

## 科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成25年5月31日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究（A）

研究期間：2010～2012

課題番号：22248038

研究課題名（和文） 比較メタゲノミクスによる土壌微生物性解析の基盤構築

研究課題名（英文） Development of comparative metagenomics for soil microbiome analysis

研究代表者

妹尾 啓史（SENOO KEISHI）

東京大学・大学院農学生命科学研究科・教授

研究者番号：40206652

研究成果の概要（和文）：新しい DNA 塩基配列解読技術を用いて、土壌生態系にどのような微生物が存在してどのような役割を果たしているのかを明らかにすることを試みた。水田土壌の解析では土壌の還元反応や窒素循環に関わる新たな微生物群が見出された。三宅島の 2000 年噴火被災土壌の解析では、火山災害に対する土壌微生物生態系の「回復力」が明らかにされ、液状きゅう肥連用畑地の解析では、家畜糞尿の農地還元が及ぼす土壌の窒素負荷に対する微生物遺伝子の詳細な応答性が明らかにされた。

研究成果の概要（英文）：We tried to uncover the structure and function of microbial communities in soil ecosystem through soil metagenomics using the new DNA-sequencing technology. Novel microbial communities responsible for reduction reaction and nitrogen transformation in rice paddy soil were revealed. The resilience of soil microbial community to the volcanic eruption impact was revealed and the detailed picture of soil microbial genetic response to the long-term application of livestock liquid manure was obtained.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2010年度	15,700,000	4,710,000	20,410,000
2011年度	11,300,000	3,390,000	14,690,000
2012年度	8,900,000	2,670,000	11,570,000
総計	35,900,000	10,770,000	46,670,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：境界農学・環境農学

キーワード：生物環境、土壌メタゲノミクス、土壌環境再生、窒素循環、水田土壌

### 1. 研究開始当初の背景

土壌生態系には多種多様な微生物が生息し、物質変換機能の主要な担い手となっている。これまでの土壌微生物研究によって、その遺伝子レベルでの多様性の把握や、土壌の理化学的や植生・土壌動物相の変化と微生物機能変動の関係について追求がなされてきた。微生物の分離培養や特定遺伝子群に焦点を当ててきた研究アプローチは、「メタゲノミクス」（培養を要しないで環境微生物相のゲノム情報を丸ごと解析する手法）にシフト

する時期を迎えている。この新しいゲノム科学の手法により、土壌微生物群集構造解析の飛躍的な高度化や、機能遺伝子群の格段に詳細な全体像把握が可能になり、さらに複数の土壌について環境データと関連付けた比較メタゲノミクスを行うことによって、農業生産や地球環境保全における土壌生態系の役割の理解と生態系機能向上につながる技術開発が期待される。本申請研究は、応募者らがこれまでに研究対象としてきた特徴的な土壌系、すなわち、日本が世界をリードして

きた研究対象の土壌（水田）や日本に特徴的な環境（火山噴火被災地）の土壌、地域・地球環境に関わりの深い土壌（有機物連用畑地）を選んでそれぞれについて比較メタゲノミクスを適用し、さらなる研究分野の先導をめざすものである。

## 2. 研究の目的

生物ゲノム解析が一般化するなかで、土壌微生物研究は、土壌生物相を総体として扱うメタゲノミクスを展開する時期を迎えている。土壌メタゲノミクスにより、農業生産性や地球環境変動と土壌微生物相や機能情報との関係の解明が期待される。本研究は、土壌メタゲノミクス標準化のための基盤を構築するものであり、次のプロセスを進める。(1)特徴付けられた環境条件下にある土壌を選んでメタゲノムデータを収集し、微生物群集組成、遺伝子組成の全体像を詳細に解明する。(2)メタゲノムデータから特定遺伝子群に着目し、土壌環境データと関連付けた基本データベースを作成する。(3)これをもとに、土壌環境変動に対するメタゲノムの動態変化を解析し、土壌の性質・機能と微生物群集・機能情報との関係を明らかにする。(4)土壌の比較メタゲノミクスの応用・展開とデータベース拡充に向けての指針を提示する。

