生態系を制御する「キーストーン種」を探す
―森林地下の共生ネットワークに潜む「隠れた司令塔」―

概要

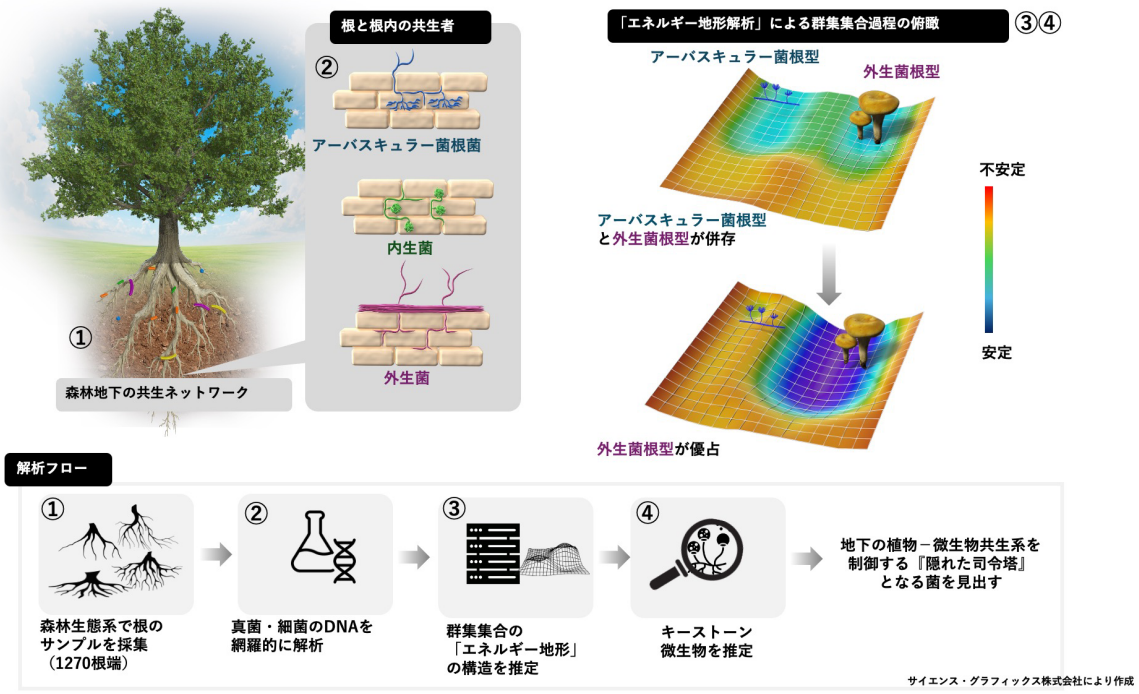
京都大学大学院理学研究科 野口幹仁 元博士課程学生（生命科学研究科で研究指導委託; 現 産業技術総合研究所 研究員）、理化学研究所バイオリソース研究センター 鈴木健大 研究員、京都大学大学院生命科学研究科 東樹宏和 教授らの研究グループは、大量の観測データをもとに、生態系全体の成り立ちを左右する「キーストーン種」を統計的に絞り込む新しい解析手法を開発しました。この手法を、森林の地下で植物に共生する 1 万種を超える微生物の DNA データに適用し、群集全体を組み替える「隠れた司令塔」とも言うべき菌を見出しました。

キーストーン種とは、生態系の中で比較的目立たない存在であっても、群集全体の構造や機能に大きな影響を与える生物を指します。しかし、土壌や植物の根にすむ膨大な数の微生物について、どの種がキーストーン種として働いているのかを実験的に確かめることは非常に困難でした。

本研究では、日本の冷温帯林で採取された 1,270 点の根サンプルから得られた真菌（かび・きのこ類）と細菌（バクテリア）の DNA データを分析した上で、植物根内の微生物叢がどのような状態（構成）を取りやすいのか、「ランドスケープ（地形）」として表現しました。その上で、そのランドスケープの構造を劇的に変化させる種や系統を探索する理論を考案し、スーパー・コンピュータでそのアルゴリズムを実装しました。その結果、これまで森林生態系の主役としてはあまり注目されてこなかった「内生菌」と呼ばれる真菌類が、植物と微生物たちの共生関係の成り立ちを大きく組み替えている可能性が示唆されました。

