

地震生命圏の提案 Earthquake Biosphere

川口 慎介^{1*}

KAWAGUCCI, Shinsuke^{1*}

¹ 海洋研究開発機構

¹JAMSTEC

「化学合成生態系の進化」を考えるには「化学合成生態系」というモノを理解しなければならないだろう。一般に「化学合成生態系」は「光合成生態系」に対応して位置づけられているように思う。つまり、生態系を理解するためには「一次生産者が光合成生物か化学合成生物か」で分類することが有効な手段である、という発想だ。たしかにこの分類法を採用すれば、世の中に数多ある生態系をすべてどちらかに分類可能である。しかし、何か違和感のようなものが残る。

そもそも「光合成生物」と「化学合成生物」とは、対称的に捉えることができる性質のものなのだろうか。光合成生物の代謝機能は「光エネルギーの高エネルギー物質への固定」「高エネルギー物質を利用したATPの産生」「ATPを利用した無機炭素からの有機物産合成」の3つに分けられるだろう。一方の化学合成生物の代謝はどうだろうか。光合成生物の持つ3つの代謝機能のうち、後ろ2つは化学合成生物の代謝にも組み込まれているが、初めの機能については備わっていない。化学合成生物は、自らエネルギーを物質に固定するかわりに、外部に存在する高エネルギー物質（水素ガスやメタンなど）を取り込む方法を採用している。（むしろ光合成生物がこの機能を代謝として身につけたのでは、という部分も考えたいが、本題から外れるのでここでは深入りしない）

整理しよう。生態系を理解するには、その基礎となる部分を理解することが重要である。重要なのだが、その時に「一次生産者」という枠組みで「光合成生物/化学合成生物」という生物分類を採用してしまうと、両者の持つ代謝機能が非対称であるがゆえに、生態系の構造をうまく描写できない気がする。だから「一次生産者」を「機能」に分割して考える必要がある。まず光合成生物にも化学合成生物にも共通する「高エネルギー物質を利用してATPを経由して無機炭素から有機物を合成する」という機能を「狭義の一次生産」と捉える。その上で「狭義の一次生産に利用する高エネルギー物質の起源」を考える。これを「ゼロ次生産過程」と名付けよう。そして「ゼロ次生産過程」と「生態系」を合わせた概念を「生命圏」と呼ぶことにして、あらためて「ゼロ次生産過程」で「生命圏」を分類し、ゼロ次生産過程を頭につけて「生命圏」と名付ける。

光合成生態系のゼロ次生産過程は、先に述べたとおり光合成生物の代謝機能に含まれているので、すべて「光合成生命圏」と呼ぶことができる。一方の化学合成生態系はどうだろうか。海底熱水噴出口周辺には化学合成生態系が発達しているが、一次生産に利用する水素ガスや硫化水素は（ほとんどが）地球内部エネルギーによる熱水反応に由来するので、ゼロ次生産過程は熱水活動であり「熱水生命圏」と分類できるだろう。しかしながら、たとえば沖縄トラフの熱水に含まれるメタンの大部分は光合成生命圏産物である海底堆積物に由来するので、このメタンを利用する化学合成生態系は「光合成生命圏」に分類されてしまう。冷湧水周辺の化学合成生態系については、ゼロ次生産過程どころか水自体の起源が不明なものも多いため、どの生命圏に属するのか判断が難しいが、堆積有機物に由来するメタンを利用している光合成生命圏が多いと推測される。

こうして考えると、現在の地球上でわれわれが認識している生態系には「非・光合成生命圏」に分類されるものがほとんど存在しないことがわかる。「非・光合成生命圏」は「光合成生命圏」が存在しない世界における生命圏の在り方であるから、始原地球環境や他天体における生命活動を考える上でとても重要である。なにより「化学合成生態系の進化」を考えるのなら、現在の地球上で「非・光合成生命圏」の多様性を発見し調査することが重要である。にもかかわらず、深海や高山、砂漠、極域などのいわゆる極限環境でも「非・光合成生命圏」はほとんど見つからない。もちろん地球上のあらゆる環境をしらみつぶしに調査していけば、新奇な生態系を発見することができるかもしれないし、それが「非・光合成生命圏」であるかもしれない。しかし、未知の深海熱水噴出口を1つ探すだけでヒーヒー言っている現状を鑑みるに、そんな調査は現実的ではないだろう。

いよいよ本講演の主題である。生態系研究では、まず新たな生態系を発見して、それを調査することで生態系の正体を暴くという手順だが、生命圏研究は違う。生命圏研究では、まずゼロ次生産過程を仮定し「生物利用可能エネルギーがあるんだから生態系が存在するだろうよ」と考え調査を進めるのだ。ということで、ここに「地震生命圏」を提案するのである。

キーワード: 地震生命圏, 化学合成生態系, 光合成, 地震, 生命圏

Keywords: Earthquake Biosphere

東北地方太平洋沖地震後の深海生態系

Impact by the mega-earthquake: the 2011 Mw 9.0 Tohoku-Oki Earthquake, on deep-sea ecosystems in Japan Trench

藤倉 克則^{1*}, 渡部裕美¹, 宮本教生¹, 古島靖夫¹, 野牧秀隆¹, 高井研¹, 北里洋¹, 辻健², 新井和乃³, 乗船研究者¹
FUJIKURA, Katsunori^{1*}, Hiromi WATANABE¹, Norio MIYAMOTO¹, Yasuo FURUSHIMA¹, Hidetaka NOMAKI¹, Ken TAKAI¹, Hiroshi KITAZATO¹, Takeshi TSUJI², Kazuno ARAI³, Onboard Party¹

