

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 5 月 25 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(A)

研究期間：2012～2014

課題番号：24241003

研究課題名(和文) 海洋中深層における大規模炭素循環を支配する微生物食物網ネットワークの機構論的解明

研究課題名(英文) Evaluation of the mechanisms underlying carbon cycles mediated by microbial food web networks in meso- and bathypelagic layers of the oceans

研究代表者

永田 俊 (Nagata, Toshi)

東京大学・大気海洋研究所・教授

研究者番号：40183892

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 34,800,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、これまで未解明であった、海洋中深層の炭素循環過程を支配する微生物食物網ネットワークの構造と動態に関する理解を深化させるために、研究船による観測とモデリングを連携させた学際的な研究を推進した。その結果、海洋の表層から深層にかけて、深度とともに、微生物食物網の構造が系統的に変化することが明らかになった。また、微生物間相互作用を明示的に組み込んだ、全海洋規模3次元生物地球化学モデルの構築を進め、微生物相互作用が海洋物質循環に及ぼす影響を定量的に評価することに成功した。

研究成果の概要(英文)：This project conducted an interdisciplinary study combining field observations and modelling in order to explore previously overlooked mechanisms by which carbon cycles are controlled by microbial foodweb networks in meso-and bathypelagic environments of the oceans. It was revealed that microbial food web structure systematically changes over the depth. Furthermore, quantitative estimates of material fluxes driven by microbial interactions were provided by a means of the sensitivity analysis using a three-dimensional general circulation model combined with a biogeochemical model that explicitly resolved microbial interactions.

研究分野：海洋生物地球化学

キーワード：海洋生態系 中深層 微生物食物網 炭素循環 原核生物 原生生物 ウィルス 海洋生態系モデリン  
グ

### 1. 研究開始当初の背景

海洋の表層から中・深層への有機物の大規模な鉛直輸送(生物ポンプ)は、大気中の二酸化炭素濃度の調節に関わる重要な炭素循環過程である。外洋域において海洋表層から中深層へと鉛直輸送される有機物の95%以上は、中深層の水中の微生物群集の作用により無機物へと変換されるため、この無機化に関わる微生物群集の生理機能や生物間相互作用を解明することは海洋生態系・生物地球化学研究において重要な検討課題のひとつである。このような認識のもと、申請者らは、先行研究において、海洋中深層における微生物量や活性の分布を広域的に調べる総合的な観測研究を実施し、有機物の鉛直輸送フラックスと中深層の微生物量や活性の間に強い相関関係があることを明らかにした。この知見は、表層生態系と中深層生態系が、沈降粒子束を媒介として、密接に関連していることを強く示唆するものである。しかし、中深層における微生物を介しての物質循環の定量的な評価や、中深層生態系における微生物食物網ネットワークの構造や動態については、不明の点が多く残されており、その解明が重要な研究課題として浮かび上がってきた(Nagata et al. Deep-Sea Research, 57: 1519-1536, 2010)。

### 2. 研究の目的

本研究では、中深層の微生物食物網ネットワークの構造とその動態を詳細に明らかにするための観測研究を実施するとともに、微生物食物網を明示的に組み込んだ海洋生態系モデルを構築することで、微生物を介する有機物循環の定量的な評価を行うことを目的とした。

具体的には以下の課題を追及した。

中部太平洋、西部北極海、西部北太平洋亜熱帯および亜寒帯海域における観測によって得られたデータを詳細に解析し、中深層の微生物食物網構造の深度および海域間での比較を行うとともに、その変動要因についての検討を行う。

観測で得られた情報を統合化し、海洋生態系モデルに微生物群集プロセスを明示的に取り込む。この新規モデルを使って、微生物と有機物の相互作用系を介しての物質循環の定量的評価と、その制御機構の解析を行う。

### 3. 研究の方法

#### [観測]

中深層における微生物諸量(原核生物数、HNF数、ウイルス数、原核生物生産速度)を測定するためのサンプリングを主に以下の航海において実施した。白鳳丸 KH-12-3 次航海(2012年7月6日~8月14日)西部北太平洋亜寒帯および亜熱帯海域の観測。白鳳丸 KH-13-7 次航海(2013年12月11日~2014

