

平成 30 年 5 月 23 日現在

機関番号：14301

研究種目：若手研究(A)

研究期間：2014～2017

課題番号：26711026

研究課題名(和文) 地下生態系の「ブラックボックス」解明による群集理論の再検証

研究課題名(英文) Restructuring community theory: below-ground ecosystems as "black boxes" in ecology

研究代表者

東樹 宏和 (Toju, Hirokazu)

京都大学・生態学研究センター・准教授

研究者番号：60585024

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 18,500,000円

研究成果の概要(和文)：生態系内における生物間相互作用の研究は、従来、観察し易い地上の相互作用を対象に行われてきた。本プロジェクトでは、研究が進んでいない地下生態系内の生物間相互作用に着目し、その複雑相互作用ネットワークの根本的構造を、地上の生物間相互作用と比較した。一連の研究成果は、Nature Communications, Science Advances, Nature Ecology and Evolution, Nature Plantsといったハイインパクト科学誌で出版された。

研究成果の概要(英文)：Plant and fungal communities are tightly linked with each other, forming complex webs of symbioses belowground. As feedbacks between plant and fungal community dynamics determine the productivity and stability of both natural and agricultural ecosystems, integrating the knowledge of ecological and evolutionary processes governing below-ground plant-fungus interactions is of particular importance. In a series of studies uncovering hyper-species-rich plant-fungus networks, we have found that not only mycorrhizal fungi but also various taxonomic groups of pathogenic and endophytic fungi form complex webs of interactions with diverse host plants. Such network data can be used for detecting statistical signs of symbiont-symbiont interactions within plant root systems, highlighting network-hub fungi that potentially organize whole microbiome processes.

研究分野：生態学

キーワード：生態系 生物間相互作用 ネットワーク 共生 群集 土壌 真菌

1. 研究開始当初の背景

群集の安定性や種多様化の従来の研究では、目視で調査可能な動物や植物の群集を対象に、理論の設計と検証が行われてきた。しかし、地球上のどの生態系においても、極めて多様な微生物が存在し、動物や植物と相互作用しながら複雑な群集を構成している。こうした微生物群集に実証研究の網を広げることができれば、これまでの群集理論や種多様化の議論が生物全般に適用できるほどの一般性を持つのか、それとも根本的な修正が必要なのか、判断の試金石を提供できる。

広大なフロンティアである地下の微生物群集を包括的に解析するため、研究代表は、自動生物同定システムを核とする一連の最先端技術開発プロジェクトを主導してきた。次世代シーケンシングを用いたこのシステムは、環境サンプル中のありとあらゆる生物群の自動同定を可能にするだけでなく、微生物をめぐる肉眼では研究不可能な生物間相互作用を、群集全体レベルで一挙に解明する能力を持つ段階に達していた。

2. 研究の目的

上記の技術群を用いて、地下生態系の生物間相互作用ネットワークの構造を地上生態系の相互作用ネットワークと比較し、両者が根本的に異なる構造をもつのかどうか検証することを目的とした。特に、植物と共生微生物の相互作用ネットワーク着目した検証を行った。

3. 研究の方法

DNA メタバーコーディング、ネットワーク解析、分子系統解析等、さまざまな技術・主将を統合し、植物と地下微生物の関係性の群集構造および進化史に関する研究を展開した。統計解析手法や、ネットワーク指標について、独自開発を適宜行った。

4. 研究成果

地下に展開される植物と無数の共生微生物群のネットワーク分析に成功し、Nature Communications 誌で成果を出版した。

その上で、地上のネットワーク構造と地下のネットワーク構造を比較する分析を行い、両者の間に根本的な違いがあることを発見した (Toju et al. 2015 Science Advances)。

さらに、空間構造を考慮したネットワーク分析について、「メタ群集ネットワーク」という概念を提唱し、Nature Ecology and Evolution 誌で出版した。

さらに、ネットワーク内でハブに位置する微生物種に着目して

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

(雑誌論文)(計 12 件)

