

令和 6 年 6 月 7 日現在

機関番号：82401

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2020～2023

課題番号：20K06825

研究課題名（和文）生物群集全体と各2種間相互作用との関係を人工生態系での総当たり実験により解明する

研究課題名（英文）Elucidating relationship between entire community dynamics and pairwise interactions through comprehensive experiments in synthetic ecosystems

研究代表者

細田 一史（Hosoda, Kazufumi）

国立研究開発法人理化学研究所・生命機能科学研究センター・客員研究員

研究者番号：30515565

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,300,000円

研究成果の概要（和文）：本研究の成果として、単種と2種の動態の情報だけでは、全種の動態を予想できない部分が多いことが分かった。つまり単純な人工生態系でさえ3種以上の非線形の関係が存在していた。さらに、離散性や適応に起因する確率的な動態も観察された。全てわかった後であれば、単種、2種、全種の系の全てを矛盾なく一つの数理モデルで説明できた。一方で、ある程度安定化した生態系の安定性に関しては、その個体数や動態の情報を使用せずとも、種の存在の情報だけで予測できることが分かった。この結果は捕食を含まない微生物実験生態系とは異なり、逆に自然湿地生態系と似ていた。この人工生態系での解明は、より一般的な生態系の理解に役立つだろう。

研究成果の学術的意義や社会的意義

生態系サービスの劣化が顕著な今、各個体群と生態系全体を同時に捉えてその関係を理解することは、人類にとって急務です。本研究では人工生態系について、この関係を解明しました。またそれだけでなく、生態系の安定性に関して、粗いマクロな指標として複数の多様性指標を比較し、最もシンプルな種数という多様性指標の有効性を示しました。これらの結果は自然生態系に直接適用できるわけではないでしょう。しかし、数理モデルよりも現実的であり、かつ、多くの実験生態系よりもデザイン性と多様性に優れ、圧倒的にハイスループットである本研究の人工生態系は、理論的理解と自然生態系のシームレスな橋渡しに大きく貢献するでしょう。

研究成果の概要（英文）：We found that information on the dynamics of single and pairwise species interactions is often insufficient to predict the dynamics of entire species communities. This indicates that even in simple synthetic ecosystems, nonlinear relationships involving three or more species were present. Furthermore, probabilistic dynamics caused by discreteness and adaptation were also observed. In hindsight, the dynamics of single, pairwise, and entire species systems could be coherently explained using a single mathematical model. On the other hand, regarding the stability of stabilized ecosystems, it was discovered that predictions could be made based solely on the presence of species, without needing information on population numbers or dynamics. This result differs from microbial experimental ecosystems without predation and is instead similar to natural wetland ecosystems. These results in our synthetic ecosystems will likely contribute to a better understanding of more general ecosystems.

研究分野：システム生物学

キーワード：実験生態系 人工生態系 生物群集 種間相互作用 微生物

## 様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

生態系サービスの劣化が顕著な今、その変化の理解は人類にとって急務である。生態系の中でも、生物群集は競争・協力・捕食などの種間相互作用により成り立っており、その種間相互作用の解明は、各生物の理解や、生態系全体の理解および予想に欠かせない。近年では非線形動態理論に基づく解析法を用いて舞鶴湾の15魚種の種間相互作用が推定された。これは未知種も含む複雑な系の中での推定であり、例えば2種だけを隔離した時にその相互作用があるかは不明である。そもそも各2種間相互作用は、群集全体の中と、2種だけの隔離環境では異なる場合もあるだろう。このように「推定の真偽が不明」と「全体と2種だけの違いが不明」という問題が混在していることは、強力な推定方法が提唱された今でもなお、種間相互作用の解明を困難にしている。

上記の二つの問題のうち、「2種の総和は全体とは違うのか？」は生態系の普遍的性質として理解できる可能性があるだろう。自然生態系において、未知種を見落とすことなく全ての2種の組み合わせを隔離試験することは非常に困難だが、微生物を用いた実験生態系であれば可能である。これは自然生態系とは異なるが、例えば自然生態系の中でもアマゾンと琵琶湖は異なる系であり、その傍ら、実験生態系も「生物群集を持つ現実システム」として自然生態系と共通の特徴を持つ部分がある。特に、微生物群集を使用する実験生態系では、そのサイズや実験の利便性から、あたかも数理モデルでたくさんのパラメータを調べるように、たくさんの系に関する実験を比較することができるため、生態系の普遍的性質の理解にとって強力なツールである。