年2月12日)中部太平洋赤道域~南極海域を結ぶ南北縦断面観測。白鳳丸 KH-14-3 次航海(2014年6月23日~2014年8月11日)中部太平洋北極域及び赤道域を結ぶ南北縦断面観測。その他、海洋地球研究船「みらい」による西部北太平洋亜熱帯・亜寒帯海域の観測および西部北極海の観測も実施した。原核生物細胞数とウイルス数は、フローサイトメトリー法を用いて計数した。原核生物群集の生産活性を放射性同位元素を用いたトレーサー法( $^3\text{H}$ -ロイシン法)により推定した。

#### [モデリング]

栄養塩(N)、植物プランクトン(P)、動物プランクトン(Z)、デトリタス(D)から成るNPZDモデルに、溶存有機物(DOM)と細菌を加えた生態系モデルを構築し、これを全球3次元海洋大循環モデル(COCO ver4)に結合させた。生態系モデルの構成は図1のとおりである。

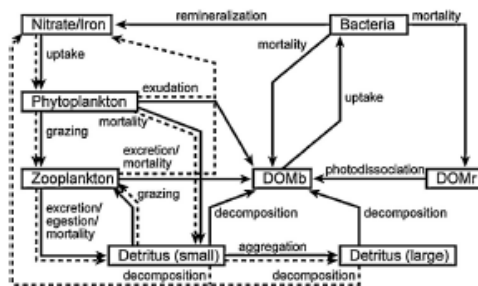


図1 栄養塩(Nitrate/Iron)、植物プランクトン(Phytoplankton)、動物プランクトン(Zooplankton)、デトリタス(Detritus)から成るNPZDモデルに細菌(Bacteria)と溶存有機物(DOM)を組み込んだ生態系モデル。DOMは、難分解性DOM(DOMr)と、易分解性DOM(DOMb)に分割した(Hasumi and Nagata 2014)。

### 4. 研究成果

中深層におけるウイルス数の広域分布特性 顕著な南北勾配の発見(Yang et al. 2014)

中部太平洋および南大洋で実施された南北断面観測で得られた観測データを詳細に解析した結果、深層水中のウイルス数が、南大洋から赤道海域にかけて減少する傾向を示すことが明らかになった(図2)。一方、ウイルス数と原核生物の細胞数の比(VPR)は、南北太平洋の亜熱帯海域の深層で極大を示し、表層で一般的に見られるVPRよりも6倍程度高い値に達することが見出された(図1)。これらの結果は、海洋大循環による周極深層水の北上とともに、大量のウイルスが輸送されている可能性を示唆するものとして大きく注目される。海洋深層水は、ウイルスのリザーバーとして重要な役割を果たしている可能性がある。この成果はAquatic Microbial Ecology誌に公表され、

「注目すべき論文」(Feature Article)として取り上げられた。

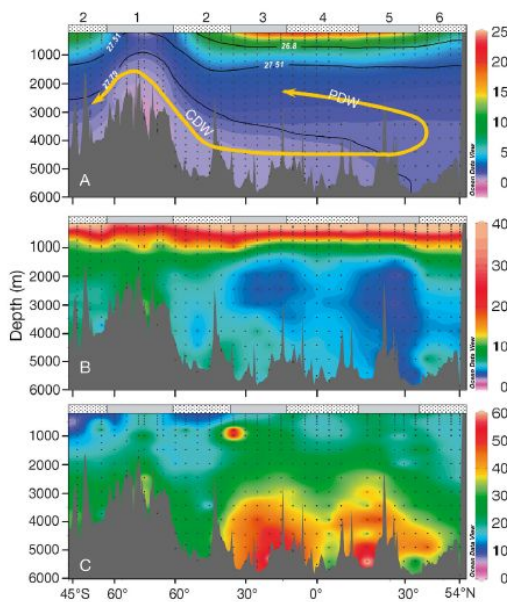


図2 中部太平洋および南大洋における海水の密度(上段:CDWは周極底層水、PDWは太平洋深層水)、ウイルス数(中断)およびウイルス数と原核生物細胞数の比(VPR)の南北断面分布。横軸は緯度を表す。南緯45度から北緯54度にかけて、ウイルス数の広域的分布を世界で初めて明らかにした。その結果、CDWの北上に沿ってのウイルス数の減衰勾配が見られること、また、亜熱帯海域の底層においてVPRが顕著な極大を示すなどの新たな知見が得られた。この成果はAME誌に公表するとともに(Yang et al. 2014)、EMBO 水圏微生物生態学国際シンポジウム(SAME13,Stresa)における招待講演で発表され、国際的に大きな注目を集めた。