## 3. 研究の方法

「還元の進行程度の異なる水田土壌」「三宅島 2000 年噴火の影響を受けた程度の異なる土壌」「脱窒活性と  $N_2O$  発生の異なる畑地土壌」をそれぞれ比較メタゲノム解析の研究対象とする。各対象の解析に供する土壌について PCR-DGGE 法、クローンライブラリー法などにより微生物群集構造の違いの概要を把握し、メタゲノム解析の補助情報とする。各土壌試料から高純度 DNA を調製し、次世代シーケンサーを用いてメタゲノムデータを取得する。SEED データベース等を利用してインフォマティクス解析を行い、各土壌試料について構成微生物種と機能遺伝子構成の詳細を明らかにする。系統分類と代謝機能に関する遺伝子を中心に土壌環境データと関連付けたデータベースを構築し、類似性・相違性解析を実施して土壌を特徴付ける性質や機能とメタゲノム情報との対応付けを行う。

## 4. 研究成果

### I. 「水田土壌のメタゲノム解析」

#### (1)クローンライブラリー解析

土壌 RNA に基づいたクローンライブラリー解析によって湛水期および非湛水期に特徴的に活性が上昇するグループを明らかにした。湛水期において一時的に水素利用型メタン生成アーキアと水素生成細菌の活性が

上昇したが、非湛水期において抑制された。一方、非湛水期において硝化アーキアに近縁であると判明した Rice cluster VI アーキアの活性が上昇した。

#### (2)メタゲノム解析

湛水前ならびに還元状態が十分に進んだ湛水 6 週間後の 2 つの土壌試料をメタゲノム解析の対象とした。それぞれの土壌 DNA を次世代シーケンサーに供して取得した大量の塩基配列を相同性検索し、他環境由来のメタゲノムデータと比較した結果、本研究で供試した水田土壌においては *Deltaproteobacteria* 綱、特に *Geobacter* 属や *Anaeromyxobacter* 属細菌が優占していることが明らかとなった。次世代シーケンサーを用いて水田土壌の細菌群集構造を属レベルで明らかにしたのは本研究がはじめてである。

また、水田土壌において進行する各還元反応に関与する鍵酵素の遺伝子群の構造を明らかにし、各機能微生物群集の構造を明らかにした。硝酸還元を触媒する酵素の遺伝子 (*narG*, *napA*)、アンモニア生成型の亜硝酸還元を触媒する酵素の遺伝子 (*nrfA*)、脱窒反応の一部の一酸化窒素 (NO) 還元を触媒する酵素の遺伝子 (*norB*)、および  $N_2O$  還元を触媒する酵素の遺伝子 (*nosZ*) は、*Deltaproteobacteria* 綱由来のものが多く検出された。これまで *Deltaproteobacteria* 綱細菌について鉄還元や硫酸還元を担うことが明らかにされてきたが、本研究により水田土壌において窒素循環にも深く関与している可能性が示唆された。

これまで亜硝酸→NO→ $N_2O$ → $N_2$  といった一連の脱窒反応に関与する鍵酵素の遺伝子の塩基配列は、脱窒菌(亜硝酸を還元して NO を生成する菌)由来のものが多く見出されてきた。しかしながら、本研究のメタゲノム解析から脱窒菌由来のものよりも、脱窒菌ではない細菌(亜硝酸を還元してアンモニアを生成する菌)に由来する NO 還元酵素遺伝子や  $N_2O$  還元酵素遺伝子 (*nosZ*) が多数検出された。特に *Anaeromyxobacter* 属細菌由来の *nosZ* は本研究の PCR を介さないメタゲノム解析によりはじめて環境中から検出され、従来の PCR に依存した方法では全く検出されていなかった。水田土壌の脱窒過程において、脱窒菌ではない細菌が部分的(NO,  $N_2O$  還元)に関与している可能性がはじめて示唆された。