しかしながら、これまでの実験生態系は、技術的な課題もあり、典型的には「複雑だが再現性が限られている系」または「再現性は高く内容が明瞭だが過度に単純化された系」であって、「生態系らしい複雑さをもちながら再現性が高く内容が明瞭な系」はなかった。特に、天然から採取した微生物群集を使用する実験生態系ではなく、モデル微生物などを人工的に混合して再構成する実験生態系(ここでは特に人工生態系と呼ぶ)では、その中だけでも様々な系を任意にデザインできるため、多様性と普遍性を調べることができるが、あまりに単純化されたしか存在しなかった。よって、複雑かつ明瞭で高い再現性を持つ人工生態系を構築し、これを用いて2種の総和と生態系全体の関係を解明することで、上記の人類の急務に寄与すると考えた。

### 2. 研究の目的

本研究では、複雑かつ明瞭で高い再現性を持つ人工生態系を構築し、この人工生態系において「群集全体と各2種間相互作用の総和は何が同じで何が違うのか？」に答えることを目的とする。これは「各生物種の生態と、群集全体の関係」を明らかにすることにも直結し、その解明は生物の理解と群集や生態系全体の理解のそれぞれに寄与するだけでなく、それらの橋渡しとしても重要である。

具体的には、機能的および系統的に多様な12種の微生物種を含むハイスループットな人工生態系を構築する。これらの種は、無菌培養および凍結保存が可能で、機械学習の支援により顕微鏡で非侵襲的に測定できる。この人工生態系には、群集動態において重要である種間競争のための機能冗長性を確保するために、原核生物と真核生物の生産者と分解者、および真核生物の消費者が、それぞれ複数種含まれている。

注意すべき点として、12種の微生物種を混合しても、12種全てが安定して生存するわけではなく、むしろ多くは絶滅する。例え12種が多様であっても、例えば1種しか安定に生存できないような系では、『生態系らしい多様性を持つ、研究に値する人工生態系』とは呼べないだろう。よってここでは、『研究に値する多様性のある人工生態系』の最低条件として、『生態系における3つの重要な機能グループである、生産者、分解者、消費者のそれぞれから少なくとも1種、および、さらに1種の機能的に冗長な種が、半年以上共存すること』とした。機能的冗長性が必要な理由は、群集動態において重要である種間競争の存在が必要だからである。

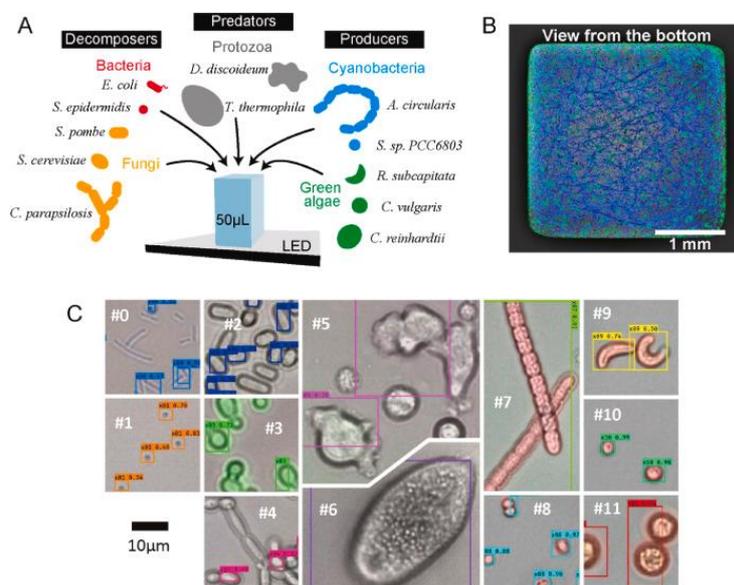
本研究では、この微生物12種を混合した人工生態系をつくり、それと同時にそれぞれの単種の系、および全組み合わせの2種系( ${}_{12}C_2=66$ 通り)も調べることで、これら単種および2種の系の結果と、全種の系の結果にはどのような関係があるかを明らかにする。

