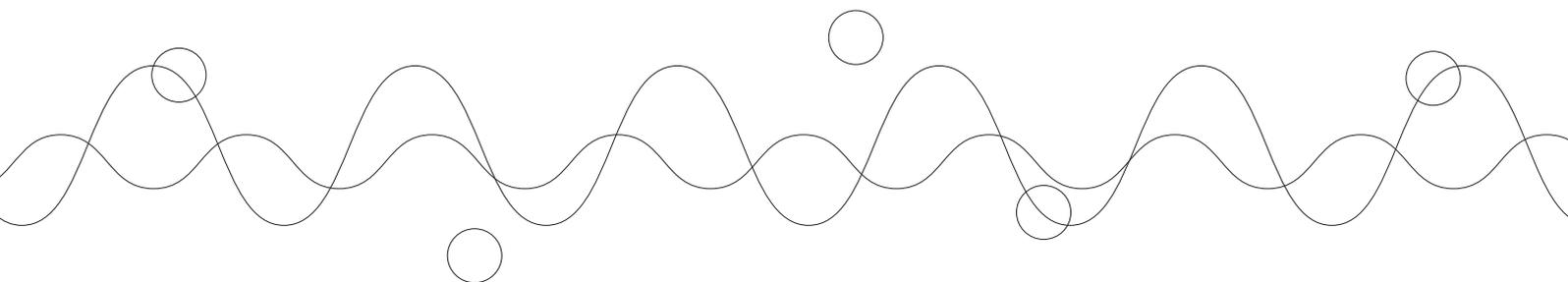


科学技術未来戦略ワークショップ
植物と微生物叢の相互作用の研究開発戦略

—理解・制御・応用に向けて—



エグゼクティブサマリー

国立研究開発法人 科学技術振興機構 研究開発戦略センター（以下「JST-CRDS」）は、国の科学技術イノベーション政策に関する調査、分析、提案を、中立的な立場で行う組織である。JST-CRDSは、わが国および人類社会の持続的発展のため、科学技術振興とイノベーション創出の先導役として、諸方策の提言および実現に向けた取り組みを行っている。

平成 25 年度から平成 26 年度にかけて、JST-CRDS ライフサイエンス・臨床医学ユニットは、国内外のライフサイエンス・臨床医学分野の研究開発動向についての俯瞰的調査を、文献情報収集、有識者との意見交換、各種学会・集会への参加などを通して行った。また、平成 26 年度から平成 27 年度にかけては、JST-CRDS のライフサイエンス・臨床医学ユニットを中心に、JST 関係部署も参画したメンバーも含む、グリーンバイオ横断グループを組織し、グリーンバイオ分野の国内外の研究動向をふまえ、主要と考える研究開発課題群と推進体制について報告書を取りまとめた（「グリーンバイオ分野における研究開発の重要課題と統合的推進～イノベーション創出と持続可能な社会の形成へ向けて～」

CRDS-FY2015-RR-08）。それらの活動を通じて議論を重ね、わが国がトップダウンで推進すべき重点研究開発領域として、「（植物を宿主とした）生物叢相互作用の理解とシステム制御」が抽出された。平成 28 年度に、「（植物を宿主とした）生物叢相互作用の理解とシステム制御」に関する深掘り調査を実施し、検討を重ねた結果、わが国において推進すべき研究開発戦略の仮説の構築に至った。そこで、仮説の妥当性を検証しブラッシュアップするためのワークショップ（以下“WS”と表記する）を平成 28 年 12 月 4 日（日）に開催した。本報告書は、WS における議論の概要について取りまとめたものである。

WS において、植物を宿主とした生物叢相互作用に関するこれまでの研究動向、今後の研究開発の方向性、わが国が推進すべきテーマ、波及効果などについて議論を行った。得られた結果は次の通りである。

近年、ヒトを宿主とした微生物叢（マイクロバイオータ、マイクロバイオーム）研究が、欧米およびわが国でも盛んになってきており、次第にヒト以外の宿主、特に一次生産者としての重要性から、植物を宿主とする微生物叢研究も活性化の機運がある。わが国は、植物を宿主とする微生物叢研究領域の推進にあたってコアとなる研究分野（植物科学、微生物学、天然物有機化学など）に大きな強みを有する。それらを含めた戦略的な研究開発を推進することで、世界をリードする成果の創出が可能である。植物と微生物叢の相互作用の包括的理解と制御基盤技術確立のための、具体的な研究開発課題として、次の 4 課題が重要と考えられた。

課題 1：微生物叢の把握、分離、培養

課題 2：植物-微生物叢相互作用因子の同定と機能解析

課題 3：実圃場での計測に基づく評価と再設計

課題 4：農業資材開発、作物生産・利活用への応用

「課題 1」においては、作物生産に有効な機能を持つ微生物叢を迅速かつ効率的に選抜し、分離・培養して確保する。「課題 2」においては、これまでのわが国の基礎研究の強みを生かし、農作物生産に有効な機能を持つ微生物群の同定や、相互作用因子（化学物質）の発

見を通して社会実装の礎をつくる。「課題3」では、植物と微生物叢の相互作用を、実際の農作物生産現場で制御するため、農作物栽培時に得られる多階層のデータを統合的に評価し、その場に最も適した生産法を再設計する基盤技術を開発する。「課題1～3」は基礎から応用へ進む一方向だけの研究開発ではなく、互いにフィードバックを行いながら循環的に推進する。「課題4」では、「課題1～3」を一気通貫するような先鋭的な研究開発を支援・拡大し、新たな農業資材開発や栽培マネジメント技術の創出など、新規の介入手法の開発と、社会実装の加速を目指す。これら研究開発の技術目標は、高収量、高ストレス耐性、耐病性・耐害虫性、高品質・高付加価値化、また低環境負荷、省コスト・省労力などである。これら研究開発の推進により、技術基盤が確立することで、わが国の持続的な農業生産基盤の維持（高収量と高品質・高付加価値化の両立）へ多大な貢献が可能である。また、世界の作物生産能力の維持・向上と低環境負荷を同時に実現でき、持続可能な食料生産およびバイオ由来の物質生産にも貢献可能である。

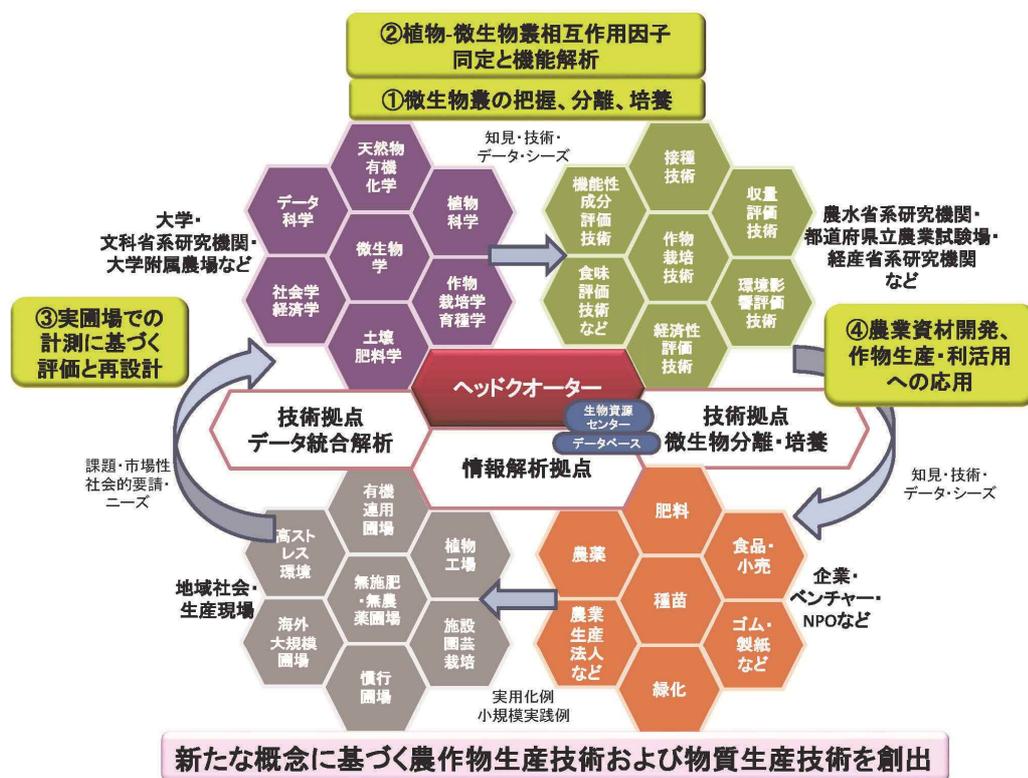


図 E-1 研究開発戦略の全体像

目 次

エグゼクティブサマリー

第 1 章 経緯、趣旨説明	1
第 2 章 関連する国内の研究開発動向、今後のあるべき方向性など	7
2. 1 セッション 1 「植物-微生物叢の相互作用 -これまでの実績と強み-	7
2.1.1. 「植物-微生物叢の相互作用 -これまでの実績と強み-	
秋山 康紀氏 (大阪府立大学 生命環境科学研究科 教授)	7
2.1.2. 「植物-微生物共生成立機構の理解：応用に向けた展望」	
林 誠 (理化学研究所 環境資源科学研究センター チームリーダー)	12
2. 2 セッション 2 「微生物叢の把握と分離培養 -近年のブレイクスルー-	17
2.2.1. 「植物を取り巻く微生物叢から中核菌候補を抽出する」	
東樹 宏和 (京都大学 人間・環境学研究科 助教)	17
2.2.2. 「植物共生微生物の分離とその応用に向けて」	
池田 成志 (農業・食品産業技術総合研究機構 北海道農業研究センター 上級研究員)	23
2. 3 セッション 3 「システムバイオロジー -個の改変から全体の制御へ-	29
2.3.1. 「システムバイオロジー -個の改変から全体の制御へ-	
菊地 淳 (理化学研究所 環境資源科学研究センター チームリーダー)	29
2. 4 セッション 4 「現場からのシーズ、現場への介入の最前線」	34
2.4.1. 「広い宿主範囲と安定した効果 <i>Bacillus</i> バイオ肥料：開発の現状と展望」	
横山 正 (東京農工大学 教授)	34
2.4.2. 「奇跡のリンゴのマイクロバイオーーム研究から見えてきたこと」	
杉山 修一 (弘前大学 教授)	39

第1章 経緯、趣旨説明

説明者：齊藤 知恵子

(国立研究開発法人 科学技術振興機構 研究開発戦略センター フェロー)

国立研究開発法人 科学技術振興機構 研究開発戦略センター（以下「JST-CRDS」）は、わが国の社会経済の持続的な発展のため、科学技術イノベーション創出の先導役となるシンクタンクを目指して活動している。JST-CRDSは、国内外の社会動向、科学技術イノベーションの動向、そしてそれらに関する政策動向を、俯瞰的に把握し分析を行い、2年に一度これらの調査を俯瞰報告書として取りまとめて発刊している。この俯瞰調査に基づいて課題を抽出し、科学技術イノベーション政策や研究開発戦略を提言し、その実現に向けた取り組みを行っている。

JST-CRDS ライフサイエンス・臨床医学ユニットは（以下「当ユニット」）、ひろくライフサイエンス全般を対象とし、その応用範囲は医薬品・医療機器などの医療技術や、食事・栄養・運動などの健康技術などを含む、「メディカル」分野、および食料生産やバイオ由来の物質生産を含む、「グリーンバイオ」分野に及ぶ。

ライフサイエンス・臨床医学分野のこれまでの研究開発は、基礎から社会実装まで、「直線的」(リニア)なものが多かった。今後は、ビッグデータが様々なステージから収集可能になり、そこから検証や評価、課題の抽出、仮説の設定などを経てまた基礎へフィードバックする、「循環的」な研究開発が望まれる。これは、「メディカル」「グリーンバイオ」分野共通のコンセプトである。(図1)

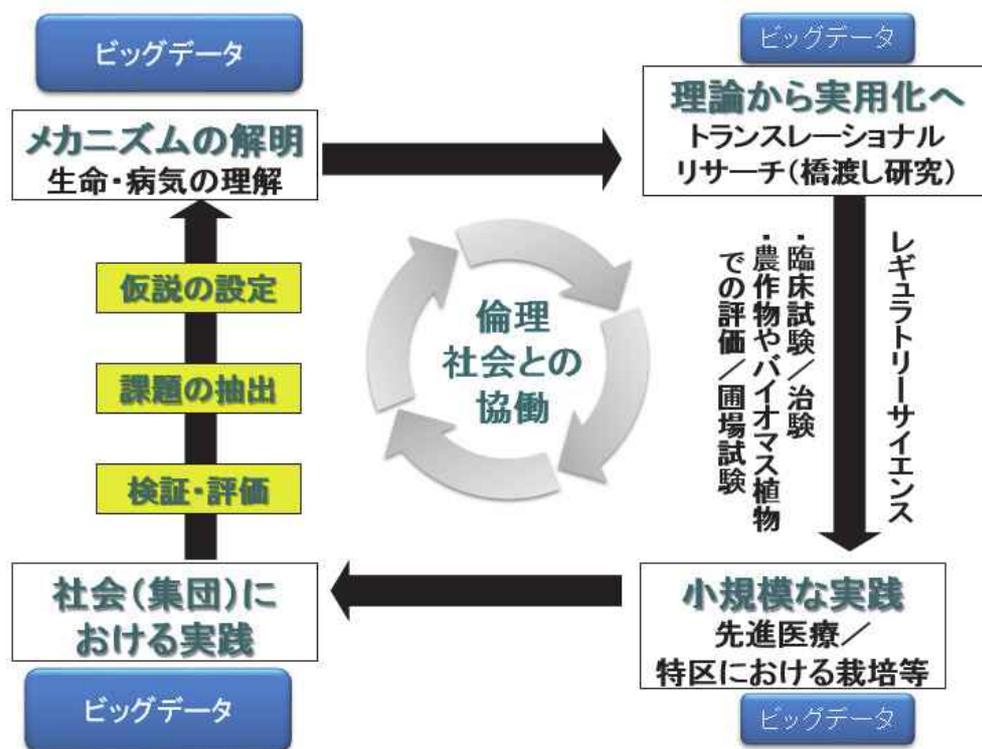


図1 ライフサイエンス・臨床医学分野の今後の研究開発のあるべき姿

本日のワークショップのメインテーマである、植物とそれを取り巻く微生物叢の相互作用の重要性は、当ユニットの俯瞰調査（2015年俯瞰報告書）および、平成26年～27（2014～2015）年度に行われたグリーンバイオ横断グループによる調査（2016年調査報告書「グリーンバイオ分野における研究開発の重要課題と統合的推進～イノベーション創出と持続可能な社会の形成へ向けて～」CRDS-FY2015-RR-08）から抽出された。（図2）

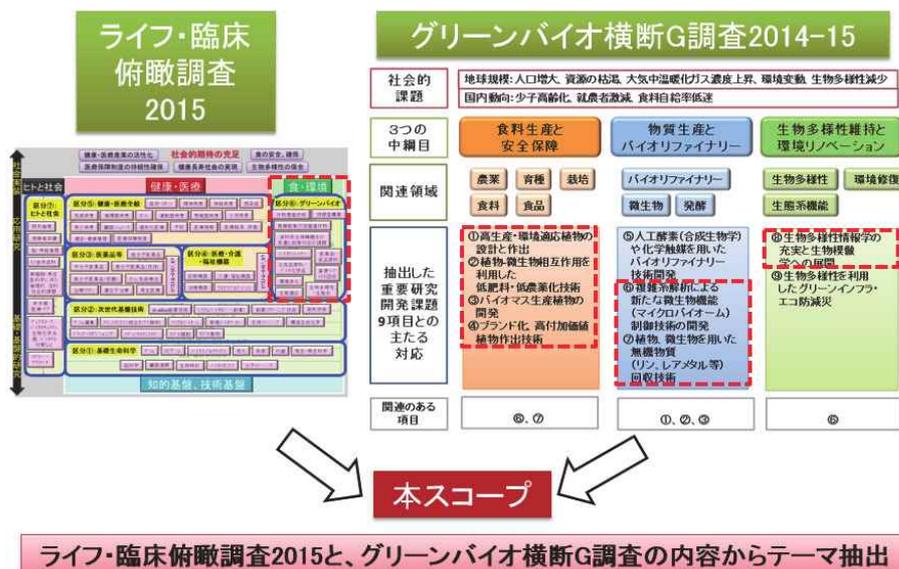


図2 テーマ抽出の経緯

植物は地球上の生命に不可欠で、私たちの身近な暮らしを支える。食料生産、物質生産、環境修復といったところで非常に大きな役割を果たす。植物を取り巻く微生物叢は、ヒトの場合は細菌がメインであるが、植物の場合は真菌（カビやキノコの仲間）も重要である。細菌も菌類も、植物を助けるものもいれば、攻撃するものもある。植物の様々な器官において、根圏（根の周辺で植物の影響の及ぶ範囲、根から数 mm 以内）は特に数が多いとされる。（図3）

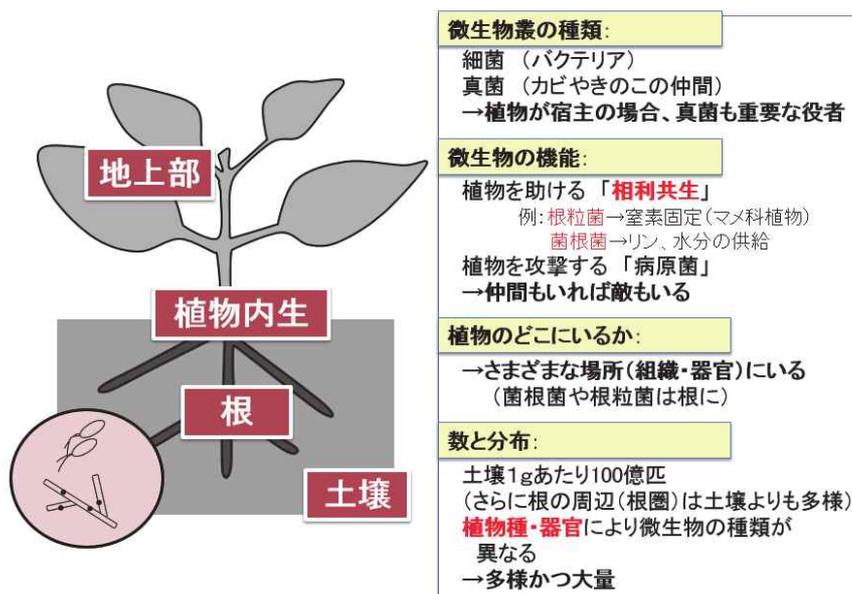


図3 植物をとりまく微生物叢

近年の技術革新と新展開を紹介する。次世代シーケンサーの登場により、核酸配列解析能力が劇的に向上し、コストが10年で10万分の1になった。そのため微生物叢の全体的な把握、実用作物のゲノムの安価な取得が可能になった。それを受けて、難培養微生物の培養、分離、利用といった研究開発も活性化しつつある。さらに計算機科学の爆発的な進展があり、鍵因子の抽出や、重要な経路の特定、評価と再設計などが可能となってきた。これらを通して、植物と微生物叢の相互作用をより深く理解し、制御することが可能になりつつある（図4）。

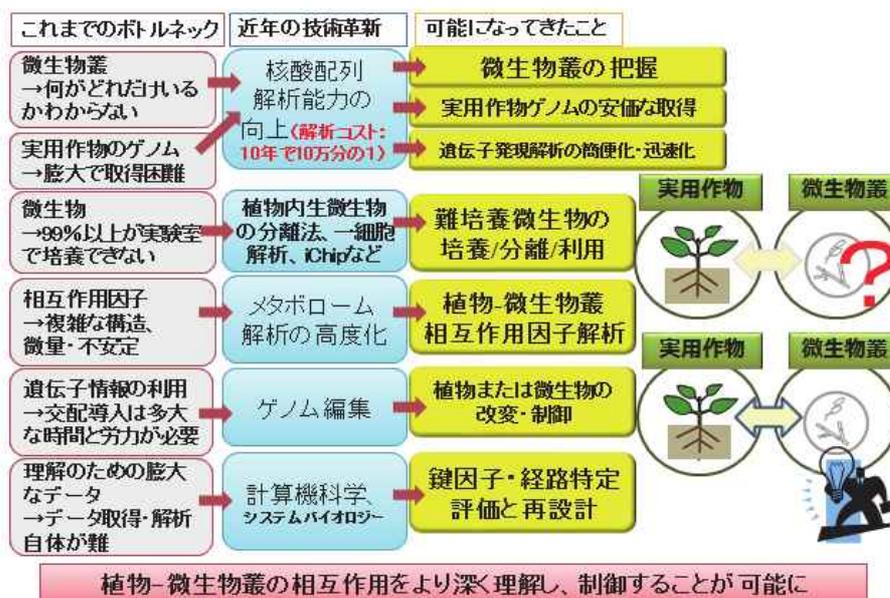


図4 植物-微生物叢相互作用に関連する近年の技術革新と新展開

歴史的に俯瞰すると、農作物に対して有益な微生物に関する基礎研究は、20世紀前半に始まり、20世紀後半には微生物を用いた生物農薬や肥料代替法が開発された。ただし、効果のぶれ、品質の不安定さ、また、高い製造コストなどが影響し、大規模に広がることはなかった。しかしわが国では、ニッチ市場で小規模に普及し、基礎研究や要素研究は蓄積していた。一方海外では、化学肥料や除草剤、遺伝子組換え作物に依存した大規模な生産体系が普及した。ところが近年、窒素過多や温暖化の影響など、農業の持続性に対する懸念、遺伝子組換え作物の開発や規制コストの増大の問題、また再び微生物農業応用研究再加速の兆しがある。（図5、図6）

	17C	19C	1900~1950	1950~1980	1980~2000	2005	2010~2015	2016
科学技術	「微生物叢」の発見	根粒共生の発見	「根粒共生」の発見	「根粒共生」の発見	「根粒共生」の発見	モデル植物のゲノム解析	次世代シーケンサーの登場と普及	メタゲノム解析の普及
海外			「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始
日本			「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始

図5 植物-微生物叢相互作用研究の歴史的俯瞰（1）

	17C	19C	1900~1950	1950~1980	1980~2000	2005	2010~2015	2016
科学技術	「微生物叢」の発見	根粒共生の発見	「根粒共生」の発見	「根粒共生」の発見	「根粒共生」の発見	モデル植物のゲノム解析	次世代シーケンサーの登場と普及	メタゲノム解析の普及
海外			「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始
日本			「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始	「根粒共生」の研究開始

図6 植物-微生物叢相互作用研究の歴史的俯瞰（2）

前述したような技術革新の影響もあり、公的なファンディングの状況も近年大きな動きがある。ヒトを宿主とした微生物叢のメタゲノム解析などの大規模プロジェクトは欧米が先行したが、2016年度にAMED-CREST/PRIME/LEAPほか複数のプロジェクトに取り上げられるなど、わが国でも大規模研究が推進されつつある。ただし、ヒト以外を宿主と

した微生物叢の研究について、例えば植物と微生物の相互作用機能の解明といった研究については、方法論すらまだ未確立である。日本は植物科学や微生物学、天然物有機化学の分野が非常に強いということで、挽回の余地がある。

近年、種苗・農薬関連民間企業の動向として、今まで化学農薬をメインに扱っていた企業が近年生物農薬やバイオラショナル^{*}に注目しているのが窺える。環境変動に迅速かつ広範に対応できる可能性、また低環境負荷の期待のあらわれだろう。近年欧州を中心に、化学農薬の規制が厳格化していることも背景にある。去年から今年にかけて、バイオメジャーと呼ばれる世界的な農薬・種苗企業の合併、再編が起こった。日本は種苗と農薬を1社で扱う企業体制にはなっていない。そういった状況を考慮すると、この分野の研究開発は、企業どうし、あるいは産学官が連携することが必須である。

特筆すべき最近の海外事例を紹介する。米国温泉地帯、イエローストーンの高温の土壤でも生きられる植物から共生菌が単離された。この菌が感染したときだけ、その植物に高温耐性が付与されることが見いだされた。さらにこの菌を種子にコートすることで作物に感染させ、高温耐性や乾燥耐性といった様々な機能を付与できることが発見され、米国ベンチャーから菌でコートされた種子が既に販売されている。国内の特筆すべき研究成果としては、ストリゴラクトンがある。ストリゴラクトンは、植物と菌根菌のシグナル分子としてわが国の研究者により同定された。一方、アフリカで猛威をふるっているストライガという寄生雑草は、ストリゴラクトンの存在により近傍に植物がいることを感知することが知られていた。このストリゴラクトンをシーズにして、寄生雑草ストライガを駆逐するための農業資材が、わが国が中心となって開発中である。

これらの調査から、私たちは、3つの柱からなる研究開発戦略の仮説を構築した。「微生物叢の把握、分離、培養」「植物-微生物叢相互作用因子同定と機能解析」「システムバイオロジーによる評価と再設計」。これらの研究開発を通して、農作物、資源作物の効率的かつスマートな利活用の方法の導出が可能なのではないかと考えている。(図7)

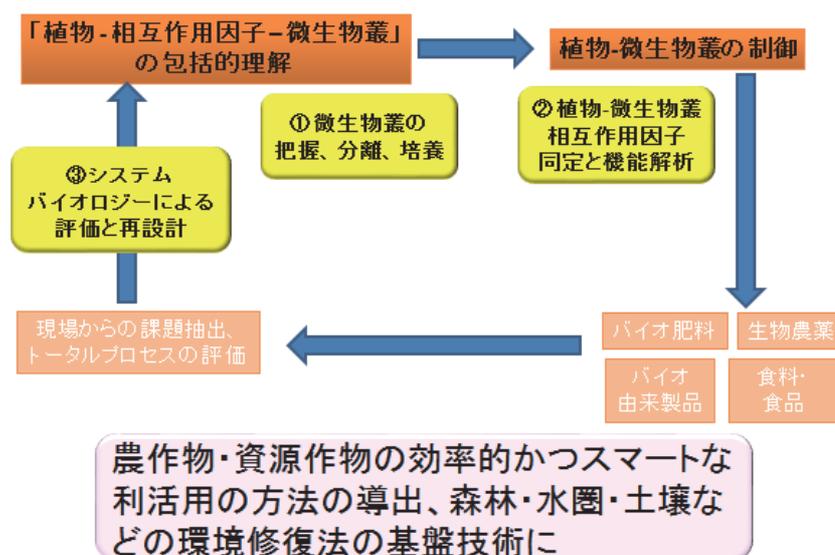


図7 研究開発戦略の全体像案

^{*} 住友化学グループによる定義：天然物由来などの微生物農薬、植物生長調整剤、微生物農業資材等や、それらを用いて作物を病害虫から保護したり、作物の品質や収量を向上させたりするソリューションのことを指す

研究開発の結果期待されることについて述べる。世界的な人口増加、温暖化の懸念、などに対応可能な技術群が開発されることが期待される。具体的には、新規のバイオ肥料、増収を狙った微生物資材、作物保護の新展開、さらには作物の高付加価値化ということも微生物の力を使って可能になると考えられる。

国連で採択された、Sustainable Development Goals (SDGs)、17の目標のうち、3つの目標、「2. 飢餓をゼロに」「12. つくる責任つかう責任」「15. 陸の生態系を守ろう」に特に大きく貢献できる研究開発となることを期待している。

学術的にもさまざまな波及効果があるだろう。基礎研究の分野、植物科学、微生物学両方の側面での成果が期待できる。新規の微生物分類群が、今後数多く見つかるだろう。また、バイオインフォマティクス理論とツールの確立にもインパクトがあるかもしれない。

以上、我々のこれまでの調査と分析から、これらの研究の柱で進めていけば、非常にインパクトの強い研究開発ができるのではないかと、という仮説の構築に至った。本日はこのワークショップで様々なご意見をいただきつつ、仮説をさらにブラッシュアップし、追加修正する機会になっている。ご協力をお願いしたい。

今日のセッションの構成を申し上げる(図8)。議論において留意願う視点として、これらの柱から、社会、経済的効果及び科学技術的効果を最大化するにはどういったことが必要か、様々な日本のステークホルダー、それを科学者、研究者だけでなく、ひろく社会の幸福につなげるにはどういった研究テーマや方向性、推進体制が望まれるのか、そういった視点でお考えいただきたい。

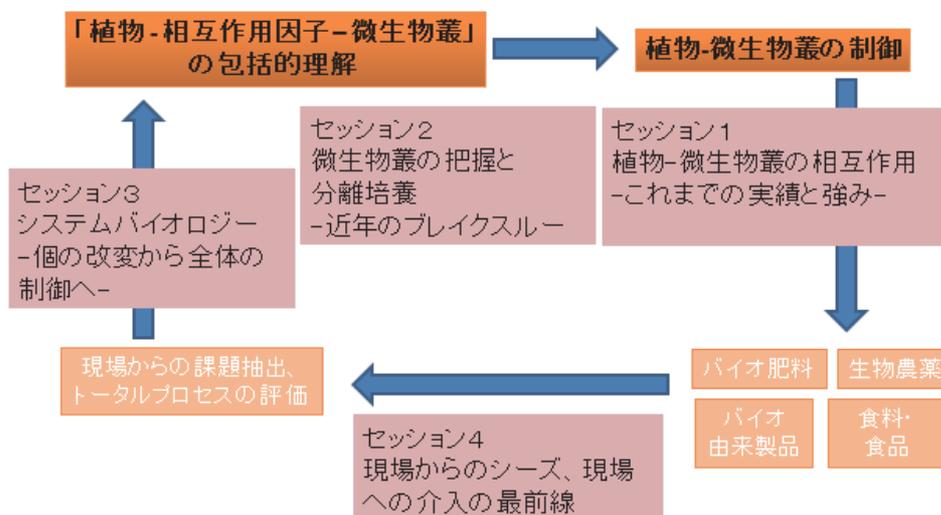


図8 ワークショップの構成

第2章 関連する国内の研究開発動向、今後のあるべき方向性など

2.1 セッション1「植物-微生物叢の相互作用 -これまでの実績と強み-」

2.1.1. 「植物-微生物叢の相互作用 -これまでの実績と強み-」

秋山 康紀氏(大阪府立大学 生命環境科学研究科 教授)

<発表概要>

植物と共生する菌根菌のシグナル物質を研究してきた。専門は天然物化学、生物有機化学である。菌根菌は一般的な認知度は高くないが、日本人なら誰でも知っているマツタケ、これも菌根菌である。菌根というのは菌類と植物が共生したもので、菌根を形成する菌類のことを特に菌根菌という。マツタケの場合は根を包むようにマット状の菌根を形成する外生菌根菌、私が研究対象としてきたのは、菌糸を根の中に進入させる内生菌根菌の一種でアーバスキュラー菌根菌（以下AM菌）である。AM菌は、根の皮相細胞内に樹枝状体と呼ばれる栄養交換器官（アーバスキュール）を形成する。AM菌は内生菌根菌のうち、特に樹枝状体を形成するタイプの菌根菌と分類される。

AM菌は、土壌中から植物が根の届かない範囲からリンを吸収して植物に供給するという特性がある。宿主選択性が非常に広く、アカザ科、アブラナ科などを除く80%以上の種、陸上植物と共生することができるとされる。広い宿主範囲を持っている理由として、進化的に非常に古いからと見られている。オルドビス紀、約4億年前の地層からAM菌と原始陸上植物の化石（アグラオフィトン）が見つかっている。このオルドビス紀というのはちょうど植物が水の中から陸に上陸したころと一致している。水の中と違い、陸上ではミネラルの供給が乏しいので、植物が今日に至るまで進化するまでAM菌と共生して、リンを供給することで進化を支えてきたと見られている。AM菌は非常に有用かつ興味深い生物だが、実験的には大きな難点があった。植物と共生しないと生きられない絶対共生菌という点である。植物と共生しないと、ほとんど生育できず次世代の胞子をつくることもできない。そういった理由でなかなか研究が進まなかった。

