

先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 実績報告書

本様式の内容は一般に公表されます

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

1. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

2. 収支の状況

(単位:円)

	交付決定額	交付を受けた額	利息等収入額	収入額合計	執行額	未執行額	既返還額
直接経費	130,000,000	130,000,000	0	130,000,000	130,000,000	0	0
間接経費	39,000,000	39,000,000	0	39,000,000	39,000,000	0	0
合計	169,000,000	169,000,000	0	169,000,000	169,000,000	0	0

3. 執行額内訳

(単位:円)

費目	平成22年度	平成23年度	平成24年度	平成25年度	合計
物品費	115,103	28,448,172	19,873,457	21,542,843	69,979,575
旅費	0	1,811,937	1,480,040	1,898,785	5,190,762
謝金・人件費等	0	18,228,994	20,615,715	10,940,517	49,785,226
その他	0	2,017,224	444,218	2,582,995	5,044,437
直接経費計	115,103	50,506,327	42,413,430	36,965,140	130,000,000
間接経費計	6,000	0	5,787,000	33,207,000	39,000,000
合計	121,103	50,506,327	48,200,430	70,172,140	169,000,000

4. 主な購入物品(1品又は1組若しくは1式の価格が50万円以上のもの)

物品名	仕様・型・性能等	数量	単価 (単位:円)	金額 (単位:円)	納入 年月日	設置研究機関名
GS Junior	ロシュ	1	14,973,000	14,973,000	2011/5/1	京都大学
ティシュライザー	キアゲン	1	1,049,895	1,049,895	2011/5/30	京都大学
微量高速冷却遠心機	トミー	1	1,188,810	1,188,810	2011/6/14	京都大学
多本架冷却遠心機	トミー	1	1,044,225	1,044,225	2011/6/14	京都大学
サーマルサイクラー	バイオラッド	1	1,224,300	1,224,300	2011/6/23	京都大学
ワークステーション	UniV	1	778,000	778,000	2012/5/21	京都大学
ナノドロップ	サーモ	1	869,400	869,400	2012/5/23	京都大学
ヒュームキャビネット	エスコ	1	722,925	722,925	2012/11/30	京都大学
蛍光顕微鏡BZ-9000	キーエンス	1	11,142,600	11,142,600	2012/12/17	京都大学
Miseqシステム	イルミナ	1	11,970,000	11,970,000	2013/6/24	京都大学

5. 研究成果の概要

本研究プロジェクトでは、コンピュータサイエンスや社会学で発達したネットワーク分析の解析手法を駆使して、複数の分類群の生物に関するメタゲノム・データを統合し、共生ネットワークの構造を解明する新手法を開発した(「共生ネットワークのメタゲノム解析」)。この手法は、地下に広がる多様な生物種間の共生関係を、森林レベルで一挙に解明するものである。その解析結果から、生態系の中核(ハブ)として様々な生物種に影響を与えている種を明らかにすることができる。この中核となる種を植林の際に利用することで、再生する生態系に「骨組み」を埋め込み、より安定な森林を作ることができると期待される。

課題番号	GS014
------	-------

先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 研究成果報告書

本様式の内容は一般に公表されます

研究課題名 (下段英語表記)	「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
	Restoration of forest ecosystems based on the genomics of organismal networks
研究機関・部局・ 職名 (下段英語表記)	京都大学 人間・環境学研究科 助教
	Graduate School of Human and Environmental Studies, Kyoto University
氏名 (下段英語表記)	東樹 宏和
	Hirokazu Toju

研究成果の概要

(和文):

本研究プロジェクトでは、コンピュータサイエンスや社会学で発達したネットワーク分析の解析手法を利用して、膨大な土壌微生物群集に関するメタゲノミクス・データを統合し、共生ネットワークの構造を解明する新手法を提案した（「共生ネットワークのメタゲノム解析」）。この手法は、地下に広がる多様な生物種間の共生関係を、森林や農地全体レベルで一挙に解明するものである。その解析結果から、生態系のなかで様々な生物種に影響を与えている中核的な種を明らかにすることができる。この中核となる種を植林や農業生態系の設計の際に利用することで、再生・構成する生態系に「骨組み」を埋め込み、多様な生態系機能を提供する森林や農地の構築につなげることが期待される。

