すべてで検出された。同様に *f. sp. fragariae* 以外の五つの分化型の株でもほとんどの種類のトランスポゾン関連配列が検出されたが, 非病原性 *F. oxysporum* の株で

は検出されたトランスポゾン関連配列の種類数が少なかった。次に *f. sp. fragariae* 全株で検出された5種類のトランスポゾン関連配列の両端に外向きのプライマーを設計し、*f. sp. fragariae* の1菌株、*f. sp. fragariae* 以外の5つの分化型各1菌株、非病原性 *F. oxysporum* の1菌株を用いて IRAP-PCR を行った。理論上のプライマーの組合せは60通りあったが、23通り試験したところで *Han* と *Shippy* に設定した外向きプライマーで *f. sp. fragariae* の菌株のみに268 bpの増幅DNAが検出された。さらに残りの *f. sp. fragariae* 32菌株と非病原性 *F. oxysporum* 5菌株を用いて同様の IRAP-PCR を行ったところ、この268 bpのDNAの増幅が *f. sp. fragariae* に特異的であることが確認された。ただし、PCRの条件を整えても IRAP-PCR に使用していたプライマーペアでは268 bp以外のサイズの増幅DNAも認められていたため、増幅した268 bpのDNAの塩基配列を決定して内側に新たなプライマー FoFraF (設計当初の名前は HS430): 5'-CAGACTGGGGTGCTTAAAGTT-3' と FofraR (設計当初の名前は HS432): 5'-AACCGCTAGGGTTCGTAACAAA-3' を設計した。このプライマーペアを使用することで余分なDNAの増幅がなくなり、*F. oxysporum f. sp. fragariae* のみに239 bpのみのDNAが増幅するようになった。ただし、上記のようにこのプライマーペアは *F. oxysporum* 内の比較によって開発されたものであることから、厳密には診断対象の菌株が *F. oxysporum* に限られることになる。そこで、EDEL et al. (2000) により開発された *F. oxysporum* 特異的 PCR 用プライマー (PFO2: 5'-CCCAGGGTATTACACGGT-3' と PFO3: 5'-CGGGGATAAAGCGG-3' で70 bpが増幅する) とこのプライマーペアを合わせたマルチプレックス PCR にすることで、診断対象株が必ずしも *F. oxysporum* に限定されないようにした。図-1に示す条件でマルチプレックス PCR を実施し、70 bp と239 bpの両方のDNAが増幅した場合には *F. oxysporum f. sp. fragariae*、一方70 bpのみの増幅が見られた場合には非病原性 *F. oxysporum* およびいずれの増幅も見られなかった場合には *F. oxysporum* 以外の菌種と判定する。ただし、FoFraF と FofraR のプライマーペアによる PCR においては *F. fujikuroi* や *F. graminearum* からのDNA増幅は見られておらず (SUGA et al., 2013)、また、開発の経緯からして、このプライマーペアだけの PCR 診断に *F. oxysporum* 以外の *Fusarium* 属菌種の菌株が用いられた場合でも、判定用DNAと同様サイズのDNAが非特異的反応で増幅して誤った診断をしてしまうという危険性は低いと思われる。開発したマルチプレックス PCR の診断の正確性

マルチプレックス PCR 溶液		
5X GoTaq Buffer		2 μ l
2.5 mM dNTP		0.8 μ l
20 μ M FofraF プライマー		1 μ l
20 μ M FofraR プライマー		1 μ l
10 μ M PFO2 プライマー		1 μ l
10 μ M PFO3 プライマー		1 μ l
5U/ μ l GoTaq polymerase		0.5 μ l
Mag Extractor 抽出ゲノム DNA		2 μ l
H ₂ O		0.7 μ l
Total		10 μ l

