配布先:文部科学記者会、科学記者会、名古屋教育記者会、北海道教育記者クラブ、山形県政記者クラブ、
鶴岡市記者会

報道の解禁日(日本時間)
(ﾃﾚﾋﾞ,ﾗｼﾞｵ,ｲﾝﾀｰﾈｯﾄ):2026 年 11 月 6 日(金) 19 時
(新 聞):2026 年 11 月 7 日(土) 付朝刊

2026 年 11 月 4 日

報道機関 各位

葉 1 枚から植物の防御応答を数値化する指標を開発
～病害虫防御に関わる薬剤開発や育種への貢献に期待～

【本研究のポイント】

・実験室で多様な防御状態を誘導した植物の全遺伝子発現を体系的に測定し、植物の防御応答状態を定量的に推定するバイオマーカーを開発した。
・野外で自然の植食者群集にさらされた植物 2,381 個体に適用し、各個体上の植食者群集のパターンが、植物の遺伝子レベルの防御応答と関連することを明らかにした。
・植物と外敵の複雑な関係を解明する基盤技術として、病害虫防御に関わる薬剤開発や育種への貢献が期待される。

【研究概要】

名古屋大学生物機能開発利用研究センターの永野 惇 教授／慶應義塾大学先端生命科学研究所 特任教授、北海道大学大学院地球環境科学研究院の佐藤 安弘 助教、慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科の冨田 敦幹 修士課程学生らの研究グループは、植物の防御応答を調節する二つの植物ホルモン、サリチル酸(SA)[注 1)]とジャスモン酸(JA)[注 2)]に着目し、両者の濃度を体系的に変化させた 64 通りの組み合わせでの、全遺伝子発現(トランスクリプトーム[注 3)])を計測しました。このデータから、植物が SA と JA にそれぞれどの程度応答しているかを推定する指標である「トランスクリプトミックバイオマーカー」[注 4)]を開発しました。この指標によって、葉 1 枚から植物の防御応答の状態を数値化できるようになりました。実際に野外で自然の植食者群集にさらされた植物に適用することで、植物の SA・JA 応答状態が、植物個体上で見られる植食者の構成や組み合わせと関連していることを明らかにしました。