#### (3)メタトランスクリプトーム解析

湛水前、湛水 6 週間後、湛水 7 週間後、落水後の計 4 つの土壌試料の RNA を対象としてメタトランスクリプトーム解析を行った。得られた塩基配列から、rRNA とタンパク質をコードしている mRNA 配列を抽出し湛水期と非湛水期の微生物群集構造を推定し、変動する微生物グループを明らかにした。rRNA、mRNA どちらに基づく解析からも、湛水期に

において微生物群集全体における真核生物の割合が増加することがわかった。細菌群集やアーキア群集については、mRNAに基づく解析から、湛水期と非湛水期を比較すると大きく変動するグループ (*Deltaproteobacteria*、メタン菌、硝化アーキア) がわかった。

水田土壌の還元反応に関与する機能遺伝子群については、湛水期にメタン生成に関与する機能遺伝子の転写量が增大することが示されたものの、メタゲノム解析で検出されたような硝酸還元、亜硝酸還元(脱窒を含む)、硫酸還元に関与する機能遺伝子はほとんど検出されなかったため、詳細な情報が得られなかった。環境 RNA のほとんどは rRNA であり、タンパク質をコードしている mRNA はわずかであるため、今回のシーケンス量ではカバーできなかった可能性が考えられた。今後はあらかじめ土壌 RNA から mRNA を濃縮する方法を検討し、機能遺伝子の情報がより多く得られるよう改善したい。

#### (4) *Anaeromyxobacter* 属細菌の単離と農耕地土壌における分布

水田土壌そのものを培地として用いる集積培養により、*Anaeromyxobacter* 属細菌の単離に成功した。また、単離した株が  $N_2O$  還元活性を有していることが分かった。さらに、メタゲノム解析に供した新潟の水田圃場に加え、日本各地の水田土壌においても、細菌群集の中で *Anaeromyxobacter* 属細菌が同程度に優占していることが明らかとなった。一方、畑土壌や他の環境では、水田土壌に比べて *Anaeromyxobacter* 属細菌の全細菌に対する割合が小さいことが分かった。

#### (5) まとめ

メタゲノム解析およびメタトランスクリプトーム解析の結果から、水田土壌において優占する微生物や機能遺伝子の群集構造が詳細に明らかとなった。また、メタゲノム解析から水田土壌の還元反応に関与する鍵酵素の遺伝子の塩基配列を抽出し、各機能に関わる微生物の群集構造を明らかにした。その中で、水田土壌において *Anaeromyxobacter* 属細菌が優占していることが明らかとなり、*Anaeromyxobacter* 属細菌由来の *nosZ* が環境中からはじめて見出された。さらに、水田土壌から *Anaeromyxobacter* 属細菌を単離し、 $N_2O$  還元活性を有していること、畑土壌よりも細菌群集における *Anaeromyxobacter* 属細菌の割合が高いことを明らかにした。これらのことから、優占する *Anaeromyxobacter* 属細菌が水田土壌における  $N_2O$  還元反応に関与している可能性がはじめて示唆された。