¹ 海洋研究開発機構, ² 京都大学, ³ 千葉大学
¹JAMSTEC, ²Kyoto University, ³Chiba University

The tremendous March 2011 Tohoku earthquake (Mw 9.0) ruptured a wide area along the plate interface off the Pacific coast of Tohoku, Japan. The tsunami induced by earthquake was extremely huge. Earthquake, after shocks and tsunami have been variously affected to not only coastal marine ecosystems but also deep-sea ecosystems. Expected impacts to deep-sea ecosystems were following:

- 1) The extinction of deep-sea organisms by turbidity currents,
- 2) The extinction and/or new occurrences of chemosynthesis-based ecosystems by chemicals such as CH₄ and H₂, discharge from seafloor,
- 3) Change of faunal composition and distribution patterns of deep-sea organisms by numerous suspended matters.

To estimate and make clear for above expected impacts by the earthquake, we conducted deep-sea investigations using the HOV Shinkai 6500 and Deep-towing TV Camera systems in the Japan Trench from June to August, 2011. Several fissures on the seafloor, new occurrences of bacterial mats associated with CH₄ and H₂S seepages, other bacterial mats associated with decay of dead benthic organisms aggregations, decreasing of *Calyptogena phaseoliformis* colonies and new occurrences of single species holothurian dense aggregations were observed. These phenomena have never found before the March 2011 Tohoku earthquake. So far, we have investigated using some deep-sea research gears. So, we believe, to describe these impacts by the huge earthquake is our important task.

キーワード: 東北地方太平洋沖地震, 深海生態系, バクテリアマット, 日本海溝

Keywords: the 2011 Mw 9.0 Tohoku-Oki Earthquake, deep-sea ecosystems, bacterial mat, Japan Trench

成長線と安定同位体比解析に基づく化学合成二枚貝ツキガイモドキの成長パターン Growth pattern of the chemosynthetic bivalve *Lucinoma annulatum* based on growthline and isotopic analysis

中島 礼¹, 佐藤 瑞穂², 坂井 三郎³, 間嶋 隆一^{2*}

NAKASHIMA, Rei¹, Mizuho Sato², SAKAI, Saburo³, MAJIMA, Ryuichi^{2*}

¹産業技術総合研究所, ²横浜国立大学, ³海洋研究開発機構

¹Geological Survey of Japan, AIST, ²Yokohama National University, ³JAMSTEC

ツキガイ科 (Lucinidae) に属する二枚貝は、ほぼすべての種において鰓に硫黄酸化細菌を共生させているとされ、化学合成群集の特徴種として知られる。東南アジアでは食用とされたり、化石としても多産するが、ツキガイ類の詳しい成長過程については明らかになっておらず、環境の変動や個体の生理状態が貝殻の成長にどのように反映されるのかも明らかではない。そこで本研究では、別府湾で採取されたツキガイ科の一種であるツキガイモドキ (*Lucinoma annulatum* (Reeve)) を用いて、貝殻の成長線などの貝殻構造の解析と、酸素・炭素安定同位体比の解析から、その成長過程や生息環境について検討した。

2005年11月19日、大分県別府湾の水深約50mの地点で採取されたツキガイモドキを使用した。82個体の殻高、殻長、殻幅を計測し、ヒストグラムを作成した。そのうち5個体について成長線などの貝殻構造の観察を行った。観察には、貝殻を正中線に沿って切断し、切断面のレプリカフィルムを作成し、それを使用した。ツキガイモドキの貝殻断面には外表面から、外層・中層・筋痕層・内層の4層が見られ、成長線解析には、成長線が最も明瞭な中層部分における成長線間隔を計測した。また、貝殻断面の外表面に見られる凸状の板状輪肋と凹状の成長障害輪の位置を記録した。酸素・炭素安定同位体比測定は、貝殻断面の中層部分を成長線に平行に約80-500um間隔で切削して得た粉末サンプルを使用した。貝殻切削には高精度マイクロミルシステム GeoMill326を用い、微小粉体回収装置吸引吸引で回収した。

殻高、殻長、殻幅のヒストグラムから、3つのピークが認められた。これらのピークより、この個体群は繁殖時期の異なる個体を含むことが推測され、それぞれのピーク間隔は繁殖間隔の貝殻成長量を示すと考えられる。

成長線解析と輪肋、障害輪の分布から、ツキガイモドキの貝殻成長は前期、中期、後期の3つのステージに分けられることがわかった。前期は殻頂部周辺に相当し、輪肋・成長線ともに間隔が狭く障害輪が入らない。中期は貝殻中央部に相当し、輪肋・成長線ともに間隔が広く、障害輪が存在する。後期は腹縁部に相当し、成長線間隔が中期より大幅に狭くなり、障害輪が多く挟在する。中期と後期の境界の位置はどの個体でもほぼ同じであり、その位置は殻高ヒストグラムの最初のピークにほぼ一致する。そのため、この位置はツキガイモドキの貝殻成長の一種の変換点に相当すると推定される。

