

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和元年8月31日現在

機関番号：14301

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2017～2018

課題番号：17K19289

研究課題名（和文）湖沼深水層に特有の微生物ループの解明

研究課題名（英文）Research on microbial loop unique to lake hypolimnion

研究代表者

中野 伸一（Nakano, Shin-ichi）

京都大学・生態学研究センター・教授

研究者番号：50270723

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 4,900,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、湖沼深水層に特有の微生物ループを解明することを目的とした。琵琶湖の深水層で優占した細菌系統はBacteroidetes、Actinobacteria、ChloroflexiおよびPlanctomycetes門であった。細菌のショットガンメタゲノム解析では、各細菌系統の生理・生態的な特徴を予測することに成功した。琵琶湖の深水層において重要な細菌摂食者として考えられた原生生物は、Kinetoplastidsであった。池田湖と田沢湖の深水層では、微生物ループにおける細菌摂食者としてKinetoplastidsおよびCercozoaが重要と考えられた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

現在、「湖沼を地域の資源として活用していく」という考え方がある。この考え方では、「地域の望ましい湖沼像（地域の湖沼のあるべき姿）」を当該湖沼のステークホルダー（行政、地域住民、民間団体、事業者など）で共同して設定・共有し、地域で湖沼の管理方法を定める。これを行う際、地域の資源として湖沼がどのような姿をもっているか、特に地域特有の生物資源の存否は重要な観点となる。本研究では、各湖沼に特有な細菌種の生息が確認され、またそれらの細菌種のいくつかについては原生生物・鞭毛虫を介した食物連鎖も明らかとなった。これらの情報は、各湖沼特有の生物資源や生態系特性の発見として今後の湖沼管理に有益な情報となる。

研究成果の概要（英文）：The aim of the present study was to elucidate the food linkage between bacteria and protists, so-called “Microbial loop”, in hypolimnion of lakes. In the hypolimnion of Lake Biwa, the dominant bacterial lineages were Bacteroidetes, Actinobacteria, Chloroflexi and Planctomycetes. Shotgun metagenomic analyses suggested the physiological and ecological characteristics of dominant bacterial species. It was likely that kinetoplastid flagellates were the most important grazers on bacteria. In the hypolimnion of Lakes Ikeda and Tazawa, kinetoplastid and cercozoa flagellates were suggested as important grazers on bacteria.

研究分野：陸水生態学

キーワード：湖沼 深水層 微生物ループ CL500-11細菌 キネトプラスチド鞭毛虫 ピコ植物プランクトン

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

湖沼の植物プランクトンは、光合成の中間代謝物や自己の分解物として溶存態有機物(DOM)を排出する。DOMは細菌の餌資源となり、DOMにより生産された細菌バイオマスは原生生物の餌資源となる。このように、DOMから細菌を経て原生生物へとつながる食物連鎖は、微生物ループと呼ばれている。微生物ループは、従来良く知られている生食連鎖(植物プランクトンが動物プランクトンに摂食される食物連鎖)よりも多くの有機物を食物網の上位の生物に伝達することがある。

従来、微生物ループは光合成による有機物生産を起点としていることから、その研究のほとんどは光合成が活発な表水層(太陽光が透過し、よく混合された表層)において行われてきた。一方、湖沼の深水層は、太陽光が届かず、水温も低く、生物の現存量・生産が低いために多くの研究者の注目を受けることが無く、微生物ループの存在も確認すらされていない。地球温暖化の進行は、湖沼の水温成層の強化・長期化と湖水の鉛直混合の低下を引き起こし、深水層や底泥は貧酸素化する。このようなことから、湖沼の深部生態系への世界的関心が高まりつつある。研究代表者のグループは、琵琶湖の細菌群集組成の解明において(9)、特に夏季の琵琶湖の深水層では難分解性の溶存態有機物(DOM)が蓄積し(10)、クロロフレクサス門に属するCL500-11細菌のみが圧倒的に優占することを発見した(6)。さらに、この時期の琵琶湖深水層では、細菌食者であるキネトプラスチド鞭毛虫が全鞭毛虫の44%も占めていることも明らかにした(2,3)。これらの微生物は、表水層にはほとんど生息していない。つまり、夏季の琵琶湖では、難分解性DOMを餌資源とする細菌バイオマスの生産に基づく、深水層に特有の微生物ループが駆動しているのかもしれない。

