

海洋微生物生態系における種間相互作用の研究
Analysis of interspecific interactions in marine microbial ecology

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 化学生命科学分野 金子博人

研究成果概要

本年度私は、種間相互作用の解析から海洋微生物の生態系の環境への影響に迫るために、スーパーコンピュータシステムを利用して 2 つの異なる仕事を行った。

1/ 地球規模のメタゲノムデータセットを用いた海洋ウイルスの共起ネットワークの再構築。海洋探査船タラ号による地球規模のサンプリングで得られたメタゲノムデータセット (Sunagawa *et al.*, 2015) を用いて、WGCNA 法 (Langfelder and Horvath, 2008) により海洋ウイルスの重み付き共起ネットワークを再構築した。この共起ネットワークと、同じく海洋探査船タラ号により得られた地球規模の生物炭素ポンプのデータセット (Guidi *et al.*, 2016) を結び付けて、生物炭素ポンプを駆動する海洋ウイルスを同定するべく現在研究を進めている。生物炭素ポンプとは、プランクトンが深海に沈降することにより二酸化炭素が海洋に固定される現象であり、海洋微生物の生態系が生物炭素ポンプに及ぼす影響は環境変動の観点からも注目されている。

2/ 大阪湾での 24 時間サンプリングで得られたサンプルのアンプリコン解析。大阪湾での 24 時間サンプリングで得られたサンプルの 16S rRNA 遺伝子アンプリコンを用いて、各時間における海洋微生物の組成を計算し、海洋微生物生態系の時間帯における変化の解析に役立てた。この研究は、京都大学農学研究科の海洋分子微生物学研究室との共同であり、発表済みである (Yoshida *et al.*, 2018)。

発表論文 (謝辞あり)

Yoshida, T. *et al.* Locality and diel cycling of viral production revealed by a 24 h time course cross-omics analysis in a coastal region of Japan. *IMSE J.* doi:10.1038/s41396-018-0052-x (2018)