

自律型海中ロボットを使った海底画像からの底棲生物研究

Study on benthos from seafloor image using autonomous underwater robot

*浦 環¹

*Tamaki Ura¹

1. 九州工業大学

1. Kyushu Institute of Technology

高度 2 m および 8 m に自律型海中ロボットを航行させ、海底画像を撮影し、それを多数モザイクして海底の広域画像マッピングをおこないます。画像より、海底生物を抽出し、生物の分布を調べます。海底地形や画像より得られる環境情報から、生態系の全体把握をおこないます。熱水活動域の生態系、ハイドレート地帯の生態系など、時間変化を含めたデータを示し、自律型海中ロボットを使った新たな観測手法を示します。

キーワード：底棲生物、自律型海中ロボット、画像

Keywords: Benthos, Autonomous Underwater Vehicle, photograph

海洋生物の音響リモートセンシング

Acoustic remote sensing of marine organisms

*赤松 友成¹、川口 勝義²、岩瀬 良一²、西田 周平²、今泉 智人³、高橋 竜三³、澤田 浩一³、松尾 行雄⁴

*Akamatsu Tomonari¹, Katsuyoshi Kawaguchi², Ryoichi Iwase², Syuhei Nishida², Tomohito Imaizumi³, Ryuzo Takahashi³, Koichi Sawada³, Ikuo Matsuo⁴

1. 国立研究開発法人 水産研究・教育機構 中央水産研究所、2. 海洋研究開発機構、3. 国立研究開発法人 水産研究・教育機構 水産工学研究所、4. 東北学院大学

1. National Research Institute of Fisheries Science, Japan Fisheries Research and Education Agency, 2. Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, 3. National Research Institute of Fisheries Engineering, Japan Fisheries Research and Education Agency, 4. Tohoku Gakuin University

本研究では、海洋生物の音を用いて衛星から見た雲の動きのように生物分布を明らかにする音響リモートセンシング技術の実証を目標とした。日本で最大の水中生物を対象とした音響観測ネットワークを構築し、海洋生物の遠隔的種判別技術を開発した。2011年から3年間を基礎ステージと位置づけ、観測および解析態勢の整備をすすめた。2015年からの2年間を応用ステージと位置づけ、開発技術の実証を行った。生物音を受動的に記録するパッシブ方式と超音波をあてて反射音を測るアクティブ方式、および地震観測網を用いたケーブル方式が、3つの主要な耳となった。パッシブ方式は主として定点での運用を行い、アクティブ方式は主として移動しながらの運用を行った。北海道から沖縄まで、全国に観測定点を設けて延べ10万時間以上の録音を研究期間中に行った。これに加え、ケーブルによるアーカイブデータの発掘分が20年以上に及んだ。あらかじめ把握した種ごとの音声や反射音の特性を参照し、得られた水中音から特定の生物の音を抽出した。また、複数の受信点への音の到達時差を利用し密度推定モデルを適用することで、生物個体の位置や行動、個体数の情報を得た。

これまで定性的な存在確認にしか使えないと思われてきた受動的音響調査手法が、定量的な密度推定や分布地図の作成に使えることを実証した。本研究で開発された音響的二重独立再捕法や点音源密度推定法は、音声を発する生物に一般的に使えるモデルであり、今後の海洋生物の調査方法に新しい定量手法を提供すると考えられる。千葉・茨城沖では20の観測定点を敷設し、魚類・甲殻類・小型鯨類の種別分布地図とその動画情報を得た。また館山湾ではアクティブとパッシブ手法を組み合わせた多種同時曳航式観測を行い、底生生物と表層生物の同時可視化を実現した。釧路・十勝沖ケーブルでは、船舶調査が困難な冬季を含め、8年間のナガスクジラの来遊に明瞭な季節性があることを確認した。また過去にアーカイブされたデータの発掘により20年に及ぶ相模湾でのマッコウクジラの出現動態を示した。また、地震観測において今まで原因がわからなかった生物由来の信号源が明らかになり、特徴抽出などで分別することで今後の地震観測の精度を向上させることも期待された。魚からの反射波を用いた能動的観察手法による魚種の判別では、画像認識や音声認識分野で活用されている機械学習の1つであるサポートベクターマシンやディープ・ラーニング・ニューラルネットワークを用いて、自由遊泳中の個々の魚を捉え、マアジ、マサバ、カタクチイワシ等の魚種判別に成功した。この手法は多くの種への応用が期待され、今後の海洋生物の調査に有効と考えられる。

