

微生物群集をデザインして植物を強くする —機械学習でトマト生育を促進する微生物群集を設計・実証—

【発表のポイント】

- AI 技術の一つである機械学習を用いて、植物の生育を促す微生物コミュニティを「設計」する新しい手法を開発。この手法で設計した微生物コミュニティが、実験室の高温条件下および屋外の農地環境でトマトの生育を向上させることを実証
- マルチオミクス解析^(注1)により、植物の高温耐性に関連する遺伝子や微生物を見出し、作用の仕組みの一端を解明
- 近年深刻化する高温などの環境条件による農作物の生育・収量低下を抑える新たな微生物資材の開発に期待

【概要】

植物の生育を促す有用な微生物は数多く見つっていますが、複数の微生物をどのように組み合わせれば高い効果が得られるかを効率的に予測・設計することは困難でした。

青木裕一 東北大学講師、山崎真一 同研究員（現、理化学研究所 研究員）、杉山暁史 京都大学教授、中安大 同研究員、白須賢 理化学研究所グループディレクター、増田幸子 同研究員らの研究グループは、微生物の組み合わせに加えて、微生物の遺伝子情報、植物由来成分、栽培温度などの情報を機械学習で統合し、植物の生育を促す微生物コミュニティを予測・設計する手法を開発しました（図 1）。設計した微生物コミュニティは、実験室での高温条件下および屋外の農地環境（圃場）でトマトの生育を向上させました。さらにマルチオミクス解析により、その効果に関連する植物遺伝子や微生物を見出し、作用の仕組みの一端を明らかにしました。本成果は、有用微生物を「探す」だけでなく、データに基づいて効果的な微生物コミュニティを「設計する」新たなアプローチを示しました。環境変動に強い農業への応用が期待されます。

本成果は 2026 年 8 月 26 日に The ISME Journal 誌に掲載されました。

【詳細な説明】

研究の背景

私たちヒトの健康に腸内フローラ（腸内細菌叢）が重要であるように、植物も多様な微生物とともに生きており、こうした微生物が植物の生育や環境ストレスへの適応を支えています。

近年、環境変動に伴う高温や乾燥などの環境ストレスによる農作物の収量低下が問題となっており、持続可能な食料生産に向けた新たな技術開発が求められています。その解決策の一つとして、植物の根の周りや内部に生息し、植物と共生する微生物群（根圏マイクロバイオータ）の活用が注目されています。根圏の微生物に関してはこれまでも、植物の栄養吸収を助けたり、病害などの生物ストレスや、高温・乾燥などの環境ストレスへの耐性を高めたりするものが知られており、こうした有用微生物をバイオ肥料として農業に活用する試みが行われてきました。しかし、単一の微生物では、農地のように環境が大きく変動する状況での、安定した作物への定着や機能の発揮が難しく、期待した生育促進効果やストレス耐性が十分に得られない場合が多くありました。

そこで近年では、構成する微生物の種類を明確に定めた微生物コミュニティ（Defined Microbial Communities: DMCs^(注2)、Synthetic Communities: SynComともよばれる）を利用するアプローチが急速に発展しています。複数の微生物を組み合わせることで、単独の微生物では得られない相乗効果や、多様な環境下でも安定して機能を発揮することが期待されています。一方で、微生物同士は互いに影響し合うため、従来の試行錯誤による実験では、膨大な組み合わせパターンの中から最適な微生物コミュニティを見つけ出すことは現実的ではありません。さらに、微生物コミュニティの構成や機能は植物由来成分や環境条件によっても変化することが知られています。そのため、これらの情報を統合して、微生物コミュニティの効果を予測して合理的に設計する手法の確立が求められていました。

今回の取り組み

まず、トマトの根から分離した9種類の細菌をさまざまなパターンで組み合わせ、微生物コミュニティを作りました。さらに、2種類の植物由来成分（トマチン^(注3) およびダイゼイン^(注4)）の添加や、栽培温度の条件を変えてトマトを栽培し、生育データを取得しました。得られた高品質なデータセット（サンプルサイズ：微生物コミュニティ構成×栽培温度 = 301通りの条件）を基に、Elastic Net 回帰^(注5)を用いて、トマトの地上部生重量を予測する機械学習モデルを構築しました。モデルの性能比較においては、細菌の組み合わせパターンだけを学習させた機械学習モデルよりも、細菌が持つ遺伝子情報を組み込んだモデルが最も高い予測精度を示しました。この結果は、植物の生育予測において、微生物の種類だけでなく、コミュニティ内のそれぞれの微生物が持つ遺伝

