

06-105

E

T-RFLP インフォマティクスによる畑地土壌細菌群集構造の解析

○石井 真英¹、西澤 智康¹、小松崎 将一¹、金子 信博²、太田 寛行¹¹茨城大農、²横国大院環境情報

本研究では、畑地における土壌管理条件が土壌細菌群集構造に及ぼす影響を T-RFLP 解析および各種、バイオインフォマティクスの手法を用いて検討した。供試土壌は、2004 年と 2007 年のオカボ輪作体系試験圃場(茨城大学農学部附属フィールドサイエンス教育研究センター)土壌の表層 0-5 cm から採取した。土壌管理は、耕起方法(不耕起 NT、ロータリー耕起 RT)と冬期のカバークロップ栽培(ヘアリーベッチ H、ライムギ R、裸地 F)を組み合わせ条件で行った。土壌 DNA は ISOIL(ビーズ法)で抽出し、16S rRNA 遺伝子を PCR 増幅した。PCR サイクル数は、リアルタイム定量 PCR によってバイアスのかからない回数を設定した。PCR 産物の T-RFLP 解析では、3 種の制限酵素、*Hae* III、*Hha* I、*Msp* I を用いた。また、同じ PCR 産物について、通常法でクローンライブラリーを作製し、クローンインサートの塩基配列を解析した。2004 年および 2007 年の 4 種の管理条件(RT+F、NT+F、NT+H、NT+R)の土壌から調製した 16S rRNA 遺伝子の末端制限断片(T-RF)プロファイルを相互比較した結果では、T-RF 群の構成(ピーク位置)に大きな違いが見られなかった。よって、検討した土壌管理条件は、細菌種の存在比率に影響を与えるが、基本的な細菌群集構造には影響を与えないことが示唆された。また、全てのクローン塩基配列の T-RF サイズを推定して、T-RFLP 解析の結果と照合したところ、明らかな相関関係がみられた。

a25004a@acs.ibaraki.ac.jp

06-106

B

遺伝子タイピング手法によるそうか病原菌種の地理的分布の解析

○田川 雅弘¹、玉木 秀幸¹、眞鍋 佳世²、吉田 穂積³、馬目 章²、小山 修²、鎌形 洋一⁴¹産総研生物機能工学、²(株)日鉄環境エンジニアリング、³東農大生物産業、⁴産総研ゲノム

【目的】そうか病はジャガイモをはじめ根菜類全般に重篤な被害をもたらす難防除性の植物病害である。その病原菌種として *Streptomyces* 属に属する複数細菌種が知られているが、我が国においては *S. scabiei*、*S. acidiscabiei*、*S. turgidiscabiei* のみが原因菌種として報告されている。そこで、本研究では上記病原菌種の日本国内における地理的分布の解析を行った。

【方法/結果/考察】日本国内の主要ジャガイモ生産地の 90 以上の圃場からジャガイモを収集し、250 以上の病斑部試料を収集した。近年我々が開発した遺伝子タイピング手法(田川ら、*Biosci. Biotechnol. Biochem.*, in press)を用いて、病斑部に存在する各病原菌種を特定し、そうか病原菌種の地理的分布を調査した。その結果、日本国内で最も高頻度に検出されたそうか病原菌種は *S. turgidiscabiei* であり、約 7 割が同病原菌種であった。また、北海道地域では *S. turgidiscabiei* が 8 割以上を占めていたが、九州地域では *S. turgidiscabiei* が 5 割、*S. scabiei* が 4 割程度であり、地域による主要病原菌種の差異が確認された。*S. acidiscabiei* はどの地域においても検出されたが、その割合は少なく、且つ他の病原菌種に付随して同一病斑部から検出されるケースが多く見られた。本研究により、日本国内の主要産地において優占する原因菌種に違いが見られるなど興味深い知見が得られており、今後、そうか病の発病メカニズムの解明ならびに防除の一助になることが期待される。

m-tagawa@aist.go.jp