本成果で開発した手法は、森林に限らず、農地・水圏、さらにはヒトの腸内細菌叢など、複雑な微生物群集の中から、全体を左右する重要な微生物をデータから探索するための汎用的な基盤です。将来的には、森林再生・農業生産・環境浄化・生物叢を利用する産業において、生態系全体を見据えた管理技術や、微生物叢を活用した新産業の創出につながることが期待されます。

本研究成果は、2026 年 10 月 28 日に国際学術誌「*Nature Communications*」にオンライン掲載されました。



研究の概念図　©京都大学

１．背景

森林の地下には、植物の根、菌類、細菌、原生生物、土壌動物など、多様な生物がつくる複雑な生態系が広がっています。とくに植物の根にすむ菌類や細菌は、植物の栄養獲得、病原体への抵抗性、土壌中の物質循環、炭素貯留などに深く関わっています。

このような複雑な生態系のふるまいを理解する上で重要な概念の一つが「キーストーン種」（**※1**）です。キーストーン種とは、その有無や存在量が生態系全体に大きな影響を与える種を指します。たとえば、食物連鎖の頂点に立つ捕食者や植物の花粉を運ぶ送粉者などが、生態系の構造や機能を大きく左右するキーストーン種として研究されてきました。

しかし、生態系の動態を左右するのはそうした目につきやすい動物や植物ばかりではありません。生態系内に存在する無数の微生物たちの中にも、「隠れた」キーストーン種が含まれていると考えられます。

微生物群集の中からキーストーン種を見つけ出すことは容易ではありません。森林の根には膨大な数の菌類や細菌が共存しています。その一つ一つを取り除いたり加えたりして生態系全体への影響を調べるような実験は、森林のような巨大な対象では不可能です。特に、植物の根にすむ微生物の多くは培養が難しく、実験操作には適していません。

一方で、近年の DNA 解析技術の発展により、森林地下にすむ微生物の多様性を大量のデータとして把握できるようになってきました。そこで本研究では、微生物群集の大規模データを取得した上で、植物と根圏微生物の共生関係全体を左右する候補微生物を統計的に見つけ出す新しい方法を開発しました。

２．研究手法・成果

本研究では、長野県・菅平の冷温帯林において採取された 1,270 点の根サンプルを対象に、根に共生する菌類と細菌の群集構造を DNA メタバーコーディング（**※2**）により解析しました。この森林では、マツタケのような「外生菌根菌」と呼ばれる真菌類と共生する植物（アカマツ、シラカンバ、カラマツ）と、外生菌根菌だけでなく「アーバスキュラー菌根菌」という真菌類とも共生できる植物（ヤマナラシ、イタヤカエデ、オニグルミ）が生育しています（「菌根共生」**※3**）。これら 6 種の植物の根から検出された微生物は、真菌が 2,249 種類、細菌（およびアーキア）が 12,479 種類に上りました。

真菌と細菌を合わせると、15,000 種近くの微生物が同じ森林の根の中に共存していることになります。1,270 点にのぼるサンプルからこれら膨大な微生物のつながりを解析するには、大量のデータを扱う統計解析と大規模な計算が必要となります。本研究では、これらをスーパー・コンピュータ上で実装することで、その中から生態系全体を左右する候補となる微生物を統計的に絞り込みました。

エネルギー地形による微生物群集の可視化

まず、真菌類と細菌類の群集がどのような状態を取りやすいかを、「エネルギー地形解析」（**※4**）という統計手法で分析しました。この手法では、微生物群集の状態をランドスケープ（地形）のように表し、この地形上で谷の底に相当する部分は、実際に観測されやすい群集状態として捉えます（「安定状態」）。複雑な微生物群集のふるまいを「地形」として俯瞰する考え方は、微生物叢の急激な変化や安定性を理解する枠組みとして整理されてきました（「関連する過去の研究成果発表」を参照）。

