

## 1杯の湖水に秘められた難題

岡崎 友輔

「琵琶湖はきれいな湖か?」という質問に答えるのは難しい。琵琶湖を見たことがなければ、霞ヶ浦や諏訪湖のような茶緑色の水が広がっているイメージを持たれる方もいるかもしれない。確かに、琵琶湖の南湖(南側の浅い湖盆)に限れば、水の色は「きれい」とは言い難い。一方で、北湖(琵琶湖の大部分を占める北側の深い湖盆)で湖水浴をしたことがあれば、「琵琶湖はきれいだ」と言いたくなるだろう。実際、北湖の透明度は冬季には10 mを超えることもあり、少なくとも見た目では「きれい」である。ところが、その一見透明な水を濃縮して蛍光顕微鏡で見たことがあるなら、その印象はまた違ってくるかもしれない。

一般的に湖水中には、1 mLあたり $10^5$ – $10^7$  cellsの細菌と、その10倍程度のウイルス粒子が存在する。その現存量は湖の栄養度などによって変動するが、概ね海洋と同程度のオーダーである。琵琶湖北湖であれば、コップ1杯の湖水に、日本の人口を超える細菌と、世界の人口に匹敵するウイルス粒子が存在する。泳げるほどにきれいな水の中でも、無数の微生物による生命活動が営まれており、水圏の生態系、生物多様性および物質循環の基盤をなしている。

海に囲まれ、火山・地殻活動に富む我が国は、浅くて富栄養の霞ヶ浦のような海跡湖から、カルデラ湖で透明度が20 mを超える超貧栄養の摩周湖、水深が400 mを超える田沢湖、1100年余り前の噴火で堰き止められてきたばかりの富士五湖から、400万年以上の歴史を誇る世界有数の古代湖の琵琶湖まで、多種多様な湖に恵まれている。海外に目を向ければ、五大湖やバイカル湖のような超大型湖(この2水系で世界の淡水湖の容積の3割以上を占める)、アルプスに多く見られる氷河湖、極域の平地に多数分布する腐植栄養湖などが見られ、湖の成因・構造・水質は実に幅広い。しかし興味深いことに、世界の淡水湖沼に生息する細菌群集は限られた優占系統によって構成されている。

淡水湖沼の細菌多様性研究における最重要文献の一つが2011年にNewtonらが発表した総説である<sup>1)</sup>。この研究はそれまでに世界中から報告されていた淡水湖沼の細菌の16S rRNA遺伝子の塩基配列を系統樹上で再整理した「淡水細菌図鑑」ともいえる成果である。本総説の発表後、シーケンス技術の劇的進歩により、報告される塩基配列数は爆発的に増えたが、湖沼細菌の多様性をとりま

く見解は今も大きくは変わっていない。淡水環境で特に現存量が多い代表的な細菌系統として、Actinobacteriaに属するacI, acIV系統、AlphaproteobacteriaのLD12系統、Betaproteobacteriaの*Limnohabitans*属や*Polynucleobacter*属があげられる。この他、Bacteroidetes, Cyanobacteria, Verrucomicrobia, Chloroflexi, Planctomycetesの各門の細菌系統もよく見られ、淡水環境によく出現する細菌系統は既存の16S rRNA遺伝子配列データベースによってほぼ網羅されている状況である。

「誰がいるか」が分かれば、次は「何をしているのか」が問題になる。ところが、淡水湖沼で優占する細菌のほとんどが難培養系統であり、その生態の解明は困難をきわめていた。近年、淡水湖沼においても、ショットガンメタゲノムによる未培養系統のゲノム解析が盛んに行われるようになった。一方、難培養系統の単離への不断の努力も着実に花開きつつあり、この数年を見ても重要な未培養系統の単離の報告が相次いでいる<sup>2-4)</sup>。これらの進歩により、ゲノム情報(ドライ解析)で得た仮説を、培養系(ウェット実験)で検証するアプローチが可能となり、今後湖沼細菌の生理・生態への理解が飛躍的に深まることが期待される。

ゲノム解像度での情報が蓄積されるにつれ、16S rRNA遺伝子の解像度で見えていた「世界中の湖に共通して出現する優占系統」にも実は膨大な系統内多様性が存在することが明らかになってきた。たとえば、16S rRNA遺伝子配列できわめて近縁な、日本の湖の細菌と、北米や欧州の湖の細菌間で、ゲノム解像度で見ると明確な差異があることが示されている<sup>5)</sup>。海洋と異なり、湖は互いに物理的に隔離され、それぞれが独自の歴史と環境を有する生態系であることから、湖間の類似性・相違性の検証により、微生物の系統地理・進化的な背景に迫る研究も可能である。我々はコップ1杯の湖水の中で起こっていることすら、まだほとんど何も理解できていない。そこに秘められた難題には、我々の生命観を変えるようなヒントが隠されているかもしれない。

- 1) Newton, R. J. *et al.*: *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, **75**, 14 (2011).
- 2) Salcher, M. M. *et al.*: *ISME J.*, **9**, 2442 (2015).
- 3) Henson, M. W. *et al.*: *ISME J.*, **12**, 1846 (2018).
- 4) Kim, S. *et al.*: *ISME J.*, **13**, 2252 (2019).
- 5) Mehrshad, M. *et al.*: *Microbiome*, **6**, 176 (2018).