

世界初のイネ根圏微生物叢の網羅的 1 細胞ゲノム解析に成功

—コメ生産現場が抱える問題のデータベース化に向けて—

概要

京都大学大学院農学研究科の青木航 助教、同大学産官学連携本部 植田充美 特任教授、同大学 間藤徹 名誉教授（兼 京都農業の研究所所長）、早稲田大学大学院先進理工学研究科 竹山春子 教授、細川正人 同准教授、JST-COI-NEXT 松田修平 研究員らの共同研究グループは、微小なカプセルに微生物を閉じ込めて 1 細胞レベルでゲノムを解読する技術を活用し、宮内庁修学院離宮のイネの圃場を用いた実水田で、世界で初めて、イネの根圏微生物叢のゲノム情報を 1 細胞レベルで網羅的に明らかにすることに成功しました。本成果は、イネと微生物叢の相互作用を理解する上で必須のゲノムデータベースとなります。コロナ禍やウクライナ事件で、需要が伸びてきているものの、地球環境保全からは、水田からのメタンガス放出による温暖化への影響など、地球上でのコメ生産における研究の重要性は増してきています。将来的には、イネの生育を促進する微生物叢デザインや、水田からのメタン発生を抑制するための微生物叢デザインなど、持続可能な農業の実現に向けて大きく貢献すると期待されます。

本成果は、2022 年 11 月 3 日（現地時刻）に国際学術誌「Frontiers in Microbiology」にオンライン掲載されました。



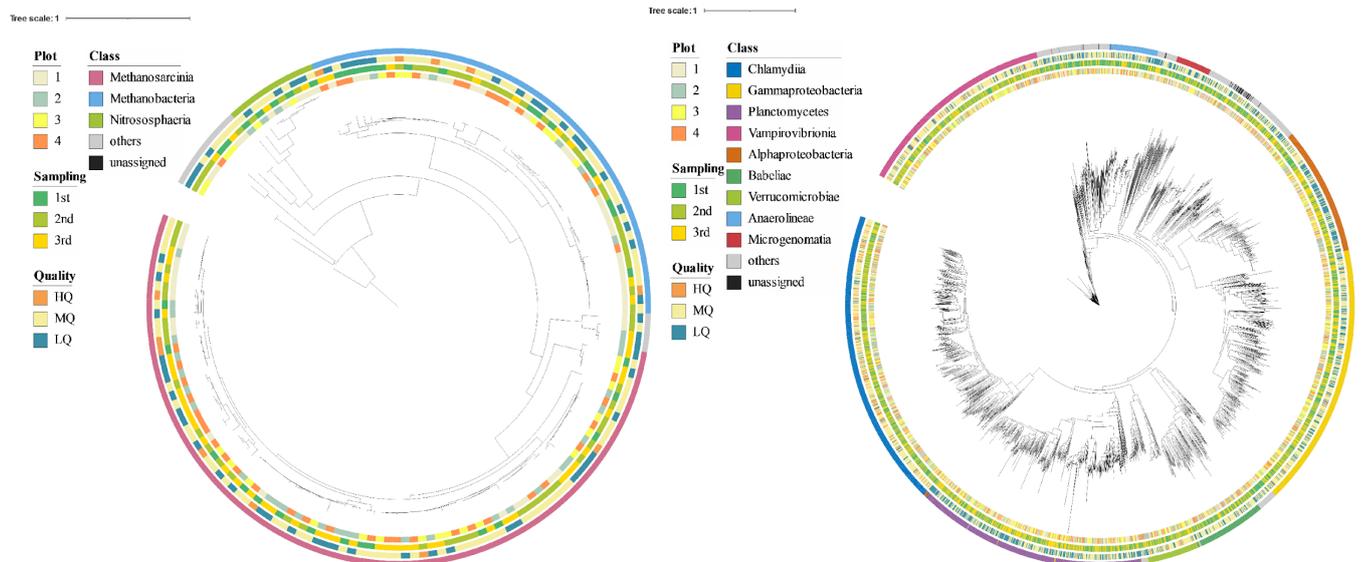
宮内庁修学院離宮内圃場

7 月：幼穂形成

根圏微生物叢サンプル採取

10 月：収穫

取得された微生物叢ゲノムの系統樹



1. 背景

イネは世界で最も重要な作物の一つです。そのため、イネの成長を促進する微生物叢（バイオスティミュラント）を開発できれば、より低い環境負荷でのイネの栽培が可能となり、日本では食料自給率の最も高い作物とした、食料安全保障に大きく貢献すると期待されます。先行研究では、イネの根圏微生物叢のゲノム

