

## 研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		生物多様性の消失と生態系基盤サービスの劣化予測: 微小生態系実験を用いた定量的解析			
研究テーマ (欧文) AZ		Effects of biodiversity loss on ecosystem services: quantitative analysis of data from microcosm experiments			
研究氏 代表名 者	カタカナ CC	姓)ヨコカワ	名)タイチ	研究期間 B	2014 ~ 2015 年
	漢字 CB	横川	太一	報告年度 YR	2015 年
	ローマ字 CZ	Yokokawa	Taichi	研究機関名	国立研究開発法人海洋研究開発機構
研究代表者 CD 所属機関・職名		国立研究開発法人海洋研究開発機構 海洋生命理工学研究開発センター・研究員			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>生態系の構造と機能は、環境の変動や攪乱影響下で絶えず変化しており、単一の安定状態の存在を前提とした生態系管理は成功しないことが明らかになりつつある。そこで本研究では生態系の適応力に注目して、環境変化に対して生態系が変化しつつも生態系基盤サービスが維持されるような範囲を設定することを最終目的に、環境変動に対する生物群集の応答とそれにともなう生態系機能の変化を定量的に解析する事を目指した。</p> <p>実験では、細菌群集組成を任意に変化させた状態における、群集の応答とそれにともなう生態系機能の変化を定量的に解析した。29 種のタイプストレイン(生理特性やゲノム情報が既知の保存細菌株)から 10 種をランダムに選択した群集を 6 パターン作成し、微小生態系実験を繰り返し行った。群集が持つ多様性特性として、各細菌株の全ゲノム配列を基にした情報(ゲノム長、遺伝子量、系統的多様性、代謝経路の数)を併合し数値化した。また、細菌群集の生態系機能として、呼吸量および基質利用特性(EcoPlate, BIOLOG)の測定を行った。</p> <p>実験の結果、6 パターンいずれの群集においても、呼吸量、基質利用特性は異なっていた。一方で、群集が示す生態系機能の変動と、群集の多様性特性に有意な関係性はみられなかった。これらの結果は、種数が同じでも、異なる細菌群集組成は異なる生態系機能を有することを示している。また 29 種中 24 種の単一株の特性を用いた実験解析から、群集の生態系機能は単一株の性質を足し合わせた結果では説明出来ないことも実験的に示された。以上の結果から、生態系の構造と機能は、生物群集の構成種が変わると変動する性質をもっていること。また生態系を構成する個々の細菌機能の総和では決まらないことが明らかとなった。</p> <p>今後、本研究で得られた結果に確認用の追加実験を加えてすみやかに論文発表を進める。また本助成研究で確立した実験系を指標生態系として利用し、様々な生態系攪乱に対する生態系の適応力についても引き続き解析を進めている。</p>					
キーワード FA	生物多様性	生態系機能	細菌群集構造		

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要 <sup>EZ</sup>

Bacterial community in environments plays important roles in processes of organic matter degradation and remineralization. Concern that the relationship between bacterial diversity and functioning of ecosystem has prompted microbial ecology in recent years. The mechanisms of this relationship are still under debate despite the accumulating results the bacterial community consists of diverse bacterial species, which have different ecological traits. In this study we determined bacterial community function in microcosms with isolated bacterial communities, and to explore how different communities make different function in bacterial properties (i.e., respiration, resource availability). Our working hypothesis is that more diverse community shows the maximum values in the bacterial properties. To test this hypothesis, we used six types of bacterial community, which consist of randomly selected ten strains from 29 type-strains of bacteria, which have been determined whole genome, for examining the community and function relationships in microcosm experiments. Our data demonstrated that bacterial properties varied depend on community compositions. However, the variations of bacterial properties of each bacterial community were not explained by biodiversity of isolates (i.e., length of chromosome; gene abundance; phylogenetic diversity; amount of metabolism pathways)