酸素・炭素安定同位体比の分析結果より、7つのサイクルが認められた。その変動幅を海水温に換算すると、15℃?20℃となり、実際の別府湾の水深50mの水温11℃?24℃よりは変動が小さいが調和的といえる。また、高水温時と低水温時に貝殻成長が停止していることが考えられる。

キーワード: 成長線, 成長サイクル, 化学合成群集, 二枚貝, 安定同位体

Keywords: growthline, growth pattern, chemosynthetic community, bivalve, stable isotope

沖縄トラフと伊豆・小笠原諸島海域に分布するオハラエビ類の遺伝的集団構造 Genetic Population Structure of Alvinocaridid Shrimps in the Okinawa Trough and the Izu-Ogasawara Arc

矢萩 拓也^{1*}, 渡部 裕美², 小島 茂明¹

YAHAGI, Takuya^{1*}, WATANABE, Hiromi², KOJIMA, Shigeaki¹

¹ 東京大学大学院新領域創成科学研究科, ² 海洋研究開発機構

¹The University of Tokyo, ²JAMSTEC

深海熱水噴出域や湧水域に生息する化学合成生物群集は、多くの固有種により構成されていることが報告されている (Tunnicliffe and Fowler, 1996)。北西太平洋に位置する熱水噴出域である沖縄トラフと伊豆・小笠原諸島海域では、地質学的背景や生物群集の優占種が大きく異なるため、海域間の遺伝子交流は少ないと考えられている。実際に、両熱水域から採集されたネッスイハナカゴの一種 *Neoverruca* sp. では、ミトコンドリア COI 遺伝子部分塩基配列を用いた遺伝的集団解析から、完全に遺伝的分化していることが明らかとなっている (Watanabe et al., 2005)。しかし、これら 2 つの熱水域に分布する生物種の遺伝的集団構造に関する知見は乏しく、その他の構成種についての知見はほとんどない。遺伝的集団構造を生活史の異なる種間で比較することで両海域の生物群集の関係性を詳細に理解することが可能になると期待される。そこで本研究では、沖縄トラフと伊豆・小笠原諸島海域で優占するオハラエビ科エビ類を対象に、遺伝的集団構造解析から両海域間の遺伝子流動を明らかにすることを目的とした。

本研究では、JAMSTEC の無人潜水艇「ハイパードルフィン」およびその支援母船「なつしま」による NT11-09 と NT11-20 航海で、南部沖縄トラフに位置する伊良部海丘と伊豆・小笠原諸島海域水曜海山で同種と考えられるオハラエビ類の一種 *Alvinocaris* sp. を採集した。遺伝的集団解析には、*Alvinocaris* sp. 各 20 個体のミトコンドリア COI 遺伝子部分塩基配列を用いた。

伊良部海丘と水曜海山から採集された *Alvinocaris* sp. には、遺伝的分化が見られなかった。一方で、*Alvinocaris* sp. 集団は、大きく遺伝的に異なる 2 つの種内系統群から構成されていることが明らかとなった。本発表では、詳細な遺伝的集団解析結果と生態情報や地質学的背景から、沖縄トラフと伊豆・小笠原諸島海域間のオハラエビ類の集団間のつながりやその歴史について考察を行う。

キーワード: 沖縄トラフ, 伊豆・小笠原諸島海域, オハラエビ類, 遺伝的集団構造

Keywords: Okinawa Trough, Izu-Ogasawara Arc, Alvinocaridid shrimps, Genetic population structure

飼育培養手法を用いた化学合成系無脊椎動物の共生菌-宿主関連性の実験的検討 Cultivating approach for understanding symbiont-host linkage of invertebrates in deep-sea chemosynthetic ecosystem

小西 正朗^{1*}, 和辻 智郎¹, 中川 聡², 秦田 勇二¹, 高井 研¹, 豊福 高志¹

KONISHI, Masaaki^{1*}, WATSUJI Tomo-o¹, NAKAGAWA Satoshi², HATADA Yuji¹, TAKAI Ken¹, TOYOFUKU Takashi¹

¹ 独立行政法人海洋研究開発機構 海洋・極限環境生物圏領域, ² 北海道大学 水産学部

¹Institute of Biogeoscience (Biogeos), Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology (JAMSTEC), ²Faculty of Fisheries Sciences, Hokkaido University

深海の熱水噴出孔やメタン湧水域に見られる化学合成生態系に属する生物は、独立栄養共生菌を通じ、地殻から湧出する化学物質を利用することにより、太陽光に依存しない独自の生態系を形成している。これらの生物の共生菌-宿主関連性については、フィールドワークによる生育環境の調査、捕獲した宿主と共生菌の分子系統解析、近縁の自由生活型菌の培養特性等から推定されてきた。生理学的因子や環境因子と共生菌-宿主関連性について、因果関係を明確にして議論するためには、飼育環境における宿主生物や共生菌の振る舞いを詳細に解析することが望ましい。しかしながら、硫化水素やメタンなどの還元性ガス成分を供給・制御できる飼育システムが存在しなかった。そこで、我々は還元性・毒性が非常に高く飼育水槽中での濃度制御が困難である硫化水素の制御システムを構築し、低温、低酸素の深海環境を模倣した環境を再現し、硫化水素を低濃度で供給した場合のゴエモンコシオリエビとその剛毛に共生している外部共生菌の振る舞いを解析した。

