

2024 年度  
創発的研究支援事業 年次報告書【公開版】

研究担当者	岡崎友輔
研究機関名	京都大学
所属部署名	化学研究所
役職名	助教
研究課題名	湖間比較で拓く高解像度な生態系多様性研究基盤
研究実施期間	2024 年 4 月 1 日～2025 年 3 月 31 日

**研究成果の概要**

当初計画通り、引き続き湖での調査を進めながら、得られた微生物サンプルを順次処理・解析し、ゲノム情報を整備する作業を進めている。昨年度より準備を進めてきた船上濾過による RNA サンプルの採集システムについては、11 月に鹿児島島の池田湖の調査で実働させ、初めて琵琶湖以外の大水深湖での微生物 RNA サンプルの採集に成功した。得られたサンプルからは順次 DNA/RNA を抽出し、シーケンス解析を進めている。これまでに国内からは 11 湖の約 60 サンプルが得られており、これに公共データベースや国際共同研究者から得た海外の湖のメタゲノムデータを加えることで、5 大陸の 31 湖のサンプルを横断的に解析しており、今後の湖間比較ゲノム解析の基盤となる成果が順調に得られている。また新たに水圏の細菌のゲノム解析を専門とする博士研究員を雇用し、今後解析を加速させる計画である。さらに本事業の RA 追加経費で雇用している博士課程学生を中心に、これまであまり研究が進められていなかった巨大ウイルスのゲノムに着目した研究を行い、時系列のロングリードメタゲノムデータが利用可能な琵琶湖において、淡水産巨大ウイルスでは最大規模となる高品質ゲノムデータセットを構築するとともに、その多様性や季節動態を明らかにし、論文として成果を発表した。また 8 月には国内外から 16 名の研究者を招待した国際ワークショップ “Workshop for emerging technologies and perspectives in lake microbial ecology 2024” を主催し、水圏微生物生態学の先端技術や知見を交換した。これを接点に、創発研究の枠をさらに広げる活動として、琵琶湖とチューリッヒ湖においてメタゲノム・メタトランスクリプトーム・メタプロテオーム・シングルセルゲノム解析を統合したマルチオミクス解析を行い、結果を湖間で相互比較する共同研究に発展している。総じて、計画通りの解析、論文発表、国内外とのネットワーキングや共同研究の加速、優秀な博士研究員の参画などが実現し、本研究は順調に進捗しているといえる。