

## 令和元年度 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 化学生命科学領域 金子博人

#### 研究成果概要

本年度私は、メタオミクスデータを用いた海洋微生物の種間相互作用の解析を軸にして、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/ 地球規模のメタオミクスデータを用いた海洋ウイルスと炭素循環の関係の解析。地球規模の炭素循環を形成する経路のひとつに、生物炭素ポンプがある。この経路では、大気中の二酸化炭素が光合成によって有機炭素に変換された後に、その有機炭素が深海に沈降する粒子に変換されることにより、炭素が大気中から深海へと輸送される。地球規模の気候変動にも関連するこの現象には、海洋ウイルスが重大な役割を果たしていることがいくつかの実験や理論から予想されているが、未だその全体像は不明である。そこで私たちは、スーパーコンピュータシステムを駆使して、タラ海洋プロジェクトにより得られた地球規模のメタオミクスデータ（メタゲノム、メタトランスクリプトーム、メタバーコードならびに環境メタデータ）の包括的な解析を行った。その結果、海洋ウイルスと炭素循環の新たな関係が明らかになった。

2/ 人工衛星画像を用いた海洋微生物の種組成の予測手法の開発。海洋微生物の種間ならびに環境との相互作用を地球規模で解析する際には、理想的には空間的・時間的に十分な広がりを持ったメタオミクスデータを用いることが望ましい。しかしながら、実際のサンプリングには人手、時間、予算の制約があるために、地球規模のサンプリングを定期的に行うことは難しく、利用できるサンプル数は限られている。一方で、地球観測衛星（日本では「しきさい」「しずく」など）は地球全体の海洋の状態を常時観測しており、そのデータを用いた海洋微生物の種組成の予測が可能になれば、海洋微生物生態系の研究が飛躍的に進むことが期待される。私たちは、スーパーコンピュータシステムを駆使して、深層学習技術を用いた新技術の開発を進めている。

発表論文（謝辞あり）

発表論文（謝辞なし）

本年度は共になし。