

令和3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、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、メタバーコードデータを用いた海洋微生物生態系の衛星観測モデルの開発を行った。

海洋微生物生態系は地球の生態系や物質循環において大きな役割を持っており、そのダイナミクスを把握することは理学的にも応用上でも大変重要である。しかしながら、船舶を用いた観測にはコスト面やアクセスの上での制約が多く、観測地点や観測回数に限られてくるため、これまでの研究は局所的な現象を中心に進められてきた。地球観測衛星による全球の準リアルタイムな観測は、この問題を解決するブレークスルーになり得る。

衛星で測定される反射光スペクトルに含まれる情報は基本的に色素を持つ植物プランクトンのもののみである。しかし、動物プランクトンや細菌・アーキアもエネルギー的に植物プランクトンに依存しており、生物種間相互作用を通して結びついている。本研究では、生態系全体の情報を丸ごと含んだメタバーコードデータを用いて生物種間ネットワークを再構築し、それを機械学習により衛星データと結びつけるというアイデアで、海洋微生物生態系の衛星観測モデルの開発を行った。メタバーコードデータおよび衛星データは、スーパーコンピュータシステムの大規模計算能力を活用し、全球のサンプルを含むビッグデータを用いた。具体的には、真核生物のメタバーコード（18S リボソーム RNA 遺伝子の V4 領域）を集めたデータベースである EukBank (<https://unieuk.org/>)、並びに NASA の MODIS センサにより得られたマルチスペクトルデータ (<https://oceancolor.gsfc.nasa.gov/>) および関連する衛星プロダクトを使用した。

最終的に、正解率が7割程度で、衛星データに基づき海洋微生物コミュニティの分布を予測するモデルを開発することができた。またこのモデルは、単に地理的位置や海水温に基づいた予測よりも高い正解率を示し、衛星データを使用することの優位性が明らかになった。今後は、このモデルを用いて過去十数年間の衛星データから微生物コミュニティのデータを予測し、海洋微生物のダイナミクスの議論を行う予定である。