

‘벼 생산량’ 연관 토양 속 ‘핵심 미생물’ 찾았다

- 농촌진흥청, 논 토양의 미생물 유전체 기반 군집 특성 분석
- 벼 생산량 높은 토양, 질소 고정 관련 지오모빌리박터 미생물 풍부
- 국제학술지(Applied Soil Ecology)에 게재…학술적으로 인정받아

농촌진흥청(청장 이승돈)은 토양 미생물 중 벼 생산량과 밀접하게 연관된 핵심 미생물군을 유전체 분석으로 밝혀냈다.

토양 1g에는 수천에서 수만 종의 미생물이 살고 있으나 현재 실험실에서 배양할 수 있는 미생물은 전체의 약 5% 정도다. 대부분의 미생물은 존재는 알려져 있으나 배양이 어려워 어떤 역할을 하는지 밝히기 어려웠다.

연구진은 전국 논 토양 60곳에서 시료를 채취한 후 유전체 기반 기술을 활용해 배양되지 않는 미생물까지 함께 조사했다.

그 결과, 벼 생산량이 높은 토양에서는 지오모빌리박터(*Geomobilibacter*)가 생산량이 낮은 토양보다 상대적으로 풍부했다. 또한, 콘텐도박터(*Contendobacter*)가 벼 생산량과 직접 연결된 미생물 연결망의 핵심 구성원임을 확인했다.

기존 연구에 따르면, 지오모빌리박터는 철 환원과 질소 순환에 관여하며 작물의 질소 고정을 촉진하는 미생물로 알려져 있다. 콘텐도박터는 질소 순환 관련 유전자를 보유한 미생물이다.

이번 연구는 이 미생물들이 벼 생육과 생산량에 영향을 줄 가능성이 높은 핵심 미생물임을 유전체 수준에서 확인한 것이다.

연구 결과는 토양 미생물의 기능을 더욱 정밀하게 밝히고 지속적으로 관찰(모니터링)하는 데 활용할 예정이다.

농촌진흥청은 이번 연구 결과가 토양 건강을 평가하는 새로운 지표를 제시하고 미래 친환경 미생물제 개발의 기반이 될 것으로 기대한다.

이번 연구 결과는 국제학술지 Applied Soil Ecology (IF 5.0)에 논문으로 게재됐다.

농촌진흥청 농업미생물과 한상현 과장은 “이번에 확인된 핵심 미생물들을 실제로 분리·배양해 미생물제로 개발한다면 친환경적으로 벼 생산성을 높이는 지속 가능한 농업기술이 될 것”이라며, “기후변화 시대에 다양한 작물에 적용할 차세대 농업 미생물 개발에도 적극 활용하겠다.”라고 말했다.

붙임. 벼 생산량이 높은 토양 내 미생물 군집 특성 분석

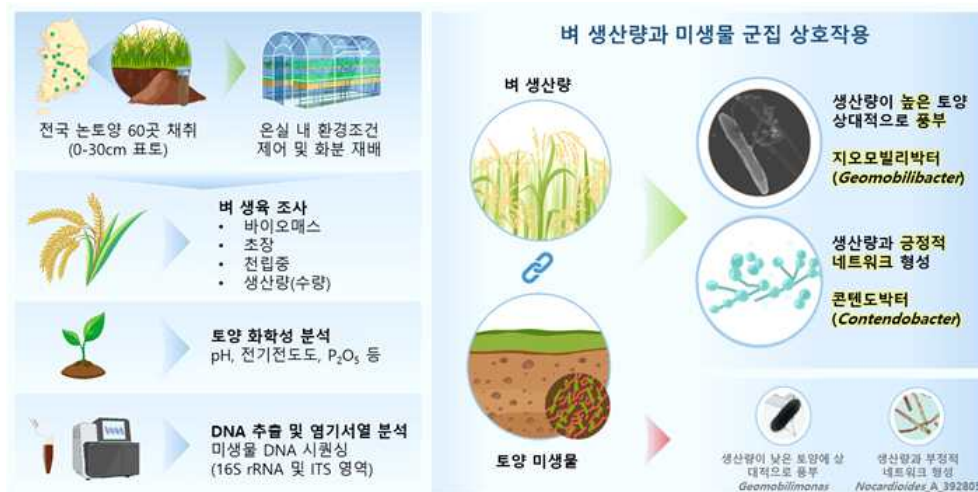
담당 부서	국립농업과학원 농업미생물과	책임자	과 장	한상현 (063-238-3021)
		담당자	연구사	김도현 (063-238-3047)
	농촌진흥청에서 연구·개발한 농업의 모든 것  농사로			

□ 연구 배경

- 농촌진흥청은 국내 농경지 토양의 장기적인 변동을 파악하기 위해 논·밭·시설재배지·과수원 토양을 4년 1주기 전국단위로 조사
- 토양 미생물은 유기물 분해, 양분 순환, 식물 생육 촉진 등 토양의 주요 기능을 담당하므로, 토양 건전성 평가 지표로써 활용 가치가 높음
⇒ 특히 토양 건전성은 작물의 생산성과 밀접하게 연관되므로, 생산성이 높은 토양의 미생물학적 특성과 핵심 미생물을 구명하고자 하였음

