

令和元年6月5日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究(C) (特設分野研究)

研究期間：2016～2018

課題番号：16KT0142

研究課題名(和文) 実用大規模コンポスト化施設の植物病害防除機能の強化と新規微生物農薬菌株の探索

研究課題名(英文) Improvement of biocontrol activity in industrial-scale composters and screening of microorganisms showing biocontrol activities from the composters

研究代表者

阿部 敬悦 (Abe, Keietsu)

東北大学・農学研究科・教授

研究者番号：50312624

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：Burkholderia glumaeは稲稈枯細菌病を引き起こす病害菌である。大規模堆肥化施設を用いて製造された牛糞由来堆肥は、この感染を防除する機能を有することを明かにした。その堆肥から強い防除機能を有するChryseobacterium sp. ON\_d1株を発見した。ゲノムを解析したところ新種と推定され、Siderophore合成遺伝子群やN-Acylhomoserine Lactonase遺伝子などバイオコントロール活性に関与すると推定される遺伝子が見出された。また近縁のType strains 6株も同様の防除機能を有したため、この系統共通の有益な機能であることが示された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

稲稈枯細菌病は難防除の細菌性病害であり育苗期の最も厄介な病気とされ、完全に阻止する手法は確立されていない。本研究は本実験で使用した実用大規模堆肥化施設から製造された牛糞堆肥の施肥及びChryseobacterium属の一部の系統が本病害を防除できることを明かした。本成果は本病害の防除に大きく貢献できる新たな知見であると同時にコンポストの機能性付与によって有機性廃棄物の資源循環促進にもつながる。

研究成果の概要(英文)：Burkholderia glumae causes seedling rot of rice. We revealed that the compost from cow manure produced by a field-scale composter protects the rice from the infection. Additionally, we isolated Chryseobacterium sp. ON\_d1 from the compost, which has strong biocontrol activity against the infection. The genome analysis of the strain indicates that it belongs to a novel species within the genus Chryseobacterium and includes N-Acylhomoserine Lactonase gene and Siderophore biosynthesis gene cluster that may be involved in biocontrol activity. We also found that other relative type strains have the same biocontrol activity against the infection, indicating that the taxonomic group has the beneficial function in common.

研究分野：応用微生物学

キーワード：コンポスト 微生物農薬 バイオコントロール



3 4 / WS 9 30 ¥ [ BK 2 2 6 S S 2  
**B. glumae** **lg** **Quorum quenching**

**qö & in vitro > b0**  
 4 b 3 CF, CB, CL, MW 232 4bp  
**B. glumae**  
 Agar diffusion 2\_

SQb 232 4c 3 4 v K S S U I ( P K S ( c  
 ((7 3 a 30 4b Quorum quenching qö **Chromobacterium violaceum** ATCC 12472  
 [06KS

**& in planta >**  
 QQ q 11 4b ( 6 7 5 7 V 0 6 K S U 4 E 11 4† LB 5. 0

8 K S , 4 OD600=10.0 [ , 4 K S v b , 9 S 9 2  
 ] b 2 4 8 E 25 ( K S 100g bup , 10ml K BK

, v b \ \$ 0 3 Q M G [ 4 b 0 6 K S 4 E 5 4 b 16S rRNA  
 4 G E A [ 0 7 K NCBI Blast 2 5 % 6 m G [ , 3  
 KS

**Chryseobacterium sp. ON\_d1 4**  
**Chryseobacterium sp.**

ON\_d1 4b ( 0 0 6 7 1 • **Chryseobacterium sp.**  
 E † in silico 0 K S Illumina (NovaSeq6000) [ 0 7 K 4 G

SPAdes 3 16S rRNA 4 G E A % 9 7 0 6  
 Average nucleotide identity (ANI) lg core genes ( 0 0 7  
 1 m S DDBJ Fast Annotation and Submission Tool S 8 p 0

B 4 G E b 0 0 antiSMASH bacterial version b web tool S  
**Chryseobacterium sp. ON\_d1 4** **3** **4** **7 5 7 0**

**Chryseobacterium sp. ON\_d1 4** **3** **4** **7 5 7 0**  
**Chryseobacterium vietnamense** B-59550  
**Chryseobacterium cucumeris** JCM31422 **Chryseobacterium culicis** DSM23031 **Chryseobacterium**

**aquifrigidense** JCM14756 **Chryseobacterium gleum** JCM2410 **Chryseobacterium nakagawai**  
 CCUG60563 b , 4 0 7 0 n K 9 2 b 2 ( 6 7 5 7 7 V  
 + 0 6 K S

**pb, 0 0**  
 K Q b 16S rRNA 4 G E A Illumina (Miseq) 0 7 M G [ , 3  
 1 m S OTU & Operational Taxonomic Unit RDP classifier \_ ( 0 - 8 K S

