

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		日本の農耕地土壌のメタゲノム解析による微生物群集の多様性評価と化学性との関係解析			
研究テーマ (欧文) AZ		Evaluation of microbial biodiversity of agricultural soils in Japan by meta-genome analysis and its relation with the soil chemical properties			
研究氏 代表名 者	カタカナ CC	姓)ヤナイ	名)ジュンタ	研究期間 B	2015 ~ 2017 年
	漢字 CB	矢内	純太	報告年度 YR	2017 年
	ローマ字 CZ	Yanai	Junta	研究機関名	京都府立大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		京都府立大学・大学院 生命環境科学研究科 教授			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>土壌微生物は、土壌中の多くの代謝反応や物質循環に関与し、植物生産にも重要な役割を果たしている。そのため、土壌微生物群集の多様性を評価することは土壌の機能性評価としても有用性が高い。そこで本研究では、1. 日本全国の農耕地土壌における土壌微生物群集の多様性のメタゲノム解析による評価、2. 得られる微生物群集多様性と土壌の化学特性値との関係解析、3. 持続的な農業生産や食料安全保障へ向けた土壌微生物群集の保護のための具体的な管理法の提言、を目的とした。</p> <p>本研究では、日本全国の農耕地表層土 180 点を供試した。土壌試料からの微生物群集 DNA の抽出と、16SrRNA(細菌)及び rDNA ITS(糸状菌)遺伝子を PCR による増幅、次世代シーケンサーによるイルミナ分析と DNA 情報の分類法に基づく分析を行い、微生物群集構造やその多様性を明らかにした。また、土壌の一般理化学性および土壌全養分量や可給態養分量を定量評価した。</p> <p>細菌については、ほとんどの試料には、Betaproteobacteria、Chloroflexi、Deltaproteobacteria および Firmicutes 門が含まれた。しかし、細菌の割合、多様性、および構成は土地群と地域により様々であった。一方、糸状菌については、全ての試料には、Eurotiomycetes、Sordariomycetes、Agaricomycetes 及び Dothideomycetes 綱が含まれた。また、特に土壌のリンに関する特性値と一部微生物相との間に高い正の相関が認められた。細菌および糸状菌の両方から推定された微生物の多様性は、概して南西日本の方が北日本よりも高かった。以上の結果、多くの土壌微生物が DNA 分析によって検出されたことから、長期間保管された土壌も微生物多様性評価に利用可能であることが示された。また、土地の利用(管理)法や場所(位置)とともに、土壌の種類が日本の農耕地土壌における微生物群集の分布と多様性に影響を与える可能性があり、これら情報は持続的な農業生産の確立のために利用できる」と結論された。</p>					
キーワード FA	土壌微生物	多様性	メタゲノム解析	土壌化学性	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要 EZ

The microbial community in agricultural soils of Japan was accessed with 180 soil samples collected in 1997–1999 from the whole country (from Hokkaido to Okinawa prefecture), including paddy and upland fields. The soil samples were classified into 6 soil great groups and stored as air dried soils before the analysis. Based on 16S RNA and ITS RNA genes the soil bacterial and fungal community respectively were characterized using the Illumina MiSeq 250bp techniques. In the case of bacteria, the dominant phylla present in most of the samples were the Betaproteobacteria, Chloflexi, Deltaproteobacteria and Firmicutes. Despite these overarching dominant taxa, the abundance, diversity, and composition of bacterial communities were specific according to the great soil group and Region. In many cases, the estimated microbial diversity from both bacterial and fungi were generally higher in the southern regions than in the northern regions. About the fungal portion all samples contained the Eurotimycetes, Sordariomycetes, Agaricomycetes and Dothideomycetes classes. The overall data suggests that many soil microbial species could survive in stored soils, since they were detected by DNA analysis, and some correlations with solubilized P were detected. In addition, besides the land using and location, soil type might influence the distribution and diversity of their phylogenetic groups in agricultural areas of Japan.