

先端科学技術研究科 修士論文要旨

所属研究室 (主指導教員)	計算システムズ生物学 (金谷 重彦 (教授))		
学籍番号	2011009	提出日	令和 4年 1月 20日
学生氏名	足立 旭		
論文題目	メタ16S解析を用いた日本の農耕地における土壌細菌叢構造の解明		
要旨	<p>土壌中には多種多様で膨大な数の微生物が棲息している。そうした微生物は、土壌中の物質循環や植物への養分供給など重要な機能を担っている。微生物の多くは分離・培養が困難であるため、土壌微生物の研究には土壌中の微生物をそのまま収集して、分離・培養をせずに集団(細菌叢)として網羅的に遺伝子解析を行うメタゲノム解析が行われることが多い。メタゲノム解析により分離・培養が困難な土壌微生物の生態や機能についての理解が進んできた。近年、畑や水田といった人為的に利用されている土壌において、その利用方法の違いが土壌細菌叢に与える影響についての関心が高まっている。しかし、栽培する農作物の違いが土壌細菌叢にどう影響を与えるかなど農耕地土壌における土壌細菌叢の生態や機能に関する知見は乏しい。本研究では、栽培する農作物と土壌細菌叢の関係を解明するため、複数種類の農耕地における土壌細菌叢構造を比較した。16SリボソームRNA遺伝子領域のアンプリコンシーケンスを用いたメタゲノム解析により、日本全国243地点の農耕地から収集された土壌細菌叢の菌組成を明らかにした。菌組成に基づいた主座標分析や階層的クラスタリング、類似度の検定、相関ネットワーク解析など複数の解析結果から、栽培している農作物によって土壌細菌叢構造が変化することが示された。農作物と土壌細菌叢の関係を理解することは、持続的な農業に必要な土壌細菌叢制御の基盤構築に繋がると考えられる。</p>		