AM菌共生によりリンが供給され、植物の生育が促進される。菌根菌非接種の状態ではリン濃度変えてミヤコグサを栽培した結果を示す。一般的な天然の土壌のリン濃度というのは10μM以下だが、100μMのリン濃度でも生育はそれほど良くない。菌根菌を接種すると、ほぼ2mMのリンを与えたときと同等の生育が見られ、その効果が非常に大きいのがわかる。

菌根菌はカビの仲間で、土壌中では主に胞子として存在している。絶対共生菌ではあるが、胞子の発芽段階では宿主なしでも発芽可能である。発芽時の菌糸の近くに、宿主となる植物がいると、菌糸先端を激しく分岐させて根に共生しようとする（菌糸分岐）。この現象は、AM菌根菌が共生できない非宿主植物では見られないことから、宿主の根から菌糸分岐を誘導するようなシグナル物質が出ているのではないかと1970年代から示唆されていた。非常に重要な分子だということで、フランスおよびアメリカの研究者が1990年代から先行して取り組んでいたが、私たちの研究グループがJSTのCRESTのサポートを受けて、2005年にこの物質を解明した。結果的に熾烈な競争に勝ち、2005年6月9日号のNatureにその共生シグナルを解明したという論文を発表した。その分子はストリゴラクト

ンという既知の物質だった。この Nature 記事は同日に Science 誌にも紹介され、非常にインパクトが大きな発見であったことがわかる。インパクトが大きかった要因の一つは、このストリゴラクトンが、現在アフリカや地中海沿岸で甚大な被害を与えている根寄生植物「ストライガ」に対する寄生シグナルとして、約 40 年前にアメリカの科学者によって発表されていたからである。ストリゴラクトンがシグナルとなって寄生植物に寄生されてしまうのに、なぜわざわざ植物はストリゴラクトンをつくるのかというのは長い間の謎だった。インパクトが大きいもう一つの要因は、ストリゴラクトンは寄生シグナルではなく、もともとは共生シグナルであったということである。この 2 つの大きなインパクトがあったということで、投稿後すぐに Nature にアクセプトされた。

ストライガに代表される寄生雑草の被害は、現在特にアフリカで非常に甚大である。ストリゴラクトンの研究では、日本の研究者が、特に天然物化学者がプレゼンスを発揮している。例えば宇都宮大学の米山弘一先生は天然ストリゴラクトンの 8 割方ものを同定されている。神戸大学の杉本先生はアフリカの現地に行かれて、この寄生雑草の防除剤を開発されたものを現地でテストされている。日本の中ではこの 2 人がずっと寄生雑草の研究を支えてきた。米山先生は、今年のトムソン・ロイター（※クラリベイト・アナリティクスにその後再編・改称）の Highly Cited Researchers2016 にも挙げられている。

その後、ストリゴラクトンはさらに第三の機能、今度は植物ホルモンとして発見された。2008 年 9 月 11 日号の Nature に、日本チームからの論文と、欧州などの国際共同研究チームその論文が back to back で掲載された。日本チームは、当時理研で現在東北大学に所属の山口先生を中心とし、経塚先生、米山先生、白須先生、それから私の、純粋な日本チームで達成した業績である。先述の Highly Cited Researchers に挙げられている研究者複数を含む、日本の植物科学のトップサイエンティストが集結し、海外としてのぎを削りながら達成した成果である。

ストリゴラクトンは、地上部の分岐を制御するホルモンであった。イネでストリゴラクトンをつくれなくすると、矮性になり分岐が非常に多くなるフェノタイプを示す。ストリゴラクトンは地上部が正常な数の分枝でうまく育つように制御しているホルモンであったということになる。

リンの栄養、菌根菌の有無、地上部の植物体の形態は、ストリゴラクトンで結びつく。低リン酸栄養条件下では、植物は根からストリゴラクトンを出して菌根菌を呼び寄せる。リンがない場合、ストリゴラクトンを作ることで、地上部の成長を抑える。リンは DNA や細胞膜の構成要素であるため、植物にとって非常に重要だからである。一旦菌根菌経由でリンが獲得できるようになると、ストリゴラクトンレベルを下げ、地上部を育てる。このような巧妙な仕組みで、ストリゴラクトンを介して菌根菌を呼び寄せ、同時に地上部の形態を制御していることがわかった。

私は最近ストリゴラクトンの生合成を中心に研究を進めている。ここ 3 年で 3 本ほどの論文がトップジャーナルの一つである PNAS に掲載されている。

ストリゴラクトンの生合成が解明されれば、ストリゴラクトンの内生量を調整することが可能になり、例えば寄生雑草の防除、菌根共生の促進、植物の形態の調節、といった制御が可能にあるかもしれない。東京大学の浅見忠男先生が、植物の生育を阻害することな

く、内生のストリゴラクトン量を濃度依存的に調整できるアグロケミカルのシーズを発表している。

ストリゴラクトンの受容体は、高等植物と菌根菌と寄生雑草三者に対して作用を示す。この受容体の同定合戦も非常に厳しい競争になっている。主に D14 α / β -ヒドロラーゼが受容体で、2013年から2016年にかけて Nature3 報、寄生雑草側の受容体も D14 のホモログで、2015年には毎月のように Science に連続して発表された。そのうち半数には日本人が共著者あるいは主著者として入っている。AM 菌の受容体は D14 のホモログではなく、独自のものを持っているらしい。

この周辺の分子機構が明らかになることで、わが国が 100% 輸入に頼るリン資源問題、アフリカで大問題になっている根寄生雑草の防除、農産物の増収といったこともできるかもしれない。菌根菌を有効に利用した適正化、アグロケミカルを低減する生産体系が築けるのではないかと期待される。

【質疑応答抜粋】

Q：日本チームが強かった理由は。例えば要素、あるいは体制といった観点から伺いたい。

A：日本は特に植物科学の中では、ジベレリン研究に代表されるように、非常にケミストリーに強いというバックグラウンドがある。今回のストリゴラクトンも非常に微量かつ不安定な物質であるため、ケミストリーに強い研究者と、生物に強い研究者が、それぞれの強みを持ち寄ったことで、世界を先導している状態なのではないか。農芸化学出身者が多く、学会も共通なため、横のつながりも強かった。本当に連携がうまくいった。

Q：リンの資源問題の解決についてもう少し具体的にお聞きしたい。

A：リン鉱石は今世紀の中頃に枯渇すると 20 年前は言われていた。最新の調査では、モロッコで非常に埋蔵量が高い鉱脈が見つかったため、ここ 100~200 年は大丈夫だろう、という見方になってきた。しかしながら、日本はリンを 100% 輸入に依存している。また日本の土壌はリンの吸着性が強く、植物が吸収できない形になるので、リン肥料を多く投入する傾向がある。それにより、日本の土壌中の AM 菌の密度が非常に低くなっているという状況がある。余剰のリンが水系に行って富栄養化を引き起こすなど、環境問題にもつながっている。なるべく菌根菌を有効活用し、適正な量のリンで植物を育てていくことが、微生物を活用した農業生産体制には必要だろう。むやみやたらにリンを使わないという方向性。輸入が絶たれるという事態は想定しにくいが、ネックになっているようなものは、有効に使えるようなシステムが必要だろう。

Q：最後の菌根菌のストリゴラクトンのレセプターのところ非常に重要なテーマだと思う。日本と世界の状況を紹介していただきたい。

A：ここ 2 年ぐらいで、非常に精度の高い菌根菌のゲノム配列が発表されるようになってきたが、(植物側のレセプターである) D14 ホモログはないという状況。私も化学的に結合タンパクをとるようなことに挑戦したが、やはり似たようなものは取れなかった。全く独自の形を持った遺伝子を使っていることが予想される。世界的にもアプローチはされているが、菌根菌とケミカルの両方とも扱えるようなところでないといけない。世界的にもあまり進展を見ていない。

菌根共生

菌根 = 菌根菌 + 根 (菌類と植物根との共生体)
(Mycorrhiza)

アーバスキュラー菌根菌 (根細胞内, 内生菌根菌)

- 80%以上の植物と共生 (草本植物と木本)
- 政令指定土壌改良資材
- 農業、緑化

外生菌根菌 (根細胞外)

- 木本植物と共生
- キノコを形成「マツタケ」
- 植林、食材

アーバスキュラー菌根菌 (AM菌) とは？

- 根の皮層細胞内に樹枝状体(arbuscule)と呼ばれる栄養交換器官を形成する
- 土壌中からリン酸を吸収して植物に供給する有用微生物
- 80%以上の陸上植物と共生できる (アカザ科・アブラナ科などの植物とは共生できない)
- 約4.6億年前(オルドビス紀)に出現 (ちょうど植物が陸に上陸したころ)
- 植物と共生しないとほとんど生育せず、次世代の胞子を作ることさえできない(絶対共生菌)

デボン紀に存在した原始陸上植物アグラオフィトン

4億年前の地層から発見されたアグラオフィトンの仮根の化石にAM菌の樹枝状体が発見された Remy et al. PNAS (1994)

低リン酸施肥でのAM菌共生による生育促進

非接種

AM菌接種

リン酸濃度

0.1 mM → 0.5 mM → 1 mM → 2 mM → 0.1 mM → 2 mM

一般的な土壌のリン酸濃度は10 μM以下

AM菌の宿主認識シグナル物質branching factor

宿主植物
80%以上の陸上植物
イネ科
マメ科
ナス科
セリ科
...

非宿主植物
アブラナ科
アカザ科
ルビナス
外生菌根性木本

根

Mosse & Hepper (1975)
Powell (1976)
Giovannetti et al. (1993)

nature Vol 435/9 June 2005/doi:10.1038/nature03608

LETTERS 「ネイチャー」(英)2005年6月9日号に掲載

Plant sesquiterpenes induce hyphal branching in arbuscular mycorrhizal fungi

Kohki Akiyama^{1,2}, Ken-ichi Matsuzaki¹ & Hideo Hayashi¹

共生シグナルとしてのストリゴラクトンの再発見

関連する国内の研究開発動向、今後のあるべき方向性など

ストリゴラクトンは寄生シグナルとしても働く

寄生されてしまうのに、なぜ?
 Cook et al. Science (1966)

根寄生植物
 アフリカ、地中海沿岸で甚大な被害

ストライガ (*Striga*) オロバンキ (*Orobanche*)

アフリカにおけるストライガ被害の広がり

アフリカにおけるストライガの広がり

スーダン
 ナイジェリア
 ケニア

■ 強
 ■ 中
 ■ 弱

米山弘一(宇都宮大) ストリゴラクトン同定
 杉本幸裕(神戸大) 寄生防除剤開発

「Integrating New Technologies for Striga Control」から

植物ホルモンとしてのストリゴラクトンの再々発見

山口信次郎(現:東北大)
 経塚淳子(現:東北大)
 米山弘一(宇都宮大)
 白須賢(理研)
 秋山康紀(大阪府立大)

「ネイチャー」2008年9月11日号

ストリゴラクトン=共生(寄生)シグナル+植物ホルモン

リン酸欠乏時 根寄生雑草 根寄生雑草 リン酸充足時

菌根共生制御物質の科学的重要性

根寄生雑草 AM菌

Science (1966)
 Nature (2008)
 Nature (2005)
 Nature (2011)

生合成
 PNAS (2014)
 PNAS (2014)
 PNAS (2016)

高等植物

植物, 根寄生雑草, AM菌のSL受容体

SLアゴニスト・アンタゴニストの開発

高等植物 AM菌?

D14 α/β-ヒドロラーゼ
 Zhou et al. Nature (2013)
 Jiang et al. Nature (2013)
 Yao et al. Nature (2016)

KAI2 α/β-ヒドロラーゼ
 Nelson et al. Science (2015)
 Tsuchiya et al. Science (2015)
 Toh et al. Science (2015)

根寄生植物
 KAI2 α/β-ヒドロラーゼ

AM共生に必須
 Gutjahr et al. Science (2015)

リン資源問題、根寄生植物防除、農産物増収

2.1.2. 「植物-微生物共生成立機構の理解: 応用に向けた展望」

林 誠(理化学研究所 環境資源科学研究センター チームリーダー)

<発表概要>

今日は、「植物-微生物共生成立機構の理解: 応用に向けた展望」、という題で、CRDSの依頼通り、日本はどうしてこの研究分野に強みを持ったのかを中心に説明する。

CRDSからの趣旨説明にもあったとおり、植物と相互作用する微生物、基本的には細菌(バクテリア)と菌類(カビ)、ほかにも線虫など、多種多様なものが、地下部および地上部にもいる。バイオマス量、種数とも、地下部のほうが圧倒的に多い。もちろん病気を引き起こすものもいる。基本的には大部分が何をしているかわからないが、相互作用によって、植物の生育をコントロールしていると考えられている。

微生物叢を全体で扱って研究するのはこれまで非常に困難であった。よって多数の相互作用のなかから1つを抽出して研究が進められてきたというのが現状である。自分を含め、日本および世界の研究者は、このあまたある微生物のなかから、窒素固定に関係する根粒菌を使って研究をしてきた。根粒菌および根粒菌が共生するマメ科植物との相互作用については、特にこの20年ぐらいでマメ科植物の分子遺伝学が可能になった。それにより、マメ科植物と根粒菌の相互作用に必要な遺伝子というものが解明されつつある。

根粒菌とマメ科植物の共生について簡単に説明する。もともと根粒菌は土の中にいる。マメの根の表皮細胞に根毛という突出した部分ができる。根粒菌はこれに付着して、植物の中に入る。中に入ってくると同時に、根の中の方で既に分裂を終えて分化した細胞が、再び分裂能を獲得する。そうして根粒の原基が形成され、その原基の中に根粒菌が送り込まれる。最終的に根粒菌は、植物の細胞の中に入る。これは、例えばミトコンドリアなどと一緒で、細胞の中に入って共生している。根粒菌が中に入った細胞は、根粒の中でもある限られた場所にだけ分布して、その中で窒素を固定する。窒素を固定するにはエネルギーも必要なので、植物から光合成産物として供給される。固定された窒素は植物のほうに行く。そのためにこのような特異的な根粒と呼ばれる構造が必要と考えられている。

マメ科のモデル植物を使って、分子遺伝学が盛んになり、シグナル伝達系のスキームが明らかになりつつある。これは根粒共生に限らず、外部からのシグナル(根粒菌の場合は根粒菌が出すシグナル、Nodファクターと呼ばれる低分子の化合物)を植物の受容体が受容したのち、何らかのシグナル伝達系を経て、核に到達する。根粒共生の場合、その後チャネルやカルシウムポンプの働きで、細胞の核内、細胞核の周辺、細胞質で、カルシウムスパイクという、周期的なカルシウム濃度の振動をつくる。この振動をシグナルとして、CCaMKと呼ばれるカルシウム依存的なキナーゼが受容し、ほかのタンパクをリン酸化する。それにより転写因子が活性化して、最終的には根粒形成に必要な遺伝子の発現を誘導する。非常に簡単に説明したが、この絵を描くまでに、研究としては大体20年ぐらいかかっている。ここで重要なのは、根粒菌のシグナルを受容するのはNFRというタンパク質だが、菌根菌の感染もこのシグナル系を使っていることである。菌根菌の場合、おそらくこの未知の受容体だけ違って、ほかの因子は、根粒菌と菌根菌の共生において全部共有していると予想されている。

では、進化的にはどうなっているか。菌根菌は陸上植物の8割ぐらいと共生できるが、根粒菌と共生できるのはマメ科植物だけである(厳密に言えば、マメ以外にも1種だけ知

られている)。では、なぜマメ科植物が特異的に根粒菌との共生を進化させたか。これがわかると、ほかの植物に応用するための基盤的な知識になるのではないかと考えられている。実際に、根粒を形成するしないというのは、環境中の獲得できる窒素の量に当然依存するので、これは非常に合理的と思われる。このようにして根粒が進化してきたのだろう。

もう1つ、最近のトピックとして重要なのは、菌根菌や根粒菌が、どのように細胞内に共生できるようになったかということ。寄生菌、特にカビの仲間、植物の細胞内に入り込むのがいる。それらの寄生菌が入り込む時も、シグナル伝達系や、細胞質、細胞骨格、膜の再構成などが必要で、実は共通しているのではないかと、この10年ぐらい言われている。分子実体はまだ捉えられていないが、今のところ変異体の解析で、根粒菌と共生できない変異体のうちには、ある病原菌でも寄生できなくなるなどの記述はある。まだ全体的な絵は描けていない状態だが、土壌微生物叢との相互作用というのも今後解明されることを期待している。

ここから共生の分子遺伝学の本題に入る。まずは歴史から説明する。1980年代から90年にかけては、根粒菌の遺伝学として研究が進んだ。このころはまだ植物の分子遺伝学ができなかった。まず、根粒菌側の重要な遺伝子を同定し、根粒菌から植物に働きかけるシグナル物質を同定したのが1990年。それから、だんだん植物側の分子生物学が可能になり、様々な発見があった。ここで強調したいのは2つ。一点は、植物側の研究が進められるにつれ、日本の貢献が顕著になった。必ずしも全部が日本というわけではないが、ヨーロッパのグループ、アメリカなどと激しくしのぎを削った。この下線で示したのは日本発のマメ科モデル植物ミヤコグサを使った研究である。ミヤコグサをモデルとして使った研究がいかに有効であったかがわかる。もう一点は、ミヤコグサが使われた研究の国別の割合を、ミヤコグサ(学名 *Lotus japonicus*) と、マメ科のもう1つのモデルであるタルウマゴヤシ(学名 *Medicago truncatula*) でPubMed検索してみると、ミヤコグサで日本の割合が非常に高いのがわかる。PubMedなので大まかではあるが、NatureやScienceを含むトップジャーナルの結果でこうなっている。つまり日本のミヤコグサ研究はしっかりとした地盤があり、Nature、Science級の発見にもつながった。デンマークも質の良い論文を出してはいるが、割合としてはわずかに9%。日本がミヤコグサ研究が強かった原因としては、かずきDNA研究所によるゲノム解析サポート、植物微生物研究会といった研究コミュニティ、などが大きい。現在、ミヤコグサを使っている研究室は日本に30研究室ぐらいあり、北から南まで裾野が広い。予算的にも、さきがけ、CREST、それから、振興調整費などでサポートしてもらったことで、インパクトファクターが高い論文が次から次へと出ていた。

今後期待される研究の方向性は、今までマメ科だけができていた根粒菌との共生を、非マメ科の穀物でも可能にすること、また、根圏微生物の共生の利用、などであろう。後者はこれまで技術的になかなか難しかったものの、現在だいぶブームになってきている。そしてさらに、N(窒素)のデポジットの問題。ヒトの活動があるところは、Nがどんどん環境中に放出されている。逆に穀物の栽培でNが足りない状況は発展途上国を中心にたくさんある。これらのことも考慮し、化学肥料の乱用、環境破壊、それから、肥料低減という観点で、共生を有効利用し、環境にやさしい農業の実現に繋げたい。

【質疑応答抜粋】

Q：シロイヌナズナもそうだが、ミヤコグサは言ってみれば雑草。作物ではなくて、雑草を使うデメリットはないか。

A：基本的にはモデル植物を使い、最終的にはダイズなどをターゲットにする。その間のトランスレーション（橋渡し）というのはやはり難しい。それから、実際は作物を使って圃場で生産することが出口なので、雑草を研究室の人工気象器で扱っているというのでは、直接的な答えが出せない。実際の作物を圃場で、というのと、モデルを人工気象器で、両方やるしかないだろう。

Q：共生微生物も窒素固定に関係しているものがある。もちろんリンが一番有名だが。イネなどではどうか。イネの窒素固定など。

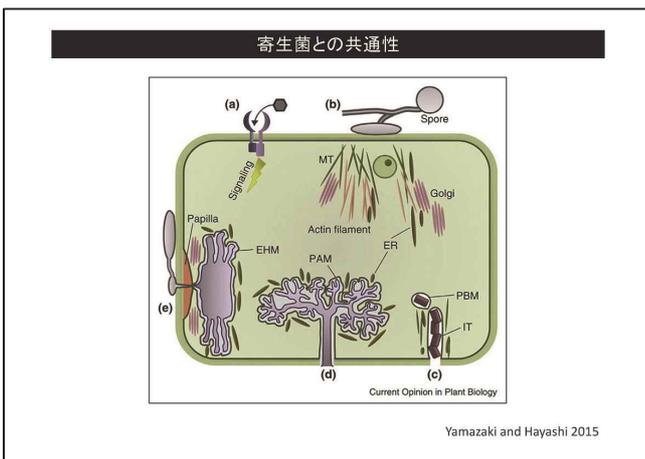
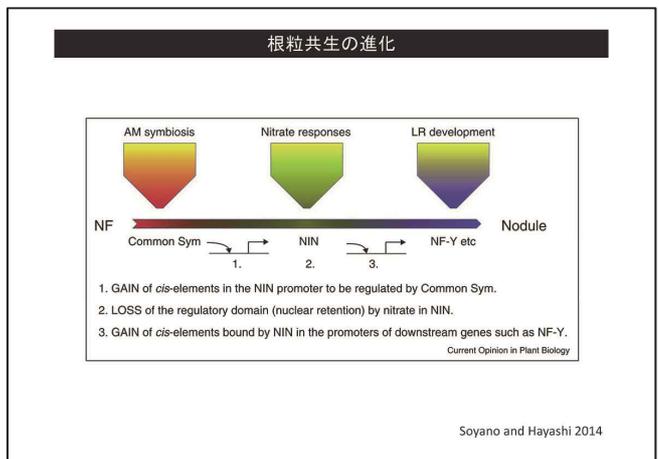
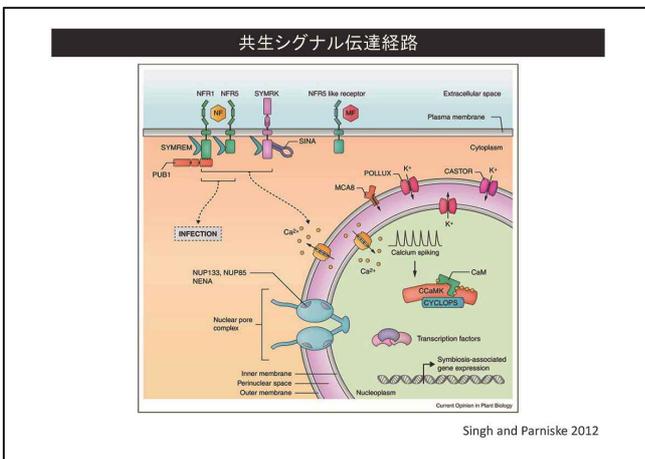
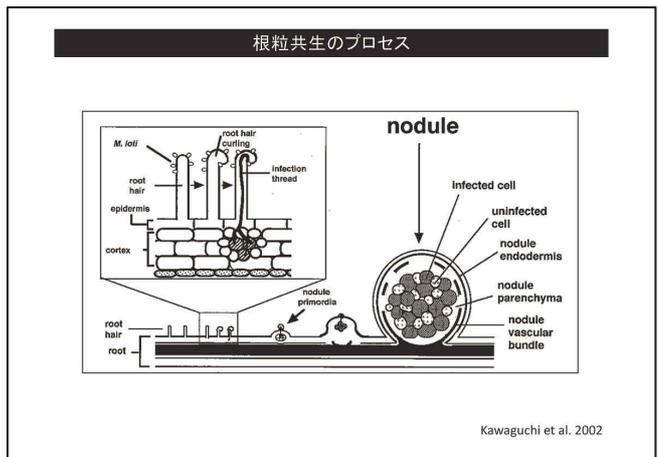
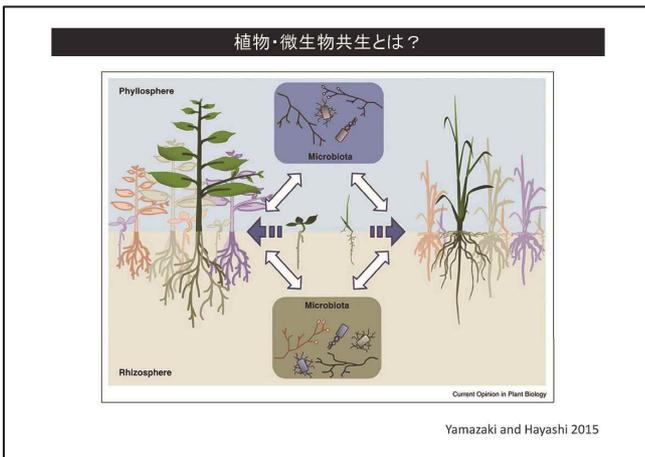
A：イネでは、例えば水田における窒素固定に共生微生物の寄与がどのくらいあるか、データによっては3割ぐらいと言われている。実際にそれらの菌を単離して解析すると、窒素固定能力に関わる遺伝子が見つかる。そこまではわかっているが、それらを植物体に感染させてやり、どのくらいの窒素固定の寄与につなげられるか、というと、3割まではいかない。そういう菌は幾つも見つかっているので、それらを有効利用する手もある。

Q：その場合は別に根粒はつukらないのか。

A：作らない。

Q：さきほどのAM菌根菌と同じような栄養のサポートをしているのか。

A：それはまだよくわかっていない。基本的には、根粒菌と違って、細胞内ではなく細胞間隙に共生している。結局効率の問題だろう。例えば根粒形成で、7割、8割まで窒素を供給できるのであれば、やはり根粒のほうが良いだろう。

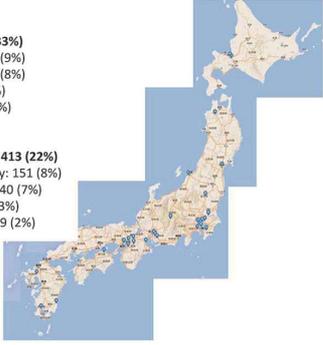


植物・微生物共生の分子遺伝学：歴史

1982	<i>nod</i> オペロンの同定	アメリカ
1986	<i>nod</i> オペロン誘導物質の発見	アメリカ
1990	<i>Nod</i> ファクターの同定	フランス
1996	カルシウムシグナリングの発見	アメリカ
1999	根粒共生遺伝子の同定	デンマーク
2000	根粒菌のゲノム解読	日本
2002	共生受容体遺伝子の同定	イギリス/ハンガリー
2002	根粒数を制御する遺伝子の同定	デンマーク/日本
2003	<i>Nod</i> ファクター受容体遺伝子の同定	デンマーク/オランダ
2004/5	共生イオンチャネル遺伝子の同定	アメリカ/日本
2005	プランチングファクター(ストロゴラクトン)の同定	日本
2006	機能獲得型キナーゼによる自発根粒形成の発見	イギリス/デンマーク
2007	萎縮菌のゲノム解読	フランス、アメリカ
2008	ミヤコグサのゲノム解読	日本
2009	植物由来発酵菌固定遺伝子の同定	日本
2010	根粒菌分化制御機構の発見	フランス/アメリカ
2010	<i>Nif</i> ファクターの同定	フランス
2011	タルウマゴヤシのゲノム解読	アメリカなど
2013	腐根菌のゲノム解読	フランスなど
2015	細胞外多糖受容体遺伝子の同定	デンマーク
2016	共生カルシウムチャネル遺伝子の同定	イギリス

我が国におけるミヤコグサ研究

PubMed検索キーワード
 "Lotus japonicus": 764
Lotus japonicus Japan: 249 (33%)
 Lotus japonicus Denmark: 72 (9%)
 Lotus japonicus Germany: 60 (8%)
 Lotus japonicus China: 58 (8%)
 Lotus japonicus France: 27 (4%)
 Lotus japonicus UK: 22 (3%)
 "Medicago truncatula": 1899
Medicago truncatula France: 413 (22%)
 Medicago truncatula Germany: 151 (8%)
 Medicago truncatula China: 140 (7%)
 Medicago truncatula UK: 52 (3%)
 Medicago truncatula Japan: 39 (2%)





ミヤコグサ・共生研究を加速した予算措置(科研費以外)

1998-2001: さきがけ「ミヤコグサで開く根粒共生系の分子遺伝学」
 2002: Nishimura et al. *PNAS*
 2002: Nishimura et al. *Nature*

2002-2008: CREST「共生ネットワークの分子基盤」
 2005: Imaizumi et al. *Nature*
 2005: Akiyama et al. *Nature*
 2008: Yano et al. *PNAS*

2007-2010: 科学技術振興調整費「植物・微生物間共生におけるゲノム相互作用」
 2009: Hakoyama et al. *Nature*

2010-2014: NEXTF「根粒共生系の総合的理解による、低窒素肥料農業を目指した基礎的研究」
 2014: Soyano et al. *PNAS*

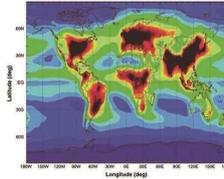
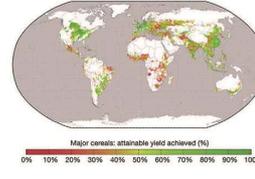
2014-2019: ACCEL「共生ネットワークの分子基盤とその応用展開」

今後期待される研究開発の方向性

穀物と根粒菌との共生
 ✓ マメにできて穀物にできない理由は？
 ← マメに特有の遺伝子があるのでは？
 ・ 共生遺伝子の網羅的同定
 ・ 大規模機能解析システムの必要性
 ← 進化の過程でどのように獲得されたか？
 ・ 近縁種のゲノムと比較
 ・ 遺伝子発現ネットワークの解析

植物と根圏微生物との共生
 ✓ 有用微生物をどのように利用するか？
 ← 接種効果が必ずしも明確でない理由は？
 ・ 微生物叢の把握
 ・ 環境要因の理解
 ・ 植物側因子の同定

社会的インパクト

Galloway et al. 2008
 Mueller et al. 2008

✓ 化学肥料の施用による環境破壊
 ✓ 肥料不足による収量低下

⇨ 共生の有効利用

⇨ 低負荷・持続的農業の実現

2.2 セッション2「微生物叢の把握と分離培養 -近年のブレイクスルー-」

2.2.1. 「植物を取り巻く微生物叢から中核菌候補を抽出する」

東樹 宏和(京都大学 人間・環境学研究所 助教)

<発表概要>

私は野外に実際に生息している、農地にいる多様な微生物、これらがどう関わっているのか、薬剤や新規開発品種も、野外での実際の微生物叢、特に土壌中の微生物のコンテキストを背景に、どう気を配って開発すべきか、複雑な生物間関係の観点から研究している。私がよく取り扱っている真菌、特に菌根菌は、土壌中の窒素やリンなどを植物に提供し、植物がそれに応える仕組みを形成している。しかし、菌根菌と呼ばれる真菌だけでも多様であり、それ以外にも、内生菌や様々な細菌が、根圏や葉圏にかかわっている。それをどうやって植物の体内で調整させて、植物にとって良い、また、私たち人間にとっても良い機能をうまく持たせるかが非常に大きな課題である。

農地もしくは生態系内で起こり得る、生物間の種間のインタラクションをネットワークで表すと、このようになる。これは私が森林で取ったデータから描いたものだが、これらの無数の関係の中から、個々のプロジェクト別に、ある菌根菌とある特定の植物、また同じ植物でも別の菌との関係というのを研究することが多い。問題は、これらの成果を持ち寄って、最終的に野外で、安定で収量の上がるシステムというのを実際につくれるかどうかである。私は、相互作用の中でのネットワークと力学に注目し、特に真菌を対象に、次世代シーケンサーを使って解析している。真菌はDNAバーコーディングの手法に難点があるので、技術開発をインフォマティクス部分も含めてやっている。森林では植物種が多数あるので、植物それぞれの種にどういう真菌が関わるかに着目する。図中では、植物を赤で、外生菌根菌を黄色で、アーバスキュラー (AM) 菌根菌は緑で示している。非常に興味深い傾向として、様々な植物に関わり、しかも存在している確率が非常に高いものは、かなりの部分が機能未知の内生菌ではないか、ということである。菌根菌は、単離・培養が難しいという難点がある一方、内生菌は非常に培養が簡単である。このような内生菌をこのマイクロバイオームの全体のステージに使えれば、応用が非常に広いだらうと期待し、共生微生物同士の複雑な関係性を研究する方向で進めている。

