

か ね こ た か か ず  
**金子 貴一**

生命科学部 教授  
博士(理学)／名古屋大学

ホームページ URL  
なし

**主な研究業績**

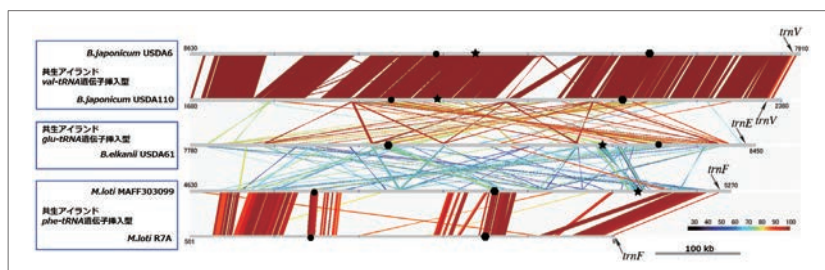
- H. Yamaya-Ito, Y. Shimoda, T. Hakoyama, S. Sato, T. Kaneko, M. S. Hossain, S. Shibata, M. Kawaguchi, M. Hayashi, H. Kouchi, Y. Umehara, 2018. Loss-of-function of ASPARTIC PEPTIDASE NODULE-INDUCED1 (APN1) in *Lotus japonicus* restricts efficient nitrogen-fixing symbiosis with specific *Mesorhizobium loti* strains. *Plant J.*, 2018. 93, 5-16
- H.P. Nguyen, H. Miwa, T. Kaneko, S. Sato, S. Okazaki. Identification of *Bradyrhizobium elkanii* genes involved in incompatibility with *Vigna radiata*. *Genes (Basel)*. 2017. 8, E374
- M. Sugawara, T. Tsukui, T. Kaneko, Y. Ohtsubo, S. Sato, Y. Nagata, M. Tsuda, H. Mitsui, K. Minamisawa. Complete genome sequence of *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 122, a nitrogen-fixing soybean symbiont. *Genome Announc.* 2017. 5, e01743-16.
- T. Minami, M. Anda, H. Mitsui, M. Sugawara, T. Kaneko, S. Sato, S. Ikeda, T. Okubo, H. Tsurumaru, K. Minamisawa: Metagenomic Analysis Revealed Methylamine and Ureide Utilization of Soybean-Associated *Methylobacterium*. *Microbes Environ.*, 2016. 31, 268-278
- S. Okazaki, R. Noisangiam, T. Okubo, T. Kaneko, K. Oshima, M. Hattori, K. Teamtisong, P. Songwattana, P. Tittabutr, N. Boonkerd, K. Saeki, S. Sato, T. Uchiumi, K. Minamisawa, N. Teamroong: Genome analysis of a novel *Bradyrhizobium* sp. DOA9 carrying a symbiotic plasmid (2015) *PLoS ONE*, 2015.10, e0117392
- Y. Hirose, K. Suda, Y.-G. Liu, S. Sato, Y. Nakamura, K. Yokoyama, N. Yamamoto, S. Hanano, E. Takita, N. Sakurai, H. Suzuki, Y. Nakamura, T. Kaneko, K. Yano, S. Tabata, D. Shibata: The Arabidopsis TAC Position Viewer: A high-resolution map of transformation-competent artificial chromosome (TAC) clones aligned with the Arabidopsis thaliana Columbia-0 genome. *Plant Journal*, 2015. 83, 1114-1122
- O.M. Faruque, H. Miwa, M. Yasuda, Y. Fujii, T. Kaneko, S. Sato, S. Okazaki: Identification of *Bradyrhizobium elkanii* genes involved in incompatibility with soybean plants carrying the Rj4 allele. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015. 81, 6710-6717

**研究テーマ** Research theme

**植物関連微生物のゲノムと  
遺伝的多様性に関する研究**

**概要** Overview

植物の体内と表面には微生物が定着します。そのような微生物は、たいてい宿主植物に害をもたらすようなことはありません。これまでに、植物からは多様な微生物が分離されていて、そのいくつかは植物の生育促進、病害抵抗性や環境ストレス耐性を向上させることも報告されています。微生物がこのような特性を植物へ付与するため、農業生産に資材として有用であることも示されており、多方面で研究が進められています。そのような微生物のなかでも根粒菌は、マメ科植物と共生し、窒素源が欠乏している土壌でもマメ科植物が生育する際に重要であることから、農業生産に利用されています。根粒菌の有用性のため、この共生系の分野には多くの研究があるものの、共生関係構築のメカニズムの全容は解明されておらず、今後の研究の進展が必要です。例えば、III型分泌系は、多くの病原細菌が使っている病原性の発揮に関与するタンパク質分泌装置ですが、この遺伝子は根粒菌ゲノムにもコードされていて、共生成立にそのしくみが利用されることがあります。あるダイズ根粒菌とある品種のダイズの組み合わせでは、III型分泌系を介した作用で根粒形成の成否が決定される事例が示されています。我々は、根粒菌を始めとする共生微生物のゲノム研究に取り組み、その生活環や共生成立に関わる遺伝子情報とその多様性を報告してきました(図)。植物に定着するバクテリアの植物相互作用特性は、微生物系統と相関しないことが多く認められ、近縁系統間でも様々であることも、共生成立の要因が未解明な一因です。また、次世代シーケンサーを利用した環境ゲノム解析をおこなうと、その環境にいる微生物集団を未報告の微生物が占めるケースもあります。このような背景から、植物と共生微生物のゲノム研究により得られた情報を基盤として共生システムを研究し、植物と微生物が共存可能なしくみの解明を目標に研究を進めます。



根粒菌ゲノムの共生アイランド保存性の比較

**応用分野** Application areas

- 環境微生物 DNA 分析による動態調査
- 共生微生物の植物への利用
- ゲノム構造の調査