### 中深層における微生物食物網ネットワークの構造転換

西部北太平洋の亜寒帯および亜熱帯海域における定点で実施された時系列観測の結果を解析した結果、いずれの海域でも、深度とともに、微生物食物網構造が劇的な変化をすることが明らかになった。最も顕著にみられたのは、深度とともに、VPRが増大し、逆に、原生生物(べん毛虫類)と原核生物の細胞数の比(HPR)が大幅に減衰するという傾向である。このような傾向は、本研究を開始する時点で得られていたスナップショット観測の結果からも示唆されていたことであるが、本科研費プロジェクトの推進により、季節や海域の違いによらず、一般的な傾向として、微生物食物網構造の深度依存的転換が見られることが実証されたということには、大きな意義がある。さらに、本研究では、亜寒帯海域の中層で見られる溶存酸素極小層において、HPRが顕著に低いことも明らかにな

った。このことから、溶存酸素濃度が、中深層の微生物食物網動態に影響を及ぼす要因のひとつになっている可能性が示唆された。以上のデータは、「海洋の微生物食物網ネットワークは、深度とともに、捕食系(原生動物による捕食)が卓越する系から、溶菌系(ウイルスによる微生物細胞破壊)がより卓越する系へと系統的に変化する」という本研究の仮説を支持するものである。

### モデル解析による微生物プロセスの量的寄与の評価

本研究では、従来の生態系モデル(NPZDモデル)に、微生物プロセスを明示的に組み込み、さらに、これを3次元海洋物理モデルに結合させることで、全海洋規模1次生産量や栄養塩の分布がよく再現できるモデルを構築することに成功した。また、本プロジェクトでは、これまでの海洋観測で得られた微生物変数(原核生物数、原核生物生産速度、ウイルス数)と関連する物理化学パラメータを新たにデータベース化し、これをFddMAPとして一般公開した。このデータベースを使って、モデル解析を行った結果、海洋中深層における原核生物の南北分布がよく再現できることが示された(図3)。

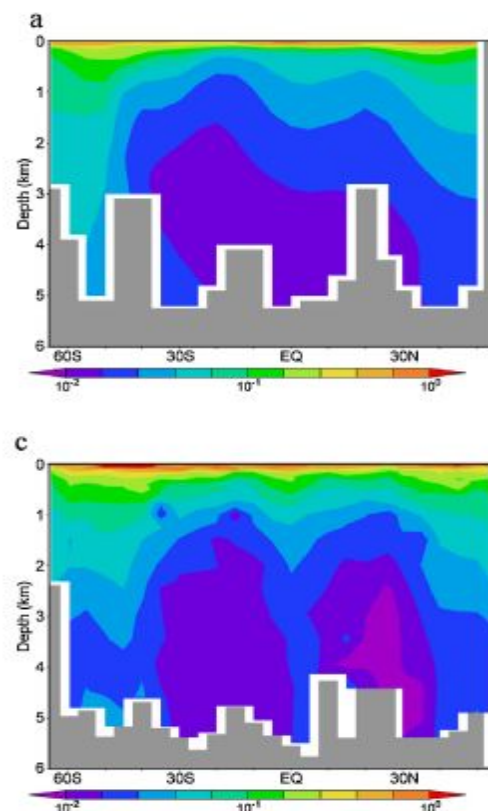


図3 微生物プロセスを明示的に組み込んだ生態系モデルを、全海洋3次元大循環モデルに結合させることで、全海洋規模における微生物数の分布(ここでは中部太平洋の例を示す)を再現することが可能になった。上段はモデル出力、下段は観測結果である。