洋上風力発電の環境影響評価に要する期間の半減を目指すことが政府の目標となっている。本研究による開発技術は我が国の多くの洋上風力発電建設海域における海洋生物アセスメントに導入され、高精度なデータ収集能力と高次捕食者の信頼性の高い検出により事実上の標準調査法に採用されている。得られた成果は、環境基礎情報データベースの構築に利用されアセスメント手続きの高速化に貢献する見込みである。限られた範囲であるが、数百平方kmでの生物地図を音響的に得ることができた。これからの海洋生物観測に、CRESTで開発された「音響リモートセンシング」という新しい手法が加わった。

キーワード：受動的音響観測、海底ケーブル、魚群探知機

Keywords: passive acoustic monitoring, submarine cable, fish echosounder

仙台湾における 微小プランクトン群集の季節変動

Seasonal dynamics of phytoplankton and bacteria community in Sendai Bay

*片岡 剛文¹、渡辺 剛³、谷内 由貴子⁴、山口 晴代²、笥 茂穂³、坂見 知子³、河地 正伸²、桑田 晃³

*Takafumi Kataoka¹, Tsuyoshi Watanabe³, Yukiko Taniuchi⁴, Haruyo Yamaguchi², Shigeho Kakehi³, Tomoko Sakami³, Masanobu Kawachi², Akira Kuwata³

1. 公立大学法人福井県立大学、2. 国立研究開発法人環境研究所、3. 東北区水産研究所、4. 北海道区水産研究所

1. Fukui Prefectural University, 2. National Institute of Environmental Science, 3. Tohoku National Fisheries Research Institute, 4. Hokkaido National Fisheries Research Institute

Phytoplankton and bacteria play ecologically and biogeochemically significant roles in marine ecosystem as a primary producer and as an interface of dissolved organic materials into marine food web. Recently, study about marine microbial diversity has been accelerated using molecular techniques, but basic information of those diverse types of microbes and seasonal dynamics are still limited because of insufficient reference sequence data in public database and of the difficulty of constant monitoring in short term interval. In this study, monthly level monitoring survey was continued for more than two years in 1–3 months interval in the Sendai Bay. Seawater samples were collected for analyzing phytoplankton abundance, diversity and environmental parameters. The abundance of picophytoplankton (pico-sized eukaryotes and cyanobacteria) was counted by flow cytometry, and diatoms and dinoflagellates were counted under microscopy. Size fluctuated seawater was used for phytoplankton composition analysis using both microscopy and molecular techniques (Shotgun metagenome sequencing), and was also used for bacterial 16S rDNA amplicon analysis. Furthermore, frozen preservation technique combined with flow-cytometry was applied to sort specifically the pico-/nano-size phytoplankton followed by metagenome analysis of 18S rDNA amplicon. The higher phytoplankton biomass, which was examined by chlorophyll *a* concentration, was observed from winter to spring in the Sendai Bay during the monitoring. Diatom was dominated throughout year, while small phytoplankton and dinoflagellates were abundant from summer to fall. Pico-eukaryotic phytoplankton was dominated ca. 50% of the small phytoplankton cells throughout year but in summer period when cyanobacteria prominently dominated them. In the Sendai Bay, massive diatom bloom was observed in spring, and the dominant diatom changed from genus *Chaetoceros* to *Skeletonema costatum*, *Leptocylindrus danicus* and *Thalassiosira* cf. *mala* according to the seasonal succession. For the small eukaryotic phytoplankton, taxonomic analysis showed that 19 operational taxonomic units (OTUs) were frequently distributed in all seasons. Composition analysis showed that the OTUs had characteristic patterns and were divided into four main groups. Two groups reflected the low-saline water and winter season, with the characteristic OTUs belonging to diatoms; to note, *Chaetoceros* and *Leptocylindrus* were characteristic of low saline water, and two diatom genera (*Minidiscus* and *Minutocellus*) and Cryptomonadales-related OTUs were prevalent in the winter. Bacteria in the 0.2–0.8 μ m size fraction showed that the most frequent and abundant OTUs belonged to oceanic clade of SAR11, indicating inflowing oceanic water into the bay. Moreover, according to phytoplankton bloom state, a Rhodobacteraceae related OTU and cyanobacteria related OTUs increased in bloom formation period (January–April) and in high temperature period after the bloom was decayed (June–September), respectively. Those results indicated that the microbial community including phytoplankton and bacteria dynamically changed in the Sendai Bay.

