

## 植物共生微生物のエコゲノミクスによる物質循環能の解明

(東北大学 大学院生命科学研究所 南澤 究)

気候変動など食料生産を困難にする要因の増加が懸念されている。今までブラックボックスであった微生物を軸にし、農耕地生態系を物質循環システムとして捉え直すことが重要である。窒素条件を変化させた水田に栽培したイネに生息している細菌群集のオーミック解析を行った。その結果、低窒素区のイネ根でイネ共生遺伝子に依存したメタン酸化窒素固定の能力が高いことが分かった。これは、メタンの豊富な水田環境でイネと微生物が本来持っている優れた能力と考えられた。マメ科植物の根には根粒が発達するが、その根粒器官には寿命があり土壌生物の格好の餌となり、その過程で根圏からは温室効果ガス $N_2O$ が発生する。アンモニア化・硝化・脱窒という土壌生物による物質循環システムが動いた結果である。しかし、 $N_2O$ 還元酵素活性の高い根粒菌を接種するとダイズ根圏からの $N_2O$ 発生を削減可能であった。また、メタゲノム解析により植物共生微生物の生態やゲノム進化の解明が可能となる。*Methylobacterium*属細菌の特異なC1化合物代謝、*Aureimonas*属細菌の新規ゲノム構造、圃場栽培ダイズ根粒のマッピング解析、根粒菌ゲノムの実験室進化など最近の研究も紹介したい。

## 植物細菌は、どのようにして植物に感染し、植物に病気を引き起こすのか

### — 導管病 青枯病を例として —

(高知大学 総合科学系生命環境医学部門 曳地康史)

土壌に生息する青枯病菌 (*Ralstonia solanacearum*) は、宿主植物の導管内で増殖し、菌体外多糖を産生する。その結果、導管の通水は阻害され、感染植物は萎凋症状を呈すると考えられてきた。しかし、菌体外多糖産生能喪失株が病原性を保持したことから、菌体外多糖の病原性への関与については不明のままである。そこで、青枯病菌の感染過程を丹念に解析した。根の傷口から、細胞間隙に侵入した青枯病菌は、宿主植物細胞上に固着し、III型分泌装置を構築する。そして、III型分泌系を介してエフェクターを植物細胞内に分泌して、植物の自然免疫誘導を回避する。その結果、青枯病菌は植物細胞表面上で増殖し、クオラムセンシングを起動させ、バイオフィルムを形成する。このバイオフィルム形成が、青枯病菌の病原性に不可欠であり、バイオフィルムから離脱した青枯病菌遊離細胞が導管へ侵入すると考えられた。今回、このバイオフィルム形成に関わる青枯病菌細胞内/細胞間のシグナル伝達系とともに、それらの病原性への関与について焦点をあてる。

## 腸内環境の制御による新たな疾患予防・治療戦略

(慶應義塾大学 先端生命科学研究所 福田真嗣)

地球環境上のあらゆる場所には微生物生態系が存在しているが、とりわけ腸管内には数百種類以上でおよそ 100 兆個にもおよぶ腸内細菌群（腸内細菌叢）が高密度に生息している。これら腸内細菌叢は細菌同士あるいは宿主の腸管細胞群と相互作用することで、複雑で洗練された腸内生態系、すなわち「腸内エコシステム」を形成しており、われわれの健康維持や疾患発症に深く関わっている。これまでにわれわれは、腸内細菌叢の遺伝子地図と代謝動態に着目したメタボロゲノミクスを基盤とする統合オミクス解析技術を適用し、腸内細菌叢から産生される代謝物質が、宿主恒常性維持に重要であることを明らかにした。本発表では、複合微生物叢調和システムである腸内エコシステムから学び、その法則や概念を適用することで、腸内エコシステムの人為的修飾による新たな健康維持や疾患予防・治療基盤技術の創出について議論したい。

## 最も複雑な土壌の微生物集団と恒常性の維持

(京都大学 医学研究科 丸山史人)

