

植物と根に共生する真菌がつくりだす

複雑な「ネットワーク」構造を解明

東樹宏和 人間・環境学研究科助教を中心とする国際共同研究チーム（京都大学、ブラジル・サン・パウロ大学、デンマーク・オーフス大学、米・カリフォルニア大学）は、森の中で共存する多様な植物種が無数の真菌類（きのこ・かび類）と根で共生していることに注目し、その「植物-真菌ネットワーク」の複雑かつ特殊な構造を解明することに成功しました。この発見は、「なぜ一つの森や草原の中で多様な植物種が共存できるのか」という問いに答える上で、また、「植物が養分を得る上で、土壌中の真菌が全体としてどう機能しているのか」を解明する上で、新たな理論的基礎を提供すると期待されます。

本研究成果は、英科学誌「Nature Communications」誌に掲載されることになりました。

概要

現在地球上に存在する陸上植物のうち、種数にして少なくともその90%が、根に真菌類（きのこ・かび）を共生させています。この真菌類は、土壌中の窒素やリンといった養分を植物に供給する一方、植物から糖類を報酬として受け取ることで、持ちつ持たれつの関係を形成しています。

東樹助教らは、「DNA バーコーディング」と呼ばれる技術で得られた大規模情報を解析し、植物種と無数の真菌類でかたちづくられる複雑な「共生ネットワーク」の構造を明らかにすることに成功しました。この植物-真菌ネットワークは、植物とその花粉や種子を運ぶ動物との共生関係などで研究されてきたネットワークと比べて、種と種のつながりかた（ネットワーク構造）の面で根本的に異なる性質をもっていました。

この成果は、「本来、資源を奪い合う競争関係にあるはずの植物種たちが、なぜひとつの森で共存できるのか」を解明する上で、新たな理論の土台となりま

す。また、これまで全体像の把握が難しかった無数の地下真菌と植物との関係を統合的に解析できるようになったため、今後、農地の微生物群の機能理解に貢献していく可能性があります。

植物と地下真菌の持ちつ持たれつの関係



図1. 植物と真菌の地下共生.

背景

植物は4億年以上前に海から陸へ進出しましたが、そのごく初期の段階から、真菌類をつうじて土壌中の養分を効率的に吸収していたと考えられています。そのため、現在地球上に存在する植物種の約90%は、「根に真菌を住まわせる」ことを基本戦略として進化してきたと考えられています（図1）。実際に、森や農地の土の中には、数えきれない種類の真菌類が存在し、植物と持ちつ持たれつ関係を結んでいます。松の木に養分をわたす一方で、松の木から炭水化物をもらわないと生きていけないマツタケは、こうした植物と地下真菌の関係の代表例です。

生態系の基礎的理解の面でも、また、農業における応用面でも、こうした植

物と真菌類の関係は重要です。しかし、その複雑な共生関係の全体像を把握することは困難とされてきました。土の中の真菌類はあまりに多様です。現在、世界中で約10万種の真菌類が記載されていますが、それでも実際の真菌類の多様性から考えると、せいぜい数%に過ぎないと言われています。また、真菌の菌糸は1 mmの100分の1ほどの太さしかありません（いわゆる「きのこ」は、胞子を飛ばすために多数の菌糸が寄り集まって地上に顔を出した構造物です）。そのため、顕微鏡で覗いたとしても、どの植物種の根とどの真菌種が共生関係を結んでいるのか、森や農地全体で網羅的に把握するのは非常に難しいのが現状でした。

この現状を打破する技術として注目されているのが、「DNA バーコーディング」という技術です（[「あらゆる生物の名前を DNA に基づいて特定する「DNA バーコーディング」の理論的枠組みを確立」](#) [2013 年 10 月 19 日発表] を参照）。地球上に存在するすべての生物は、その種に固有の DNA 配列を持っています。そのため、特定の DNA 領域を「バーコード」とみなして、そのデータベースを作ったり、照合を行ったりすることが可能です。この技術があれば、植物根内に共生する目にみえない微小な真菌類であっても、DNA 配列を解読することでその種を特定することが可能です。

どの植物種にどの真菌が共生しているか？

「DNAバーコーディング」の大規模データを解析

DNA配列情報



植物と真菌の共生関係データ

真菌

(きのこ・かび類)

植物

Quercus glauca
Quercus serrata
Pinus densata
Lyonia ovalifolia
Ilex pedunculosa
Prunus grayana
Prunus jamasakura
Cinnamomum camphora
Ilex macrospora
Pleioblastus chinensis

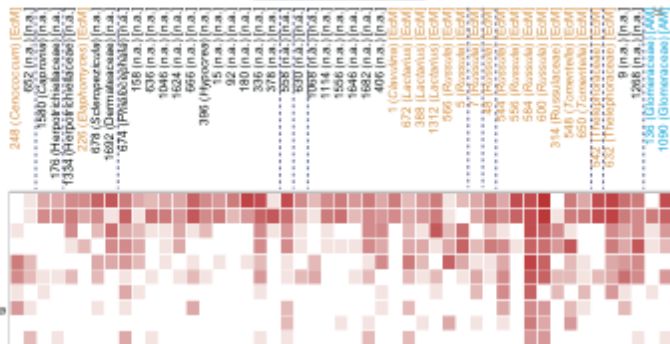


図2. DNA バーコーディング・データの活用。

研究手法と成果

東樹助教らは、DNA バーコーディングで得られた植物根内の真菌類に関するデータを統合することで、どの植物種とどの真菌種がつながっているのかを解析しました（図2）。データが得られた京都市内の森林では、30種以上の植物種が共存しています。その個々の植物種で得られた共生真菌のデータを、「ネットワーク理論」という数学理論の枠組みで一括処理し、植物種間でどのように真菌が共有されているのかを一挙に解明しました。

