

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—

概要

京都大学 生命科学研究科 統合生命科学専攻 藤田博昭 助教と東樹宏和 教授は、日本全国の農地を対象として、土壌中の細菌および真菌群集の構造（組成）が安定した状態にあるかどうかを俯瞰的に評価しました。

生態系内では、様々な生物種がお互いに関わり合っています。この関わり合いにおける「相性」によって、落ち着きどころよい種組成（「安定状態」）へと生物群集の構造が向かっていくと考えられます。ただ、生物群集の組成が落ち着く先は、1つとは限りません。ボールが凸凹した地形を転がって、別の凹地へと向かっていくように、複数の安定な状態があるかもしれません。こうした複数の安定な状態を、生態学では「代替安定状態」と呼びます。

土壌中の微生物叢（群集）は極めて複雑な研究対象であるため、これまでこの「代替安定状態」の存在について明確に答える試みがありませんでした。本研究では、統計力学のイジングモデルを応用した「エネルギー地形解析」と呼ばれる分析手法を日本全国各地で収集された約 1,500 土壌サンプルの大規模データに適用し、群集構造と安定性の関係性を明らかにしました。

その結果、細菌および真菌のそれぞれについて、群集構造の代替安定状態の存在を確認することができました。また、こうした土壌微生物の代替安定状態の中には、作物種の健康にプラスに寄与するものとマイナスに寄与するものがあることが示唆されました。つまり、病気が出にくい微生物種の組成で安定した畑と、病気が出やすい微生物種の組成で安定してしまった畑、といった、生態系レベルでの機能が異なる代替安定状態が存在することが明らかになりました。

本成果を土台として微生物叢の安定状態に関する知見を深めることで、総合的な農地生態系の管理への道が拓かれると期待されます。例えば、農地土壌を病徴がでにくい安定状態に留めたり、病気が出やすくなってしまった土壌を健全な安定状態へと誘導したりする上で、どういった農地管理が適切であるか、俯瞰的に把握することが可能となります。

本研究成果は、2025年3月6日に、国際学術誌「*Environmental Microbiome*」にオンライン掲載されました。

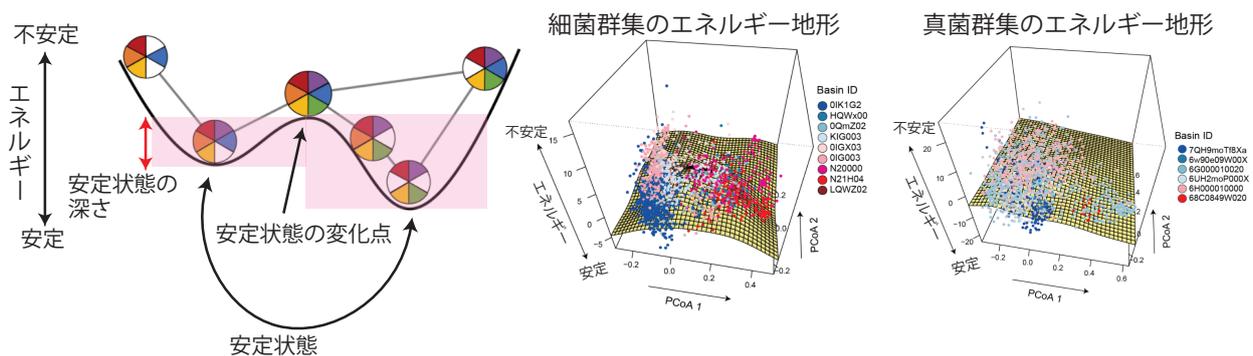


図. エネルギー地形解析の概念図（左）と土壌微生物群集のエネルギー地形（右）

1. 背景

生態系内では、様々な生物種がお互いに関わり合っています。この関わり合いにおける「相性」によって、落ち着きどころよい種組成（「安定状態」）へと生物群集の構造が向かっていくと考えられます。