キーワード：微小プランクトン群集、植物プランクトン、細菌、仙台湾、メタゲノム解析

Keywords: Microbial community, Phytoplankton, Bacteria, Sendai Bay, Metagenome analysis

日本周辺水域におけるプランクトンの生物多様性

Biodiversity of plankton community in the waters around Japan

*田所 和明¹、宮本 洋臣¹、市川 忠史¹、森本 晴之²、日高 清隆³、亀田 卓彦³、杉崎 宏哉³、西内 耕⁴、北島 聡⁴

*Tadokoro Kazuaki¹, Hiroomi Miyamoto¹, Tadafumi Ichikawa¹, Haruyuki Morimoto², Kiyotaka Hidaka³, Takahiko Kameda³, Hiroya Sugisaki³, Kou Nishiuchi⁴, Satoshi Kitajima⁴

1. 国立研究開発法人水産研究・教育機構/東北水産研究所、2. 国立研究開発法人水産研究・教育機構/日本海水産研究所、3. 国立研究開発法人水産研究・教育機構/中央水産研究所、4. 国立研究開発法人水産研究・教育機構/西海水産研究所

1. Tohoku National Fisheries Research Institute, Fisheries Research and Education Agency, 2. Japan Sea National Fisheries Research Institute, Fisheries Research and Education Agency, 3. National Research Institute of Fisheries Science, Fisheries Research and Education Agency, 4. Seikai National Fisheries Research Institute, Fisheries Research and Education Agency

プランクトン群集は海洋環境と密接な関係を持っているため、海洋環境を反映した特徴を示す。プランクトンの生産量を考えるために、メソ動物プランクトン現存量の地理的な変動を見ると、北太平洋ではベーリング海で最も高い値が見られるものの、オホーツク海および道東から東北沖にかけての親潮域でも高い値が見られる。沿岸湧昇域を除くと、これらの水域の動物プランクトン現存量は世界でも、最も高い水域の一つとなっている(ウェブサイトCopepodを参照, <http://www.st.nmfs.noaa.gov/copepod/>)。このような高い動物プランクトン生産は、高い栄養塩供給量によってもたらされていると考えられる。

日本周辺水域のプランクトンの多様性については、近年盛んに研究が行われている。例えば有孔虫を対象とした研究では、沖縄近海の生物多様性は世界的に見ても非常に高いことが示されている。また、オキアミを対象とした研究では、日本周辺水域の生物多様性も非常に高いことが示されている。さらにヤムシ類を対象とした研究においても、日本周辺とりわけ黒潮域で生物多様性が高いことが示されている。以上から、これまでの研究で日本周辺水域のプランクトンの生産は高く、生物多様性も高いことが示されている。このようにこれまでの研究で、日本周辺のプランクトンの多様性は高いことが明らかになっている。動物プランクトンでは、カイアシ類が特に現存量・種数とも多いため、それらを対象とした研究を行うことが重要である。そこで我々は、広域的に採集された日本周辺水域のカイアシ類の標本を分析することで、生物多様性を調べた。2012年4月に日本周辺の90観測点で、ノルパックネット(口径45cm 目合い0.335mm)を水深150m(それよりも浅い場合は海底直上から)~0mまで鉛直曳網することで動物プランクトンを採集し、種レベルで個体数を計数した。日本周辺水域では190種のカイアシ類が出現した。出現種数を海域間で比較すると、太平洋側で多く、日本海側で少なかった。また東シナ海では日本海よりも多く、太平洋よりも少なかった。次に緯度経度1度グリッド毎に種レベルの個体数の平均値を求め、クラスター解析によってグリッド間の類似度を求めた。その結果、1)太平洋、2)東シナ海~日本海西部、3)沿岸、4)亜寒帯の4つのグループに分けることが出来た。太平洋のグループは黒潮に関係したカイアシ類群集と考えられた。また2)東シナ海~日本海西部は東シナ海に関係したプランクトンが主体となると考えられた。3)沿岸のグループは多くはないが、内湾等の浅海域に関係した種が主体となると考えられた。4)亜寒帯のグループは大型で現存量は多い一方で多様性の低いカイアシ類群集から構成された。以上のように、日本周辺水域では多様なカイアシ類群集が分布することが明らかとなった。これら多様な群集は日本周辺水域の複雑かつ多様な海洋環境に関係して形成されていると考えられた。

キーワード：生物多様性、カイアシ類、プランクトン、西部北太平洋

Keywords: biodiversity, copepoda, plankton, western north Pacific

造礁サンゴの多様性の時空間的変動の評価・予測と適応計画 Evaluating and projecting spatio-temporal changes in reef-building coral diversity

*山野 博哉¹

*Hiroya Yamano¹

1. 国立環境研究所

1. National Institute for Environmental Studies

現在、サンゴ礁は水温上昇や陸域からの土砂流入により急速に変化している。日本は南北に長く、また琉球列島においては陸域からの赤土流入が見られるため、水温上昇と赤土流入両方の影響を評価・予測することが可能である。