□ 연구 내용

- 전국 논 토양을 대상으로 벼 생산량을 조사하고, 토양에서 유전체를 추출하여 염기서열 분석을 통해 다양한 미생물의 군집 구성과 분포를 분석
- 벼 생산량이 높은 토양에서 생산량이 낮은 토양보다 미생물의 종 풍부도와 군집 다양성이 높은 경향을 확인
- 생산량이 높은 토양에서 지오모빌리박터(*Geomobilibacter*)가 상대적으로 풍부하여, 벼 생산성과 관련된 주요 미생물 후보로 확인되며, 콘텐도박터(*Contendobacter*)가 벼 생산량과 직접적인 양(+)의 연관성을 나타냄



□ 향후 계획

- 유전체 분석을 통해 발굴된 핵심 미생물의 기능을 심층적으로 분석하고, 기존에 배양되지 않은 미생물의 실험 자원 확보



Paddy soils with contrasting rice yields harbor distinct microbial networks and candidate key microbes

Do-Hyun Kim^{a,b}, Sang Yoon Kim^{c,d}, Yeomyeong Lee^c, Sohee Yoon^c, Hyerin An^c, Yu-Na Jeon^a, Jaekyeong Song^a, Sujin Kim^a, Jung Seon Kim^a, Gyeongjun Cho^{a,*}

^a Agricultural Microbiology Division, Department of Agricultural Biology, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Wanju, 55265, Republic of Korea

^b Department of Agricultural Biology, College of Agricultural and Life Science, Jeonbuk National University, Jeonju, 54896, Republic of Korea

^c Department of Agricultural Chemistry & Interdisciplinary Program in IT-Bio Convergence System, Suncheon National University, Suncheon, 57922, Republic of Korea

^d Department of Agricultural Life Science, Suncheon National University, Suncheon, 57922, Republic of Korea

ARTICLE INFO

Keywords:

Hub microorganisms
Microbial community
Network complexity
Soil microbiome

ABSTRACT

Microbial interactions within the rhizosphere are critical drivers of plant health and crop yield. Despite general understanding, the intricate, network-level interplay between microbial consortia and rice productivity, particularly the identification of key microbial drivers, is yet to be fully elucidated. In this study, we aimed to unveil these complexities by analyzing the rhizomicrobiome of paddy soils with contrasting rice yield levels under standardized greenhouse conditions. The methodology involved 16S rRNA and ITS gene sequencing, followed by robust differential abundance analysis and advanced FlashWeave network inference to correlate microbial profiles directly with plant growth parameters. We identified significant differences in bacterial diversity and composition, with high-yield soils (HYS) exhibiting notably higher bacterial alpha-diversity. Differential abundance analysis revealed distinct microbial community structures, with *Geomobillibacter* and an unclassified genus within *Mortierellales*, both known for their plant growth promoting effects, being abundant in HYS. A key finding from co-occurrence network analysis was that rice yield is shaped by complex microbial interactions. The analysis identified a strong positive correlation between *Candidatus Contendobacter* and yield (interaction weight = 0.3677), whereas *Nocardioides A_392805* showed a negative association (−0.4267). Furthermore, the network highlighted a negative link between *Geomobillimonas* and plant biomass (−0.4385), corroborating its enrichment in low-yield soils (LYS). These results underscore that rice yield is not only governed by single taxa but also by a complex network of microbial interactions. This network-based approach provides novel insights into the ecological roles of specific microbial players, offering promising targets for microbiome-driven agricultural applications.

1. Introduction

In terrestrial ecosystems, microorganisms orchestrate the decomposition of organic matter and regulate the biogeochemical cycling of carbon, nitrogen, and phosphorus, thereby underpinning soil ecosystem engineering (Zheng et al., 2019; Wang et al., 2025). The rhizosphere, the narrow soil zone influenced by root activity, is a critical interface for plant-microbe interactions (Li et al., 2021). In this compartment, roots exude a complex mixture of organic compounds that function as both a nutrient source and chemical signal, thereby sculpting the structure and function of the surrounding microbial assemblage (Wee et al., 2020;

Wen et al., 2021). In turn, many rhizosphere microorganisms enhance plant performance by improving nutrient availability through mineral solubilization and biological nitrogen fixation, producing phytohormones that stimulate plant growth, and suppressing pathogens through the production of antimicrobial metabolites and competitive exclusion (Li et al., 2021; Compant et al., 2025). Rice (*Oryza sativa* L.), the principal staple crop for most of the global population, is thus intimately tied to these complex rhizosphere microbial dynamics (Breidenbach et al., 2016; Kim and Lee, 2020). In flooded paddy soils, the rhizosphere environment is particularly unique, as oxygen released from rice roots forms localized aerobic micro-niches within otherwise anaerobic soils

* Corresponding author.

E-mail address: chegj98@korea.kr (G. Cho).

<https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2026.107166>

Received 22 September 2025; Received in revised form 21 May 2026; Accepted 23 May 2026

Available online 17 June 2026

0929-1393/© 2026 Elsevier B.V. All rights are reserved, including those for text and data mining, AI training, and similar technologies.