作物種ではないが、ニュージーランドにある自然林の樹木での例を紹介する。一種がほとんど純林を形成している森があり、そこで1mおきに2cm程度ずつ700個の根を採集した。それらを洗浄し、それぞれからDNA抽出を行った。1つの根のサンプル中から複数種の真菌種が出てくる。どの真菌種が、より同じ根から出てくる傾向があったかを、統計的に解析したのがこの図になる。その統計的な傾向により、同じ根の中で一緒に検出されやすい菌同士は青で、一緒に検出されないものを赤で結んでいる。また、ナンキョクブナは外生菌根菌性なので、菌根菌を黄色で示す。大別して2つの「仲良し菌」のグループがあることがわかった。それ以外の機能不明菌がたくさんいて、ものによっては中核的なところに位置しているということがわかってきた。

仮にグループAとグループBというものに分けると、今度は植物個体を単位として、どちらのグループにより偏って感染したかがわかる。たとえ1種の植物で同じ場所に生えているものであっても、共生菌のグループで見るとがらりと違う。実際には数百~数千種の菌がいて、そこから1個体に入ってくる菌を考えた場合、その組み合わせというのは天文

学的なものになるが、実際にそこで起こる力学を背景にして、人間が観察できるタイプはせいぜい可算なものに帰結するのではないかと考えている。これはヒトの腸内細菌で言えば、エンテロタイプと呼ばれるもの。すなわち、人類は3つくらいの腸内細菌タイプに分かれる、といった傾向に近いと認識している。

ある植物種について、ある共生微生物もしくは有害菌との関係というのを、これまでは個々に蓄積して研究をしていたが、こういったグループを単位に、植物との関係、植物ゲノムとの相性、といったものを見ていく方向性が可能なのではないかと期待している。植物個体の健康状態、全体の恒常性を保っていく上で、中核的な役割を果たしているような菌群を、こういうインフォマティクスの方向からスクリーニングし、ここにネットワーク科学の指標等を使って解析する方法で、現在研究を進めている。そのビジョンを以下に説明する。実際に自然生態系やいろいろな生態系で起こる微生物間のネットワークを抽出し、例えば寄生菌に感染したものは、ある特定のタイプの菌叢、および表現型を示すとして、その際中核にいるのは何かというのをまず見たい。中核となっているものが内生菌であれば、簡単に培養できるので、無菌の状態の実生なり種子に接種し、それを野外に移すと、この中核菌の仲間になりやすいものが選択的にとられるだろう。野外での微生物叢の動態を管理していく方法の開発を、インフォマティクスと実際の実験を組み合わせた研究で、今後進めていきたい。

先に入ったものが、後から来るものを排除できることを、先住者効果という。特に真菌、糸状菌で菌糸を伸ばしていくタイプは、物理的にスキヤフォールドをつくって相手を排除したりできるので、先住者効果的な機能は特に真菌では期待できると考えている。現在、ダイズをやっている、来年度はさまざまな作物種でもやりたい。農地で本当にこのような内生菌がとれてくるかという、そこは未知の部分がある。耕作をしたり肥料を入れたりすると、菌根菌が減ってしまう、あるいは、それに付随する内生菌が入ってしまう、ということも考えられる。失われた多様性が実は自然生態系の中にあるかもしれないので、森林などのさまざまな植物から取るということも行っている。

これは北海道、京都、屋久島の森林で研究したネットワークを示している。外生菌根菌、アーバスキュラー菌根菌、あと、内生菌と思われる機能不明菌がたくさん取れてくる。多様性解析、あるいは何が中核かという横断的な研究をしている。また将来的に、生物の製剤として利用する場合には、土着菌との相性という問題がある。広範囲に分布する中核菌であれば、より応用範囲が広い、より広範なマーケットに出していけることになる。中核になるものが広い地域でどういう状況にあるかを見る方法というのも開発していきたい。

将来展望としては、インフォマティクスを基礎に、野外において頑健な植物共生微生物叢をつくりあげたい。あと、1つ注目しているのが、寄生あるいは共生する微生物の叢は、植物の表現系と捉えることもできる。ゲノムとの相性という観点で育種、つまり、より共生できる、全体を安定的にやっていけるような育種に向かっていると期待している。しかし、野外とは非常に複雑なシステムで、植物生理学や遺伝学、育種と微生物叢の関係は、少しずつ太くなってきている。しかし、生態系、または土壌学というところの関係性は、まだこれから進めていく余地がある。実際に応用しようとしたときに起こり得る動態、農地での微生物の関係性を考慮して進めていかななくてはならない。特に土壌については、地球レベルのさまざまな問題に関わっている。食料危機だけではなく、資源、土壌汚染、地

球温暖化など。菌根菌がカーボンバイオマスに与える寄与は非常に大きいので、そういったところにも関わってくる。土壌を複合的に考えることは地球・生態系全体の健全性を担保していく重要事項である。しかし、アフリカでの土壌の流亡、農地管理などで大きな問題を抱えており、状態は悪い。リンの問題は、もしモロッコとの間に地政学的なリスクがあると、供給が途絶えてしまうかもしれない。東アジアは今後人口減少に向かうが、アフリカは10億人以上増加する。モロッコからアフリカに直接リンを供給するほうが地球全体の政治経済的な安定性という意味では好ましい。よって、日本では、いかに微生物を使ってリンを効率よく使うか、もしくは非常に少なくても済むようにするかは大事になってくるだろう。

こういった観点から、植物遺伝学、土壌学を含め、実際の生態系やそこにいる微生物の解析が後重要になるだろう。例えば、この植物同士であれば菌をよく共有するなど、そういった情報が得られれば、混植や輪作を考える上での良い指針になる。生態系全体をデザインして、安定的なマイクロバイオームをつくるという観点で研究進めていくことが今後できるだろう。

また、例えばネコブセンチュウの繁殖は、作物栽培上非常に問題になるが、自然生態系では菌糸でくくり罌をつくりセンチュウを捕食してしまうものもある。こういったあまり知られていない機能を持ったものが実際に自然生態系にはある。こういったものを農地でも実現していくにはどうすれば良いのかを考える。害虫についても、熱帯雨林では害虫が大発生することはない。農地のような単純な生態系では大発生は起こる。様々な生物をトータルに考えた上で、微生物がどう働いているか。例えば、クモは地下でトビムシを食べており、トビムシは菌根菌を食べる。菌根菌が作った地下バイオマスが最終的にクモになって、それが地上の害虫を抑える、ということも示唆されている。

地球・生態系レベルで考えていくということ、既存の技術もしくはこれから可能になるであろう技術をもとにして前に向かっていくという方向性と、今後、5年後、10年後、15年後に人口動態、また、資源枯渇の問題とかを考えた上で、地球・生態系が起こり得る状態を把握して、そこから逆算して何をすべきかを、両方考えていかなければいけないと考えている。世界レベルでの問題解決というのを、地球・生態系全体の方向から将来を見据えた戦略というのを、日本がビジョンを示していくということが、国益にもつながるのではないかと。

重要なのは、分野間の連携だと考えている。微生物学、生態学、情報学の研究会もある。農学で本当に国際協力で、マラリアにかかりながら命がけでやっている方もいる。そういった異分野融合でイノベーションというところに今後、期待したい。

【質疑応答抜粋】

Q：大変おもしろい話ありがとうございます。コアの共生菌というグループについて聞きたい。3つほど代表的な土地で調べられたコアの共生菌の叢というのは、現時点では何か。まだ全体像は見えないかもしれないが、例えば、Aグループ、Bグループといったものの中で違いがどのくらいか。調べられた菌の全体がどのくらいで、コアになるのが何%ぐらいなのか、その辺もう少し教えてほしい。

- A：ありがとうございます。コアになるかどうかは、コアの定義による。しかしその中でも、非常に宿主の範囲が広く、広域で出てくる菌というものがある。例えばビョウタケ目と呼ばれるもの。真菌は細菌に比べて分類が遅れていて難しいが、傾向としては系統が見えてきている。生物学的な事前情報がほとんどないので、今後の実験でゲノム解読などを含め、注目すべき分類というのはだんだんと明らかになるだろう。
- Q：真菌をかなり強調されていたが、研究としては原核微生物も両方捉えているということではよろしいか。
- A：真菌を重点的にやってきたが、手法としては原核生物もできる。細菌と真菌を両方あわせたネットワークというものを今後考えたい。
- Q：腸内フローラの世界だと、どういうサンプリングをするだとか、要するに、研究室間でどうやって上手にデータを交換できるようにするかが最大のポイントだと思うが、そのあたりは何かアイデアがあるか。
- A：植物の場合は根を洗った後、超音波洗浄するステップがあり、動物の腸に比べれば物理的にはよりソリッドなもの。そういった意味で共有はしやすいのではないかと期待している。

共生微生物に支えられる野外の植物

糖 (光合成産物)

植物 ↔ 真菌 (きのこ・かび類)

土壌中の窒素やリンの供給
高温・乾燥・外敵からの保護

異なる機能をもつ真菌・細菌を
植物体内でどう共存させるか？

個々の微生物を詳しく研究しても、
共生微生物叢全体の制御は難しい

研究プロジェクトA
菌根菌A ↔ 植物種X

研究プロジェクトB
内生細菌B ↔ 植物種X

研究プロジェクトC
寄生真菌C ↔ 植物種X

微生物資材の効果は、
農地によって大きくばらつく

相互作用ネットワーク内の「力学」が鍵

関連する国内の研究開発動向、
今後のあるべき方向性など

次世代シーケンスデータから 相互作用ネットワークを解明

DNA情報で生態系を
読み解く
環境DNA-大規模群集調査-生態ネットワーク

真菌

植物

• メタバーコーディングの基礎理論
("QC-auto" algorithm)
• プログラム"Clident"の開発

次世代シーケンシングの生データ解析
から生物同定、集計作成まで

Tanabe & Toju (2013) PLoS ONE 8:e76910

いままで無視されてきた真菌 (内生菌) たちが 重要な役割を果たしている？

● 植物種 (33種)
● 外生菌根菌
● アーバスキュラー菌根菌
● 機能不明菌 (内生菌)

有用微生物として菌根菌が研究対象の中心だが、
ほとんどの種が難培養性

培養が容易な内生菌なら、応用技術が確立しやすい

Toju et al., (2014) Nature Commun

共生微生物どうしの相互作用ネットワーク

— 頻繁に同じ植物個体から検出される真菌のペア
— ほとんど同じ植物個体から検出されない真菌のペア

Toju et al., (2016) J. Royal Soc. Interface

それぞれの菌グループ内に 「コア共生微生物」が存在する可能性

グループ内中核種 (内生菌)

グループ内中核種 (内生菌)

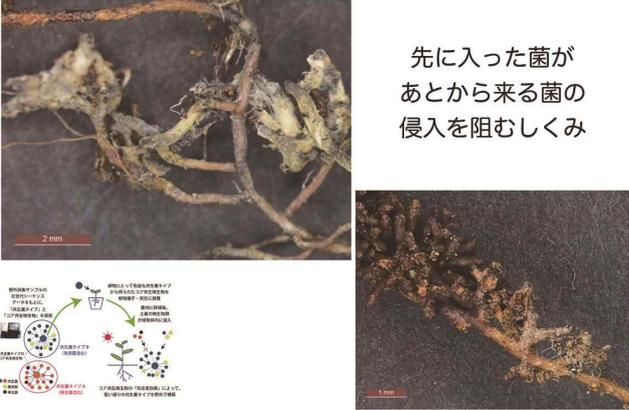
グループ間中核種 (内生菌)

グループ内中核種 (菌根菌)

ネットワーク中心性 (z標準化)
● 2 <
● 1 <
● 0 <
● ≤ 0

Toju et al., (2016) J. Royal Soc. Interface

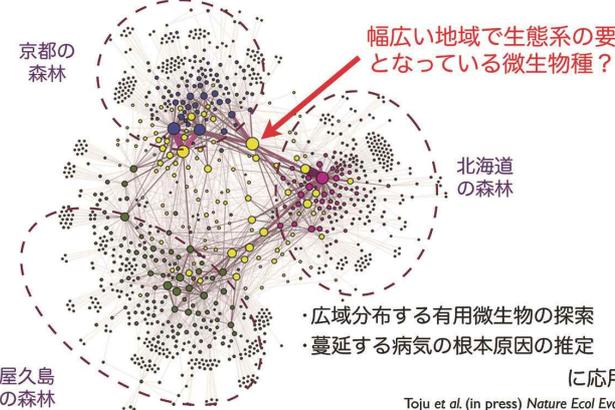
「先住者効果」



先に入った菌が
あとから来る菌の
侵入を阻むしくみ

植物根の微生物叢は、先住菌が後来菌の侵入を阻むことで、植物の健康を維持する。この「先住者効果」は、植物の根圏微生物叢の重要な特徴である。

数千・数万種の中から、注目して研究すべき微生物を探す

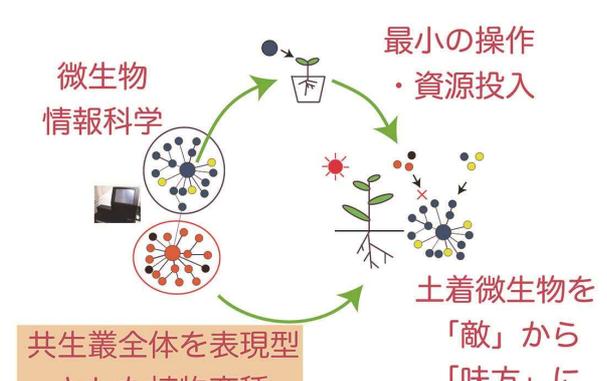


幅広い地域で生態系の要
となっている微生物種？

- ・広域分布する有用微生物の探索
- ・蔓延する病気の根本原因の推定

に応用
Toju et al. (in press) Nature Ecol Evol

将来展望



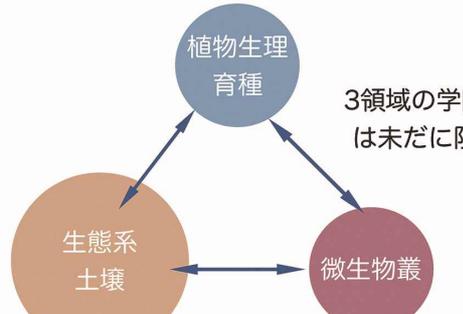
微生物
情報科学

最小の操作
・資源投入

共生叢全体を表現型
とした植物育種

土着微生物を
「敵」から
「味方」に

植物と微生物叢の関係を理解できても、
土壌と生態系全体に関する知識がなければ、
期待された効果が農地で期待できない



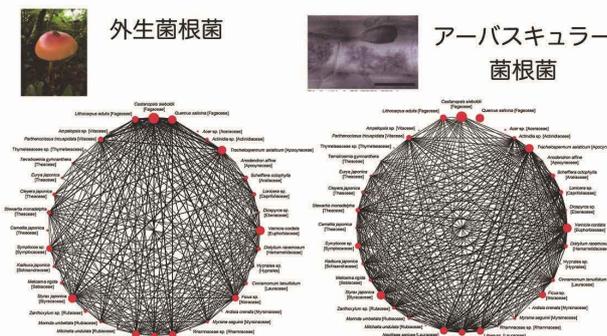
植物生理
育種

生態系
土壌

微生物叢

3領域の学際連携
は未だに限定的

混作・輪作の効果微生物叢から予測

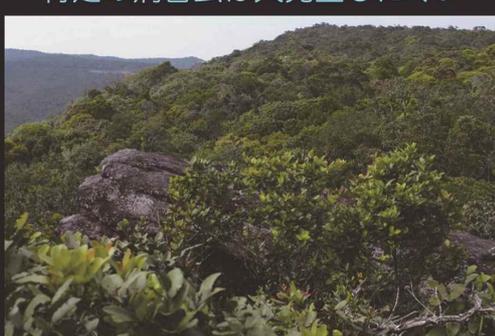


外生菌根菌

アーバスキュラー
菌根菌

Toju et al. (2014) PLoS ONE

人為的に単純化させない限り、
特定の病害虫は大発生しにくい



植物や微生物以外の生態系構成者への理解

2.2.2. 「植物共生微生物の分離とその応用に向けて」

池田 成志(農業・食品産業技術総合研究機構 北海道農業研究センター 上級研究員)

<発表概要>

私が大事だと思っていることは2つ。1つは、ちょうど前の東樹先生がお話されたことを、農業の現場でやってみたいということ、もう1つは、どうやって微生物叢を農業の中に位置づけるか、ということ。農業試験場なので、現場的な話が多くなると思うが、考え方としてはそのような方向性で研究している。

現時点での農業や植物の微生物の問題点を挙げる。事実上、植物の共生系というのは今までほとんどブラックボックスだった。特に地上部組織では調べられてこなかった。私は、あくまで農業を考えたいので、植物を中心に考えたい。農業にとって微生物叢を都合良くするにはどう環境を整えていったらいいか、どういう研究分野と連携したらいいかを考えている。

どういう微生物叢の認識が作用するか、方向性も考えた。長期的なスパン、1億年とか2億年という時間の間に形成されてきた相互作用もあるが、短期間でも相互作用というのは常に動いている。人間がコントロールできるはずのところを、農業として環境を整えることができようまくいくのではないか。最近、LEDを使った植物工場の話もあるので、こういった物理的な環境も取り込んでいけるのではないかと思う。

農業を科学にしたい。やはり今までの農業というのは工学と違ってデザインできない。イメージとしては、下水工学で使われている下水の浄化、インプットとアウトプットがわかっている。私たちが少なくともインプットの情報を押さえられたら、何とかアウトプットの形で拾ってきたい。

植物の共生系、特に地上部についてはブラックボックスだと前述したが、その理由は、非常に単純だが分析する方法がなかったからということ強調したい。群集レベルで分析する方法がなかった。植物対微生物の1対1の関係というのは、歴史的にはそちらのほうが当然早く、いい研究が行われていたが、群集レベルは技術がボトルネックになっていた。もう1つ今日の会議で強調したいのは、いろいろな方々に参加してもらって、この技術開発のところ、発見的な研究ではなく、ブレイクスルーを引き起こすようなことを、学際的に連携して研究できたらいいと思っている。

方法としては非常に単純で、植物からバクテリアや微生物の細胞を物理的にとってくる。ここからDNAを抽出すれば、培養せずに一気に分析できし、培養に持ち込む際にも利点がある。植物体全体から抽出しているので、濃縮され、効率よく分析、分離、培養できる。

こういう分析方法を使って、以前南澤先生のところでやっていた仕事を紹介する。窒素肥料が変わると微生物叢がどう変わるか、あるいは、根粒菌が共生するダイズと共生しないダイズ、そういう植物の遺伝子型が変わると、共存する微生物がどう変わるかを調べた。わかってきたのは、肥料過多だと悪い菌が増えてくる。ヒトの腸内と似たような状況。窒素過多というのは、窒素が無駄になるだけでなく、いろいろな意味でリスクを高めることになる。

もう1つこの分析法のいいところは、多様な微生物がいることがわかる。系統情報だけでなく、機能情報と、メタゲノム解析を直接やることができる。これはおそらく非常に

大きな強みである。メタトランスクリプトームを含め、いわゆるオミクス技術でうまく方法を改変すれば展開することができると思う。

もう1つ、私の開発した分析方法ではないが、大量に分離培養できるシステムを持っている。おそらく、国内外含めて、培養方法の研究としては、大体ほかのグループより1桁ぐらい多い数（数千レベル）で、バクテリアの分離培養ができる。培養微生物の研究で、多様性の難易度を入れていく。そうすると、どんな培地を使うと、どれが一番多様なバクテリアがとれるか。あるいはどういう系統のグループのバクテリアがとれやすいかがわかる。このように情報を整理しておけばこの培地がいいということで、私たちはこの培地をメインに使っている。

農水省のプロジェクトで、私が代表でやった研究例を紹介する。大体2年間ぐらいで2,900ぐらいの分析結果を示す。そうすると、予想以上に新種が取れてくる。例えば100菌株拾うと1菌株ぐらい。私は微生物の分類が専門ではないが、一応報告論文としてまとめている。このように集めてきた菌の中から、実際に植物に接種試験をやって、生育促進効果があるかを調べた。ざくざくと、今まで全く僕らが想像していなかった菌群から有用効果というのがとれてきた。これは非常に良かった。

もう一つ、ドライビングフォースの話をする。農業現場では高額な資材は使えない。なので、使う資材としては、1つは肥料で、もう1つは有機物を想定している。どういった肥料あるいは有機物を土の中に入れると、どういう微生物が増減するか、そういう法則性があるのかを見きわめましょうという立場。しかしただ単にそれだけだと研究資金が獲得できないので、こういったプロジェクトに絡めて行ってきた。運良く、米ぬかを畑に入れると、ある病気が減るという事例が見つかった。これは実は農家さんが見つけたこと。それをきっかけに研究を進めて、私たちのグループが去年初めて示し、研究論文として出版した。こういった地道な仕事は意外と誰もやっていない。

米ぬかを土に入れると病気が減ることが経験的に見つかった。では、米ぬかを土の中に入れたときに、どういう微生物が増減するのかを調べた。グラム陽性菌、特に *Bacillus* とか *Streptomyces* が増えてくる。*Bacillus* や *Streptomyces* は乾燥や熱に強いので、製剤化がしやすく微生物を資材化する上で非常に都合が良い。どういう菌群がレスポンスするかがわかるので、微生物資材の候補、微生物農薬の候補を選抜することができる。実際に畑にこのバクテリアの菌液を接種し、増えるかどうか調べ、1000以上の菌株を選抜した。これらの一部は民間の微生物資材の会社に委託して販売を予定している。

同様の流れで、生物肥料の研究も進めている。いろいろな応用展開の可能性はある。これは僕の研究分野ではないものも含まれているが、ポテンシャルとしてはあり得る。

もう一つ、植物圏、共生系研究の世界的な潮流について触れておく。病虫害を含め一つの軸になっている。このアメリカの植物病理学会のスライドは非常に興味深い。これは事実上、土壌肥料系との連携。植物病理学を土壌肥料化学の中に位置づけている。多分そうしないとだめだと自分もずっと思ってきたが、アメリカではっきりと打ち出しつつあること。さらに、当然、ビッグデータとも連携する。共生微生物の利用も含めてビッグデータに対応するための方法論というのを今、平藤雅之先生のプロジェクトでやっている。

さらにドライビングフォースで一番大きいものはやはり植物の代謝物である。共生しているからには当たり前だが、菌根菌と根粒菌以外の共生微生物も植物から出てきている成

分を食べて生きているはず。こういうメタボロミクスとの連携が大事である。さらにこの連携の大事な点は、おそらく最終的にはヒトの健康科学までつながることだと考えている。こういった横の連携、共同研究が非常に大事だと思っている。菊地先生ともそういう視点で研究させてもらっている。

また、「美味しさ」との関連、こういった夢のある研究も推進してほしい。私たちは予算申請が通らなくてできないが、アメリカの農務省とアメリカのワイナリーは、カリフォルニアワインの共同研究を大規模にやっている。あと、環境微生物の中ではストレス化学の方と連携しなければいけないだろう。

生物農薬や微生物資材を使うときには、やはり高い。なので、そのためにどこに適切に使えばいいかという、ピンポイントで使うためには、やはりこういう技術開発も非常に大事だと思っている。

【質疑応答抜粋】

Q：診断技術の開発というのが重要とのことだが、これは内生菌からの診断技術、それとも根圏、あるいは土壌から診断か。

A：おそらく一番問題なのは土壌、農業の土壌病害である。eDNA プロジェクトなどもあったが、もう少しここを真面目にやるべきだと思う。今回紹介した例は非常にうまくいったもので、これをイメージしてやれば、結局は微生物農薬や微生物資材の研究にもつながる。北海道だと、1枚の畑が1ヘクタール、そこに10アール当たり3万円の資材を入れると、1ヘクタール当たり30万になる。それだけで北海道の農業だったら利益が飛んでしまうので不可能。だから、畑の、どこにいるのかをある程度わかるようにする、分析するための技術を本気で作りたいと思っている。

Q：この土壌の問題というのは、地域性が非常に大きいはず。微生物、土壌、作物、そういう関係を、また最適化したデータを出せるということが必要。今までは大規模農業で一律にやっていたのを、これに変えるとなると、データを一緒に提供しないとできないのでは。

A：1つは土壌診断、土壌の化学分析の中に土壌の微生物叢の診断を含める。今は次世代シーケンサーでできる。食品とか農業の現場の人がアクセスできる微生物分析のための場所を提供するのが良いのではないか。大学とか、僕らの北農研とか研究所に行って研究所の人に頭を下げないと、今までの微生物分析はどこもやってくれない。

もう1点、ビッグデータがまず間違いなく要るだろうと思う。土壌の場合、いろいろなパラメータが、水平方向も垂直方向もヘテロ性が大きくばらつきがある。たとえば北海道の1ヘクタールの畑の中から、何点とったらいいのかが現実的にある。一番いいのは、畑に植物があって、そのときに上から衛星写真やドローンで撮影する。どこに病原スポットがあるかわかれば、そこ目がけて微生物資材や微生物農薬を局所的に投入する。非破壊系で植物の健康診断をすることにつなげたい。今は破壊系で分析しているが、将来はそういった、画像解析とかドローンとかにつなげたい。この研究者が最終的には融合しないと多分賢い動きができない。

Q：菌の分離培養の点で一つ聞きたい。これまで多数の分離培養に成功したそうだが、分離した菌はどこかのセンター等には付託されたか。ゲノム解読までしているか。その辺の情報を。

A：私たちが興味ある程度の数にとどまる。私たちは農業からの視点でやっているので、新規性が高いものも含めて接種試験は全部している。保存はしてあるが、農業としての価値や意味がないものはやっていない。大学ではないので、お金も労力をかけられない。興味があれば、分譲する。あと、個人的に興味があるやつは、例えば根圏の *Verrucomicrobia* は非常に難培養性のものだが、根圏のメンバーとしてすごく大事だというのがわかってきた。それも実はとれている。それらについては、それこそ理研に寄託した。おそらく農業としては今後大事になってくるだろうと思う。ドラフトのゲノムは読んだが、多分データベースに入れたところまでで解析はできていない。

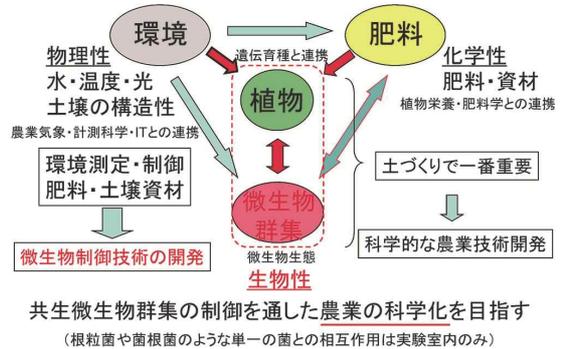
Q：では、そこまではされたということ。

A：はい。ぜひ協力いただければ。材料は提供できる。

従来の植物共生微生物研究の課題

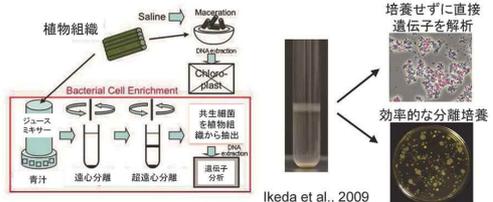
- 共生微生物の多様性の全貌
宿主特異性、組織特異性、経時的な遷移過程、
どうい微生物が、いつ、どこに、どのくらい？
- 共生微生物群集の機能
群集としての機能性が不明、オミクスが使えない
- 共生微生物群集の環境応答・群集内相互作用
環境応答反応や群集内の相互作用が不明
- 野外での共生微生物群集に関する情報
=>現場はブラックボックス状態(特に地上部組織)

農業(研究)における複雑性



関連する国内の研究開発動向、今後のべき方向性など

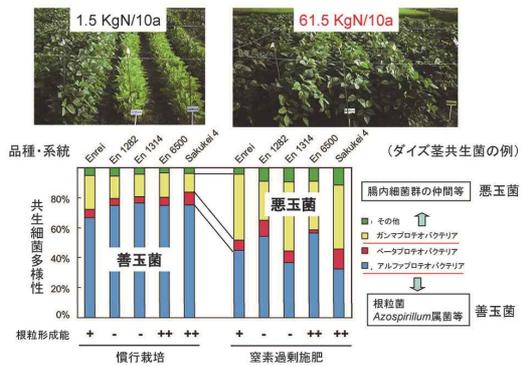
植物共生微生物群集の分析法を開発



分離培養せずに植物に生息する微生物のDNAを直接分析し、共生微生物の種類と量、オミクス研究を行うことが可能になった

ダイズの茎には140種類、葉には30種類の共生細菌
農産物・加工食品、他の共生系の微生物分析にも応用可能

肥料や宿主の影響を考慮した有用微生物の探索が可能



遺伝子名	検出頻度 per 4 × 10 ⁷
ACC-deaminase	44 ± 2
IAA生産能	1 ± 0.3
hydrophasin 2-oxoacetylase (hnaA)	0.5 ± 0.4
indolepyruvate decarboxylase (ipdC)	0.6 ± 0.4
固態窒素固定能 ^b	ND
iron protein (nifH)	ND
nif-hydroxylase iron protein alpha chain (nifD)	ND
nif-hydroxylase iron protein beta chain (nifK)	ND
POQ3生産能 (ppqC) ^c	0.9 ± 0.1
リン酸溶解能	16 ± 5
有機酸合成遺伝子	15 ± 5
quercetin glucosyl dehydrogenase (GRH)	2 ± 0.9
3-phthalate	1 ± 1
4-phthalate	0.2 ± 0.2
難溶性鉄溶解能 (Siderophore生産能) ^d	24 ± 4
nonferrous peptide synthetase (23kDa) ^e	4 ± 0.8
procedoxin synthetase (ProD) ^f	2 ± 1
chitinolytic synthetase component F	2 ± 0.9
other genes	16 ± 3
病害防除能	10 ± 4
β-1,3-glucanase	6 ± 2
chitinase	4 ± 3
メタネール利用性 (Methanol dehydrogenase (MDH)) ^g	7 ± 3
unidentified MDH	5 ± 0.6
surF gene type	2 ± 2

共生微生物群集のメタゲノム解析 (機能性遺伝子の解析) が初めて可能になった

難溶性リン酸の溶解能 (有機物の生産: GOH) (phytase生産)

難溶性鉄の溶解 (Siderophore生産)

グルコース分解能 (バクテリア分解産物の代謝を補助)

植物ホルモン生産 (例: IAA)

生体還元性物質の病除 (Pyroloquinoline quinoneの生産)

病害防除 (chitinase生産) (Chitinase病除)

β-1,3-glucanase (β-1,3-glucanase生産)

POQ3

固態窒素固定能

ACC-deaminase

IAA生産能

有機酸合成遺伝子

リン酸溶解能

難溶性鉄溶解能

病害防除能

メタネール利用性

・テンサイは、リン酸欠乏に強い作物であるが、共生細菌がテンサイのリン酸獲得を支援している可能性

・リン酸溶解能や病害防除機能を元にした生育促進細菌の分離戦略が効果的である可能性

一方、窒素固定能による生育促進細菌の分離戦略はうまくいかない可能性が示唆された。テンサイ根圏から分離した生育促進細菌は、全て窒素固定能を持っていないかった。

機能性に注目した有用微生物の効率的な探索・選抜が可能

遺伝子分析 + 多様性を指標とした効率的な大量分離培養

ダイズ茎エンドファイトの例	Medium		
	R2A	NA	PDA
Number of isolates	109	88	50
Number of OTUs ^a (種数)	34	> 27	14
Library coverage (%)	84.4	84.1	92.0
Diversity indices			
Chao1	60.2	> 41.2	14.5
ACE	59.2	> 56.4	16.1
Shannon Index (H')	3.0	> 2.7	2.2
Simpson's index (1/D)	17.3	> 12.3	8.4
Phylogenetic compositions (%) ^b			
Bacteroidetes	10.1	> 4.5	0.0
Firmicutes	8.3	> 8.0	10.0
Actinobacteria	13.8	< 20.5	8.0
Proteobacteria	67.9	> 67.0	82.0
Alphaproteobacteria	16.5	> 10.3	8.0
Betaproteobacteria	3.6	< 1.1	2.0
Gammaproteobacteria	47.7	< 55.7	72.0

R2A培地の利用で比較的簡単に多様な微生物の分離が可能になる

多様な微生物を得るための分離培養条件を探索・選択

特定の菌群を効率的に得るための分離培養条件を探索・選択

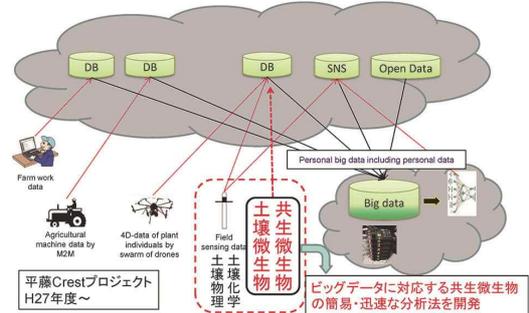
間違って分離するのではなく、限られた労力・コストを最大限に活用して合理的に分離培養を行う

共生微生物分析法の応用展開の可能性

多様な植物種 × 多様な栽培環境=未知の莫大な微生物多様性

1. 農業用微生物資材・微生物農薬の効率的な開発が可能
植物への親和性、環境変動に対する応答性、機能性遺伝子の解析
2. 植物防疫、種子の品質管理など農業現場の微生物診断が可能
3. 農産物・加工食品の分析を通じた品質管理や微生物制御が可能
貯蔵性、機能性成分、食味・風味の改善、テロワールの科学的解明
食品科学の微生物バイオの新規展開、野菜類の食中毒問題解決
4. 新たな医薬・製薬研究が可能:微生物を視点にした農食医連携
生物間相互作用に関する新規生体活性物質の探索、特に薬用植物
5. ヒトの健康科学への貢献が可能
食品中の微生物分析を通じたヒトの健康科学の新展開
6. ファイトレメディエーション、グリーンケミストリー、天然物化学、など
生命科学の幅広い研究分野に大きなインパクトを与えることが可能

微生物情報の農業ビッグデータへの取り込み 計測科学・IT・土壤肥料学の連携



植物共生科学と農業・食品メタボロミクスとの連携

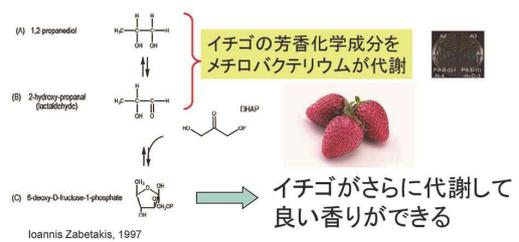
フードシステム全体への共生微生物学とメタボロミクスの応用へ



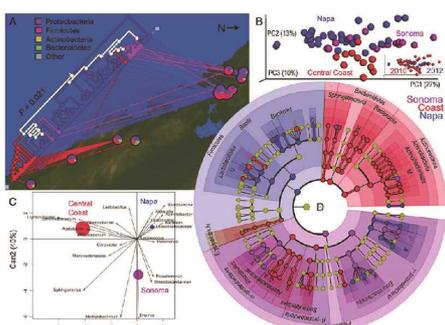
植物の代謝物が植物共生微生物の活動を支える根源
植物代謝系とリンクした共生科学の再考・応用が重要

☆農産物・食品中の微生物・微生物代謝物は畑から人の体内にまでつながっている

善玉菌が農産物の香りを良くする



共生微生物相が農産物の風味・品質に重要
=>「おいしさ」の科学的解明が可能になりつつある
共生微生物を通じた機能性成分の改変



アメリカでテロワールの微生物学的研究
=>ブドウの房の表面の微生物多様性評価

Microbial biogeography of wine grapes is conditioned by cultivar, vintage, and climate

Rehner, A., & Bensch, S. (2015). Microbial biogeography of wine grapes is conditioned by cultivar, vintage, and climate. *Microbial Biogeography*, 1(1), 1-11.