的・機能的特徴を考慮することの重要性を示しています。

次に、構築したモデルを用いて、9 種類の細菌と 2 種類の植物由来成分の全ての組み合わせについて生育促進効果を予測し、その中からトマトの生育促進効果が高いと予測される新しい微生物コミュニティを設計しました。その効果を実験室で検証したところ、設計した 6 種類の細菌から構成される微生物コミュニティ DMC G2 とトマトが生産する植物特化代謝産物であるトマチンを組み合わせた場合、トマトの生育を有意に促進し高温ストレスへの耐性を向上させることが実証されました（図 2）。さらに、屋外の農地環境（圃場）での栽培試験においても、DMC G2 はトマトの地上部生重量を有意に増加させました。これらの結果から、機械学習モデルに基づいて生育促進効果の高い微生物コミュニティを設計できることが示されました。

また、植物の遺伝子発現（トランスクリプトーム）と微生物叢（マイクロバয়োーム）を統合したマルチオミクス解析を行い、DMC G2 による生育促進の仕組みを調べました。DMC G2 を定着させたトマトの根では、高温ストレス下で熱ショック因子（HSF）や熱ショックタンパク質（HSP）遺伝子群の発現が顕著に増加しており、これらの遺伝子を介したタンパク質恒常性の維持が、高温条件下での生育改善に寄与している可能性が示唆されました。さらに、DMC G2 の構成菌の 1 種である *Sphingobium* sp. RC1 株の存在量が、トマトの生育と強く相関することがわかりました。*Sphingobium* sp. RC1 株はトマチンを代謝する能力を持つことから、トマトが根から分泌するトマチンを介した相互作用が、生育促進に関与していることが推察されました。

本研究は、機械学習による設計、実験室での検証、さらに圃場での実証までを一貫して行うことで、データに基づく微生物コミュニティ設計の有効性を示しました。さらに、植物由来の代謝物を介した植物と微生物の相互作用が、環境ストレス下での植物の生育を支える要因の一つであることを示唆する重要な成果です。

今後の展開

本研究で構築した微生物コミュニティ設計法は、データに基づいて有望な微生物の組み合わせを予測・選定するものであり、さまざまな作物や環境条件へ展開可能な技術基盤です。今後はトマトのみならず、トウモロコシ、小麦、ダイズなどの主要穀物や野菜へと適用することが期待されます。また、高温ストレスだけでなく、地球温暖化に伴い深刻化する乾燥や塩害などの環境ストレスや、病害虫などの生物ストレスにも対応できる微生物コミュニティの最適設計を進め、より汎用性の高い技術へと発展させます。さらに、トマチンなどの植物特化代謝物と微生物との相乗効果を活用した微生物資材の開発に繋げることで、変動する圃場環境でも安定した効果を発揮し、植物の頑健な生育を支える技術の確立を目指します。こうした取り組みを通じて、環境変動に強い持続可

能な農業の実現に貢献します。

微生物群集をデザインして植物を強くする

—機械学習でトマト生育を促進する微生物群集を設計・実証—

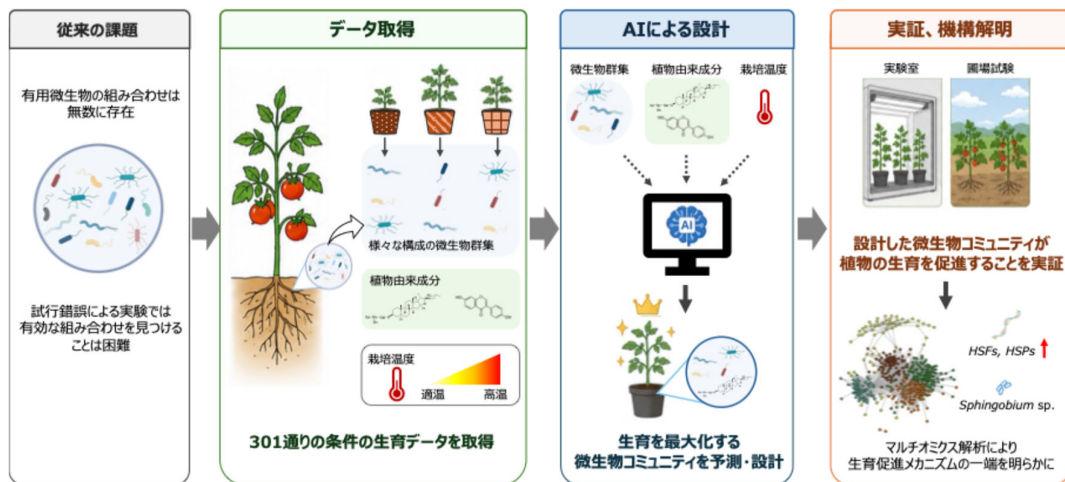


図 1. 本研究の概要。トマト根由来の微生物をさまざまに組み合わせ、植物由来成分や栽培温度を変えて生育データを取得した。それを用いて機械学習モデルを構築し、高い生育促進効果が期待される微生物コミュニティを設計した。設計した微生物コミュニティの効果を実験室および圃場試験で検証するとともに、その作用機構の一端をマルチオミクス解析により明らかにした。

