

「情報科学との協働による革新的な農産物栽培手法を実現するための技術
基盤の創出」

2018 年度
実績報告書

2016 年度採択研究者

浅井 秀太

科学技術振興機構
さきがけ研究者

病原ゲノミクスによる土壌診断法の開発

§ 1. 研究成果の概要

病害は、病気にかかる体質をもつ植物、これを侵すことができる病原菌、ならびに病気の発生に必要な環境条件がそろった時にのみ発生します。本研究では、土壌伝搬性病原糸状菌フザリウムに注目し、ゲノム情報を基に、病原性の特定を可能にする手法(病原ゲノミクス解析法)を開発し、全国の圃場環境調査による、植物を取り巻く環境のビックデータに基づいた病害発生予測モデルを構築することで、作付け段階での病害の回避を可能にする技術基盤開発を目指します。

- 2018 年度の研究成果 -

先行的に解析を進めていた宿主を異とする異なるフザリウム分化型 7 菌株における比較ゲノム解析により、分化型特異的遺伝子領域の候補を得ることができ、特異的な検出に成功しました。解析を進めている菌株の内、キャベツを宿主とする菌株(以下、キャベツ菌)においては、PacBio シークエンスに加えて、オプティカルマッピングを行い、精度の高いレファレンスゲノムの構築に成功しました。また、トランスクリプトーム解析により分化型特異的遺伝子領域に座乗している遺伝子およびその発現パターンを明らかにしました。さらには、病原性が低下した小型染色体喪失株(キャベツ菌)のゲノム解析を通して、脱落した遺伝子(領域)を明らかにしました。

本研究では、フザリウムによる病害が発生している全国各地の圃場から経時的な土壌サンプルを採取すると共に、圃場環境調査を行っています。圃場環境条件の内、気温の推移データを基に病原性フザリウム菌体量および発病度の推移予測モデルの構築を行い、まずまずの結果を得ることができました。

- 今後の予定 -

今回解析に用いた 7 菌株に、独自にゲノムシークエンスを行っている他の菌株(8 菌株)および利用可能な(報告されている)菌株のゲノム情報を加えて比較ゲノム解析を行い、それぞれの分化型特異的遺伝子領域候補を明らかにしていきます。それに基づき、土壌中のフザリウム分化型を

特異的かつ定量的に検出する手法の確立を目指します。

キャベツ菌におけるゲノム解析を通じたアプローチにより、病原性および宿主特異性に関与すると予想される遺伝子領域が明らかになってきました。それらの遺伝子(領域)はキャベツ菌の分化型特異的遺伝子である可能性が高く、それら遺伝子を解析することで、宿主特異性決定機構にも迫っていきます。

今回、気温だけを使用した単純な予測モデルの構築に着手しました。今後、気温以外の環境要因を加え、より精度の高い予測モデルの構築を目指します。

§ 2. 研究実施体制

①研究者:浅井 秀太 (科学技術振興機構 さきがけ研究者)

②研究項目

- ・フザリウム菌株のゲノム解析
- ・フザリウム菌株のトランスクリプトーム解析
- ・フザリウム分化型の特異的検出法の構築
- ・圃場環境調査
- ・土壌サンプル採取および解析
- ・フザリウム菌体量および発病度の推移予測モデルの構築