微生物農薬・微生物肥料の資材化適性問題

- ・グラム陰性細菌群は乾燥に弱く、製剤化が難しい。これらの菌群に高温・乾燥条件に対する耐性を付与するための培養条件・技術開発が必要。
- ・グラム陰性細菌群や糸状菌類について、効率の良い胞子生産のための培養条件・技術開発が必要。
- ・上記2点はいずれも微生物の環境変動に対する耐性機能なので、環境微生物学とストレス応答の視点からの技術開発が必要。
- ・嫌気・極低酸素条件での有用微生物を探索する価値があるか？実験的・実務的な難しさがある。

2.3 セッション3「システムバイオロジー –個の改変から全体の制御へ–」

2.3.1. 「システムバイオロジー –個の改変から全体の制御へ–」

菊地 淳(理化学研究所 環境資源科学研究センター チームリーダー)

<発表概要>

最初に、これまでの研究の紹介をする。微生物エコシステムの研究に参入したのは、腸内フローラのテーマのほうだった。もう1つは、代謝プロファイル、いわゆるメタボノミクスという切り口で入った。微生物のエコシステムがあると、発酵反応により、酢酸や酪酸といった物質を大量につくる。それらが pH を下げるなど、エコシステムそのものに非常に甚大な影響を与える。例えば腸管内フローラの場合は免疫力の向上といったベネフィットをもたらす。

では、ほかのエコシステムではどうか、それについて問題提起をしたい。マウスの実験では、クリアカットなデータが出るが、いざヒトの腸のエコシステムを評価しようとする、個人の多様性がありすぎて、マウスの研究が本当にトランスレーションできるのか疑問が残る。そこで現在コホートの、何千とか何万のデータをとって法則性を見出そうということが行われている。ある程度腸内フローラの研究が一段落してきたら、これからは土壌や生態のエコシステムの研究が盛んになるという時代が来るだろう、腸内フローラの業界には既にスター研究者はたくさんいるということもあり、一念発起して、土壌のフローラの研究をやろうということになった。特に、土壌へのバイオマス添加後、反応場がどう変化するかといった研究を展開した。最初は外の水田などの土に、多糖類を入れる介入実験をやっていた。最近は多糖類以外、タンパク質性のものを投入して、微生物エコシステムに分解させ、メタンハイドレートや肥料になるかということ調べている。いずれにしても、多様な微生物エコシステムでもセントラルドグマとっていいような反応がある。これはまず、高分子を加水分解反応で低分子化、単量体化していく。これは明らかに律速な反応。腸内フローラでもイヌリンなどの高分子の繊維が入ってくると、そこでエコシステムが変わって、プレバイオティクスとして使える。これと同じようなことが、多分土壌のエコシステムでもいえるのではないかと考えている。単量体化すると、いろいろな微生物が使いやすくなる。あつという間に反応が進んで、酸生成反応、あるいは、乳酸菌では酸生成微生物が増えてきて、有機酸を大量につくってくる。これがエコシステムの普遍的な姿。そこから先は、反応場によってだが、例えば古細菌がいると、メタン発酵が起こってメタンが出る。多くの土壌では C1 メタボリズムというところに分解反応が進む。

こういった土壌エコシステムを評価するという手法を少しずつ作っていき、サブサハラ

の土壌でこの研究を展開しようとしている。SATREPS というプロジェクトに分担者として参加したときの研究結果を紹介する。サブサハラのボツワナという国でヤトロファを植える事業が現在5年目になっている。サブサハラ地域は人口爆発が起こり、農業という産業振興が望まれている。ところが、Nature のペーパーでも紹介されているが、サブサハラの土壌というのは保水性が乏しくて、農業に適さない。ここに、残渣バイオマスを添加して土壌を改善できるかということ考えた。

ヤトロファは、作業や収穫がしやすいように、お茶の木のように小さく植えている。残渣バイオマスが大量に出るので、これを半炭化して利用することを考えた。完全に燃焼させてしまうと、炭としてしか使えないが、250℃付近で半炭化させると、ヘミセルロースだ

けが分解して、セルロースやリグニンは残る。こういう状態であれば、土壌添加だけでなく、将来的に工業力が発展したあとで、セルロースを使ったバイオリファイナリーに展開することが可能だろう、という発想だった。この半炭化バイオマスを貧栄養土壌に与えてどのような反応が起こるかということ調べた。このときに私たちが着目したのは、物理性、化学性、それから、微生物性である。全部のデータをとって、どのようなベネフィットがあるかを統合的に解析することにした。

ポツワナ土壌そのもの、またそこに残渣バイオマスを半炭化させて加えたもので保水率を比較してみると、残渣バイオマスを添加している方が保水性の向上がみられた。また、MRI と似た原理で T2 の緩和時間を調べると、T2 が短くなる、すなわち結合水が増加して、弾力化しているということが示された。代謝プロファイルを見ると、炭化バイオマスを加えた場合では、酢酸を大量につくる、コハク酸や乳酸ができる。若干好氣的になってくるので、そういった場でつくられる物質が増えることがわかった。

それから、マイクロバイオームのデータを 16SrRNA のプロファイルで追うと、例えば *Methylothermobacter* といったような微生物が減少するのがわかった。作物（ヤトロファ）の初期成長についても、根に関しては有意差水準をもって成長が良くなった。茎は若干太くなったように見えるが、残念ながら有意差は出なかった。それから、土壌中のミネラルや、植物中に取り込まれたミネラルについてイオンーム解析をやった。これも半炭化バイオマスのありなしで、取り込まれる形態が変わり、団粒構造ができて、水分の保水性が上がる、などのベネフィットがあることがわかった。微生物性、化学性、あるいは物理性を統合的に分析する手法を、今後、土壌の健全性を評価するために使いたい。

今後の研究の方向性について述べる。腸内フローラと一緒に、今までは実験室レベルの小さなエコシステムのクリアカットな研究を、ヒトに展開していくとなったときに、コホートの的にやるようになる。そう考えると、野外の圃場でできる技術というものが必要だろう。必要な考え方はおそらく、生態学のような、野外のビッグデータ収集の手法に学んで、IoT、インターネット技術とか、機械学習、AI などを活用する時代が来ていると思う。CRDS のほうからその分野のスター研究者を紹介して欲しいという依頼があった。私が生態学で注目しているスター研究者は、アメリカの David Tillman。この先生は、ビッグデータを使って、非常に興味深い論文を出している。温室効果ガス排出を指標に、どういう食パターンがより地球環境にやさしいかを評価した。結論は、タンパク源であれば、豚肉や鶏肉を食べるよりは水産物の方が、また、穀物を抑えて菜食にすれば、より温室効果ガスの排出が低い、といったデータを発表している。一方、それぞれの食パターンと生活習慣病のリスク低減の関係を示している。

今後は小型の機械を使って、気象データや微生物あるいは化学データをとってくる。それらのデータにより、環境やヒトが健康かどうかをクラリファイすることができる。その特性を分類していき、ビッグデータを将来予測に使う。先ほど半炭化バイオマスで示したが、介入できる何らかの因子が見つかれば、そこで圃場環境を積極的に改善していきけるのではないかな。

機械学習について述べる。かなり強引なデータをお示しします。さまざまな論文で示した土壌の NMR データに、池田先生たちとやっている有機農法の黒ボク土のデータを一緒に PCA（主成分分析）しています。実は、野外のさまざまな有機農法の土壌より、この人

工的な介入実験のほうが大きくぶれる。ですから、意外に物質組成としては介入実験よりも安定。いずれにしても、通常の PCA で見ていくと、脂質や酢酸しか特別因子として出てこない。一方、機械学習を使っていくと、重要な候補因子が見えてくる可能性がある。このように、ビッグデータをとって機械学習をしていくと、さまざまな因子が発見できるのではないかと思っている。

こういった分野に関係するベンチャービジネス、あるいは最近では、異業種の大企業がついに農業に着手しており、そういった関連企業と共同研究を展開していけば、実用化までいくのではないかと。

【質疑応答抜粋】

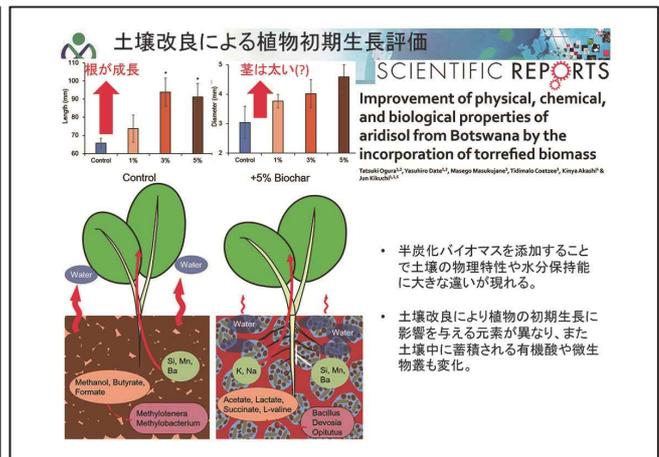
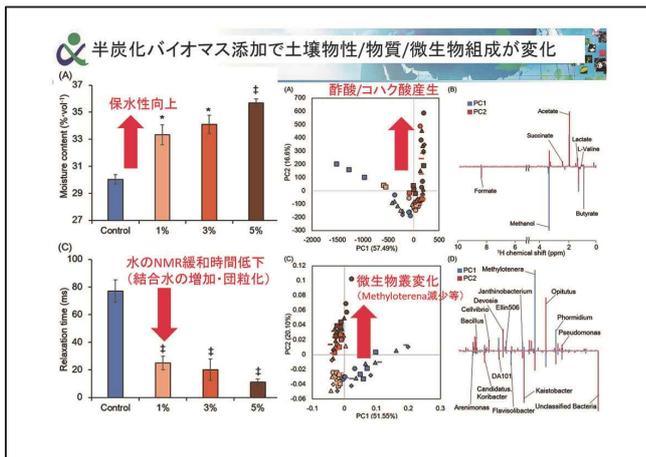
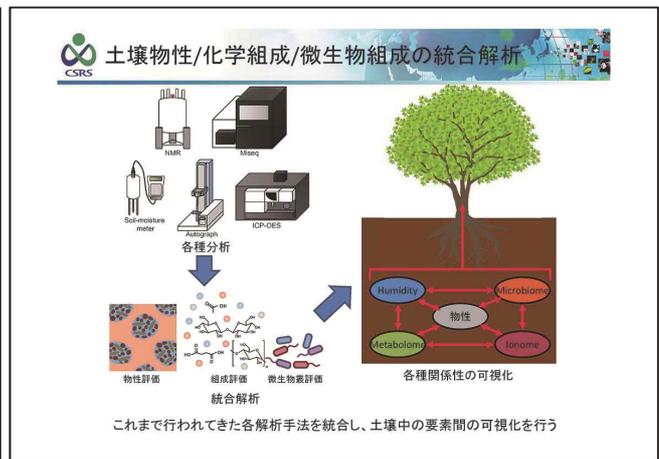
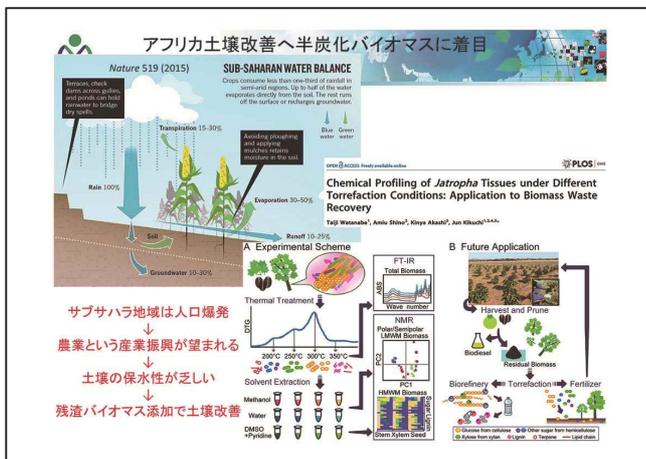
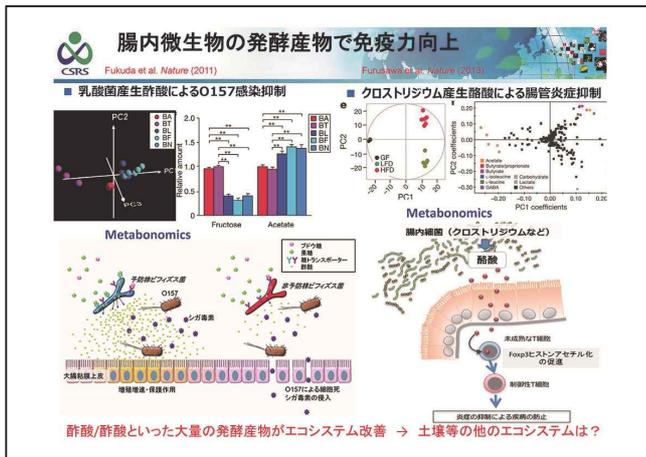
Q：大変おもしろい話を提供してくれたことに感謝。SOP (Standard Operating

Procedure)、手法の統一について聞きたい。ゲノムや塩基については、問題がまだあるとは言えだいぶ良くなってきた。質量分析などのほうでは統一化できる見込みはあるか。

A：私があえて NMR を、感度の悪い卓上 NMR データを出してきたのは、機器間、あるいは、機関間の互換性が非常に高いことによる。横軸が物理量なので、あるロックから、内部標準と比較していつも同じデータを出せる。しかも、今、お見せしたような微生物が産生している有機酸とか、かなり高濃度なものでこのエコシステムがどうなっているかというのを評価できる。こういう機関間の互換性の高い方法を使うと、かなり同じサンプルを別々の研究室がとって同じデータを出せるという状況になると考えている。

Q：ヒト糞便場合、糞便のどこからとるのか、要するに先端のほうからとるのか、中からとるのか、それによってもデータが変わってくる。土壌の場合も、当然団粒のようなものがあるが、そういった意味で、時系列的、もしくは土壌の性質による違いというのはあるか。

A：糞便と同じようなことは、多分土壌でもあるだろう。例えば深さ方向や水平方向のばらつきなど。ではそのときに、今度はどこまでのぶれが有意なのかが大事だと思う。当然土地の違いというのはある。同じ土を、先ほどのバイオマスを添加するという介入実験をやったときに、同じ出発、同じフローラから始まっているにもかかわらず、実験室でこういう介入実験をやったもののほうがはるかにデータがぶれる。おそらく、ヒトの研究もいずれコホートのようになって、本当にビッグデータで特徴づけられるような時代が来る。土壌もちょっとした違いよりはおそらく何万のデータを使って行けば、どの変化に意義があるかがわかってくるようになるのではないかと。



本講演の概要

- これまでの研究内容
—腸エコシステムから野外エコシステムへ—
- 今後のあるべき研究の方向性について
—野外ビッグデータの計測とAI関連技術の活用—

ビッグデータに基づく食生活の環境・健康影響評価

Global diets link environmental sustainability and human health

David Tilman^{1,2} & Michael Clark¹ 生態学の“スター研究者”

Per capita GHG emissions (kg CO₂e per person per year) for 2009 and 2050 (Income-dependent 2050) for Mediterranean, Pescatarian, and Vegetarian diets. The Mediterranean diet is fish-centric.

Reduction in relative risk (%) for Type II diabetes, Cancer, Coronary mortality, and All-cause mortality across Mediterranean, Pescatarian, and Vegetarian diets.

生態学の野外ビッグデータ収集に学び、IoTやAIを活用する時代の到来

関連する国内の研究開発動向、今後のあるべき方向性など

多様な土壌NMRビッグデータを比較(PCA)

PCA scores plot, PC1 loadings (Lipid CH₂), PCA scores plot, PC2 loadings (Acetate)

ACS Chem. Bio. (Tohoku), Sci. Rep. (Botswana), Botswana Japan (名古屋、鹿児島、宮崎、つくば), Laboratory experiments, Field experiments

特徴抽出に用いられる従来法(PCA)では、脂質や酢酸程度が場所(実験)毎の変動因子

多様な土壌NMRビッグデータを比較(機械学習)

Importance for RF model (Mean decrease accuracy)

よく使われるPCAと比較して、より多くの物質因子が実験系や土地の違いを特徴付けている

Substance	Importance (%)
Sugar anomeric (5.78)	~100
Butyrate	~100
Acetate	~100
Alanine	~100
Choline	~100
Sugars (mainly glucose)	~100
6.51 ppm nucleic acids	~100
Sugars (mainly glucose)	~100
Succinate	~100
Acetate	~100
Formate	~100
Valine	~100
5.58 ppm	~100
Sugars (mainly glucose)	~100
Lipid CH ₂	~100
Sugars (mainly glucose)	~100
Leucine	~100
5.54 ppm	~100
Butyrate	~100
5.68 ppm	~100
Ethanol	~100
2.73 ppm	~100
Sugars (mainly glucose)	~100
Sugars (mainly glucose)	~100
Ethanol	~100
Sugars (mainly glucose)	~100

機械学習が鋭敏に変動因子を抽出→農地環境の特性に応じた新たな制御工学の可能性

農林水産物等の地域資源活用に即した環境分析・状態評価

ビッグデータ駆動型評価

環境代謝分析 (気象・化学・生物ビッグデータ) ↔ 環境特性分類 (データ駆動型評価 PCA/SOM/NMF)

環境改善 (変動因子の制御工学) ↔ 将来環境予測 (AIの利用 SVM/RF/NN/DL)

エンジニアリング・ネットワーク(小型分析装置のモノ造り→IoTデータ採取→AI将来予測→環境制御)の形成で農地環境の“健康維持”

2.4 セッション4「現場からのシーズ、現場への介入の最前線」

2.4.1. 「広い宿主範囲と安定した効果 *Bacillus* バイオ肥料:開発の現状と展望」

横山 正(東京農工大学 教授)

<発表概要>

かなり現場に近い話となる。まず、バイオ肥料というものの定義から説明する。特性がわかった生きた微生物を含有した肥料。種子や根の周り、あるいは土壌に接種した後に、微生物が植物の根圏や内部で増殖し、宿主植物に窒素やリンなどの供給および有効利用を増大させ、生育を促進する。わが国の商品例を挙げると、菌根菌資材、根粒菌資材などがある。なぜバイオ肥料を研究するのか。近年、持続的な農業推進の機運と有機農業への関心が高まっている。減化学肥料でも農業生産力を低下させず、農家の農業収益も維持しつつ地球環境にもフレンドリー、こういった新技術の実現が切望されている。この要求に応える1つの方法として私たちは植物に特異的に養分を供給する微生物を用いたバイオ肥料が有効と考える。日本バイオ肥料というと、根粒菌や菌根菌がメイン。アジア各国はさまざまな土壌微生物をバイオ肥料として利用する研究を行っている。日本にないバイオ肥料としては、例えばイネ、サトウキビ、トウモロコシ用の非共生型の窒素固定を利用したもの。また、野菜などに与えるリンやカリウムの溶解菌がある。こういった資材は既に実際に利用されている。

科学的な背景、窒素固定細菌についての研究の歴史について述べる。窒素固定細菌は、水稻根圏やその他の作物根圏に緩く共生して、植物体に窒素栄養あるいは生育促進効果を与える。水田では *Azospirillum* 属細菌が非常に注目された。具体例として、*Azospirillum* を利用した BIO-N というのを紹介する。フィリピン大学の Garcia 先生が単離したものから開発した。トウモロコシや水稻用のバイオ肥料として実際に資材化、販売されている。日本にはこういうタイプの肥料はない。またサトウキビ野生種の根から単離した *Azospirillum* 属細菌を利用したバイオ肥料で、水稻、サトウキビ、トマトの根茎の発達や生育、収量を増加させるものもある。作物が必要な窒素栄養の3割から5割を賄うといわれる。フィリピン政府が全国の200カ所以上にミキシングプラントを建設し、現在、2万3,000ヘクタール以上で使用されている。バイオ肥料を使う場合に大きな課題は、品質管理である。製造者はいろいろなバイオ肥料をつくるが、農業の生産現場に持っていても、輸送過程とか貯蔵過程でストレスがかかる。特に東南アジアでは高温とか乾燥のストレスが問題。エンドユーザーは品質をチェックできない。そこで、バイオ肥料原体微生物の生物活性が低下すると品質低下を起し、収量の増加等に結びつかないということが問題。

私どもの大学でのバイオ肥料研究を紹介する。日本では、化学肥料施用量を低減させることを目的とした水稻用のバイオ肥料の研究はほとんどなかった。世界では *Azospirillum* 属細菌を用いた試験は多くあるものの、品質管理が非常に難しいと言われていた。一方、*Bacillus* 属細菌を用いた水稻用の接種剤の研究は全くなかった。*Bacillus* 属は芽胞を形成するので、輸送・貯蔵過程におけるストレスに強いことが期待された。そこで、私たちはこの *Bacillus* 属から1つ菌株を選抜した。水稻に接種すると、このように根が増える。効果がありそうなので、日本のいろいろなところと共同研究を開始した。まず、収量に対しての効果を見た。私たちは減肥栽培というのを主に考えていたが、農業の生産現場ではやはり収量増加への期待が大きい。収量が増加したことで、かなりいろいろな生産現場の方

が興味を持ってくれた。また、私たちはこの微生物を農業現場で使うときに生産者が抱く疑問に対して大体答えられるように、いろいろな研究をした。まずゲノムを決めた。

Bacillus 属で既にゲノムが報告されているものとほとんど一緒だった。16SrDNA による系統解析も一致した。次に、芽胞での接種効果や定着性を調べた。栄養細胞と芽胞を別々に接種すると、驚いたことに、栄養細胞は1週間ぐらいで存在が検知できなくなった。ところが、芽胞のほうは1カ月ぐらいたっても10の6乗レベルで存在するということがわかった。さらに、芽胞細胞を接種したほうが根の発根促進などが非常によくするということがわかった。現在、このメカニズムについて調べている。また、イネに品種による効果の差を調べた。コシヒカリとかひとめぼれ等の最新の品種に対しては安定的に発根促進するが、タカナリというインド型の系統が入っている品種に対しては発根を促進しないということがわかった。ひとめぼれだと接種により生育促進が起こり、タカナリは生育が逆に抑制される。

岩手生工研と共同研究をして、ひとめぼれとタカナリのどの因子がこの発根促進に影響するのかを調べている。QTLが見つかり、イネの第3染色体上にあるこの遺伝子らしいというところまでわかっている。この *Bacillus* 属の TUAT1 株から成るバイオ肥料を接種したイネを使い、微生物が根の周辺や内部のどこにいるのかを調べた。イネの根、基部、中間部、先端部で調べたところ、基部にたくさん存在していた。また、新しく分けつができると、そちらにも動いていくことがわかった。私たちは、農業現場にこれをどう持っていくかということが大変悩んだ。最初は、菌を農工大の畑の黒ボク土をオートクレーブしたものに混ぜてみた。生産者や試験場に送ったが、これでは到底使えないということだった。そこで朝日工業という肥料会社と共同で、製剤を開発した。この粒剤の中に芽胞を練り込んでいる。大体1年間ぐらい常温保存で生残数が変わらない。多分バイオ肥料としてはかなり優秀な資材ができたと考えている。菌株を選んで、特性を見て、製剤をつくり、現場での接種法を検討する。例えば、苗箱に層状にこの資材を蒔いた上で、直接イネの種子を蒔き、覆土をして培養すると接種効果が出る。その後土壌環境ときちんとうまく合致したら、収量の増加に結びつく。こういう形の資材として、最終段階の開発を現在共同で行っている。

ほかの作物への適用も考えはじめている。現在、福島県で種屋さんから60系統ぐらいいろいろな葉菜類を分与してもらい、それらに対する接種試験をした。全てに効果があるわけではないが、小松菜などに生育促進効果が見られた。また、農工大学の遺伝子実験施設の先生が野生のトマトに対してずっと接種試験を続けていたが、生育促進効果があるということがわかったので、今年からトマトに対して試験を開始するという状況。

今後のあるべき研究の方向性について述べる。まず、開発の第1期でスクリーニングと特性評価を行う。まず研究のターゲットを何にするかというのが大事。社会的な要請が非常に強く関連するところ。例えば私は植物栄養が専門で、肥料を減らすのが絶対地球のためになると思っていましたが、実際の生産現場に持っていくと、やはり生産者のインセンティブは収量増。次に微生物のスクリーニング法。最先端スクリーニング法をどう使っていくかが課題。さらに、最終的な社会実装をどういう剤にするのかというのが必要。それにより微生物を選び出すことにもなる。そして、海のものとも山のものともわからない状況で複数年にわたる研究資金をどう獲得するのかが非常に大きな課題。今日紹介した1つをつ

くるのに10年ぐらいかかり、研究資金の獲得や研究グループの構築など、例えば私1人では疲れてしまい、なかなか第2世代、第3世代、と繋げられないのが苦しい。特性評価から農業の生産現場への適用、技術開発の段階で、大学の研究者は現在行われている農業の生産現場の実態がわからないことが多い。例えば持っている微生物をどう確保すればよいかなど、ほとんどよくわからない。どの企業と研究すれば実現するかもわからない。研究に協力してくれる篤農家とか企業をうまく取り込む必要がある。このマッチングをしてくれるものがあると良いだろう。

開発中の技術を複数年にわたる大規模な圃場試験が必要になる。日本には多様な気候帯があって、それぞれに独自の農業生態系がある。それらに対する適応試験が必要で、これには各都道府県の農業研究機関の参加が必須。そのためにはある程度大きな予算の獲得が必要になってくる。また、その農業機関が開発中の技術をいい技術だと認めてくれないと全く先に進めない。このあたりは個々の研究者たちの考えだけでは先に進まない。これらを促進するための資金援助、マッチングしてくれるような組織があって、手助けしてもらえれば、研究が進むと思う。

最後に、社会実装の最後はやはり試験販売とか全国展開。本気で一緒に開発してくれる企業を見つける必要がある。途中で企業が開発をやめてしまうとそれはそこでストップする。そういう例は実はたくさんある。さらに、JAや全農への説明も必要になる。これを助けてくれるような仕組みがあると、大学でもこういう研究が進められるだろう。

【質疑応答抜粋】

Q：ゲノムで見た場合、TUAT1と標準菌株は全く同じか。

A：いえ、全く同じでなく、違う領域が数十キロベースある。そこはTUAT1固有。

Q：それが窒素固定などの機能とか何か特定の物質の生産に関係するか。

A：それらの遺伝子とは関係していない領域で固有の領域がある。

Q：TUAT1の特許は。

A：微生物特許は取得した。

Q：根は見られているが、例えば地上部の葉の老化の遅れなどはないか。

A：地上部は草丈と、あと葉緑体の量だけは測っている。接種効果がきれいに出ると、葉緑体の量が最後までかなり残る。

Q：*Bacillus*には病原菌耐性を与えるようなものもあるように思うが、それについては調べたか。

A：一応いもち病に対する効果を調べてもらった。化学農薬のように100%というわけではないが、やはり抵抗性は出る。

Q：農薬登録は難しいか。

A：農薬登録は全くするつもりはない。無理に近い。

バイオ肥料の定義

- 特性が分かった生きた微生物を含有
- 種子や根の周りや土壌に接種した後、バイオ肥料に含まれる微生物が植物の根圏や内部で増殖し、宿主植物にNやP等の必須養分の供給と有効利用を増大させ生育を促進する



Copyright © Tokyo University of Agriculture and Technology. All rights reserved.