1930年代から現在までの文献や標本情報から、約30000件のサンゴ種分布データを収集し、日本においては温帯域において冬期の水温上昇によりサンゴの分布北上が起きていることが明らかになり、冬期の水温上昇の年々変動を考慮すると20世紀再現実験の水温値を用いて過去の北上を再現することができた。一方で、亜熱帯域においては白化によりサンゴが減少し、さらに陸域からの影響が大きい海域においては白化後の回復が見られないことが明らかとなった。こうした結果に基づいて気候変動シナリオごとの予測を行い、二酸化炭素排出の抑制がサンゴの保全に重要であることが示された。また、EBSA基準に基づく評価によって、日本沿岸域のサンゴ礁域を対象に、種の保全のために重要な海域を抽出可能であることが示された。これらに基づき、気候変動への適応計画（陸域負荷の低減、保護区の設定等）へとつなげていく必要がある。

EBSAによる生態系評価を利用した海洋生物多様性の保全について

Conservation and assessment of marine biodiversity using EBSA criteria

*山本 啓之¹

*Hiroyuki Yamamoto¹

1. 海洋研究開発機構

1. Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology

全海洋での生物多様性を調べた国際プロジェクト（Census of Marine Life; CoML, 2000-2010年）は膨大なデータにより海域での多様性が減少していることを明らかにした。その後、日本で実施した調査プロジェクト（S-9-5：代表者：白山義久, 2011-2015年）では、蓄積されたデータを利用してEBSAの基準によるアジア海域での海洋生物多様性の現状評価と応用を検討した。EBSAは、海洋生態系と生物多様性を保全する上で重要な海域を同定するために開発された基準であるが、気候変動による影響を考慮しなければ、将来にわたり効果のある保全策にはならない。二酸化炭素の放出と過大な海洋環境の利用は、その多大な影響により生物多様性の減少と生態系変動を引き起こしている。地球規模の環境変動に順応する保全策を作るためには、IPCC気候変動シナリオをもとに10年後あるいは50年後の海洋環境でのEBSAを同定することが必要である。適正な管理を受けているデータベース（BISMaL, OBISなど）の基礎情報、および長期にわたる環境管理と観測のシステム、これらが海洋生物多様性の保全には不可欠であると考えられる。

*EBSA: ecologically and biologically significant area, IPCC: intergovernmental panel on climate change, BISMaL: biological information system for marine life, OBIS: ocean biological information system

キーワード：海洋生物多様性、EBSA、OBIS、BISMaL

Keywords: Marine biodiversity, EBSA, OBIS, BISMaL

CREST 「海洋生物多様性および生態系の保全・再生に資する基盤技術の創出」 (生物多様性領域) で開発された技術の水産分野への適用
Application of Novel technologies developed in the CREST program for the preservation and regeneration of marine biodiversity to the Fisheries fields

*中田 薫¹、小池 勲夫²

*KAORU NAKATA¹, Isao Koike²

1. 国立研究開発法人水産研究・教育機構、2. 東京大学名誉教授

1. Japanese Fisheries Research and Education Agency, 2. Professor Emeritus, The University of Tokyo

The CREST Program of “Establishment of core technology for the preservation and regeneration of marine biodiversity and ecosystems (Research supervisor: Isao Koike (Professor Emeritus, The University of Tokyo)) was launched in 2011. In the total, 16 projects were adopted, and many novel technologies for observation and monitoring and prediction models have been developed for the better understanding of biodiversity and ecosystems. On the other hand, some of them are expected to become powerful tools for sustainable use for fisheries resources. Decline of various fisheries resources is one of the major problems for the fisheries industries. As increasing in the demand of fisheries products in the world, even the small pelagic fish resources such as saury mackerel and Pacific common squids off the Pacific coast of the North east Japan have been incorporated in the framework of international fisheries management based on the scientific basis. As a result, importance of monitoring to examine where and how the fisheries resources as well as other marine livings are distributed has been increased. This presentation will show the prospects and expectation for applying the technologies developed in this program to the fisheries fields.