2. 研究の目的

本研究は、研究代表者のグループがこれまで進めてきた琵琶湖深水層における微生物生態学的研究成果(2,3,6,7,9,10)に基づき、群集・ゲノム解析による細菌と原生生物の多様性と生理生態学的特性の解明、これら微生物の種や遺伝系統グループに特異的な食物連鎖の定量的データなどを通じ、湖沼深水層に特有の微生物群集による微生物ループを世界に先駆けて解明することを目的とした。

3. 研究の方法

琵琶湖については、本研究期間中、月に一回の頻度で、近江舞子沖において、ニスキン採水器により表水層(水深5m)と深水層(水深50mか60m)から試水を得た。また、本研究では、国内他湖沼も研究対象とした。すなわち、鹿児島県・池田湖(2017年11月25日)、秋田県・田沢湖(2018年9月6日)、北海道・支笏湖(2018年10月15日)、および青森県・十和田湖(2018年10月18日)においても、琵琶湖と同様にニスキン採水器を用い、鉛直的に試水を得た。

得られた試水は、0.2µm孔径のPCフィルターにろ過し、MO Bio社のPowerSoil DNA Isolation Kitを用いてDNAを抽出した。細菌の16S rRNAのV4とV5領域を改変530Fおよび907RプライマーにてPCR増幅し、PCR産物を等モルずつプールしてシーケンスした。シーケンス・データは、UPARSEを用いて97%以上の相同性を持つものを操作的分類群(OTU)として分類した。各OTUはSINA 1.2.11 online toolを用いて同定した。原核生物以外のOTUを除去した後、残ったリードを次の解析に用いた。得られたOTUは、湖沼に生息する細菌系統を16S rRNA遺伝子情報に基づいて整理した基準に準拠して分類した。また、湖水中の原核生物(0.2-5.0µm)をサイズ分画により採集し、DNAを抽出した。得られたDNAを用いて、断片化した全DNAの網羅的シーケンスによるゲノムの再構築(ショットガンメタゲノム)を行い、湖水中の微生物の組成とその生理・代謝特性の推定を行った。

原生生物については、得られた試水についてメッシュサイズ20µmのプランクトンネットをろ過を行い(本研究では、ナノサイズの原生生物を対象とした)細胞計数またはCARD-FISH(Catalyzed Reporter Deposition Fluorescence *in situ* Hybridization)用のサンプルとして現場で固定した。DNAの抽出はMO Bio社のPowerSoil DNA Isolation Kitを用いて行い、真核生物のユニバーサルプライマーを用いPCRを行ったのち、Roche 454 GS-FLX Titanium sequencerを用いて塩基配列の決定を行った。また、細菌食者として重要と考えられた原生生物グループについて、CARD-FISHによる定量評価を行った。

琵琶湖においては、原生生物による細菌の摂食による消費速度の測定も行った。採取した湖水をワットマンGF/Cフィルターでろ過して細菌より大きい粒子を取り除き、そのろ液をさらに0.2µm孔径のPCフィルターでろ過して細菌をフィルター上に捕集し、そのフィルターを反転して蒸留水で洗い流すことにより、琵琶湖の細菌を濃縮・集積した。このようにして集められた細菌を蛍光色素5-(4,6-ジクロロトリアジニル)アミノフルオレセイン(DTAF)で染色することにより、細菌疑似餌(FLB)を作成した。琵琶湖の水深5m(表水層)および水深50m(深水層)から試水について、研究代表者の手法(5)に従って原生生物による細菌に対する摂食速度を測定した。

