

(報道発表資料)

2025.2.4

日本電信電話株式会社
学校法人明治大学

世界初、土壌中における微生物の長期生存をコントロール ～土壌中からの温室効果ガス排出削減に資する基盤技術を確立～

発表のポイント:

- ◆ 環境への負荷低減に資する、土壌中における微生物の長期生存をコントロールする基盤技術を確立しました。
- ◆ 生存性をコントロールする方法として、単一の細菌(大腸菌)における全転写因子*1を対象とし、土壌中での細菌の長期生存に必要な遺伝子を包括的に特定しました。
- ◆ 本技術を基盤とし、土壌中の微生物の生存性を改変することで、土壌中から排出される温室効果ガスの削減や、物質循環の最適化による化学肥料の使用量削減など、環境への負荷低減に資する技術への活用が期待されます。

1. 概要

日本電信電話株式会社(本社:東京都千代田区、代表取締役社長:島田 明、以下「NTT」)と明治大学(本社:東京都千代田区、学長:上野 正雄)農学部の島田 友裕准教授の共同研究グループは、土壌中における微生物の生存性を決定付ける遺伝子の特定を目的に、大腸菌*2をモデル微生物として用いて、世界で初めて土壌中における長期生存性に寄与する複数の遺伝子を特定することに成功しました。この成果は、土壌中から排出される温室効果ガスの削減や、土壌中の物質循環を最適化することで化学肥料の使用を減少させるなど、環境への負荷を低減する基盤技術として期待されます。

本成果は、2025年2月4日に英科学誌 *Scientific Reports* に掲載されました。

2. 背景

気候変動に関する政府間パネル(IPCC)第6次評価報告書(2021年)*3によると、「人間の影響が大気、海洋および陸域を温暖化させてきたことには疑う余地がない」とされており、温暖化対策が急務になっています。温室効果ガスの一つとして考えられている二酸化炭素(CO₂)の排出は、土壌を含む陸地からの排出が人間活動による排出の約12倍高いことが報告されています(図1)。また、CO₂よりも約290倍*4温室効果がある亜酸化窒素(N₂O)は、化学肥料の過剰な土壌への添加と土壌中の微生物の活動によって生成されます(図2)。さらに、植物に吸収されなかった窒素などの栄養は、河川などの外環境に流出することで生態系にダメージを与え、環境への負荷となります。したがって、土壌中における微生物の活動を適切にコントロールし、環境負荷を低減する技術が求められています。

これまで、土壌に含まれる微生物の活動をコントロールする主な方法は、土壌の硬さ、保水性、

通気性といった物理的な性質や、土壌の pH や養分の種類・量などの化学的な性質を変化させることによって行われてきました。しかし、これらの方法では、土壌中に多様に存在する微生物叢全体の量を変化させることはできても、任意の微生物種毎に量を増減させることができないという課題がありました。例えば、 N_2O を変換する微生物を増加させようとしても、その特定の微生物種のみを増加させることができず、陸地からの温室効果ガスの排出量をより効果的に低減させることが困難でした。

そこで、土壌中で微生物の生存性を決定する遺伝子を特定し、特定の微生物種の生存性を個別にコントロールできる技術の開発が求められるようになりました。この考えのもと、NTT と明治大学は、大腸菌をモデル微生物として用い、その遺伝子を特定する共同研究を進めてきました。