(英文):

In this research project applying network theoretical analyses to high-throughput DNA barcoding data of complex biological communities in soil, I and colleagues have developed a series of

様式21

methodological and theoretical platforms for the community ecological analyses of belowground “symbiotic networks”. These platforms allow whole-community investigations of the architecture of complex and hyper-species-rich networks of plants and their microbial partners in soil such as mycorrhizal fungi, root endophytic fungi, and parasitic/mutualistic bacteria. We anticipate these methodological and theoretical studies to be starting point for utilizing integrated knowledge of complex soil organismal communities in the management and restoration of various types of terrestrial ecosystems.

1. 執行金額 169,000,000 円
 (うち、直接経費 130,000,000 円、 間接経費 39,000,000 円)

2. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年 3月 31日

3. 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（土壌など）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、そ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、土壌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フィ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壌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。

4. 研究計画・方法

次世代シーケンシング技術とネットワーク理論を統合して生物群集の構造を解明する本研究プロジェクトでは、野外におけるサンプリングから、DNA 抽出、PCR、シーケンシング、バイオフィォマティクス解析、群集データのネットワーク理論に基づく解析という一連の工程を設計し、最適化する必要があった。ネットワーク理論に基づく群集解析を見越して、一度の野外調査で数百から 1200 サンプルほどの植物根や土壌を規格化された手法で採取し、その多サンプルを効率的に DNA 抽出、PCR、シーケンシング、バイオフィォマティクスにかける工程を整備した。

中でも、バイオインフォマティクスの手法に関しては、DNA 情報をデータベースと照合して生物を同定する DNA バーコーディングについて、未整備だった中核理論の構築に成功した（田辺晶史・元研究員による成果; Tanabe and Toju 2013 PLOS ONE）。この理論的整備により、あらゆる環境から採取されたあらゆる生物について、正確で自動化された DNA バーコーディングが可能となった（ウェブ上でソフトウェアを公開中）。

上記の生物群集に関するハイ・スループット分析技術で得られた膨大なデータの解析を高速かつ規格化された手法で行うため、コンピュータサイエンス等で発展したネットワーク理論の手法を適用した。こうした一連の先端技術群の統合により、生態学の「ブラックボックス」とされてきた地下の生物間相互作用ネットワークの解明に、突破口を拓いた。

5. 研究成果・波及効果

「共生ネットワークのメタゲノム解析」の技術開発の成功によって、従来の手法では想像すらできなかったスケールで、森林全体の共生ネットワークが解明できるようになった。以下の一例（図 1）は、京都市内の森林で 800 個ほどの根サンプルをメタゲノム解析して解明した、植物と地下真菌の共生ネットワークである。本プロジェクトで開発された一連の技術を基に、膨大な DNA 配列情報から生物の同定が可能となった。図内の丸は 33 種の植物種（赤丸）と 387 種類の真菌（赤以外の丸）の共生関係を示している。上記のプログラムにより、次世代シーケンシングで得られた DNA 配列を DNA データベース上の配列と照合し、各真菌の分類情報を自動で得ることができる（図 1、表 1）。

次世代シーケンシングデータから生態学的な情報を引き出すこうした技術は、必要となるインプット情報が DNA 配列だけであるため、あらゆる生物群間の共生ネットワークに利用することが可能である。上記の手法は想定していた以上に強力で、共生ネットワークに関する膨大な生態学的情報をもたらすことがわかった。例えば、図 2 のような解析を拡張することで、森林内でどういった種類の共生真菌が植物種間で共有されているのか、その全体像を詳細に解き明かすことができた（図 3）。こうした情報は、地下真菌を介した植物種間の間接相互作用を解明する上で、これまでになかった規模の情報を提供する。