4. 研究成果

本研究は、湖沼の深水層に着目していることから、以下では深層水の結果について述べる。

なお、本研究では深水層の対照として表水層においても研究を行った。

4 - 1 . 琵琶湖の結果

琵琶湖では、表水層・深水層を通じて *Bacteroidetes* と *Actinobacteria* が優占し、これらの細菌門の中でも acI-B1, acI-C2, acI-A7, Iluma-A1 (以上、*Actinobacteria*)、bacI-A1 の各系統と、bac-II-A clade、および bacI と bacV 系統(以上、*Bacteroidetes*)、さらに LimC cluster の *Limnohabitans* 属 (*Betaproteobacteria*) が検出された。深水層では上記 2 つの細菌門に加えて *Chloroflexi* や *Planctomycetes* 門の細菌も優占する (6, 7, 9)。

ショットガンメタゲノムからは、琵琶湖で優占する 57 の細菌系統のゲノムを培養非依存的に決定でき、その多くが 90%以上の復元率(completeness)の高品質なゲノムであった (図 1)。これらの中には、先述した表水層・深水層それぞれで優占する細菌系統のほか、その系統的新奇性から一般的な 16S rRNA 遺伝子の PCR プライマーが適合しないために検出できていなかった、新奇未培養細菌の系統群“Candidate Phyla Radiation (CPR)”に属する細菌のゲノムも含まれており、琵琶湖の細菌群集の多様性の高さが改めて示された (図 1; *Ca. Levybacteria* および *Ca. Saccharibacteria*)。得られたゲノムにコードされている遺伝子の解析により各細菌系統の生理・生態的な特徴を予測した結果、深水層で優占する CL500-11 系統はタンパク様の窒素が豊富な DOM を、CL500-3 系統は多糖類を主要な資源としている可能性が示された。また、深水層で優占する古細菌 *Ca. Nitrosoarchaeum* のゲノムからは、この細菌が独立栄養のアンモニア酸化古細菌であり、深水層における窒素及び炭素循環において重要な機能を担う系統であることが裏付けられた。また、*Actinobacteria*, *Alphaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, *Chlorobi* に属する細菌において、16S rRNA 遺伝子に基づく解析では同一 OTU に分類されるものについて、表水層と深水層で「種」レベルで異なるゲノムが得られるケースがあった。このことは、近縁細菌系統であっても表水層と深水層それぞれに適応した異なる「種」が存在すること、琵琶湖の細菌多様性を正確に評価するためには、16S rRNA 遺伝子ではなく全ゲノム解像度で解析を行う必要があることを示している。

Phylum	Bin	Size (Mb)	GC%
Actinobacteria	epi.bin1_acI	0.81	44.2
	epi.bin2_acIV	1.70	59.7
	epi.bin3_acI-Phila	1.25	45.1
	epi.bin4_acIHI	1.26	38.6
	epi.bin5_acIV	1.46	50.4
	epi.bin6_acIV	1.77	51.3
	hypo.bin1_acI-A7	1.30	45.8
	hypo.bin2_acI	1.37	44
	hypo.bin3_acI-CI	1.96	43.6
	hypo.bin4_acI	0.81	44.1
	hypo.bin5_acIV	2.21	52.2
	hypo.bin6_acIV	2.02	51.3
	hypo.bin7	1.81	53.4
	hypo.bin8_acSIL	2.25	58.9
	hypo.bin9_acIV	1.77	48.7
α-proteobacteria	epi.bin1_LD12	0.73	29.4
	epi.bin2	1.63	29.9
	hypo.bin1_LD12	0.96	29.9
	hypo.bin2_Methylocoysis	2.16	45.5
β-proteobacteria	epi.bin1_LD28	1.18	37.2
	hypo.bin1_LD28	1.22	37.1
	hypo.bin2_Limnohabitans	3.69	61.6
	hypo.bin2_Nitrospira	1.45	50.1
γ-proteobacteria	hypo.bin3_Nitrospira	1.32	40.6
	hypo.bin1_Methylobacter	2.13	39.7
δ-proteobacteria	hypo.bin1	6.95	68.2
	epi.bin1	1.94	68.9
Cyanobacteria	epi.bin2	2.14	63.4
	epi.bin3	3.53	65.8
	epi.bin1_bacI	1.90	42
Bacteroidetes	epi.bin2_bacI	2.20	41.1
	epi.bin3	3.57	37.3
Chlorobi	epi.bin4	2.64	41.5
	hypo.bin1	2.27	42.6
Chloroflexi	hypo.bin2	3.19	36.7
	epi.bin1_OPB56	2.37	40.2
Planctomycetes	hypo.bin1_OPB56	2.41	33
	hypo.bin1_CL500-11	2.62	61.3
Verrucomicrobia	hypo.bin2_TK10	3.66	61.8
	epi.bin1	6.34	59.4
	epi.bin2	3.98	69.7
	epi.bin3	3.66	60.1
	hypo.bin1_CL500-15	4.13	60.5
	hypo.bin2	2.59	53.8
	hypo.bin3	2.27	51.8
	hypo.bin4	6.16	60
	hypo.bin5	5.25	65.4
	hypo.bin1_CL120-10	2.36	65.9
Acidobacteria	hypo.bin2	7.89	64.2
	hypo.bin3	4.93	62.9
Nitrospira	hypo.bin1	1.17	46.7
	hypo.bin1	1.84	57.6
Gemmatimonadetes	hypo.bin1	2.45	64.8
	hypo.bin1	2.87	52.6
Ca. Levybacteria	hypo.bin1	0.81	31.5
	epi.bin1	0.68	39.2
Ca. Saccharibacteria	Ca. Nitrosoarchaeum	1.35	32.9

