

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—

東樹宏和 人間・環境学研究科助教と山道真人 白眉センター特定助教を中心とする 4 カ国合同研究チームは、生態系の中で「ハブ」として機能する生物を数百・数千種の中から探り出す新たな研究手法を開発・提案しました。この成果は、生態系内に存在する無数の生物種の中から「生態系に大きな影響を及ぼし得るため、優先的に研究すべき種」を選定する作業を大幅に効率化すると期待されます。自然生態系の保全・再生や農地生態系の管理だけでなく、複雑な微生物生態系を対象とした医学・工学研究においても将来的な応用が見込まれます。

本研究成果は 1 月 24 日、英科学誌 *Nature Ecology & Evolution* に掲載されました。

1. 背景

地球上の人口が増え続ける中、食糧を安定的に供給する上で、また、進行する数々の環境問題に対処する上で、生態系に関する知識がますます重要性を増してきています。しかし、無数の生物種が複雑に関係し合う生態系を研究する際、「まずどの種から詳しく研究していくべきか」決める事自体に困難が伴います。

本研究ではまず、生物種間における「物理的接触」に着目し、DNA 情報に基づく相互作用の情報を大量に得る技術を基本としました。近年、DNA 配列解析が簡便かつ大量に得られるようになり、すでに構築されているデータベースに照合することで、どんな生物が解析試料に含まれていたのかについて膨大な情報が得られるようになりました¹。例えば、肉食動物の糞や腹のサンプルには、肉食動物自体の DNA とともに食べた餌種の DNA も含まれています。こうした DNA に関する情報を集めれば、食う-食われる関係や共生・寄生関係に関する大規模な「ネットワーク構造」を推定することができます²。こうしたネットワークの情報があれば、どの種がより多くの他種と関わっている「ハブ」なのか、把握することもできるようになってきました³。

2. 研究手法・成果

しかし、たとえ 1 ヶ所の生態系でネットワークのハブに位置している種であっても、別の地域の生態系では、ネットワークの隅に追いやられているかもしれません。そこで、「幅広い地域の生態系において繰り返しハブとして出現する種」を選別する方法の開発を試みました。複数地点の生物群集で標本を採取した場合、まず、それぞれの局所群集⁴のネットワーク構造を推定することができます(図 1 上)。図 1 の例の場合、3 つの群集について解析を行っていますが、解析された生物種の中には、複数の地点にまたがって生息するものが含まれています。そのため、共通して出現する種に注目することにより、複

¹ 「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

² 「植物と根に共生する真菌がつくり出す複雑な「ネットワーク」構造を解明」

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

³ 「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

⁴ ある 1 ヶ所に生息する生物種で構成される集まり (群集)

数の群集をつないで、「メタ群集」⁵レベルのネットワーク構造を推定することができます（図1下・図2左）。

その上で、局所群集とメタ群集の両方のレベルにおいてネットワークの中心に位置する種（図2右）を絞り込みました。この手法で定義される「ハブ生物種」は、幅広い地域に渡って多数の生物種の生態や進化に影響を及ぼしている可能性があり、今後重点的に研究することで、生態系全体の動態に関する理論や応用技術が発展すると期待されます。