森林であれ、農地であれ、ある植物種のバイオマスが増加すると、その相利共生（もしくは寄生）菌が増加する。この真菌群集構造の変化がどの植物に波及効果をもたらすのか、群集全体のレベルで予測することが将来的に可能になると期待される。さらに RAD マーカーによるゲノム・スキャンを行ったところ、共生真菌相と関連する宿主植物の遺伝マーカーを発見した。生物群集の構造に関する知見（図 1）に、生態系内の遺伝子の働きに関する情報を統合することで、さらに地下生態系の動態の詳細を多角的に解明できると期待される。今後もこの方向性で、分野融合を継続していきたい。

様式21

以上の成果により、森林および農地における微生物群集の動態を一挙に解明する生態学的な研究の基礎を構築できたと自負している。いっぽうで、その技術と知見を実際の生態系再生・設計・管理に活かしていくためには、基礎生態学と応用生態学との連携を強化して、息の長い地道な取り組みが必要とされる。新たな技術の開発や基礎理論の整備によって得られた成果を生かしていくためには、5年、10年、20年という時間スケールでの取り組みが必要であり、補助事業終了後もその責任を果たすべく、専門分野間の架け橋として活動していきたい。

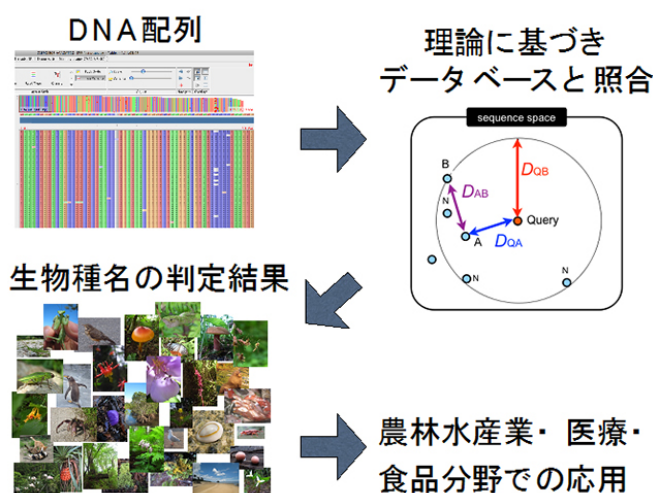


図1. 本プロジェクトで開発されたプログラム Claident (Tanabe & Toju 2013 PLOS ONE) によって、次世代シーケンシングの膨大なデータを生態学のデータ行列に変換できる。

mOTU	superkingdom	kingdom	phylum	class	order	family	genus	N
contig_855	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					88
contig_267	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Eurionomycetes	Chaetothiales	Herpotrichiellaceae		56
contig_859	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					36
contig_175	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	Russula	31
contig_791	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Leotiomycetes				31
contig_27	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	Lactarius	20
contig_19	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae		19
contig_829	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	Melinomyces	12
contig_171	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					11
contig_263	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					10
contig_29	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Eurionomycetes	Chaetothiales	Herpotrichiellaceae	Casronia	10
contig_847	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	Mycena	9
contig_221	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	Lactarius	8
contig_125	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	Cryptosporiopsis	8
contig_141	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					7
contig_273	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					7
contig_187	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	Russula	6
contig_251	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae		6
contig_128	Eukaryota	Fungi						6
contig_15	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Leotiomycetes		Myxotrichaceae	Diodendron	6
contig_161	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					6
contig_227	Eukaryota	Fungi						6
contig_249	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					6
contig_853	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					6
contig_223	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	Hypocrea	6
contig_183	Eukaryota	Fungi	Glomeromycota	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae		5
contig_257	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Cantharellales	Clavariaceae	Clavulina	5
contig_875	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	Tomentella	5
contig_173	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					5
contig_189	Eukaryota	Fungi						5
contig_1	Eukaryota	Fungi	Glomeromycota	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae		4
contig_193	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	Russula	4
contig_263	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Duthieomycetes			Cenococcium	4
contig_275	Eukaryota	Fungi	Basidiomycota	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	Tomentella	4
contig_207	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					4
contig_265	Eukaryota	Fungi	Ascomycota	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	Cryptosporiopsis	4
contig_277	Eukaryota	Fungi						4
contig_31	Eukaryota	Fungi	Ascomycota					4