本研究で用いたシステムでは、溶存酸素は光学式溶存酸素計を用いて監視し、脱気モジュールと給気用水流ポンプを on/off 動作させ、1 mg/L 程度に維持した。硫化水素ガスを脱気モジュール (MHF0504MBFT, 三菱レイヨン) を介して、飼育水中に供給した。気相中硫化水素はガスセンサー (TGS825, フィガロ技研) で検出した。硫化水素供給は on/off リレーを介して、硫化水素ガスの供給を制御する電磁弁とガス供給用モジュールへの循環ポンプの動作を制御した。温度は約 5 度で維持した。ROV を用いて、北伊平屋サイトの熱水噴出孔付近で採取したゴエモンコシオリエビを硫化水素添加水槽に 60 匹、硫化水素を添加しない水槽に 30 匹入れ、83 日間飼育した。残念なことに硫化水素添加水槽では 34 日目にクーラーシステムが故障したために、温度が 15 度付近まで上昇したので、その後バックアップシステムにて、飼育した。硫化水素濃度は 5 ~ 60 μ mol/l で連続的に供給できた。ゴエモンコシオリエビの生存率は無添加水槽では 90 % であったのに対し、添加水槽で、73.3% であった。機器トラブルによる温度上昇で死亡した 8.3% を考慮しても、硫化水素を添加した場合、若干生存率が低下しているようであった。飼育後の剛毛を顕微鏡観察したところ、硫化水素を添加した場合、明らかに外部共生菌の数が増えているように思えた。そこで、リアルタイム PCR 法により剛毛の湿重量あたりの菌体数を推定したところ、硫化水素を添加した場合、無添加の場合と比べて外部共生菌量が 3 桁程度多いと推定された。さらに硫化水素存在下で飼育した固体の外部共生菌の分子系統解析を実施したところ、環境中のゴエモンコシオリエビの外部共生菌として報告がある -プロテオバクテリアの Marine epibiont group I に属する系統群や -プロテオバクテリアの *Sulfurovum*-affiliated bacteria に属する系統群の他、ホネクイハナムシ *Osedax mucofloris* の内部共生 -プロテオバクテリア、ツノナシオハラエビ *Rimicaris exoculata* の外部共生フラボバクテリア、自由生活型と推定できる -プロテオバクテリア、フラボバクテリアが検出された。一方で、硫化水素添加条件下では、白いバクテリアマットが得られた。バクテリアマットの系統解析を実施したところ、Marine epibiont group I を除く上記の共生菌近縁の系統群に加えて、アルビンガイ *Alviniconcha* sp. type 2 の内部共生菌と非常に近縁な系統群も検出された。飼育環境中でコシオリエビの剛毛上とバクテリアマット双方で増殖したと考えられる共生菌系統群の増殖は物理的もしくは化学的環境因子への依存性が高いことが示唆された。また、剛毛上のみで検出された Marine epibiont group I の増殖は宿主との生理的な増殖因子が必須である可能性がある。一方で、コシオリエビを採取した沖縄トラフから約 3,700km も離れた、Vienna Woods サイトの固有種であるアルビンガイの内部共生菌と非常に近縁なバクテリアが飼育環境中のバクテリアマットから得られたことから、これらの内部共生菌の系統群が地理的要因より化学環境要因に依存している可能性を示唆する興味深い発見であった。

このように飼育技術を基盤とした実験的な化学合成生態系生物-共生菌の関連性に関する研究アプローチでは、地理的要因を排除できるだけでなく、適当な比較実験により、物理的・化学的因子の影響の抽出が可能である。実験的なアプローチとフィールドワーク的なアプローチを統合することにより、化学合成生態系のさらなる理解を深めることができるだろう。

キーワード: 飼育水槽, 共生菌-宿主関連性, ゴエモンコシオリエビ, フィードバック制御, 半導体ガスセンサー

Keywords: rearing tank, symbiont-host linkage, *Shinkaia crosnieri*, feed-back control, semiconductor gas sensor

三浦半島, 鮮新-更新統三浦-上総層群におけるシロウリガイ類化石産出層の年代層序 Chronostratigraphy of the *Calypptogena*-bearing, Plio-Pleistocene Miura and Kazusa Groups, central Japan

宇都宮 正志^{1*}, 田中 裕一郎², 楠 稚枝¹, 小林 青葉¹, 中村 章子⁵, 岡田 誠³, 和田 秀樹⁴, 間嶋 隆一¹

UTSUNOMIYA, Masayuki^{1*}, TANAKA, Yuichiro², KUSU, Chie¹, Aoba Kobayashi¹, NAKAMURA, Ayako⁵, OKADA, Makoto³, WADA, Hideki⁴, MAJIMA, Ryuichi¹

¹ 横浜国大・環境情報, ² 産総研・地質情報, ³ 茨城大・理, ⁴ 静岡大・理, ⁵ 株式会社リコー

¹Environment and Information Sciences, Yokohama National University, ²National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, ³Department of Earth Sciences, Faculty of Science, Ibaraki University, ⁴Department of Science, Faculty of Geosciences, Shizuoka University, ⁵Ricoh Company, Ltd.

