

先端技術の融合で解き明かす地下生態系のブラックボックス

研究者所属・職名 :
生態学研究センター・准教授

ふりがな とうじゅ ひろかず

氏名 : 東樹 宏和

主な採択課題 :

- [基盤研究\(A\)「先端技術の融合で解き明かす地下生態系のブラックボックス」\(2018-2021\)](#)
- [挑戦的萌芽研究「大規模DNAバーコーディングで食物網解析を革新する」\(2014-2015\)](#)

分野 : 生態学、進化学

キーワード : 食物網、ネットワーク、DNAメタバーコーディング、安定同位体

課題

●なぜこの研究をおこなったのか？（研究の背景・目的）

陸上植物によって生産された有機物(純一次生産)のうち、地上の食物網に直接流れるのは1割ほどである。大半の炭素は地下生物圏に流入する(図1)が、微生物や土壌動物の圧倒的多様性に研究が阻まれ、生物間相互作用網の構造はブラックボックスのままである。本プロジェクトでは、申請者らが世界的な技術的優位性をもつDNAメタバーコーディングと安定同位体解析を融合し、植物から地下真菌・土壌節足動物・地上節足動物へとつながる生物間相互作用網を、種レベルの解像度で解明する。

●研究するにあたっての苦労や工夫（研究の手法）

現代の生態学では、あたかも炭素が地下生態系内でいったん「消え」、地上生態系でどこからともなく再び「現れる」かのように扱われている。こうした状況のままでは、いつまでたっても陸上生態系の動態を包括的に把握できない。地下から地上に至るまでの相互作用網を辿り切る技術力と土壌生物の分類・生態知識を統合する異分野融合チームで、陸上生態系に関する理解を革新する。本プロジェクトを通じて、DNAメタバーコーディングと安定同位体分析を融合する。

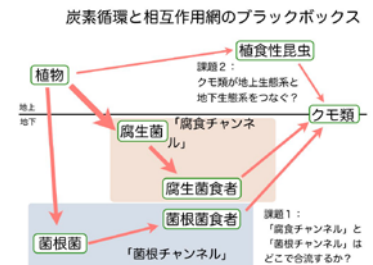


図1 炭素動態

先端技術の融合で解き明かす地下生態系のブラックボックス

研究成果

●どんな成果がでたか？どんな発見があったか？

地上生態系と膨大なバイオマスを抱える地下生態系の動態をつないでいる可能性のある、クモ類を主な対象に、複雑な食物網構造の解明を進めている(図2)。これまでに、クモ類のDNA増幅を抑えつつ、餌種のデータを効率的に取得できるDNA分析技術の開発に成功した。先行研究(Toju & Baba 2018 Zoological Letters)で使用していたようなブロッキングプライマーが不要となり、より簡便な分析が可能になる。この新しいプライマーを用いた場合、捕食者であるクモ自体のDNA増幅がかなり抑えられるため、分析コストを低下させることもできる。上記の手法的な進展に加え、時系列の捕食者群集サンプリングを実施した。毎月中旬に、地表徘徊性および造網性のクモ類を300個体ほどサンプリングし、個別のチューブに保管した。その捕食者1個体1個体からのDNA抽出を進め、時系列に沿った大量の捕食-被食関係データを取得したところ、多様な六脚類が餌種として検出された。安定同位体分析の精緻化も進んできており、DNAメタバーコーディングと安定同位体分析の融合による重厚な食物網研究の土台ができつつある。また、クモ類やトビムシ類などについて、リファレンスデータベースの作成にむけたサンプル収集・同定・DNA分析も随時進めている。

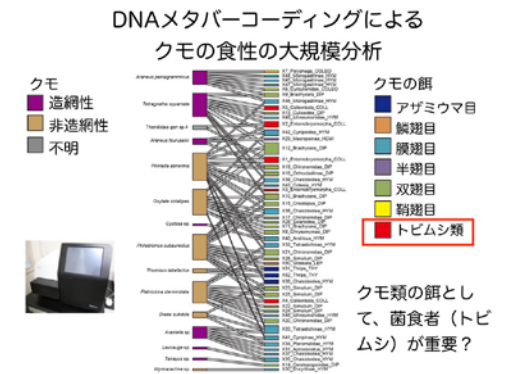


図2 クモと餌生物の食物網

今後の展望

●今後の展望・期待される効果

DNAメタバーコーディング分析および安定同位体分析について、精緻化・効率化をさらに進め、大規模かつ高精細な食物網分析のプラットフォームを構築することを目指す。本プロジェクトで開発した手法の応用により、野外の生物間相互作用の動態に関する情報の量が飛躍的に増大することが期待される。

図3 DNA情報による生物群集解析