1. Toju H, Peay KG, Yamamichi M, Narisawa K, Hiruma K, Naito K, Fukuda S, Ushio M, Nakaoka S, Onoda Y, Yoshida K, Schlaeppi K, Bai Y, Sugiura R, Ichihashi Y, Minamisawa K, Kiers ET. (2018) Core microbiomes for sustainable agroecosystems. Nature Plants 4:247-257.
2. Toju H, Sato H (2018) Root-associated fungi shared between arbuscular mycorrhizal and ectomycorrhizal conifers in a temperate forest. Frontiers in Microbiology 9:433
3. Toju H, Vannette RL, Gauthier MPL, Dhami MK, Fukami T (2018) Priority effects can persist across floral generations in nectar microbial metacommunities. Oikos 127:345-352
4. Toju H, Yamamichi M, Guimarães PR Jr, Olesen JM, Mougi A, Yoshida T, Thompson JN (2017) Species-rich networks and eco-evolutionary synthesis at the metacommunity level. Nature Ecology & Evolution 1:0024.
5. Sato H, Tanabe AS, Toju H. (2016) Host shifts enhance diversification of ectomycorrhizal fungi: diversification rate analysis of the ectomycorrhizal fungal genera *Strobilomyces* and *Afroboletus* with a 80-gene phylogeny. New Phytologist 214:443-454. .
6. Toju H, Kishida O, Katayama N, Takagi K (2016) Networks depicting the fine-scale co-occurrences of fungi in soil horizons. PLOS ONE 11:e0165987 .
7. Toju H, Tanabe AS, Ishii HS (2016) Ericaceous plant-fungus network in a harsh alpine-subalpine environment. Molecular Ecology 25:3242-3257.
8. Toju H, Yamamoto S, Tanabe AS, Hayakawa T, Ishii HS (2016) Network modules and hubs in plant-root fungal biomes. Journal of the Royal Society Interface 13:20151097.
9. Toju H, Guimarães PR Jr, Olesen JM,

- Thompson JN (2015) Below-ground plant–fungus network topology is not congruent with above-ground plant–animal network topology. *Science Advances* 1:e1500291.
10. Sato H, Tanabe AS, Toju H. (2015) Contrasting diversity and host association of ectomycorrhizal basidiomycetes versus root-associated ascomycetes in a dipterocarp rainforest. *PLOS ONE* 10:e0125550.
 11. Toju H. (2015) High-throughput DNA barcoding for ecological network studies. *Population Ecology* 57:37-51.
 12. Toju H., Guimarães PR Jr, Olesen JM, Thompson JN (2014) Assembly of complex plant–fungus networks. *Nature Communications* 5:5273.

〔学会発表〕(計 39 件)

招待講演

1. Toju H. "Arms race, cooperation, and the web of life". Kyoto University & National Taiwan University Symposium 2014 Biology Related. Organized by Atsuko Sehara. September 2, 2014. Kyoto University, Kyoto, Japan.
2. 東樹宏和. 「土壌真菌群集と植物のネットワーク解析：土壌管理への展望」. 土壌微生物学会 60 周年記念シンポジウム:「21 世紀の土壌微生物研究の目指すもの」(企画: 齋藤雅典). 2014 年 10 月 24 日. アクトシティ浜松.
3. 東樹宏和. 「次世代シーケンサーで相互作用ネットワークを描く」. 応用動物昆虫学会小集会「複合共生系をひもとく」企画: 菊池義智. 2015 年 3 月 27 日. 山形大学.
4. 東樹宏和. 「大規模 DNA バーコーディングで地下の隠れた生物間相互作用を探る」企画: 安田弘法. 2015 年 6 月 12 日. 山形大学農学部.
5. 東樹宏和. 「大規模 DNA バーコーディング情報をもとに地下生態系の超複雑ネットワークを紐解く」. 複雑ネットワークグループセミナー. 企画: 高口 太朗. 国立情報学研究所. 2015 年 7 月 23 日. 東京.
6. 東樹宏和. 「魑魅魍魎はびこる土壌微生物圏に秩序は見いだせるのか? 環境 DNA データをネットワーク理論で料理する」. 第 17 回日本進化学会ワークショップ「環境 DNA: NGS がもたらす生態情報を進化学にどう活かすか」. 企画: 荒木仁志・佐藤行人. 2015 年 8 月 20 日. 中央大学.
7. 東樹宏和. 「フロンティアを失った時代の逆襲: 微生物の超多様性に生命進化の本質を見いだす」. 第 17 回日本進化学会シンポジウム「進化生態学を『上の階層』から捉えなおす: 生態系・空間構造・系統樹の観点から見る生物の適応」. 企画: 山道真人・笠田実. 2015 年 8 月 22 日. 中央大学.
8. Toju H. "Uncovering the most complex biosphere: coexistence of microbes in the soil". "Experimental and theoretical approaches to micro-biospheres: the development of artificial ecosystems toward the understanding of real ecosystem". Organized by Shinji Nakaoka and Kenta Suzuki. August 26, 2015. Doshisha University.
9. Toju H. "How can we use high-throughput DNA sequencing towards the understanding of natural community dynamics?" Eco-Evo Lunch. Organized by Po-Ju Ke and Tadashi Fukami. October 13, 2015. Stanford University.
10. Toju H. "High-throughput DNA sequencing for understanding hyper-species-rich ecological and coevolutionary networks" EE Biology Department Seminar, UCSC. Organized by John N. Thompson. January 20, 2016. University of California, Santa Cruz.
11. Toju H. "High-throughput DNA sequencing and network science for designing eco-evolutionary feedback research" Workshop of Ecological Society of Japan. Organized by Takehito Yoshida. March 21, 2016. Sendai International Center.
12. 東樹宏和. 「MiSeq を用いた超多検体分析 -サンプリングからシーケンスまで-」. 第 63 回日本生態学会・自由集会「メタバーコーディング・環境 DNA バーコーディング解析の技法」. 企画: 田辺晶

