2024 年度年次報告書

データ駆動・AI 駆動を中心としたデジタルトランスフォーメーションによる生命科学研究の革新 2023 年度採択研究代表者

東樹 宏和

京都大学 生命科学研究科 教授

多種生命システムの安定化と機能最適化を実現する融合科学の創生

主たる共同研究者:

鈴木 健大 (理化学研究所 バイオリソース研究センター 開発研究員) 山道 真人 (情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 准教授)

研究成果の概要

水圏微生物叢の大規模時系列データセット(377 日 x 5 反復)にエネルギー地形解析を適用したところ、少数の「代替安定状態」が存在することが明らかになった。時系列の中で劇的な群集構造の変化(レジームシフト)が繰り返し起こっていることが明確となり、生物群集における多重安定性の存在を明白に示すことができた。バックグラウンドの環境要因をエネルギー地形解析の統計モデルに入れ込むことで、安定性地形の環境依存性を示すこともできた。

土壌微生物叢の時系列動態を対象とした解析では、時系列因果推論によって細菌種間の相互作用ネットワークの構造を有効グラフとして推定した。この土壌微生物叢に関する有効グラフの構造を、これまでに報告されている様々なシステム(線虫の神経ネットワークや大腸菌の代謝ネットワーク等)の有効グラフの構造と比較し、その特殊性を考察した。また、この土壌生態系を対象としたショットガン・メタゲノミクス解析を須田亙チームの協力を得ながら実施し、最終的に 600 のmetagenome-assembled genomes (MAGs)を取得することができた。上記の有効グラフ上で重要な位置を占める細菌種のゲノム特性を明らかにする足場を構築することができた。

この他、生物群集に関する新たなデータセットを得るため、滋賀県立琵琶湖博物館の協力を得て、5つの水槽における長期時系列(300時間点以上)サンプルを取得した。

本プロジェクトの鈴木グループおよび山道グループとは、鶴岡や三島における研究合宿をはじめとして頻繁に議論しつつ、日本生態学会でのシンポジウム開催(鈴木が主催)等での広報活動を行った。また、須田チームと日本微生物生態学会でワークショップを共同開催するとともに、ウィーン大学のメタボロミクス分野の責任者との共同研究を開始し、研究ネットワークの拡大を図った。

【代表的な原著論文情報】

- Noguchi M, Toju H (2024) Mycorrhizal and endophytic fungi structure forest below-ground symbiosis through contrasting but interdependent assembly processes. *Environmental Microbiome* 19:84
- 2) Fujita H, Yoshida S, Suzuki K, Toju H (2025) Alternative stable states of microbiome structure and soil ecosystem functions. *Environmental Microbiome* 20:28