

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)	植物常在菌の温室効果ガス発生菌へ変貌-そのメカニズム解明と制御技術の基盤構築		
研究テーマ (英文)	Involvement of plant-associated microbes to greenhouse gas emissions.		
研究期間	2018年 ~ 2022年		研究機関名 (国研)農研機構
研究代表者	氏名	(漢字)	多胡香奈子
		(カタカナ)	タゴカナコ
		(英文)	Kanako Tago
	所属機関・職名	農業環境研究部門・上級研究員	
共同研究者 (1名をこえる場合は、別紙追加用紙へ)	氏名	(漢字)	早津雅仁
		(カタカナ)	ハヤツマサヒト
		(英文)	Masahito Hayatsu
	所属機関・職名	農業環境研究部門・再雇用職員	

概要 (600字~800字程度にまとめてください。)

農耕地では、温室効果ガス一酸化二窒素(N₂O)が、施肥後や降雨後に硝化菌や脱窒菌の反応により土壌から発生するとされてきたが、それだけでは農耕地からの総N₂O発生量を十分に説明できない。その原因は未知の微生物プロセスの存在によるところが大きい。本研究では新たに、葉菜作物(キャベツ)の残さからN₂Oが発生することを見出した。そこで本研究では植物体に存在する微生物のN₂O発生への寄与とそのメカニズムを解明することを目的とした。

まず、N₂O発生源を特定した。マイクロコズムを構築して圃場に残るキャベツ残さの状態を再現し経時的にN₂Oを測定した。すると、残さが腐敗するのに伴い葉から直接N₂Oが発生した。この時、キャベツ残さからのN₂O発生量は一様でなかったことから、最も高いN₂O発生量が認められた残さの断片から脱窒菌を複数分離して分類したところ、分離株は植物常在菌として知られる分類群に含まれた。ここから代表株を選んでゲノム解析を行ったところ、一連の脱窒遺伝子がゲノム上にコードされていた。また培養実験とトランスクリプトーム解析により、代表株はキャベツ残さに含まれる硝酸を利用してN₂Oを発生し、その際脱窒遺伝子を高発現させていたことが分かった。以上から植物常在菌によるN₂O発生は脱窒由来であることが示された。ところで、脱窒によるエネルギー代謝には電子受容体として窒素源が必要であると同時に電子供与体として炭素源が必要である。そこで培養液をMNR分析に供し、培養実験と合わせて電子供与体を特定することとした。その結果、グルコースなどの糖とコハク酸などのいくつかの有機酸が脱窒を駆動する炭素源として重要であることを示した。

以上、植物体からの直接的なN₂O発生とその原因微生物及び発生メカニズムを明らかにした。

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	論文課題				
	著者名		雑誌名		
	ページ	～	発行年		巻号
雑誌	論文課題				
	著者名		雑誌名		
	ページ	～	発行年		巻号
雑誌	論文課題				
	著者名		雑誌名		
	ページ	～	発行年		巻号
図書	書名				
	著者名				
	出版社		発行年		総ページ
図書	書名				
	著者名				
	出版社		発行年		総ページ

英文抄録（100語～200語程度にまとめてください。）

Although it is generally known that the origin of the emissions of nitrous oxide (N₂O), a third greenhouse gas, is soil, we have found that unharvested crop residues is another origin of N₂O. We hypothesized that denitrification occurs in the crop residue, and mechanisms of N₂O emission from the crop residues were investigated.

In a microcosm experiment, N₂O emission was observed during the decomposition of cabbage residues. We isolated some N₂O-producing bacteria from the residue, and identified that they are commonly known as plant-associated taxa. The representative strains of the isolates had a series of genes for denitrification on their genomes. A culturing experience with RNA-seq analysis showed the representative strains produced N₂O by denitrification using the components of cabbage residue. On the other hand, electron acceptors, which is another substrate for driving denitrification, are identified by metabolomic analysis. As a result, the several kinds of sugars and organic acids are identified as electron acceptors.

Therefore, we showed the direct N₂O emission by denitrifying bacteria present on crop residues.