### 3. 研究の方法

**構成生物と培養法**：構成生物として、次の図のように、細菌2種(#0 *Escherichia coli*, #1 *Staphylococcus epidermidis*)、カビ酵母3種(#3 *Saccharomyces cerevisiae*, #4 *Candida parapsilosis*)、捕食性原生動物2種(細胞性粘菌 #5 *Dictyostelium discoideum*, 繊毛虫 #6 *Tetrahymena thermophila*)、藍藻(シアノバクテリア)2種(#7 *Anabaenopsis circularis*, #8 *Synechocystis* sp. 6803)、緑藻3種(#9 *Raphidocelis subcapitata*, #10 *Chlorella vulgaris*, #11 *Chlamydomonas reinhardtii*)を用いた。これらは全て単離され、凍結保存が可能であり、ゲノムが解読されている生物種である。これら微生物の全て、または1種や2種を、オプティカ

ルボトムプレート容器にて液体培地環境に加え、プラスチック熱溶着により密閉して、定温にて、白色 LED 下で培養した。そのまま密閉を続ける実験(閉鎖系)と、2週間に一度、10分の1の希釈により環境を入れ替える実験(半開放系)の両方を行った。

**測定系:** プレートリーダーおよび顕微鏡にて測定した。プレートリーダーは全生物量の指標としての吸光度と、蛍光標識した大腸菌と酵母、自家蛍光を持つ緑藻や藍藻のそれぞれ、そして両藻類に特有の蛍光強度を測定した。これは顕微鏡のように識別や感度はよくないが、系全体の平均値を精度よく測定できる。顕微鏡では系の底面に沈んだ各生物(ほとんどの生物が重力により沈んでいるため)の形と蛍光、および動きを観察する。機械学習による顕微鏡画像の解析から、全生物種の個体数同定が可能となる。



**本研究における人工生態系の概略図。**(A) 容器の 384 ウェルプレート(プレートの 1 つのウェルが描かれている)を LED パネル上に置いた。(B) 下から撮影した顕微鏡画像の例。大腸菌(赤として表示しているが小さいため見えない)、シアノバクテリア(青)、緑藻(緑)の蛍光画像を明視野画像に重ね合わせた。(C) 各微生物の顕微鏡写真。機械学習を使用した検出の例も示している。※この図は下記文献「Hosoda 2024 Biosystems」からの引用であり、Creative Commons CC-BY-NC-ND ライセンスの下で使用されています。

#### 4. 研究成果

##### (1) 機械学習による生物種同定手法の確立

本研究の人工生態系の特徴は、蛍光分光法による検出に加え、機械学習モデルを用いて微小生態系の顕微鏡写真に映る個々の微生物を同定することで、12種の全個体群を非侵襲的に測定できることである。非侵襲的測定には、完全に閉鎖されたシステムに適用可能、サンプル採取を省略することで高スループットを実現、サンプル採取によるシステム容積の減少や個体群の攪乱を回避できるなどの利点がある。このシステムでは、蛍光分光法によって、例えば緑藻などの特定の蛍光特性を持つ個体群を測定できるが、緑藻の中の種を知ることはできない。そのため、機械学習を用いた顕微鏡法を確立し、これを補完的に使用した。(Hosoda 2024 Biosystems)

各生物種の単種の系の顕微鏡画像を教師データとし、深層学習の一種である YOLOv3 を用いて各生物種の特徴を学習させた。結果、12種のうち 9 種について、誤認エラーは 1% 未満でした。#11 は 2% 程度だが、両方の原生動物(#5 と #6)ではより大きいエラーがあった。これは主に原生動物細胞から排出された小さな粒子が球菌(#1)として誤って検出されたためです。この誤認は、球菌を蛍光標識することで将来回避されるだろう。いずれにせよ、両方の原生動物はこれらの粒子が検出されるほど密度が高いことはめったになく、実験で球菌として誤って検出されることはほとんどありませんでした。