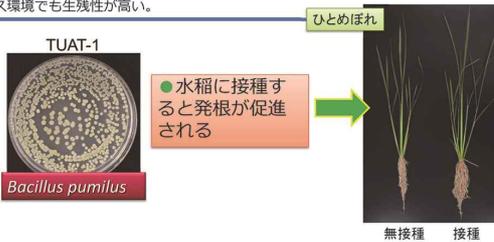
バイオ肥料の重大な課題: 品質管理



東京農工大のバイオ肥料研究

一方、日本においては、化学肥料施用量を低減させることを目的とした水稲用バイオ肥料の研究開発は始どなされてこなかった。世界では、Azospirillum属細菌を用いた接種試験は多数存在している。また、Azospirillum属細菌は、キャリア中での品質管理が難しい。

一方、Bacillus属細菌を用いた水稲用の接種剤の研究は全くない。また、Bacillus属細菌は、芽胞を形成し、輸送・貯蔵過程における高温・乾燥ストレス環境でも生存性が高い。



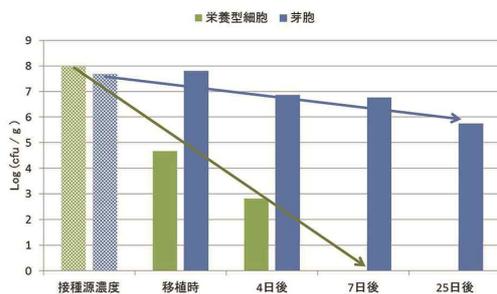
パチルスバイオ肥料の特性説明 ①収量への効果

秋田県大湯村農家園場での接種試験 (秋田県立大学 佐藤博士)

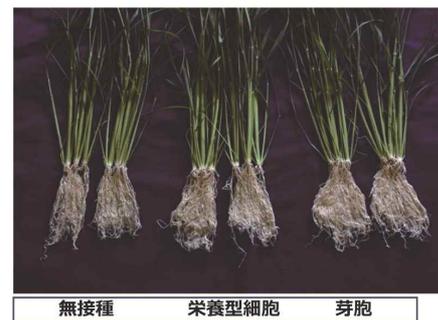
圃場	試験区	2011年度 Bacillus菌接種試験 収量および収量構成要素				
		種数 (本/m ²)	一穂粒数 (粒/本)	登熟歩合 (%)	千粒重 (g) / 精玄米重 (g/m ²)	
F 圃場	対照-1	510.6	82.2	86.7	22.8	477.1
	対照-2	599.4	65.1	75.8	22.9	487.1
	対照-3	377.4	87.8	84.3	23.1	419.9
	Ave.	495.8	78.3	81.3	22.9	461.3
	SD	111.7	11.8	2.8	0.1	36.3
	Bacillus-1	621.6	71.3	79.9	23.1	560.6
	Bacillus-2	510.6	75.1	78.8	23.2	627.4
	Bacillus-3	658.2	52.0	80.8	23.2	650.3
	Ave.	606.8	68.1	79.8	23.2	612.7
	SD	89.7	12.4	1.0	0.1	46.6
	対照-1	355.2	93.3	83.4	22.8	487.3
	対照-2	421.8	63.3	73.5	22.5	434.2
対照-3	288.6	104.3	84.7	22.7	356.5	
Ave.	355.2	87.0	80.5	22.6	492.7	
SD	66.6	21.3	6.1	0.2	61.3	
T 圃場	Bacillus-1	466.2	90.0	70.5	22.9	577.4
	Bacillus-2	466.2	92.6	82.2	23.1	578.9
	Bacillus-3	288.6	90.1	82.5	22.9	587.1
	Ave.	407.0	90.9	78.4	23.0	581.1
	SD	102.5	1.5	6.8	0.1	5.2
	減肥栽培試験を目標にしたが、農業の生産現場は増収効果に興味を持った					

③芽胞接種により接種効果や定着性が向上

芽胞と栄養体細胞を接種した根部での定着性の違い



③芽胞の接種効果



製剤化への挑戦

バイオ肥料実用化のためには、化学肥料と同じような使い勝手が必要と考えた。また、芽胞の特性に栄養体細胞と異なる特性が見えたので、芽胞を用いた粒剤の作成に挑戦した。

京都府生物資源研究所 吉川・木村・小野
朝日工業生物工学研究所 浅野・見城・松岡

黒ボク土に栄養体細胞等を混ぜ込んだ接種剤は使い勝手が極めて悪かった。

Bacillus pumilus TUAT1株の芽胞をシリカゲル・珪藻土キャリアに吸着させた粒状のプロトタイプ肥料を試作した。少なくとも1年間は常温保存可能で接種効果や生存性等の活性が維持された。

イネ以外の作物への適応の展開

活け菜類

バイオ肥料の野菜類への展開：
H24年度より、福島県二本松市の農家圃場で、バイオ肥料の原体微生物懸濁液を各種活け菜類の播種時に直接施用し、圃場に移植後の生育量を測定し、活け菜類には生育促進効果が見出された。

農工大圃場

福島県二本松市

2016年から、特許の出願と栽培試験の施設等にバイオ肥料の試験現場を持っており、発芽等に勢いがあり、生育も他に比べて良いと評価を買っている。

Copyright © Tokyo University of Agriculture and Technology. All rights reserved.

今後のあるべき研究の方向性についての提案

1) 開発の第1期

スクリーニング 特性評価

スクリーニング: TUAT-1 (ハチルス属エンドファイト生菌固定菌 (特許取得2016))

特性評価: 無接種 接種

課題その1

- 研究のターゲット (社会的な要請) を何にするか
- 微生物のスクリーニング法
- 最終的な社会実装に関するイメージの捉え方
- 海の物とも山の物とも分からない状況での複数年にわたる研究資金の獲得法

課題その2

- 第2世代のバイオ肥料のシーズ開発に関して一つのバイオ肥料を開発するのに10年くらいかかる研究資金獲得や研究グループの構築に関して、研究者1人では疲れてしまう

今後のあるべき研究の方向性についての提案

2) 開発の第2期

特性評価 農業の生産現場への適応技術開発

特性評価: 無接種 接種

農業の生産現場への適応技術開発: バイオ肥料粒剤 (特許申請)

課題その3

- 農業の生産現場への適応技術開発は、大学等の研究者は、現在行われている農業の生産現場の実態が分りにくく、例えば、持っている微生物をどの様に加工すれば良いか殆ど分からない
- それは、どの企業と研究をすれば実現するかも分からない
- この時点で、研究に協力してくれる篤農家や企業を上手く取り込む必要があり、このマッチングが難しい

今後のあるべき研究の方向性についての提案

3) 開発の第3期

開発中技術を用いた複数年にわたる大規模な圃場試験

課題その4

- 技術の最終段階では、日本は多様な気候帯があり、それぞれに独自の農業生産体系 (品種・肥培管理体系) があり、それに対する適応試験が必要で、これには各都道府県の農業研究機関の参加が必須で、それを行うためのある程度大きな研究予算の獲得が必要
- 各都道府県の農業研究機関や普及機関が開発中の技術を認めてくれないと、全く社会実装ができない状況があり、この改善が必要
- これを促進するための資金援助やマッチングしてくれる機関があると非常に良いと思う

今後のあるべき研究の方向性についての提案

4) 開発の第4期 (社会実装)

2017年から試験販売開始
2018年には全農から全国へ展開

地方増進法に基づく表示

バイオ肥料

課題その4

- 試験販売、全国展開等、本気で一緒に開発してくれる企業を見つける必要がある
- さらに、JAや全農への説明も必要
- これらを援助する機関が必要である

2.4.2. 「奇跡のリンゴのマイクロバイオーム研究から見えてきたこと」

杉山 修一(弘前大学 教授)

<発表概要>

私も現場からの話を紹介する。リンゴは非常に病気に弱い作物。無農薬でリンゴを栽培するとどうなるか、青森県のリンゴ試験場には、病原菌や害虫をとる目的で、病虫害の研究者が無農薬で維持している圃場があるが、リンゴはほとんどまともに生育できない。それが、弘前市に木村秋則さんという方がいて、ここは30年間無肥料、無農薬で育てている。奇跡のリンゴという本が出て、映画にもなったので、近年テレビやマスコミで聞いたことがあるかもしれない。このリンゴの木、は無農薬でもリンゴがなる。収量も、周囲のリンゴ園に比べると若干低いもののほぼ全国平均並み。

私は、13年前の2003年にこのリンゴ園を見て、非常に不思議に思った。なぜここでは農薬をまかなくてもリンゴができるのか。無肥料・無農薬での成功には病気、虫、肥料が全部関係しているが、一番の問題が病気。褐斑病という病気に感染すると、このように葉が全部落ちる。奇跡のリンゴの再現試験を盛岡でやった際の結果では、10月にほとんど葉が落ちてしまう。では木村秋則さんのリンゴ園ではどうして落ちないか。褐斑病菌には感染する(黄色い葉が褐斑病の感染した葉)が、それが広がらない。つまり病気に強いのは、菌がないのではなく、菌はあるけれども広がらない。では、なぜそうなのか。1つの切り口として、内生菌を見た。これは私が木村秋則さんのリンゴ園から分離した菌類。非常に多様な細菌、真菌が出て来る。特にリンゴは一番多くとれる。これは葉の表面を殺菌して、培地で培養したもの。木村さんリンゴではこのように内部から真菌が出てくる。ところが、肥料、農薬をやっている慣行栽培では、いることはいるが、成長が遅い。

無農薬にすると当然、菌の多様性が非常に増してくる。なので、農薬をまかないことで、生物多様性が増加する、特に内生菌も多様化することが関係しているのではないかということ考えた。つまり、マイクロバイオームにより病害が抑制されるのではないか。病原菌が病害を起こすけれども、葉のために、ある菌たちがこの病害を抑えているのではないか。

青森県や岩手県には、木村さんの影響で、無農薬栽培に挑戦しているリンゴ栽培園地がある。そこで、2014年7園地、2015年9園地の無農薬リンゴ園の、合計93樹、ふじという品種に限定し、葉をサンプリングして、マイクロバイオームの解析を行った。

落葉の平均値と園地の概要を示す。園地間で非常に有意な差があった。無農薬栽培に成功しているリンゴ園では、葉っぱがあまり落ちない。ところが、無農薬栽培に失敗しているリンゴ園では、ほとんど落葉してしまう。これはなぜか。そこでマイクロバイオームの解析をした。9月に落葉率を調べ、葉については次世代シーケンスで真菌と細菌について解析を行った。また、Real-timePCRを用いて、真菌DNAと細菌DNAの全真菌量と細菌量を測定した。それで病気による落葉との関係を解析した。

葉においては、細菌の多様性が非常に少ないということがわかった。全ての園地に出たOTUが23くらい。そのうち半分が *Methylobacterium*、次に多いのが *Sphigomonas*、この2つで大体75%を占める。細菌は、病気の発生や落葉にはそれほど関係していない。真菌については、51OTUが検出され、上位6種で大体75%を占める。特徴的なのは、この葉の中の真菌類のバイオームが、ほとんどリンゴだけでなく、他の植物の病原性をもつ属

から構成されている。これらの菌はおそらく、葉の組織に入ることができる。横軸が褐斑病菌の構成割合で、縦軸が落葉率、病害度を示す。病原菌が多くなると、病害も増える。上位6種の中で落葉を抑える菌が実はあった。これらの菌の割合が多いほど病害が少なくなっていた。

なぜその病害が抑えられているか、また、この3種の菌が抑えているか。やはりこれらの菌が増えてくると、褐斑病が減る。また、病原菌量も減る。葉内の真菌叢が増えることで、褐斑病菌を抑制しているのではないか。また、免疫の活性化なども関係しているかもしれない。リンゴ無農薬栽培での病害抵抗性は、葉の真菌マイクロバイオームと関係していることが明らかになったが、メカニズムについては、ほとんどわかっていない。

さらに興味深いことは、落葉率が非常に高い園地で、下草を豊富にしてみた。そうすると、落葉率が下がる。つまり、病気が抑えられる。そのとき葉の内生菌量も増えた。菌を接種するのはあまり効果がなかったが、生態系を変えると非常に効果があった。ここに奇跡のリンゴのメカニズムを解明するヒントがある。木村さんは、最初は有機資材を使って病害虫を抑えることで、無農薬リンゴ栽培をしようとして、大変苦労した。しかしことごとく失敗して、8年間収穫がなかった。限界になって自殺を考え、岩木山の周りの自然を見たときに、自然はちゃんと病気が抑えられていることに気づいた。そこで発想を変え、園地の生態系を自然に近づけることにより病虫害を抑えるシステムに変えたところ成功した。奇跡のリンゴの成功というのは、この発想の転換が大きく関係していた。

実はこのような農法は木村さんばかりではなく、日本中に例がある。私が調査している宮城県の黒澤さんという方が栽培している水田は、30年間肥料をやっていないが慣行栽培並みの収量が得られている。なぜ30年間無肥料で栽培して窒素が枯渇しないか。窒素固定能力がこちらの水田で2倍ぐらい高くなっていた。つまり、土壌の窒素固定細菌が無肥料の条件下で活性化している。そして、無施肥でも高収量を持続的に維持していた。不思議なことに、リンもカリウムも30年間無施肥で、全く慣行栽培と変わらない収量だった。また北海道中標津の酪農家の、三友さん。この方も肥料や濃厚飼料なし酪農をしている。牛乳はイネよりももっと系外への持ち去りが大きいはずだが、ほとんど土壌中での窒素、リン、カリウムの欠乏がない。土壌への窒素供給力がとても高いことを示している。詳しくは解析していないが、土壌の微生物叢、それから、ルーメン微生物叢が循環の中で何かの役割を果たして、無肥料でも持続的に維持しているようだ。

1950年ぐらいまでは農業といえば有機農業だったが、その後「緑の革命」により肥料、農薬の利用が広がった。この方向性というのは「作物個体の機能」を強化して、環境を均一するという技術の方向である。ところが、今、紹介したような木村さんをはじめとした農業者は、全く違う方向性を持っている。無肥料・無農薬にすることで、生物多様性が増やす。そうして、リンゴあるいはイネという作物個体ではなく、水田あるいはリンゴ園地の「システム」を強化し、生物間関係を複雑にする。そういうことによって生産性を上げている、非常に独特なシステムである。私の知る限り、これは日本発のオリジナル技術で、まだ世界でここまでいっているところはない。これをもし集中的研究すれば非常におもしろい学問的なシーズがたくさん出てくるはず。これは、世界をリードできる1つの研究分野になるのは間違いないと私は考えている。しかし、自分一人でやっている、せい

ぜひこのチャートを書くのが精いっぱい。具体的に、どのようなことが起きているのかということを読み解くには、個々の研究者が個別に取り組むには大変。

こういう農業のどこがすばらしいか。農家にとっては生産費が下がる。さらに無肥料であれば農家にとってプラスになる。さらに、作物、農産物がおいしくなる。これはどの作物にも当てはまる。それから、リンゴの場合は、無農薬で栽培すると、抗酸化力が高まるという結果が出ている。生産者にも消費者にもメリットがある。ただ、技術的に難しいところが問題。先ほどこのシステムは一部の篤農家の人が作り上げたものと紹介したが、ほかの人がフォローしてもなかなかできないことがある。その理由は、篤農家は勘でやっている。それが科学的に解明されないで、ほかの人がまねしようとしても到達できない。だからこのあたりにもっと科学のメスを入れて、ほかの人ができるような技術にすることによって、日本の農業は非常に強くなると考えている。

【質疑応答抜粋】

- Q:** 非常に興味深い話題の提供に感謝。私も千葉のほうで30年間無施肥の畑を解析している。加給態窒素はほとんどないはずの状態でも美品の作物が実際に育つ。全体量からいうと、窒素の持ち出しは少なく、ストックというよりもおそらくフローが重要なのでは。その過程で微生物がどう働いているかが大事だと思っている。今日のお話だと、窒素だけでなく、リンとカリウムも持ち出しが少ないとのこと、そこが興味深い。それは植物体内で起こるのか、それとも土壌で起こるのか。
- A:** 両方で起こる。木村さんの園地では土壌には少ないが、植物体には十分ある。ほかの水田では土壌にも不足していない。窒素やリンやカリウムを持ち出していれば、かなりの量になり、ストック自身もおそらく減るはず。それでも維持されているのは、多分菌根菌が機能しているのだろう。菌根菌のネットワークが発達して、土壌に大きなソースがある、非可溶性のリンを吸収して、それを利用しているのだろう。
- Q:** 奇跡のリンゴ（無農薬栽培）の園地で増えている真菌は、要は非病原性の近縁菌が増えて、競合で抑えているということか。それとも本当に病原菌が増えて、免疫刺激で病気が抑えられているのか。
- A:** 黒星病菌は本当の病原菌。褐斑病菌は、昔は甚大な被害を出したこともあるが、今では、病斑はつくものの落葉しない。病原力が落ちているという可能性はある。昔のデータがないので決定的なことは言えないが、その可能性はある。
- Q:** 黒穂病菌は非常に危険な病原菌。ドイツだと、有機農業の畑の周りに緩衝帯をつくらないといけない。有機農業の園地が病原性のある菌のプールに園地になってしまうリスクがあるということで。その周囲では他の穀物が怖くて栽培できない。発表のときに、断定する形で表現するのは少なくとも避けたほうが良い。
- A:** 黒穂病菌が一番多い。
- Q:** 属レベルの近縁菌で病原性がないかどうかだけ確認した方が良い。
- A:** 同意。今、ごく短い断片のシーケンス配列解析なので、断定的なことはわからない。
- Q:** 環境のデータ、私どもはいわゆるメタデータというが、それは何項目ぐらいあって、どれぐらいの時間スパンで、どの程度の頻度でどういった項目を取っているか。要はそういう環境の変化が多様性に大きく寄与するので、どうされているか。

A：まだそこまでシステマティックにとっていない。ようやくスタート台に立ったところ。

Q：ただ、メタゲノムデータをとる場合は、環境メタデータというのが付随しないデータはデータではないといわれているほど。例えば気温、緯度高度を含めた、そういう環境メタデータというのは必須。何項目ぐらい取っているか。

A：それはわかる。リンゴ園なので、場所はわかる。植生、病気のデータもとっている。

Q：そういうものとの因果関係の解析はまだか。

A：これから着手する。

無農薬でリンゴを栽培すると・・・

無農薬リンゴ園
(青森県リンゴ試験場病理園)

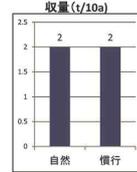


奇跡のリンゴ再現試験 (盛岡リンゴ試験場, 2009年~2013)



病虫害のためほとんど収穫できない

無肥料・無農薬栽培の奇跡リンゴ木村園



無農薬栽培の最大の障害は褐斑病による落葉

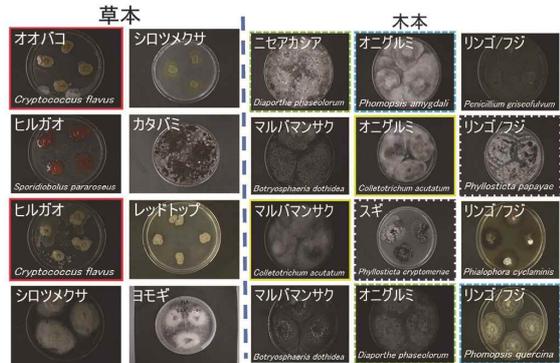


成功していないリンゴ園
病気が樹全体に広がる

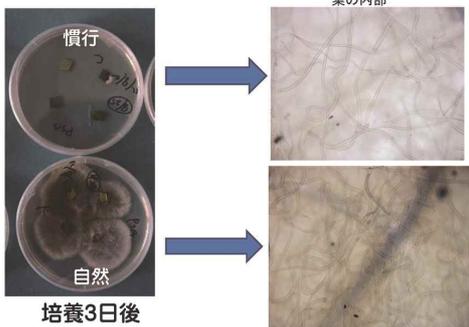


木村リンゴ園は病気が樹全体に広がらない

木村リンゴ園から分離された葉内生菌



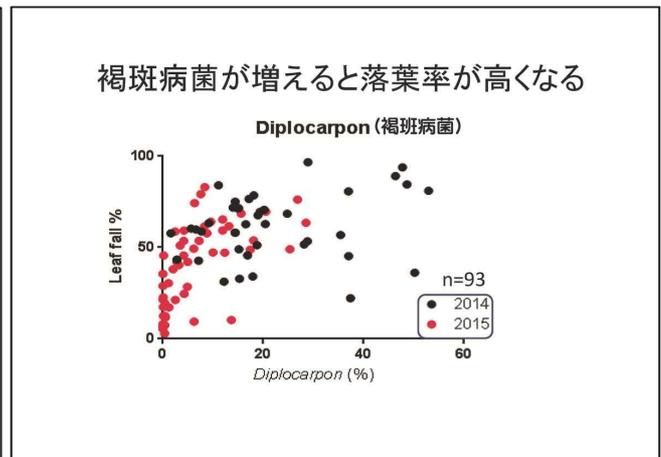
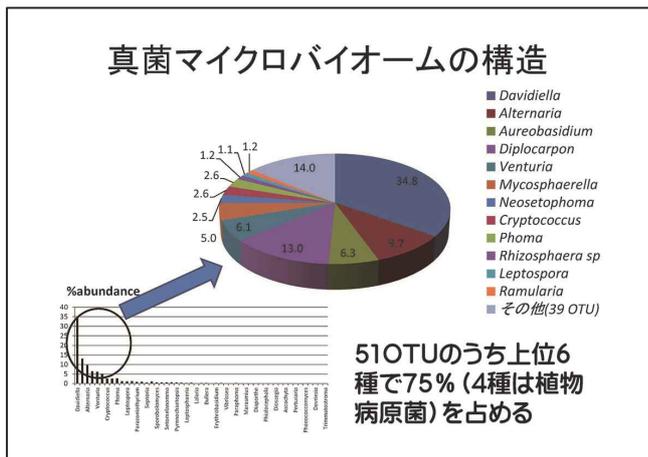
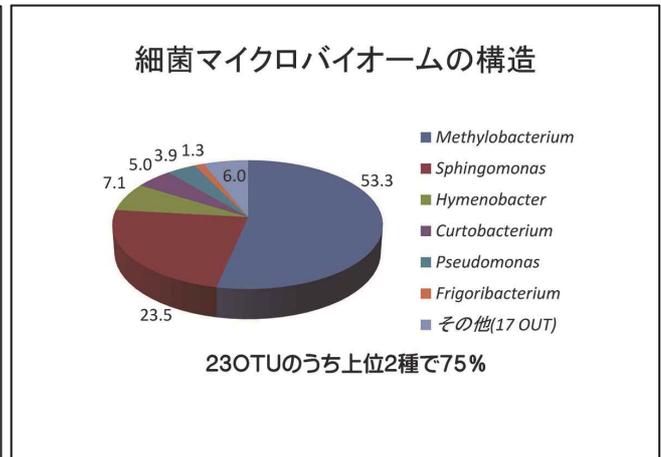
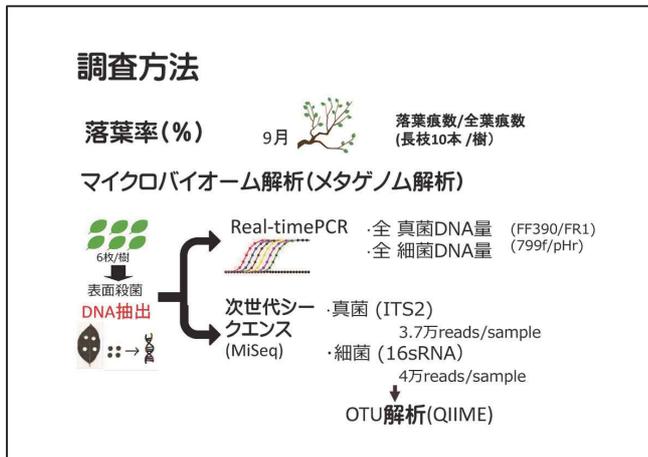
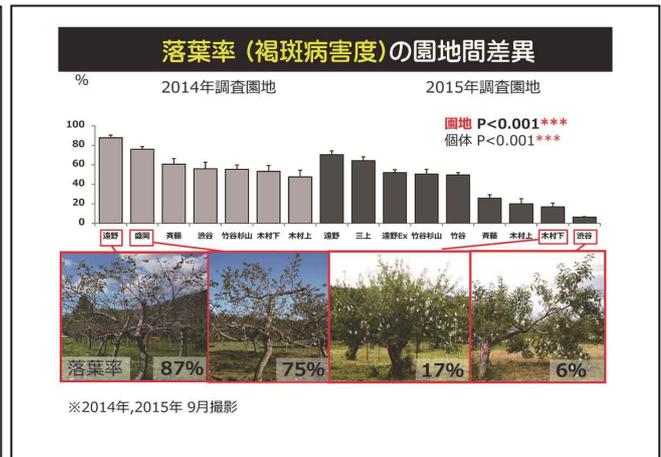
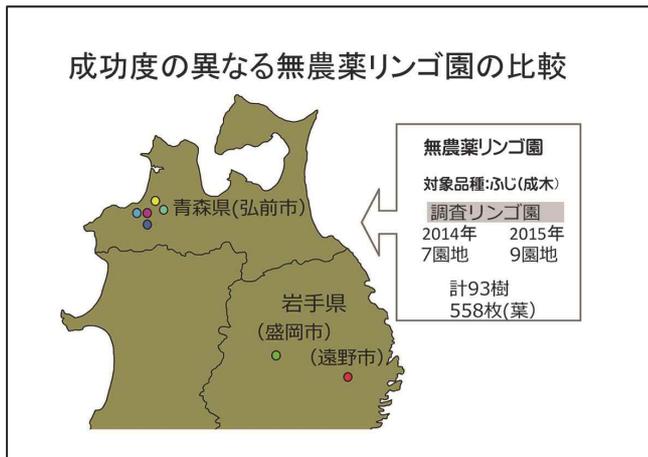
無農薬栽培ではリンゴの葉内生菌が増える



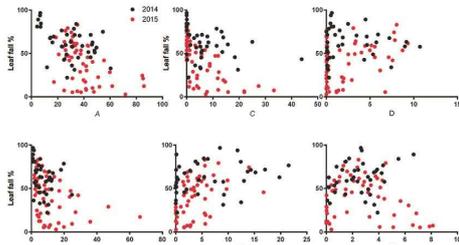
なぜ無肥料・無農薬でリンゴ栽培が可能なのか？



関連する国内の研究開発動向、今後のあるべき方向性など



真菌種上位6種のうち3種は落葉を抑制

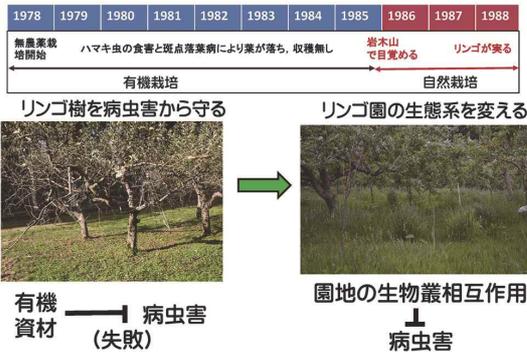


葉内での微生物叢相互作用と病害抵抗

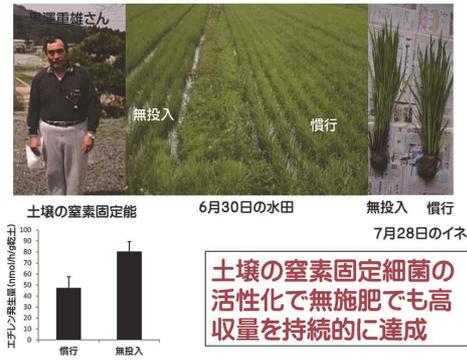


- リンゴ無農薬栽培での病害抵抗性は葉の真菌マイクロバイームと関係している

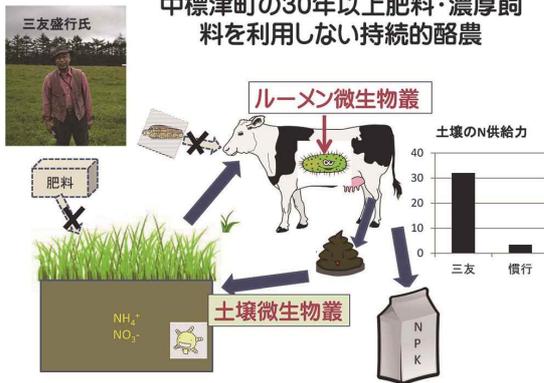
「奇跡のリンゴ」成功の理由



宮城県涌谷町の30年間無施肥水田



中標津町の30年以上肥料・濃厚飼料を利用しない持続的酪農



緑の革命



関連する国内の研究開発動向、今後のあるべき方向性など

第3章 総合討論

3.1 討論テーマ | 現在の課題、今後の期待 -企業の視点から-

総合討論の1つめのポイント、研究開発テーマについて。例えば5年後、10年後、15年後に重要性の高まると考えられる技術は何か。また、企業ニーズが高く、そこにアカデミアが貢献できる場所は何か。あと、トップダウンの目標設定でなければなかなか難しいこと、例えば論文になりにくいけれども、ここは絶対通過しなければ次に進めない、といったところは何か。それらについてご議論いただきたい。

3.1.1. 「種苗・農業資材からの期待」

加来 久敏(株式会社サカタのタネ 技術顧問)

<発表概要>

種苗会社の視点で、微生物に関連してどのような期待および課題があるか紹介する。最初に、種苗業界、種苗会社には、種子に付加価値をつけるという視点がある。我々はライブコートという、種子に生物防除剤をコーティングし、播けば生物防除がかかるような、そういう技術を開発してきた。しかし商品化まではまだ至っていない。背景には、現在ヨーロッパを中心に農薬の規制が非常に厳しくなっていることがある。また、生物防除の限界は、微生物株の能力に依存する。すばらしいスーパー菌株、エリート菌株、そういうものが見つからないと、農薬に準ずるような形態ではなかなか難しい。2番目に種子の品質。これは例えば発芽促進やプライミング効果などに貢献できるような微生物資材。それから3番目に、野菜の鮮度維持、あるいは、衛生上安全性に貢献するような微生物剤。そういうことを私どもは期待している。

実際のライブコートの例を示す。レタスの種子と、コーティングをした種子。この技術の最大のメリットは、種子をまくだけで誰もが簡単に生物防除が行えること。しかし、現実的にはいろいろな制限要因がある。1例を示す。これは内生細菌、*Pseudomonas fluorescens* を使ったライブコート処理。左側が対象区で右側が *Pseudomonas fluorescens* をライブコートとして播いた種の場合。左側では青枯病というトマトで一番重要な病気が出ているが、処理区ではそれが出ていない。実際にライブコートをした種子から発芽した幼植物段階での内生細菌の増殖状況の走査電子顕微鏡像、このように、バクテリアの増殖が観察される。

私も幾つか会社で生物防除関係のプロジェクトに参画し、いろいろな経験を積んできたが、やはり一番の問題は研究の深さが浅い。なかなかメカニズムといったところまではプロジェクトでは進められないという背景がある。

例えば根こぶ病という白菜の重要な病害がある。その病害にかかると根にこぶができて、細胞が巨大化して中に休眠孢子がたくさんできる。ところが、ある細菌をライブコートした処理区の、正常な根の部分、中心近くの維管束の中でバクテリアが増え、その周辺で誘導抵抗性がかかっているシグナルが検出されている。

課題としては、もっと高い能力を持った、全身誘導抵抗性を起こすような強い菌株を、見つけるのが一番大事だろうと考える。さらに具体的に言うと、とにかく開放系の環境下

では効果がなくなってしまうことが問題。育苗箱がいい例だが、生物防除剤の囲い込みが必要。もう1つは、もっと攻めの姿勢でいくと、維管束、導管の利用が大事だろう。これはプロペナゾールの研究の経験からだが、維管束の中に微生物が入ると、そこからシグナルがシステムックに移行し、その誘導抵抗性の効果を発揮できるはず。