情報を取得するために、ハイスループットシーケンサーを用いたメタゲノム解析が行われてきました。しかし、メタゲノム解析では個々の生物種のゲノム情報の全体像は得られないため、イネと微生物叢の相互作用を正確に理解することはできません。メタゲノムを用いたアプローチ以外にも、微生物を単離培養し、ゲノムを解読するアプローチも試みられてきました。しかし、大半の微生物は培養できないことが知られており、このアプローチでは微生物叢の全体像を明らかにすることはできません。そこで、微生物を培養する必要なく、イネ根圏の個々の微生物のゲノムを網羅的に1細胞レベルで決定する手法が求められていました。

2. 研究手法・成果

本研究では、イネ根圏微生物叢のゲノム情報を1細胞レベルで網羅的に決定するためのパイプラインを確立しました。具体的には、宮内庁修学院離宮の圃場において、水田土壌のイネ根圏土壌から微生物叢を回収するプロトコルを最適化しました。また、回収された微生物叢に含まれるひとつひとつの細胞をマイクロ流体で生成したゲルカプセルに封入し、超並列全ゲノム増幅法を用いてゲノム配列を網羅的に決定することに成功しました。最適化したプロトコルを用いることで、イネ根圏から一度の実験で3,237個のゲノム情報(single-amplified genome; SAG)を得ることに成功しました。

3. 波及効果、今後の予定

本研究では、イネ根圏微生物叢のゲノム情報を大規模に取得することに世界で初めて成功しました。本研究は、イネとその根圏微生物叢の機能的連関をより深く理解することを可能とし、さまざまな波及効果を持つと期待されます。例えば、イネの生育を促進する根圏微生物叢を発見・活用することで、単位面積あたりの収量を増やし、化石資源に由来する肥料の使用量を減らせるようになる可能性があります。また、水田は多量のメタンを生産し、地球温暖化に影響を与えていることが知られています。得られたゲノム情報を活用することで、メタンを生産しにくい微生物叢がデザインできる可能性があります。SDGsで農業DXとしてとらえられている持続可能な農業とその展開による食糧増産を実現する上で大きく貢献すると期待されます。

4. 研究プロジェクトについて

本件研究は、JST COI-NEXT (Grant number JPMJPF2008)の支援と、京都大学、京都農業の研究所、早稲田大学、ワールドインテックの連携のもとで実施されました。

<用語解説>

- 根圏微生物叢：微生物集団の全体を示す用語。イネ根圏微生物叢は、作物周辺のバルク土壌と比較して、イネの根の近傍あるいは、表面に存在する微生物集団の全体を示す。
- メタゲノム解析：微生物叢のゲノムをまとめて精製し、どのような遺伝子配列が含まれているか解読すること。個々の微生物のゲノム全体を再構成することは難しい。
- 1細胞ゲノム解析：細胞をひとつずつ単離し、そのゲノム情報を解読すること。個々の微生物のゲノム全体の情報を取得することができる。
- Single-amplified genome; SAG：単離した1細胞からゲノムを増幅して解読したゲノム情報。
- SDGs (Sustainable Development Goals=持続可能な開発目標)：国連憲章で提唱されている17項目の目標
- 農業DX：デジタルデータを活用して、第1次産業の農業を第6次産業として復興発展させる技術

<研究者のコメント>

イネは人類にとって最も重要な作物のひとつであり、コメとしての食糧供給の持続可能な社会を構築する上で、より低い環境負荷でイネを栽培できるようにすることが重要です。我々は、イネ根圏の微生物叢のゲノム情報を 1 細胞レベルで網羅的に明らかにすることに成功しました。このゲノムデータベースを拡張・利用することで、イネの栽培に資する有用微生物叢の発見・応用を加速させると期待されます。

<論文タイトルと著者>

タイトル：Massively parallel single-cell genomics of microbiomes in rice paddies (水田微生物叢の超並列 1 細胞ゲノム解析)

著者：Wataru Aoki, Masato Kogawa, Shuhei Matsuda, Keisuke Matsubara, Shintaro Hirata, Yohei Nishikawa, Masahito Hosokawa, Haruko Takeyama, Toru Matoh, Mitsuyoshi Ueda

