

平成 29 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

メタゲノミクスを利用した海洋プランクトン生態系に関する研究
Study on the ecology of marine phytoplankton using metagenomics

京都大学 化学研究所附属バイオインフォマティクスセンター化学生命科学研究領域
遠藤 寿

研究成果概要

本研究では、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、巨大核細胞質 DNA ウイルス (NCLDV) の全球的な分布と多様性を解明する目的で、大規模な海洋調査 *Tara Oceans Expedition* で得られたメタゲノムデータを解析した。結果、NCLDV が真核生物の分布が両極域で減少することを明らかにした。また、北極海の NCLDV 群集において、固有種の割合が極めて高かったことが示唆された。

本研究において、群集構造解析に必要なリファレンス系統樹の作成には *mafft* や *RaXML* を使用し、遺伝子カタログから NCLDV 由来の DNA ポリメラーゼ B (polB) 遺伝子を抽出する処理においては *hmmer* や *pplacer* といったソフトウェアを使用した。また、本システムの計算資源を利用して、自身で作成したスクリプトを実行した。

発表論文(謝辞あり)

該当なし

発表論文(謝辞なし)

Endo H, Hattori H, Mishima T, Hashida, G, Sasaki H, Nishioka J, and Suzuki K. Phytoplankton community responses to iron and CO₂ enrichment in different biogeochemical provinces of the Southern Ocean. *Polar Biol.*, doi:10.1007/s00300-017-2130-3, 2017.