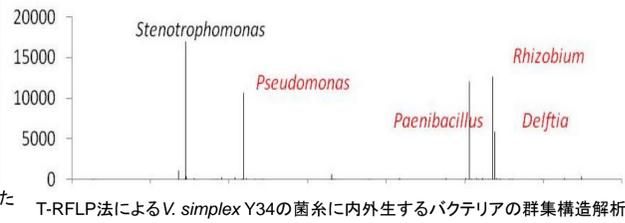
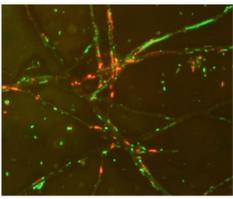


1. *Veronaeopsis simplex* Y34とは？

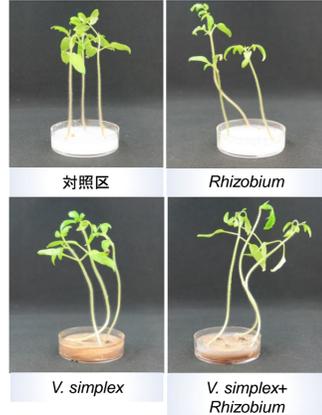


- ✓ 西南暖地, 屋久島の雑木林の土壌より分離された(2008, 成澤)。
- ✓ エンドファイトとして広い宿主範囲を持ち, 宿主植物に対して生育促進, 病害抑制および環境ストレス耐性を付与する。
- ✓ 菌糸内外にバクテリアが存在している。



2. *V. simplex* Y34から分離された*Rhizobium* sp. Y9について

Rhizobium sp. Y9 は*V. simplex* Y34の菌糸から分離され, 菌類と植物へ共接種することで, 植物の生育促進効果を増加させることが明らかとなっている。



*V. simplex*とY9のトマトへの共接種試験

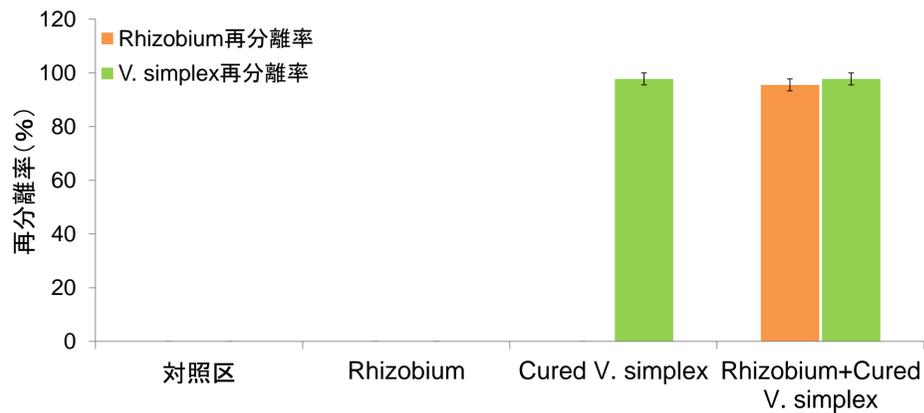
仮説

Rhizobium sp. Y9は*V. simplex* Y34と植物の共生に影響を及ぼしている。

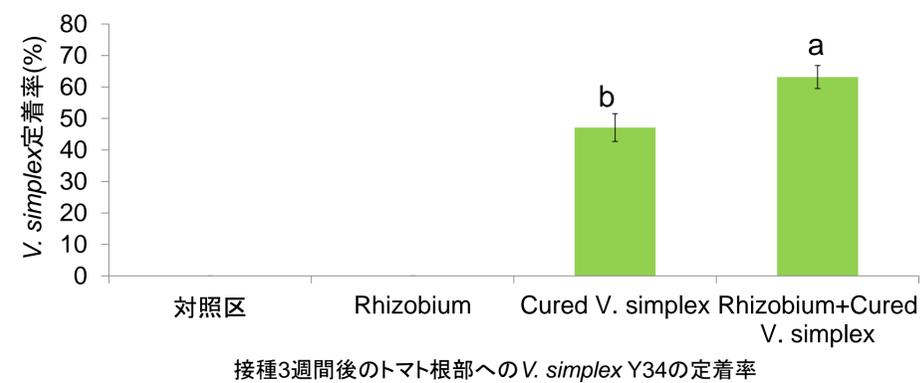
→接種試験による植物根部への定着様式やバクテリアのゲノム情報から3者間の共生関係を解明する。