表1. Claident で DNA 配列から生物を自動同定できる。1回の次世代シーケンシングで数千種類の真菌が得られる（以下はその抜粋）。

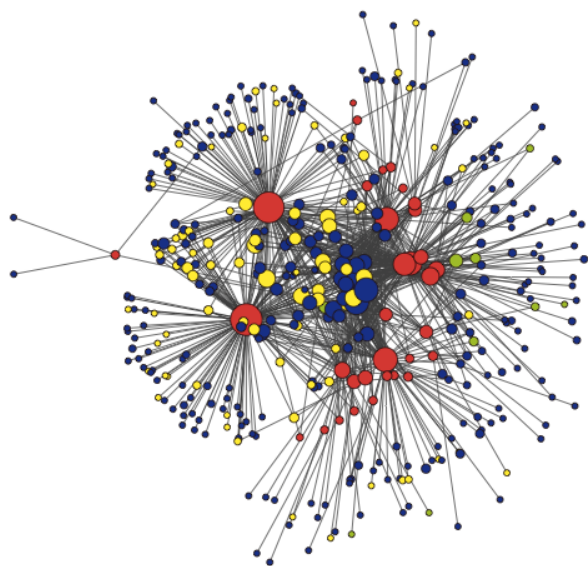


図2. 京都市の森林の共生ネットワーク。赤は植物種 (33 種)、黄色は外生菌根菌、緑色はアーバスキュラー菌根菌、青色はまだ生態情報が蓄積されていない真菌類である。

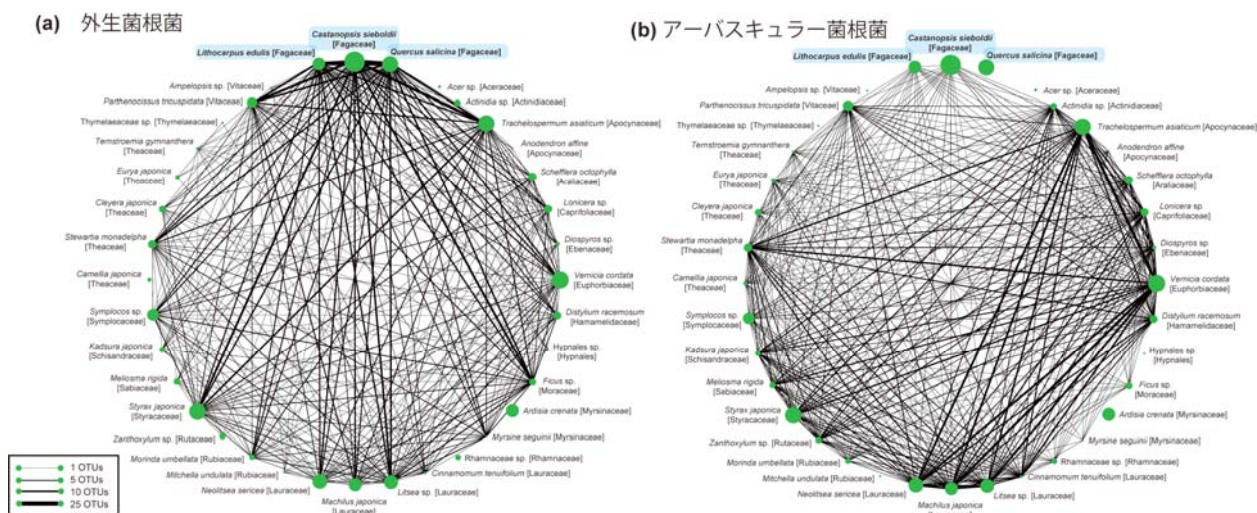


図3. 植物種間で共有される外生菌根菌とアーバスキュラー菌根菌の種類数(屋久島の森林)。この植物群集では、外生菌根性の樹種 (水色の網掛け) とアーバスキュラー菌根性の樹種 (水色以外) が共存している。アーバスキュラー菌根菌は、主にアーバスキュラー菌根性の植物種間で共有されていたが、外生菌根菌は群集内の多様な植物種間で共有されていた。この結果は従来の菌根共生の概念に新たな視点を与える。

