

細菌の増殖プロファイリングにより進化的系統や地理的分布を明らかに

6種の細菌を195種類の培地で増殖させた様子を網羅的に計測し、得られた増殖パターンが、これらの細菌の進化的系統や地理生態的特徴に一致することを発見しました。本研究成果は、制御された実験室内においても自然生態系の再現や進化や生態に関する法則を発見できる可能性を示唆しています。

本研究では、厳密的に制御された実験室内環境下での細菌の網羅的増殖解析を通じて、自然界における生態的ニッチ（生態系内での地位）や進化的関係性を明らかにする新たなアプローチを提案しました。

6種類の細菌を195種類の栄養環境（培地）下で培養し、それぞれの増殖プロファイリングを行い、増殖の速さおよび集団サイズ（最大菌体量）の2つの定量的指標を4,680通り取得しました。この大規模な実験的マッピングから、幅広い栄養環境下における細菌の適応度の全体像を明らかにしました。その結果、細菌ごとに異なる増殖パターンがある一方で、同じ系統に属する細菌は類似した増殖傾向を示し、生息環境や分布域といった生態的特徴との対応などの共通性も見られました。また、各細菌の増殖パターンに基づいて系統分類を行ったところ、ゲノム遺伝情報に基づく系統分類や地理的分布に基づく生態分類と一致することを発見しました。これは、細菌増殖のプロファイル（パターン）は進化的、生態的に保存された特性であることを示唆しています。さらに、培地の栄養成分が細菌増殖に及ぼす影響には、「普遍的」と「特異的」と2つの特徴があることが判明しました。

本研究成果は、制御された実験室内においても自然生態系の再現や進化や生態に関する法則を発見できる可能性、すなわち、細菌増殖を指標とした実験室内生態系という研究アプローチと、微生物の生態進化適応における新規発見や機構解明に新たな方法論を提案するものです。本手法は、微生物の適応度の予測や新規分類法の開発への応用も期待されます。

研究代表者

筑波大学生命環境系
應 蓓文 准教授

研究の背景

微生物は環境中における物質循環や生態系の維持に欠かせない存在です。そのため、微生物が異なる栄養環境にどのように応答し、その増殖特性が系統進化や生態的ニッチ（生態系内での地位）とどのように結びついているかを明らかにすることは、微生物群集の構造や機能を理解する上で不可欠です。しかし、自然環境は極めて複雑で、微生物の動態を直接観察、解析することは容易ではなく、通常は、実験室内で制御された条件下において微生物の成長を観測します。しかしながら、従来の研究では、限られたモデル細菌を用いて、集団動態（増殖）を調べる試みが行われているものの、系統的に多様な微生物群を対象とした網羅的な解析はほとんどなく、実験的な増殖データが自然生態系における動態をどこまで再現しているかも十分には検証されていませんでした。一方、微生物の増殖は、栄養環境との相互作用や進化的制約によって形成される動的特徴（パターン）であると考えられますが、そのパターンは生態的な戦略や進化系統的な特性を反映しているかは不明です。そこで、実験室内で得られた観測データから自然界の進化生態的模式パターンや特徴を検証する「実験室内生態系」が考案されています。

研究内容と成果

本研究では、自然環境における微生物の栄養応答と進化的特性の関係を明らかにすることを目的とし、系統的に多様な6種の細菌を対象に、195種類の異なる培地（栄養環境）での増殖実験を実施しました。各培地には30種類の成分（純粋な化学物質および天然成分）が異なる濃度で配合されており、得られた増殖曲線から、増殖の速さである増殖速度（ r ）および集団サイズである最大菌体量（ K ）の2指標を合計4,680通り取得しました。この大規模データのマッピングから、細菌の増殖プロファイルには菌株ごとの違いがある一方で、特定の系統に属する細菌同士は類似した増殖傾向を示すことが明らかになりました（参考図）。

さらに、自然環境中の微生物の地理的分布データと16S rRNA（リボソームを構成するRNA分子で、生物種を同定する際に用いる遺伝子配列）の遺伝データを整理し、これらのデータに基づいて微生物のクラスタリングを行いました。その結果、増殖データに基づいた分類は、既知の系統分類や地理的分布と高い一致を示し、微生物の栄養応答が進化的に保存された特徴である可能性が示唆されました。加えて、培地成分ごとの影響解析により、 r は複数の異なる成分の相互作用によって左右される（普遍的特徴）一方で、 K は特定の成分に強く依存して変動すること（特異的特徴）が明らかになりました。これらの成分効果は、化学的性質や栄養の分類に関係なく観察されており、微生物の栄養応答には複雑な制御が働いていることが示唆されました。