この新たに構築したモデルを用い、感度解析を行った結果、海洋における溶存有機物の生成と微生物による利用が、海洋の一次生産やその分布パターンに無視できない影響を及ぼしていることが明らかになるとともに、微生物食物網ネットワークの動態が、全海洋規模の物質循環の変動を理解するうえで重要であることが示された。この成果は *Ecological Modelling* 誌に公表された (Hasumi and Nagata 2014)。

#### 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 7 件)

Uchimiya, M., Fukuda, H., Nishino, S., Kikuchi, T., Ogawa, H., and Nagata, T. (2013) Vertical distribution of prokaryote production and abundance in the mesopelagic and bathypelagic layers of the Canada Basin, western Arctic: Implications for the mode and extent of organic carbon delivery. *Deep-Sea Research I*. 71: 103–112.

Yokokawa, T., Yang, Y., Motegi, C. and Nagata, T. (2013) Large-scale geographical variation in prokaryotic abundance and production in meso- and bathypelagic zones of the central Pacific and Southern Ocean. *Limnology and Oceanography*. 58(1): 61–73.

Yamada, Y., Fukuda, H., Inoue, K., Kogure, K., and Nagata, T. (2013) Effects of attached bacteria on organic aggregate settling velocity in seawater. *Aquatic Microbial Ecology* 70: 261-272. Doi: 10.3354/ame01658

Yang, Y., Yokokawa, T., Motegi, C., and Nagata, T. (2014) Large-scale distribution of viruses in deep waters of the Pacific and Southern Oceans. *Aquatic Microbial Ecology*, 71: 193-202. Doi: 10.3354/ame01677

Maki, K., N. Ohkouchi, Y. Chikaraishi, H. Fukuda, T. Miyajima, and T. Nagata (2014) Influence of nitrogen substrates and substrate C:N ratios on the nitrogen isotopic composition of amino acids from the marine bacterium *Vibrio harveyi*. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 140: 521-530. Doi: 10.1016/j.gca.2014.05.052

Hasumi, Y. and T. Nagata (2014) Modelling the global cycle of marine dissolved organic matter and its influence on marine productivity. *Ecological Modelling*, 288: 9-24. doi: 10.1016/j.ecolmodel.2014.05.009

Uchimiya, M., H. Ogawa and T. Nagata (In press) Effects of temperature-elevation and

glucose-addition on prokaryotic production and respiration in the mesopelagic layer of the western North Pacific. *Journal of Oceanography*,

[学会発表](計 17 件)

招待講演のみ示す

Nagata, T., Hasumi, H. “Embedding microbial food webs to ocean biogeochemical models: a global synthesis” 2012 ASLO Aquatic Sciences Meeting, 大津, 2012 年 7 月 17 日

Nagata, T. “Embedding microbial food webs into ocean biogeochemical models: challenges towards a global synthesis” EMBO Conference on Aquatic Microbial Ecology: SAME13, Stresa, Italy. 2013 年 9 月 9 日

[図書](計 0 件)

[産業財産権]

出願状況(計 0 件)

取得状況(計 0 件)

[その他]

ホームページ等

<http://co.aori.u-tokyo.ac.jp/mbcg/j/members/nagata/>

本プロジェクトでは、海洋中深層における微生物変数の観測結果をデータベース化し、以下の URL において一般公開した。

データベース名：全深度微生物分布データベース (FddMAP)

[http://157.82.133.112/~database/FddMAP/FddMAP\\_JP.html](http://157.82.133.112/~database/FddMAP/FddMAP_JP.html)

#### 6. 研究組織

(1) 研究代表者

永田 俊 (NAGATA TOSHI)

東京大学・大気海洋研究所・教授

研究者番号：40183892

(2) 研究分担者

横川太一 (YOKOKAWA TAICHI)

愛媛大学・沿岸環境科学研究センター・講師

研究者番号：00402751

(2) 研究分担者

福田秀樹 (FUKUDA HIDEKI)

東京大学・大気海洋研究所・所教

研究者番号：30451892

(2) 研究分担者

羽角博康 (HASUMI HIROYASU)

東京大学・大気海洋研究所・教授  
研究者番号：40311641

(2)研究分担者

小川浩史 (OGAWA HIROSHI)  
東京大学・大気海洋研究所・准教授  
研究者番号：50260518