ひとつの森に共存する植物種は、無数の真菌種とともに「共生のネットワーク」を構築

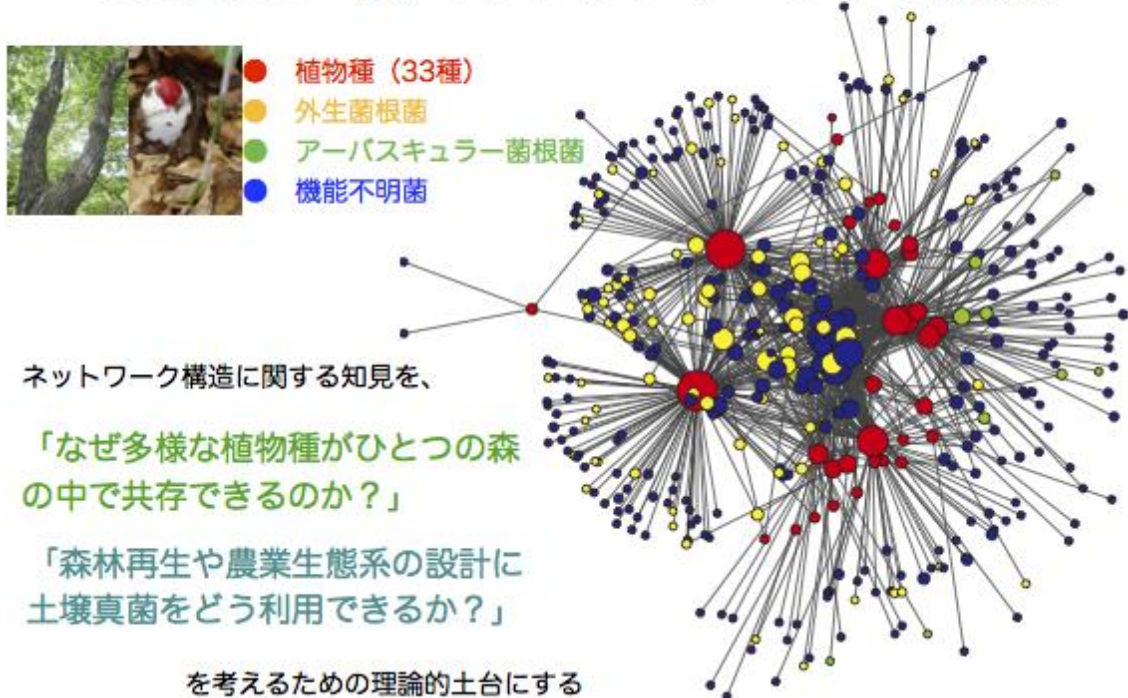


図3. 植物と共生真菌のネットワーク構造.

その結果、さまざまな機能をもった真菌種が、複雑なネットワーク構造のもとに植物種間で共有されていることがわかりました（図3）。この植物-真菌ネットワークの中では、特定の植物種としか共生しない真菌種もいれば、解析された植物種のほとんどすべてと共生するものも含まれていました。

こうした生物種どうしの複雑な関係性をネットワーク理論で解明することは、「本来、光や土壌中の養分をめぐる争っているはずの植物種たちが、なぜ自然界で共存できるのか」を考える上で重要とされています。植物種どうしの関係だけに着目すると、競争に強い少数の植物種ばかりになると予想されます。しかし、この競争関係にある植物種どうしが、利益になる共生者を「共同経営」しているとすると、お互いの存在がむしろ利益となる可能性があります。

こうした理論は、植物とその花粉や種子を運んでくれる動物たちとのネットワークで盛んに研究されてきました。先行研究によると、特定の構造をもったネットワークで植物と共生者たちが結ばれているときに、植物種どうしの共存が促進されると予測されます。

しかし、今回の研究で明らかになった植物–真菌ネットワークの構造は、従来研究されてきた植物–動物ネットワークの構造とは根本的に異なっていました。この発見から、生物種間ネットワークの構造が従来考えられていたよりも多様であることが示唆され、ネットワーク構造の多様性を考慮した理論の構築が必要であることがわかりました。

波及効果

DNA バーコーディングとネットワーク理論を統合した今回の研究手法は、多様な生物種が共存するしくみをより深く理解していく上で、今後重要な土台となっていくと期待されます。また、この手法により、土壌中に無数に存在する微生物が、農地における作物種とどのような共生ネットワークを構築しているのか、効率的に解明することができると期待されます。

今後の展開

今回開発された研究手法は、植物と無数の真菌で構成されるネットワークについて、その全体像を効率的に把握することを可能にします。しかし、ネットワーク内に存在する真菌の中には、植物にとって何の利益ももたらさないものや、むしろ寄生的に働くものも含まれていると想像されます。個々の真菌種の役割を効率的に評価する技術をさらに開発することで、ネットワーク構造に関する情報を活かす道が広がると考えられます。

研究資金

この研究は、内閣府の「最先端・次世代研究開発支援プログラム」および日本学術振興会の科学研究費（若手 A）の研究資金を基に実施されました。

書誌情報

論文名

Assembly of complex plant–fungus networks.

著者

Hirokazu Toju, Paulo R. Guimarães Jr., Jens M. Olesen, and John N. Thompson

掲載誌

Nature Communications