

令和2年度 京都大学化学研究所 スーパーコンピュータシステム 利用報告書

海洋微生物コミュニティにおける種間ネットワークの研究

Study on interspecific networks in marine microbial communities

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター 化学生命科学領域 金子博人

研究成果概要

本年度私は、メタオミクスデータを用いた海洋微生物の種間相互作用の解析を軸にして、スーパーコンピュータシステムを利用して以下の2つの仕事を行った。

1/ 地球規模のメタオミクスデータを用いた海洋ウイルスと炭素循環の関係の解析。海洋表層に棲息するプランクトンの死骸は、凝集粒子（マリンスノー）の形で海洋表層から深層へと沈降する。この沈降輸送は「生物炭素ポンプ」と呼ばれ、大気中のCO₂由来の炭素を海洋深層に隔離する働きを持っている。私たちは、昨年度に引き続き、国際海洋探査船タラ号により地球規模で採取された海水サンプル由来のメタゲノムやメタトランスクリプトームと、同時に測定された海中の炭素フラックスのデータを用いて、海洋ウイルスと生物炭素ポンプの効率の関係の解析を進めた。ここで用いたデータはテラバイトクラスの大規模なものであり、スーパーコンピュータシステムの大量演算性能を大いに活用した。その結果、海洋ウイルスの組成に基づく統計的予測モデルは生物炭素ポンプの効率を高精度で説明することを見出し、両者の相関関係を示すとともに、ある種の藻類や甲殻類に感染するウイルスが特に重要である可能性を指摘した。この成果は、1月に *iScience* 誌に掲載された。

2/ 衛星データを用いた海洋微生物の種組成の予測技術の開発。タラ号のような海洋探査船を用いたサンプリングは、予算や人材の制約により定期的に行うことは難しく、利用できるサンプル数は限られている。一方で、地球観測衛星は地球全体の海洋の状態を常時観測しており、そのデータを用いた海洋微生物の種組成の予測が可能になれば、海洋微生物生態系の研究が飛躍的に進むことが期待される。私たちは、これまで大量に蓄積されている衛星観測データと、タラ号により得られた地球規模のメタゲノムを組み合わせ、スーパーコンピュータシステムを活用して機械学習による解析を行い、予測技術の確立を目指している。

発表論文（謝辞あり）

Kaneko H., Blanc-Mathieu R., Endo H., Chaffron S., Delmont T.O., Gaia M., Henry N., Hernández-Velázquez R., Nguyen C.H., Mamitsuka H., Forterre P., Jaillon O., de Vargas C., Sullivan M.B., Suttle C.A., Guidi L., Ogata H. Eukaryotic virus composition can predict the efficiency of carbon export in the global ocean. *iScience*, 24, 102002 (2021).