

P22-2

水田におけるバルクおよび根圏土壌細菌群集の構造とその周年変動

○角田 洋子¹、白鳥 豊²、伊藤 英臣³、堀 知行⁴、西澤 智康⁵、磯部 一夫¹、大塚 重人¹、妹尾 啓史¹¹東大院・農学生命、²新潟農総研、³産総研・生物プロセス、⁴産総研・環境管理、⁵茨城大・農

水田は水管理と作物の影響から土壌環境が劇的に変化する。耕作期は湛水によりバルク土壌で嫌気的な環境が形成されるが、根圏土壌は根からの酸素供給によりバルク土壌に比べ好気的な環境が維持される。また、休閑期は落水されて全体的に好気的な土壌環境が保持される。しかし、このような土壌環境の変動下における、バルク及び根圏土壌の微生物群集の応答は十分に分かっていない。そこで本研究では水田のバルク及び根圏土壌細菌群集の構造とその周年変動を調査した。新潟県農業総合研究所内の水田より、耕作期から休閑期にかけてバルク土壌を経時的に採取した(計8回)。また、イネ(*Oryza sativa* L.)を植えた不織布ポットを同圃場に埋め込み、そこから根圏土壌を経時的に採取した(計6回)。土壌からDNAを抽出し、細菌の16S rRNA遺伝子のV4領域をPCR増幅し、Miseqシーケンサーにてディープシーケンシングした。

シーケンスデータの主座標分析から、バルク土壌の細菌群集構造は年間を通してほとんど変化しなかったが、根圏土壌では経時的に変動する傾向が見られた。両土壌で年間を通じて*Proteobacteria* (36-45%) が最も優占していた。次いで、バルク土壌では周年で*Chloroflexi*、*Acidobacteria*の順で優占度が高かった。一方、根圏土壌では中干し以降で*Acidobacteria*の相対存在量が減少し、*Chloroflexi*が増加する傾向が見られた。以上より、バルク土壌よりも根圏土壌の細菌群集構造の方が経時的に変動しやすく、バルク土壌と異なる根圏土壌特有の細菌群集構造が形成されることが示唆された。

P22-3

Verrucomicrobia門に属する新規土壌細菌のドラフトゲノム解析、および糖代謝機能の推定ー難培養細菌の土壌生態系機能の解明を目指してー

○二関 倫太郎¹、大塚 重人¹、伊藤 英臣²、磯部 一夫¹、大島 健志朗³、服部 正平³、白鳥 豊⁴、妹尾 啓史¹¹東大院・農学生命、²産総研・生物プロセス、³東大院・新領域、⁴新潟農総研・基盤研究

Verrucomicrobia門細菌は、近年の培養非依存的な解析から、土壌圏に普遍的に分布しており、土壌中の存在量は従来の予想よりもはるかに大きいことが示唆されている。しかし、他の門の細菌群に比べ単離例が未だ少なく、その生態や機能は未解明の点が多く、利用できるゲノム情報も非常に限られている。我々は、独自の培地を用いたスクリーニング法により、水田土壌からVerrucomicrobia門細菌の単離に成功してきた。本研究では、そのうち3株の新規なVerrucomicrobia門細菌のドラフトゲノムを解読し、機能の推定を試みた。3株、すなわちCG2-4株、CG2-6株、CG3-38株のドラフトゲノムは、それぞれ、295、692、722のコンティグを含み、それらの合計塩基配列長は3.8、2.9、7.2 Mbp、GC含量は66.55%、65.04%、60.88%であり、45、35、67個のtRNA遺伝子、および1個ずつのrRNA遺伝子オペロンを有していた。また、3511、3067、6477個のCDsが得られたが、このうち糖類の代謝に関わる酵素群の遺伝子プロファイルを調べたところ、3株共にゲノム上に極めて多様な糖類加水分解酵素の遺伝子がコードされていることが明らかとなった。なお、培養実験より単離株はゲランガムを始め様々な多糖類を資化できることも判明している。以上より、供試した新規Verrucomicrobia門細菌は様々な多糖類を分解・利用できる優れた糖代謝ポテンシャルを有することが示唆された。