## II. 「三宅島 2000 年噴火の影響を受けた程度の異なる土壌」の解析

噴火の影響を最も強く受けた雄山山頂地点 (OY 地点) の土壌微生物生態系の遺伝子

について、火山灰堆積後 3.5 年から 9.6 年までの動態変化を解析した。また、OY 地点に比べて火山ガスの影響が少ない地点 (IG7 地点) との比較も行った。火山灰堆積後 3.5 年の試料は、鉄酸化細菌が主要となる微生物生態系であり、鉄酸化細菌が大気中の炭酸ガスと窒素ガスを固定して増殖し、無機質な火山灰堆積物に有機物をもたらすパイオニア微生物であることが明らかにされた。また、その炭酸ガス固定代謝は、カルビン回路が主体で、還元的 TCA 回路が副次的に働いていることが示された。カルビン回路の代謝を担う主要な細菌は、*Acidithiobacillus ferrooxidans*、還元的 TCA 回路では *Leptospirillum ferrooxidans* が同定された。火山灰堆積後 6.6 年と 9.5 年の試料では、これらの鉄酸化細菌の割合は漸次減少した。カルビン回路の主要な担い手は引き続き *A. ferrooxidans* であったが、還元的 TCA 回路では別種の *Leptospirillum* 属細菌が主要となった。一方、窒素固定遺伝子で見ると、鉄酸化細菌の割合は、火山灰堆積後 6.6 年の試料で大きく減少し、従属栄養性の様々な窒素固定細菌種の割合が増加した。OY 地点では、火山灰堆積後 9.5 年立っても植生の回復は見られなかったが、本研究によって、土壌微生物生態系は、鉄酸化細菌を主要とした無機独立栄養細菌のグループから様々な従属栄養細菌のグループに遷移していることが示された。また、IG7 地点の試料では、鉄酸化細菌の割合の減少が速く、従属栄養性細菌への遷移がより速く起こったことが推察された。これらの結果は、火山災害に対する土壌微生物生態系の「回復力 resilience」を初めて示したものである。なお、本研究の過程で、OY 地点のパイオニア微生物であり、難培養性微生物として知られる *L. ferrooxidans* の分離 (C2-3 株) に成功し、世界で初めて、そのゲノム構造を解明した：この細菌のゲノムは、2,559,538 bp から成り、推定 ORF 数は 2,421 であった (図 1)。