- 史. 2016年3月24日. 仙台国際センター.
13. 東樹宏和. 「DNA 情報とネットワーク理論で微生物生態系を読み解く」. 日本農芸化学会シンポジウム「微生物エコシステムを制御せよ！最先端テクノロジーがもたらす複合微生物系研究のパラダイムシフト」. 企画：福田真嗣. 2016年3月30日. 札幌コンベンションセンター.
 14. 東樹宏和. 「群集生態学であぶり出す共生微生物間の大規模ネットワーク」. 「群集生態学の最新アプローチであぶり出す微生物間ネットワークの真実」. オーガナイザー：中川聡・加藤広海. 2016年10月24日. 横須賀市文化会館.
 15. 東樹宏和. 「菌類・微生物の「超」多様性をひも解き、地球の未来を考える」. 第32回国際生物学賞記念シンポジウム「生物多様性学の最前線」. 2016年11月23日. 東京大学安田講堂.
 16. 東樹宏和. 「植物を取り巻く微生物叢から中核菌候補を抽出する」. 科学技術未来戦略ワークショップ. 2016年12月4日. 科学技術振興機構.
 17. 東樹宏和. 「植物と共生微生物の超複雑ネットワークを読み解く」. IGER セミナー. 2016年12月19日. 名古屋大学農学部.
 18. 東樹宏和. 「自然生態系に潜む超多様な真菌たちは農業の救世主となるのか?」. 第1回 茨城大学重点研究ジョイントシンポジウム. 2017年3月9日. 茨城大学農学部.
 19. 東樹宏和. 「コア共生微生物」で強い植物をつくる：みえてきた微生物共生ネットワーク」. 日本育種学会若手の会. 2017年3月30日. 名古屋大学.
 20. Toju H. "Detecting core microbiomes for designing natural and agricultural ecosystems". RIKEN Shirasu Lab Seminar. June 22, 2017. RIKEN Yokohama Campus.
 21. 東樹宏和. 「ネットワークで生物種間の関係を探る」. ネットワーク科学セミナー2017. 企画：水高将吾. 2017年9月1日. 統計数理研究所
 22. 東樹宏和. 「コア共生微生物の探索技術を基に農業生態系のデザインを考える」. 植物微生物研究会 第27回研究交流会 基調講演. 企画：杉山暁史. 2017年9月21日. 京都大学宇治おうばくプラザ.
 23. 東樹宏和. 「微生物どうしの関係性をネットワークでとらえる」. 住友化学セミナー. 企画：廣富大. 2017年9月29日. 住友化学 健康・農業関連事業研究所.
 24. 東樹宏和. 「微生物群集内における内生菌の機能解明に向けて」. 茨城大学重点研究ジョイントシンポジウム. 2017年11月9日. 茨城大学農学部.
 25. 東樹宏和. 「植物体内の多様な植物共生菌」. 近畿作物・育種研究会. 2017年12月2日. 大阪府大学.
 26. 東樹宏和. 「コア共生微生物で農業生態系を設計する」. 植物科学シンポジウム2017「植物科学のバイオ農業への展開」. 2017年12月4日. 東京大学弥生講堂一条ホール
 27. 東樹宏和. 「微生物間の相互作用ネットワークを俯瞰する」. えこえびWS2017. 企画：立木佑弥・岩見真吾. 2017年12月21日. 岡山コンベンションセンター
 28. 東樹宏和. 「朝飯前の論文執筆と研究者としての原点回帰」. 「めざせ！仕事の効率アップ&スマートなラボ運営～ワークとライフの狭間で～」. 企画者：キャリア支援専門委員会（木村恵、曾我昌史、鈴木智之、三宅恵子）. 2018年3月15日. 第65回日本生態学会. 札幌コンベンションセンター.
 29. Toju H. "Exploring "hidden" ecosystem functions of plant-microbiome linkages". Symposium: Advances in Ecology with Functional Traits. Organized by Yusuke Onoda, Hiroko Kurokawa, and Kouki Hikosaka. The 65th annual meeting of the Ecological Society of Japan. March 17, 2018. Sapporo Convention Center.
 30. 東樹宏和. 「生態系を駆動するコア微生物を探る」. 平成30年度遺伝研研究会. 2018年4月14日. 国立遺伝学研究所.
- 招待講演以外**
31. 東樹宏和（企画責任 [瀧本岳・東樹宏和]）. 「エコミメティクス」の創成；ミ