**Chryseobacterium**  
**Chryseobacterium sp. ON\_d1 4** **7 6** **R2A 0 % K** **CB 3**

† 0.1g K 30 ¥ [ 7 6 7 6 K S Q b 8 0 2 7 ( G p % K DNA †  
 K Q b 16S rRNA 4 G E A Illumina (Miseq) 0 7 M G [ , 3  
 m S

2 % E B Y  
**in planta >**  
 S A € N q M E CB K S v b @ 9 8 ( ä

( 6 7 5 7 V 8 K S 0 18.64 ± 3.7 8 Z M MW 20.55 ± 3.5  
 5 ( A i € H s # 31.66 ± 3.0 48.53 ± 12.4 ; ( 6 7 5 7 7 0 62.77 ± 14.9

[ 6 ~ 7 5 7 V \_ j @ v b b † Q b b € @ ( 6 7 5 7 7 0 b S M G \

W S & 1 W † > I † % E [ c † w p A q K S w u  
 3 K 8 † upv ] \_ S 0 1 6 G v K 8 †

† >

**1. Nq 7 5 7 0 in planta >**

Soil emended by;	Main raw material (additives)	Disease severity index
CF compost	Cow manure (food waste)	31.66±3.0
CB compost	Cow manure (bark)	18.64±3.7
CL compost	Cow manure and livestock manure	48.53±12.4
PM compost	Poultry manure	62.77±14.9
MW compost	Marine waste (with bark and waste of mushroom floor)	20.55±3.5
Control	A conventional soil [INAHO- KAKO Co., Toyama, Japan]	93.68±3.5



**B. glumae** 感染 粗種 播種

in vitro

4bp

2\_1mSG7FCBM4clu

VSQB 232 4c

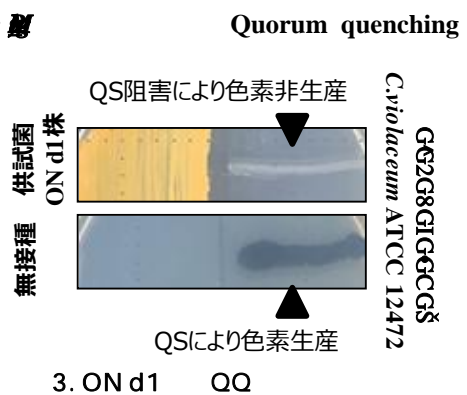
KZSSuI} (pKKS

(73ae 30 4b Quorum quenching & QQ

& *Chromobacterium violaceum* ATCC 12472

KS

G• 11 4\_ QQ q



in planta

11 4p 5 4c

20W\_r[D KS & QF 16S rRNA

4GAA YAKS)Y *Orchrobactrum*

*Chryseobacterium Chitinophaga, Burkholderia b 4 "*

\_KS& 3>Gf b&KZ

C(71

CIZM%o ON\_d1 4 b 16S rRNA

4GAAb q3f b%& 98.45% [6W

SVI€ 7Í c 98.65% [6

Sub+08

9>8 '(, (, 75 7V tw M •

*Chryseobacterium* sp. ON\_d1 4

ON\_d1 4b

c 5.4Mb GC 36.9% CDS @ 4761 6W

SrS3f ANI 88.47 [6

KZMmA ANI 7 95-96 [6

G} ON\_d1 4c

core genes 2241

00SG4c *C. gleum*

f *C. cucumeris, C. culicis, C. viscerum* \ 100%

b8BMG

SSc Siderophore

06Z1• NI€

B4GE QQ q

f€ N-Acylhomoserine Lactonase

4G&SG4b

KZ 89KZ

2. 4b 75Y

Bacterial isolate	Isolation source	Disease severity index
Control		93.68±3.5
TS1	CF compost	55±1.0
TS2	CF compost	81±2.1
ON1	CB compost	12±0.5
ON2	CB compost	85±2.8
ON3	CB compost	50±1.2
ON_d1	CB compost	17±2.1
ON_d2	CB compost	12±2.1
ON_m1	CB compost	12±2.5
ON_m2	CB compost	7±0.8
TY4	MW compost	55±1.4
TY7	MW compost	45±1.2

3. 4E 54b 16S rRNA 4GAA 6 Y C

Bacterial isolate	Closest relative	Identity (%)
ON1	<i>Ochrobactrum lupini</i>	99.9
ON_d1	<i>Chryseobacterium vietnamense</i>	98.4
ON_d2	<i>Chitinophaga varians</i>	99.8
ON_m1	<i>Burkholderia contaminans</i>	99.8
ON_m2	<i>Ochrobactrum intermedium</i>	99.1