三浦半島北部には鮮新-更新統の前弧海盆堆積物が露出し, この時代の化学合成化石群集が世界でもっとも多産する地域の一つである。本地域には下位から三浦層群池子層, 上総層群浦郷層および野島層が重なり, 多様な産状のシロウリガイ類化石が産出する。例えば, シロウリガイ類化石が大規模な海底地すべりによって形成された異地性の砂岩層ブロックから産出する産状(池子層鷹取山火砕岩部層), シロウリガイ類が当時その場所に生息していたと考えられる産状(浦郷層), 堆積物重力流で堆積したと考えられる砂岩層から産出する産状(野島層今泉砂礫岩部層)が認められる。こうしたシロウリガイ類化石層の産状の時空変化と堆積環境の関係を調べるため, 石灰質ナノ化石に基づく年代決定を含め, シロウリガイ類化石産出層の層序関係を詳細に検討した。

堆積物試料を池子層の12層準, 浦郷層の5層準および野島層の6層準から採取し, 石灰質ナノ化石の生層序区分であるCN帯の認定を行った。CN帯の境界の年代値は Raffi et al. (2006) による。その結果, 池子層中にCN11帯(4.50から3.79Ma)に初めて出現する *Pseudoemiliana lacunosa* の初産出層準とCN11b亜帯とCN12a亜帯の境界(3.79Ma)である *Reticulofenestra pseudoumbilicus* の終産出層準が, 浦郷層中にCN12a亜帯とCN12b亜帯の境界(2.87Ma)である *Discoaster tamalis* の終産出層準とCN12b亜帯とCN12c亜帯の境界(2.52Ma)である *Discoaster surculus* の終産出層準が, 野島層最下部にCN12c亜帯とCN12d亜帯の境界(2.39Ma)を定義づける *Discoaster pentaradiatus* の終産出層準がそれぞれ認定された。Gauss 正磁極期と Matuyama 逆磁極期の境界(2.58Ma)は *Discoaster pentaradiatus* の終産出層準から30から60m下位に位置する。

以上の結果から, 池子層の含シロウリガイ類化石層の堆積年代は約4.50から3.79Ma, 浦郷層の含シロウリガイ類化石層の堆積年代は2.52-2.50Maと見積もられる。

キーワード: 化学合成化石群集, 三浦半島, 三浦層群, 上総層群, 石灰質ナノ化石層序

Keywords: chemosynthetic fossil assemblage, Miura Peninsula, Miura Group, Kazusa Group, calcareous nanno fossil stratigraphy

日本周辺化学合成生物群集におけるシロウリガイ類の分布勾配

Distributional gradient of sister species of vesicomid bivalves in chemosynthetic fauna in Japan

渡部 裕美^{1*}, 瀬尾 絵理子², 高橋 幸愛¹, 吉田 尊雄¹, 小島 茂明², 藤倉 克則¹, 三宅 裕志³

WATANABE, Hiromi^{1*}, SEO, Eriko², TAKAHASHI, Yoshimi¹, YOSHIDA, Takao¹, KOJIMA, Shigeaki², FUJIKURA, Katsunori¹, MIYAKE, Hiroshi³

¹ 海洋研究開発機構, ² 東京大学大気海洋研究所, ³ 北里大学

¹ Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, ² Atmosphere and Ocean Research Institute, the University of Tokyo,

³ Kitasato University

シロウリガイ類は、細胞内に化学合成細菌を共生させており、深海化学合成生物群集の中でも高いバイオマスを有する分類群である。堆積物中の硫化水素濃度などによってシロウリガイ類の分布が制限されることは、これまでも明らかにされてきたが、生息水深、水温、塩分濃度、溶存酸素量などの環境因子との関連については、はっきりしていない。本研究では、相模湾のメタン湧水域に共存する2種のシロウリガイ類、シロウリガイとシマイシロウリガイを簡単に区別するための手法を開発し、環境因子とシロウリガイ類の種組成の変化を比較した。その結果、相模湾ではシロウリガイ類の種組成は水深、水温、塩分濃度とよく相関したが、溶存酸素量とは相関関係を確認することはできなかった。さらに、沖縄トラフに分布するシマイシロウリガイの分布環境を加えて検討すると、2種のシロウリガイ類の分布に生息水深が影響しないことが示唆された。本研究の結果は、共生細菌に大きく依存するシロウリガイ類でも、水温や塩分濃度といった一般的な海洋生物の分布を決める環境要因に大きな影響を受けていることを示している。

キーワード: シロウリガイ, 化学合成生物群集, 相模湾, 沖縄トラフ, mPCR

Keywords: vesicomid, chemosynthetic fauna, Sagami Bay, Okinawa Trough, mPCR

初島沖シロウリガイ類コロニーにおける動物行動学的観察

Ethological observation in a *Calyptogena* colony off Hatsushima Island in Sagami Bay, central Japan

早瀬 磨菜^{1*}, 延原 尊美¹, 鈴木 貴大¹, 岩瀬 良一²

HAYASE, Mana^{1*}, NOBUHARA, Takami¹, SUZUKI, Takahiro¹, IWASE, Ryoichi²

¹ 静岡大学教育学部, ² 海洋研究開発機構

¹Shizuoka University (Faculty of Education), ²JAMSTEC

Ethology of *Calyptogena* clams is analyzed on the basis of a serial video-capture images with three-minutes interval from 14th March to 19th June, 1988 on the Long-term Deep Sea Floor Observatory off Hatsushima Island in Sagami Bay. The video camera was fixed to observe the *Calyptogena* colony (yellow bacteria mat and its surroundings of *Calyptogena* gregarious zone).