キーワード：海洋の生物多様性、戦略的創造研究推進事業、水産分野

Keywords: marine biodiversity, CREST, Fisheries field

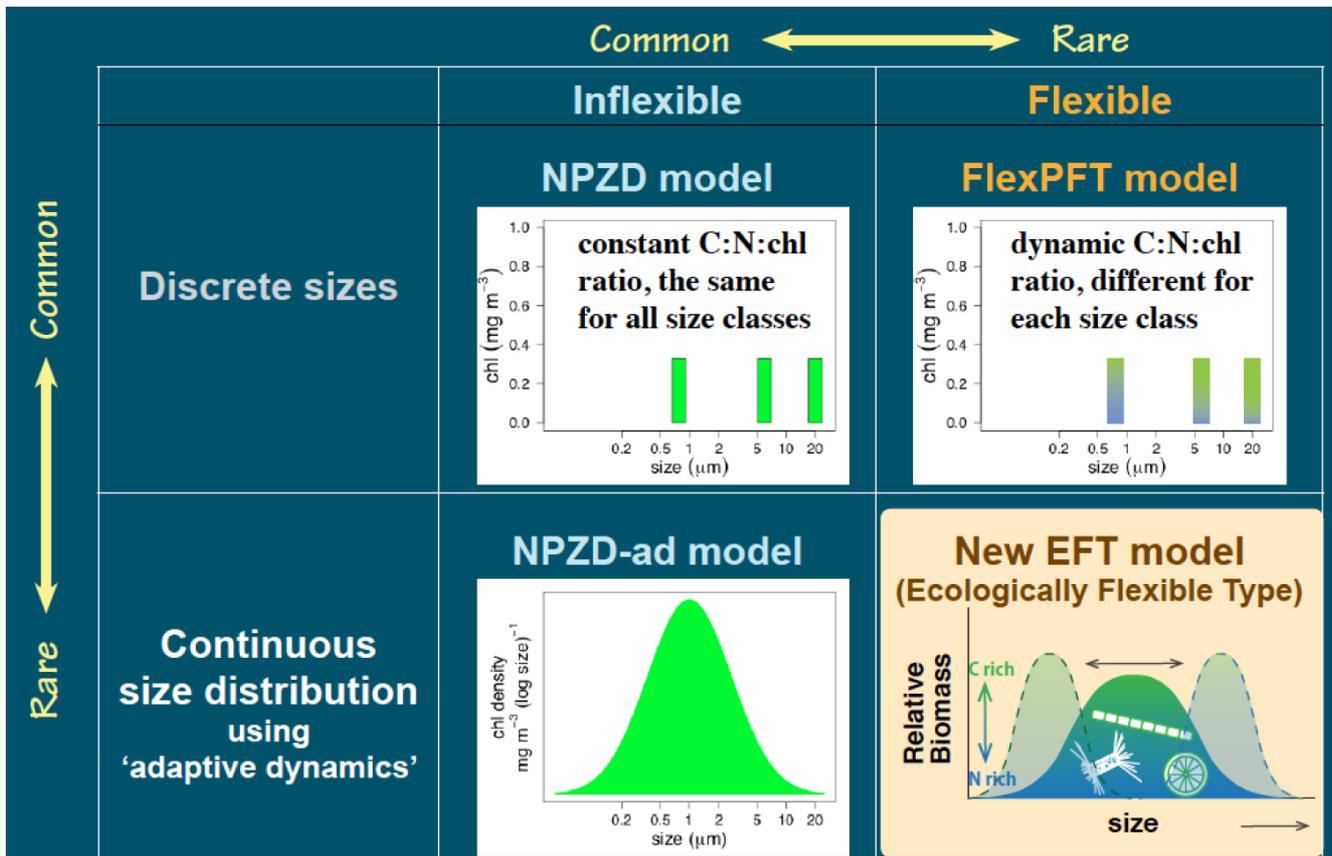
Untangling the effects of individual-level acclimation and inter-specific competition on the modeled dynamics of phytoplankton community size structure

*S. Lan Smith¹, Taketo Hashioka¹, Bingzhang Chen¹

1. Marine Ecosystem Dynamics Research Group, Research Centre for Global Change, Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology

A variety of ecosystem models have been developed that resolve the size distribution of phytoplankton using multiple (now up to hundreds of) discrete size classes. Although such models have proven useful as research tools, they require a great many calculations for large-scale and long term modeling studies. As an alternative, continuous size-distribution models, which require many fewer calculations, could in principle be used for faster large-scale simulations. However, few such models even exist, and their ability to reproduce observations has not been well tested. This study compares the discrete and continuous approaches, and furthermore aims to clarify the relative importance of acclimation (at the individual or species level) and competition between multiple size-classes (or species) for the dynamics of size-based phytoplankton communities. We compare the performance of discrete and continuous size-distribution models, each formulated with and without flexible physiological response (acclimation) for each size class. All four models were implemented in a 0-D (box) model of the oceanic mixed layer and fitted to data from two contrasting time-series observation stations in the North Pacific, including size fractionated chlorophyll observations. Unexpectedly, the continuous size distribution model with acclimation reproduces the observations better than the corresponding discrete model. However, accounting for acclimation response makes more difference for model results than does the choice of discrete or continuous size representation. Finally we compare modeled relationships to observed patterns of size-fractionated chlorophyll vs. total chlorophyll, to clarify how the acclimation response and inter-specific competition impact the dynamic size structure of phytoplankton communities.