6. 研究発表等

<p>雑誌論文</p> <p>計 9 件</p>	<p>(掲載済み一査読有り) 計 8 件</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Yamamoto S, Sato H, Tanabe AS, Hidaka A, Kadowaki, K, and Toju H. (2014) Spatial segregation and aggregation of ectomycorrhizal and root-endophytic fungi in the seedlings of two <i>Quercus</i> species. PLOS ONE 9:e96363. 2. Toju H, Sato H, and Tanabe AS. (2014) Diversity and spatial structure of belowground plant-fungal symbiosis in a mixed subtropical forest of ectomycorrhizal and arbuscular mycorrhizal plants. PLOS ONE 9: e86566. 3. Kadowaki K, Sato H, Yamamoto S, Tanabe AS, Hidaka A and Toju H. (2014) Detection of the horizontal spatial structure of soil fungal communities in a natural forest. Population Ecology 56:301-310. 4. Toju H, Yamamoto S, Sato H, and Tanabe AS. (2013) Sharing of diverse mycorrhizal and root-endophytic fungi among plant species in an oak-dominated cool-temperate forest. PLOS ONE 8: e78248. 5. Tanabe AS and Toju H. (2013) Two new computational methods for universal DNA barcoding: A benchmark using barcode sequences of bacteria, archaea, animals, fungi, and land plants. PLOS ONE 8: e76910. 6. Toju H, Sato H, Yamamoto S, Kadowaki K, Tanabe AS, Yazawa S, Nishimura O, and Agata K. (2013) How are plant and fungal communities linked to each other in below-ground ecosystems? A massively-parallel pyrosequencing analysis of the association specificity of root-associated fungi and their host plants. Ecology and Evolution 3: 3112-3124. 7. Toju H, Yamamoto S, Sato H, Tanabe AS, Gilbert GS, and Kadowaki K. (2013) Community composition of root-associated fungi in a <i>Quercus</i>-dominated temperate forest: "co-dominance" of mycorrhizal and root-endophytic fungi. Ecology and Evolution 3: 1281-1293. 8. Toju H, Tanabe AS, Yamamoto S, and Sato H. High-coverage ITS primers for the DNA-based identification of ascomycetes and basidiomycetes in environmental samples. (2012) PLOS ONE 7: e40863. <p>(掲載済み一査読無し) 計 1 件</p> <p>東樹宏和(2011)「共進化する世界」でつながる生命. 生物科学. 63:2-7.</p> <p>(未掲載) 計 0 件</p>
<p>会議発表</p> <p>計 33 件</p>	<p>専門家向け 計 29 件 (プロジェクト経費で雇用した研究員の発表 11 件を含む。)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 東樹宏和. 「次世代シーケンシングで生物種間の共生ネットワークを読みとく」. (企画:岩崎渉・古田芳一). 第三回 NGS 現場の会. 2013 年 9 月 4 日. 神戸国際会議場. 2. 東樹宏和. 「植物と真菌の共生関係を森林全体レベルで解明する 外生菌根菌・アーバスキュラー菌根菌・内生菌が形作る複雑な地下群集」. (企画:小八重善裕)「菌根共生からみる植物栄養の新時代」. 2013 年土壌肥料学会. 2013 年 9 月 12 日. 名古屋大学. 3. Toju H. "Does massively-parallel pyrosequencing revolutionize empirical studies of ecological networks?" Organized by Toshiyuki Namba, "Network Structure and Dynamics of Ecological Communities", Plenary symposium of the 29th Annual Meeting of the Society of Population Ecology. October 12, 2013. Osaka Prefecture University. 4. 東樹宏和. "Below-ground networks of plants and fungi". Hakubi Camp Seminar. 2013 年 4 月 19 日. 関西セミナーハウス. 5. Toju H. "How are plant and fungal communities linked to each other in below-ground

