

最先端・次世代研究開発支援プログラム
事後評価書

研究課題名	「共生ネットワークのメタゲノム解析」を基礎とする安定な森林生態系の再生
研究機関・部局・職名	京都大学 人間・環境学研究科 助教
氏名	東樹 宏和

【研究目的】

近年、大量DNA配列解読装置（次世代シーケンサー）の登場によって、環境サンプル（土壤など）の中から微生物のDNAを大量に解読し、その群集構造を解明することが可能となった（メタゲノミクス）。しかし、こうした研究のほとんどは、単一の分類群の生物に焦点を絞ったもので、生物間の相互作用を明らかにするものではなかった。

本研究プロジェクトでは、土壤中に生息する極めて多様な微生物群集の組成を、簡便かつ高速に、標準化された手法で解明する次世代シーケンシングおよびバイオインフォマティクス上の技術開発を第一の目標とした。その上で、その次世代シーケンシングで得られた膨大な生物群集データをネットワーク理論の枠組みで解析し、従来の肉眼観察等の手法では全体像の把握が困難だった土壤圏における生物間相互作用の全体像を解明する道筋を拓くことを第二の目標とした。

【総合評価】

	特に優れた成果が得られている
	優れた成果が得られている
○	一定の成果が得られている
	十分な成果が得られていない

【所見】

① 総合所見

本研究課題は、申請時には植物と地下菌類の包括的なネットワークの遺伝子情報による解析と、機能遺伝子に注目した共生ネットワークの解明の2つが目的とされていた。このうち、前者に関しては真菌類と植物の共生ネットワークを森林全体レベルに拡張したメタゲノム解析を確立しており、それに加えてすべての生物の名前をDNAから特定するDNAバーコーディング作成した点は高く評価される。一方、「ネットワークの機能遺伝子の解析」に関しては、ほとんど記載がないため、研究全体の評価は判断が困難である。

② 目的の達成状況

- ・所期の目的が
(□全て達成された ・ ■一部達成された ・ □達成されなかった)

バイオインフォマティクスの手法を植物の根系における菌類と植物との関係の解析に適用し、共生や寄生関係を理解することで森林全体の共生ネットワークを理解することが可能となった。また一方、機能遺伝子に着目した共生ネットワークのメタゲノム解析の結果に関しては記載がなく、あまり明確な成果がでていないようである。

③ 研究の成果

- ・これまでの研究成果により判明した事実や開発した技術等に先進性・優位性が
(■ある ・ □ない)
- ・ブレークスルーと呼べるような特筆すべき研究成果が
(■創出された ・ □創出されなかった)
- ・当初の目的の他に得られた成果が (□ある ・ ■ない)

生態系、特に寄生・共生関係にある生物群など多種多様な生物間の複雑な相互関係を次世代シークエンサによる多量の遺伝子情報を用いて解析するのに必要な、バイオインフォマティクスを含めた総合的な技術を構築した点は、極めて先進性があると評価できる。特に本研究で構築したDNAバーコーディングを作成し、Web上でソフトを公開し、生物間相互作用ネットワークの解析に供している点は高く評価される。この手法は今後様々な生物群に広く適用可能なものである。

④ 研究成果の効果

- ・研究成果は、関連する研究分野への波及効果が
(■見込まれる ・ □見込まれない)
- ・社会的・経済的な課題の解決への波及効果が
(■見込まれる ・ □見込まれない)

植物の根系における地下の生態系は陸域生態系の生産性、安定性、環境保全機能など、極めて重要な機能を果たしているにも関わらず、この課題のように包括的なゲノム解析による実態解析は行われていなかった。その意味で、このようなアプローチは今後の森林生態系を解析する上で極めて重要な手法になると思われ、さらに生物多様性、環境再生などの観点に対しても応用が期待できる。

⑤ 研究実施マネジメントの状況

- ・適切なマネジメントが (■行われた ・ □行われなかった)

広範囲に共同研究を推進しており、特徴ある研究を行なっている。研究成果の発表は順調に行なわれている。また、研究発表では一流ジャーナルに2報あり、シンポジウム等による成果発表も行われている。今後は、共同研究者が筆頭著者での論文も今後期待される。