3. 菌類、バクテリアの植物根への定着

植物に*V. simplex* Y34および*Rhizobium* sp. Y9を接種し, 根部からの再分離を行った結果, 同細菌は菌類と共接種することで, 植物根部に侵入・定着できることが示唆された。



グリッドシート法により植物根部への菌類の定着率を測定した結果, *V. simplex* Y34は*Rhizobium* sp. Y9と共接種することで, 植物根への定着率が有意に増加した。



Rhizobium sp. Y9は*V. simplex* Y34を介し, 植物根に侵入・定着する戦略を持っている。また, 菌類の植物根の定着を促進することで, 自身の植物根定着の機会を増加させている。

4. Y9とゲノム既知の*Rhizobium* sp. との比較ゲノム解析

ゲノム配列の相同性が高い*Rhizobium*属細菌を用いて比較ゲノム解析を行った。その結果, Y9は*Rhizobium* sp. IRBG74及び*R. radiobacter* C58と高い相同性が確認された。*Rhizobium* sp. IRBG74は水生マメ科植物*Sesbania cannabina*への根粒形成や稲のエンドファイトとして報告がある。また, *R. radiobacter* C58は植物にクラウンゴールを形成し, 病原性を示すことが知られている。

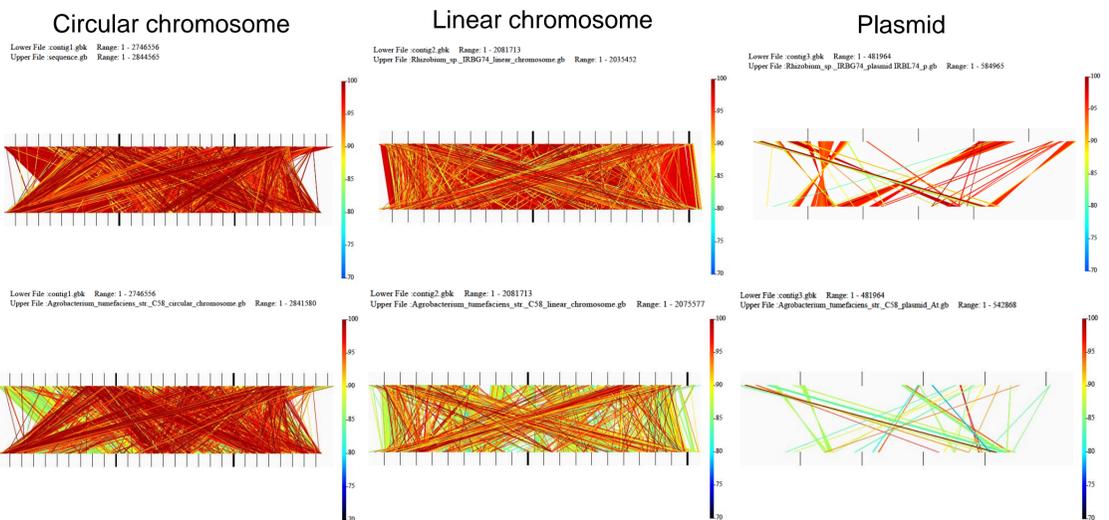


図2. *Rhizobium* sp. Y9, IRBG74および*R. radiobacter* C58の比較ゲノム

また, 3菌株の植物共生や病原性に関わる遺伝子を比較した結果, IRBG74およびC58はプラスミドにそれらの遺伝子が存在し, Y9はプラスミドにそれらの遺伝子を持たないことが明らかとなった。

表2. *Rhizobium* sp. Y9, IRBG74および*A. tumefaciens* C58の植物と関係する遺伝子

Functional genes	N-fixation related genes	Nodulation related genes	Endo-glucanase	Type IV secretory system	Pathogenicity related genes
Y9	-	-	+	+(Plasmid)	-
IRBG74	+(Plasmid)	+(Plasmid)	+	-	-
C58	-	-	+	+(Plasmid)	+(Plasmid)

考察

◆*Rhizobium* sp. Y9は*V. simplex* Y34と共接種することで植物根に定着できることが示唆された。また, 同バクテリアは植物根への侵入・定着に必要なエンドグルカナーゼ合成遺伝子が機能していないことが推察された。

→*Rhizobium* sp. Y9は単独では植物根に定着できない代わりに菌類を介した植物根への定着様式を獲得したと考えられる。

◆*Rhizobium* sp. Y9は*Rhizobium* sp. IRBG74や*R. radiobacter* C58と高い相同性が確認されたが, プラスミドに関しては相同性は低かった。

→*Rhizobium* sp. Y9は, 特有のプラスミドによって菌類との関わりを持つ生活様式を獲得したと推察される。

