

# 生物多様性の決定機構に新仮説

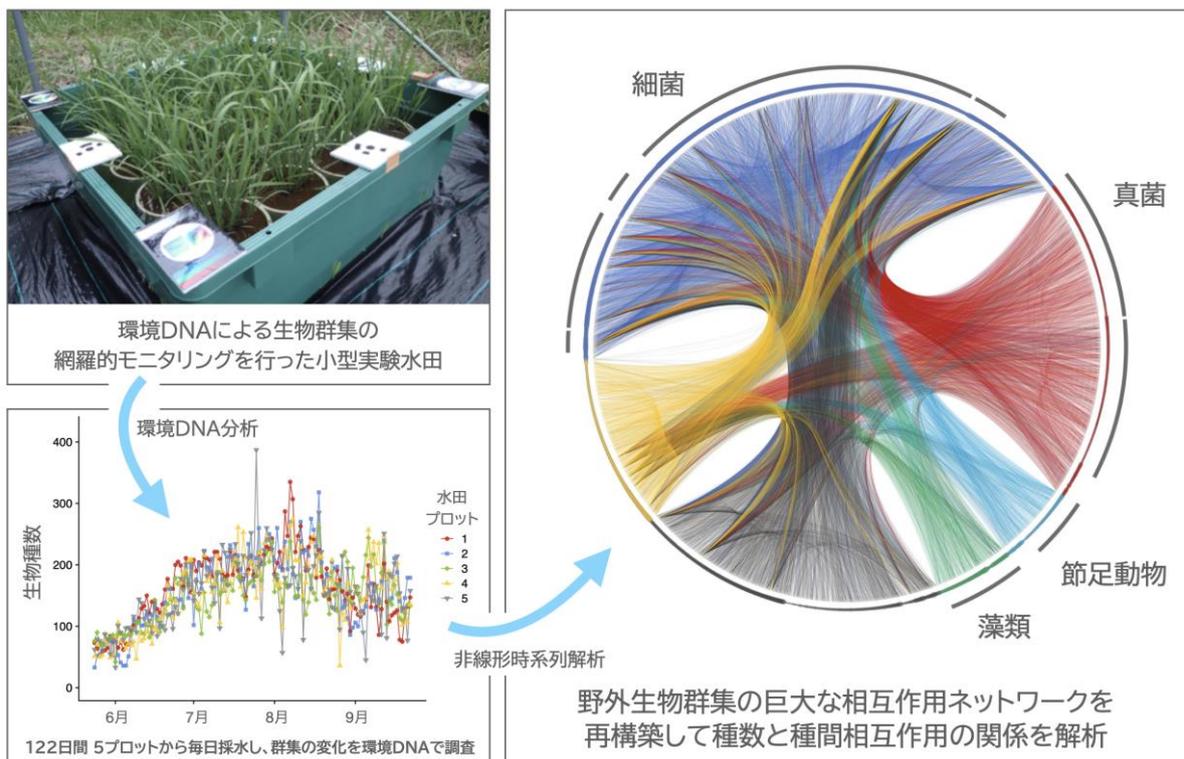
## — 「他種との相互作用をいくつまで持てるか」が鍵? —

### 概要

生物多様性、例えばある場所の生物種の数、がどのように決まるかを理解することは生態学の最も大きな課題の一つです。これまでの理論研究・室内実験から、多様性の決定機構には生物種間の相互作用が重要な役割を果たしていると考えられてきました。しかし、技術的な困難さから、膨大な種数が存在しうる野外の生物群集を網羅的に調べ、種間相互作用と多様性（種数）の関係を研究した例はこれまでありませんでした。今回、京都大学白眉センター 潮雅之 特定准教授は、環境DNAによる網羅的生物モニタリングと非線形時系列解析を駆使し、野外生物群集の相互作用と種数の関係を詳細に研究しました。その結果、生物が「他種とどのくらい相互作用できるか」すなわち「相互作用容量」が種数の決定に重要な役割を果たしていることを見出しました。さらに、今回発見した相互作用容量と種数の関係に基づいたモデルは、様々な生態系の生物種数を精度良く予測できることも発見しました。

本研究で提示した「相互作用容量仮説」は様々な生態系における生物群集の種数・種間相互作用・個体数変動、さらにはそのメカニズムまでも統一的に説明できる可能性を秘めています。

本成果は2022年2月23日（現地時刻）に国際学術誌・英国王立協会紀要「Proceedings of the Royal Society B」にオンライン掲載されました。



実験水田から採水し、生物群集をモニタリングし、そのデータから相互作用ネットワークを再構築した。右図は生物種間の相互作用網を表している（例えば紺色の線は細菌が他の種に及ぼす影響を示す）。