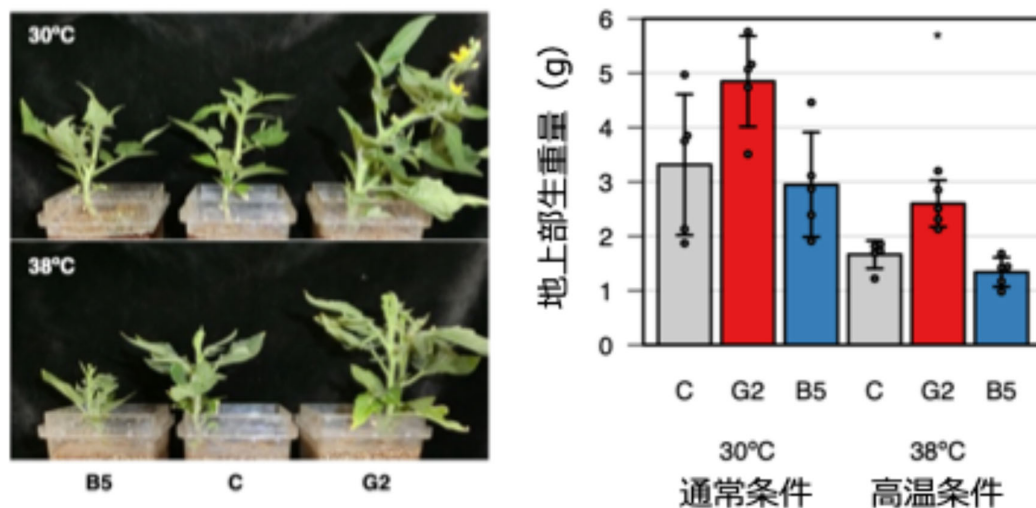


図 2. 構築したモデルに基づいて新たに設計した微生物コミュニティ DMC G2 の検証試験。無接種 (C) や生育を低下させると予測されたコミュニティ (B5) と比べて、DMC G2 (G2) では統計的に有意な生育の向上が確認された。

【謝辞】

本研究は、JST CREST「環境変動に対する植物の頑健性の解明と応用に向けた基盤技術の創出」(JPMJCR15O2、JPMJCR17O2)、JST GteX「GX を駆動する微生物・植物「相互作用育種」の基盤構築」(JPMJGX23B2)、RIKEN TRIP initiative 等の支援を受けて行われました。

【用語説明】

- 注1. マルチオミクス解析：遺伝子発現（トランスクリプトーム）や微生物叢（マイクロバイオーム）など、異なる種類の網羅的な生体情報（オミクスデータ）を組み合わせて解析する手法。
- 注2. Defined Microbial Community (DMC)：自然界の複雑な微生物群集を、限られた種類の微生物で簡略化して再現した人工的な微生物群集。Synthetic Community (SynCom) とよばれ、微生物同士の相互作用や微生物と植物との相互作用を調べるための実験系として利用されています。
- 注3. トマチン：トマトが病原菌や害虫から身を守るために作る植物特有の化学成分（植物特化代謝産物）の一つ。根から土壌中にも分泌され、一部の土壌微生物はこれを分解・利用でき、植物との相互作用に関与することが明らかにされています。
- 注4. ダイゼイン：ダイズが作る植物特化代謝産物の一つ。根から土壌中に分泌され、根粒菌との共生や根の周囲に生息する微生物群（根圏マイクロバイオーム）の形成に関与することが明らかにされています。
- 注5. Elastic Net 回帰：多数の説明変数（予測に利用する情報）を扱う際に、モデルが複雑になりすぎることを抑えながら、予測に重要な変数を選択できる線形型の機械学習手法。

【論文情報】

タイトル：Model-guided design of defined microbial community reveals interactions underpinning plant growth and stress tolerance

著者：Shinichi Yamazaki#, Masaru Nakayasu#, Keiko Kanai, Rie Mizuno, Rumi Kaida, Sachiko Masuda, Arisa Shibata, Ken Shirasu, Atsushi J. Nagano, Yoshiharu Fujii, Akifumi Sugiyama*, Yuichi Aoki* (# co-first authors)

*責任著者：

東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 講師 青木裕一（あおき ゆういち）
京大大学生存圏研究所 教授 杉山暁史（すぎやま あきふみ）

掲載誌：The ISME Journal

DOI：https://doi.org/10.1093/ismejo/wrag219

※本論文は『東北大学 2026 年度オープンアクセス推進のための APC 支援事業』の支援を受け、Open Access となっています。