今後の展開

本研究で構築した解析手法は、制御された実験室内においても自然生態系の再現や進化や生態に関する法則を発見できる可能性を示しており、他の微生物種や環境条件にも応用可能で、微生物の機能予測や用途別の選抜に役立つと期待されます。特に、生態的・進化的背景に基づいた微生物の設計や利用において、実験的に得られた増殖プロファイルを活用した、より合理的なアプローチを提案するものです。また、本手法は産業用途にも展開可能であり、発酵やバイオ生産における栄養条件の最適化や、微生物の性能向上に貢献すると考えられます。

参考図

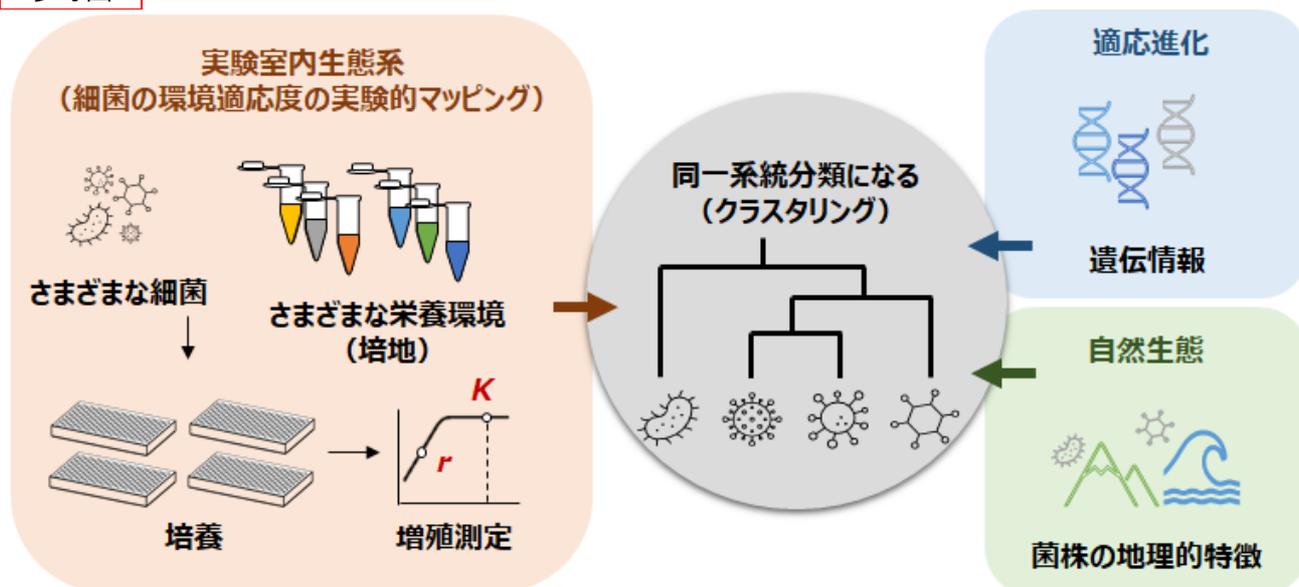


図 実験的マッピング（左、オレンジ部分）から得られた系統分類は、適応進化（右上、青部分）および自然生態（右下、緑部分）から予測された系統分類（中央、グレイ部分）と一致する。

研究資金

本研究は、科研費および次世代研究者挑戦的研究プログラムの支援により実施しました。

掲載論文

【題名】 Experimental Mapping of Bacterial Fitness Landscapes Reveals Eco-evolutionary Fingerprints

（細菌の適応度地形の実験的マッピングが生態進化的痕跡を明らかに）

【著者名】 Shuyang Zhang, Bei-Wen Ying

【掲載誌】 Scientific Reports

【掲載日】 2025年9月23日

【DOI】 10.1038/s41598-025-17103-0

問い合わせ先

【研究に関すること】

應 蓓文 (いん べいうえん)

筑波大学 生命環境系 准教授

URL: <https://www.u.tsukuba.ac.jp/~ying.beiwen.gf/index.html>

【取材・報道に関すること】

筑波大学広報局

TEL: 029-853-2040

E-mail: kohositu@un.tsukuba.ac.jp