

農地土壌の微生物叢から作物病害リスクを診断する

—日本列島全域の網羅的 DNA 分析—

概要

京都大学生命科学研究科 藤田博昭 助教、同 東樹宏和 教授、農業・食品産業技術総合研究機構 吉田重信グループ長、理化学研究所 鈴木健大 開発研究員 で構成される研究グループは、日本列島全域から収集された 2,000 以上の農地土壌サンプルを「DNA メタバーコーディング」という手法で分析し、細菌（バクテリア）・アーキア（古細菌）・真菌（カビ・キノコ類）の多様性を網羅的に解明しました。その結果、土壌に生息する微生物種の組成によって、その農地で栽培されている作物に病害が発生するリスクが変化することを統計的に示しました。

また、今回の DNA 分析で検出された 26,868 種/系統の細菌、632 種/系統のアーキア、4,889 種/系統の真菌の中から、病害発生リスクの指標生物として利用できるものを統計学的にスクリーニングしました。さらに、微生物種同士の関係性をネットワークとして分析したところ、共存しやすい種で構成されるいくつかのグループに分類されることを見出しました。

これらの成果は、土壌中の膨大な生物多様性を迅速かつ網羅的に DNA 分析する技術を基にして、農地土壌の健康度を診断できることを示しています。土壌中の微生物叢に関する情報を経時的にモニタリングする技術が普及することによって、農地生態系を最適な状態に設計・管理し、農薬や肥料の使用を最小限に抑えた持続可能な農業が拡大していくと期待されます。

本成果は、2024 年 4 月 3 日（現地時間）に米学術誌「*mSphere*」に掲載されました。

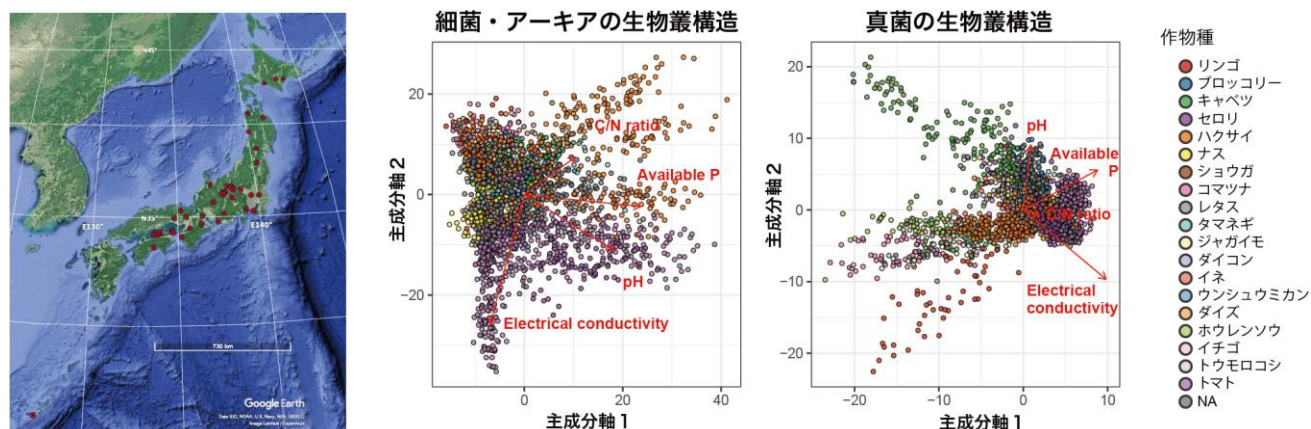


図 1. 調査地と微生物叢解析の結果。各土壌サンプルの微生物叢の構造を原核生物叢（細菌・アーキア）と真菌叢に分けて表示。点の色は、調査地点において栽培されていた作物種を示す。論文 (<https://doi.org/10.1128/msphere.00803-23>) を基に作成。

1. 背景

土壌の中には、無数の生物種が人知れず息づき、複雑なシステムを形成しています。特に細菌・アーキア・真菌といった微生物たちは、生態系レベルの養分循環や温室効果ガスの蓄積／放出に深く関わっており、その役割の重要性がしばしば議論されてきました。しかし、土壌微生物たちが構成する微生物叢の構造は極めて複雑であり、「ブラックボックス」として扱われるのが通例でした。