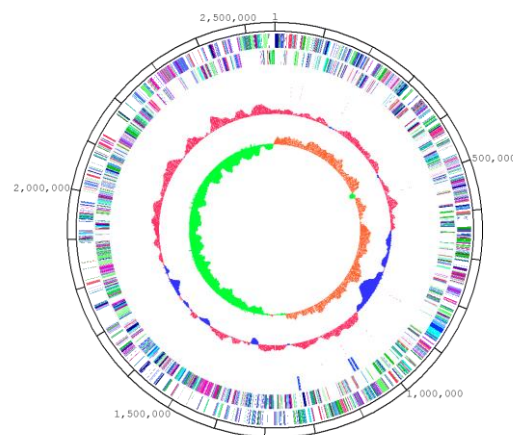


図 1. *Leptospirillum ferrooxidans* C2-3 株の環状ゲノム模式図

図中に示した色分けは COG カテゴリーによる遺伝子分類を示す。色区分とカテゴリーの関係は以下の通りである。

J	D	N	C	I
A	Y	Z	G	P
K	V	W	E	Q
L	T	U	F	R
B	M	O	H	S

### III. 「脱窒活性と N<sub>2</sub>O 発生の異なる畑地土壌」の解析

家畜糞尿処理・利用の体系の一つである液状きゅう肥の農耕地還元が土壌生態系に及ぼす影響を評価することを目的とした。試験地は、九州沖縄農業研究センター・都城研究拠点内の液状きゅう肥長期連用畑地を選んだ、約 20 年間にわたって一定の施肥管理を行っている 3 試験区（年間施用量、120, 300, 600 t/ha）を対象にして、きゅう肥施用量が土壌中の窒素循環（硝化、脱窒、窒素固定）遺伝子の動態に及ぼす影響を解析した。土壌の N<sub>2</sub>O 生成ポテンシャルは、抗生物質を用いた基質誘導呼吸阻害法で、細菌と真菌の活性を分けて連続測定する方法を開発した。この方法により、きゅう肥施用量の増加に応じて、土壌細菌の N<sub>2</sub>O 生成ポテンシャルは、61 から 227 ng N<sub>2</sub>O-N/g soil/h、土壌真菌では、57 から 195 ng N<sub>2</sub>O-N/g soil/h に増加することが示された。この結果は、土壌真菌の N<sub>2</sub>O 生成ポテンシャルは土壌細菌のポテンシャルに匹敵することを意味する。窒素循環遺伝子の解析は、無肥料区の土壌も含めて行った。どの施用区土壌でも硝化(*amoA*)と窒素固定(*nifH*)の遺伝子の検出率が非常に低いのにに対して、脱窒遺伝子(*narG*, *nirK*, *norB*, *nosZ*)の検出率の割合は高く、きゅう肥施用量に応じて増加した。特に、きゅう肥施用量に対する *norB* 遺伝子の応答が高いことが明らかになった。また、各脱窒遺伝子の由来微生物についてみると、バーサタイル (versatile) グループとスペシャリスト (specialist) グループに分けられ、前者は *Alphaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, *Gammaproteobacteria* が相当し、土壌中の硝酸還元 (*narG*)、亜硝酸還元 (*nirK*)、NO 還元 (*norB*) 遺伝子の構成主体であった (図 2)。スペシャリストとしては、*narG* 遺伝子の *Nitrospirae* 門と *Planctomycetes* 門、*nirK* 遺伝子の *Verrucomicrobia* 門、*norB* 遺伝子の *Deltaproteobacteria* と *Acidobacteria* 門、*nosZ* 遺伝子の *Deltaproteobacteria* と *Bacteroidetes* 門が推察された。本研究により、脱窒の各反応を担うスペシャリストの存在が示され、液状きゅう肥施用量に応じて、その遺伝子割合が変化することが明らかにされた。

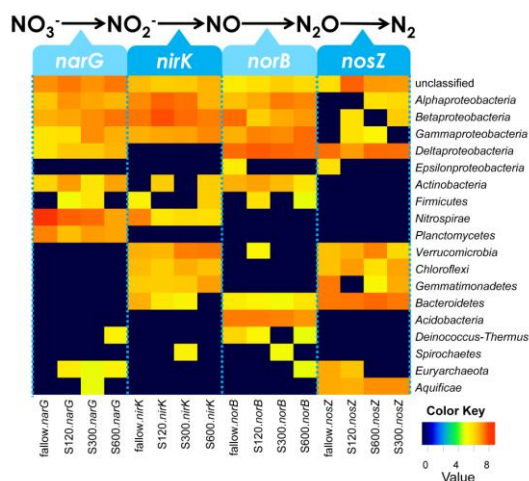


図 2. 液状きゅう肥施用による畑地土壌中の脱窒系遺伝子の存在割合の変化 (模式図)

横軸のラベルは、土壌試料と各脱窒遺伝子を示す： fallow, 無肥料区土壌； S120, S300, S600, それぞれ年間きゅう肥施用量が 120, 300, 600 t/ha の試験区土壌。縦軸は菌種名を示す。

### 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 4 件)

①伊藤英臣、石井聡、妹尾啓史、農業環境分野へのメタゲノム解析の展開、日本水産学会誌、査読有、77 巻、2011、254

DOI: 10.2331/suisan.77.254

②藤村玲子、佐藤嘉則、難波謙二、太田寛行、初成土壌環境における微生物—三宅島土壌生態系再生のメカニズムを探る—、日本生態学会誌、査読有、61 巻、2011、211-218

③Reiko Fujimura, Yoshinori Sato, Tomoyasu Nishizawa, Kenji Nanba, Kenshiro Oshima, Masahira Hattori, Takashi Kamijo and Hiroyuki Ohta, Analysis of early bacterial communities on volcanic deposits on the Island of Miyake (Miyake-jima), Japan: a 6-year study at a fixed site, *Microbes and Environments*, 査読有, 27, 2012, 19-29

