

日本研發趨勢-防疫檢疫

◆ 植物

1. 預防甜椒嵌紋病毒之生物農藥「弱毒性 L3-163 病毒株」：可用於預防甜椒、辣椒類之嵌紋病之弱毒性 L3-163 病毒株，係溴化甲烷全面禁用後可無損產量，使甜椒、辣椒類得以穩定生產之生物農藥。
2. 運用 DNA 標記育成抗細菌性萎凋病之康乃馨實用品種
3. 具可選育根瘤病高抗病性分子標記之「白菜中間母本農 9 號」及由該品種育成之「Akimeki」
4. 以複合費洛蒙訊息擾亂劑為基礎，減少蘋果 50%農藥使用之防治架構
5. 因應暖化，開發有效活用本土天敵的害蟲防除系統
6. 採用土壤微生物的基因分析技術，開發土壤重要病蟲害診斷技術，並進行抑制
7. 將苗嫁接於第 2,3 葉以上位置，以高位嫁接法為中心之番茄青枯病綜合防治技術
8. 全面搜尋番茄砧木品種 LS-89 之青枯病抗性相關基因：番茄砧木品種 LS-89 有 140 個以上與抗病性相關之基因於感染青枯病菌時於莖部表現。高表現量之葡聚醣酶 (glucanase)及木質素(lignin)合成等基因於其他抗病品種亦有表現。
9. 利用植物之忌避與誘引作用控制西方花薊馬的行為：將經茉莉酸甲酯(Methyl jasmonate)處理之忌避植物及感染番茄斑萎病毒(TSWV)之誘引植物在田間栽種位置予以妥善規劃，可抑制西方花薊馬(Frankliniella occidentalis)成蟲行動、子代若蟲數量以及危害之食痕數量。
10. 於番茄花芽分生組織之 2 種類病毒組織內分佈差異：在番茄的生殖器官，番茄褪綠矮化類病毒(TCDVd)的感染未達胚珠，但馬鈴薯紡錘塊莖類病毒(PSTVd)隻感染卻會深入胚珠內部。在感染 PSTVd 番茄發生頻繁的經種傳播，係因感染深入胚珠內部之類病毒所引起。
11. 完全不使用已遭禁用的溴化甲烷土壤燻蒸劑之因地制宜型新栽培準則手冊：現依因地制宜型的栽培準則手冊實施栽培，均可達使用溴化甲烷之慣行栽培產量九成以上。
12. 以定植無菌種苗配合果園及區域共同防治抑制黃龍病發生：於柑桔黃龍病好發地區，定植無菌種苗後對於媒介昆蟲柑桔木蝨持續進行區域共同防治以及果園內慣行防治法，該病發生率於扁實檸檬(Citrus depressa,台灣香檬)定植 5 年後仍維持低水平。
13. 依據 Stvb 基因座之水稻縞葉枯病抗病性辨識分子標記：藉由印度型水稻品種 Modan 來源之水稻縞葉枯病抗性基因 Stvb-i 之序列比較而研發之 DNA 分子標記 ST71，可不受抗性遺傳資源來源限制，依據 Stvb 基因座(Stvb, Stvb-i 及其他抗病性對偶基因)判別是否具有縞葉枯病抗病性。
14. 造成斑點米的椿象－紅條盲椿(Stenotus rubrovittatus)之長效性合成費洛蒙之研發：以紅條盲椿之費洛蒙成分化合物填充於聚乙烯管的劑型，約可在 1 個月內持續對紅條

盲椿的雄成蟲發揮合成費洛蒙之誘引效果。

15. 對 QoI 殺菌劑具抗藥性之茶輪斑病菌之基因診斷法：茶輪斑病菌之 QoI 殺菌劑抗性菌株，有因不同基因突變形成之高抗藥性菌與中抗藥性菌兩種。應用 Multiplex PCR-RFLP 方法進行分析，可以辨別這些抗藥性菌株。
16. 果樹害蟲—桃蛀野螟蛾交尾需要雄蟲發出之超音波：危害桃樹、栗樹且難以防治之桃蛀野螟蛾，交尾時雄蟲會發出超音波脈衝。雌蟲接受交尾的姿勢是受雄蟲發出之超音波誘發反應，如果無法接收雄蟲發音則無法交尾。
17. 瞭解昆蟲脫皮調控之複雜機制—將有助於研發阻礙害蟲發育之新農藥
18. 揭開真菌躲避植物免疫系統之「匿蹤作戰」—可望有助研發病原真菌新防治方法
19. 發現植物新免疫機制—植物對抗細菌感染之戰略
20. 研發可以低成本高效率大量生產甘藷蟻象不孕性雄蟲之人工飼料。