こういう視点で新規の微生物を探すと、いい資材が生まれる可能性がある。また、あまたある菌株の中から、そういう誘導抵抗性を持ったような菌株を探すための効率的な方法を、植物と微生物の相互作用の中から何かメルクマールになるようなポイントを引き出すことが重要。

種苗会社からの期待

1. 種子に付加価値＝ライブコートの普及 (種子に生物防除剤をコーティング)
2. 種子の品質保持のための微生物資材の開発 (種子の発芽促進、健全性)
3. 野菜の鮮度維持及び安全性に貢献する微生物資材の開発
4. 新規微生物株の探索・既存の生物防除剤の改良 (パワーアップ)



食の安心・安全への関心の高まり
ポジティブリスト制による化学農薬のドリフト対策
総合病害虫管理技術 (IPM) の体系化推進

生物農薬の活用場面が増加

問題点

単価が高く、利用したいが所得が圧迫される
使用方法が難しい
廃液処理が必要でなかなか利用できない

ライブコート技術

生物農薬に含まれる微生物を
生きたまま種子にコーティング

種子を蒔くだけ

一気に問題解決

誰もが簡単に行える生物防除



生物防除の課題

1. 効果の安定性
2. 効果の持続性
3. 対象病害の拡大
4. 効果のメカニズムの解明
5. 新規微生物の探索 (全身誘導抵抗性)
6. コストの低減化

(結論) 生物防除はブツとワザ

さらに具体的には、

1. Enclosure戦法 (生物防除剤の囲い込み)
2. 維管束・導管の利用
3. 接木におけるBCAの導入 (傷の利用)
4. 生物防除剤の抵抗性誘導能の効率的評価法の開発
5. 共生微生物の利用 (植物組織内への導入)

3.1.2. 「ゴム・タイヤ業界からの期待」

森田 浩一(株式会社ブリヂストン 執行役員)

<発表概要>

ブリヂストンは、年間3兆5,000億円売上の、世界最大のタイヤ会社。私たちにとって天然ゴムは非常に重要で、年間100万トン私たちの会社一社で利用している。ただ、それが、量が多いだけではなく、サステナビリティの課題がある。そのため研究開発に継続的に取り組んでいる。

では、なぜ天然ゴムか、合成ゴムのほうがいいのではないか、という問いがあるかもしれない。答えは、天然ゴムでなければならない。ここにタイヤのカットサンプルを持参した。タイヤは実は、結構複雑な構造体である。これで高速道路を100キロで走っても皆さんの命を守っている。内側に必ずスチールコードが入っている。乗用車のタイヤにおいて、天然ゴムでなければならないポイント。まず、天然ゴムは、強度が合成ゴムの10倍ある。これが重要なポイント。もう1つは、スチールコードとの接着をとれるのは天然ゴムだけ。今後の状況を考えると、自動的に天然ゴムの比率が増える。天然ゴムは、足元から本当にタイヤで日本の自動車産業を支えている。さらに、トラック・バスなどに使う大きいタイヤ、飛行機のタイヤ、こういったタイヤはほぼ100%天然ゴムでなければつくることができない。天然ゴムは今後も、より必要度が高まる状況にある。

結論を先に示す。天然ゴムのサステナビリティに対する課題というのは主に2つ。1つ目が病害。プランテーション農業なので、非常に大きな病害のリスクがある。もう1つは、消費量の増大。自動車の伸び以上に天然ゴムの量が増えている。病害はいくつかあるが、ブリヂストンはその診断方法を、大学と共同研究している。プレスリリースを検索してもらおうとたくさん出てくる。しかし、診断方法はつくったものの、対処法がない。こういったところに今日のワークショップの成果が適用されると非常に嬉しい。課題のもう一つ、収量増大。これはうちもDNAを解析してエリート種を選抜し、増殖をやっている。育苗過程を中心に今日話題に上がった技術などなどが十分活用できるのではないか。代替手段としてバイオソプレンドでゴムをつくる方法はあるが、こちらも糖源がまだ十分な値段ではない。主に病害対応の方がより期待される分野だろう。

では、なぜブリヂストンがこの研究開発テーマと関係するか。なぜならば、私たちはCSRではなくて、業としてプランテーションを経営している。おそらく、製紙業界を除くと最大、トータル5万ヘクタールの農園を保有している。なぜ病害がシリアスか。世界中の天然ゴムの主な産地を示している。天然ゴムの原産地はアメリカ大陸、南米。しかし、今は生産ほぼゼロ。なぜかという、病害でアメリカ大陸ではプランテーションができない。だから、現在は90%がアジアで生産している。病害がアジアに移動してきたら、壊滅する。その手立てが必要だろうという話である。

天然ゴムは幹の表面に傷をつけてタッピングをやる。木のワンライフサイクルが35年でプランテーション経営をしている。病害は幾つかあるが、一番致命的な病害は、国連のほうで生物化学兵器に指定されているので、研究できない。それ以外にも東南アジア特有の病気がある。これが結構深刻で、インドネシアは3割ぐらいがこの被害に遭う。診断方法はいろいろやった。リモートセンシング、ラテックスのタンパク分析、簡単なのはスペクトル分析。一番よかったのが、農工大と一緒にやらせてもらったLAMP法。コストの削減

ができれば、これを何とか普及させようという方向で頑張っている。しかしながら、病気の診断ができて、今のところ対処法がない。伐採して終わり。それでは1ライフサイクルの35年分困る。そこを何とかしていきたい。

天然ゴムのタイヤへの利用

天然ゴムの特徴

- 高強力
- 耐摩耗
- 低燃費

タイヤの断面構造と使用されるゴム

トラック・バス用 (TB) タイヤ

建設機械用 超大型タイヤ

航空機用タイヤ

タイヤの原材料構成

全タイヤのゴム成分の約半部分がNR

大型トラック・バス、建設用、航空機タイヤは100%天然ゴム

Copyright © 2011 Bridgestone Corporation | Dec. 3 2014 2/07

NRサステナビリティの課題と期待

NRの課題	対応手法	現状	期待
病害	診断+対応	診断手法は完成 対応法は未完成	生物叢相互作用の理解を用いた、 病害の克服法の開発やより 効率的な苗の栽培手法等 が期待される。
消費量の増大 *栽培面積 拡大困難 *人件費の増大	収量増大	分子生物学に基づく エリート選抜と増殖	
	バイオソフレン /ポリマー等での対応	ポリマー合成法は確立 モノマーは未完成	より効果的な糖原料確保等 への応用に期待したい。

Copyright © 2011 Bridgestone Corporation | Dec. 3 2014 3/07

天然ゴムの生産地域

(ゴム生産2014年)

主な生産国

インドネシア、タイ、ラオス、カンボジア、ベトナム、フィリピン、インドネシア

ゴムの栽培面積 (千ha)

アジア	11,112	93%
アフリカ	608	5%
中南米	289	2%
合計	12,009	

ブリヂストングループの農園

国	面積 (ha)
スマトラ	18,000
カリマンタン	5,900
リベリア	25,000
合計	48,900

Copyright © 2011 Bridgestone Corporation | Dec. 3 2014 4/07

パラゴムノキ

ゴム成分はパラゴムノキの樹液 (=ラテックス) 中に30%~40%含まれる。

ラテックス採取 (タッピング)

ラテックスの回収

植林後25年 収穫が終わった木の伐採

- ・植林後5~25年の間、2、3日に1度、早朝からタッピング
- ・1回のタッピングで50~300mlのラテックス回収
- ・最盛期は10~18年(ゴム採取量:平均3.0~4.0kg/tree/year)
- ・廃材は家具、建具あるいは燃料として再利用される

Copyright © 2011 Bridgestone Corporation | Dec. 3 2014 4/07

パラゴムノキの病害

インドネシアで最重要

病名	発生地域	特徴	対策	リスク
根白腐病 (White root disease)	東南アジア、アフリカ	根に発症、枯死に至る。潜伏期長、発見が困難	抜本的な対策なし。罹病木(部位)切除、薬剤処理。	大
SALB (南米葉枯病)	南アメリカ	葉に発症、枯死に至る。感染力が高くブラジルで壊滅的な被害	耐性品種開発済み (CIRAD, Mi社グループ)	大
うどんこ病	インド、中国、アフリカ	一時的に生産量低下 枯死せず回復	農業散布	小
TPD (Tapping panel dryness)	全地域	過度のタッピングが原因 スモールホルダーに多発	薬剤塗布	中

Copyright © 2011 Bridgestone Corporation | Dec. 3 2014 6/07

WRDの早期診断手法

リモートセンシング技術 (衛星画像解析による診断)

広域エリアの健全度診断

ラテックスの成分分析による診断

罹病による特定のタンパク質の量の変化を確認

ゴムの「ラテックス検査」を可能にするためのシステム化へ

葉表面スペクトル・温度の測定による診断

葉の表面スペクトルや樹全体の写真撮影による簡単な診断法を確立

LAMR法

防除技術開発へ展開

迅速・簡便・高精度な診断技術を開発→対応手法が必要

Copyright © 2011 Bridgestone Corporation | Dec. 3 2014 7/07

3.1.3. 「植物圏微生物叢の機能解明の意義:潜在的な企業ニーズ」

南澤 究(東北大学大学院 生命科学研究科 教授)

<発表概要>

今日は、今まで相談を受けたことがある内容から、潜在的な企業ニーズについて紹介し、最後にコメントを述べる。病気以外でもいろいろ最近、企業の皆さんがいろいろなことを考えていることがわかる。まず1つ目に、私が最近行っている微生物群集構造解析での発見を紹介する。マメ科植物は共通のシグナル伝達系で根粒を形成する。菌根菌も同じシグナル伝達系を使っていることがわかった。イネも実は低窒素で共生の共通シグナル伝達系に依存して、メタン酸化細菌を共生させて窒素固定することを見つけた。実際はメタン酸化菌の窒素固定は2割ぐらいであるが、土壌や水田の田面水などにも別の窒素固定菌がいるだろう。今はいろいろなオミックスの技術を使って、どこでどんな機能をしているかということにアクセスできるようになってきた。

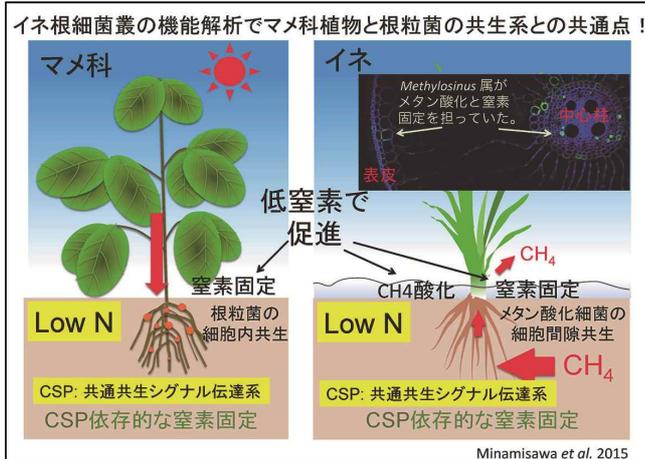
このような背景のなか、さまざまな企業からさまざまな相談が私のところに来る。一番目の観点、植物生産と微生物叢の具体的課題。例えば、製薬系の会社で、例えば中国で生産している薬品の原料が、輸入停止になるおそれがある。その場合、日本での生産も考えなくてはならない。栽培には何年もかかるし、どう栽培すればいいかもわからない。おそらくその栽培過程に微生物は関係しているが、具体的にはわからないのでまず調べたい。やや抽象的だがそういう話がある。次に、水耕で栽培したレタスなどが今売れているが、水耕液中にも微生物がいるはず。有機資材を水耕液に入れると美味しくなるが、それはなぜかというような相談もある。しかし実際のところそれに割ける労力がない。さらに、窒素の問題。窒素肥料をあげなくても、ソルガムが猛烈な勢いで育つ。これはやはり窒素をどこかから吸収しているのではないかと考えられ、研究してほしいという依頼もあった。これは私の専門に近いので、今年からやっている。その結果、ソルガムの根や根圏土壌で窒素固定をしていることがわかった。そして、篤農家の団体や有機農業の団体が来て、東京オリンピックに間に合わせるようにオーガニックな作物を作らないといけない、オーガニック栽培はそもそもどうして良いのか、微生物が絶対に関係しているはずと、その辺について何かできないかといった相談もある。

2番目の観点は、自動車系の会社や化学化粧品の会社の経営者のかなり強い意思がある。もう少し農業あるいは、持続的な食料生産に会社として貢献したい、そういう研究を開始したい。けれども、どうしたらいいかというご相談がある。具体的に私が関わってくるのは、ダイズの収量と品質、あるいは、ある農業資材を与えると、本当に収量、品質が上がるかを結構長くやっている。根粒で種子に固定された窒素がダイズ種子に移行するウレイドを食べてしまう微生物がいることがわかった。それは *Methylobacterium* という、先ほど池田さんがイチゴをおいしくすると行った菌。実はこの菌は固定窒素を横取りするという悪い役割もあった。また、農協系あるいはモンサント系の種苗会社から、接種した菌が本当に定着しているのかどうか確かめたいといった要望。あるいは、私は根粒菌の専門家だが、根粒菌のバイオリソースを丸ごと買いたいという話もある。私は1,700株ぐらいの日本のダイズ根粒菌コレクションを持っている。その会社がとても良い根粒菌を育種したので、価値があるバイオリソースごと売ってくれとのこと。やはり価値は相当あることがわかった。農協系の依頼で、接種した菌が本当に根粒をつくっているのか。普通メタゲ

ノム解析を公共データベースで行うと、3カ月から5カ月ぐらいかかる。単純な方法だが、メタゲノムのマッピングをやり、パソコンで1日できる。これで一応何割ぐらい定着しているかがわかる。

私が強調したいのは、機能解析というのがやはり重要ということ。今回のプロポーザル案だと、メタボロームは出ているが、メタトランスクリプトームやタンパク質分析の話は出していない。私の経験から、共生菌叢のメタプロテオームをやる、すなわち機能を発現しているものを見つけることにより、培養する前にその機能がわかってくる。具体的には、*Methylosinus* が窒素固定していることを発見したのはこの方法である。今は、ソルガムを使って、同じ手法をもっと短縮版で行おうとしている。こういう機能解析がやはり重要だと思う。やはりプロファイリングだけではなく、現場から菌をとってきて、機能解析をする。メタプロテオームとかメタトランスクリプトームをする、そういうトップダウン型の技術開発が必要である。たとえば、池田さんがさきほど発表した濃縮法を使うと、機能解析にアクセスできる。

さらにもう一つ、微生物のコミュニティを合成しようという、合成生物学的視点も入っている。コミュニティを合成して、微生物間相互作用も含めて調べる。イネやミヤコグサ、いろいろな植物で行う。これは欧米では基礎分野では着手されはじめているが、日本では誰もやっていない。ちょっと遅れをとってはいるが、日本のユニークな技術と結びつけて、このいわゆる **Synthetic Community** という合成生物学的アプローチをトップダウンでやれば、要因解析、学術的にも応用的にも役に立つ。



1) 植物生産と微生物叢の具体的課題 (製薬系企業・種苗会社・農業団体)

葉草の微生物叢の役割 (国内生産?)
レタスなどの水耕栽培 (有機栽培)
わさび栽培 (わさび農家の消滅)

低肥料圃場における細菌による窒素固定
有機農業: 微生物叢がどうなっているのか?

ソルガム 窒素固定
有機農業
ORGANIC
東京オリンピックにまにあう?

「有機農業の推進に関する法律」(平成18年法律第112号)の第二条において、有機農業は次のように定義される: 「化学的に合成された肥料及び農薬を使用しないこと並びに遺伝子組換え技術を利用しないことを基本として、農業生産に由来する環境への負荷をできる限り低減した農業生産の方法を用いて行われる農業」

当帰
朝鮮人参
水耕栽培 (有機物・菌添加)

2) 食料環境問題を見据えた長期的貢献 (自動車系・化学化粧品メーカー)

経営者が事業とは別にロングスパンで食料環境問題に取り組むたい。
ダイズの収量と品質、資材の効果

ウレイド (Ureide)
地上部に輸送
同化
N₂ → NH₄⁺ → ウレイド
窒素固定
ダイズ根粒

アラントイン C₄H₆N₄O₃
アラントイン酸 C₄H₈N₄O₄

Methylobacterium にウレイド利用能があり、収量や品質が低下とリンクか?

Minami et al. 2016

3) 接種菌の追跡と遺伝資源 (農協系、モンサント系種苗会社)

接種根粒菌の追跡、根粒菌バイオリソース

根粒菌バクテロイドと根粒エンドファイトの調製
混合物としてNGS解析

MiSeqによるメタゲノム解析
1000万リード (約3Gbp)

圃場ダイズの根粒共生細菌のメタゲノム解析・マッピング法による診断システムの構築

診断ゲノムマッピング解析
PC解析 (CLC bio)
1日

DB依存型メタゲノム情報解析
3ヶ月-5ヶ月

根粒菌の挿入配列 (IS) コピー数 lida et al. 2015

根粒菌の種の同定 (Bd, Bj, Be)

土着菌接種菌の識別

MG-RAST (metagenomics analysis server)

(3) 根粒共生細菌の多様性
エンドファイトの情報

環境メタプロテオーム解析

タンパク質抽出
消化前処理
ナノLC-MS/MS
整理加工
蛋白質同定
解析データ

微量で多量の蛋白質の網羅的検出・同定

植物共生細菌叢
メタン酸化酵素
窒素固定酵素
ニトロゲナーゼ
NifHDK
をMethylobacterium属細菌から検出!
SDS-PAGE

ソルガムの窒素固定
窒素固定発現の時期と部位
アセチレン還元活性
¹⁵N₂ガストレーサー
細胞濃縮 (根)
DNA metagenome解析
Target-Proteome
窒素固定菌の分離

図は共同研究者笠原氏提供

学術的な裏付けがある植物圏微生物叢の新規機能解析技術パッケージ

1. 細胞濃縮法とオーミック解析

濃縮法改良
メタゲノム解析 (基盤データ)
メタゲノムマッピング解析
植物圏微生物細胞濃縮法とオーミック解析の組合せをベースにした機能解析手法の開発
メタプロテオーム解析
メタボローム解析

植物体 (地上部、地下部の器官毎)
植物圏微生物叢
16S rRNA遺伝子のプロファイリング
分離前に機能情報にアクセス可能で企業ニーズやアカデミアに貢献 (日本発)

植物圏微生物叢のメタトランスクリプトーム手法の開発ができれば、定量性があるので、機能解明は劇的に進展!

2. 合成Community (SymCom, 合成生物学)

分離菌コレクション (200-1000株、ゲノム解析) Communityとしての特性
微生物A
微生物B
微生物の相互作用とニッチ競合
地上部群集
地下部群集

無菌植物根に接種 (イネやミヤコグサ)

【討論】

CRDS：コメンテーターの方より、追加、補足、意見などをお願いしたい。

C：化学農薬、化学肥料を長年やってきたが、近年、生物系の、生物由来の資材に関してかなり積極的に取り組んでいる。化学系、生物系の融合、および、上手な使い分けという観点がある。こういった研究、コンソーシアム、プラットフォームに、企業として期待するのは、基礎的な研究のところへの注力。それら基盤研究の組み合わせをいかにしてビジネスにするか、社会実装するか、その組み合わせのノウハウや考え方は各企業で異なるだろう。ただ、材料がたくさんあればあるほど企業も考えやすくなる。応用開発や商品化は、正直言って、企業に任せたほうが早い。

例えば今日話題に出た解析技術や、基盤的、基礎的な分析を強化してほしい。また、それらの技術や研究シーズを有機的に使うシステムがない。大学の先生がどうやって商品化しようかと悩んだという話を聞いたが、早い段階で情報共有してもらえればもっと早く商品化まで到達できたかもしれない。

アメリカでは、大学が主になって基盤研究のプラットフォームを形成し、基礎研究をやっています。例えば、イネの苗の生育を助ける微生物候補の10個くらいのリストが出て、使いたい場合はメーカーがお金を払って、そのコンソーシアムに入る、といった形態。参加費もそれほど高くない、基礎基盤の段階では権利環境は比較的柔軟なシステムがある。そういったものが日本でももう少しあればよい。

CRDS：現在、オープンデータ、オープンサイエンス、さらに、オープンシェアドビジネスといった流れになりつつある。そういうコンソーシアム的なところができて、情報交換をしながら、必要な部分やその組み合わせを企業の方が見つけてもらって、さらにタイトに共同研究する芽にする。そういった場が必要なのではないか。

C：約25年前にVA菌（※現在はAM菌根菌という名称が一般的）の商業化を国内で初めて行った。その後、約20年前くらいから生物農薬について先駆的に登録を取得し販売している。つまり、農業に貢献する微生物農薬、微生物資材の販売を25年ぐらい続けている。しかしほとんど世間では知られていない。私どもは、この分野について研究開発から入った。事業化に向けて推進体制を整えて、今はアグリバイオ事業部という事業部にしている。また、この事業部の傘下に化学農薬の会社をグループ会社としたり、あるいは、海外の子会社、孫会社を持っている。こういった体制をつくりつつ、化学剤と生物剤とどううまく使い分けていくか、あるいは、生物剤をどう伸ばしていくか、ということを事業の柱として、事業部では検討している。化学剤メーカーが生物剤に取り組むのはよくあるが、生物剤メーカーが化学剤に取り組む事業はあまり類のないパターン。

これだけ長くやっているが、VA菌あるいは生物農薬はなかなか普及しない。事業として続けていく以上、事業規模というよりはむしろ、産業としてこういった生物剤が成立してほしいという切実な思いがある。国内、日本発でアジア、あるいは世界に向

けて。社内ではそういう絵を描いて、何とか事業を続けている状況。

この中で、幾つかポイントがある。特に国内でうまく普及しない理由の一つは、農家さんに言わせると「効果が曖昧」という点。使い勝手やコストの面もあるが、やはり効果がよくわからない、とおしかりを受けることが非常に多い。しかし、きちんと見れば、効果はしっかり出ている。あと、現場普及レベルのコストで効果を示す方法を持っていないのも問題。農家さんに科学的な根拠をもって、エビデンスで説明するというところまで達していない。それが普及上の大きな悩み。

我々の今までの取組の中での印象としては、製剤、大量培養、さらに普及といったところは企業が得意としている部分。大学や研究機関ではいい菌を見つけていただく、これに注力してほしい。ここには基礎的な研究、新しい理論のようなものが必要だろう。そのような部分を大学とか研究所の方がしっかりつくって、私どもとパートナーシップを組んで、大きな産業に広げていけば役割分担は十分できる。また、普及の場面においても、これは主に企業が担うことではあるが、本日の内容を聞くと、例えば分析するとか、現場で解析するという技術は、非常に力強い武器になる。コストも含めて現場の農家の皆さんに示すことができたり、実際に使われるという場面においても、共同研究の余地がたくさんあると思う。私ども企業とアカデミアが一緒になって、この日本の産業として生物剤の農業関係の事業が大きくなっていくという形になれば良いのではないかと、ということ、本日のワークショップを聞いて思った次第。

CRDS：少し議論したい。企業ニーズが高く、アカデミアが貢献できるようなところ、こういった部分が大事、といったことを、もしこの場でぜひ言っておきたいということがあれば、お願いしたい。

C：知財のことについて。農研機構は特に、メーカーがアクセスしにくいという問題がある。つまり、共同研究を農研機構とやると、独占的な利用権が認められない。実際、**SIP** という研究プロジェクトの中で私は小さいグループのリーダーをしているが、全部うちの研究の成果は、特許、知財も最初に全部譲る形にしている。そうしないと回らない。私たちも非常に苦しいので、これは国レベルで、法律の話なので、何とか変えてほしい。私たちの上司には文句を言い続けてる。そういうのも協会側から、日本版のバイ・ドール法のような、もう少し柔軟性のある法律論を改定してもらいたい。ここに集まっていたいただいている方々の力を合わせて外圧をうまくかけてもらいたい。

もう1つ、あと、基礎研究と応用研究のサイクル。一番言いたいのは、民間の方は、この要素技術を使えば、儲かる。そこで終わってしまうと、それはサイクルにならない。やはりどこの基礎研究の技術を使っている、というのを基礎研究側にもレスポンスしてフィードバックしないと、基礎研究が根絶やしにされる。基礎研究が評価される場所がないというのが一番大きな点。ここはみんなで知恵を出して、お互いに産学官連携でやるべき。

CRDS：ちょうど知財のことに関しては、スライドを用意してある。今話題に上げてもらったが、企業の側からすると、なかなか大学や公立研究機関と共同研究がやりにくい。これは知財の仕組みに課題があるのではないかとということで、一例を挙げる。iPS細胞での例だが、いろいろな用途によってフローチャートで分かれている。このくらいの

値段でというのが、規模感としてわかる。最初に提示されている状態だとやりやすい。先ほどは丸ごと譲渡するというようなものもあるが、こういった柔軟な知財の管理の仕組みが必要かもしれない。

研究テーマの議論にもう一度戻りたい。

C：化学資材と生物資材は同じように畑に撒く。現場で仕事をしているとよくわかるが、畑、水田、農地というのは、すごくオープンなシステムで、いろいろな生物がいる。化学資材だと、それは確実に効くが、生物の場合には、いろいろな相互作用が発生してくる。なので、生物資材を化学資材と同じ発想で使うのではなく、やはり生物資材特有の使い方を考えて、セットにしていかなないと、いくらいい資材が出て現場では使えない。具体的には、バックグラウンドの生物を知るとか、生物資材の微生物自体がどう反応してどう変化するか。それがないとなかなか現場では広がらないのではないかという実感を持つ。その辺りについて企業の立場をお伺いしたい。

CRDS：例えば、こういう生物の群集がいるバックグラウンドだとこの資材は効きやすいけれども、これではだめだというようなりリストがあるといいというようなお話もあったようだが。

C：それは逆。普通に撒いて効くような生物資材でないと、多分農家は使えない。特定の研究をしないと使えない資材、特定の環境をつくり出さないと効果を発揮できない資材、それは面倒くさい資材ということ。特に日本の農家には受けない。ヨーロッパの場合は、国の農薬に対する規制が厳しいので、使わざるを得ない、そういう状況下で結構生物資材も入っている。日本の場合はまだいろいろ農薬が使える。販売側としては、こういう条件だとよく効きますというのは、ちゃんとプロモーションはするが。

C：2点ほどある。1つは、生物農薬の中で天敵、虫が虫を食べたりするような場合は、殺虫剤が使いにくい。生物農薬の中の天敵を使い始めたら、今までと違うものを農家さんは受け入れる。微生物でも将来はあるのではないかと思う。もう1点、感染時期だとか、病理の生態について、今までよりもっと緻密にわからないと、生物剤をいつ撒いたらいいかわからない。実際にそういう場面に遭遇して、病理に戻ったこともある。やはり生物剤だけではなく、その周辺の、学問的なものも十分必要になってくる。

C：私も幾つかの資材開発のプロジェクトに参画した経験から言わせていただく。はっきり言って、現状では閉鎖系でないと効かない。なので、育苗箱とか、閉鎖系というか、閉じ込める条件にしないと。もっとパワーアップした、維管束に、導管に入って、植物の免疫系を賦活するような、そういう微生物が見つからない限り、オープンスペースでもちゃんと効果を発揮できるような資材はできないのではないかという気がしている。

3.2 討論テーマII 今後あるべき研究基盤と体制 —共通基盤と出口への橋渡し—

3.2.1. 「基礎から応用への橋渡しに必要な研究基盤・体制 —ACCEL 事業の経験から—」 川口 正代司氏(基礎生物学研究所 教授)

<発表概要>

私はずっと実験室の中で研究するというスタイルだったが、JSTのACCELの事業で、初めてフィールド研究に関わることになった。ACCELプロジェクトは、3つのグループから成り、1つ目は、アーバスキュラー菌根菌(AM菌根菌、植物にリンを与える)、これは植物がないと増殖できないが、それを単独で純粋培養する試み。2つ目は、フィールドのマーカールによって菌叢構造解析や、接種した菌がどのぐらい根に入っているかを調べる。3つ目は、かなり多くのフィールドグループの協働を仰ぎ、農研機構で、北は北海道の根釧、北農研、南は宮崎の都城、などで、実際のフィールド試験をやっている。

AM菌根菌というのは現時点で純粋培養することができない、植物と共生して初めて培養できる。それをたくさん増殖させたい。その目的でかなり高精度なゲノム解読をやっている。それにより、欠損した代謝遺伝子が絞られる。もし本当に菌が必要とするならば、その代謝産物を補填してやることで純粋培養ができる。

もう1つ、秋山さんたちのグループで、すでに菌根菌の生育を活性化させるような物質を見つけている。そうしたものの併用で、純粋培養に挑戦している。このプロジェクトが始まったときに秋山さんたちが持っていたある知見を使って、現在展開している状況。当初の予想以上に菌根菌が増殖している。

さらにもう1つ、フィールドのほうの実験について紹介する。フィールドはこれまで全く知らない世界だったが、例えば中標津の根釧の農業試験場、こうしたところに菌根菌を接種して、生育効果を調べている。これはデントコーン(※飼料用のトウモロコシ)。いろいろな問題がわかってきた。接種量、接種方法の問題、それから、整地のどこのフィールドオーダーを選ぶかという問題などが見えてくる。

このプロジェクトが始まってまだ1年半ほどだが、これまで基礎研究をやってきた人間が、初めてフィールドを見て思うことについて、何が必要かを示した。

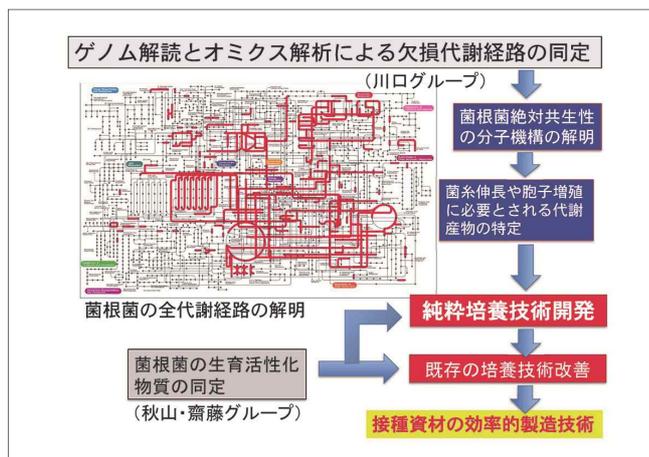
1つは、いきなりフィールドの実験するのではなくて、その前に、非常に多様な条件を振ったポット実験をする必要があること。フィールド実験は1年に1回なので、環境の影響をかなり受けてしまう。つまり、収量と、接種量との相関を見ることもきわめて難しい。それから、もう1つは、接種してもそれが定着したりしなかったり、ということがある。定着しやすい菌が見つかったら、そうした菌をいかに分離するか、そして、その菌が本当に効果があるかどうかを示すためには、その菌をいかに大量培養するか、大量培養できたら、またさらにそれをいかに評価するか、などが必要ということが見えてくる。そしてもう1つ、実際現場の声を聞くと、特にいろいろな条件でフィールド試験をすると、それにかける労力はかなり大変。少し条件を振って、それで反復数を増やすだけでもかなり大変。土壌の菌根菌を入れるだけでも労力が甚大。例えばフィールドを整地して、それで菌を自動接種してくれるような、フィールド対応のルンバのようなそうしたものが、自動的に菌を摂取してくれたら、大変仕事は進むと思う。

最後に、これはちょっと研究とは違うが、こうした応用研究というのは、なかなか成果が出にくい。こういうようなプロジェクトをするときに、ポスドクにどのようなテーマを与えるかということを考えることも重要なことだと認識している。