	<p>ecosystems? A community-wide analysis of the partner preference of root-associated fungi and their host plants". INTECOL2013. August 22, 2013. ExCel London.</p> <p>6. 東樹宏和(企画責任). 日本生態学会企画集会「群集生態学の理論と実証をつなぎ直す: 「空間」への視点で群集理解を革新する」. 第 61 回日本生態学会大会. 2014 年 3 月 15 日. 広島国際会議場.</p> <p>7. 東樹宏和「次世代シーケンシングで解き明かす地下生態系の構造」第 237 回生態研セミナー(世話人: 山内淳).2012 年 6 月 15 日. 京都大学生態学研究センター.</p> <p>8. 東樹宏和「生物間相互作用の巨大ネットワークを読み解く」.東北大学第 75 回生態適応セミナー(世話人: 占部城太郎).2012 年 11 月 7 日. 東北大学理学部.</p> <p>9. 東樹宏和「微生物の世界と環境ジェノミクス」.第 16 回 龍谷エコロジーセミナー(世話人: 近藤倫生).2012 年 12 月 19 日. 龍谷大学.</p> <p>10. 東樹宏和."Belowground networks of ecosystems". Hakubi Camp Seminar. 2012 年 4 月 13 日. 関西セミナーハウス.</p> <p>11. 東樹宏和(企画責任). 「先端技術で野外生態学を革新する:「誰でも次世代シーケンス」の時代で独自 路線を歩むために」. 日本生態学会第 60 回全国大会. 2013 年 3 月 6 日. グランシップ静岡.</p> <p>12. 田辺晶史・東樹宏和. 「あらゆる生物に適用可能な DNA 塩基配列同定システム:「網羅的メタゲノミック バーコーディング」へ向けて」. 日本菌学会第 56 回岐阜大会シンポジウム「菌類におけるメタゲノム解析の現状と今後の展望 -メタゲノム解析から何が分かるのか?-」(企画: 佐藤博俊). 2012 年 5 月 26 日. 岐阜大学応用生物科学部.</p> <p>13. 田辺晶史・東樹宏和. 「Claident: DNA 塩基配列のホスト生物同定システム」. 日本生態学会近畿地区 会 2012 年度第 1 回例会. 2012 年 6 月 9 日. 京都大学生態学研究センター.</p> <p>14. 田辺晶史・東樹宏和. 「Claident: DNA 塩基配列のホスト生物同定システム」. 日本進化学会第 14 回東 京大会. 2012 年 8 月 23 日. 首都大学東京南大沢キャンパス.</p> <p>15. 田辺晶史. 「塩基配列と生物種名の深い谷: 新規準とアルゴリズムで橋を架ける」. 第 75 回生態適応 セミナー. 2012 年 11 月 7 日. 東北大学青葉山キャンパス.</p> <p>16. 田辺晶史. 「超並列 DNA シーケンサ対応網羅的メタゲノミックバーコーディングシステム Claident の設 計と実装」. 2013 年 3 月 6 日. 静岡県コンベンションアーツセンター.</p> <p>17. 佐藤博俊・服部力・東樹宏和. 「東南アジア熱帯雨林における根圏共生菌の多様性パターンと宿主特 異性の解明」. 日本植物分類学会第 12 回大会. 2013 年 3 月 15 日. 千葉大学(ポスター発表)</p> <p>18. 佐藤博俊・服部力・東樹宏和. 「マレーシアサラワク州の低地フタバガキ林における外生菌根菌と根圏内生菌の宿主特異性と α, β 多様性について」. 第 124 回日本森林学会テーマ別セッション「もう一つの森の主演・菌根 :基礎研究から応用研究まで」(企画:成松眞樹). 2013 年 3 月 27 日. 宇都宮大学</p> <p>19. 山本哲史・佐藤博俊・田邊晶史・日高周・門脇浩明・東樹宏和「根に居住する菌類どうしの相互作用は ホスト植物間の菌群集の分化を促すか?」日本生態学会第 60 回全国大会(ポスター発表、2013 年 3 月、静岡)</p> <p>20. 門脇浩明. 「土壌共生菌がつくりだす森林の多様性:大規模移入操作実験と最先端分子同定技術の融合」. 日本生態学会第 60 回全国大会シンポジウム「先端技術で野外生態学を革新する:「誰でも次 世代シーケンス」の時代で独自路線を歩むために」(企画: 東樹宏和). 2012 年 3 月 6 日. 静岡県コンベンションアーツセンター.</p> <p>21. 門脇浩明. 「土壌共生菌がつくりだす森林の多様性:大規模移入操作実験と最先端分子同定技術の 融合」. 日本森林学会第 124 回大会シンポジウム「もう一つの森の主演・菌根:基礎研究から応用研究まで」. 2012 年 3 月 27 日. 岩手大学.</p> <p>22. 日高周、山本哲史、田辺晶史、佐藤博俊、東樹宏和「野外におけるコナラ実生の生育状態と真菌群集 の関係」、根研究集会(第 37 回)、2012 年 12 月 2 日、京都大学 理学部セミナーハウス</p> <p>23. 東樹宏和. 「共進化の視点で生態系を読み解く」. 農業系研究施設セミナー(世話人: 吉永直子). 2011 年 7 月 12 日. 京都大学農学研究科. [招待講演]</p> <p>24. 東樹宏和(企画責任)・瀬川高弘(企画責任). 未知の多様性探索とゲノム情報. 日本進化 学会 2011. 2011 年 7 月 30 日. 京都大学 百周年記念ホール.</p>
--	---