##### (2) 単種の系、2種の系、全種の系の実験

まず、2種間相互作用を調べるために、各ウェルに 2 種を接種した場合をテストしました。比較のために、同じ実験条件下での単一培養(単一種)もテストしました。以下の図の A は、6 か月後の各種の生存結果の概要を示しています。正および負の種間相互作用が観察されました。たとえば、2つの消費者(#5 と #6)はどちらも単独では生存しませんでした。大腸菌との共培養により生存可能になりました(捕食者と被食者の関係)。緑藻 *R. subcapitata* (#9) は単独では生存しましたが、*C. vulgaris* (#10; 競争関係)との共培養では生存しませんでした。消費者 *T. thermophila* (#6) とシアノバクテリア *A. circularis* (#7) のペアでは、両方の種がお互いに利益を得ています。培養培地には栄養素が含まれているため、分解者でも単独で成長することに注目してください。逆に、一部の栄養素はシアノバクテリアにとって有毒であることが多いため(Hosoda 2014 PLoSOne)、分解者との共培養によりシアノバクテリアの生存率を高めることができました。

全種の系として 12 種を混合した場合、6 か月後には両方の消費者(種 #5 または 6)が、試験した 128 ウェル(それぞれ初期濃度が高い場合と低い場合の 64 個の複製ウェル)から姿を消しました。代わりに、*C. parapsilosis* (#4) のみが真核生物の非生産者の中で生き残りまし

た。消費者種が *C. parapsilosis* が排除された条件下で生き残ったことを考えると、この種は消費者と競合関係にあった可能性があり、これはおそらく他の種との直接的な影響または間接的な相互作用によるものです。このことは、2 種での混合実験から予想できることです。しかし、この 12 種を全体とする人工生態系は、結果として得られる系の多様性に乏しいため（捕食者がおらず、生産者も多くはクロレラのみ）、上記のように定義した『研究に値する多様性のある人工生態系』に該当しません。つまり、半開放型においては、この 12 種を全種と呼ぶのはふさわしくありません（下記のように閉鎖系では 12 種でも多様性を維持します）。

全種の系として *C. parapsilosis* (#4) を除く 11 種を用い、低い初期濃度で混合した場合、試験した 72 ウェルのうち 15 ウェルで目標の多様性が維持されました。以下の図の B は、6 か月後の各種の個体数を示しています。なお、各ウェルにおいて、6 種すべてが生き残ったわけではないことに注意してください。言い換えると、同じ試験管から分注されたウェルでは、ほぼ同一の初期条件であるにもかかわらず、生き残った種が異なっていたということです。結果のこの確率的な性質は、本研究の人工生態系のハイスループット性によって発見されたと言えるでしょう。なおこの確率的な分岐の確率分布は、異なるプレートを用いて再現されました。

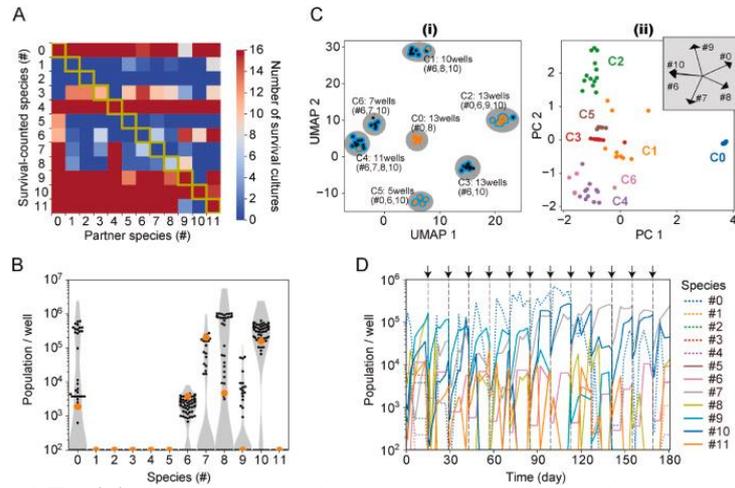
確率的に分岐した状態を調べるためにクラスタリングを実行しました。以下の図の C-(i) は、UMAP (Uniform Manifold approximation and Projection) 分析と、それに続く k-means クラスタリングを使用して 6 か月後に 72 個のウェルをクラスタリングした結果をまとめたものです。1 つの点は 6 か月後の 1 つのウェルの状態を示しています。灰色の円は、k-means クラスタリングによって収集された 7 つのクラスターを表しています。まず、*C. vulgaris* はクラスター C0 を除くすべてのウェルで生存していました。さらに、*T. thermophila* はこれらのウェルのうち 2 つを除くすべてのウェルで生存していました（青枠のついた点）。これらのうち、クラスター C1、2、4、5、および 6（つまり、C0 と C3 を除く）には複数の生存している生産者がありました。さらに、これらのうち、オレンジ色の点は *E. coli* が存在していたため（16 個のウェル）、目標とする多様性を示しています。*T. thermophila* が生き残った多くのウェルでは、プレートリーダーと顕微鏡によっては *E. coli* が検出されませんでした。これらのウェルのうち 7 つを LB 培地に移したところ、すべてのウェルで *E. coli* の増殖が観察され、*E. coli* が検出限界以下で生き残ったことが示されました。つまり、より多くのウェルで目標とする多様性を持っていたと考えられます。

