

**京都大学教育研究振興財団助成事業  
成 果 報 告 書**

2022年 4月 7日

公益財団法人京都大学教育研究振興財団

会長 藤 洋 作 様

所属部局 化学研究所

職名 助教

氏名 岡崎 友輔

助成の種類	令和3年度・研究活動推進助成		
申請時の科研費研究課題名	先端的環境ゲノム解析で迫る原核生物の種内ゲノム多様化の謎		
上記以外で助成金を充当した研究内容			
助成金充当に関わる共同研究者	(所属・職名・氏名)		
発表学会文献等	(この研究成果を発表した学会・文献等) ・微生物生態学会第34回大会にて口頭発表 (演題:ロングリード解析で拓くメタゲノムビニングの限界と環境細菌ゲノムの微小多様性) ・成果論文を投稿(プレプリントとして公開済み: doi: 10.1101/2022.03.23.485478)		
成果の概要	研究内容・研究成果・今後の見通しなどについて、簡略に、A4版・和文で作成し、添付して下さい。(タイトルは「成果の概要／報告者名」)		
会計報告	交付を受けた助成金額	1,000,000 円	
	使用した助成金額	1,000,000 円	
	返納すべき助成金額	0 円	
	助成金の使途内訳	費目	金額
		実験消耗品購入費	575,908
		微生物培養器購入費	302,500
		旅費	46,820
		論文英文校閲費	66,033
		計算機使用料	8,739
当財団の助成について	(今回の助成に対する感想、今後の助成に望むこと等お書き下さい。助成事業の参考にさせていただきます。) 本助成のサポートをいただけたことで、赴任直後でしたが研究を滞りなく立ち上げることができ、次年度の科研費の採択に繋がりました。貴重な助成を頂いたことに感謝申し上げます。		

## 成果の概要／岡崎友輔

本研究では、微生物ゲノムの多様化メカニズムを明らかにすることを目的とし、湖沼に生息する細菌の環境ゲノム解析を行った。対象データは、琵琶湖沖において 2 水深、12 カ月にわたり採集した原核生物画分の 24 サンプルに由来し、ショートリードおよびロングリードシーケンサーを併用して得られたメタゲノムデータである。昨年度までの研究で、アセンブリ、コンティグのエラー補正、ビニングを行い、湖水中の微生物のドラフトゲノムカタログを得た。今年度は、これらのゲノム配列を対象に、ゲノムの微小多様性(Microdiversity)の検出を試みた。具体的には、ショートリードを用いた塩基多型の検出と、ロングリードを用いた構造多型の検出を行った。その結果、各ゲノム 1 Mbpあたり平均約 25000 個の塩基多型、構造多型についてはゲノム当たり平均 35 個程度の挿入または欠失が検出された。さらに、時系列サンプルの解析から、個体数が著しく減少し遺伝的ボトルネックがかかることがゲノムの多様化を著しく制限する要因であることを明らかにした。また多型の大多数が遺伝子コード領域と重複しており、その遺伝子機能の解析から、ウイルス感染に対する防御がゲノム多様化をもたらす主要因の一つであることが示唆された。本研究成果は、湖沼細菌の高品質ゲノムを多数構築したのみならず、環境中の微生物群集を対象にゲノムの微小多様性の実態を塩基・構造多型の両側面から網羅的に解明した初の成果である。本成果はすでに論文として取りまとめ、プレプリントサーバーおよび査読付き国際誌に投稿済みである。これらの研究を遂行するにあたり、消耗品購入費、論文の英文校閲費、スーパーコンピューターの使用料に本助成を活用した。本成果を受けて次年度以降は、本研究のサンプルと同時に採集したメタranscriptomeデータを用いた遺伝子発現解析や、琵琶湖以外の他の湖から得られた微生物サンプルとの比較ゲノム解析を行い、本研究で得られた仮説の検証と精緻化を図る。これにより、微生物ゲノムの多様化のユニバーサルなメカニズムに迫る研究への展開を構想している。

一方で、メタゲノム解析から得られた微生物の生理・生態学的な仮説を検証するためには、単離培養株を用いた実験的検証が不可欠である。湖沼に生息する細菌の多くは難培養性であるが、近年、限界希釈培養法を基盤とした手法による単離培養が相次いで報告されている。そこで今年度は、限界希釈培養法に基づく単離をハイスクレプトで行うことのできる培養系の構築を行った。これにあたり、消耗品および微生物培養器の購入費、また条件検討にかかる共同研究先での実験に要した旅費に本助成を活用した。本成果により、次年度以降の本格的な単離培養実験に向けた体制が構築できた。