

講演番号：4D04-03

質疑応答日時、会場：3月18日 10:30～ ミーティングルーム D

実験室内および野外ダイズにおける根圏細菌叢の時空間変動解析

Analysis of soil microbial spatiotemporal variation in laboratory and field soybean

○木伏 真子<sup>1,2</sup>、西川 洋平<sup>2,3</sup>、細川 正人<sup>1,2,3,4</sup>、井手 圭吾<sup>1,2</sup>、小川 雅人<sup>3</sup>、穴井 豊昭<sup>5</sup>、竹山 春子<sup>1,2,3,4</sup> (1早大院・先進理工、<sup>2</sup>産総研・早大 CBBB-OIL、<sup>3</sup>早大・ナノライフ創新研、<sup>4</sup>早大・生命動態研、<sup>5</sup>九大院・農)

○Masako KIFUSHI<sup>1,2</sup>, Yohei NISHIKAWA<sup>2,3</sup>, Masahito HOSOKAWA<sup>1,2,3,4</sup>, Keigo IDE<sup>1,2</sup>, Masato KOGAWA<sup>3</sup>, Toyoaki ANAI<sup>5</sup>, Haruko TAKEYAMA<sup>1,2,3,4</sup> (1Grad. Sch. Adv. Sci. Eng., Waseda Univ., <sup>2</sup>CBBB-OIL, AIST-Waseda Univ., <sup>3</sup>Res. Org. Nano Life Innov., <sup>4</sup>Waseda Res. Inst. Sci. Eng., Waseda Univ., <sup>5</sup>Fac. Agric., Kyushu Univ.)

植物根から分泌される成分の影響を強く受ける根圏領域には、周辺の土壌とは異なる細菌が定着し、植物体との相互作用が活発に行われている。近年、メタゲノム解析によって配列ビッグデータが蓄積され、難培養細菌を含む多様な環境細菌の概括的な機能が推定されている一方、個々の細菌の詳細な機能については依然として未解明なものが多い。そこで我々は、土壌の作物生産力の向上につながる植物-細菌相互作用の解明を目標に掲げ、16S rRNA 遺伝子解析を用いた細菌叢解析に加え、細菌ゲノムの特徴を個々に評価するシングルセルゲノム解析を用いることで、標的作物であるダイズの成長に伴った根圏細菌の時空間的な変動評価を試みている。現在、ポット栽培のダイズおよび、7種類の異なる作物の前作履歴を持つ圃場で栽培したダイズを対象として、植物体の成長段階ごとの土壌・植物体の解析を進めている。600個以上のサンプルにわたって細菌叢の比較を行い、ダイズの成長段階ごとに特異的な細菌を特定した。さらに、ポット栽培のダイズから5376個のシングルセルドラフトゲノムを取得し、16S rRNA 遺伝子解析では同一種に分類される根粒菌の、株レベルでの配列多様性を検出した。細菌叢全体の変動解析と細菌シングルセルゲノムの詳細な機能解析を組み合わせることで、有用な根圏細菌の網羅的探索が可能になると期待される。

本研究は、内閣府ムーンショット型農林水産研究開発事業（管理法人：生研支援センター）によって実施された。

While the general functions of environmental microbiome have been estimated by metagenomic big data, the detailed functions of individual bacteria remain largely unexplored. In this study, we evaluated the spatiotemporal rhizosphere microbial variation throughout the soybean growth using single-cell genome analysis and 16S rRNA gene analysis. Soybean plants were sampled from pots, and fields with previous cropping histories of seven different crops. In 16S rRNA gene analysis, more than 600 samples were collected, and growth-stage specific rhizosphere bacteria were identified. In single-cell genome analysis, 5376 single-cell amplified genomes were obtained from pot-grown soybean plant. From rhizobium single-cell genomes, sequence diversity was revealed at strain-level resolution, which would not be able to be distinguished by 16S rRNA gene analysis. The combination of the entire microbial dynamics analysis and the individual genome function analysis will enable a comprehensive search for the useful rhizosphere bacteria.

single-cell genome analysis, soybean, rhizosphere

発表責任者：竹山春子 (haruko-takeyama@waseda.jp)