温度変化

サーマルサイクラーにはバイオラッド iCycler を使用

94°C 2分

↓

30 サイクル

94°C 1分

63°C 1分

72°C 1分

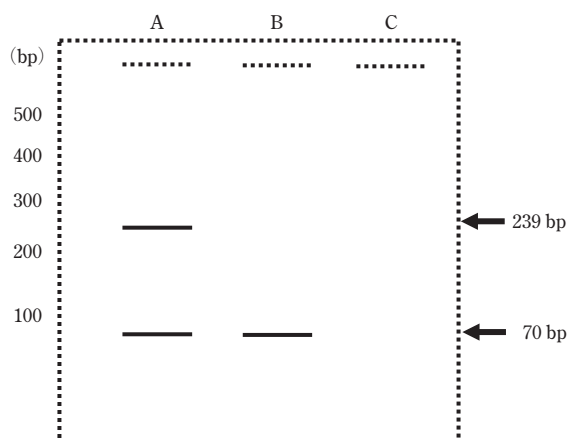


図-1 マルチプレックス PCR による *F. oxysporum f. sp. fragariae* の診断

FofraF, FofraR, PFO2, PFO3 プライマーによるマルチプレックス PCR の条件 (上) とマルチプレックス PCR の産物を2.5%アガロースゲル電気泳動に供試した際に見られる増幅DNAバンドのイラスト (下)。各レーンの上部点線は試料の電気泳動開始位置。FofraF と FofraR プライマーペアで239 bp, PFO2 と PFO3 プライマーペアで70 bpのDNAが増幅する。A: *F. oxysporum f. sp. fragariae*, B: 非病原性あるいは *f. sp. fragariae* 以外の分化型の *F. oxysporum*, C: *F. oxysporum* 以外の菌種。

については、新たにイチゴ栽培環境から分離した157株の *Fusarium* 菌株を用いて調べた。マルチプレックス

PCRでは、79菌株が *F. oxysporum* f. sp. *fragariae*, 58菌株が非病原性 *F. oxysporum*, 20菌株が *F. oxysporum* 以外の菌種と判定された。実際にそれらの株をそれぞれイチゴに接種したところ、マルチプレックスPCRで *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* と判定された79菌株中の73菌株が萎黄病を起こし、非病原性 *F. oxysporum* あるいは *F. oxysporum* 以外の菌種と判定された菌株はいずれも病気を起こさなかった。マルチプレックスPCRで *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* と判定されながらイチゴへの接種で病気を起こさなかった6菌株は再度の接種試験を行ってみたが、病気は起こさなかった。これらについては *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* でありながら培養中に病原性を失ったもの、あるいはマルチプレックスPCRの偽陽性で本来の非病原性の *F. oxysporum* を誤って f. sp. *fragariae* と判定したものと予想されるが、不一致の原因はわかっていない。

FoFraFとFoFraRのプライマーペアが分離菌株の診断だけではなく、土壌からの *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* の検出に利用できないかを調べるため、土壌に $10^2 \sim 10^5$ /g となるように *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* の分生胞子を添加し、そこからDNAを抽出してPCRを行ってみた。ここではDNAの抽出前にフザリウム選択培地 (FoG2 液体培地; NISHIMURA, 2007) を加えて4日間25°Cで前培養した場合についても調べてみたところ、前培養なしの場合は 10^3 /g 以上、前培養ありの場合は 10^2 /g 以上で診断用DNAの増幅が確認された。検出限界は土壌の種類や菌株の状態等にもよると予想されるが、本プライマーペアは土壌から直接 *F. oxysporum* f. sp. *fragariae* を検出することにも利用が可能で、前培養することでその感度が上がると考えられる。

III その他の分化型・レース診断用分子マーカー

F. oxysporum においては分化型を決定している遺伝子がほとんどわかっていない中、唯一 f. sp. *lycopersici* だけは分化型の決定にかかわる遺伝子が解明されている。*F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* ではトマトへの菌が感染時に木部で分泌される (*secreted in xylem*: *SIX*) タンパク質群が調べられ、①それらの遺伝子 (*SIX*) が第14染色体に座上していること (MA et al., 2010) (ただし、ここで全ゲノムシーケンスに用いられた4278菌株はレース2で、*SIX4* (*AVR1*) を欠いていた)、② *SIX1* (*AVR3*), *SIX3* (*AVR2*), *SIX4* (*AVR1*) がレースを決定する非病原力 (*avirulence*; *AVR*) 遺伝子であること (HOUTERMAN et al., 2008; 2009; REP et al., 2004)、③ *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* は分子系統的に複数の起源であってもすべて

