

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 6 月 12 日現在

機関番号：12601

研究種目：挑戦的萌芽研究

研究期間：2012～2013

課題番号：24658169

研究課題名(和文) 海洋の不均質性の生物物理学

研究課題名(英文) Biophysics of small scale in the ocean

研究代表者

木暮 一啓 (KOGURE, KAZUHIRO)

東京大学・大気海洋研究所・教授

研究者番号：10161895

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,200,000円、(間接経費) 960,000円

研究成果の概要(和文)：海は一つの水塊からなる連続した液体である。そこには大洋スケールでの循環やそれに乗った生物の分布がある一方で、ミリメートルあるいはそれ以下のスケールで様々な物理的挙動を示すとともに、それに伴って微生物群集も変動していると考えられる。本研究では東京湾口での現場観測を行ってこうした微小なスケールでの物理的な特性を把握するとともに、細菌群集の群集構造がどのように変動するかを調べた。その結果、乱流の存在と従来の方法では捉えられなかったマイクロメータスケールの微細粒子群の存在を明らかにするとともに、ニスキン採水器で得られた微生物群集構造に数十cmスケールでの変動があることを明らかにした。

研究成果の概要(英文)：The ocean is composed of one water mass and has basin-scale current, which is accompanied by marine organisms. At smaller scale, such as mm or micrometer, there should be also turbulence which is also accompanied with microorganisms. By conducting field research at Tokyo bay, it was clarified that there were numerous small-size particles that were not-homogeneously distributed in the water column. Also by applying molecular techniques, the differences among microbial community structures among different Niskin bottles that were operated simultaneously at the same depth.

研究分野：農学

科研費の分科・細目：水圏生産科学

キーワード：海洋 微細スケール 乱流 海洋細菌 群集構造 微細粒子

1. 研究開始当初の背景

近年、様々な手法を使い、多様な海洋環境で海洋観測が行われてきた。その基本となるのは物理場としての海洋の記述である。すなわち、どこにどのような海流が流れ、それがどのように変動しているのか。海流は浮遊生物群の分布や生産と密接な関連があるので、こうした情報は海洋科学全般にわたって極めて基礎的かつなくてはならないものになっている。

しかし、海洋観測のための海へのアクセスが限られること、海の中では電気的な信号が使えないこと、などから、そこには通常の陸上での観測とは異なる多くの困難点がある。このため、多くの観測は観測船を用い、mあるいは km 単位の巨視的なレベルで行われてきた。こうしたアプローチによって例えば大洋スケールでの海流の解明がされてきたが、はるかに小さな cm あるいは mm 単位の事象はキャッチできない。

海洋生物の中では単細胞生物、それも細菌類が最大のバイオマスを占めるとともに、多様な活性を持ち、物質循環の主役を担っている。個々の細胞は 1 ミクロン単位であり、殆どの細胞は Free living の状態にある。時に細胞同士が集合した凝集体を作っているが、その場合でもおよそ数 10 ミクロンのスケールと考えられる。現在そうした微小スケールでの活性や物理場の記述をすることは難しいが、個々の細胞ではなく、凝集体レベルでは把握が可能になりつつある。

しかし、凝集体は脆弱であるため従来のプランクトン採集方法として一般的に普及しているボトルサンプリングやネットサンプリングでは破壊されてしまい現場観測が困難だっ

た。そのような背景のなか、従来の解像度が 2 cm の LED 蛍光高度計に加え、解像度が 2 mm と非常に高い解像度を持つレーザー蛍光高度計を搭載した乱流微細構造プロファイラー TurboMAP-L にカメラロガーを搭載した観測が行われた(Doubell et al., 2009)。TurboMAP-L にカメラロガーを搭載したことで、海洋の微細構造と微小粒子の分布を比較研究が行われた。その結果、第一に LED 蛍光高度計とレーザー蛍光高度計の観測結果の平均値は同じであったにもかかわらず、従来の LED 蛍光高度計では観測されなかった局所的に強いシグナルが、レーザー蛍光高度計では確認された(Fig1A)。第二にレーザー蛍光高度計で局所的に強いシグナルが観測された水深帯で大きな粒子がカメラロガーで撮影されていた(Fig1B)。これらの結果からレーザー蛍光高度計で観測された局所的な強いシグナルは凝集体のような大きな粒子が関係しているのではないかと考えられた。しかし、カメラロガーの解像度では撮影された大きな粒子の詳細は不明だったため、凝集体であるという確認はできなかった。