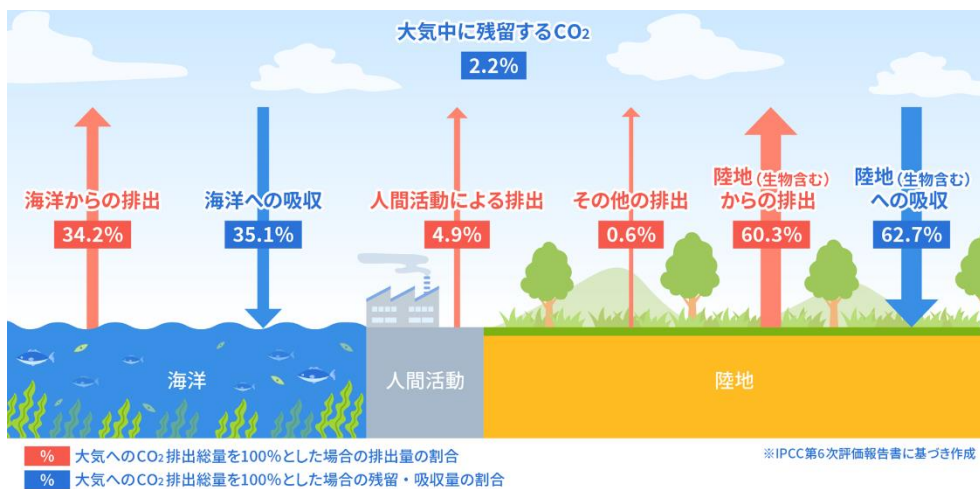


図 1. 地球上における二酸化炭素循環

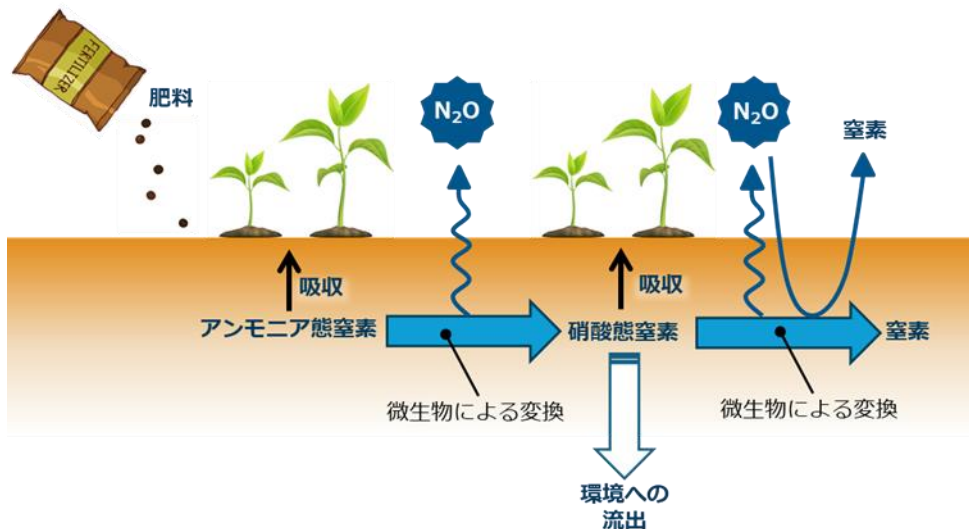


図 2. 土壌中の微生物による窒素化合物の変換の概要

土壌中の微生物により、アンモニア態窒素から硝酸態窒素、硝酸態窒素から窒素、亜酸化窒素 (N_2O) から窒素への変換が行われる。

3. 技術のポイントと実験概要

① 土壌中における大腸菌の生存性を測定する手法

土壌中において、微生物の長期的な生存性に関わる遺伝子の情報はほとんどありません。そこで、遺伝子の解析が最も進んでおり、各遺伝子の機能に関する知見が蓄積されているモデル微生物である大腸菌を用いました。

まず、大腸菌を用いた土壌中での長期生存性を評価するための測定手法の確立を行いました。大腸菌の細胞約 2,000 万個を 1g の土と混合し、25°C、湿度 60% に保つ恒温恒湿器に設置しました。土壌中の生存細胞数を測定する一般的な方法は、PCR 法^{*5} を用いてゲノム DNA の量を定量化することです。しかし、この方法では生きている細胞と死んでいる細胞を区別できません。そのため、本研究では、寒天プレート^{*6} 上で生きている細胞が形成するコロニー^{*7} を数えることで、真に生存している細胞数を恒温恒湿器に設置後、0 日、3 日、7 日、21 日、および 42 日に測定しました(図 3A)。