DOI: 10.1264/jsme2.ME11207

④Reiko Fujimura, Yoshinori Sato, Tomoyasu Nishizawa, Kenshiro Oshima, Seok-Won Kim, Masahira Hattori, Takashi Kamijo and Hiroyuki Ohta, Complete genome sequence of *Leptospirillum ferrooxidans* strain C2-3 isolated from fresh volcanic ash deposit on the island of Miyake, Japan, *Journal of Bacteriology*, 査読有, 194, 2012, 4122-4123

DOI: 10.1128/JB.00696-12

[学会発表] (計 38 件)

①妹尾啓史・石井聡・伊藤英臣、農業環境分野へのメタゲノム解析の展開、日本水産学会



2010 年度秋季大会シンポジウム、2010 年 9 月 25 日、京都大学

②伊藤英臣、石井聡、大島健志朗、白鳥豊、大塚重人、服部正平、妹尾啓史、水田土壌のメタゲノム解析、第 26 回日本微生物生態学会大会（つくば）、2010 年 11 月 25 日、筑波大学

③Hideomi Itoh, Yutaka Shiratori, Satoshi Ishii, Shigeto Otsuka, Keishi Senoo, SEASONAL TRANSITION OF BACTERIA, ARCHAEA, AND EUKARYOTE COMMUNITIES ALONG REDOX POTENTIAL CHANGES IN RICE PADDY SOIL, 13th International Symposium on Microbial Ecology, 2010 年 8 月 25 日, Seattle, WA, USA

④Hideomi Itoh, Satoshi Ishii, Kenshiro Oshima, Yutaka Shiratori, Shigeto Otsuka, Masahira Hattori, and Keishi Senoo, Phylogenetic and metabolic analysis of microbial communities in paddy soil through comparative metagenomics, Soil Metagenomics 2010, 2010 年 12 月 9 日, Braunschweig, Germany

⑤Yong Guo, Reiko Fujimura, Ken Hosokawa, Yoshinori Sato, Tomoyasu Nishizawa, Takashi Kamijo, and Hiroyuki Ohta, Characterization of soil microbial community in the early soil ecosystem in Miyake Island, Japan, 日本土壌肥料学会 2010 年度札幌大会、2010 年 9 月 7 日、北海道大学

⑥Yong Guo, Reiko Fujimura, Ken Hosokawa, Yoshinori Sato, Tomoyasu Nishizawa, Takashi Kamijo, and Hiroyuki Ohta, MICROBIAL COMMUNITY STRUCTURE IN VOLCANIC DEPOSITS WITH DIFFERENT SUCCESSION STAGES OF VEGETATION RECOVERY IN MIYAKE ISLAND, JAPAN, 13th International Symposium on Microbial Ecology, 2010 年 8 月 26 日, Seattle, WA, USA

⑦Reiko Fujimura, Yoshinori Sato, Tomonori Sugawara, Ken Hosokawa, Tomoyasu Nishizawa, Kenji Nanba, Takashi Kamijo, Bill Holben and Hiroyuki Ohta, NITROGEN FIXATION BY IRON-OXIDIZING BACTERIA DURING EARLY ECOSYSTEM DEVELOPMENT ON MIYAKE-JIMA, JAPAN, 13th International Symposium on Microbial Ecology, 2010 年 8 月 26 日, Seattle, WA, USA

⑧Yong Guo, Reiko Fujimura, Ken Hosokawa, Yoshinori Sato, Tomoyasu Nishizawa, Takashi Kamijo and Hiroyuki Ohta, Analysis of bacterial community in early stage of soil ecosystem after the 2000 volcanic eruption in Miyake-jima Island, Japan, 第 26 回日本微生物生態学会大会（つくば）、2010 年 11 月 25 日、筑波大学