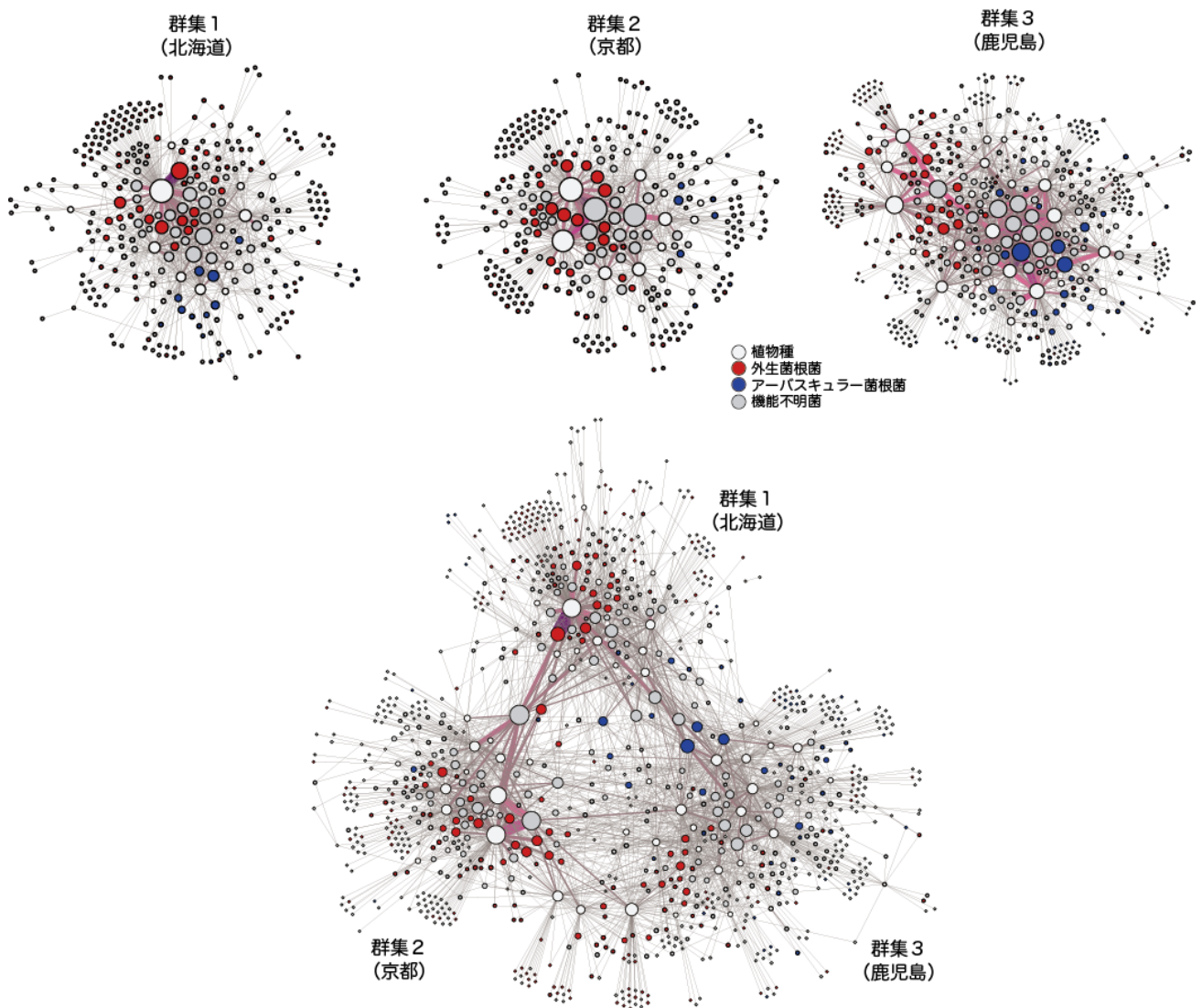


図1 3つの局所群集におけるネットワーク構造（上）とメタ群集レベルの構造（下）

⁵ 複数の局所群集間で生物の移動・分散が起こっている場合、その複数の群集をまとめてメタ群集と呼ぶ。

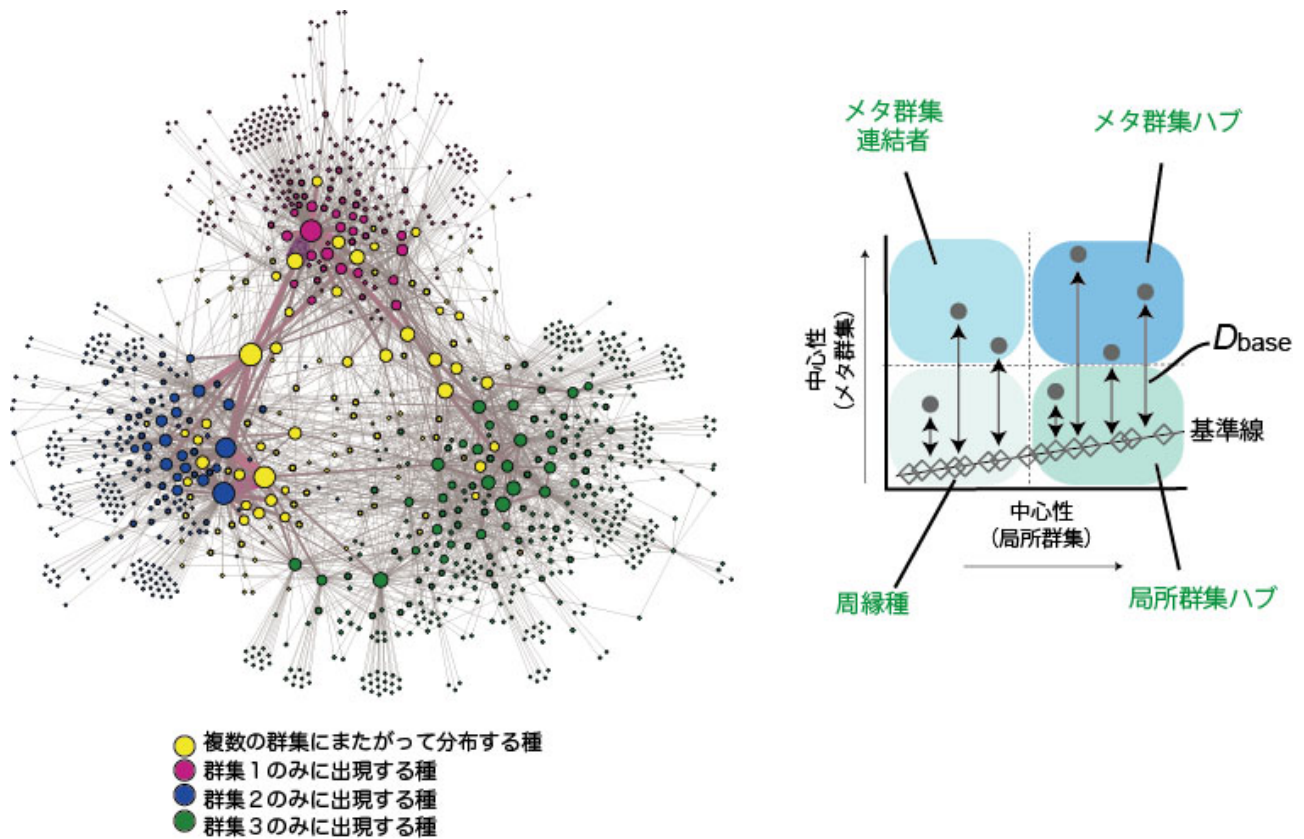


図2 分布域の広い種の選別（左）とハブ種（メタ群集ハブ）の絞り込み（右）

3. 波及効果、今後の予定

お互いに影響を及ぼし合う生物種たちは、食べたり食べられたり、また、寄生したり相利共生したりしながら、お互いの数（個体数）に影響を及ぼしています。その一方で、お互いに対して適応する過程（進化）を通じて常に性質が変化しており、数の変化（生態）と性質の変化（進化）を複雑な生物群集の中で解明することは、大変に難しいこととされてきました。今回の研究では、ハブ種の生態と進化に注目して生物群集の動態を理解していく研究戦略を提案しており、より包括的な視点で生態系の動態を研究する道が拓かれていくことが期待されます。

生物多様性に関する従来の研究では、個々の研究者が限られた生物群のみを対象としてきており、生態系全体の構造に関する知見が限られてきました。しかし、生物であれば必ず持っている DNA の情報を用いることで、一人の研究者が生態系全体の動態を研究できる時代が拓かれつつあります。

今回提案した手法を用いれば、対象となる生物群集の全体構造を研究の初期段階において一挙に解明し、数百・数千の生物種の中から重点的に研究予算と労力を投入すべき種を選ぶことができます。今後は、この手法で選別された種が実際に重要な働きをしているのか、検証研究を展開していく予定です。

生態系全体の動態に大きな影響を与え得る種に目星をつけることができれば、地球規模の様々な課題により具体的な研究戦略を示すことができます。例えば、重点的に保全すべき生物種を特定することで生態系全体の機能を保全したり、病害虫の発生を陰で抑えている微生物を農地生態系の中から見つけ出したりすることができるかもしれません。

喫緊の課題が山積みされる中、生態系に関する私達の知識は未だに非常に限られています。これまで研究者の目線が届かなかった生物たちの隠れた機能が明らかになっていくよう、今後も基礎研究を続け

ていきたいと思ひます。

4. 研究プロジェクトについて

この研究は、日本学術振興会の科学研究費（26711026, 16K18618）および内閣府の「最先端・次世代研究開発支援プログラム」（GS014）の研究資金を基に実施されました。

<論文タイトルと著者>

タイトル：Species-rich networks and eco-evolutionary synthesis at the metacommunity level.

著者：Hirokazu Toju, Masato Yamamichi, Paulo R. Guimarães Jr., Jens. M. Olesen, Akihiko Mougi, Takehito Yoshida and John N. Thompson

掲載誌：Nature Ecology & Evolution