UMAP は全体構造を歪める傾向があるため、これら 72 の状態間の違いを大まかに把握するために主成分分析 (PCA) を実行しました (図の C-(ii))。最初の主成分から、2 つの単細胞細菌、*E. coli* (#0) と *Synechocystis* sp. PCC 6803 (以降 S. 6803; #8) のみが生き残ったクラスター C0 が、他のクラスターから明確に分離されていることがわかります。各種の主成分への寄与 (挿入図を参照) は、これらの細菌が捕食者である *T. thermophila* (#6) と反対側に位置していることを示しています。また、2 つの生産者、#7 と #9 が、第 2 の主成分で互いに反対であることも示唆されています。全体として、これらの結果は、識別可能な相互作用がこれらの確率的に異なる状態につながったことを示唆しています。

以下の図の D は、一例として図の B にてオレンジ色の円で表示された人工生態系の個体群動態を示しています。機械学習と目視の両方を使用して、このウェルで *E. coli* (#0)、*T. thermophila* (#6)、*A. circulationis* (#7)、S. 6803 (#8)、および *C. vulgaris* (#10) が共存していることを確認しました。つまりこのウェルには、消費者と生産者の両方に対して、原核生物と真核生物の両方が含まれていました。

11 種の混合の結果では、単一の 2 種の相互作用では説明できない興味深い現象が明らかになりました。具体的には、クラスター C0 には *E. coli* (#0) と S. 6803 (#8) のみが含まれていました。*C. vulgaris* (#10) は、ペアワイズ実験で他のすべての種と共培養されたときには生き残ることができましたが (図の A)、このクラスターには存在しませんでした。これは、捕食者である *T. thermophila* (#6) が不在だったため、その獲物である *E. coli* の個体数が多くなったためである可能性があります。この *E. coli* の個体数の増加は、相互パートナーである S. 6803 に競争上の優位性を与え、*C. vulgaris* を排除した可能性があります。さらに、*C. vulgaris* は、ペアワイズ実験では他のどの生産者とも共存しませんでした。11 種の実験では他の 3 つの生産者 (#7~9) と共存しました。これらの結果は、他の種 (つまり多様性) が新たな競争的ニッチを提供したことを示唆している。以上のような結果は、2 種の結果からは予測できないことであり、このような単純な人工生態系でも観察されることは重要である。

※ なお、単一、2 種、全種の実験全てに関してその各種の個体群の変化を全てよく説明できる群集ダイナミクスの数理モデルを構築することができた。これは現在論文執筆中であり非公開内容を含むため、ここでの結果の掲載は割愛させていただく。