	<p>25. Toju H. "Coevolution, diversification and network structuring in terrestrial ecosystems: Developing an integrative approach for understanding ecological and evolutionary dynamics". Organized by John N. Thompson. Department Seminar of EEB Biology, University of California Santa Cruz. November 16, 2011. University of California Santa Cruz, USA. [招待講演]</p> <p>26. Toju H. "Coevolutionary dynamics in ecological communities: How bioinformatics fill the gap between ecology and evolutionary biology?" Organized by Tadashi Fukami & Mifuyu Nakajima. Fukami Lab Seminar. November 28, 2011. Stanford University, USA. [招待講演]</p> <p>27. 東樹宏和. 「土壌」から新しい環境科学を育てる: 菌根菌を利用した森林再生と農業生態系の設計をめざして. 京都大学森林生物学研究室 第30回森林生物学特別セミナー(世話人: 坂田ゆず・横川昌史). 2012年1月25日 [開催予定]. 京都大学農学研究科. [招待講演]</p> <p>28. 東樹宏和(企画責任). 「地下生態系をまるごと解き明かす: ネットワーク理論・物質循環・ゲノム情報を統合した新戦略を立ち上げる」. 第59回日本生態学会大会企画集会. 2012年3月18日. 龍谷大学.</p> <p>29. 東樹宏和・佐藤 博俊・山本 哲史・田辺 晶史・日高 周・門脇 浩明. 「菌根共生の動態を次世代シーケンシングで解き明かす」. 第123回日本森林学会大会シンポジウム「隠れた森の主演・菌根」(企画: 石田孝英). 2012年3月28日. 宇都宮大学. [招待講演]</p> <p>一般向け 計4件</p> <p>1. 「研究室企画: 生き物たちのつながりを探る: 生物多様性と共生のネットワーク」. 京都大学11月祭り. 2011年11月23日/26日. 京都大学総合博物館. (新規報告)</p> <p>2. 東樹宏和. 「生態系の動態を探る: 生物は自然界でどうつながっているのか?」. 京都大学微生物科学寄附研究部門主催シンポジウム「微生物科学研究の現状と展望」(企画: 島純). 2011年6月23日. 京都大学 芝蘭会館 稲盛ホール. [招待講演]</p> <p>3. 東樹宏和. 「植物と菌類の地下ネットワークと生態系」. 京都大学アカデミックデイ. 2012年9月2日. 京都大学百周年時計台記念館.</p> <p>4. 東樹宏和. 「DNA 情報で生態系を読み解く」(こたつを囲んで膝詰め対話). 京都大学アカデミックデイ 2013. 2013年12月21日. 京都大学百周年時計台記念館</p>
<p>図書 計7件</p>	<p>1. 東樹宏和(分担執筆) (2012) 『共進化』 In 巖佐 庸・遠藤一佳・大島泰郎・河田雅圭・倉谷 滋・斎藤成也・塚谷裕一・長谷川真理子・疋田 努・深津武馬・三中信宏・矢原徹一 編. 『進化学事典(日本進化学会創立 10周年記念出版物)』. ISBN 978-4-320-05777-7 . B5判 996頁. 共立出版.</p> <p>2. 東樹宏和(分担執筆) (2012) 『植物と昆虫の共進化』 In 巖佐 庸・遠藤一佳・大島泰郎・河田雅圭・倉谷 滋・斎藤成也・塚谷裕一・長谷川真理子・疋田 努・深津 武馬・三中信宏・矢原徹一編. 『進化学事典(日本進化学会創立 10周年記念出版物)』. ISBN 978-4-320-05777-7 . B5判 996頁. 共立出版</p> <p>3. 東樹宏和. (2012) 「共進化」. In 巖佐 庸・遠藤一佳・大島泰郎・河田雅圭・倉谷 滋・斎藤成也・塚谷裕 一・長谷川真理子・疋田 努・深津武馬・三中信宏・矢原徹一 編. 「進化のすべて(日本進化学会創立 10周年記念出版物)」 共立出版. [招待執筆]</p> <p>4. 東樹宏和. (2012) 「植物と昆虫の共進化」. In 巖佐 庸・遠藤一佳・大島泰郎・河田雅圭・倉谷 滋・斎藤 成也・塚谷裕一・長谷川真理子・疋田 努・深津武馬・三中信宏・矢原徹一 編. 「進化のすべて(日本進 化学会創立 10周年記念出版物)」 共立出版. [招待執筆]</p> <p>5. 酒井聡樹・高田壯則・東樹宏和(2012)「生き物の進化ゲーム 一進化学生態学最前線: 生物の不思議を 解く一 第改訂版」. 共立出版.</p> <p>6. 東樹宏和 (2013) 「軍拡競走」・「適応地形」・「適応放散」. In. 上田恵介編. 「行動生物学辞典」. 東京化学同人.</p>
<p>産業財産 権 出願・取得</p>	<p>(取得済み) 計0件 (出願中) 計0件</p>