2. 研究手法・成果

本研究では、DNA メタバーコーディング（※1）という技術を基にして、農地土壌の微生物叢を北海道から沖縄までの範囲でプロファイリングしました。過去に農業・食品産業技術総合研究機構で実施された農地土壌に関するプロジェクトで採集された 2,000 超の土壌サンプルを対象としたところ、合計で 26,868 種/系統の細菌、632 種/系統のアーキア、4,889 種/系統の真菌を検出しました。このデータには、19 の作物種に関する圃場の情報が含まれており、多角的な統計分析が可能となりました。

対象となった作物種のうち、ナスやトマトといった作物種については、病害の発生状況に関する付加情報が得られていたことから、微生物叢の構造と作物病害の関連性について統計分析を実施しました。その結果、土壌微生物叢の構造と病害リスクとの間には有意な関連性があり、また、病害リスクの指標生物として重点的にモニタリングすべき細菌種および真菌種のリストを作成することができました。

さらに、微生物種間の関係性に関する分析を行ったところ、結びつきの強い（共存する傾向が強い）微生物種のグループが複数検出されました。これらのグループの間で、作物病害の発生リスクとの関連性が大きく異なっており、微生物種のセットをターゲットとして、農地土壌の管理を行う必要性が示唆されました。

3. 波及効果

農業における土作りは、「匠の技」と形容されることこともあるほど、奥の深いものとみなされています。従来、pH や電気伝導度、可給態のリンや窒素の量といった化学的指標で農地土壌の診断が行われてきましたが、こうした指標を基に適切な管理がなされた農地であっても、予期せぬ病害の発生が起こってしまうことが多々ありました。

本研究では、土壌微生物の組成に関する膨大なデータをもとに、農地の状態を診断し得ることを示すことができました。一握りの土の中にも、数百・数千種の微生物が息づいています。DNA を対象として、この膨大な微生物多様性を一挙に解明する手法は、迅速かつ詳細にその土壌の状態を映し出すデータをもたらします。実際に土壌中で活動している微生物の種組成が解明されていくことで、これまでには見えなかった病気の予兆を検知することが可能になると考えられます。さらに、共存しやすい微生物種をグループ（種のセット）として捉えることで、最適な微生物叢の状態を設計・管理していく上での指針を得ることができます。

DNA メタバーコーディングがもたらす膨大な情報によって、農地土壌の管理が精緻化し、微生物がもつ潜在能力を最大限に活かした持続可能型農業が拡大していくと期待されます。

4. プロジェクト立ち上げの経緯と将来展開

本研究プロジェクトは、京都大学における生物多様性研究と農業・食品産業技術総合研究機構における研究資源（土壌サンプル）蓄積が融合する形で実現しました。世界各地で化学農薬の使用削減が求められる中、既存の化学農薬で防ぎきれない作物病害の発生が深刻化してきています。土壌微生物叢の DNA 分析がデフォルト技術として定着することで、病害の発生リスクがいち早く検知され、安定的な農地生態系の管理につながることを期待しています。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は、以下を含む資金の援助を受けて行われました。

JST 創発的研究支援事業「生態系レベルの生物機能最適化を実現する越境科学フロンティア」(JPMJFR2048)

NEDO ムーンショット型研究開発事業 「資源循環の最適化による農地由来の温室効果ガスの排出削減」
(JPNP18016)

JST 戦略的創造研究推進事業「多種生命システムの安定化と機能最適化を実現する融合科学の創生」
(JPMJCR23N5)

<用語解説>

※1 DNA メタバーコーディング

次世代 DNA シーケンサーと呼ばれる機器で、膨大な生物種の存在を明らかにする技術。捕食者をサンプルとした場合は、その体内に含まれる餌生物種のリスト作成に応用することができる。

<研究者のコメント>

土の中では、無数の生物種たちが織りなすシステムが広がっています。多様な土壌微生物たちは、食料生産の安定化に向けた人類の取り組みにおいて、欠かすことのできない資源です。今後も複雑な微生物叢の構造に関する情報を蓄積していき、生物がもたらす機能を生態系レベルで最大化する科学研究の領域を開拓していきたいと思います。