Keywords: ecosystem model, biodiversity, adaptive dynamics, chlorophyll



炭素14分析によるサケの繁殖時の炭素源推定

Radiocarbon value as an indicator of carbon sources during breeding of Japanese chum salmon (*Oncorhynchus keta*)

*山口 保彦¹、野畑 重教¹、川上 達也²、白井 厚太郎¹、本多 健太郎³、宮入 陽介¹、横山 祐典¹、永田 俊¹

*Yasuhiko T. Yamaguchi¹, Shigenori Nobata¹, Tatsuya Kawakami², Kotaro Shirai¹, Kentaro Honda³, Yosuke Miyairi¹, Yusuke Yokoyama¹, Toshi Nagata¹

1. 東京大学 大気海洋研究所、2. 東京大学 大学院農学生命科学研究科、3. 水産研究・教育機構 北海道区水産研究所
1. Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo, 2. Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo, 3. Hokkaido National Fisheries Research Institute, Japan Fisheries Research and Education Agency

There has been increasing interest in understanding the responses of Pacific salmon to marine climate variation. Chum salmon (*Oncorhynchus keta*) is the second most abundant salmonid in the North Pacific Ocean, and important for the fisheries in the northern Japan (especially Hokkaido and Iwate). For migrating animals like salmon, breeding strategy would be one of key factors for their sensitivity to changing environments. Do they prepare their eggs from recently ingested nutrients during/after migration to Japan ('income' breeders) or from body stores which are mainly produced in the Bering Sea ('capital' breeders)? Here, to address this important ecological question, we propose radiocarbon analysis as a new useful method to locate oceanic regions where Japanese chum salmon obtained their carbon resource. To our knowledge, this study is the first study to utilize radiocarbon ($\Delta^{14}\text{C}$) value as an indicator of salmon ecology in the ocean. We determined bulk $\Delta^{14}\text{C}$, $\delta^{13}\text{C}$, and $\delta^{15}\text{N}$ values of muscle and gonad (eggs) samples from female chum salmon collected during October-December 2015 at Otsuchi Bay, Japan. We also analyzed bulk $\Delta^{14}\text{C}$ values of plankton net samples collected in the Bering Sea, to constrain the $\Delta^{14}\text{C}$ values of salmon's diets in the Bering Sea. The gonad samples generally showed lower $\Delta^{14}\text{C}$ values, which overlap with the range of the plankton net samples in the Bering Sea. On the other hand, the muscle samples generally showed higher $\Delta^{14}\text{C}$ values, which overlap with the range of fishes collected around Sanriku area, Japan. These results suggest that Japanese chum salmon (at least individuals from Otsuchi Bay) produce eggs mainly using the carbon resource obtained in the Bering Sea before migration to Japan (i.e., capital breeders), while their muscle tissues are affected by feeding around Japan.

キーワード：放射性炭素、同位体分析、海洋生態系、サケ、ベーリング海、大槌湾

Keywords: Radiocarbon, Isotopic Analysis, Marine Ecology, Salmon, Bering Sea, Otsuchi Bay

炭素14を用いたクジラ等海棲哺乳類の回遊履歴および生態情報の復元 Ecological study of Whale and Marine mammals using radiocarbon

*横山 祐典^{1,2,3}、宮入 陽介¹、松田 純佳⁴、松石 隆⁴、永田 俊¹

*Yusuke Yokoyama^{1,2,3}, Yosuke Miyairi¹, Ayaka Matsuda⁴, Takashi Matsuishi⁴, Toshi Nagata¹

1. 東京大学 大気海洋研究所、2. 東京大学 大学院 理学系研究科 地球惑星科学専攻、3. 海洋研究開発機構 生物地球化学研究分野、4. 北海道大学 大学院 水産科学研究院

1. Atmosphere and Ocean Research Institute, University of Tokyo, 2. Department of Earth and Planetary Science, University of Tokyo, 3. Department of Biogeochemistry, Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, 4. Graduate School of Fisheries Sciences, Hokkaido University

日本近海には親潮と黒潮が存在し、生物生産が高く、世界三大漁場のひとつとしても数えられている。多くの魚類とともに海棲哺乳類も回遊しているが、その履歴や生態情報については、ロガーを用いた研究などにより、近年多くの情報が得られてきている。

東京大学大気海洋研究所では、シングルステージ加速器質量分析装置を導入し、炭素-14の多点高精度分析を行う体制を整えたこともあり、海洋の生物試料についての分析も進めてきている。炭素-14の海洋での分布が異なることを利用し、生体試料に残されているシグナルを分析することで、生態学的情報を得ることが可能である。

