

# 草原植物が支える共生微生物の驚くべき多様性

## — 草原生態系は微生物資源の「銀行」 —

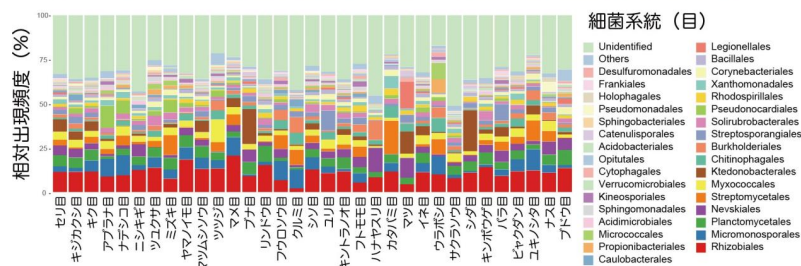
### 概要

京都大学生態学研究センター 東樹宏和准教授、森林総合研究所 黒川紘子 主任研究員および筑波大学山岳科学センター 田中健太 准教授らの研究グループは、植物の種多様性が極めて高い長野県菅平高原において137種の植物を網羅的に調査し、その葉や根に膨大な種類の細菌（バクテリア）と真菌（かび・きのこ・酵母類）が共生していることを見出しました。

現在、日本各地で急速に草原が失われつつあります。その一方で、草原生態系に関する人類の知識はまだ乏しく、草原が私たちに与えてくれる潜在的な機能やサービスに関して未解明な点が多々残されています。

今回、植物の葉や根に共生する微生物の集まり（微生物叢）を網羅的に分析するため、「DNA メタバーコーディング」という手法を適用しました。その結果、日本列島でわずかな面積しか残されていない草原生態系に無数の微生物が息づき、人類社会存続の要とも言える創薬や持続可能型農林業への応用が期待される微生物が数多く含まれることが判明しました。137種の植物種ごとに示された微生物叢のデータは、それぞれの植物種を保全する意義の客観的評価につながると期待されます。

本研究成果は、2019年2月20日に国際学術誌「Frontiers in Microbiology」にオンライン掲載されました。



図：菅平高原の草原生態系とその植物共生微生物叢（抜粋）

## 1. 背景

草原生態系は生物多様性の宝庫と言えます。多数の植物種に加え、その花を訪れる蜂や蝶、植物の葉や茎を食べる多様な昆虫、さらに、昆虫や小型哺乳類を捕食する鳥類・哺乳類が草原生態系に息づいています。

しかし、現在、地球上の至るところでこうした生物多様性の高い草原生態系が減少しつつあります。熱帯雨林をはじめとする森林生態系の減少については、これまでさかんに警鐘が鳴らされてきました。いっぽうで、草原生態系が失われた際に、人類が一体何を失ってしまうのか、客観的に判断するためのデータが不足していました。

そこで、本研究プロジェクトでは、多様な植物種で構成される草原が管理されている長野県菅平高原において、草原生態系が「隠し持つ」生物多様性の潜在的価値に着目しました。近年の研究で、植物の根（や葉）に無数の微生物が共生していることがわかってきています（\* 1～2）。こうした微生物たちの中には、農業に役立ったり（\* 3～5）、新しい医薬品を作るものになったりするものが含まれています。このような膨大な未利用資源が、草原の消失とともに未知のまま失われつつあります。

そこで、これまであまり人の目を引くことがなかった「植物に共生する微生物たち」の多様性を解明することで、草原生態系が持つ潜在的価値を評価することを目指しました。植物に共生する微生物の集まり（微生物叢）を解明する試みはこれまでも行われてきましたが、少数の植物種を対象としたものばかりで、草原生態系全体に出現する植物を網羅的に対象とした研究は皆無でした。

## 2. 研究手法・成果

植物体内には、植物のゲノム DNA だけでなく、共生する微生物の DNA も含まれています。東樹准教授らは、「DNA メタバーコーディング」（もしくは単純に DNA バーコーディング）という手法を整備し（\* 6）、これまでにさまざまな森林生態系において、植物とその共生微生物の関係性を解明してきました（\* 1～5）。この手法を草原生態系に応用することで、知られざる植物共生微生物の多様性を網羅的に調査しました。

日本中で草原生態系が減少してしまった現在、研究対象とした長野県菅平高原は、極めて植物多様性の高い草原が残っているという点において貴重な地域と言えます。これまで地元の有志や田中筑波大学准教授らの努力により、この草原における生物多様性の解明が進められるとともに、草原生態系をどのように残して行くのが議論されてきました。この活動の一環として、「草原生態系をまるごと対象として微生物資源を評価しよう」というプロジェクトが立ち上がり、「DNA メタバーコーディング」による大規模分析が実施されました。

2017年7月から9月にかけて野外調査を実施し、33目137種の植物をサンプルとして収集することができました。それぞれの植物種の根と葉について、共生する細菌類（バクテリア）および真菌類（きのこ・かび・酵母）を「DNA メタバーコーディング」で分析したところ、7,991系統もの細菌（およびアーキア：古細菌）と5,099系統もの真菌が検出されました。この膨大なデータを分析したところ、植物の成長を促進することが期待される微生物や、医薬品の原料となる物質を生産する可能性がある微生物が多数含まれていました。また、日本での報告事例が極めて少ない菌も含まれていました。