ただ、生物群集の組成が落ち着く先は、1つとは限りません。ボールが凸凹した地形を転がって、別の凹地へと向かっていくように、複数の安定な状態があるかもしれません。こうした複数の安定な状態を、生態学では「代替安定状態」（※1）と呼びます。

この代替安定状態は、植物群集等を対象とした研究でその存在が検証されてきました。しかし、微生物叢（微生物群集）のような、極めて種の多様性が高い複雑なシステムについては、群集レベルの安定性を評価すること自体が困難とされてきました。

2. 研究手法・成果

本研究では、近年開発された統計力学のモデルを生態学に拡張したエネルギー地形解析（※2）を用いて、土壌中の細菌・真菌群集の代替安定状態を解析しました（図1）。エネルギー地形解析は、種の共起関係と環境嗜好性に基づき、観測確率が高い種組成を統計的に探索する手法です。野外で観測されやすい群集は、安定な群集であると考えられますが、連続的に変化する種組成の「空間」上でどのようにこの安定性が変化するかをエネルギー地形解析で俯瞰することができます。

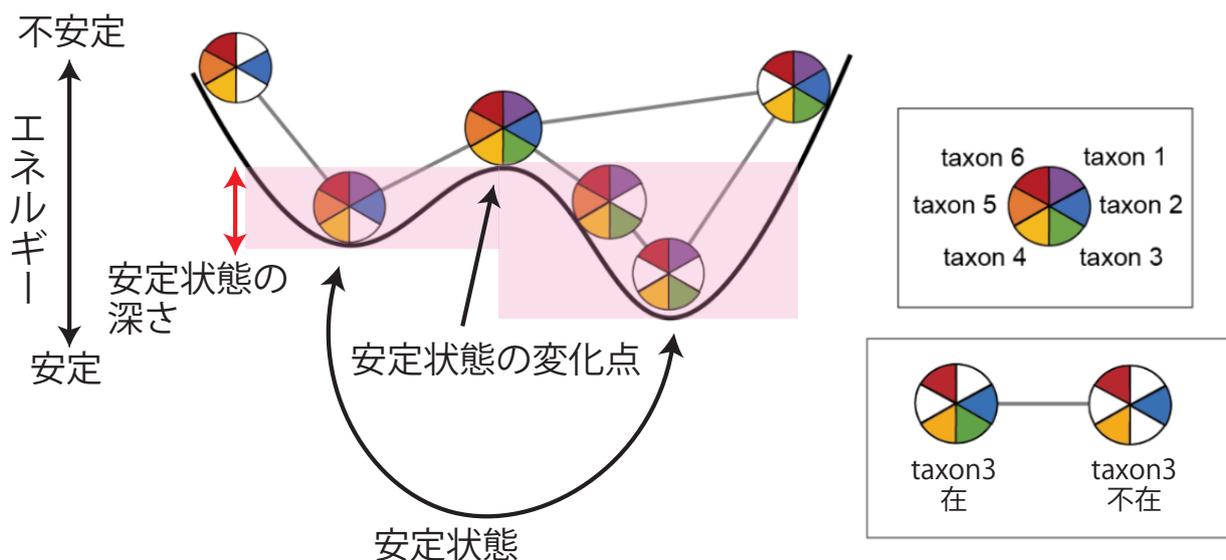
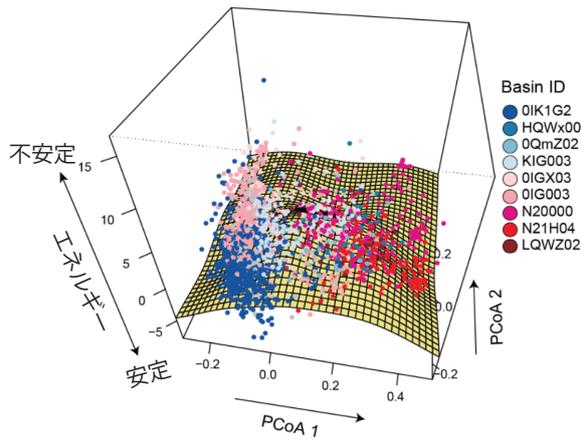