一方、スタンディングネットワーク北海道（事務局：北海道大学松石研究室）では、長年鯨類や海棲哺乳類の観測を続けてきている。また化学的分析も北海道沿岸に座礁してしまった個体について行っている。

今回われわれは、スタンディングしたクジラやイルカなどの試料の炭素-14を分析し、それらの回遊履歴を考察するとともに、これまでの生態観察データとの比較を試みた。その結果、回遊や生態情報がよく知られている試料についての炭素-14は予想とよく合う結果を示し、手法の有効性が確認された。また、北海道日本海側沿岸で座礁したザトウクジラのヒゲ板についても時系列分析を行い、座礁前の回遊と摂餌行動についての新しい情報を得た。

このように水産試料についての炭素-14の分析は、日本近海では極めて強力なツールであり、保全や資源維持などの重要な基礎情報として大きな役割を果たすことができる。

キーワード：生態学、放射性炭素、クジラ

Keywords: Ecology, Radiocarbon, Whale

炭素14をトレーサーとしたマイワシの回遊履歴解析

Migration history of sardine reconstructed from carbon-14 as a tracer

*宮入 陽介¹、横山 祐典¹、渡邊 千夏子²、渡邊 良朗¹、永田 俊¹

*Yosuke Miyairi¹, Yusuke Yokoyama¹, Chikako Watanabe², Yoshiro Watanabe¹, Toshi Nagata¹

1. 東京大学大気海洋研究所、2. 国立研究開発法人 水産研究・教育機構 中央水産研究所

1. Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo., 2. National Research Institute of Fisheries Science, Japan Fisheries Research and Education Agency

海水中の溶存無機全炭酸（DIC）の放射性炭素濃度は、全球規模の海洋循環によって古い炭素を含んだ海水が供給される地域では、地域間変動が大きいことが知られている。日本近海には親潮と黒潮が存在しているが、親潮は深層海水の湧昇の影響により、低い放射性炭素濃度を示す。それに対して黒潮は世界の中低緯度表層海水平均值に近い高い値を示す。そのため、放射性炭素濃度は海水の起源情報を示すと考えられる。海水中の溶存無機全炭酸は植物プランクトンを始めとする食物連鎖により、海洋生物に取り込まれる。そのため、この黒潮と親潮の海水中の¹⁴C濃度差は、日本近海の魚類の生態学的情報の有効なトレーサーとなると考えられる。

日本の太平洋側に生息するマイワシは、A:冬春季に黒潮域で生まれた後に初夏に移行域を北上して夏季に親潮域で生息する群、B:冬春季に黒潮域で生まれその後も黒潮系暖水域内に留まる群、の大きく2群に分けられると考えられている。八戸周辺で秋季に漁獲されるマイワシ群はA群とB群が混在すると考えられる。しかしながらこれらを個別に識別することは困難であった。

本研究では八戸周辺で漁獲されたマイワシ当歳魚の¹⁴C濃度を分析を行った結果、漁獲されたマイワシの来歴を¹⁴C濃度差によって識別できる可能性が高いことが明らかになった。このことはマイワシ資源に対する親潮域の生物生産力の貢献度の評価法として¹⁴C分析が応用可能であることを示唆している。

キーワード：炭素14、同位体分析、海洋生態系、マイワシ

Keywords: Radiocarbon, Isotopic Analysis, Marine Ecology, Sardine

珪藻の進化・繁栄の謎を握る未知の藻類：パルマ藻の生物学

Biology of a picoeukaryotic phytoplankton, Parmales, a sister group of diatoms

*桑田 晃¹*Akira Kuwata¹

1. 国立研究開発法人水産研究・教育機構 東北区水産研究所

1. Tohoku National Fisheries Research Institute

現在の海洋生態系において、特徴的なシリカの殻を持つ珪藻は、最も繁栄している微細藻類である。珪藻の分布域は海洋全域にわたり、その多様性は海洋の微細藻類中で最も高く、光合成量も地球全体の20%以上と熱帯雨林に匹敵する。近年、珪藻の海洋生態系における重要性が注目され、その繁栄機構・シリカの殻の形成機構・進化過程の解明を目指した研究が世界的に盛んになりつつある。現にその目的のため珪藻数種の全ゲノム解読が終了し、次々と新しい知見が報告されている。しかしながら、地球上で珪藻がどのように出現し、現在の繁栄に至ったのか？その進化過程については、極近縁の生物との詳細な比較研究がなされないため、未だ不明の状態である。