⑨妹尾啓史、吉田愛美、伊藤英臣、メタゲノム解析による水田脱窒機構の解明、農業環境技術研究所公開セミナー 微生物ゲノム情

報の活用による温室効果ガス研究の新展開、2011 年 12 月 6 日、つくば国際会議場、つくば市

⑩伊藤英臣、石井聡、大島健志朗、白鳥豊、大塚重人、服部正平、妹尾啓史、水田土壌微生物群集のメタトランスクリプトーム解析、第 6 回日本ゲノム微生物学会年会（東京）、2012 年 3 月 11 日、立教大学、東京

⑪Hideomi Itoh, Satoshi Ishii, Kenshiro Oshima, Yutaka Shiratori, Shigeto Otsuka, Masahira Hattori, and Keishi Senoo, Seasonal transition of active microbial communities in rice paddy soil, as revealed by metatranscriptomic approach, 11th Conference on Bacterial Genetics and Ecology, 2011 年 6 月 1 日, Corfu, ギリシャ

⑫Hideomi Itoh, Satoshi Ishii, Yutaka Shiratori, Kenshiro Oshima, Shigeto Otsuka, Masahira Hattori, and Keishi Senoo, ACTIVE BACTERIAL AND ARCHAEL COMMUNITIES RESPONDED TO WATERLOGGING OR DRAINAGE IN RICE PADDY SOIL, AS REVEALED BY COMPARATIVE LARGE-SCALE CLONE LIBRARY ANALYSIS, International Union of Microbiological Societies 2011 Congress, 2011 年 9 月 8 日、札幌国際会議場、札幌

⑬郭永、藤村玲子、細川研、佐藤嘉則、西澤智康、上條隆志、太田寛行、Relationship between development of bacterial community and vegetation succession on early soil ecosystem in the Island of Miyake, Japan, 日本土壌肥料学会 2011 年度つくば大会、2011 年 8 月 9 日、筑波大学、つくば市

⑭Reiko Fujimura, Seokwon Kim, Yong Guo, Yoshinori Sato, Ken Hosokawa, Wataru Suda, Erika Iioka, Kenshiro Oshima, Masahira Hattori, Takashi Kamijo and Hiroyuki Ohta, Metagenomic analysis of microbial succession on fresh volcanic ash deposits in the Island of Miyake, Japan, 20th International Symposium on Environmental Biogeochemistry, 2011 年 9 月 28 日、イスタンブール工科大学、イスタンブール

⑮藤村玲子、金錫元、郭永、佐藤嘉則、細川研、須田互、大島健志朗、服部正平、上條隆志、太田寛行、三宅島 2000 年噴火火山灰堆積物における初成土壌微生物生態系のメタゲノム解析、日本微生物生態学会第 27 回大会、2011 年 10 月 9 日、京都大学、京都市

⑯藤村玲子、佐藤嘉則、細川研、西澤智康、大島健志朗、服部正平、上條隆志、太田寛行、三宅島 2000 年噴火堆積物から分離された鉄酸化細菌 *Leptospirillum ferrooxidans* C2-3 株のゲノム解析、日本土壌微生物学会 2011 年度大会、2011 年 11 月 26 日、鳴子公民館、大崎

⑰Hideomi Itoh and Keishi Senoo, Metagenomic

and metatranscriptomic analysis of microbial communities in rice paddy soil, Japan-China International Symposium of Biotechnology on Agriculture and Environment, 2012年5月13日、東京大学、東京

⑮Hideomi Itoh, Satoshi Ishii, Yutaka Shiratori, Kenshiro Oshima, Shigeto Otsuka, Masahira Hattori and Keishi Senoo, Metagenomic analysis uncovered novel structure of microbial communities involved in denitrification in paddy soil, 14th International Symposium on Microbial Ecology, 2012年8月20日、コペンハーゲン、デンマーク

⑯伊藤英臣、石井聡、大島健志郎、大塚重人、服部正平、妹尾啓史、メタゲノム解析から見た土壌圏の一酸化二窒素還元に関与する新たな微生物群集構造、日本土壌微生物学会2012年度神戸大会、2012年6月23日、神戸大学、神戸市