本成果は、自然環境下の複雑な植物と虫害の関係を定量的に捉えるための基盤技術となり、病害虫防御に関わる薬剤開発や育種への貢献が期待されます。

本研究成果は、2026 年 11 月 6 日 19 時(日本時間)付国際学術誌『Communications Biology』に掲載されます。

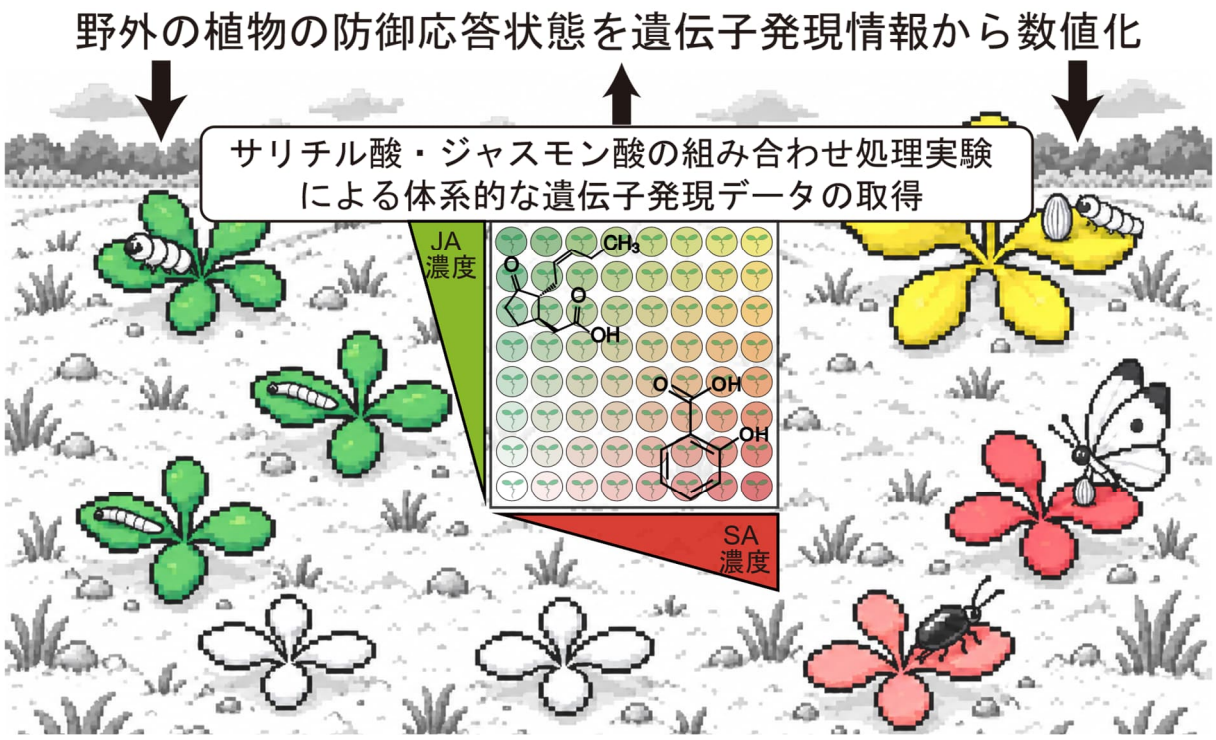


図 1　本研究の概要。実験室でサリチル酸（SA）とジャスモン酸（JA）の濃度を 64 通りに組み合わせ、植物の全遺伝子発現を体系的に測定した。このデータを基に、SA と JA それぞれに対する応答の強さを推定する「トランスクリプトミックバイオマーカー」を開発した。これを野外の植物に適用し、葉 1 枚の遺伝子発現情報から防御応答状態を数値化することで、植物上に見られる植食者の構成や組み合わせとの関連を明らかにした。本画像は生成 AI を利用して作成されています（作成者：冨田敦幹）

【研究背景と内容】

研究背景

植物は、病原菌や昆虫など多様な外敵からの攻撃にさらされると、植物ホルモンであるサリチル酸（SA）やジャスモン酸（JA）を介して防御応答を調節します。実験室内での研究では、SA と JA の応答経路が互いの働きを調節し合う複雑な相互作用が知られてきました。一方、野外では複数の昆虫や病原体が同時に、あるいは次々に植物を攻撃します。そのため、SA 応答と JA 応答はさまざまな強さの組み合わせをとると考えられます。

しかし、ホルモンの濃度の組み合わせに応じて、遺伝子発現がどう変わるかという相互作用の全体像は十分に分かっていませんでした。また、植物ホルモン定量や遺伝子発現は複雑な相互作用の影響を受けるため、SA と JA 応答の強さを個別に、かつ量的に捉えることが困難でした。

そこで本研究グループは、多数の遺伝子の発現をまとめて解析し、その情報を用いて SA 応答・JA 応答状態を個別に指標化しました。加えて、その指標を用いることで、野外環境下の植物が、周囲の昆虫の違いに応じてどのように応答しているのかを解明しました。

研究内容

研究グループは、シロイヌナズナの幼植物を 96 ウェルプレートで栽培し、SA･JA 応答を調べる処理を行いました。処理濃度をそれぞれ 8 段階に変え、計 64 通りの組み合わせで 6 時間処理した後、すべての処理について遺伝子発現を網羅的に測定しました。

全遺伝子のうち、ホルモン処理に応答した 3,001 遺伝子を解析し、濃度の組み合わせに対する発現の変化を可視化しました。その結果、単純な拮抗（きっこう）関係だけでは説明できない多様な応答が明らかになりました（図 2）。特定のパターンの中には、遺伝子の機能や、発現調節に関わる DNA 配列にも共通した特徴を示すものも見られました。これらの解析によって、植物が二つのホルモンの情報を組み合わせて遺伝子の働きを調節する仕組みの手掛かりを得ることができました。