クロ生命圏の異分野融合研究プロジェクトが目指す生態学の発展と応用」. 第62回日本生態学会 2015年3月22日. 鹿児島大学.

32. Toju H. "Coevolutionary Networks.in Metacommunities". The Society of American Naturalist Meeting. January 11, 2016. Asilomar, California, USA.
33. 東樹宏和. 「強い農業生態系」の設計に向けて: 共生微生物・捕食者群集・土壌生物圏」. 第2回農学中手の会. 2016年11月10日. 大津市雄琴.
34. 東樹宏和. 「コア共生微生物」探索のインフォーマティクスによる頑健な植物共生システムの設計体系 研究計画」. さきがけ領域会議 2016年11月14日. ホテルニュープラザ久留米.
35. 東樹宏和. 「私たちは生態系を設計できるのか? 情報革新で究極の相互作用網を編む」. 日本生態学会シンポジウム「人と地球の未来に生態学を: 革新的基礎研究と究極目標の総合化に向けて」. 2017年3月16日. 早稲田大学.
36. 東樹宏和. 「次世代シーケンシングで食物網を探る: クモ・寄生蜂・土壌動物・植食性昆虫」. 日本応用動物昆虫学会. 2017年3月29日. 東京農工大学.
37. 東樹宏和. 「白眉と地球生態系」. 白眉の日講演. 2017年8月5日. KKR 京都くに荘.
38. 東樹宏和. 「菌根菌・内生菌・寄生菌で構成される植物共生微生物系を読み解く -ネットワーク科学の視点から-」. 環境微生物系学会合同大会 2017. 2017年8月31日. 東北大学.
39. 東樹宏和. 「最強の植物内生菌がわかったかもしれない」. 第3回農学中手の会. 2017年12月1日. 大津市雄琴.

〔図書〕(計 1 件)

1. 東樹宏和. (2016) 「DNA 情報で生態系を読み解く: 環境 DNA・網羅的群集調査・生態ネットワーク」. 共立出版.

〔産業財産権〕

出願状況(計 0 件)

該当なし

〔その他〕

京都大学プレスリリース:

「あらゆる生物の名前を DNA に基づいて特定する「DNA バーコーディング」の理論的枠組みを確立」

http://www.kyoto-u.ac.jp/static/ja/news_data/h/h1/news6/2013_1/131016_1.htm

「植物と根に共生する真菌が作り出す複雑な「ネットワーク」構造を解明」

http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2014/141001_3

「植物を支える「共生ネットワーク」は地上と地下で構造が違う -見えてきた地下生物圏の構造-」

http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2015/151024_1.html *4 「植物体内の共生菌社会を動かす中心核 -農業における微生物利用の新たな戦略-」

http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2015/160309_1.html

「植物体内の共生菌社会を動かす中心核 -農業における微生物利用の新たな戦略-」

http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2015/160309_1.html

「キノコ類の多様性の起源を解明 -植物との共生関係が生み出す多様化の歴史-」

http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2016/161205_1.html

「生態系を動かす「ハブ生物種」を探る新手法 -多様な種からなる生態系の相互作用ネットワークに挑む研究戦略-」

http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2016/170124_1.html

「コア共生微生物で持続可能な農業生態系を設計する -微生物叢の機能を最大化する新たな科学的戦略を提案-」

http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research/research_results/2018/180501_2.html

6. 研究組織

(1) 研究代表者

東樹 宏和 (TOJU, Hi rokazu)
京都大学・生態学研究センター・准教授
研究者番号: 60585024

(2) 研究分担者

該当なし

(3)連携研究者

該当なし

(4)研究協力者

該当なし