⑰伊藤英臣、石井聡、白鳥豊、大島健志郎、大塚重人、服部正平、妹尾啓史、メタゲノム解析法を用いた水田土壌微生物群集の構造と機能の網羅的解明—メタゲノム解析から見た脱窒反応に関与する新たな微生物群集構造—、日本土壌肥料学会2012年度鳥取大会、2012年9月5日、鳥取大学、鳥取市

⑱伊藤英臣、石井聡、白鳥豊、大島健志郎、大塚重人、服部正平、妹尾啓史、メタゲノム・メタトランスクリプトーム解析法を用いた水田土壌微生物群集の構造と機能の網羅的解明、第28回日本微生物生態学会大会 第4回日韓微生物生態シンポジウム、2012年9月20日、豊橋技術科学大学、豊橋市

⑳Yong Guo, Reiko Fujimura, Yoshinori Sato, Kenshiro Oshima, Masahira Hattori, Takashi Kamijo, Hiroyuki Ohta, Bacterial community of the fresh volcanic deposits on barren land, grassland, and woodland in the Island of Miyake, Japan, as revealed by pyrosequencing-based analysis of 16S rRNA genes, 14th International Symposium on Microbial Ecology, 2012年8月21日、コペンハーゲン、デンマーク

㉑Yong Guo, Reiko Fujimura, Yoshinori Sato, Wataru Suwata, Kenshiro Oshima, Masahira Hattori, Takashi Kamijo, Hiroyuki Ohta, Effect of vegetation cover on bacterial diversity of volcanic deposits in Miyake-jima, Japan, 日本土壌肥料学会2012年度鳥取大会、2012年9月4日、鳥取大学、鳥取市

㉒藤村玲子、金錫元、佐藤 嘉則、須田互、西澤 智康、大島健志郎、服部正平、上條隆志、太田寛行、メタゲノム解析から明らかにされた三宅島初成土壌微生物生態系の遷移、第28回日本微生物生態学会大会、2012年9月20日、豊橋技術科学大学、豊橋市

㉓石川美友紀、藤村玲子、新美洋、橋本知義、金錫元、須田互、大島健志郎、服部正平、太

田寛行、スラリー長期連用圃場における土壌微生物生態系のメタゲノム解析、第28回日本微生物生態学会大会、2012年9月20日、豊橋技術科学大学、豊橋市

〔図書〕(計1件)

①伊藤英臣、石井聡、妹尾啓史、水田土壌のメタゲノム解析、*In* メタゲノム解析技術の最前線、服部正平監修、シーエムシー出版、2010、p. 215-221

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

妹尾 啓史 (SENOO KEISHI)  
東京大学・大学院農学生命科学研究科・教授  
研究者番号：40206652

### (2) 研究分担者

太田 寛行 (OHTA HIROYUKI)  
茨城大学・農学部・教授  
研究者番号：80168947

### (3) 連携研究者

服部 正平 (HATTORI MASAHIRA)  
東京大学・新領域創成科学研究科・教授  
研究者番号：70175537

信濃 卓郎 (SHINANO TAKURO)  
(独) 農業・食品産業技術総合研究機構・東北農業研究センター 農業放射線研究センター・センター長  
研究者番号：20235542

南澤 究 (MINAMISAWA KIWAMU)  
東北大学・大学院生命科学研究科・教授  
研究者番号：70167667

大塚 重人 (OTSUKA SHIGETO)  
東京大学・大学院農学生命科学研究科・准教授  
研究者番号：10313074

橋本 知義 (HASHIMOTO TOMOYOSHI)  
(独) 農業・食品産業技術総合研究機構・中央農業総合研究センター・上席研究員  
研究者番号：90343946

楊 宗興 (YOH MUNEOKI)  
東京農工大学・農学研究院・教授  
研究者番号：50260526