様式21

状況	
計0件	
Webページ (URL)	東樹宏和 HP https://sites.google.com/site/toju/Home/japanese-nihongo
国民との科学・技術対話の実施状況	<ol style="list-style-type: none"> 1. 京都大学 11 月祭での、一般向けアウトリーチ(「研究室企画: 生き物たちのつながりを探る: 生物多様性と共生のネットワーク」. 2011 年 11 月 23 日/26 日. 京都大学総合博物館) [研究成果の一般向けポスター発表] 2. 京都大学微生物科学寄附研究部門主催シンポジウム「微生物科学研究の現状と展望」での一般向け講演(「会議発表」参照) [研究成果の一般向け講演] 3. 「京都大学アカデミックデイ」における一般向け発表 日時:2012 年 9 月 2 日(日) 10:00~17:30 場所:京都大学百周年時計台記念館 参加者:531 人 [研究成果の一般向けポスター発表] 4. 「DNA 情報で生態系を読み解く」(こたつを囲んで膝詰め対話). 京都大学アカデミックデイ 2013. 2013 年 12 月 21 日. 京都大学 [一般対象: 529 名] [来場者とコタツを囲んで研究成果を説明しつつ、双方向のコミュニケーションを行った。]
新聞・一般雑誌等掲載 計3件	「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」 朝日新聞(10月21日夕刊 10面) 京都新聞(10月23日 23面) 日刊工業新聞(10月21日 16面)
その他	

7. その他特記事項