解析の結果、植物根内に生息する真菌群集のエネルギー地形内では、外生菌根菌が優占する状態と、アーバスキュラー菌根菌が関わる状態など、複数の安定状態が存在すると推定されました。また、細菌群集のエネルギー地形内では、根に一般的に存在する細菌を中心とする状態、プロテオバクテリア類（Pseudomonadota）の多い状態、放線菌（Actinomycetota）の多い状態の 3 つに大きく安定状態が分類されました。

キーストーン種候補を探索する新しい統計解析手法

次に、個々の真菌／細菌の存在量が変化したときに、ランドスケープ全体の形がどの程度変わるかを調べました。もし、ある微生物の存在量が変わることで、谷の数や位置、深さ、広がりが大きく変化するなら、その微生物は群集全体の構造を左右する可能性があります。

本研究では、この発想に基づき、ランドスケープの形の変化を定量する指標を考案しました。従来、微生物群集の中から重要な種を推定する際には、どの微生物が多いか、あるいはどの微生物どうしが一緒に現れやすいか（共起関係）といった手がかりが主に用いられてきました。本手法は、これらの考え方をさらに一歩進め、群集全体の「組み立てのルール」そのものを大きく組み替える種や系統を評価できる点に特色があります。これにより、単に量が多い微生物ではなく、生物群集の動態を制御している可能性がある種や系統を探索できるようになりました。この手法の開発により、微生物に限らずあらゆる生物について、生態系の「キーストーン」（要石）となっている度合いを推定することが可能になりました。

内生菌が「知られざるキーストーン種」である可能性

解析の結果、森林地下の真菌群集を大きく左右する候補として、「内生菌」（**※5**）と総称される真菌類が浮かび上がってきました。また、その内生菌のうち一部は、細菌のエネルギー地形の構造にも大きな影響を与えることがわかりました。一方、細菌側では、土壌中に広く分布する *Candidatus* Solibacter や *Candidatus* Udaeobacter といった細菌が、細菌群集の状態を一貫して大きく左右する候補として浮かび上がりました。

内生菌とは、植物の組織内に共生しながら、菌根菌のように形態的に目立つ共生組織を形成しない菌類です。これまで、森林生態系の共生を考える際には、外生菌根菌やアーバスキュラー菌根菌が大きく注目されてきました。一方で、内生菌は植物の根に広く存在するにもかかわらず、生態系全体を左右する存在としては十分に評価されてきませんでした。

本研究では、*Oidiodendron*、*Cladophialophora*、*Phialocephala*、*Pezicula*、*Meliniomyces* などの内生菌が、植物根内の真菌群集のランドスケープ構造と強く関連していることが示されました。たとえば、*Oidiodendron* の存在量が増えるにつれて、カエデ類の根におけるアーバスキュラー菌根型の状態が外生菌根型の状態へと置き換わる傾向が見られました。また、*Cladophialophora* や *Pezicula* も、菌根共生の状態の違いに関わるエネルギー地形の変化と関連していました。

これらの結果は、内生菌が単なる「根の中にいる目立たない菌」ではなく、森林の地下に拡がる植物と微生物類の共生系全体を組み替える「隠れた司令塔」として働いている可能性を示しています。

ヨーロッパ森林データによる独立検証

さらに、本研究では、日本の森林データから見出されたキーストーン微生物の候補が、他地域の森林でも重要な役割を果たしているのか分析しました。この検証のため、中央イタリアから北部ノルウェーに至る広い地理範囲で取得されたヨーロッパ森林の根微生物データを解析しました。このデータには、真菌・細菌の DNA 情報に加えて、アーバスキュラー菌根菌や外生菌根菌が根にどの程度定着しているかを顕微鏡観察によって測定した情報が含まれていました。

その結果、日本の森林データでキーストーンとして浮かび上がった微生物のうち、複数の真菌・細菌が、ヨーロッパ森林における菌根菌の根への定着率と有意に関連していました。具体的には、アーバスキュラー菌根菌の定着率については、解析対象とした 14 属の真菌のうち 6 属、13 属の細菌のうち 8 属が有意な関連を示しました。また、外生菌根菌の定着率については、14 属の真菌のうち 5 属、13 属の細菌のうち 5 属が有意な関連を示しました。