の菌株が *SIX1*, *SIX2*, *SIX3*, *SIX5* を有し、逆に f. sp. *radicis-lycopersici* を含む他の分化型や非病原性 *F. oxysporum* にはそれらがいないことが明らかにされている (LIEVENS et al., 2009; van der DOES et al., 2008)。したがって、*SIX1*, あるいはさらに *SIX2*, *SIX3*, *SIX5* を増幅するPCRで f. sp. *lycopersici* の同定が可能である。さらに *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* では品種特異性 (抵抗性遺伝子) に基づいてレース1~3が知られているが、レース1のみが *SIX4* (*AVR1*) を有すること、および *SIX3* (*AVR2*) はレース2とレース3の株間で3種類の一塩基置換が存在することに基づいて、レース診断用のPCRプライマーが開発されている (LIEVENS et al., 2009)。筆者の知る限り *F. oxysporum* では f. sp. *lycopersici* 以外に分化型の決定にかかわる遺伝子が解明された例はなく、先に述べたようにこれまで *F. oxysporum* で報告されたきた分化型・レース診断用分子マーカーはいずれも目的の分化型あるいはレースとそれ以外の *F. oxysporum* などとの比較に基づいて開発されたものである。2010年以前に開発された *F. oxysporum* の分化型・レース診断用分子マーカーについては LIEVENS et al. (2008)、および SAIKIA and KADDOO (2010) にまとめられている。その後開発されたものあるいはそれらに記載されていないものとしては、ZHANG et al. (2005) のプライマーより特異性が高められた f. sp. *niveum* (LIN et al., 2010)、f. sp. *cubense* (LIN et al., 2009; DITA et al., 2010)、f. sp. *chrysanthemi* (LI et al., 2010)、f. sp. *melonis* レース2 (LUONGO et al., 2012)、f. sp. *ricini* (REDDY et al., 2012)、f. sp. *cepaie* のタマネギ分離株 (SASAKI et al., 2015) 診断用のPCRプライマーがある。さらに、f. sp. *lycopersici* については TaqMan probe を使用した定量PCR法も開発されている (INAMI et al., 2010)。

おわりに

IRAP-PCRに基づく分子マーカーは、トランスポゾン関連配列間を標的としていることから安定性について不安がないわけではないが、正確性や安定性の評価には様々な地域、場面で実際の利用例を蓄積させることが必要と思われる。一方、筆者らが f. sp. *fragariae* 診断用PCRプライマーを開発する過程で *F. oxysporum* から様々なトランスポゾン関連配列を検出してみた結果、分化型にかかわらず非病原菌より病原菌のほうで多くのトランスポゾン関連配列が検出される傾向が見られた (SUGA et al. 2013)。*F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* では *SIX* が座上する染色体にトランスポゾン関連配列が多いことが報告されており (MA et al., 2010)、*F. oxysporum* における

病原性とトランスポゾンには何らかの関係があることが予想されている。筆者らが *f. sp. fragariae* 診断用に開発したマーカー領域の塩基配列について相同性検索を試みたところ、今年 GenBank に登録された *f. sp. lycopersici* IPO1530/B1 株 (GenBank Accession No. KP213325.1) に 82% (166/203 bp) の相同性が見られ、その相同性領域は *SIX4* (*AVR1*) 遺伝子からわずかに 46 Kbp しか離れていないことが判明した。したがって、IRAP-PCR に基づいて開発した分子マーカーは病原菌の迅速診断としての価値のみならず、さらに *f. sp. lycopersici* 以外の *F. oxysporum* の宿主特異性決定機構を解明するための手掛かりになる可能性も秘めている。

謝辞 本文には、岐阜大学生命科学総合研究支援センター 須賀研究室学生諸氏および技術補佐員、岐阜大学応用生物科学部 清水研究室、岐阜大学流域圏科学研究センター 景山研究室、奈良県農業研究開発センター 平山喜彦氏、栃木県農業環境指導センター 森島正二氏、千葉県農林総合研究センター 鈴木 健氏、ほか多くの関係者の協力により得られた内容および、農林水産省新たな農林水産政策を推進する実用技術開発事業 (課題番