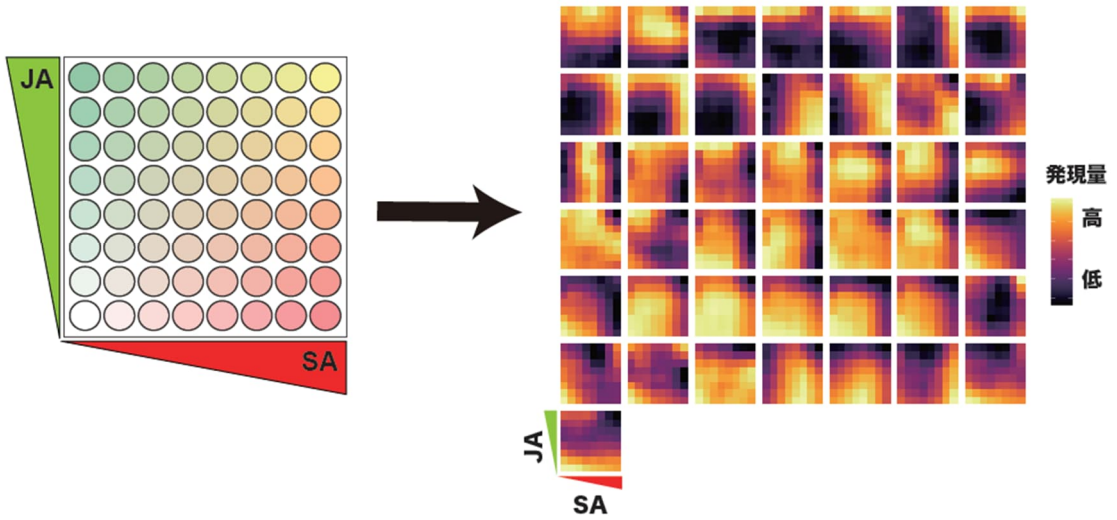


図 2 サリチル酸（SA）とジャスモン酸（JA）の濃度および組み合わせに応じた遺伝子発現応答の例。SA と JA を異なる濃度で組み合わせて処理すると（左）、多様な遺伝子発現パターンが観察された（右）。

次に、LASSO 回帰[注 5)]という機械学習手法を用いて、遺伝子発現データから SA と JA の応答状態の強さをそれぞれ高い精度で数値化する「トランスクリプトミックバイオマーカー」を開発しました。この指標は、両者の応答を区別して捉えることができ、ホルモン処理濃度を基準として植物の防御応答の強さを定量的に評価できるようになりました（図 3）。

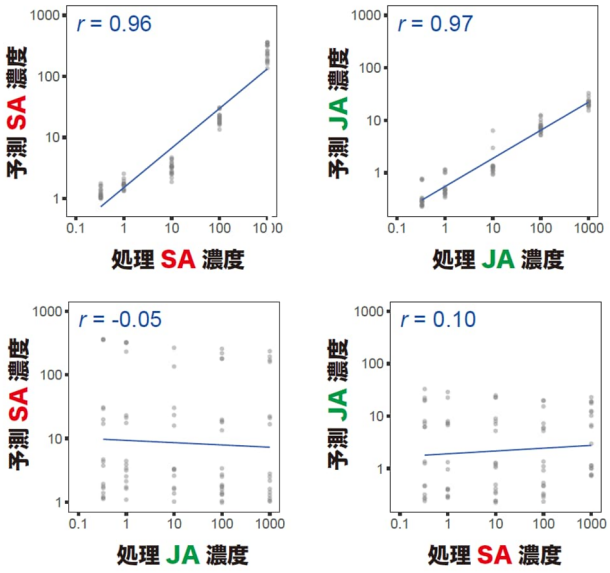


図 3 開発したトランスクリプトミックバイオマーカーによる SA および JA 処理濃度の高い予測性能（上）。SA および JA 予測に対する、もう一方の植物ホルモンの影響は極めて小さいことを示す（下）

野外の昆虫と植物防御応答の関係を探るために、開発したトランスクリプトミックバイオマーカーを、日本とスイスの野外圃場（ほじょう）で行われたシロイヌナズナ 200 系統の栽培実験から得られた全遺伝子発現データに適用しました。さらに、各個体上で観察された昆虫の情報と照らし合わせたところ、野外における SA・JA 応答状態は日本とスイスで異なっており、外敵の種類や数、同じ株で見られる外敵の組み合わせと関連していることが明らかになりました。