その結果、0 日目の生存を 100% とすると、7.4%(3 日目)、4.3%(7 日目)、1.1%(21 日目)、および 0.27%(42 日目)であることが分かりました(図 3B)。

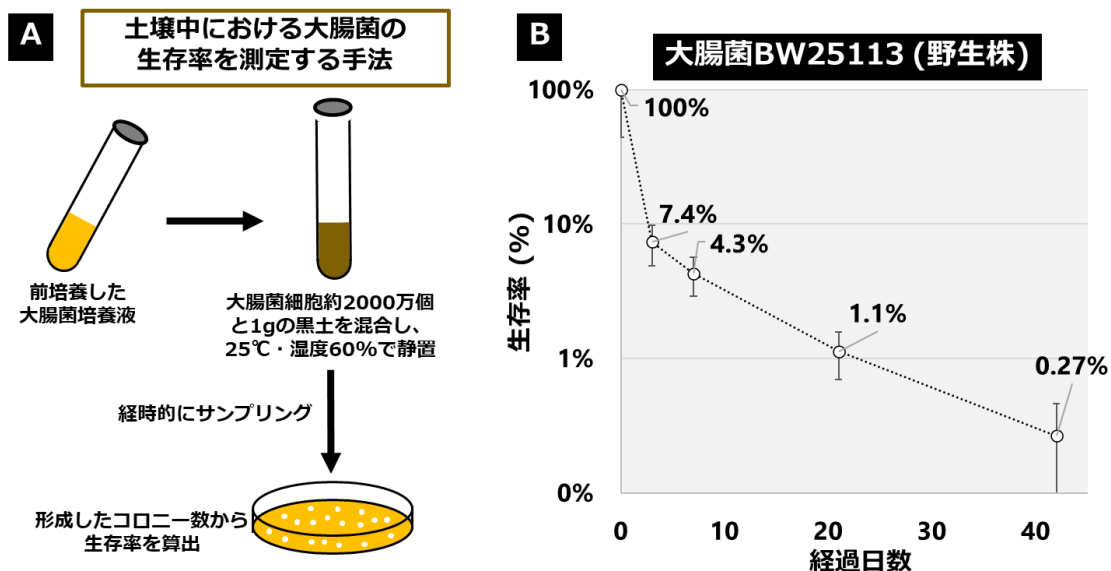


図 3. 土壌中における大腸菌の生存率を測定する実験系(A)と、土壌中における大腸菌野生株の生存率の遷移(B)

② 土壌中の微生物の生存性に関与する新規遺伝子の特定

次に、確立した生存性を測定する手法を用い、大腸菌における土壌中の生存性に関わる遺伝子の特定を試みました。この特定において、大腸菌が有する全約 300 個の転写因子に着目しました。ゲノム上にある遺伝子の発現^{*8} は、これら転写因子によって調節されるため、ゲノム上にある全ての遺伝子(大腸菌の場合約 4,400 個)を解析することなく目的を達成できると考えました。また、転写因子は環境変化に応じて働き、役割に応じて複数の遺伝子を制御するネットワークを形成しています。そのため、土壌中の長期生存のために微生物が感知するシグナル因子^{*9} を解明するため、また、長期生存するための遺伝子機能を網羅的に明らかにするためにも有効な手段と考えました。

各転写因子と土壌中の生存性の関係は、各転写因子遺伝子が欠損している大腸菌を用いて調査しました。これらの生存性を野生株と比較することで、欠損した株で生存性が向上すればその転

写因子は生存性に対して負に、逆に生存性が低下すれば正に機能していると言えます。全 294 個の欠損株を解析した結果、転写因子を欠損させることで生存性が向上した株を 4 株、逆に低下した株を 10 株特定することに成功しました。このうち RpoS については、以前の研究において、土壌中の長期生存性に影響を与える転写制御因子として唯一同定されていました。つまり、その他の 13 個の遺伝子については、土壌中での長期生存性に関与することが初めて明らかになりました。