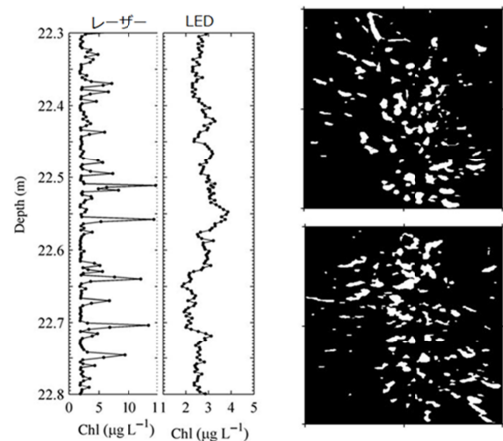


Fig. 1 A) レーザー蛍光高度計と LED 蛍光高計
による観測結果(左) B)カメラロガーによる
粒子の撮影(右) いずれも Doubell et
al., 2009 より抜粋

近年の研究では海洋中に直接投入、撮影を行うレーザーホログラフィーシステムを用いることでボトルサンプリングやネットサンプリングとは異なり、凝集体を破壊することなく観測することが可能になった(Fig2 A)。さらにこのシステムは解像度が非常に高く粒子内部の詳細を確認するうえでも有効であることがわかっている(Fig2 B)。

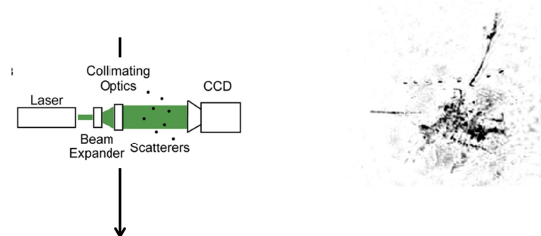


Fig2 A) レーザーホログラフィーシステムによる観測 - Graham 2010 より抜粋 (左)
B)レーザーホログラフィーシステムを用いて撮影された凝集体 (右)

2 . 研究の目的

海は海流によって攪拌される一つの巨大な水塊である。物理的観測により、この水塊が数 mm スケールの無数の不連続な微小場の集合からなることが分かってきた。ではその不連続性は個々の微小場内の微生物量や多様性、さらにその活動にどう反映され、最終的に海洋での物質循環プロセスにどのような意味を持つのだろうか。本研究の目的は、既存の観測方法では破壊されてしまっていた凝集体を、レーザーホログラフィーシステムを用いることで破壊することなく現場観測を行うこと、それに微生物学的手法を組み合わせ、「10cm

の厚みの水塊中の微生物量は 10 倍に及ぶ不均一分布をしており、群集構造もそれに応じて変動している。」ことを証明し、従来の“平均化された”観測結果とのずれを明らかにして新たな海洋の“生物物理学”を構築することである。

3 . 研究の方法

観測は東京都伊豆大島、南東沖(Fig3,4)で 2013 年 6 月 23 日 18 時 30 分から 24 日 09 時 30 分まで 15 時間、東京海洋大学の研究調査船、青鷹丸をドリフトさせながら前 10 点行われた。また微生物学的なサンプリングはやはり青鷹丸を用い、2012 年 9 月 5 日から 6 日かけて行われた。レーザーホログラフィー(MSS-HOLO)に RINKLO-Profiler を搭載し他観測と、並行して乱流微細構造プロファイラー-TurboMAP-L による観測を 1 時間ごとに行った。MSS - HOLO および RINKO-Profiler による観測は最大深度が 50m、TurboMAP-L による観測は最大深度 60m だった。また、CTD(ニスキン採水器、8L x 12 本)による採水を行い、同時に得られた異なる採水器から約 3 L ずつ異なる 2 本のロンテナーに海水を採取した。それぞれから Sterivex (孔径 0.22 μ m) にて濾過、凍結して持ち帰り、最終的に 454GS Junior にて 16S rDNA を標的にした群集構造解析を行った。

4 . 研究結果

図 3 にレーザー蛍光高度計による観測結果と凝集体の分布を比較した。この比較には凝集体の面積分布を用いている(A)。レーザー蛍光高度計では、局所的に強いシグナルが観測された(B)。Fig に示す通り、レーザー蛍光高度計で局所的に強いシグナルが観測された水深帯では凝集体の面積も高い値をしめしてい

た。実際にこのような水深帯では珪藻などの植物プランクトンを多く含んだ、1 mm以上の大きな凝集体が撮影されている。一方、凝集体の面積が大きく、レーザー蛍光高度計で強いシグナルが観測されない水深帯(15-25m)も確認された。この水深帯では、Fig24C に示す通り濁度が高いことがわかる。

