『PacBio 植物・動物ゲノミクス・微生物研究』ウェビナーシリーズ（全 3 回）

第 3 回　マイクロバイオーム解析の活用事例

根粒 1 個から完全長ゲノムへ：HiFi ロングリードで読みとく植物共生メカニズム

増田 幸子
理化学研究所

マメ科植物と根粒菌の共生を理解するには、根粒菌を株の違いまで解像して読む必要がある。しかし Bradyrhizobium のように近縁種の 16S rRNA 配列がほぼ同一な細菌では、培養やショートリードに基づく従来法で株を区別することは難しかった。演者らは、ダイズの根粒 1 個ずつを PacBio HiFi でシークエンスし、培養を介さずに 1 根粒から完全長染色体とプラスミドを直接得る手法を確立した。得られた数百の完全長ゲノムからは、公開ゲノムにない新規系統の存在や、宿主との共生に関わる遺伝子が可動性ゲノム領域に載って獲得・喪失・不活化を繰り返す様子が見えてきた。本セミナーでは、植物共生微生物叢に対する HiFi ロングリードメタゲノム解析の実際を紹介するとともに、得られた完全長ゲノムを研究や農業現場にどのように還元していくのかについても議論したい。