**半開放型人工生態系の結果。**(A) ペアワイズ培養。各ペアまたは単一培養について 8 回反復試験を実施しました (初期濃度の異なる条件でも 8 回反復試験を行い、同様の結果が得られることを確認した)。色は、縦軸の種が生き残った培養の数を示します。横軸は、縦軸の種のパートナー種を示します。たとえば、横軸の値が 6 で縦軸の値が 9 の点は、種 #6 と #9 の共培養の結果を表し、種 #9 が生き残った共培養の数を示しています。対角線を横切る、横軸の値が 9 で縦軸の値が 6 の点は、同じ共培養実験に対応しますが、種 #6 が生き残ったことを示しています。同じ種のペアは単一培養を示し、黄色の縁取りの四角で示されています。(B) 6 か月後の、低初期濃度での 11 種の系における各種の個体数。黒い点は 72 個のウェルそれぞれのデータを示し、灰色の背景はバイオリン プロットを示します。オレンジ色のプロットは、D に示すウェルの例の結果を示します。(C) 多変量解析。(i) UMAP 解析: 各ドットは個々のウェルの結果を表します。オレンジ色のドットは *E. coli* が検出されたウェルを示し、黒いドットは検出されなかったウェルを表します。*T. thermophila* が検出されたウェルは、青枠のドットでマークされています。灰色の背景の円は、k-means クラスタリングによって特定されたクラスターを示しています。同じクラスター内の状態は類似しており、典型的な生存種はプロット内のテキストで示されていますが、いくつかのバリエーションがあり、特定のウェルには典型よりも種が多かったり少なかったりします。(ii) PCA 結果: 異なる色は、(i) で決定された異なるクラスターに対応しています。挿入図は、各種の PCA 軸への寄与を示しています。(D) 個体群動態の例。B でオレンジ色の円で示されたウェルの結果を示します。グラフの上部に示された灰色の矢印は、継代時点を示しています。1/10 希釈で継代培養し、約 2 週間に 1 回実施しました。※この図は下記文献「Hosoda 2024 Biosystems」からの引用であり、Creative Commons CC-BY-NC-ND ライセンスの下で使用されています。

### (3) その他の実験

上記の人工生態系は半開放系だが、閉鎖系に関する実験も行い、ここでは初期 12 種でも安定に多様性が継続する条件が見つかった。また、やはり 2 種相互作用の和だけでは説明できない現象がみられた。文章スペースの都合上、ここでは割愛する (Hosoda 2024 Biosystems)。また、上記は単体の微生物種を混合してから、およそ半年間で安定するまでの挙動、つまりいわゆる生態学的遷移のようなものを見てきた。一方で、半年間で安定したあとの生態系の挙動も非常に重要である。特にこの場合、生態系の詳細によらずにその挙動を予測できれば、自然生態系の変化の理解にも役立つ。このように安定したあとの人工生態系に対して、上記のような 2 種間相互作用のペアワイズ実験のように、異なる 8 つの人工生態系のペアワイズ混合実験を行った (Hosoda 2023 Entropy)。さらに、温度変化や進化などを含む長期変化などによる生態系全体の変化、および大自由度力学系の理論を用いたそれらの予測についての実験結果も実施した (Hosoda 2023 Entropy)。結果、これら人工生態系の安定性に関しては、その個体数や動態の情報を使用せずとも、種の存在の情報だけで予測できることが分かった。この結果は捕食を含まない微生物実験生態系とは異なり、逆に自然湿地生態系と似ていた。これら人工生態系で観察された生態系の特徴は、より一般的な生態系の理解にも役立つだろう。

#### <引用文献>

Hosoda, K.; Seno, S.; Kamiura, R.; Murakami, N.; Kondoh, M. Biodiversity and Constrained Information Dynamics in Ecosystems: A Framework for Living Systems. *Entropy* 2023, 25, 1624. <https://doi.org/10.3390/e25121624>