JST ACCELプロジェクトの構成

PM 齋藤 雅典 東北大学大学院農学研究科 ■ 課題運営 アドバイザリーボード (JST) 黒川 頌 (遺伝研) 穴澤秀治 (バイオインダストリー協会)	■ 研究代表グループ (AMF) 川口 正代司 自然科学研究機構・基礎生物学研究所 秋山 康紀 大阪府立大学・大学院生命環境科学研究所 齋藤 勝晴 信州大学・学術研究院農学系
■ プロジェクトアドバイザリーボード 田中章、對馬廣也、福田雅夫	■ 共同研究開発グループ (Marker) 江澤 辰広 北海道大学大学院・農学研究院 佐藤 修正 東北大学大学院・生命科学研究所 平川 英樹 かずさDNA研究所 吉田重信 農業環境技術研究所 永野 惇 龍谷大学
	■ 共同研究開発グループ (Field) 大友 量 農研機構・北海道農業研究センター 唐澤 敏彦 農研機構・中央農業総合研究センター 福永 垂矢子 農研機構・近畿中国四国農業研究センター 安達 克樹 農研機構・九州沖縄農業研究センター 出口 新 農研機構・東北農業研究センター 鎌谷 圭太郎 山形大学農学部 伊藤 豊彰 東北大学大学院農学研究科 秋田 康 秋田県立大学生物資源科学部 駒井 史朗 佐賀大学農学部アグリ創成教育研究センター 八木 哲生 北海道立総合研究機構・根創農業試験場



これまでの経験から、何が必要か？

- フィールド試験に先立つポット試験
- フィールドに定着しやすい菌の分離
- 菌の大量培養と評価
- フィールドで菌を自動接種するAI機器
- ポスドクの研究業績

総合討論

3.2.2. 「理研における今後の共生研究」

白須 賢氏(理化学研究所 環境資源科学研究センター グループディレクター)

<発表概要>

私はもともと植物の免疫、植物病原菌の研究をしている。理化学研究所（理研）で共生研究のプランニングをしているので、今日はそれについて話題提供する。理研のよさを活かして、どうやって共生研究を推進していくか。まず理研のよさは何か。ハイレベルな、かつ、インターディシプリナリーな研究者が、わりと近いところにいること。生物学系もいれば、工学系もいる。ゲノム解析関連機器の整備もされている。どうやったら共生研究を推進できるか。もちろん基礎研究が私どもの一番の強みで、さらに応用と基盤、この3つをあわせてバイオ産業の振興に資するような共生研究を展開したいと考えている。

私たち理研での共生研究について紹介する。今日の話は農業関連研究だが、理研で共生研究をやられている人は、腸内の共生研究、昆虫の中の共生研究、さらに、ケミカルバイオロジーなど、様々な分野の研究者がいる。その研究者たちが一体となってやる方向性である。基礎研究に関しては、共生現象そのものの成立機構はどういったものか、どのくらい共通性があるのか、昆虫と人間では違うのか、あるいは、植物、土壌では、どう違うのか。どういった生物叢が、何が重要で何が共生の成立機構になっているのか、という基礎現象を対象としている。それから、実際にその共生が出来上がり、どうしてそれがある程度ロバストネス（頑健性）を持ちつつ成立できるのか、についてもやっていきたい。

そこからどうやって応用に発展できるか。理研には産業連携本部というのがある。基礎研究を産業に早くつなげたい。企業さんの方からいろいろとお話をいただくが、わりと早い時期から参加させていただきたい。理研でパテントとっているのをそれをやるというと、ちょっと遅すぎる。パテントそのものが障害になってしまう場合もある。パテントとして、もう少し広くとっておきたいとか、ここを押さえないとほかの会社に出し抜かれるとかいうこともあるので、早い時期から一緒にやりたい。そのために、産業連携本部というものがある。それから、マッチアップファンドのようなものがあって、企業と理研でジョイントラボ、オープンラボみたいなものをつくって、早い時期に共同研究をして、パテントにしていこうといった計画がある。

1つ例を出す。例えば、ヒトあるいはネズミのモデルなどの腸内細菌を研究している世界でもトップレベルの研究者がいる。それを例えば家畜の腸内細菌にどう適用していくか、家畜の腸内細菌をどうコントロールするか、有機的な家畜の農業に使えるのかといった部分も、企業と一緒にやっていく。

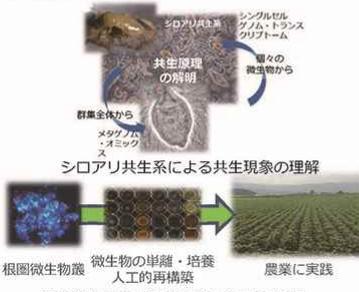
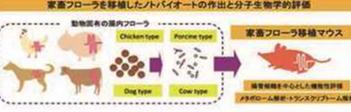
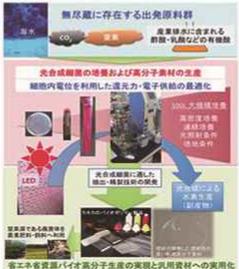
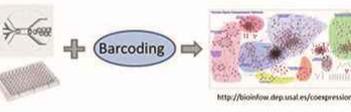
それから、ものづくりです。これは今、シンセティックバイオロジーとか、合成生物学とか言われるが、生物を、プロセスする工場とみなす。共生しているものの中におもしろい菌がいっぱいいるので、その遺伝子を組み合わせでいろいろなバイオのものづくりをしていく。それから、抗生物質など実際にとって利用していくといった研究方向性もある。

さらに、研究基盤。これは理研はかなりプッシュしているところ。次世代シーケンサー、工学と組んでシングルセルの単離、それから、培養。そういった、大学だと非常に難しい、ある程度の出費が必要な装置、あるいは、テクニカルスタッフがかなりの数必要とか、そういった部分は、理研はかなり貢献できる。これをハブ機能として、大学の研究者の人た

ちが参加できるような形で技術開発をやっていききたい。その整備を皆さんと一緒にやっていければ、理研の存在価値が非常にあるはず。

総合的な理解と活用に向けた基礎・応用・基盤研究

資料3-12

基礎 微生物-宿主共生系を総合的に理解する	応用 バイオ産業の振興に向け共生系を活用する	基盤 共生研究の推進に資する技術開発と基盤整備
<p>共生現象成立機構の理解 共生現象がゲノムの進化に与えた影響を明らかにするとともに、共生モデル生物を利用し、宿主と共生微生物の共生メカニズムの理解を進める。</p> <p>微生物と動物あるいは植物との共生現象の理解 植物においては根圏、葉面等、動物においては表皮、腸管等に存在する微生物と宿主との共生現象を理解し、農業や漁業、また健康・医療に貢献するための基礎的な知見を蓄積する。</p> <p>環境中における共生現象の理解 環境中に存在する微生物と微生物、あるいは微生物と宿主など複雑な共生現象を理解し、ものづくりや環境保全につながる基礎的な知見を蓄積する。</p>  <p>根圏微生物叢 微生物の単離・培養 人工的再構築 農業に実践 根圏微生物叢と植物の相互作用の理解</p>	<p>農畜水産業などの食料生産への活用 土壌微生物の利活用による環境調和型の農業技術、また腸内フローラの制御による畜水産技術の開発を行う。</p> <p>家畜フローラを移植したノドバイオの作出と分子生物学的評価</p>  <p>家畜、ペットなどの腸内環境制御による動物の健康増進</p> <p>モノづくりへの活用 光合成微生物と他の微生物との共生関係を利用し、高分子素材等、付加価値の高い素材を環境低負荷型のバイオプロセスで実現しうる技術の開発を行う。</p>  <p>光合成微生物と他の微生物との共生を利用した環境循環型新規バイオプロセスの開発</p>	<p>技術開発 共生現象の理解に向け、集団を包括的に理解するメタゲノム解析、微生物を個別に理解するシングルセル解析、共生微生物をシングルセルレベルに分離し、数や種類をハイスループットで同定できる技術の開発等を推進。</p>  <p>ハイスループットで計測する技術</p> <p>基盤整備 共生研究を推進するための共通的なメタゲノム解析及びバイオインフォマティクス解析等の基盤の整備・運用を行う。 また、共生研究を推進するために必要な微生物やモデル動植物等のバイオリソースの整備を行う。</p>  <p>植物体内の共生微生物 根圏の共生微生物 研究を加速するリソース シロイヌナズナ ミネトカモゴサ 共生研究バイオリソースの整備</p>

総合討論

3.2.3. 「学術会議からの研究提案及び農研機構での取り組み」

倉田 のり(農研機構 理事)

<発表概要>

学術会議からの研究提案の内容をご紹介します。学術会議の一期は3年間だが、各期に一度、大型研究計画というものを策定・提案するという事になっている。学術会議の分科会、委員会あるいは各大学の学長、学部長レベル、それから、学会の会長レベルというところに応募をかけて、提案を募る。生命科学部、第2部の中の農学委員会、食料科学委員会、この2つが農学を司る2つの委員会で、この合同会議の中で、「グローバル環境資源基盤構築と食・エネルギー・資源開発国際研究拠点」を、今期、提案することになった。

実はこの提案は既に22期、この前の期から提案されているが、いろいろな分科会から、これは農学にとって非常に大切だということで、再度提案することになった。

中身としては、微生物、植物、土壌共生、まさに今回のワークショップと同様のコンセプトで提案している。最も大切なのは、一番必要なものは何か。それは、土壌、環境、植物、微生物、昆虫、いろいろなものの非常に複雑な相互作用、共生の関係を解析するための共通基盤をつくることである。一番手っ取り早いのは、やはりメタゲノム解析。さらに土壌成分の解析をあわせ、全体的に基盤として構築していくことが必要。その上で、ずっと出ている生物肥料や生物農薬の観点を展開していく。それから、基礎科学の植物ホログゲノムの動態解析。相互解析、相互作用のネットワークの解明、そういうものが基盤としてわかってくると、いろいろな可能性が出てくるだろう。

今日は、個々の研究者の方たちの研究内容が出ていたが、個々の研究だけではなかなかカバーできないところ、それから、全体像が見にくいところ、それには、基盤を形成するような研究がぜひとも必要と提案した。内生菌、線虫、菌根菌、根粒菌など。既に動物では、いろいろな腸内細菌とか、そういうものの研究の中でコホート研究、それから、細菌群集と宿主との相互作用、それから、宿主環境の制御、特異的な遺伝子群のピックアップなどの研究が行われている。それと見合うような形で植物のほうも、ついこの二、三年、特に研究成果が出てくるようになってきた。しかしながら、これはやはり個々の研究が中心になっている。さらに基盤を構築する必要がある。研究体制も提案の中で記述しているが、有効なネットワークを形成し展開するべき。

日本学術会議 第23期 大型研究計画
計画No.29 グローバル食・エネルギー資源開発と生産分野

計画名:
グローバル環境資源基盤構築と食・エネルギー・資源開発
国際研究拠点形成

農学委員会・食料科学合同委員会で議論:
育種学分科会、農学分科会、地域総合農学分科会、林学分科会、応用昆虫学分科会、
土壌科学分科会、遺伝子組換え作物分科会、植物保護科学分科会、農芸化学分科会、
畜産学分科会等 幅広い分野の賛同を得て提案

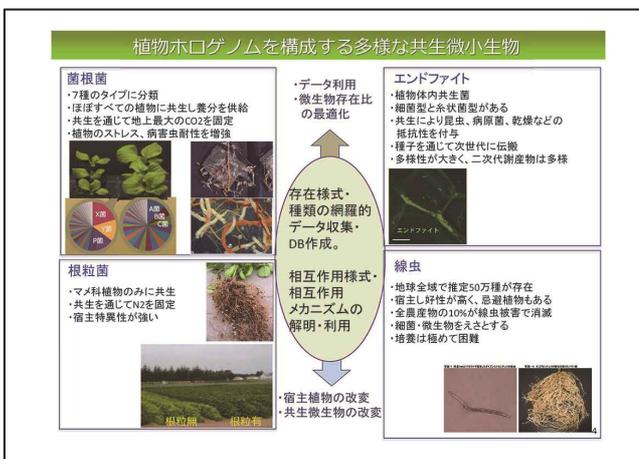
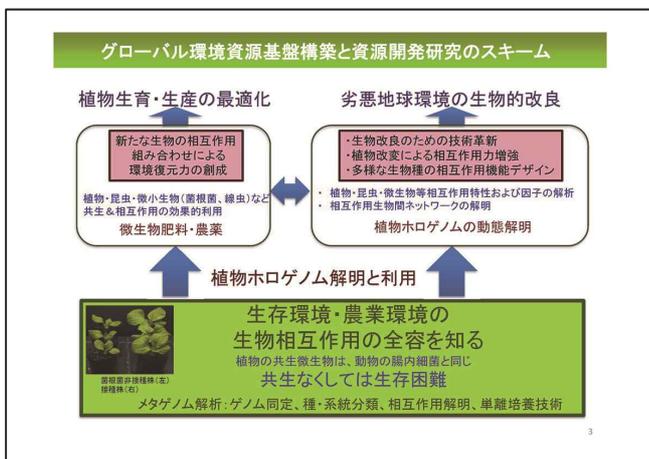
ヒアリング:
報告者 倉田 のり (農業・食品産業技術総合研究機構)
(日本学術会議 会員 第二部 農学委員会)
随行者 黒川 顕 (情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所)
(東京工業大学 地球生命研究所)

研究提案内容のコンセプト

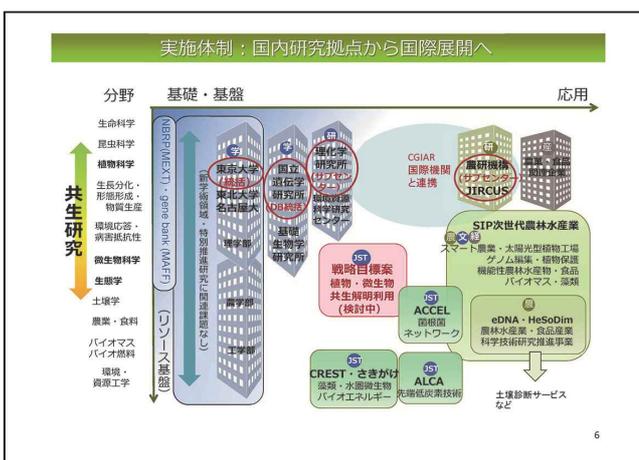
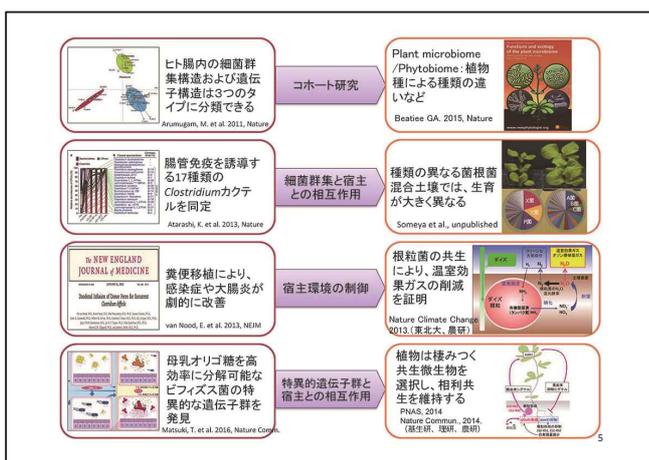
「微生物・植物・土壌等間の共生および
相互作用の包括的解明と利用技術開発」

微生物・植物・昆虫・土壌小動物・ウイルス・生態・共生進化・
土壌肥料・環境科学・ゲノム科学・遺伝資源・栽培・育種など
多様な研究分野を統合する研究領域の構築

倉田 のり
農業・食品産業技術総合研究機構 (理事)
国立遺伝学研究所 (名誉教授)
日本学術会議会員 (会員)



総合討論



共生生物の存在の意義と利用

学術的意義：地球共生体の理解と利用

- ① 植物ホロゲノムの理解 = 微生物・植物・土壌・小動物・水圏等にまたがる **共生系の包括的解明**
- ② 共生系を介した宿主生物の機能変換・亢進の評価手法及び**有用形質の制御技術**
- ③ 難培養微生物の**培養技術開発**および**新規物質生産技術**
- ④ 共生系に関連する微生物、植物等バイオリソースを整備するための技術開発

社会的意義：食料生産と環境保全の安定的確保

- ① 微生物・植物・土壌・小動物共生系を利用した安定的農業環境開発と保全
- ② **微生物肥料、微生物農薬、有用生活活性物質**等の開発と利用

農研機構におけるAM菌応用研究 農研機構

プロジェクト研究の経過

- 新需要創出 (ほか(1991~1997))
前作効果を用いた増収効果の解明
- 生物機能(2004~2008)
前作効果を用いたリン酸減肥の所内試験
- 気候変動(2009~2013)
前作効果によるリン酸減肥の現地実証
- ACCEL(2014~)
AM菌資材接種効果の検討

2013年:リン酸減肥を生産者圃場で実証

○ 生産者圃場においても前作効果を適用したリン酸減肥は可能(上図)

○ 収量水準が高い場合は減肥による減収傾向が顕著なため、前作を考慮したリン酸減肥は行わない方がいい(下図)

2006年:前作効果による土着菌根菌の活用

○ 根の延長として菌根菌(上図)に着目し、菌根菌を増やすと植物の節地ではタイスの生育が壊れることを抑制しレベルで増収(下図)

資料:大友重(北農研)

eDNAプロジェクト (2006~2010年度・農水省委託プロジェクト) 土壌微生物相の解明による土壌生物性の解析技術の開発

目的
● 土壌の生物性を解明するための高度技術として、
微生物相解明による土壌の生物的評価手法の開発

eDNAとは、土壌試料から培養過程を経ずに得た微生物由来のDNAのこと

土壌からDNAを抽出 → 培養操作 → 土の中のいる微生物は1%しか培養できないが、eDNAは土の中全ての微生物の遺伝子情報を得られる。

研究内容

- 土壌微生物相の解析手法の標準化
- eDNAの塩基配列情報のデータベース化
- 作物生産の向上・阻害に関わる土壌を対象とした微生物相の解析
- 得られる成果
 - 土壌の生物多様性評価手法の開発
 - マニュアル化による、土壌の生物的評価手法の開発
 - 連作障害・土壌病害等の生態性阻害要因と微生物相との関連の解明

資料:吉田(農環研・現農研機構)

「診断のための技術情報マニュアル」を作成・公開

25056C 「次世代型土壌病害診断・対策支援技術の開発」

- ①菌媒介ウイルスの高度検出・定量法**
土壌からレタスビジゲンズウイルス(PLRV)やリウイウイルス(MLBVV)等、土壌伝染性ウイルスを検出・定量する手法を開発
「土壌試料の採取と調製」「土壌試料からの核酸抽出」「核酸試料の精製」「ウイルスRNAの定量」等が記載
※ 遺伝子多量増幅による検出感度と土壌からのウイルス定量結果の比較
- ②DRC診断のための実用的手法**
リゾトニア菌によるベビーリーフの立性性病害のためのDRC診断法、アブラナ科野菜の根こぶ病のためのDRC診断法の改良法を開発
DRC(Disease response curve)診断法:土壌の菌数(コリシタル)を大まかに測定するに有効な方法
ベビーリーフ(アブラナ科)の立性性病害の発生状況
- ③より低コストなPCR-DGGE解析手法**
PCR-DGGE法による検査サービスを実現するための、本手法「低コスト」で打てるようにすることを目的に、(研)農業環境技術研究所より開発された標準解析マニュアルを改定する形で開発
解析に係るコスト削減に成功
DNA抽出工程にかかる費用:従来の1/5
PCRおよびDGGEにかかる費用:従来の1/5
低コストによるDGGEバンド抽出例

◆ 土壌病害の効率的な診断に役立つ手法を紹介

◆ 公設・民間試験研究機関担当者が活用してもらえよう、わかりやすく解説

◆ (研)農業環境技術研究所のWebサイトから自由にダウンロード可能

資料:吉田(農環研・現農研機構)

25056C 「次世代型土壌病害診断・対策支援技術の開発」

診断・対策支援のツール開発

新たな病害に対する診断・対策支援のためのマニュアルを容易に作成できるExcel形式ファイルソフトを開発

本ツールの活用により、新たな病害に対する診断・対策支援技術の開発かつ効果的開発が可能

「作物病害の発生原因を特定するためのマニュアル」

ヘンジウムマニュアル作成支援ツールのトップ画面

民間企業による診断・対策支援の実証・事業化の可能性評価

民間企業による診断・対策支援の実証事例

ハウサイの根こぶ病のヘンジウムを、マニュアルに基づき生産者に対して指導

- ① 農病センターが中程度と判断された農場。詳細調査に基づく対策を講じた結果、発病株数が大幅に減少(成功)
- ② 農病センターが低いと判断された農場。発病は見られず、結果的に従来使用していた土壌消毒剤の使用コスト削減に成功(土壌消毒剤の使用コスト削減と消毒剤の削減に成功)

生産者への感想:
発病程度で診断結果をばらめるとヘンジウムに対して感度がある

民間企業によるDRC診断法の事業化の可能性評価

ベビーリーフ立性性病害の発生状況を把握するためのDRC診断法の有効性を確認

生産者への指導にも反映

DRC診断の事業化を見られる場合は、複数の病害診断をパッケージ化して実施することが、収益性を確保するうえで有効である評価

資料:吉田(農環研・現農研機構)

3.2.4. 「情報基盤整備の重要性 オープンデータで世界の標準化を目指せ」

黒川 顕（国立遺伝学研究所 教授）

<発表概要>

情報基盤整備の重要性について話題提供する。「データは嘘をつかない。」これについてはここに臨席している参加者の方も異論がないことと思う。さまざまな分野においてデータ分析の重要性が高まってきていて、今日のワークショップで何度も話題に上がった。今、多様、かつ膨大、そして多層のデータが出てきている。それらを統合的に分析することで、何か新たな関係性を見出すことが期待されている。いわゆるビッグデータと呼ばれているような世界観である。

しかしどのように進めるか。1つは公開データを使う方法がある。ただし公開データの問題点もある。問題の1つめは、この植物や土壌の分野では、ホロゲノミックな（※宿主と共生微生物の総体としてのゲノム）データが、今のところ世界中でも全然出てきていないこと。もう一つの問題は、詳細なメタデータがほとんど付随していないデータが公開されていること。さらにもう1つ問題なのは、メタデータの用語や単位や構造がいっさい統一されていないこと。徹底的にキュレーションしなければならない。さらに、他の先生の発言にもあったが、解析手法が統一されていない。例えばヒトのマイクロバイオームの課題でも、実は統一というのがなされていない。例えばDNAをエクストラクションするときのプロトコールはどうなのか。もっと言うと、それにタグをつけて、シーケンサーで読むときの前準備の試薬は何がいいのか、ありとあらゆるところが統一されていない。

統一されていないと何が起るか。一番簡単なのは、16SrRNAで解析したときにプライマーの位置が異なってしまう。こうなってしまうと、お互い別々のデータを、菌のアノテーション情報でしか比較することができなくなってしまう。これでは困る。したがって、他のデータと統合されないということにもなる。

他の先生の発表にもあったが、いろいろな技術が発達してきて、いろいろなことができるような時代になっている。そうなってくると、ますますこの多層解析、情報解析の重要性が増す。多層情報から新たな知識を引き出すためには統計解析、ネットワーク解析、自然言語処理、機械学習というような解析技術が必要となる。

では、こういうものを開発していけばいいのではないか、という話になる。しかし本当にここが本丸なのか。少し気が早いのではないかとも思う次第。私はヒトの腸内をずっとやってきた経験から、例えばヒトの腸内を記述するときに、研究者ごとに単語、表現手法が違う。human gutと言ってみましたり、human intestineと言ってみたり、ある人はhuman fecesと言ったりする。これだけでビッグデータ解析をしようとする、このgutとintestineとfecesは大体同じようなことを意味している、ということをコンピューターに教えてあげなければいけない。だから、全てキュレーションしないといけない。これは自然言語の問題ですから、これらを徹底的に、オントロジーと呼ばれているものを開発してつくらなければいけない。そういうのを徹底的にやったデータベースをつくった。そうすることによって、世界中のデータを全部集めてきて、一気に解析することが可能になる。ようやくビッグデータ解析ができるわけです。

まとめると、最重要課題の1つとして、多層情報を統合化していくために、まず、データの意味づけ、データの構造化とか、ダイナミクスの分析、データベースの統合化技術、

こういうものをまず最初にちゃんとやらなければいけない。そうすると、この世界に入ってこられた研究者でまず、解析手法を一致させなければいけないとか、どういったデータをどういうふうにとっていくかという話し合いを、徹底的にやっていかなければいけない。その上でようやくビッグデータというものが見えてくるので、やっというろいろな解析が可能になってくる。

私の研究室で、世界中で公開されている 17 万のメタゲノムデータを、(ディープラーニングではない) AI を使って解析した結果を紹介する。2次元のマップ状に描けるが、ヒト関連、土壌、水、その他、など、だいたいのもまとまりとして分離できる。さらに、健康者と病気のヒトの腸内は、違いもきちんと射影できている。したがって、こういう基盤を徹底的にきちんと整えていく必要があるだろう。

実はデータベースは日本にとって非常に強い分野である。DDBJ、DBCLS というライフサイエンス系の統合データベースセンターもある。我々が開発している微生物統合データベース。あとは、奈良先端の金谷さん、遺伝研の有田さんがやっているメタボローム、かずさ DNA 研究所の田畑さんがやっているような植物ゲノム。これらの既存のデータベースを徹底的に有効活用して、研究者には省エネしてもらおう。そのかわりもっと WET のデータをどんどん出してもらおう。そして個別ゲノム解読といったところの知識をどんどん増やしていく必要があるだろう。そうすることによって、こういうホログenomix というのが見えてくるのではないかと思う。

オープンサイエンスを内閣府主導で現在やっており、私もこの委員の 1 人になっている。オープンデータをどんどん推進していき、世界の先頭に立つということをやっていかなければいけない。

CRDS の提案した図のこの位置に、情報基盤を入れる、こういう形にしなければいけないと思う。この図は縦軸がデータ量、横軸が西暦年だが、2007 年に私の論文が出たとき、世界で最初だった。しかしその後欧米で巨大な国家プロジェクトが立ち上がり、この分野は急激に成長した。おそらく今、わが国は我慢のしどころ。JST などの公的なファンドを使って、この分野の新しい世界を切り開きたい。

データはウソをつかない

- 様々な分野においてデータ分析の重要性が高まっている
- 生命科学分野においても、分析機器の圧倒的な発展を背景に、膨大なデータが産出されている
- 多様かつ膨大な多層情報を統合的に分析し、新たな関係性を見出すことが期待されている

公開データの問題点

- ホロゲノミックなデータはほとんど無い
- 詳細なメタデータがほとんど付随していない
- メタデータの用語、単位、構造が統一されていない
- 解析手法（機器・試薬含む）が統一されていない
- 他のデータと統合されていない

多層情報解析に必要なもの

これら多層情報から新たな知識を引き出すためには、統計解析やネットワーク解析、自然言語処理、機械学習、分析アルゴリズムなど新規かつ高度な解析技術が必要となる

ここが本丸か？

データを検索する際の問題点と解決策

ヒト腸内環境に関連した語彙

- human gut (ヒト消化官)
- human digestive tract (ヒト消化器官)
- human gastrointestinal tract (ヒト消化官)
- human intestine (ヒト腸): gutの一部
- human intestinal lumen (ヒト腸管腔): gutの一部
- human colon (ヒト大腸): gutの一部
- human stomach (ヒト胃): gutの一部
- human feces (ヒト糞便): gutに関連
- human stool (ヒト糞便): gutに関連

フリーワード検索の問題点

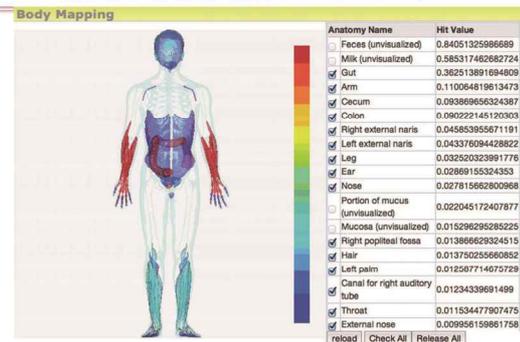
- 同義語や関連語が多数存在するため対象の選択的取得が不可能
- 文字の一致だけを調べるため不要な情報も取得してしまう

メタゲノムデータを網羅的に取得するためには
単語の意味、単語間の意味的關係性、階層性を定義する必要がある
 =オントロジー



Human Meta Body Map Stanza

自分の興味がある系統・遺伝子はヒトの体のどこに多いのか？



最重要課題とは

関連研究分野から産出される多様かつ膨大な多層情報を統合化する必要がある！

- データの意味付け（キュレーション）
- データの構造化（オントロジー）
- データのダイナミクス分析（モデル）
- データベース統合化技術

大規模学習アルゴリズムや強化学習アルゴリズム等による質問応答システムが実現し、AI知識ベースの可能性が見えてくる！

日本の強み (データベース関連)

- DBBJ** DNA Data Bank of Japan
- NBDC** ナショナルバイオサイエンスDBセンター
- DBCLS** ライフサイエンス統合DBセンター
- Microbe DB** 微生物統合データベース
- PGDB** メタボロームデータベース
- Plant Genome Database Japan** 植物ゲノム統合データベース
- KEGG**

個別ゲノム解読 = 知識を増やせ!