### 3. 波及効果、今後の予定

本研究により、「失われつつある草原生態系の中に、地球規模の課題に立ち向かうための資源が眠っている」ことが示唆されました。地球温暖化によって気象イベントが過酷化し、新たな病害生物系統が世界中で発生しつつある現在、植物に共生する微生物叢の利用が注目を集めつつあります（\*3）。また、多剤耐性菌が世界各地で現れ、「ありきたりな感染症で命を落とす時代」の到来が懸念される今、知られざる微生物たちが隠し持つ創薬リソースに再び注目が集まりつつあります。

植物種ごとにどのような微生物が共生しているのか、さらにデータを蓄積していけば、草原生態系という微生物資源の「銀行」の中から、必要に応じて機能性の高いものを引き出していくことができるでしょう。今回の「DNA メタバーコーディング」分析はまだ簡易分析の段階であり、サンプル数と分析する DNA データの量を今後拡大していく予定です。また、黒川紘子 森林総合研究所主任研究員が中心となって、「どのような形質を持った植物にどのような微生物が多く共生するのか」を解明するためのデータベース構築が進められており、今後、植物の形質と微生物叢の関連性が明らかになると期待されます。

### 4. 研究プロジェクトについて

JST さきがけ（代表：東樹宏和：2016/10~）

科学研究費 基盤 B (17H03736) (黒川紘子：2017-2020)

筑波大学山岳科学センター機能強化推進費（田中健太）

#### <研究者のコメント>

DNA メタバーコーディングという先端技術と、137 種の植物を探してスコップをふるう泥臭いローテクの組合せが、この成果を可能にしました。炎天下の草原で行った調査は過酷を極め、実験室に戻ってからも3人で深夜までサンプルの処理を続けました。しかし、ふと草原を見渡すと、無数の植物種が花を咲かせ、蜂や蝶が飛び交い、時を忘れるような光景が広がっていました。美しい草原生態系の中には、人類がまだほとんど何も知らない魅惑的な共生微生物叢の世界が存在します。そしてそこに、私たち人類の生存を支えていく可能性を秘めた未開拓の「資源」が眠っています。草原生態系の意義は多面的です。その多面的な価値を見つめつつ、どうしたら草原生態系が次世代の人類へと受け継がれていくのか、考えて行きたいと思います。

#### <関連する先行研究成果>

\* 1 「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」

[http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research\\_results/2014/141001\\_3](http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2014/141001_3)

\* 2 「植物を支える「共生ネットワーク」は地上と地下で構造が違う – 見えてきた地下生物圏の構造 –」

[http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research\\_results/2015/151024\\_1.html](http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2015/151024_1.html)

\* 3 「コア共生微生物で持続可能な農業生態系を設計する – 微生物叢の機能を最大化する新たな科学的戦略を提案 –」

[http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research\\_results/2018/180501\\_2.html](http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2018/180501_2.html)

\* 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 8080 系統からなる巨大ネットワーク・データ―」

[http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research\\_results/2018/180623\\_1.html](http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2018/180623_1.html)

\* 5 「植物体内の共生菌社会を動かす中心核 ―農業における微生物利用の新たな戦略―」

[http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research\\_results/2015/160309\\_1.html](http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2015/160309_1.html)

\* 6 「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」

[http://www.kyoto-u.ac.jp/static/ja/news\\_data/h/h1/news6/2013\\_1/131016\\_1.htm](http://www.kyoto-u.ac.jp/static/ja/news_data/h/h1/news6/2013_1/131016_1.htm)

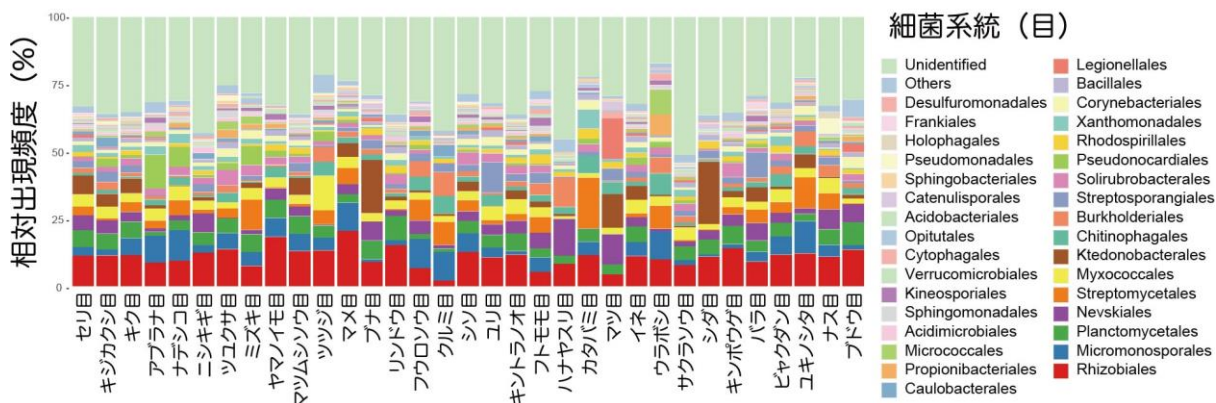
<論文タイトルと著者>

タイトル：Factors influencing leaf- and root-associated communities of bacteria and fungi across 33 plant orders in a grassland (草原に出現する植物 33 目の葉と根に共生する微生物叢とその決定要因)

著者： Hirokazu Toju (東樹宏和)、Hiroko Kurokawa (黒川紘子)、Tanaka Kenta (田中健太)

掲載誌： DOI : 10.3389/fmicb.2019.00241

<イメージ図>



図：菅平高原の草原生態系とその植物共生微生物叢 (抜粋)