図1. エネルギー地形の概念図。生物群集は、群集遷移ネットワーク上のエネルギーが低い方へと遷移していく。

本研究では、北海道から沖縄にかけて約 1,500 地点の日本農地土壌に含まれる細菌・真菌の群集組成を、DNA メタバーコーディング技術（※3）を用いて解明しました。この群集組成に関するデータを、各土壌サンプルの化学特性や作物の病徴に関するデータと統合し、エネルギー地形分析を行いました。

日本農地土壌からは、約 33,000 の古細菌・細菌・真菌 ASV（※4）が検出され、環境傾度によって分布パターンが異なることが明らかになりました。しかし、33,000 を超える ASV を対象とすると計算コストが膨大になるため、分類階級を科レベルに落とし、約 340 科の古細菌・細菌と約 200 科の真菌について安定状態を推定しました。理論上、可能な群集組成（組み合わせ）は天文学的な数になりますが、実際に得られた安定状態の数は多くても 10 個ほどでした（図2）。このことは、土壌微生物群集の遷移先が強く制約されていることを示唆しています。

細菌群集のエネルギー地形



真菌群集のエネルギー地形

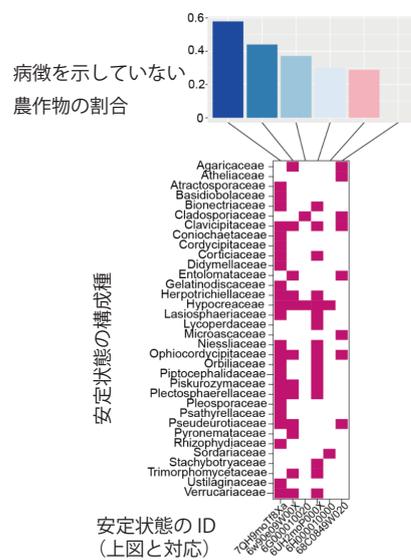
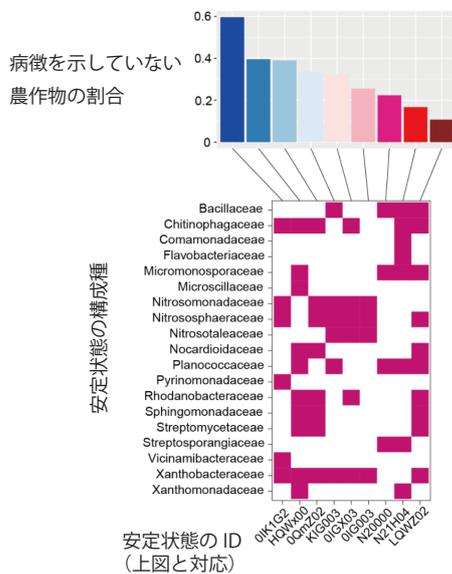
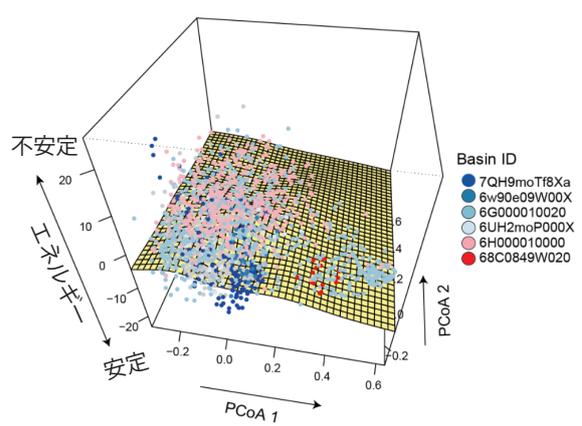