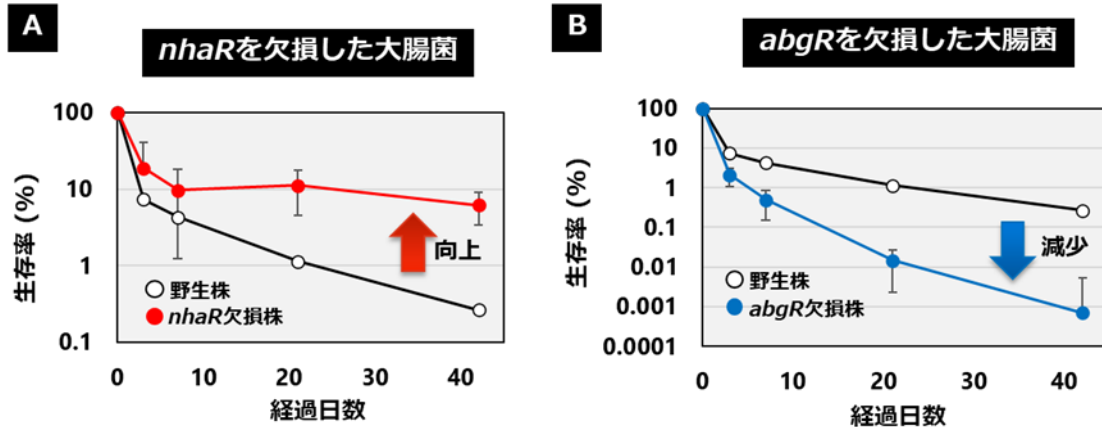


図 4. 大腸菌の土壌中生存率に大きな影響を与えた転写因子の実験結果例。
(A) 欠損させることで生存率が向上、(B) 欠損させることで生存率が低下。

③ 特定した遺伝子の微生物における機能

先に記述した通り、大腸菌はモデル微生物として、各遺伝子の機能に関する知見が蓄積されています。それらの先行研究の情報を元に、本研究で特定した転写因子の微生物における機能をまとめました。赤字は欠損させることで生存性が向上した転写因子を示し、青字は低下した転写因子を示しています。これらの転写因子は、定常期^{*10} ストレス^{*11} (緑)、窒素源代謝^{*12} (黄)、炭素源代謝^{*13} (橙)、および浸透圧^{*14} ストレス (青)に関わるものが含まれていました。これらのことから、微生物は土壌中で長期生存するために、定常期や浸透圧のストレス適応、さらに炭素源や窒素源の代謝に関わる遺伝子群を利用していることが分かりました。また、本研究の解析から、これらの転写因子は微生物種間における保存性が高く、微生物にとって普遍的な機能であることも合わせて分かりました。以上のように、これまでの実験室での液体培地を用いた短期的な解析では明らかにならなかった、土壌中での長期生存に関わる転写因子の特定とその機能を、本研究において初めて解明したと言えます。

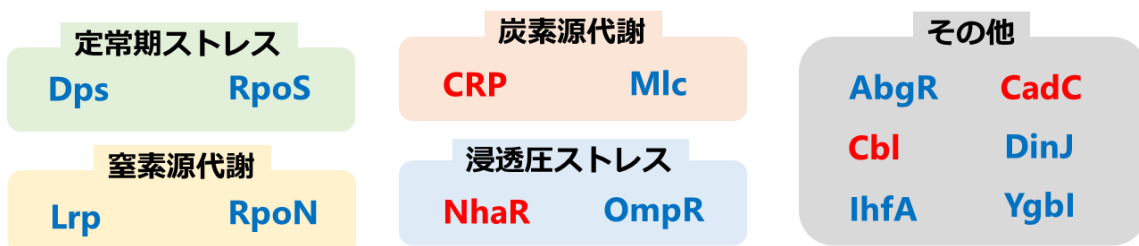


図 5. 特定した遺伝子の微生物における機能分類

4. 各社の役割

NTT:藻類など、光合成を行う微生物における遺伝子の調節機構を明らかにする知見とその利用法を活用し、研究立案や大腸菌の遺伝子の機能解析を明らかにしました。

明治大学:大腸菌の転写制御機構および転写制御因子に関する知見を活用し、土壌中における大腸菌の生存性を測定する実験系を確立しました。それに基づいて、土壌中の大腸菌の生存性試験を実施し、土壌中の微生物の生存性に関与する新規遺伝子を特定しました。