次世代型培養技術 (微生物)

シングルセルゲノミクス

真核生物ゲノム
リアルタイムゲノム

Hologenomics

- Host and symbiont genes that alone and/or together affect a holobiont phenotype
- Coevolved host and symbiont genes that affect a holobiont phenotype
- Host genes and symbionts that do not affect a holobiont phenotype
- Environmental microbes that are not part of the holobiont

宿主、微生物、環境中の細菌叢
すべてのゲノム(not メタゲノム)を明らかにすべし

Theis et al., 2016

高いプレゼンスを示す研究開発戦略

データ意味付け、構造化、統合DB

オープンデータで世界の標準化を目指せ

AI知識ベースの構築
微生物群集構造ダイナミクス
宿主間相互作用
システムズバイオロジー

ホロゲノム解析→環境コントロール

近年の技術革新と新展開

これまでのボトルネック	近年の技術革新	可能になってきたこと
微生物叢 →何がどれだけのかわからない	核酸配列 解析能力の 向上 (解析コスト: 10年で10万分の1)	微生物叢の把握 実用作物ゲノムの安価な取得
実用作物のゲノム →膨大で取得困難	植物内生微生物 の分離法、一細胞 解析、iChipなど	難培養微生物の 培養/分離/利用
微生物 →99%以上が実験室 で培養できない	メタボローム 解析の高度化	植物-微生物叢 相互作用因子解析
相互作用因子 →複雑な構造、 微量・不安定	ゲノム編集	植物または微生物の 改変・制御
遺伝子情報の利用 →交配導入は多大な 時間と労力が必要	計算機科学、 システムズバイオロジー	鍵因子・経路特定 評価と再設計
理解のための膨大な データ →データ取得・解析 自体が難		

植物-微生物叢の相互作用をより深く理解し、制御することが可能に

【総合討論 あるべき体制について】

CRDS：総合討論、当該分野の研究開発の、あるべき推進体制について議論したい。例えば、基礎、応用ともに、関連研究を加速するための推進体制、企業とアカデミアの共同研究のあり方、あとは、持続性の高い人材育成の仕組み、最後に黒川先生にお話しいただいた情報基盤の重要性、について議論していただきたい。

C：ぜひこれを研究プロジェクトとしてまとめていただきたい。ヒトの腸内細菌の問題があり、それと関連するなどといった方法もある。私の経験だと、予算化するときには、チームの組み方が非常に重要。また、かなり作文に依存する。たとえば、日本の技術的優位性や、このプロジェクトがなぜ今必要なのか、どの省庁に向かってそれを要求しているのか、等、そういうことがJSTの内部で議論になる。そこはCRDSでサポートするので、研究の重要性をよくアピールし、構成メンバー等をいろいろと考えて欲しい。

C：ここまでの議論の中で、ハブを形成するのが重要という意見が複数あったが、どういうハブをつくったらいいのかがあまり見えていない。皆さんのご意見をいただきたい。

CRDS：まずたたき台としてCRDSから説明する。例えば理研、農研機構、産総研など、研究所同士の連携に加え、大学との連携というところでハブを作る。そこでまず情報交換や、最初の基本的な技術パッケージを作る。ここに研究所やアカデミアの拠点を置いて、一部先導的な研究例として企業や現場の方に入ってもらおう。ここで、こういう研究基盤を使ってこういう順序でやればこういう成果が出るというような、プラットフォーム、パッケージみたいなものを作る。それでどんどん企業の人に5年後、10年後に活用してもらおうというような時間軸で考えてみた。この案について、もし課題や困難などお気づきの点があれば教えていただきたい。例えば農研機構では、いろいろ実験補助、費用補助もあるが、理研はなかなか費用補助がないなど。そこでお互い連携することで、プラスになるような関係をまずつくり、技術的なパッケージおよび汎用的な技術プラットフォームを構築するのがいいのではないかと。

C：連携しなくてはいけないのはおそらく自明。ただしその前に、特に応用に入る前に、やはり基盤をしっかりつくっておかないといけない。せっかくこういうプロジェクトをやるのであれば、その機会を利用しないと、基盤はいつまでもつけれない。これまで植物関係のプロジェクト、例えばシロイヌナズナ関連など、今までの植物の研究が非常に順調に伸びてきたのは、最初にやはり大きな基盤を、皆さんが努力されて、しっかりと作られたからだろうと思う。やはりこの機会でないとも基盤を固められないと思う。どういう植物種にどういう微生物種がいることが一番いいのか。それから、時系列および季節による変動、そういうものがどうなっているのか。とにかく洗い出せるだけ洗い出して、その基盤の上に立った応用とか、それから、個々の共生機構の問題とか、いろいろなものがそれを利用することで発展的に動いていこう。個別の研究だけだと、どうしてもそれだけで終わってしまう。ヒト細菌叢の研究の例にあるように、特定の細菌の混合物で病気の劇的な改善する例もある。例えばそれを土壌微生物に応用してみれば、この10種類あるいはこの20種類をミクスチャーにすれば、やはりものすごく効果がある、などといったことが見えてくるかもしれない。土壌に添

加するのは、1種類かあるいは複数か、そういうところまできちんと踏み込んで、情報を捉えてから製品にする、といったことにも関連する。そのためには、そういうことを考慮する基盤となるような膨大なデータの蓄積がやはり必要だろう。ちょうど今、個別の研究の成果も出始めて、そういう機運が高まってきている。

C：基盤という話題が出たので、それに乗じて意見する。野外の生物および微生物、あるいは、生態系を評価するときに、昨今はPCRベースでやるのが比較的簡単にできる。かつネットワーク解析にも乗りやすい。それはそれで非常に進んでいる。1つは、現在流行している方法プラス新たな解析手法を入れて相関解析やネットワーク解析をして、中核微生物候補を特定する。場合によってはそれを培養できるというアプローチが1つある。そのときに、カビとバクテリアとそれ以外の多細胞の微生物をどう考えるかが重要である。私がよく研究対象としているバクテリアでは、大体4つの大きなグループになる。カビの場合は学名を見てもよくわからない。まず、インフォマティクスをやっている人でもカビ叢を見たいときはものすごくストレスがかかるのとこと。その辺を改善するための基盤整備だけでもまず1つはインパクトがある気がする。

もう1つ、ヨーロッパとかアメリカの植物病理の先生が始めている **Synthetic Community**。いわゆる人工微生物生態系。やはり我々にはまだ、コミュニティとしての反応というは見えていない。結局メタゲノムや群集構造解析をやって、1つか2つの菌の話に落ちてしまいがちだが、本質は違うのではないか。今はこうだったと相関づけはできるけれども、コミュニティそのものの動態を見ていくための実験的な証拠は得られない。限界はあるかもしれないが、例えば池田さんが集めた1,700株、2,000株ぐらいの培養可能なライブラリーというのをうまく使って **Synthetic Community** をそれぞれの課題でつくって、実際環境条件を変えたり、宿主を変えたりして、その変化を見る。これはあくまで実験室レベルでの評価だが、今、日本では多分ほとんど誰もやっていない。マックスプランク研究所に一人いるが、そのままでは輸入の後追いになる。我々の、強みを生かした **Synthetic Community**、こういう研究基盤やプロジェクトがないと絶対にできない。1人で全てできるものではない。それをやれば、場合によってはメカニズムが部分的にわかってくるかもしれない。野外のデータや資材を、どうつくるかということに対する基礎的な答えがある程度解決するかもしれない。水圏環境研究では、プランクトンのマイクロブインタラクション（微生物間相互作用）の研究が進められているが、系全体としては見えてこない。ウイルス、クオラムセンシング、タンパク分泌系、といった、断片的な知識にとどまる。だから、そこに光を当てるといったことは、多分日本のグループはやりやすいのではないかと。

C：まず、この研究グループ・研究プロジェクトが立ち上がったときに、解きたい問題は何か。ヒト微生物叢の場合では非常に明確だった。ヒトの場合も各研究者がそれぞれに展開しているが、そうはいつても、ヒトの健康と微生物叢の関係ということに帰結できる。例えばヒトと腸内菌とか、口腔菌と菌との相互作用、ヒトとの相互作用が明らかに関与しているというところで、研究者たちが手を結び合うことができる。それで明確な問題設定が可能になって、柱ができて、その下にいろいろなグループが垂れ下がっていくという格好。このプロジェクトの場合は、その中心的な問題というのをどこに設定されるのか。

例えば先ほどの企業の方の意見からすれば、サステナビリティというところが1つのキーワードのような気はする。サステナビリティで、研究者の方も含めて、明確な目標としてOKか。さらに企業の出口まで考えると、コンソーシアムをつくったほうがよいというようなアドバイスもある。ヒトのマイクロバイオームでも、やはり同様なことが起こっていて現在進行中だが、では、どういった問題点にフォーカスすれば、どの程度の規模のコンソーシアムを企業側はつくれるのか。何社集まるのか。そのためには何にフォーカスすべきか、我々が資すべき基礎研究は何か、これはサステナビリティでいいのか。その辺の議論をしていくのが良いのでは。

CRDS：ありがとうございます。中心に置くべき、解明すべき問題について、もしコメントがあったらお願いしたい。

C：さきほど話題に上がったが、微生物資材として使うなら、どの農地でも効くことが大事だという話だった。しかし、例えば関東黒ボク土と関西の花崗岩質土で、同じ微生物資材が効くのは1種だけではなかなか難しいのではないか。例えばiPS細胞も、4つの遺伝子の組み合わせで誘導されるように、複数を組み合わせれば複合的にうまくいく、いろいろなところへ持っていっても大丈夫、ということもあり得る。機能はそれぞれで効き方が違うが、いろいろなところに効く菌を10種、20種と入れることで効いてくる、ロバストなシステムというのを構築する方向性が1つあり得る。そして、それを突き詰めていくと、経済的な問題にもなるが、リスク分散にもなる。モノカルチャーで1つの品種を育てると、何らかの微生物が優占することになるので、それが3種あった場合でもおそらく足りない。ただ、8とか9になると、劇的にそのポートフォリオが、安定的なマイクロバイオームになりうるのではないか、経済的な原則をもとにした植物のプランテーションができるのではないか。それらを1つのサブの目標として置くと、いろいろな分野につながってくるのではないか。

C：今二人の先生方から、微生物資材に微生物を2種あるいは3種類混ぜてというのはほとんど経済的には成り立たない。現場側の研究者として言っておきたい。幾つか方向性の違う話で、言っておきたいことがある。1個はカビの問題。カビはものすごく大事だが、分類学が遺伝子でできない状態にある。カビの研究者が結束して分類学をやるべきだができていないので、自分を含めた個々の研究者もカビを研究対象にできない。分析は当然やっているが、何とかしないとイケない。ここに来られている方以外の研究者が必要。2つ目は、日本の強み、植物の遺伝学の遺伝育種の材料をうまく使う。その点は民間も含めて、日本には強みがある。そういう視点から共生菌を解明していく。これは大きなアドバンテージになると思っています。3つ目は、環境で得たメタデータをどうするか。現実には畑でどのように土壌の水分とか温度データをとるか。例えば根圏の微生物をとる場合、15反復、処理が5区で3反復で15処理区間。この15処理区に土壌水分と土壌温度、センサーを設置するだけで90万円かかる。多分9万円くらいの安さにならないと、標準化はできない。だから、ここの分野の研究開発に工学系の人に入ってもらって、しっかりやってもらう。コストとか技術とかのハードルを下げないとイケない。そこが全然動いていない。環境データをとるだけで、結構お金がかかるのが非常に痛い。

あともう1個は、バイオインフォマティクス関係のツール。実際に、自分自身が日

常的に使っているのは、全部欧米で開発されたもの。データベースのツールも含めて。この部分をやはり日本発で何とか頑張っていたいただいているなら、当然してほしい。なぜそこがうまくいっていないかという、やはり日本というのは研究コミュニティが小さすぎることに、ファンディングのときにこういう基盤研究するときにオープンソースになっていない。大きなプロジェクトができて、データベース整備、技術開発、機械の開発をするが、特定のグループの中で囲まれている。結局、著名な学術誌などに論文が出るかもしれないが、コミュニティとして全然大きくボトムアップ効果が期待できないというのが、日本の、特に農学系の現状ではないか。そのあたりをぜひ協力いただけるとありがたい。そのためならば、我々の持っている技術やリソースは当然喜んで提供したいと思っている。

- CRDS** : ありがとうございます。私の調べた範囲では、今、モンサントがノボザイムズと組んで、2025年までに1億ヘクタールを目標に微生物資材を使用する、というアドバランを掲げている。その中で、例えば1ヘクタールのところに2種の微生物資材を使えば2ヘクタールとカウントする、という記述がなされている。少なくともモンサントのレベルでは2種の微生物を同時に使うことをやりはじめています。
- C** : 関与する生物が増えていくと不安定になる。前にあった発言のように、これとこれを組み合わせたら安定して働くという実験的なデータがないと。あと当然、コストとベネフィットの関係。2つとか3つに増えると、少なくとも日本の民間企業の体力ではなかなか物になるものはできないというのが現実だと思う。菌根菌に有用共生細菌を仕込んで、それを植物に接種する。そういう安定化させるような条件があればいい。単独でとってきた菌を混ぜて種に接種してうまく効果を出すというのはなかなか難しいだろう。あともう一つ、菌根菌の多様性について。多分アーバスキュラー菌根だけでもすごく大きな世界なので、植物に対する親和性に遺伝的なバリエーションがあるのでは。それを利用するべきなのは。根粒菌についても同様。有用微生物の育種もそうだし、共生育種みたいな、植物側の改変というのも、現場の手前でいつも頓挫しているのでは厳しい。現在、こういうコミュニティ解析とか次世代の技術があるので、圃場からも進めていく。両方向からぶつかってくるのを、追い求める形にしないといけないのではないかな。
- C** : 若干、戦略というより戦術的なところに話が逃げている。最初に倉田先生が言われていたように、企業側からすれば正直言って、やはり共通基盤をきちんとつくってもらうのが大事。やはり学术界に要求するのは思いつきのアプリケーションではなくて、まずきちんとした共通基盤を完全にその1つの分野で国際競争力のある形にしようというのが必須。とは言え税金を使うので、何らかのアクチュアルなシナリオを提示するという必要だと思う。そのターゲットになるのは、まさにコメントにもあったが、少し大きい傘で、サステナビリティなり何なりというのをわかりやすい形で置いておく。この分野で正直言ってすごく厳しいと思うのは、そのターゲットを、グローバルに置くのか、国内農業の振興に置くのかということ。結構そこから先のシナリオが変わってくる可能性は若干ある。研究所や幾つかの大学とも共同研究をやらせてもらっているが、やはり皆さんにメインで期待しているのは共通基盤のところ、タイムリーにサポートしていただく部分。一部の実業志向の先生には、その部分はその

部分で参加してもらい、アピールの後ろ盾には我々のような企業になるような形、そういった玉虫色のバランスという感じにはなるが、まず必須なのは共通基盤と戦略的なターゲットの設定だ。

- C : 戦略的なターゲットの話だが、国内かグローバルかという話に直接つながると思う。微生物資材を使って、のターゲットは、例えば耐病性、あるいは低肥料ということになる。低肥料に関しては、肥料は安く買えるし、国内、例えばイネだったら、肥料の価格は栽培全体のコストの10%以下。それをさらに下げるとはあまり考えない。そうすると、やはり低肥料とした場合はターゲットは当然、例えば東南アジアなどにシフトせざるを得ないだろう。それは農薬も一緒に、ヨーロッパは規制が厳しいが、国内はまだという状況。直近5年間、10年間という、ターゲットとしてはもう少しグローバルな、あるいは農薬を使えないような貧しい国をターゲットにして、その囲い込みになってしまうかもしれないが、そういうことまで考えていけない。その辺はどこに軸足を置くかというのは、我々基礎研究をやっている側から言うと、やはりグローバルな軸足を置いたほうが説明はしやすい。実際にそれを出口につなげるのはすごく大変なことで、自分自身も昔、大学にいたころはずっと東南アジアとやっていたが、先生方もご苦労をご存じだと思うが、10年間、20年間の話ではない。それは出口につなげるのはすごく長い、それも込みでやっていけないだろう。

- CRDS : ありがとうございます。最後にもう1つお題を提供したい。ちょうど戦略的なターゲットが必要、とのコメントがあった。まず基盤があって、その上に戦略的なターゲットが必要なのではないか。例えばシンボリックな研究事例として、どういうものが期待できるかというのをまず考えてしまうというのが1つの作戦かもしれない。ワークショップ直前に、シンボリックな研究事例およびスター的な研究者について、考えてほしいとの依頼をさせてもらった。今回このワークショップに来ていただいた先生方は、私としてはどの方もスター的な研究者になれるのではないかと思いつつ、ご参加いただいた。例えば、ヒトのマイクロバイーム研究で言うと、理研から慶応大学に移られた本田賢也先生が発見された17種類の菌株集団。これがVedanta社として知財化されて、これがJanssen社に買われた。こういった巨大なシーズにつながったとか、あとは、日本の研究者が関係したアリアケ菌の話ですとか、こういったおそらく、基盤を整備して研究を推進していけば、これ級のお話が出るのではないかといいところを、もし思いつく方があれば、お話いただきたい。

例えば、この研究基盤ができたとしたらこの研究はかなりいけるんじゃないかというようなものが、もし想定できるとすればお願いしたい。

- C : 光で共生反応を見る研究者が佐賀大にいる。植物学も微生物学も両方扱っている。野外環境だけでなく、特に植物工場や施設園芸など、ある程度、光環境、光だけでなく色の環境、資材の光や色の反応など、いろいろなことがわかってきた。病虫害との関係性も含めて。それらと絡めて研究すると非常にいい。ほとんどフロンティアの分野。特に微生物側は、昔イネの共生細菌、を20とか30種解析したところ、ひとつわかってきたのが、光受容系、受容体の遺伝子が特徴的に出てきた。最近、ゲノムシーケンスや土壌のメタゲノム解析を本格的にやると、非常に驚くべきことは、土壌中の微生物が結構光受容体を持っていること。特に植物病原菌や、共生菌。この分野はほと

んどフロンティアなので、この分野の研究者の中心人物を入れて研究を推進すれば良いのではないか。

CRDS：光あるいは光質による物理的な制御、あるいは介入法、そのメカニズムの解明ということ。

C：根本的に一番問題なのは土壌中の病原菌。それがとにかく桁が違う額です。線虫においても。とにかく農薬がほとんど効かない。分解してしまう。だから、やはり土壌内の病原体に対する保護機能のカクテルが重要なターゲットとなる。あるいはそういったものを、核になる微生物を単離してから、その後どうやってやればカクテルとして分離できるかとか、そういった戦略的な方法で土壌内の病原体をコントロールすることがやはり金額的には一番大きいし、インパクトも非常に大きい。

CRDS：ありがとうございます。まさにこの微生物カクテルの土壌版、種子にコーティングする版といったイメージで良いか。

C：その通り。いろいろな形態があると思うが、問題として非常に大きいのと、もう農薬の規制が厳しくなってくるという背景もある。実際にバナナやゴムノキが壊滅的な病害の脅威にさらされているとか、いろいろな問題がある。現在、東南アジア周辺での人の動きが大きくなると、おそらく止められない。もう、今そこにある危機、と言って良いと思う。

C：先ほどの微生物資材の問題も関係するが、やはり問題は、非常にオープンな環境のなか、つまりフィールドの中で、特定の微生物が、どのような相互作用をするか、あるいは、物理的な環境条件の変化に伴ってどのように変化するか、というような知見が圧倒的に不足している。今はただ、実験室でやれば効くからやろう、効かなかったらやめよう、で済んでいるが、もう少しこのワークショップをベースにして、そういう微生物がどのように自然界の中で変化していくかというような基本原理が押さえられたら、資材の利用についてもかなり有効になってくると思う。その点で話題に出た、基盤ということに関連して述べる。例えば植物科学が進んだのは、シロイヌナズナを使って徹底的に研究したから進んだと理解している。なので、今回もしフィールドを対象にするなら、例えば日本全国で気候の異なるところで、同じような実験区をつくって、それを5年間フォローしよう。そして全体的な、メタデータをその中で集めながら1つの微生物の変化のメタデータというか、オミックスでも何でもいい。それをつくれば基盤になるのではないか。

先ほど話題に出た、ティルマンという、生態学の分野で非常にすぐれた学者がいるが、彼は種の多様性の異なる処理区のプロットを多数つくって、十何年継続して研究している。3年では結果が出なかったものの、10年でようやく驚くほどの結果が出た。このように時間がかかるので、今回のワークショップをベースにして目的を絞り、土壌なら土壌で良いが、そこでいろいろな処理を加える。それを全国何カ所かつくって、あるいは海外でも良いが、そこで共通のプラットフォームの中で植物のシロイヌナズナと同じように徹底的に情報を集めていくと、何か5年後にはわかるのではないか。

C：生態をモニタリングするという観点で、別のアプローチを紹介する。今、理研の中で、神戸の計算機構のチームが、衛星のデータを高解像度化していき1本1本の世界の植生がわかるような形にしよう、将来の植生を予測するようなプロジェクトが動い

ている。ミクロというか、メゾスケールの研究と、そういう衛星から鳥瞰するようなマクロな研究とが組み合わせられるような時代がそろそろ来そう。オープンなフィールドのメタデータというのは、多分ここからとれるのではないかと思う。

C : 先ほど、サステナビリティをターゲットとする想定での話があったがそれに関連して。私はやはり、窒素が作物の生育制限性因子の最重要なものなので、それをどういうふうに微生物が供給して、作物がどう利用しているのかというのが大事だと考える。根粒菌に関してはかなりはっきりわかっているが、ほかの微生物に関しては、まだ全然わからない部分がある。例えば水稻根圏で微生物が窒素を固定したとして、それを水稻はどうやって利用しているのか。トランスポーターなどを発現させるのか。多分植物側のいろいろな相互作用について、まだ全然わからない。例えばサトウキビなどでも、微生物による窒素固定がかなり行われているらしい。サトウキビの窒素利用のうち、40~50%ぐらいは、空気中の窒素固定から来ているそうだ。そのぐらいの窒素を植物体が吸収するためには、やはり根粒のような器官が必要ではないかと思うが、そういうものは今のところ見つかっていない。何か今まで我々が実際に見ている以外の機構がやはり植物-微生物間にあるのではないか。見えない部分で。そういうのをやはり1つターゲットにしていくべきではないのか。微生物はかなり絞られてきているが。

C : 基礎と応用とフィールドという3つ観点がある。全部1人でやっておられて、全部に通じられている先生もいらっしゃるが、自分は基礎、農芸化学の人間で、ケミカルを明らかにする。今日の発表のどこかで出た年表で、顕著な発見として下線が引かれていたものがたくさん入っていた年代は、グラントのサポートが植物科学に対して非常に厚かった時代。CRESTやいろいろな振興調整費があった。だから、基礎にしても、実用にしても、応用にしても、我々現場の人間が動こうと思ったら、やはりグラントのサポートがないと動けない、というのは強く言っておきたい。科研費はスケールが小さすぎて足りない。だから、JSTなどが、基盤づくりでも、研究開発でも、次世代の研究者やポスドク育成でも、継続的な大きなサポートをしてもらって、継続的に研究を続けていけるものをつくってほしい。JSTのACCELで川口先生が中心になり、菌根菌の成果を社会に還元せよというミッションのもと研究開発を行っている。いかんせん基礎データが足りない。土壤中にどういう菌根菌がいて、ということからしてわからないのに、社会実装せよと言われている。ポット試験もしないで、いきなりフィールド試験をしろ、海外でもやろう、何もわかっていないところで海外に出て社会実装を目指す、となっている。いきなり大きなグラントがぼんと来て、皆てんでこ舞いで、そういう中でポスドクを雇って、成果も出ないし、彼らの将来はどうなるんだ、大変なんだろう、といった話がしばしば出る。だから、とにかく基礎研究が中断しないように、今出てきた問題を、継続的に研究者が研究できるバックアップ体制をつくっていただきたい。それを吸収する基盤みたいなものを、データベースでもいいですし、まず充実させる。植物のまわりに何がいて、何が起こっているのかということ、研究者の我々はやるので、それを企業さんが使えるかどうか見てもらうというのがいいと思う。現場で何が起こっているのかというのは今日、かなり勉強できた。この先どう研究を展開していくか、日本はいかんせん個々の所帯が小さい。そういう

小さいところでも継続的に動けるようなサポートをとにかくやっていただきたい。組めるところは組んで、Natureなどのトップジャーナルに論文を出せるのであれば出せば良い。なかなか理研ほど各大学は整った体制がないので、だから、そういう中で個々で頑張っている。いかに限られた日本の研究費を継続的にバックアップしていくのか、というのを考えて欲しい。それが小さな大学にいる現場の人間の実感です。

CRDS：ありがとうございます。最後に閉会のご挨拶を特任フェローの篠崎先生からいただきたい。

CRDS：今日は活発なご討論ありがとうございました。いろいろ問題点、および注力すべき点というのは浮き彫りになってきたかと思う。やはり基盤、基礎的なモデル実験系、フィールドでのデータサイエンス、それらが有機的につながる方策をCRESTなどの形で実現できればすごくおもしろい。倉田先生のプレゼンにあったようなホログenom解析は、1つの手法、それらの相関関係をきちんと調べるのは、あるコントロールされた環境でのモデル実験がやはり避けられないだろう。それが本当にフィールドに行くかというのはまた別な問題。フィールドをちゃんと計測して、その中にある微生物も含めてホログenomを解析して、それをデータ化する。そういう相互作用をちゃんととれる体制をつくらないといけな。ヒトの方は、ヒトゲノム解析、それから、ヒトのマイクロブ解析、病気、一体となって進んでいる。この場合にはやはり病気を治す、あるいは、どう理解するか、という前提があるわ。今回の場合にはやはり作物の収量を上げる、窒素肥料を少なくしても収量を維持するとか、病気は確かに重要。窒素と土壤細菌の研究はそこに多分かなりフォーカスされるだろう。出口はやはり収量、それから、サステナブルな育成技術、それから、耐病性。問題が山積しているので、それを解決できるためのケアがあるか、がポイント今後のまとめ方だが、やはり基盤技術、例えばデータも入れた技術。これはヒトマイクロバイオームの解析技術がそのまま使えるだろう。それをどうやって土壤に持ち込むか。もう1つは環境。ヒトの場合、腸内環境はある程度一定だが、栽培環境は全く違う。やはりフィールドをある程度設定しなければいけない。そのための、これを解析するためのモデルの実験系、モデルの環境をつくるような技術も必要だろう。その辺が研究所で進めるべきところ、個別の研究者が、やはり大学の先生方がきちんとわかった研究で参加してもらおう。そういったグループ研究ができれば、この分野も非常に進むのではないか。

日本はこの分野は非常に強い、今日、オールキャストが集まっているわけなので、この中で意見交換をして、ぜひ今日、傍聴されている各省庁の担当の方でもうちょっと聞きたいということをこちらで聞いてもらって、実際にそれを予算化できるということを考えていただければと思う。

今日は非常に充実した議論だった。やはりヒトのマイクロブと土壤のマイクロブの違いを意識して、方法論も含めて考える。今後ともいろいろご意見お願いしたい。ありがとうございました。

第4章 まとめ

本ワークショップを通じ、植物を宿主とする微生物叢に関する研究開発の動向および社会的動向について、情報が参加者間で共有された。わが国のこれまでの実績と強み、最新の技術動向（微生物の把握と分離培養に関する近年のブレイクスルー、システムバイオロジー的なアプローチ）、先導的な研究開発例をふまえ、JST-CRDSが当初設定した仮説の大まかな方向性については、妥当であると検証された。そして当該研究開発領域の今後のあるべき姿について、多くの示唆が得られた。以下にその概要をまとめる。

ワークショップ開催時点では、以下の3つの研究開発の柱が必要という仮説を設定していた。

- ① 微生物叢の把握、分離、培養
- ② 植物—微生物叢相互作用因子道程と機能解析
- ③ システムバイオロジーによる評価と再設計

これら3つの柱のうち「③」については、実際のフィールドにより近い環境下での計測データに基づく解析が重要と考えられた。そのため、「実圃場での計測に基づく評価と再設計」とし、より実践的なシステムバイオロジーの推進を柱とすることが妥当と考えられた。循環的な研究開発を連携して行うことは、基礎科学の発展の源泉としてデータを再度活用すること、さらに、現場でより普及しやすい形態に技術を落とし込むためには必須である。すなわち、先導的な研究で現状欠ける柱を補い、研究開発の循環の輪を完成させて開発を加速するべく第4の柱として

- ④ 農業資材開発、作物生産・利活用への応用

を立てるに至った。これにより、先導的な研究例をより強力で牽引し、より現場の状況やニーズにきめ細かくかつ迅速に対応可能な、経済性、奏効性、合理性をもった農業技術が創出され、社会実装されることを期待する。

これら研究開発の推進方法としては、主な項目としては、産官学が参加可能な情報共有/研究開発プラットフォーム構築、基盤情報収集、微生物系統維持、解析体制の構築、収集する情報の標準化および既存データ活用法の導出、人材確保と育成、知財戦略、などの重要性が考えられた。

当該研究開発領域を推進することにより、植物—微生物叢の新たな概念に基づく農作物生産技術および物質生産技術が創出されると期待されるほか、森林・水圏・土壌などの環境修復法への展開・波及効果も見込まれる。

付録 ワークショッププログラム など

科学技術未来戦略ワークショップ

「植物と微生物叢の相互作用の研究開発戦略 ー理解・制御・応用に向けてー」

場所：科学技術振興機構 東京本部別館（五番町）

日時：平成 28 年 12 月 4 日（日） 14：00～18：30

プログラム：

1. 趣旨説明等

開会挨拶：永井 良三 上席フェロー（JST-CRDS）

篠崎 一雄 特任フェロー（JST-CRDS）

大西 康夫 特任フェロー（JST-CRDS）

趣旨説明：齊藤 知恵子 フェロー（JST-CRDS）

セッション 1 「植物-微生物叢の相互作用 ーこれまでの実績と強み-」

「菌根菌と植物の相互作用因子から：

新規植物ホルモン、共生寄生制御剤シーズとしてのストリゴラクトン」

秋山 康紀氏（大阪府立大学 生命環境科学研究科）

「植物-微生物共生成立機構の理解：応用に向けた展望」

林 誠氏（理化学研究所 環境資源科学研究センター）

セッション 2 「微生物叢の把握と分離培養 ー近年のブレイクスルー-」

「植物を取り巻く微生物叢から中核菌候補を抽出する」

東樹 宏和氏（京都大学 人間・環境学研究科）

「植物共生微生物分析法の開発とその応用に向けて」

池田 成志氏（農業・食品産業技術総合研究機構 北海道農業研究センター）

セッション 3 「システムバイオロジー ー個の改変から全体の制御へ-」

「データサイエンスによる土壌エコシステム反応場の評価」

菊地 淳氏（理化学研究所 環境資源科学研究センター）

セッション 4 「現場からのシーズ、現場への介入の最前線」

「広い宿主範囲と安定した効果 *Bacillus* バイオ肥料：開発の現状と展望」

横山 正氏（東京農工大学）

「奇跡のリンゴのマイクロバイオーム研究から見えてきたこと」

杉山 修一氏（弘前大学 農学生命科学部）

総合討論

討論 I 「現在の課題、今後の期待 ー企業の視点から-」

（イントロ：齊藤 知恵子フェロー）

指定コメント 加来 久敏氏（サカタのタネ）

「現在の課題、今後の期待 ～企業の視点から～」

指定コメント 森田 浩一氏（ブリヂストン）

「ゴム・タイヤ業界からの期待」

指定コメント 南澤 究氏（東北大学大学院）

「植物圏微生物叢の機能解明の意義：潜在的な企業ニーズ」

コメンテーター：用貝 広幸氏（住友化学）

安井 強氏（出光興産）

討論 II 「今後あるべき研究基盤と体制 ー共通基盤と出口への橋渡しー」

指定コメント 川口 正代司氏（基礎生物学研究所）

「基礎から応用への橋渡しに必要な研究基盤・体制

ーACCEL 事業の経験からー」

指定コメント 白須 賢氏（理化学研究所 環境資源科学研究センター）

「理研における今後の共生研究」

指定コメント 倉田 のり氏（農研機構）

「学会会議からの研究提案、および農研機構での取り組み」

指定コメント 黒川 顕氏（国立遺伝学研究所）

「情報基盤整備の重要性 ーオープンデータで世界の標準化を目指せー」

総括と閉会挨拶 篠崎 一雄特任フェロー（JST-CRDS）



謝 辞

本ワークショップ報告書作成にあたり、有識者の先生方に貴重なご意見並びに最新の研究動向などの情報提供を賜り、また原稿の確認などにもご協力をいただきました。心より感謝申し上げます。

■作成メンバー■

永井 良三 上席フェロー (ライフサイエンス・臨床医学ユニット)
齊藤 知恵子 フェロー (ライフサイエンス・臨床医学ユニット)
辻 真博 フェロー (ライフサイエンス・臨床医学ユニット)
矢倉 信之 フェロー (ライフサイエンス・臨床医学ユニット) (~H29.3)
西野 恒代 フェロー (ライフサイエンス・臨床医学ユニット) (~H29.3)
松本 麻奈美 フェロー (環境・エネルギーユニット)
箕口 滋 副調査役 (RISTEX)
和田 久司 調査員 (研究プロジェクト推進部)
特任フェロー：
篠崎 一雄 特任フェロー (ライフサイエンス・臨床医学ユニット)
センター長 (理化学研究所環境資源科学研究センター)
大西 康夫 特任フェロー
教授 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

※お問い合わせ等は下記ユニットまでお願いします。

CRDS-FY2017-WR-06

科学技術未来戦略ワークショップ報告書

植物と微生物叢の相互作用の研究開発戦略 —理解・制御・応用に向けて—

平成 29 年 12 月 December 2017

ISBN 978-4-88890-574-9

国立研究開発法人 科学技術振興機構 研究開発戦略センター
ライフサイエンス・臨床医学ユニット
Life Science and Clinical Research Unit,
Center for Research and Development Strategy
Japan Science and Technology Agency

〒102-0076 東京都千代田区五番町 7 番地

電 話 03-5214-7481

ファックス 03-5214-7385

<http://www.jst.go.jp/crds/>

©2017 JST/CRDS

許可無く複写／複製することを禁じます。

引用を行う際は、必ず出典を記述願います。

No part of this publication may be reproduced, copied, transmitted or translated without written permission. Application should be sent to crds@jst.go.jp. Any quotations must be appropriately acknowledged.