図 1 : 琵琶湖北湖における優占細菌の全ゲノム解析状況。印は、90%以上の復元率の高品質なゲノムを示す。

次世代シーケンサーを用いた原生物群集解析の結果、表水層および深水層共に、真核生物のスーパーグループの一つであるアルベオラータに属する生物群 (Dinophytes, Perkinsozoans, Ciliates) および Cryptophytes の割合が年間を通して高かった。深水層の第 1 優占は Dinophytes であった。

原生物による細菌の摂食活性 (原生物 1 細胞が 1 時間に摂食する細菌数) は、表水層・深水層共に春季と秋季に高かった (図 2)。原生物による細菌の消費速度 (一日に湖水 1ml 当たりの原生物が何細胞の細菌を摂食するか) は、表層水の方が深層水よりも高いものの、表層水・深層水ともに摂食活性と似た季節変動パターンを示した (図 2)。回転率 (一日に、原生物の摂食によって湖水 1ml 当たりの細菌が何%死滅するか) も、表水層・深水層ともに摂食活性と似た季節変動パターンを示した (図 2)。摂食活性と回転率は、表層水と深層水でそれほど大きく変わらないが、表層水における原生物の細胞密度が深層水のそれよりも高かった

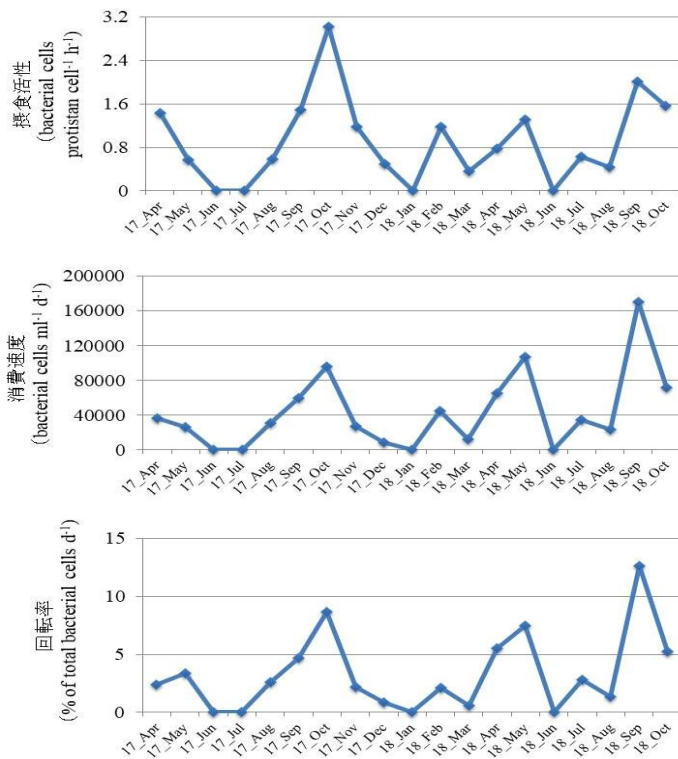


図2：琵琶湖北湖の層水における原生生物の細菌摂食活性、細菌消費速度および回転率。

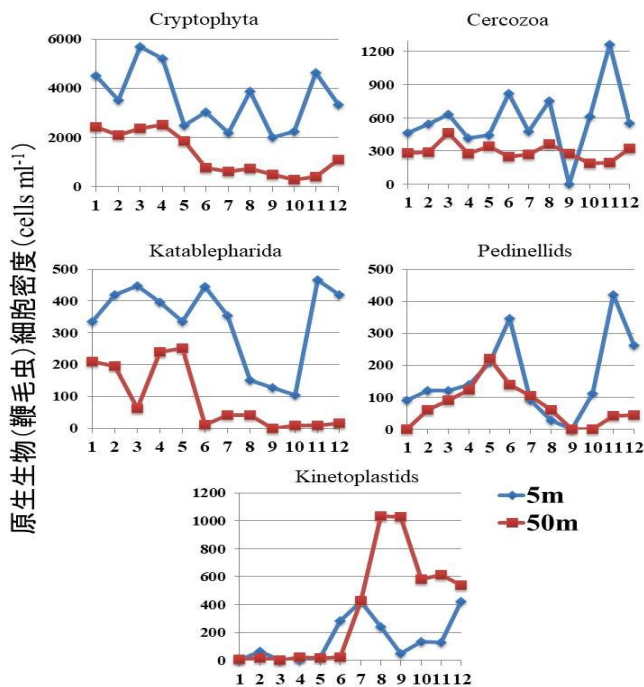


図3：琵琶湖の表水層(5m)と深水層(50m)における、CARD-FISHで測定した各原生生物グループの現存量の季節動態。

深水層で優占的であった CL500-11 細菌系統は大型の細菌であり、その他に優占した CL500-15 細菌系統は粒子に付着していることが多い。つまり、これらの細菌系統は原生生物に摂食されにくいのかもかもしれない。しかし、深水層で優占する原生生物である Kinetoplastids は、大型細菌の摂食も行うとの報告もあり、深水層の微生物食物連鎖についてはさらなる研究が必要である。