号 21023) 「イチゴ健全种苗生産のための病害検査プログラム構築」により得られた成果を含む。ここに記してお礼申し上げる。

引用文献

- 1) DITA, M.A. et al. (2010): Plant Pathol 59: 348 ~ 357.
- 2) EDEL, V. et al. (2000): Mycol Res 104: 518 ~ 526.
- 3) HOUTERMAN, P.M. et al. (2008): PLoS Pathog 4: e1000061.
- 4) ———— et al. (2009): Plant J 58: 970 ~ 978.
- 5) INAMI, K. et al. (2010): J Gen Plant Pathol 76: 116 ~ 121.
- 6) LI, Y. et al. (2010): Journal of Plant Pathology 92: 525 ~ 530.
- 7) LIEVENS, B. et al. (2008): Pest Manag Sci 64: 781 ~ 788.
- 8) ———— et al. (2009): FEMS Microbiol Lett 300: 201 ~ 215.
- 9) LIN, Y.H. et al. (2009): Eur J Plant Pathol 123: 353 ~ 365.
- 10) ———— et al. (2010): New Biotechnology 27: 409 ~ 418.
- 11) LUONGO, L. et al. (2012): Journal of Plant Pathology 94: 193 ~ 199.
- 12) MA, L.J. et al. (2010): Nature 464: 367 ~ 373.
- 13) NISHIMURA, N. (2007): J Gen Plant Pathol 73: 342 ~ 348.
- 14) PASQUALI, M. et al. (2007): Phytopathology 97: 987 ~ 996.
- 15) REP, M. et al. (2004): Mol Microbiol 53: 1373 ~ 1383.
- 16) REDDY, J.M. et al. (2012): Eur J Plant Pathol 134: 713 ~ 719.
- 17) SAIKIA, R. and N. KADOO (2010): Molecular Identification of Fungi, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg Germany, p.131 ~ 157.
- 18) SASAKI, K. et al. (2015): J Gen Plant Pathol 81: 232 ~ 236.
- 19) SUGA, H. et al. (2013): Plant Dis 97: 619 ~ 625.
- 20) van der DOES, H.C. et al. (2008): Environ Microbiol 10: 1475 ~ 1485.
- 21) ZHANG, Z. et al. (2005): FEMS Microbiol Lett 249: 39 ~ 47.

新しく登録された農薬 (27.11.1 ~ 11.30)

掲載は、**種類名**、登録番号：**商品名** (製造者又は輸入者) 登録年月日、有効成分：含有量、**対象作物**：対象病害虫：使用時期等。ただし、除草剤・植物成長調整剤については、**適用作物**、**適用雑草**等を記載。

「殺虫剤」

- グリセリン酢酸脂肪酸エステル乳剤
23731: ベミデタッチ (石原産業) 15/11/11
グリセリン酢酸脂肪酸エステル: 80.0%
トマト, ミニトマト: コナジラミ類: 収穫前日まで
- ポリグリセリン脂肪酸エステル乳剤
23741: フーモン (日本化薬) 15/11/25
ポリグリセリン脂肪酸エステル: 82.5%
野菜類: ハダニ類, アブラムシ類, コナジラミ類: 収穫前日まで
- エマメクチン安息香酸塩液剤
23743: リバイブ (シンジェンタ ジャパン) 15/11/25
エマメクチン安息香酸塩: 1.9%
さくら: ケムシ類: 発生前~発生期
- エマメクチン安息香酸塩・ルフェヌロン水和剤
23744: デニムフィット 45 顆粒水和剤 (シンジェンタ ジャパン) 15/11/25
エマメクチン安息香酸塩: 5.0%
ルフェヌロン: 40.0%
キャベツ: アオムシ: 収穫 7 日前まで

- シアントラニリプロール水和剤
23752: MIC ベネビア OD (三井化学アグロ) 15/11/25
シアントラニリプロール: 10.3%
キャベツ: コナガ, アオムシ, ヨトウムシ, ハスモンヨトウ, ハイマダラノメイガ, ウワバ類, オオタバコガ, アザミウマ類, アブラムシ類: 収穫前日まで
はくさい: コナガ, アオムシ, ヨトウムシ, ハスモンヨトウ, ハイマダラノメイガ, アブラムシ類: 収穫前日まで
だいこん: コナガ, アオムシ, ハイマダラノメイガ, アブラムシ類, ハモグリバエ類, キスジノミハムシ, ヨトウムシ: 収穫前日まで
ブロッコリー: アオムシ, ハスモンヨトウ, コナガ, アザミウマ類, アブラムシ類: 収穫前日まで
トマト: オオタバコガ, ハモグリバエ類, コナジラミ類, 収穫前日まで
きゅうり: アブラムシ類, コナジラミ類, ウリノメイガ: 収穫前日まで
レタス: オオタバコガ, ハスモンヨトウ, ヨトウムシ, ナモグリバエ, アブラムシ類: 収穫前日まで
ピーマン: オオタバコガ, アザミウマ類, アブラムシ類, コナジラミ類: 収穫前日まで

(73 ページに続く)