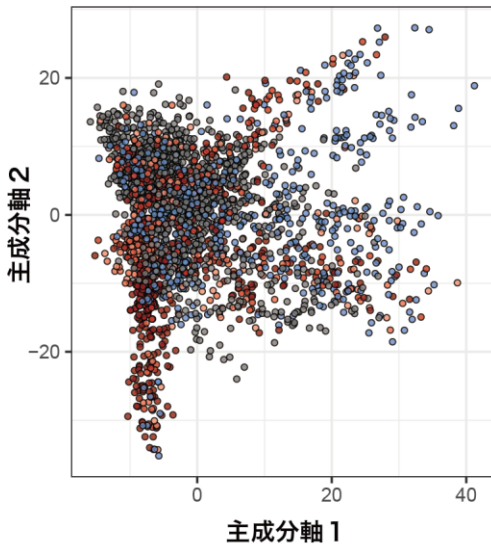
<論文タイトルと著者>

タイトル：Soil prokaryotic and fungal biome structures associated with crop disease status across the Japan Archipelago (日本列島の農地土壌微生物叢と作物病害発生頻度の関連性)

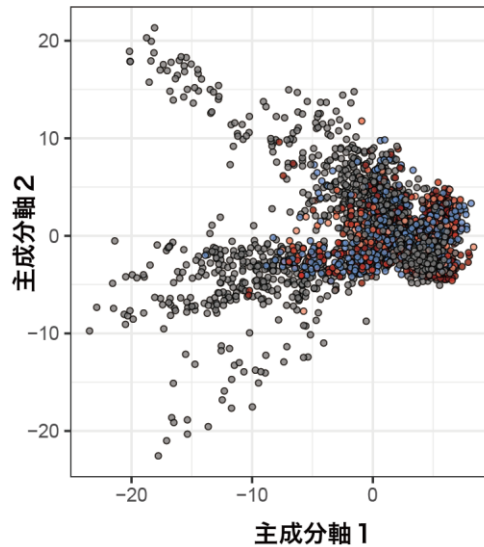
著者：Hiroaki Fujita, Shigenobu Yoshida, Kenta Suzuki, Hirokazu Toju