5. 今後の展開

本研究は、単一の細菌(大腸菌)における全転写因子を対象とし、土壌中での細菌の長期生存に必要な遺伝子を包括的に特定した初めての研究です。特定した遺伝子は転写因子であるため、これらの転写因子が調節する遺伝子をさらに解析することで、土壌中での長期生存に関わる分子機構をより詳細に解明することができます。また、転写因子は栄養などの環境シグナルを受けて機能が変化することが知られているため、そのシグナルを特定して利用することで、遺伝子の発現を介した生存性のコントロールが可能になります。これらの課題をモデル生物である大腸菌にとどまらず、土壌中の物質循環を担う微生物にも適用することで、温室効果ガスの削減、過剰な窒素源の環境への流出量削減や、化学肥料の使用量減少を通じた環境負荷の低減が期待されます。例えば、硝酸から窒素、 N_2O から窒素へ変換する微生物の土壌中の生存性を高めることで、 N_2O 排出量の減少や過剰な窒素源の環境への流出量の減少が実現可能になると考えられます(図6)。土壌中の物質循環は、多様な微生物の機能で成り立っているため、本基盤技術を適用する際には、土壌中の生物多様性を適切に維持することが重要となります。そのため、土壌中の循環系を評価しながら、研究開発を進めていきます。