土壌微生物群集は難分解性化合物の生分解に大きな可能性を持つ。しかし、どの微生物種、遺伝子、およびそれらがどのように汚染土壌中の生分解に貢献しているのかはほぼ不明なのが現状である。この基本的な問に答えるべく、閉鎖型土壌マイクロコズムを作製、フェナントレンを含む 4 つの芳香族化合物で汚染し、経時的な微生物群集のメタゲノム解析を実施した。その結果、汚染に応じた急激な微生物群集構造の変化や汚染物質の分解のための遺伝子セットの変化が生じていた。また、フェナントレンの完全分解がマイコバクテリウム属と最も増殖したバークホルデリア属の共代謝によって起きていることが示された。汚染物質が 12 週後に消失し、その後の 24 週後、群集構造は汚染前と同様の構造に戻っていた。これは、バクテリオファージの「kill the winner」現象（バークホルデリア属細菌のファージ捕食）の関与を示していた。汚染による攪乱が、種多様性の減少をもたらすと同時に機能多様性の増加を示したことは、土壌細菌群集において化学物質による攪乱に対する機能的な冗長性と頑強性の存在を意味すると考えられる。

## 水田土壌の窒素循環に寄与する新規微生物群の発見

(産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門 伊藤英臣)

湛水下の水田土壌では、表層が水層に覆われることによって大気中の酸素が供給されにくくなり、酸素濃度が著しく低い嫌気的な環境が形成される。この嫌気的環境下では、窒素循環に関わる還元反応（窒素生成型硝酸還元（脱窒）、アンモニア生成型硝酸還元、

窒素固定)が進行し、このことが畑土壌では見られない『窒素肥沃度の自立的維持』『硝酸の低溶脱』といった水田土壌の環境保全性の基柱と考えられている。水田土壌におけるこれら重要な還元反応を駆動する微生物群を明らかにするために、これまでに培養法や PCR ベースの非培養依存法により研究が進められてきた。しかし、反応ごとに単発的に研究されてきたため、また PCR プライマーのミスマッチといった解析技術のバイアスのため、包括的な理解は未だ達成されていない。そこで本研究では、環境 DNA および RNA をまるごと解読するメタゲノム・メタトランスクリプトーム解析によって、水田土壌の窒素循環を支える微生物群の全貌解明を試みた。

### 動的素子から成るネットワークの頑強性と回復力

(東京大学 情報理工学研究所 森野佳生)

あるシステムがその構成要素の相互作用によってシステムの機能を維持しているような場合、構成要素の一部がその機能を減衰・喪失した場合にシステム全体の機能が維持されるのかという問題(システムの頑強性)は非常に重要である。例えば、生態系を一つのシステムとみなした場合には、この問題は生態系を構成する微生物などが欠けたときに生態系は維持されるのかという問題と捉えられる。我々はこのような問題に対して数理的解析によって取り組んできた。具体的には振動子という時間とともに状態が変わる動的素子(構成要素)を結合した振動子ネットワーク(システム)を対象として、振動子の一部が自発的な振動性を失った場合にネットワーク全体の振動はどれだけ維持されるか(頑強性)を様々なネットワーク構造に対して解析してきた。また、一度ネットワーク全体の振動が失われた場合にどのようにすれば効率的に振動が回復できるのか(回復力)についても解析してきた。本講演ではこれらの一連の研究について紹介する。

### 昆虫にみられる共生微生物

(産業技術総合研究所生物プロセス研究部門 菊池義智)

微生物との内部共生は「新規代謝系をまるごと体内に取り込む現象」として捉えることができ、植物・動物を問わず生物の進化において極めて重要な役割を果たしてきた。昆虫は陸上で最も多様化した生物群の一つだが、その半数以上が体内に共生微生物を持つことが知られている。共生微生物の機能としては餌の分解や不足栄養素の補償などが知られ、最近の研究では高温耐性、寄生蜂耐性、病原菌耐性など、さまざまな適応形質において共生微生物が決定的な役割を果たす事例も報告されている。本講演では、宿主昆虫に農薬抵抗性を賦与する共生微生物に焦点を当て、その生態と進化、そして環境微生物との関わりについて紹介する。