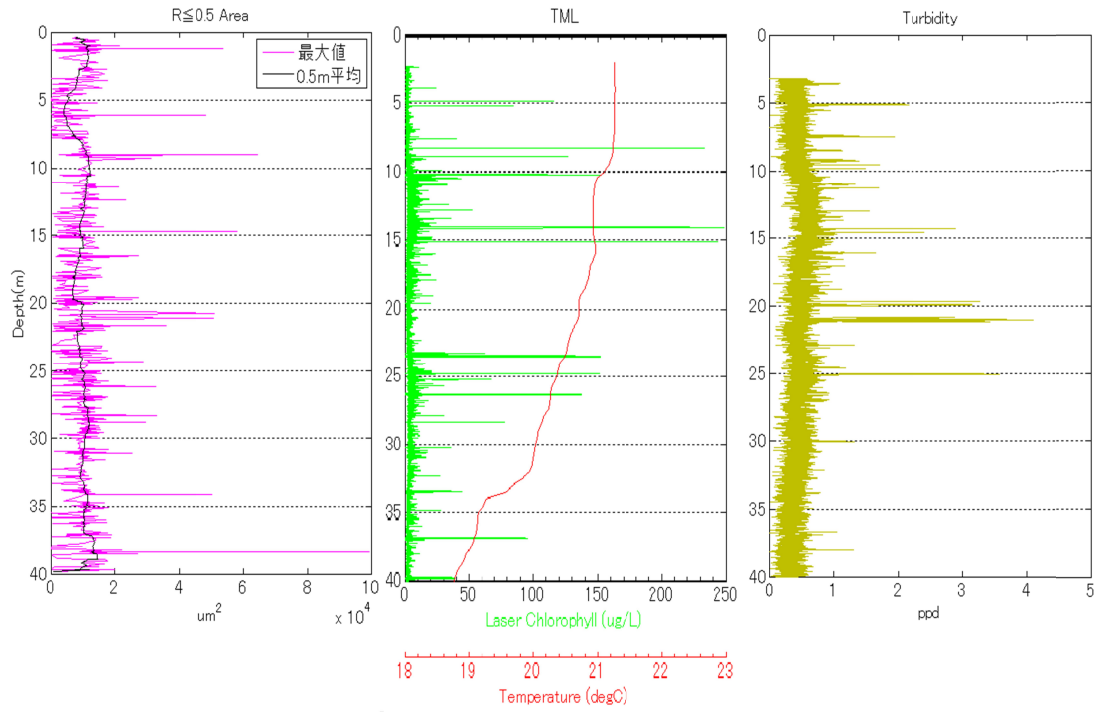


図3 . 凝集体 面積鉛直分布 B レーザー蛍光高度計 C 濁度
 (東京海洋大学、海洋科学部、竹内茉莉香卒論、Fig. 24 より)

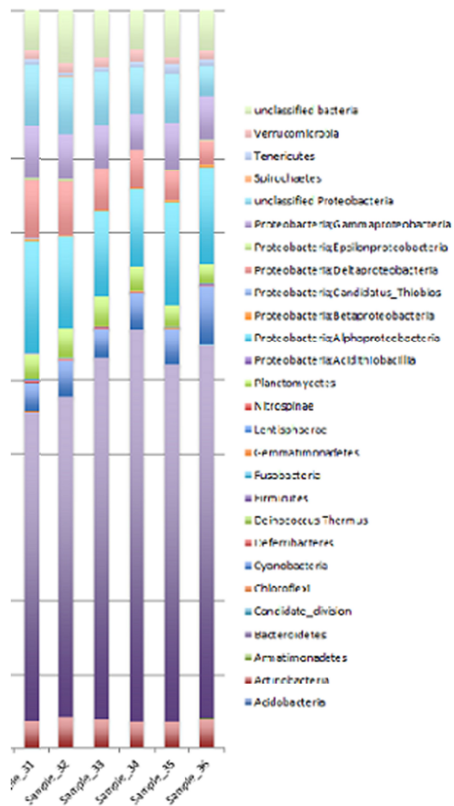


図4 . ニスキン採水器中の群集組成
 いずれも 454GS Junior を使い、16S rDNA の
 解析により門レベルで求めた。

図4は同じ深度で同時に異なるニスキン採水器で採取された海水試料中の原核生物を対象に、16S rDNAの解析を行ったものである。門レベルで系統群毎の組成を示す。6つの群集のうち、左の2本、中央の2本、右の2本はそれぞれ同じニスキン採水器のボトルから採水して得た試料の解析結果である。基本的に一本のボトル中の差異は認められないが、隣あった採水器間では多少の違いが認められる。現在他の試料とともに、解析を行っている。

5. 主な発表論文

0件

6. 研究組織

(1) 研究代表者

木暮一啓 (KOGURE, Kazuhiro)
東京大学大気海洋研究所 教授
研究者番号：10161895

(2) 研究分担者

山崎秀勝 (YAMAZAKI, Hidekatsu)
東京海洋大学 海洋環境学科 教授
研究者番号：80260537