4 - 2 . 他湖沼の結果

我々は、本研究の予備調査として、中禅寺湖(栃木県)本栖湖(山梨県)西湖(山梨県)においても深水層の微生物ループの研究を行っている。当該研究では、これらの湖沼において

ことから、消費速度は表層水の方が高くなったものである。琵琶湖では、表水層での原生生物による消費速度が高くなる期間は明確な水温成層が認められる季節と一致しており、水温が比較的高かつ安定した水体において細菌と原生生物との間の食物連鎖が活発となることが示された。CARD-FISH 法による特定原生生物グループの現存量の季節動態については、特に細菌摂食を行うであろう原生生物に着目した。Cercozoans と Pedinellids の現存量(図3)は、表水層において春季から初夏と秋季にピークが見られ、従来報告のある細菌の細胞密度の季節変化と概ね一致した。また、Kinetoplastids については、夏季成層期に深水層で現存量が増殖し、深水層での主要な細菌食者であると考えられた(図3)。以上により、原生生物の群集解析の結果では出現率が低かったものの、表水層では Cercozoans と Pedinellids、深水層では Kinetoplastids が主要な細菌食者であると考えられた。

Cryptophytes は、混合期の表水層において現存量が高く、深水層においても同様の季節動態を示した。Katablepharids もこれに似た季節動態を示した。表水層・深水層で共通して優占した Cryptophytes や Dinophytes の生物には混合栄養のものが多く、表水層では主に光合成によりエネルギーを獲得していると考えられる。一方、深水層では細菌を摂食して増殖しているとも考えられた。そこで、従属栄養のクリプト植物門の系統である Cry 1 lineage について CARD-FISH を行い、当該系統の現存量の季節動態と消費速度のそれとを比較した。その結果、両者は全く異なる季節動態を示したことから、琵琶湖の Cryptophytes は細菌の摂食者とあまり寄与していないと考えられた。