During the video-capture working time, more than three mud-flows stroke the colony, but the thickness of mud-flow sediments were maybe not over 10 cm. The *Calyptogena* clams pushed up their shells and escaped from the burial by pushing their foot against underground firm bottom. After the mud-flow blanketed the colony, some *Calyptogena* clams randomly moved and disturbed the reducing bottom breaking the bacteria mat, but its significance is unknown.

It is noteworthy that this serial-images record a complete account of prey/predation processes on a *Calyptogena* clam from beginning to end. *Calyptogena* clams were attacked by large buccinid and small turrid gastropods, which wandered in and around the living *Calyptogena* colony and rode on some clams. *Calyptogena* clams escape or protect from their predation by the following three methods: 1) closing the valves; 2) burrowing into sulphide-rich bottom where is not preferable condition for aerobic animals; and 3) hiding behind large dead shells.

Small gastropod-attacks did not cause dynamic escape activity of *Calyptogena* bivalves. Gregarious small gastropods had swarmed on some living *Calyptogena* clams during over 20 days, but the *Calyptogena* clam only once crawled into the reducing bottom and mainly resists the small-gastropod attacks by closing their valves.

On the other hand, attacks by large buccinid gastropods promptly cause escape actions of *Calyptogena* bivalves. We confirm that a *Calyptogena* clam instantly burrowed into the bottom just after large buccinid-attacks. The *Calyptogena* clam stayed in the black reducing sediments over nine hours. During the burrowing time, buccinid gastropods also burrowed into the sediments with their long siphon above the sediment surface, and struggled and tried to prey the clam. After all some buccinid gastropods gave up and leaved the clam burrowing point although others retained around the point. The *Calyptogena* clam once succeeded in escaping from the predation, but unfortunately the clam received next attack by another buccinid gastropod after the clam rose to the surface. The clam maybe had little reserve of energy to burrow again, and alternatively hid behind a large dead *Calyptogena* shell. This way was not efficient for the protect from their predation. After the hiding, the living *Calyptogena* received intensive attacks by many large and small gastropods. It took about 4 days and a half from the start of intensive attacks to completion of the predation. This predation time suggests that old-aged *Calyptogena* colony has enough potential to attract the high-density gastropod population.

キーワード: シロウリガイ類, メタン湧水, 動物行動学, 相模湾

Keywords: *Calyptogena*, methane seepage, ethology, Sagami Bay

三陸沖（水深123m）から発見した *Nucinella* 類を含む化学合成群集 *Nucinella* found in a chemosynthetic community off the Sanriku coast, northeastern Japan at 123 m depth

ジェンキンス ロバート^{1*}, 北村 晃寿², 天野 和孝³
JENKINS, Robert^{1*}, KITAMURA, Akihisa², AMANO, Kazutaka³

¹ 横浜国立大学環境情報研究院, ² 静岡大学理学部地球科学教室, ³ 上越教育大学学校教育研究科地学教室
¹Graduate School of Environment and Information Sciences, Yokohama National University, ²Institute of Geosciences, Faculty of Science, Shizuoka University, ³Department of Geosciences, Joetsu University of Education

Nucinellids are very small bivalves, generally less than 5 mm in length, related to the Solemyidae, which are typical chemosymbiotic bivalves. Reid (1990) and Amano et al. (2007) hypothesized, on the basis of the *Nucinellidae*'s gutless state and their occurrence in Cretaceous cold-seep deposits, that they have chemosynthetic bacteria in their body. This hypothesis has been partially confirmed by Oliver and Taylor (2012). They found bacteria-like microstructures in their gills. But it has still not yet been fully confirmed that the *Nucinellidae* have chemosynthetic bacteria or not.

We recovered many dead shells of *Nucinella* sp. with living chemosynthetic lucinid and thyasirid bivalves from the sea off the Sanriku coast at a depth of 123 m during the Tansei-maru (JAMSTEC) cruise KT-11-17 in the summer of 2011. The finding indicates that the *Nucinellidae* might be a member of chemosynthetic communities even in the Recent, not only in the Cretaceous. Our finding supports the hypothesis that the *Nucinellidae* have chemosymbiotic bacteria.

キーワード: クルミガイモドキ類, 原鰓類, メタン湧水, 冷湧水, 共生, 三陸沖
Keywords: *Nucinellidae*, methane seep, cold seep, symbiosis

沖縄トラフの海底熱水系周辺に生息する海綿動物の栄養源の推定

Evaluation of nutrient sources for the sponges inhabited around seafloor hydrothermal areas in the Okinawa Trough

長塩 皓美^{1*}, 山中 寿朗¹, 渡部 裕美², 山上 翔世¹, 伊勢 優史³, 牧田 寛子²NAGASHIO, hiromi^{1*}, YAMANAKA, Toshiro¹, WATANABE, Hiromi², YAMAGAMI, Shosei¹, Yuji Ise³, MAKITA, Hiroko²¹ 岡山大学大学院自然科学研究科, ² 独立行政法人海洋研究開発機構, ³ 東京大学¹Graduate school of Natural Science and Technology, ²JAMSTEC, ³The University of Tokyo

