課題番号: **GS014** 助成額: 169百万円

グリーン・イノベーション

「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

東樹 宏和 京都大学人間・環境学研究科 助教

Hirokazu Toiu

生物系

平成23年2月10日 ~平成26年3月31日 **専門分野** 生態学 進化生物学 キーワード

生態系/共生/共進化/メタゲノム/次世代シーケンサー/ DNAバーコーディング/森林

WEBページ

https://sites.google.com/site/toju/Home/ japanese-nihongo



研究背景

宇宙や深海と並び、土壌もその動態が未解明な 科学のフロンティアである。どれだけ多様な微生 物たちが土の中にいて、他の生物とどう関わって いるのか、得られている知見は非常に乏しい。土 壌は地球規模の様々な環境問題を本質的に解 決する鍵を握るため、土壌圏の生物の多様性と その相互作用に関する理解が求められている。



色

本研究では、最先端のゲノム科学、生態学、情報科学を統合し、これまで未知とされて来た土壌圏の微生物相とその生物間相互作用ネットワークを一挙に解明する革新的な研究システムを確立した。この研究システムは、原理的にどのような生物群・生態系にも適用可能で、生態系再生や農業の広範な分野に新たな十台を提供する。



代表論文: Narture Commun., in press, (2014)、PLoS ONE, 9:e86566, (2014)

新聞:朝日新聞(10月21日夕刊10面)、京都新聞(10月23日23面) および日刊工業新聞(10月21日16面)

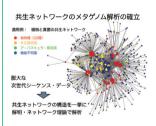


無数の真菌類と植物の共生ネットワーク を森林全体レベルで解明する技術を確立

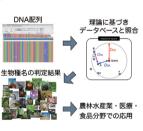
土壌中の微生物は、計り知れない応用可能性をもつにも関わらず、あまりに多様であるために研究が制約されてきた。本プロジェクトでは、ゲノム科学と生態学、ネットワーク理論を統合する新奇な研究分野を立ち上げることに成功した。この技術により、例えば、1つの森に生育する数十種の植物と無数の共生真菌たちの関係を、ネットワーク科学の観点から一挙に解明できる。

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

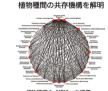
「DNAバーコーディング」という技術の理論的枠組みを構築するとともに、DNA情報をもとに自動的に生物種名を特定するコンピュータ・プログラムの開発に成功した。この技術により、ありとあらゆる地球上の生物の種名を、迅速かつ簡便に特定することが可能となる。







自動 DNA バーコーディングの 技術を確立。



共生真菌の共有度をもとに

個物性同の・相性」を計画 → 農業生態系の設計・生態系復元に基礎的な情報を提供

共生ネットワーク解析をもとに、植物種どうし の真菌の共有パターンを網羅的に推定。



生態系再生の面でも、食料生産の面でも、 深さわずか数十cmの土壌が鍵を握る。本プロジェクトで提案・確立された一連の分野横 断型技術は、土壌微生物の多様性と生態に 関する情報を飛躍的に増大させる。従来の 還元論的な生態系・農地管理の手法を越え て、生物群集全体の動態に注目した生態系 管理の手法を提案していきたい。