Hosoda, K.; Seno, S.; Murakami, N.; Matsuda, H.; Osada, Y.; Kamiura, R.; Kondoh, M. Synthetic model ecosystem of 12 cryopreservable microbial species allowing for a noninvasive approach. *Biosystems* 2023, 235, 105087.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Yuki Azuma, Saburo Tsuru, Masumi Habuchi, Risa Takami, Sotaro Takano, Kayo Yamamoto & Kazufumi Hosoda	4. 巻 13
2. 論文標題 Synthetic symbiosis between a cyanobacterium and a ciliate toward novel chloroplast-like endosymbiosis	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 6104
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-023-33321-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Hosoda Kazufumi, Seno Shigeto, Kamiura Rikuto, Murakami Naomi, Kondoh Michio	4. 巻 25
2. 論文標題 Biodiversity and Constrained Information Dynamics in Ecosystems: A Framework for Living Systems	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Entropy	6. 最初と最後の頁 1624 ~ 1624
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/e25121624	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Hosoda Kazufumi, Seno Shigeto, Murakami Naomi, Matsuda Hideo, Osada Yutaka, Kamiura Rikuto, Kondoh Michio	4. 巻 235
2. 論文標題 Synthetic model ecosystem of 12 cryopreservable microbial species allowing for a noninvasive approach	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Biosystems	6. 最初と最後の頁 105087 ~ 105087
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.biosystems.2023.105087	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計9件（うち招待講演 9件/うち国際学会 2件）

1. 発表者名 細田 一史
2. 発表標題 生命とは何か、何がわかれば嬉しいのだろうか：人工細胞、人工生態系、人工知能を例に
3. 学会等名 第16回生物学基礎論研究会（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Kazufumi Hosoda
2. 発表標題 Perspectives on ecosystems as biofluids
3. 学会等名 Biofluids 2021 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Kazufumi Hosoda
2. 発表標題 A high-throughput synthetic microbial ecosystem: stochastic community dynamics, inter-ecosystem interactions, predictions and controls
3. 学会等名 Symposium of Ecological Society of Japan Kanto Branch (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 細田 一史, 村上 なおみ, 瀬尾 茂人, 長田 穰, 松田 秀雄, 近藤 倫生, 古澤 力
2. 発表標題 モデル生態系として人工的に設計された微生物群集
3. 学会等名 京大大学生態学研究センターワークショップ: 微生物を軸とした群集構造研究の統合とさらなる展開 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 細田 一史
2. 発表標題 無数の実験生態系から生命の法則を探る
3. 学会等名 脳情報通信融合研究センター-BFIセミナー (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 細田 一史
2. 発表標題 無数の小世界をつくって生命の法則にたどり着きたい
3. 学会等名 京都大学MACSセミナー（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 細田 一史
2. 発表標題 1万を超える人工生態系により生態系と生命の謎に迫る
3. 学会等名 生態研セミナー（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 細田 一史, 村上 なおみ, 瀬尾 茂人, 長田 穰, 松田 秀雄, 近藤 倫生, 古澤 力
2. 発表標題 生物進化と生態系変化の制約にモデル人工生態系で迫る
3. 学会等名 日本進化学会第22回オンライン大会企画シンポジウム「システム頑健性と進化可能性」（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 細田 一史
2. 発表標題 今や簡単に家管理、ラボ管理、実験機器連携が低コストかつ思いつきで自動化できる
3. 学会等名 Laboratory Automation勉強会（招待講演）
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計4件

1. 著者名 細田一史	4. 発行年 2021年
2. 出版社 医学書院	5. 総ページ数 5
3. 書名 生体の科学、特集「生物物理学の進歩 生命現象の定量的理解へ向けて」、人工生態系の生物物理	

1. 著者名 細田一史, 瀬尾茂人	4. 発行年 2021年
2. 出版社 一般社団法人 システム制御情報学会	5. 総ページ数 6
3. 書名 システム/制御/情報、「複雑ネットワーク研究の最前線特集号」、生命システムにおける複雑ネットワークとその制御	

1. 著者名 細田一史	4. 発行年 2021年
2. 出版社 医学書院	5. 総ページ数 5
3. 書名 生体の科学、特集「生物物理学の進歩 生命現象の定量的理解へ向けて」、人工生態系の生物物理	

1. 著者名 細田一史, 瀬尾茂人	4. 発行年 2021年
2. 出版社 一般社団法人 システム制御情報学会	5. 総ページ数 6
3. 書名 システム/制御/情報、「複雑ネットワーク研究の最前線特集号」、生命システムにおける複雑ネットワークとその制御	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
--	---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------