

パルマ藻のオミクスデータ解析
Omics data analysis of Parmales

京都大学 化学研究所 化学生命科学領域 伴 広輝

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、主にパルマ藻 (Parmales) に関するオミクスデータの解析を行った。具体的には (I) パルマ藻と珪藻の比較ゲノム解析 (II) EukBank データを利用したメタバーコーディングデータ解析を行った。

(I) ではスーパーコンピュータシステムにインストールされた、各種バイオインフォマティクスツールを用いて、タンパク質配列データからの機能機能予測、分子系統解析等を行った。(II) では 18S rRNA 遺伝子全長配列の分子系統解析や 18S rRNA V4 領域 amplicon sequence variants; ASVs) の分子系統樹へのマッピング、及び ASV の全球規模海洋分布に関する解析を行った。

また、メタゲノムデータから巨大ウイルスの metagenome-assembled genome (MAG) を binning するパイプラインを Nextflow を用いて実装し、スーパーコンピュータシステム上で実行できるようにした。このパイプラインはスーパーコンピュータシステムの Job 管理システムと豊富な計算資源、インストールされた各種のバイオインフォマティクスツールを活用することで、大規模なメタゲノムデータに対しても、容易に動作するようになっている。

発表論文(謝辞あり)

Ban H., Sato S., Yoshikawa S., Yamada K., Nakamura Y., Ichinomiya M., Sato N., Blanc-Mathieu R., Endo H., Kuwata A., Ogata H. Genome analysis of Parmales, a sister group of diatoms, reveals the evolutionary specialization of diatoms from phago-mixotrophs to photoautotrophs. Commun. Biol., 6, 697 (2023).