◆ 動物

1. 研發豬隻口服疫苗接種技術—可達一次接種預防多種傳染病目標
2. 研發可同時預防豬丹毒及黴漿菌肺炎之口服疫苗技術
3. 優良疫苗技術開發：去除病原性遺傳基因去(弱)毒化的細菌為基礎，加入不同病原體的疫苗分子作為組合，多種疾病的疫苗及安全向量疫苗開發技術。
4. 口蹄疫的早期發現檢測技術，防止擴散技術之開發
5. 研發家畜重要疾病及人畜共通傳染病之防治技術
6. 運用 PCR 及基因分析法進行雞腺病毒之鑑定與分類，以及於雞包含體肝炎病例上之應用：研發完成可檢出自鳥類分離之所有腺病毒並分辨其型別之 PCR 方法，利用本方法分析先前發生之雞包含體肝炎(inclusion body hepatitis)病例所分離得到的病毒株，可推測 2010 年所發生之病例亦來自同一感染途徑。
7. 運用複合式 PCR(multiplex PCR)之沙門氏菌主要血清型鑑定法：利用可同時檢出 3 種血清型之特徵基因與沙門氏菌特有之 *invA* 基因之複合式 PCR，可準確判斷樣本菌株是否為家畜衛生與公共衛生上具重要性之 7 種沙門氏菌血清型。
8. 豬 B 型輪狀病毒之非結構性蛋白質 NSP2, NSP5 具有基因多樣性：與豬 B 型輪狀病毒之複製相關之 NSP2 及 NSP5 基因，於不同病毒株間具基因多樣性，至少可分為 3 型。該等基因可區分出不同基因型者僅有來自豬之病毒株
9. 豬 B 型輪狀病毒之 NSP1 具有基因多樣性：豬 B 型輪狀病毒與寄主免疫調控相關之 NSP1 具有基因多樣性，至少可以分成 3 個不同的基因型。
10. 建立雞球蟲病 *Eimeria tenella* 症狀發生之發育期鑑定及分離方法：由 *E. tenella* 所引起之雞球蟲病，因第二代無性生殖其蟲體侵入寄主盲腸黏膜固有層且大型化，於感染的第四天產生血便症狀。此一發育期之蟲體，可利用雷射顯微解剖分離蟲體。
11. 感染口蹄疫病毒動物與接種疫苗動物之抗體識別套組評估：感染口蹄疫病毒動物與接種疫苗動物之抗體識別套組，與液相阻斷 ELISA 對於健康動物及接種疫苗動物皆具有高專一性。相對來說，對於野外感染病毒動物的靈敏度較液相阻斷 ELISA 法明顯較低。

-
12. 利用仙台病毒載體於豬體內誘發對流感病毒共通抗原之抗體反應：將殖入 M2 基因之轉殖仙台病毒載體對豬進行肌肉注射，可誘發對豬、禽、人流感病毒共通之 M2 抗原之抗體反應。
 13. 豬體內豬流感與大流行流感病毒(Pandemic influenza virus)發生基因重組：2009 年出現人類流感大流行病毒株以後，該病毒也在全世界造成豬的感染。分析於日本及泰國分離之豬流感病毒發現，大流行病毒亦於該等國家感染豬，並與既存之病毒產生基因重組。
 14. 2009 年 H1N1 大流行流感病毒與既存之豬流感病毒之快速鑑定：以新設計之 Real-time PCR 法可分別快速鑑定可能自豬體內分離出之 2009 年 H1N1 大流行流感病毒、古典型豬 H1、歐洲類禽豬 H1、人 H1 及 H3 以及禽流感 H9 亞型等流感病毒 HA 基因。

◆ 水產

1. 運用總基因體(Meta-genome)定序以瞭解微生物象與研發環境評估技術：以構築利用結合物理化學環境、成因浮游生物密度以及海洋微生物象等 3 種資料之環境評估基準，研發以漁業損失發生風險為目標之漁場環境評估技術。

依據微生物相研發漁業損失之發生預報及抑制技術：為研發及應用赤潮、貝毒、魚病等現象之早期預報技術，及為監控赤潮等現象產生區域之指標微生物群，開發應用 DNA 晶片等簡易監控技術，並透過於實際發生海域之應用測試，以進一步提升預報之準確性。針對赤潮亦正研發可運用微生物抑制其發生之基礎技術。

資料出處：

日本農林水產技術會議 <http://www.s.affrc.go.jp/>

NARO 獨立行政法人 農業・食品產業技術總合研究機構 <http://www.naro.affrc.go.jp/>