図2. 細菌群集と真菌群集のエネルギー地形（上）と安定状態の持つ機能とその構成種（下）。色は安定状態の ID を意味している。

各安定状態について、病徴を示した農作物の割合を評価したところ、病徴の割合が高い安定状態と低い安定状態に分かれることが明らかになりました。病徴の割合が高い安定状態から病徴の割合が低い安定状態へと遷移させることができれば、病気にかかりにくい土壌を形成することが可能となります。

3. 波及効果、今後の予定

本研究により、微生物群集の安定状態を俯瞰的に解明できることが示されました。エネルギー地形解析を用いることで、生物種構成の安定性を向上させるために操作すべき種の選定や、別の安定状態へ遷移させる方法の手がかりを得ることができます。

本成果を土台として微生物叢の安定状態に関する知見を深めることで、農地土壌を病徴がでにくい安定状態に留めるとともに病気が出やすくなってしまった土壌を健全な安定状態へと誘導する、総合的な農地生態系の管理への道が拓かれると期待されます。

今後、本手法を土壌以外の幅広い生態系においても応用していきたいと考えています。システム全体のバランスを調整し、生態系レベルの生物機能を安定的に発揮させるために何が必要か、明らかにしていきたいと思っています。

<用語解説>

※1 代替安定状態

複数の生物種集団を含む生物群集は、種間で相互作用を及ぼしながら、種組成を遷移させていく。遷移しきった先の生物群集を安定状態と呼ぶが、これは数学的に定義される平衡点を反映している。この安定状態は一つに定まるとは限らない。腸内細菌叢を例にとると、同じ腸内環境下であっても、病原菌が優占する場合としない場合といった複数の安定状態が存在することがある。この複数の安定状態を代替安定状態と呼ぶ。

※2 エネルギー地形解析

生物群集の遷移ネットワークの各ノードに、観測頻度を反映する「エネルギー」という指標を付加し、生物群集の安定性を推定する手法。エネルギーは、種間の共起関係や環境に対する選好性をもとに観測されやすさを拡張ペアワイズエントロピーモデルにより定量する。エネルギーが低いということは、観測されやすい、つまりは「自然生態系で安定的に存在している」ことを意味する。

※3 DNA メタバーコーディング

土壌や海水といった多数の生物種のゲノムが含まれるサンプルを分析し、そこに存在する生物種の組成を解明する DNA 分析技術。次世代 DNA シーケンサーと呼ばれる機器で、膨大な種のリストを作成することができる。

「農地土壌の微生物叢から作物病害リスクを診断するー日本列島全域の網羅的 DNA 分析ー」

<https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2024-04-15-4>

※4 ASV

Amplicon sequence variant の略。DNA シーケンサーから得られた塩基配列は、ある生物種を示していると考えられるが、出力された配列には機械の測定誤差（エラー）を含んでいる。エラーが含まれている DNA 配列を、モデルを用いて補正し、便宜的につけた種より小さい分類階層を ASV と呼ぶ。ASV を配列の相同性に基づいて、ある閾値以下でまとめたものを OTU (operational taxonomic unit) と呼ぶ。

<研究者のコメント>

「1,500 を超えるサンプル数と、3 万を超える ASV を扱うことは、計算上大きな負担となりました。しかし、その分、エネルギー地形解析の真価を発揮することができ、安定状態と生態系機能を結びつけることができたと考えています。

今後は、エネルギー地形解析をより多様なシステムに応用し、安定状態を構成する生物群集の相互作用を解明することで、安定状態の形成メカニズムをさらに詳細に探究していきたいと考えています。」

<論文タイトルと著者>

タイトル：Alternative stable states of microbiome structure and soil ecosystem functions

(微生物群集の代替安定状態と土壌生態系機能)

著者：Hiroaki Fujita, Shigenobu Yoshida, Kenta Suzuki and Hirokazu Toju

掲載誌：Environmental Microbiome

DOI：10.1186/s40793-025-00688-4