繊毛虫は7月から9月の表層水で現存量が高く、細菌摂食者として重要であると示唆された。

も、成層期の深水層では CL500-11 細菌およびキネトプラスチド鞭毛虫の優占が確認されている。これに加えて、ヨーロッパ湖沼においても、深水層においてこれら微生物の優占が確認されている (1, 4, 8)。本研究では、さらに情報の蓄積を高めるべく、池田湖 (鹿児島県)、田沢湖 (秋田県)、十和田湖 (青森県) および支笏湖 (北海道) の調査を行った。

池田湖の表水層のクロロフィル a 濃度は $1.5 \sim 2 \mu\text{g l}^{-1}$ 程度であり、ピコ植物プランクトンの細胞密度は表水層 (水深 5m) で高かった。細菌群集組成については、ショットガンメタゲノム法を用いた。現在、アセンブルが終わり、それぞれの水深から 10 kbp 以上のコンティグが約 2500 本得られた。原生生物は、表水層と水深 50m では Ciliates、Dinophytes、Cryptophytes が優占し、さらに深部ではこれらの原生生物の優占状態は失われ、水深 150m では Ciliophora が再び優占した。また、興味深いことに、水深 200m では Kinetoplastids が圧倒的に優占した。本結果の微生物ループとの関連では、表水層で優占した Ciliates、Dinophytes、Cryptophytes、深水層で優占した Kinetoplastids が細菌摂食者として重要であろう。

田沢湖のクロロフィル a 濃度は、水深 80m 付近を中心とする緩やかなピークが見られた。このピークは、水深 35m あたりから増加し、80m をピークに水深 200m あたりまで低下した。細菌群集組成における優占系統は、表水層では Cyanobacteria、Proteobacteria と Bacteroidetes であり、この状態が水温躍層まで継続した。深水層に入ると、Bacteroidetes に代わって Actinobacteria が優占的となった。また、水深 400m では他の湖では検出されない古細菌 Thaumarchaeota 門の「SAGMCG-1」系統が優占していた。原生生物は、Chlorophytes が水深 5m、100m と 200m で優占していた。また、Dinophytes が水深 5m と 25m で優占し、Chrysophytes が水深 25m と 400m で優占した。その他、深水層では Cercozoans が 100m 以深で優占した。微生物ループとの関連では、水温躍層で優占した Dinophytes と Chrysophytes、深水層で優占した Cercozoa が細菌摂食者として重要であろう。

支笏湖のクロロフィル a 濃度には、水深 16 から 17m にかけてシャープなピークが見られた。検鏡結果から、このピークはピコ植物プランクトンによるものであることが推察された。また、クロロフィル a 濃度が最大となる水深において、細菌細胞密度が最大となった。

十和田湖のクロロフィル a 濃度には、水深 26 から 30m にかけて一つのピークが見られた。このピークは、ピコ植物プランクトンの細胞密度の最大となる層 (水深 5m) とは異なることから、ピコ植物プランクトンによるものではないと思われる。十和田湖においては、支笏湖とは異なり、細菌細胞密度は表層で最大となった。

4 - 3 . まとめ

本研究では、以下の新たな知見が得られた。

1. 琵琶湖の表水層・深水層を通じて優占した細菌系統は *Bacteroidetes* と *Actinobacteria* であった。深水層では、*Chloroflexi* や *Planctomycetes* 門の細菌も優占した。
2. 細菌のショットガンメタゲノム解析では、各細菌系統の生理・生態的な特徴を予測することに成功した。
3. 琵琶湖において重要な細菌摂食者として考えられた原生生物は、表水層では Cercozoans、Kathablepharids、Pedinellids であり、深水層では Kinetoplastids であった。
4. 池田湖と田沢湖では、微生物ループにおける細菌摂食者として重要と考えられる原生生物の推定に成功し、特に深水層では Kinetoplastids および Cercozoans が重要と考えられた。

