

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		ゲノムワイド関連解析から探る, マメ科植物-根粒菌の共生的相互作用の進化過程			
研究テーマ (欧文) AZ		Unveiling the legume-rhizobium co-evolutionary process by genome-wide association studies			
研究氏 代 表 名 者	カナ CC	姓)ツチマツ	名)タカシ	研究期間 B	2016 ~ 2018 年
	漢字 CB	土松	隆志	報告年度 YR	2018 年
	ローマ字 CZ	TSUCHIMATSU	TAKASHI	研究機関名	千葉大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		千葉大学大学院理学研究院・准教授			
<p>概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)</p> <p>共生関係は、動植物から細菌まで普遍的にみられる生物間相互作用のひとつであるが、その関係にはしばしば、ある特定の相手としか共生しないというパートナー選択の特異性が見られることが知られている。本研究では、マメ科植物ミヤコグサ (<i>Lotus japonicus</i>) と根粒菌との間の相利的共生関係に着目し、分子集団遺伝学的解析を通して、共生特異性の時空間的な進化過程を遺伝子レベルから詳細に解明することを目的とした。ミヤコグサに共生する根粒菌を日本各地の野生集団から単離・培養し3つのハウスキーピング遺伝子の塩基配列を解析したところ、ミヤコグサには <i>Mesorhizobium</i> 属の非常に多様な根粒菌が共生していることが明らかになった。その一方、解析した5つの共生関連遺伝子の配列は系統間で非常に似通っており、ミヤコグサ共生根粒菌の共生関連遺伝子は遺伝子水平移行により最近獲得されたことが示唆された。ミヤコグサは数万年前に日本列島で分布を拡大したことが近年の集団ゲノミクス解析から示唆されており、ミヤコグサ共生根粒菌における共生関連遺伝子の遺伝子水平移行は、このミヤコグサの分布拡大に伴っておきた可能性が考えられる。これらの成果は <i>Molecular Plant-Microbe Interactions</i> 誌に受理された (Bamba et al. 印刷中)。現在、根粒菌接種実験によるミヤコグサー根粒菌間の特異性実測や、その表現型変異に与える植物・根粒菌双方のゲノム領域の特定などを進めている。</p>					
キーワード FA	共生	根粒菌	特異性		

(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 ^{GB}	Exploring Genetic Diversity and Signatures of Horizontal Gene Transfer in Nodule Bacteria Associated with <i>Lotus japonicus</i> in Natural Environments							
	著者名 ^{GA}	Bamba, M. et al.	雑誌名 ^{GC}	Molecular Plant-Microbe Interactions					
	ページ ^{GF}	(印刷中)	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}	Plant adaptation and speciation studied by population genomic approaches							
	著者名 ^{GA}	Bamba, M. et al.	雑誌名 ^{GC}	Development, Growth and Differentiation					
	ページ ^{GF}	12~24	発行年 ^{GE}	2	0	1	9	巻号 ^{GD}	61
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

To investigate the genetic diversity and understand the process of horizontal gene transfer (HGT) in nodule bacteria associated with *Lotus japonicus*, we analyzed sequences of three housekeeping and five symbiotic genes using samples from a geographically wide range in Japan. A phylogenetic analysis of the housekeeping genes indicated that *L. japonicus* in natural environments was associated with diverse lineages of *Mesorhizobium* species, whereas the sequences of symbiotic genes were highly similar between strains, resulting in remarkably low nucleotide diversity at both synonymous and non-synonymous sites. Guanine-cytosine content values were lower in symbiotic genes, and relative frequencies of recombination between symbiotic genes were also lower than those between housekeeping genes. An analysis of molecular variance showed significant genetic differentiation among populations in both symbiotic and housekeeping genes. These results confirm that the *Mesorhizobium* genes required for symbiosis with *L. japonicus* behave as a genomic island (i. e. a symbiosis island) and suggest that this island has spread into diverse genomic backgrounds of *Mesorhizobium* via HGT events in natural environments. Furthermore, our data compilation revealed that the genetic diversity of symbiotic genes in *L. japonicus*-associated symbionts was among the lowest compared with reports of other species, which may be related to the recent population expansion proposed in Japanese populations of *L. japonicus*.