## 1. 背景

生物多様性がどのように決まるかを理解することは生態学の最も大きな課題の一つです。これまで多くの生態学者が理論研究や室内実験などを駆使して研究を行い、生物種間の相互作用が群集の種数に重要な影響を与えるということを明らかにしてきました。しかし、多様な種を含む野外の生物群集では、2つの技術的な問題のため種数と種間相互作用の関係を詳細に調べることは困難でした。その技術的な問題とは、①群集内に存在する全ての生物種を網羅的に検出する方法がなかったこと、②種間相互作用を網羅的に定量する方法がなかったこと、の2つです。

近年、これら技術的問題を克服しうる手法が開発され注目されています。一つは環境 DNA (注1) 分析です。環境 DNA とは環境中に存在する微生物 DNA もしくは大型生物由来の DNA を指します。特に、定量的環境 DNA メタバーコーディング (多種同時並列検出) (注2) と呼ばれる方法を用いることで、環境中に存在する DNA を網羅的に解読・定量することができます。2つ目は Empirical Dynamic Modeling (EDM) (注3) と呼ばれる非線形時系列解析の手法です。EDM を用いて時系列データを解析することで、生物種間の因果関係を検出し、相互作用の強さを定量化することができます。

本研究では、これら2つの手法を組み合わせることで生態学の大問題に取り組みました。すなわち、環境 DNA メタバーコーディングにより環境中の生物を網羅的かつ定量的に分析し、多種の時系列データを得ました。そして、多種時系列データを EDM で解析し、種間の相互作用を検出し、多様な生物を含む野外生物群集の相互作用ネットワークを再構築しました。再構築したネットワークを用い、種数と相互作用の関係を詳細に調べることで、これまで分からなかった野外生物群集の種数-相互作用の関係が見えてきました。

## 2. 研究手法・成果

本研究ではまず、大津市にある京大生態学研究センターの圃場に小型の実験水田を5つ作りしました。これら実験水田には2017年5月にイネが植えられました(このイネは別の農学的研究のために植えられたものです)。2017年夏、実験水田5プロットから1日1回、122日間に渡って採水を続け、その水から環境 DNA を抽出しました。その後、MiSeq (注4) シーケンサーにより DNA 配列を網羅的に解析したところ、小さな実験水田から合計1万種以上、優占的なものに限っても1197種もの生物の DNA が検出されました。

次に、得られた1197種の生物の時系列データを EDM で解析し、生物間の因果関係の検出、種間相互作用の強さを定量し、相互作用ネットワークを再構築しました。野外生物群集のネットワークが再構築できたことで、ついに「野外生物群集において種数と相互作用の関係を調べる」ことができるようになりました。

得られたネットワークを解析すると、興味深い特徴が明らかとなりました。群集内の種数が多いときは、生物は「弱い相互作用を多く持つ」一方で、種数が少ないときは「強い相互作用を少数持つ」傾向が見られました。このパターンは、生物種あたりの「相互作用強度の合計」がある程度一定であることを示唆しており、実際、群集内の種数が増大しても、この「相互作用強度の合計」が増え続けるということはありませんでした。

そこで「相互作用強度の合計」を「相互作用容量」と定義し、種数と相互作用容量の関係を簡潔な数理モデルで表現しました。この数理モデルに基づき、実験水田の種数のパターンや既存文献の種数のパターンの予測を試みたところ、様々な生物群集の種数を精度良く予測できることが分かりました。これらの結果に基づき、ある生物がどのくらい他種と相互作用できるか、つまり「相互作用容量」が生物群集の多様性の決定機構の中心にあるのではないか、という仮説を提唱しました。相互作用容量の高い生物が集まれば、多くの相互作用を持った多様性の高い群集の維持が可能になり、その逆も起こりうる、と考えられます。熱帯林のような系では、多くの生物の相互作用容量が高く維持されていて、それが高い生物多様性の根源なのかもしれません。

### 3. 波及効果、今後の予定

本研究では「定量的環境 DNA メタバーコーディングによる網羅的な生物群集モニタリング」と「EDM による種間相互作用ネットワークの再構築」を組み合わせて、これまで類を見ない規模の種間相互作用ネットワークの再構築を行いました。再構築したネットワークから発見した生物群集に関するルールは、様々な生物群集において適用できる可能性があり、野外生物群集に限らず、人間集団や共生微生物群集の多様性・挙動の理解に貢献するかもしれません。例えば、農業生態系は自然生態系と比べると種数が少ない系ですが、相互作用容量仮説に基づくと、そのような系では少数の強い相互作用が起こりやすいと予測されます。このことは、農地における病気や害虫の大発生と関係しているのかもしれません。

本研究で示したような定量的環境 DNA メタバーコーディングによる網羅的生物モニタリングと高度なデータ解析を融合させた研究を進めることで、今後、さらに野外生物群集の形成機構・動態の駆動メカニズムの理解が深まり、生物群集動態の高精度な予測・制御に資する知見が得られるのではないかと考えています。

