

令和 5 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、前年度に引き続き、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、その動態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。広大な海洋は現場観測が容易ではないため、全球の準リアルタイムな観測が可能な地球観測衛星により得られるデータが注目されている。従来、光合成色素により光学的特性を持つ植物プランクトンを標的として、その大きさや分類群を衛星データから予測するモデルが盛んに開発されてきた。本研究では、植物プランクトン以外にも標的を拡大し、海洋微生物群集(コミュニティ)を構成する多様な生物種を捉えることを目指して、種間ネットワークに基づく群集タイプを衛星データから予測するモデルを開発した。

前年度までの研究で、大規模な海洋真核微生物メタバーコードデータを用いて種間ネットワークに基づく群集タイプ推定を行い、観測地点ごとの群集タイプを正解率 7 割程度で衛星データから予測する機械学習モデルを開発した。さらに、開発したモデルを用いて、過去 19 年間の毎月の全球衛星データから群集タイプ分布の時系列変化を予測した。本年度は、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て、予測された群集タイプ分布の時系列変化のデータを詳細に解析した。その結果、黒潮など西岸境界流の続流域において群集タイプに季節変動が見られることや、低緯度域を中心に海水温が上昇する中で長期的に分布面積が増加・減少している群集タイプが見られることがわかった。この成果は、9 月に ISME Communications 誌に掲載された。

発表論文(謝辞あり)

Kaneko H., Endo H., Henry N., Berney C., Mahé F., Poulain J., Labadie K., Beluche O., El Hourany R., Tara Oceans Coordinators, Chaffron S., Wincker P., Nakamura R., Karp-Boss L., Boss E., Bowler C., de Vargas C., Tomii L., Ogata H. Predicting global distributions of eukaryotic plankton communities from satellite data. ISME Commun., 3, 101 (2023).