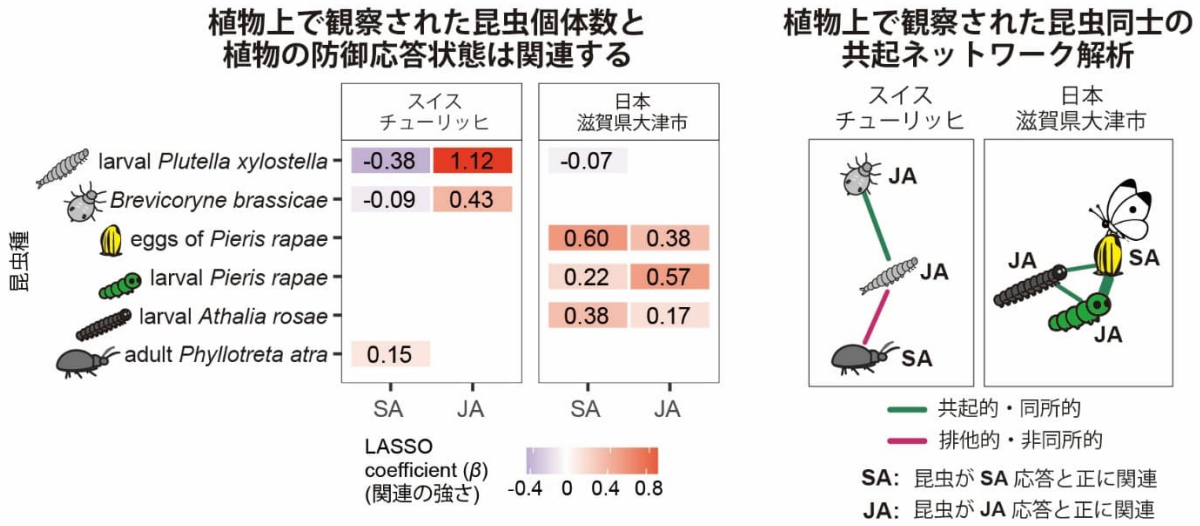


図 4 昆虫群集と植物の防御応答状態との関係は、地点によって異なる。昆虫の観察数と防御応答との関連（左）。赤は昆虫の数が多い植物ほど応答が高く、青は低い傾向を示す。数値は関連の方向と強さを表す LASSO 回帰係数で、空欄は係数が 0 を示す。同じ植物で観察された昆虫の組み合わせ（右）。緑の線はともに多く観察される傾向、赤色の線は一方が多いと他方が少ない傾向を示し、線が太いほど関連が強い。SA・JA の文字は、その昆虫の観察数と正の関連が見られた応答を示す。

【成果の意義】

本研究によって、SA・JA 応答状態が植物上に見られる昆虫の種類や組み合わせによって異なることが明らかになりました。この結果は、植物の防御を、周囲の生物との関係の中で捉える意義を示しています。

これまでの野外の植物を対象としたトランスクリプトーム研究の多くは、気象や生育段階との関係に集中していました。このような野外データに対して、本研究で開発したトランスクリプトミックバイオマーカーを適用することで、これまで主に物理的環境要因との関係から解釈されてきたデータに、植物の防御応答と周囲の生物との関係という新たな視点を加えた統合的な理解に向けた基盤情報となると期待されます。

野外環境下で植物の防御状態を数値化することは、気候変動下での病害虫対策を考える基礎にもなります。国連食糧農業機関（FAO）は、気温の上昇や温暖な冬が、病害虫の生存や分布拡大を後押ししていると指摘しています。 気候変動の影響を捉えるには、植物が気温などに直接応答する過程に加え、周囲の生物の種類や発生状況の変化を通じて防御応答が変わる過程にも目を向ける必要があります。本手法は、自然環境下で植物が生きる仕組みの理解を深めるとともに、変化する気候の下で病害虫対策を考えるための基礎情報の充実につながることが期待されます。

本研究は、科学技術振興機構 戦略的創造研究推進事業 CREST(JPMJCR15O2)、同事業 さきがけ(JPMJPR17Q4)、創発的研究支援事業(JPMJFR210B、JPMJFR233L)、日本学術振興会 科学研究費助成事業(JP20H00423、JP23H00386、JP23K18156、JP23K14270、JP23H04967)の支援を受けて実施されました。

【用語説明】

注 1)サリチル酸(SA):
植物が病原体などに応答する際に重要な役割を果たす植物ホルモン。植物の防御応答を制御する。

注 2)ジャスモン酸(JA):
植食者による食害や傷害などに対する防御応答を制御する代表的な植物ホルモン。

注 3)トランスクリプトーム:
ある細胞や組織で発現している RNA 全体、またはその網羅的な測定データ。

注 4)トランスクリプトミックバイオマーカー:
複数の遺伝子発現パターンを組み合わせ、植物の実効的な生理状態や応答状態を定量的に推定する指標。

注 5)LASSO 回帰:
Least Absolute Shrinkage and Selection Operator の略。多数の候補変数の中から予測に有効な変数を選び出す機械学習手法。本研究では、SA・JA 応答状態の推定に有効な遺伝子群の選択に用いられた。

【論文情報】

雑誌名:Communications Biology
論文タイトル:Transcriptomic biomarkers reveal jasmonic and salicylic acid states under field herbivory in *Arabidopsis thaliana*
著者:Atsuki Tomita（冨田敦幹）, Taro Maeda（前田太郎）, Natsumi Mori-Moriyama（森山(毛利)奈津美）, Yasuyuki Nomura（野村康之）, Yuko Kurita（栗田悠子）, Makoto Kashima（鹿島誠）, Shigeyuki Betsuyaku（別役重之）, Yasuhiro Sato（佐藤安弘)*, **Atsushi J. Nagano（永野惇)***

DOI:10.1038/s42003-026-11263-z