深海底に熱水噴出孔が発見された際、最も目を惹く特徴はその場に高密度で生息する特殊な生物群であった。これらは、今日では化学合成依存動物群集として多くの研究が行われている。一方で、海綿動物やヤギ類など、深海底で普通に見られる生物でありながら、熱水活動域に隣接する海底で個体密度が上がる様子が度々観察され、熱水系において化学合成による一次生産物に依存する動物相が予想以上に広がりをもち、多様性に富むことが最近理解されつつある。そこで、実際にこれら生物が化学合成による一次生産によって支えられているか否か、熱水活動域近隣の場所で生息する生物の栄養源についての研究が不可欠である。よって本研究では今まで海底熱水域で最も広範囲で密集した様子が確認されている海綿動物の栄養源の推定を目的とした。

海底熱水系周辺に生息する海綿動物の栄養源の推定を行うために、沖縄トラフの熱水湧出が疑われる多良間海丘に密集して生息する海綿動物と、沖縄トラフの既知の熱水域、また、近くに熱水活動がないと考えられている場所に生息する海綿動物の炭素、窒素、硫黄同位体組成の測定を行った。

試料には沖縄トラフでの潜航調査中に採取された生物(主に海綿動物)を用いた。生物試料は採取後、船上にて冷凍し研究室へと持ち帰り、硫酸イオンの除去などの前処理を行った後、EA-IRMS (GV社製のIsoPrime-EA)にて炭素、窒素、及び硫黄の安定同位体比組成の分析を行った。堆積物試料は無機炭素の除去などの前処理を行ったのちEA-IRMSにて炭素、窒素の安定同位体比組成の分析を行った。

一般海洋生物の炭素同位体組成は、植物プランクトンなどによって生成される有機物を栄養源としていることから、その有機物の炭素同位体組成 ($^{13}\text{C} = -25 \sim -20\%$ 程度)を反映している。しかし多良間海丘の海綿動物の炭素同位体組成は $^{13}\text{C} = -35\%$ 付近の値をとった。この ^{13}C 値は、硫酸化細菌が酵素 Rubisco を触媒として、海水に溶存している二酸化炭素を固定して生成する有機物の ^{13}C 値 ($-35 \pm 5\%$) の範囲に含まれる。潜航調査中にみられた、熱水ブルームと考えられる海水の濁りに、Rubisco を持った独立栄養性の硫酸化細菌が存在することが確認されており、海綿動物はピコプランクトンやナノプランクトンを濾過摂食する濾過食者であることから、ブルーム中の硫酸化細菌を栄養源にしている可能性が考えられる。海綿動物の硫黄同位体組成が、一般海洋生物がとりうる海水硫酸を反映した ^{34}S 値 ($+15 \sim +21\%$) の範囲ではなく、熱水・マグマ起源硫化水素の ^{34}S 値 ($-5 \sim +10\%$) の範囲にはいつていることも、硫酸化細菌が海綿動物の栄養源になっていることを支持している。このことは、また、硫酸化細菌が利用している硫化水素の起源が熱水起源であることを示唆している。

一方、多良間海丘の海綿動物とその付近で採取された棘皮動物以外の生物の炭素同位体組成からは一般海洋生物との栄養源の違いは見られなかった。しかし硫黄同位体組成は一般海洋生物のとりうる ^{34}S 値よりもやや低い値を示した。このことは、硫酸化細菌を栄養源の一部として利用していることに起因すると考えられる。

また、熱水湧出が確認されている沖縄トラフの別の熱水域に密集する海綿動物の炭素、窒素、硫黄の安定同位体組成の値も多良間海丘の海綿動物の値と類似した値を示した。

以上から、多良間海丘で見られる生物の栄養源として化学合成細菌である硫酸化細菌の寄与が明らかであり、このことはこの海域に硫化水素が熱水活動によって供給されていることを示唆している。よって沖縄トラフの海底熱水系周辺に生息する海綿動物の栄養源は、熱水活動と密接に関係していることが明らかとなった。

キーワード: 安定同位体, 海綿動物, 深海, 海底熱水系, 沖縄トラフ

Keywords: stable isotope, sponge, deep sea, seafloor hydrothermal system, Okinawa Trough

アミノ酸窒素同位体比分析による海洋生態系の栄養段階推定(1): 光合成生態系と化学合成生態系の構造

Estimation of trophic position in marine ecosystems based on nitrogen isotope of amino acids: prey-predator interaction

力石 嘉人^{1*}, 藤倉 克則¹, 土屋 正史¹, 吉田 尊雄¹, 藤原 義弘¹, 喜多村 稔¹, LINDSAY, Dhugal J.¹, 梅津 裕一², 永堀 淳志¹, 篠崎 鮎太², 小川 奈々子¹, 大河内 直彦¹

CHIKARAI, Yoshito^{1*}, FUJIKURA, Katsunori¹, TSUCHIYA, Masashi¹, YOSHIDA, Takao¹, FUJIWARA, Yoshihiro¹, KITAMURA, Minoru¹, LINDSAY, Dhugal J.¹, UMEZU, Yuichi², NAGABORI, Atsushi¹, SHINOZAKI, Ayuta², OGAWA, Nanako O.¹, OHKOUCI, Naohiko¹

