Journal Club No.829 May 21, 2019

植物によって育まれる根圏細菌叢

加藤直樹

目には見えない微生物の世界の重要性に現在、改めて注目が集まっている。腸内細菌叢が私たち人間の健康に重要な役割を担っているのと同様に、土壌における植物と微生物との相互作用が植物の健全な生育に不可欠であることが分かってきた。根圏微生物は、養分への効率的なアクセスや生物・非生物ストレスに対する防御の増強など、植物に利益をもたらすと考えられており、根圏微生物叢の形成に植物が一役買っていることは想像に難くない。しかしながら、植物がどうやって好みの微生物を集め、影響を及ぼしているのかはほとんど分かっていない。本論文では、比較ゲノムとエキソメタボロームとを組み合わせた解析により、植物の根の滲出液(に含まれる特定の成分)と根圏微生物の基質嗜好性とが同調しており、そのことが根圏微生物叢の形成の主たる要因であることを示しており、私たちを取り巻く環境における生物間相互作用を考える上で興味深いので紹介する。

紹介論文

"Dynamic root exudate chemistry and microbial substrate preferences drive patterns in rhizosphere microbial community assembly"

Kateryna Zhalnina, et al., Trent R. Northen & Eoin L. Brodie (Lawrence Berkeley National Lab, CA, USA) Nat Microbiol 3, 470–480 (2018)

要旨

Like all higher organisms, plants have evolved in the context of a microbial world, shaping both their evolution and their contemporary ecology. Interactions between plant roots and soil microorganisms are critical for plant fitness in natural environments. Given this co-evolution and the pivotal importance of plant-microbial interactions, it has been hypothesized, and a growing body of literature suggests, that plants may regulate the composition of their rhizosphere to promote the growth of microorganisms that improve plant fitness in a given ecosystem. Here, using a combination of comparative genomics and exometabolomics, we show that pre-programmed developmental processes in plants (Avena barbata) result in consistent patterns in the chemical composition of root exudates. This chemical succession in the rhizosphere interacts with microbial metabolite substrate preferences that are predictable from genome sequences. Specifically, we observed a preference by rhizosphere bacteria for consumption of aromatic organic acids exuded by plants (nicotinic, shikimic, salicylic, cinnamic and indole-3-acetic). The combination of these plant exudation traits and microbial substrate uptake traits interact to yield the patterns of microbial community assembly observed in the rhizosphere of an annual grass. This discovery provides a mechanistic underpinning for the process of rhizosphere microbial community assembly and provides an attractive direction for the manipulation of the rhizosphere microbiome for beneficial outcomes.