これにより、日本の森林で見つかった候補キーストーン微生物が、地理的に離れたヨーロッパ森林においても菌根共生の状態と関連することが示されました。

３．波及効果、今後の予定

本研究は、森林地下の微生物群集の中から、生態系全体の構造を左右する候補微生物を、大量の観測データと大規模計算を組み合わせたデータ駆動型の研究アプローチで見つけ出す新しい枠組みを提示するものです。これまで、微生物叢研究では「どの微生物がいるか」「どの微生物が多いか」を調べる研究が中心でした。しかし、生態系の機能や安定性を理解するためには、量が多い微生物だけでなく、生物群集の動態を駆動するルール自体を組み替える微生物に注目する必要があります。本研究で開発した手法は、そのような「生態系全体のルールを動かす微生物」を探索するための道具となります。

特に本研究では、これまで外生菌根菌やアーバスキュラー菌根菌に比べて注目されにくかった内生菌が、森林地下の共生ネットワークを大きく左右する可能性が示されました。今後、内生菌の働きを詳しく調べることで、森林の成長、植生遷移、土壌炭素循環、森林再生における新たな制御点が見つかる可能性があります。

また、この手法は森林生態系だけでなく、農地、草地、水圏、ヒト腸内など、多様な微生物生態系にも応用できる可能性があります。言いかえれば本研究は、「複雑な微生物群集の中から、全体を左右する重要な微生物を見つけ出す技術」であり、対象は森林に限りません。将来的には、森林の再生、持続的な農業や環境の保全、微生物叢の安定性を高める技術、病害が起こりにくい農地管理、劣化した生態系の再生、医療・農業・工業における機能的な微生物群集の設計などに貢献することが期待されます。

４．研究プロジェクトについて

科学技術振興機構（JST）戦略的創造研究推進事業 CREST「データ駆動・AI 駆動を中心としたデジタルトランスフォーメーションによる生命科学研究の革新」領域 採択課題：「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」（研究代表者：東樹宏和）[JPMJCR23N5]

＜用語解説＞

※1 キーストーン種

生態系の中で、その量や見かけ上の目立ちやすさに比べて、群集全体の構造や機能に大きな影響を与える種を指す。石造りのアーチの中央にある「要石（keystone）」が全体を支えることに由来する概念。

※2 DNA メタバーコーディング

環境中や生物組織中に含まれる DNA を大規模に解析し、そこに存在する生物種や分類群を網羅的に推定する技術。次世代シーケンサーを用いることで、土壌、根、腸内、水圏などにすむ多様な微生物を一度に調べることができる。

※3 菌根共生

植物の根と菌類がつくる共生関係。菌類は土壌中からリンや窒素などの栄養分を吸収して植物に供給し、植物は光合成で得た炭素化合物を菌類に与える。代表的なものに、アーバスキュラー菌根、外生菌根、エリコイド菌根などがある。

※4 エネルギー地形解析

多様な生物種からなる群集について、種の組み合わせごとの観測されにくさを「エネルギー」という指標に変換し、群集状態の全体像を地形のように表現する解析。エネルギーが低い谷に相当する部分は、実際に観測されやすい安定的な群集状態を表す。一方、谷と谷の間にある山や尾根は、ある群集状態から別の群集状態へ移

りにくいことを示す。この解析により、複雑な生物群集が取りうる複数の状態や、状態間の変化のしやすさを俯瞰的に理解できる。

※5 内生菌

植物の根、茎、葉などの組織内にすむ真菌類の総称。病気を引き起こさずに植物体内に存在するものも多く、植物の栄養獲得、ストレス耐性、他の微生物との相互作用に関わる可能性がある。一方で、形態的に目立たないため、生態系全体での役割は十分に解明されていない。