¹ 独立行政法人海洋研究開発機構, ² 広島大学・独立行政法人海洋研究開発機構

¹JAMSTEC, ²Hiroshima University, JAMSTEC

海洋生態系は様々な生物群集から構成され、複雑な捕食・被食の生物間の相互作用の上に成り立っている。その構造を明らかにすることは、環境変化に対する生物の応答様式や海洋生態系の構造の変化を追跡する上でも重要である。アミノ酸の窒素同位体比分析をはじめとする微量同位体分析法は、JAMSTECで開発された新たな分析法であり、この分析法を用いることで海洋生態系の食物網構造を正確に理解することができる。われわれは、この分析法を用い、1) 海洋生態系の構造の解明と、2) 海洋生物の共生系の仕組みの解明を中心に研究を遂行している。海洋生態系の構造と海洋環境への適応様式を理解し、資源(餌)などのエネルギーが表層から底層へ(生産者から高次捕食者へ)の梯子を段階的に連鎖する「梯子モデル」が、どのように成立しているのかを検証する。

アミノ酸の窒素同位体比に基づく栄養段階の推定法は、複雑な生態系の栄養段階を明瞭に示すことができる重要なツールである。この手法では、栄養段階に伴い食物連鎖の上位の生物ほど¹⁵Nの濃縮が見られるアミノ酸(グルタミン酸など)と、栄養段階によらず窒素同位体比がほぼ一定で、生産者の情報を保持する持つアミノ酸(フェニルアラニンなど)を用いることで、生物の栄養段階を正確に求めることを基盤技術としている。

これまで研究の結果、1) 化学合成生態系生物でもアミノ酸窒素同位体分析に基づく栄養段階推定が適用できた、2) 基本的に化学合成生物群集と光合成生態系を明瞭に区別することができた、3) 共生関係のもとに栄養摂取を行っている生物の場合、共生生物の代謝産物の宿主利用形態により、複雑な関係が見られた。

キーワード: アミノ酸窒素同位体比, 栄養段階, 化学合成生態系, 鯨骨蝸集群集, 光合成生態系

アミノ酸窒素同位体比分析による海洋生態系の栄養段階推定(2): 宿主・共生系の仕組みの解明

Estimation of trophic position in marine ecosystems based on nitrogen isotope of amino acids: host-symbiont relationship

土屋 正史^{1*}, 吉田 尊雄¹, 力石 嘉人¹, 藤原 義弘¹, 梅津 裕一², 永堀 淳志², 藤倉 克則¹, 大河内 直彦¹
TSUCHIYA, Masashi^{1*}, Takao Yoshida¹, CHIKARAIISHI, Yoshito¹, Yoshihiro Fujiwara¹, Yuichi Umezu², NAGAHORI, Atsushi², FUJIKURA, Katsunori¹, OHKOUCI, Naohiko¹

¹ 独立行政法人海洋研究開発機構, ² 広島大学大学院生物圏科学研究科環境循環系制御学専攻

¹Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, ²Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima University

アミノ酸の窒素同位体比分析技術を用いて、海洋生態系を構成する海洋生物の進化や共生現象を介した環境への適応様式を理解し、海洋生物の共生系の仕組みを明らかにすることを目標に、化学合成生態系の二枚貝と化学合成微生物の共生系について、アミノ酸の窒素同位体比に基づく栄養段階の推定が共生系で適応できるか検討し、さらに共生系内での各組織における栄養段階を解析した。また、遺伝子からその代謝機能を推定するとともに、宿主の共生生物への依存度を明らかにし、共生を介した生態や進化を理解することは重要である。そこで本研究では、化学合成生態系で代表的な生物であるシロウリガイ類やシンカイヒバリガイ類と鰓組織に共生する化学合成微生物(以後共生菌と呼ぶ)との共生系について共生系内の窒素の動きを始めとした物質の動きを捉えることを目的とした。これまでの解析の結果、1) 宿主?共生系でも栄養段階推定を適用できることを明らかにした、2) 共生菌の種類や共生の様式によらず、シンカイヒバリガイ類とシロウリガイ類の栄養摂取形態に明瞭な違いが見られた。

シンカイヒバリガイ類では、共生菌の種類がメタン酸化細菌あるいは硫黄酸化細菌であっても、共生の様式が外部共生と内部共生の違いがあっても、基本的には、鰓と筋肉、共生菌のそれぞれの部位で栄養段階が1を示し、同じ栄養段階を示した。また、共生細菌を除去した個体では、栄養段階は部位ごとに変化し、天然の濾過食者のムラサキガイと同様の値をとることが明らかになった。多くのシンカイヒバリガイ類は、共生菌を獲得することで、共生菌と宿主の間のアミノ酸のやり取りが可能となることを示すと同時に、共生菌によって産生されたアミノ酸が、分解をへずそのまま宿主で使われる可能性と、一部が共生菌に再利用されている可能性などが考えられた。

これに対してシロウリガイ類では、共生菌が存在する鰓と共生菌の存在しない組織で比較したところ、鰓に比べると共生菌の存在しない組織では、栄養段階が1上昇した。このことは、共生菌を保持し共生菌が産生するアミノ酸ごと消化するか、あるいは、共生菌が産生したアミノ酸を何らかの形で宿主が利用している可能性が考えられる。シマイシロウリガイ共生菌では、アミノ酸のトランスポーターが存在せず、細胞内の超微細構造の観察からも、共生菌自体の消化が検出されにくいことから、共生菌が宿主側に何らかの機能があるのかもしれない。

キーワード: アミノ酸窒素同位体比, 栄養段階, 宿主・共生系, 化学合成生態系, シロウリガイ類, シンカイヒバリガイ類
Keywords: nitrogen isotope of amino acids, trophic position, host-symbiont relationships, chemosynthetic ecosystem, Calyptogen species, Bathymodiolus species