

## P25-22 : アーバスキュラー菌根菌の内生菌系と外生菌系のRNA-seq解析

杉村 悠作<sup>1</sup>, 半田 佳宏<sup>2</sup>, 菊地 裕介<sup>3</sup>, 江沢 辰広<sup>3</sup>, 川口 正代司<sup>2</sup>, 齋藤 勝晴<sup>1</sup>

<sup>1</sup>信州大・農, <sup>2</sup>基礎生物学研究所, <sup>3</sup>北海道大・院農学院,

アーバスキュラー菌根菌 (AM菌) は植物根に感染し植物と共生関係を結ぶ菌類である。AM菌は土壤中に外生菌系を広げる一方で、植物根内では養分交換の器官である樹枝状体を含む内生菌系を形成する。外生菌系と内生菌系では生理的特徴が異なることがNMR等の解析から明らかになっていが、その詳細についてはほとんど分かっていない。本研究では、AM菌 *Rhizophagus irregularis* のゲノム情報を利用し、外生菌系と内生菌系のRNA-seq解析を行い、遺伝子発現プロファイルの比較を行った。

ミヤコグサに *R. irregularis* DAOM197198 を接種し、菌根と外生菌系を調製した。RNA抽出後cDNAライブラリーを作製し、Illumina HiSeq2000でシーケンシングを行った。菌根から得られたリードのうち20%はAM菌のゲノムにマップされ、59%がミヤコグサのゲノムにマップされた。AM菌ゲノムにマップされたリードを内生菌系 (IRM) 由来の配列とした。一方外生菌系 (ERM) では、75%がAM菌ゲノムにマップされ、6%が植物ゲノムにマップされた。IRMとERMで発現量が有意に異なる遺伝子は全30,282遺伝子中2,998遺伝子 (10%) であった (FDR

keywords:アーバスキュラー菌根菌,トランスクリプトーム,外生菌系,内生菌系,ミヤコグサ