掲載誌：*mSphere* DOI：<https://doi.org/10.1128/msphere.00803-23>

細菌・アーキアの生物叢構造



真菌の生物叢構造



作物病害のレベル



図 2. 微生物叢の構造と作物病害レベルの関係性。論文 (<https://doi.org/10.1128/msphere.00803-23>) を基に作成。

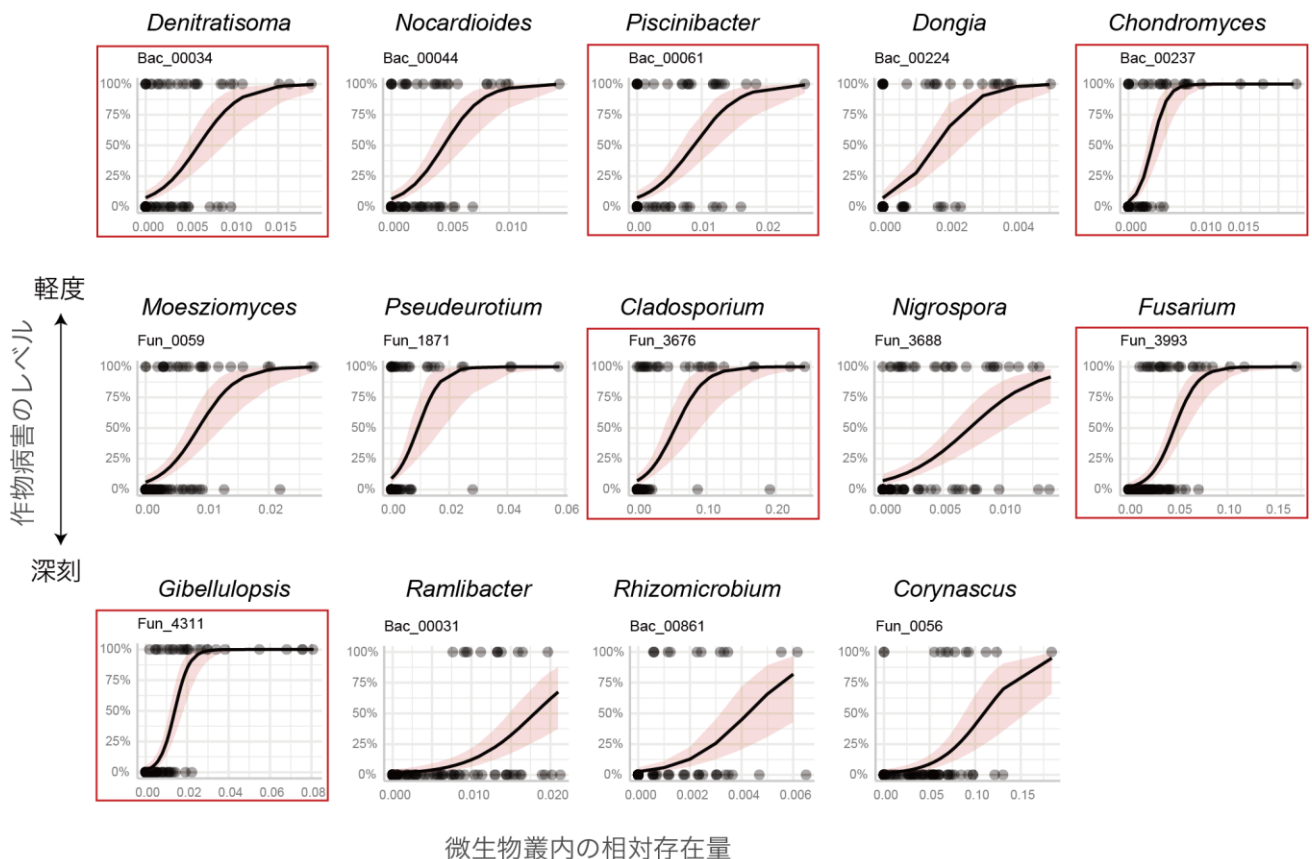


図 3. 作物病害リスクの指標として検出された微生物。横軸に存在量、縦軸に作物病害のレベルを示す。赤枠で囲まれた微生物は、補完的な統計分析でも作物病害レベルとの有意な関連性が示唆されたもの。論文 (<https://doi.org/10.1128/msphere.00803-23>) を基に作成。

微生物のグループ

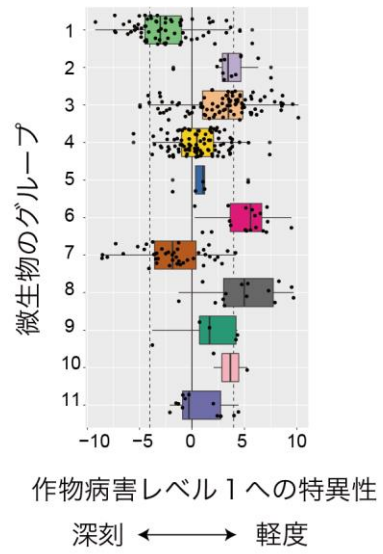
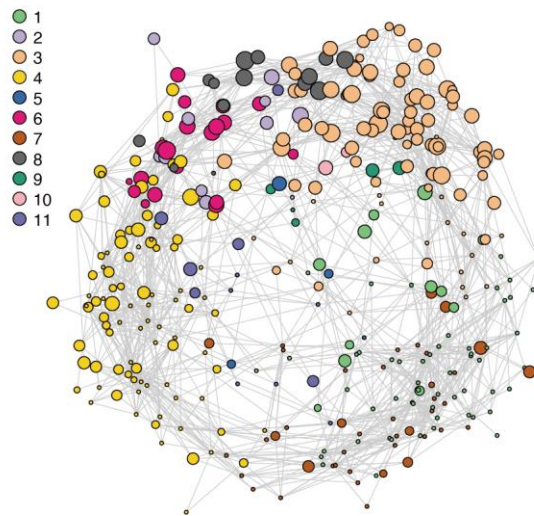


図 4. 微生物間の関係性ネットワーク。ネットワークの構造から、11のグループに分類された（左）。作物病害レベルとの関連性が近い微生物種が、同じグループに所属する傾向がみられた。論文 (<https://doi.org/10.1128/msphere.00803-23>) を基に作成。