引用文献

1. Mehrshad et al. (2018) *Microbiome* 6: 176.
2. Mukherjee et al. (2015) *FEMS Microb. Ecol.* 91 fiv083
3. Mukherjee et al. (2017) *Aquat. Microb. Ecol.* 80: 123-137.
4. Mukherjee et al. (submitted) *Environmental Microbiology*
5. Nakano et al. (2001) *Aquat. Microb. Ecol.* 25: 259-270
6. Okazaki et al. (2013) *FEMS Microbiol Ecol* 83: 82-92
7. Okazaki et al. (2017) *ISME J.* 11, 2279–2293.
8. Okazaki et al. (2018) *Frontiers in Microbiology* doi: 10.3389/fmicb.2018.02891
9. Okazaki, Y., Nakano, S. (2016) *Environ. Microbiol. Rept.* 8: 780-788.
10. Thottathil et al. (2013) *Limnol. Oceanogr.* 58: 2262-2278

5 . 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 3 件)

Mehrshad M., M. M. Salcher, Y. Okazaki, S. Nakano, K. Simek, A. S. Andrei, R. Ghai, Hidden in plain sight - highly abundant and diverse planktonic freshwater Chloroflexi, *Microbiome*, 査読有、6 巻、2018、176

<https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-018-0563-8>

Nakano, S., K. Hayakawa, Y. Hodoki, Y. Okazaki, I. Mukherjee, S. D. Thottathil, H. Takasu, S. Fujinaga, Long-term Changes in Water Quality of Lake Biwa with Special Reference to Organic Matter Dynamics and Microbial Ecology, *Proceedings of the 17th World Lake Conference*, 査読無、2018、304-306

Okazaki, Y., M. M. Salcher, C. Callieri, S. Nakano, The broad habitat spectrum of the CL500-11 lineage (phylum Chloroflexi), a dominant bacterioplankton in oxygenated hypolimnia of deep freshwater lakes, *Frontiers in Microbiology*, 査読有、9巻、2018、2891
<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2018.02891/full>

〔学会発表〕(計5件)

Nakano, S., K Hayakawa, Y. Hodoki, Y Okazaki, I Mukherjee, SD Thottathil, H Takasu, S Fujinaga, Long-term changes in water quality in Lake Biwa with special reference to organic matter dynamics, microbial ecology and Diversity, The second International Conference on Life Science and Biotechnology, インドネシア・ジェンベル、2017年8月、招待講演

蔡 吉、程木 義邦、中野 伸一、Seasonal variations of autotrophic picoplankton abundance in Lake Biwa, with special reference to their grazers、日本陸水学会第82回田沢湖大会、2017年9月

中野 伸一、早川 和秀、程木 義邦、岡崎 友輔、I. Mukherjee、S. D. Thottathil、高巢裕之、琵琶湖の底にある、ちょっと変わった微生物ループ、日本生態学会第65回札幌大会、2018年3月

岡崎 友輔、メタゲノム解析で明らかにする湖の微生物生態系、第83回日本陸水学会岡山大会、2018年9月

Nakano, S., K. Hayakawa, Y. Hodoki, Y. Okazaki, I. Mukherjee, S. D. Thottathil, H. Takasu, S. Fujinaga, Long-term Changes in Water Quality of Lake Biwa with Special Reference to Organic Matter Dynamics and Microbial Ecology、第17回世界湖沼会議、2018年10月、招待講演

〔図書〕(計0件)

該当無し

〔産業財産権〕

該当無し

〔その他〕

該当無し

6. 研究組織

(1)研究協力者

研究協力者氏名：程木義邦

ローマ字氏名：(Hodoki, Yoshikuni)

所属研究機関名：京都大学

部局名：生態学研究センター

職名：特定准教授

研究者番号(8桁)：60632122

(2)研究協力者

研究協力者氏名：岡崎友輔

ローマ字氏名：(Okazaki, Yusuke)

所属研究機関名：産業技術総合研究所

部局名：生物プロセス研究部門 生物資源情報基盤研究グループ

職名：日本学術振興会 特別研究員(PD)

研究者番号(8桁)：40823745

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。