### 4. 研究プロジェクトについて

本プロジェクトは下記の支援を受けて実施しました：JST さきがけ (JPMJPR16O2)、京都大学白眉プロジェクト、科研費基盤 B (20H03323)

#### <用語解説>

#### 注1) 環境 DNA

環境中、たとえば水や土の中に残存する生物由来の DNA の総称。環境 DNA の配列を分析することで、その環境中に生息している生物を検出できる。従来は微生物の検出に用いられることが多かったが、近年、魚類など水生生物の分布調査への利用が急速に拡大している。

#### 注2) メタバーコーディング (多種同時並列検出)

解析対象の生物分類群 (例えば、細菌) が共通して持っている DNA 領域を増幅し、網羅的に配列を解読することで、多種検出を同時に行う DNA 解析技術。本研究では特に、濃度既知の内部標準 DNA を加えて対象生物の DNA 濃度の推定も同時に行う定量的環境 DNA メタバーコーディングの技術を利用した。

#### 注3) Empirical Dynamic Modeling (EDM)

力学系の理論に基づいた時系列解析手法。変数間に特定の関係性 (例えば  $y = ax + b$ ) を仮定せずに解析を実行できるため、背後に複雑な関係性が隠れているシステムにも応用が可能。変数間の因果関係の検出、相互作用強度の定量などが可能。

#### 注4) MiSeq

イルミナ社が開発した DNA 配列を一度に大量に解読できる DNA シーケンサー。環境 DNA 分析では非常によく使用されるシーケンサーの一つ。

#### <研究者のコメント>

環境 DNA 分析や非線形時系列解析の技術開発、応用を進めていた 2016 年に着想し、研究を開始しました。実験水田の設置、採水方法の検討、モニタリングの実施、DNA 分析、データ解析、論文執筆と全てのプロセス

において無数の試行錯誤を繰り返しました。大変な労力をかけた日々でしたが、成果を世に出せて嬉しく思います。研究をサポートしてくださった多くの方に感謝いたします。

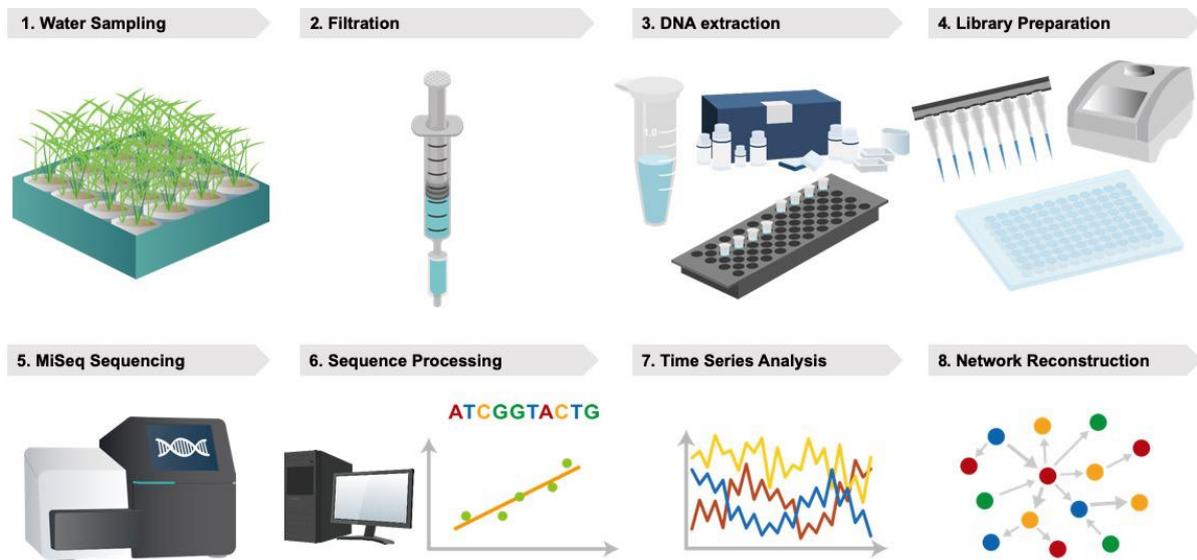
### <論文タイトルと著者>

タイトル：Interaction capacity as a potential driver of community diversity（群集多様性の潜在的な駆動要因としての相互作用容量）

著者：Masayuki Ushio

掲載誌：Proceedings of the Royal Society B DOI：10.1098/rspb.2021.2690

### <参考図表>



研究の枠組み（実験水田からの採水 → 環境 DNA 配列解読 → DNA 配列解析 → ネットワークの再構築）

実験水田のタイムラプス動画 (<https://youtu.be/gyqrpe6zf4k>)

再構築した生物の種間相互作用ネットワークが時間変動する様子 (<https://youtu.be/YzDVPxDxoTM>)