掲載誌：Frontiers in Microbiology DOI：10.3389/fmicb.2022.1024640

<参考図表>

Figure 1

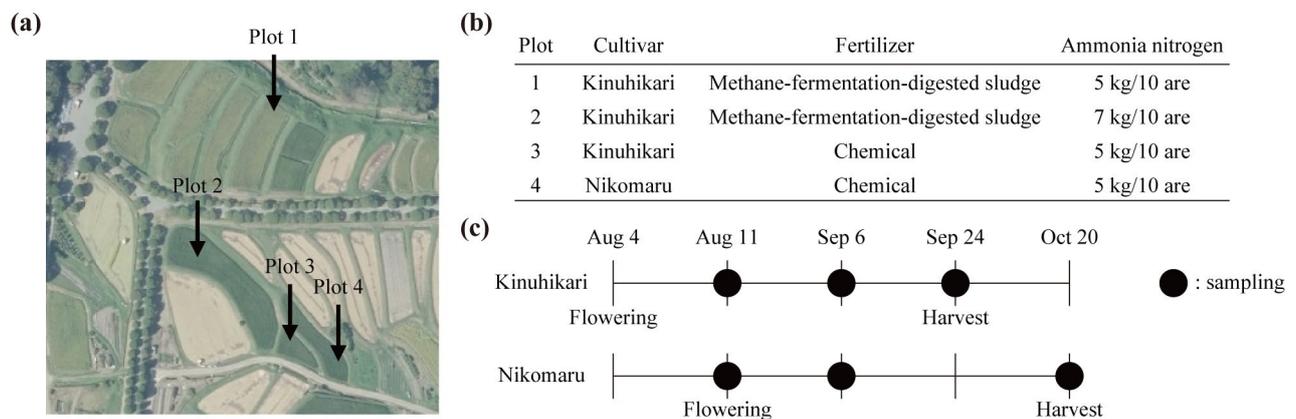


図1 イネの栽培地全景 (宮内庁修学院離宮圃場)

- (a) 水田の位置
- (b) 施肥条件
- (c) 微生物叢のサンプリングスケジュール

Figure 3

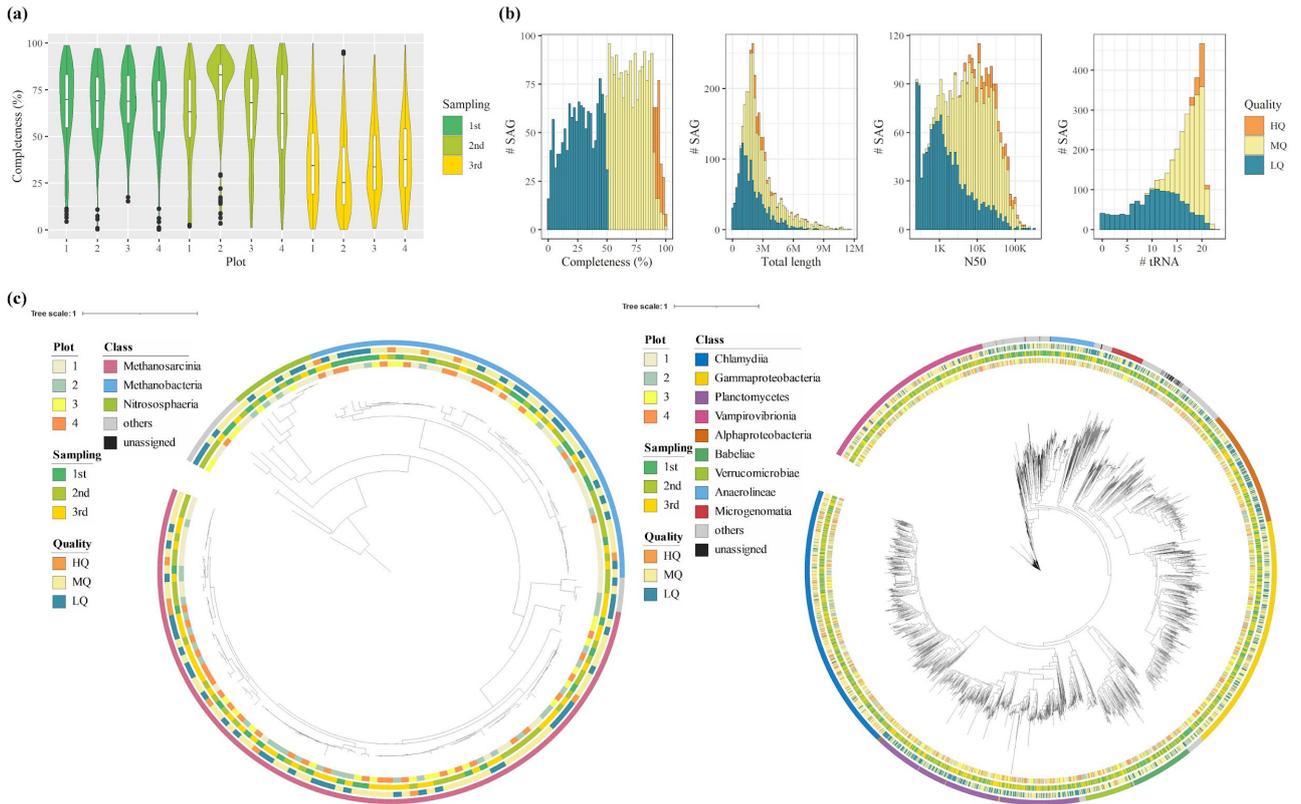


図3 イネ根圏微生物叢の網羅的1細胞ゲノム解析

- (a) 1細胞ゲノム解析により得られたゲノムの質
- (b) ゲノム品質の評価
- (c) 取得された微生物叢ゲノムの系統樹