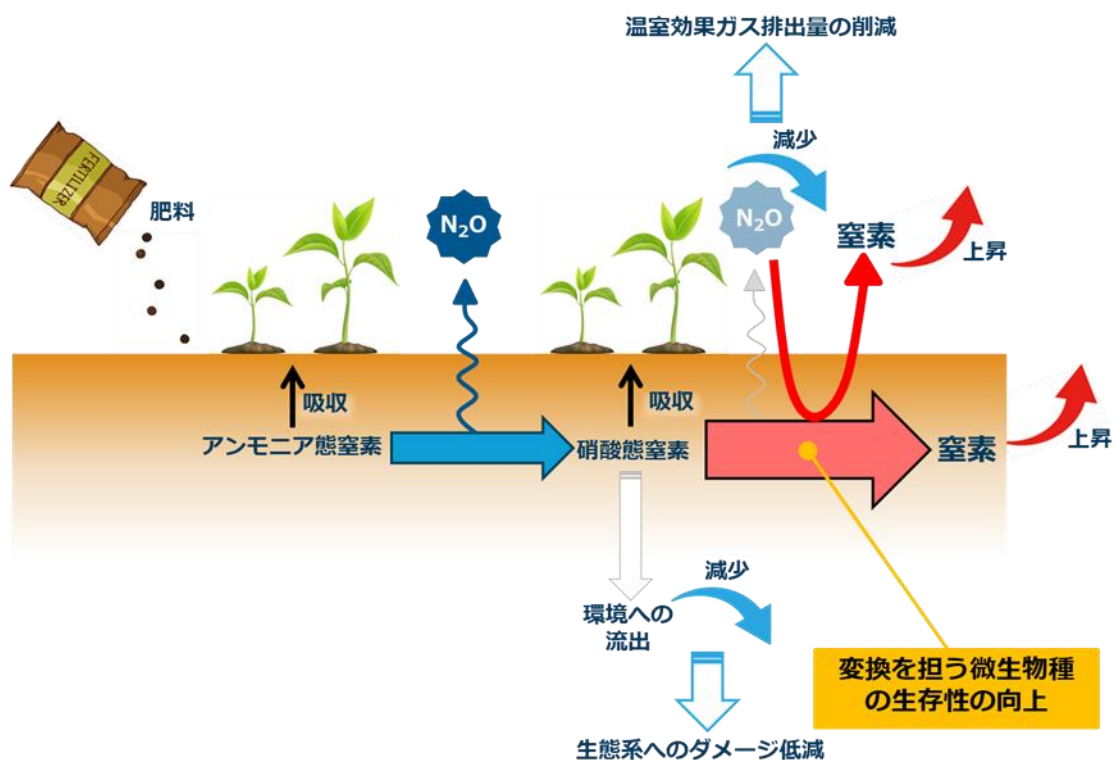


図 6. 本基盤技術を活用した今後の展開の一例

【発表者・研究者等情報】

明治大学 農学部農芸化学科
島田 友裕 准教授

NTT

宇宙環境エネルギー研究所
今村 壮輔 上席特別研究員

【用語解説】

- *1 転写因子: DNA に特異的に結合するタンパク質で、特定の遺伝子の転写(DNA から RNA に変換されるステップ)を促進、あるいは抑制することで調節します。
- *2 大腸菌: 腸内細菌の一種で、環境中に存在する細菌の主要な種の一つです。ヒトの場合は大腸に生息します。
- *3 <https://www.env.go.jp/earth/ipcc/6th/index.html>
- *4 290 倍: 各ガス 1kg の排出が、その後の一定期間(この場合 100 年間)に地球温暖化に与える効果の累積を二酸化炭素の場合と比較した場合(環境省 <https://www.env.go.jp/policy/hakusyo/h03/7824.html> より抜粋)。
- *5 PCR 法: PCR は Polymerase Chain Reaction(ポリメラーゼ連鎖反応)の略で、特定の DNA 断片を効率的に増幅する技術です。
- *6 寒天プレート: 寒天を用いて固めた培地で、微生物の培養や観察に利用されます。
- *7 コロニー: 寒天プレート上で単一の細胞から増殖して形成された微生物の集まりです。大腸菌の場合、寒天プレート上に数ミリ程度の円形のコロニーを形成します。
- *8 遺伝子の発現: DNA の情報が転写(DNA から RNA に変換されるステップ)や翻訳(RNA を元にタンパク質が合成されるステップ)を通じて機能的なタンパク質に変換される過程をさします。
- *9 シグナル因子: 細胞間や細胞内の情報伝達を担う分子で、遺伝子の発現などを調節します。
- *10 定常期: 細胞培養や微生物の増殖において、細胞数の増加がほぼ止まり、成長が一定の状態安定する時期をさします。
- *11 ストレス: ここでは、生育環境に適した環境から逸脱した際に細胞にかかる負荷のことをさします。例えば、定常期ストレスの場合、細胞が増殖している状態ではかからない負荷が、定常期に特異的にかかることを意味します。
- *12 窒素源代謝: 生物が環境から窒素源(アンモニア、硝酸塩、アミノ酸など)を取り込み、それを利用して体内で必要とされる窒素含有分子(タンパク質、核酸など)に変換する一連の代謝過程をさします。
- *13 炭素源代謝: 生物が環境から炭素源(炭水化物、脂肪、タンパク質など)を取り込み、それを利用してエネルギーや生物に必要な有機分子(糖、脂質、アミノ酸など)に変換する一連の代謝過程をさします。
- *14 浸透圧: 水が薄い方の溶液から濃い方の溶液へ移動する力です。これは細胞の周りや内部で水分がどのように動くかに影響し、生き物が適切な水分バランスを保つための仕組みです。

■ 本件に関する報道機関からのお問い合わせ先

日本電信電話株式会社
情報ネットワーク総合研究所 広報担当
[問い合わせフォームへ](#)

学校法人明治大学
経営企画部広報課



TEL: 03-3296-4082 MAIL: koho@mics.meiji.ac.jp

＜取材のお申し込みについて＞

こちらの取材お申し込みフォームから必要事項をご記入のうえ、送信してください。

<https://www.meiji.ac.jp/koho/purpose/media.html>