＜関連する過去の研究成果発表＞

- 日本農地における安定な土壌微生物群集を推定―細菌・真菌群集の安定状態とその機能―（2025 年 03 月 13 日）: https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2025-03-13-0
- 生態系の動態を予測・制御するデータ分析の体系化―微生物叢の「崩壊」はなぜ起こるのか―（2026 年 04 月 15 日）: https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2026-04-15
- 「ゆらぎ」の操作による微生物叢制御―微生物叢遷移の再現性を制御する―（2026 年 05 月 07 日）: https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2026-05-07-4
- 日本列島の多様な菌から農業利用可能なものを選別 －植物 150 種と真菌 8,080 系統からなる巨大ネットワーク・データ－（2018 年 07 月 02 日）: https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2018-07-02

＜研究者のコメント＞

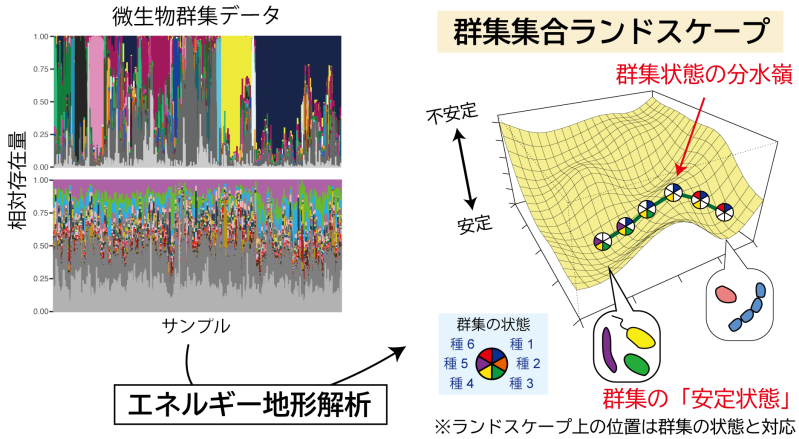
直径 1 mm にも満たない植物の根一本の中には、多様な微生物が共存しています。これまで、その中でも強固な関係性が知られる菌根菌など一部の微生物に注目が集まる一方で、それらと相互作用しながら群集を形づくる大多数の微生物の役割は十分に理解されていませんでした。今後は、本研究で見出した「キーストーン種」に着目することで、森林生態系を地下から支える微生物群集がどのような仕組みで形成・維持されているのかを明らかにし、森林生態系の動態への理解がさらに深まることを期待しています。また、本研究で提案した解析手法をさまざまな生態系へ展開することで、微生物群集を理解・予測・制御するための基盤技術の構築にもつなげていきたいと考えています。（野口幹仁）

＜論文タイトルと著者＞

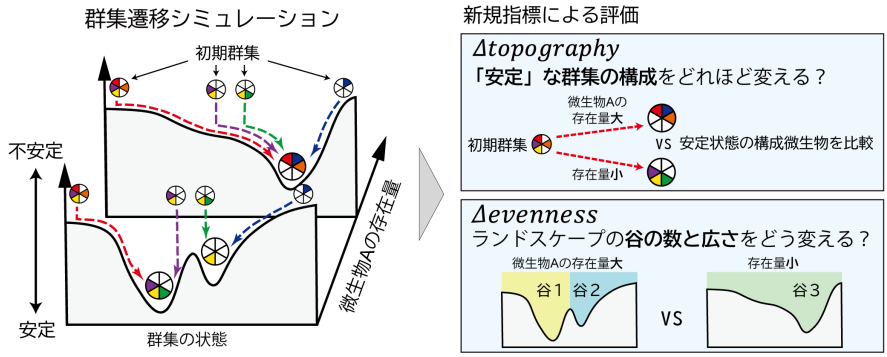
タイトル： Statistical inference of keystone taxa reshaping the assembly rules of forest root microbiomes
著　　者： Mikihito Noguchi, Kenta Suzuki, Hiroaki Fujita, and Hirokazu Toju
掲 載 誌： *Nature Communications*　　DOI：10.1038/s41467-026-78401-3

＜参考図表＞

長野県・菅平の森林における調査風景



ランドスケープ改変量に基づく「キーストーン種」探索フレームワーク



「キーストーン種」探索手法の概要