珪藻の起源に関しては、1999年に亜熱帯域で発見されたボリド藻が、分子系統的には現在最も珪藻と近縁なグループとなっているが、珪藻とは全く形態の異なるシリカの殻を持たない微小鞭毛藻であり、珪藻の起源は依然謎である。一方、1976年にサイズは2-5 μm と非常に小型ながら、珪藻同様にシリカの殻を持つパルマ藻が北西太平洋の亜寒帯域で発見され、珪藻と進化的に密接な関係を持つことが予想されたが、発見以来30年以上培養が確立できずパルマ藻の実体は全く不明であった。そのような状況下、2008年に我々は世界で初めて親潮域よりパルマ藻の単離培養に成功した。得られた培養株を対象に電子顕微鏡による形態観察、分子系統解析および光合成色素分析を進めた結果、パルマ藻は、ボリド藻同様に珪藻と極近縁で共通の祖先を持つことを明らかにした。これは、珪藻の繁栄機構と進化過程の解明にとって格好の対照生物を手に入れたことを意味する。そこで我々は、親潮周辺海域でのフィールド調査、室内培養実験、メタゲノミクス、ゲノム解読、分子化石（バイオマーカー）の探索等の様々なアプローチにより、未知の藻類：パルマ藻の全貌解明を目指し研究を進めている。本発表では、我々により明らかになりつつあるパルマ藻の分子系統、個体群維持機構、全球分布、シリカの殻形成、生活史、ゲノム等の最近の知見を紹介する。

キーワード：海洋、植物プランクトン、珪藻、進化、生態

Keywords: Ocean, Phytoplankton, Diatom, Evolution, Ecology

北日本沿岸におけるコンブ類の分布推定と将来予測を通じた重要海域の選定

Selection of ecologically or biologically significant marine areas for kelp forest ecosystem in northern Japan through assessment and future prediction of species distribution

*仲岡 雅裕¹、渡辺 健太郎¹、須藤 健二¹、四ツ倉 典茂¹

*Masahiro Nakaoka¹, Kentaro Watanabe¹, Kenji Sudo¹, Norishige Yotsukura¹

1. 北海道大学

1. Hokkaido University

海藻藻場やアマモ場は沿岸生態系の中でも高い生物多様性と生態系機能を有している。また、コンブ目海藻類は重要な食用資源として、その持続的な生産性の維持管理は水産学的にも重要である。しかし近年の地球温暖化等の気候変動に伴い、藻場においても生物多様性の損失や生態系機能の劣化が憂慮されている。これらの解決のために、藻場の生物多様性、生態系機能の現状を多面的かつ広域的に評価し、将来の変動を予測すると共に、重要な保全地域を選定することなどを通じて、今後の気候変動の適応策を検討することが必要となっている。本研究では、北日本海域のコンブ目海藻藻場を対象として、各種の分布情報より北日本における分布推定を行うと共に環境要因との関連性を解析した。その結果をもとに、複数の気候変動シナリオ下でのコンブ目海藻の分布の変化を予測した。さらに、生物多様性条約の基準6項目（唯一性、絶滅危惧種、脆弱性、生物学的生産性、生物学的多様性、自然性）を多面的に考慮した重要海域 [The Ecologically or Biologically Significant Areas (EBSAs)]の選定方法を開発し、現在の分布、および将来の分布変動を考慮した選定結果を比較した。

コンブ主要種19種について、SDM (Species distribution model)を用いて分布推定を行ったところ、全体の種多様性は北海道東部および北部で高く、この海域がコンブ目海藻類の生物多様性の保全に重要であることが示唆された。また、コンブ目海藻の多くの種で分布範囲を決める要因として水温が大きく影響することが示された。そこで、水温上昇に関する気候変動将来予測モデルとSDMを用いて、複数の気候変動シナリオの元での2100年における各種の分布変動予測を行ったところ、いずれの気候シナリオでも分布域が大きく北上することが予想された。特に、寒流域に生息するコンブ目のほとんどの種は日本沿岸に生息できなくなる可能性が予想されるとともに、全体の種多様性についても、著しい低下が予測された。EBSAsについては、現在の分布を考慮した方法では、北海道沿岸、三陸、伊豆半島、紀伊半島東岸、山口～長崎にかけての海域が候補地として抽出された。しかし、将来における各種の分布域の変動予測を評価項目に加えたところ、EBSAsのほとんどが北海道と三陸に限られて、海藻類が北上する高緯度地方の重要性がより高くなるという結果が得られた。

本研究により、コンブ目海藻類の分布が今後大きく変化することが予測されたことから、その保全および持続的資源利用に向けた対策を急ぐ必要が指摘される。また、保全政策として海洋保護区の設定や持続的な資源管理区を策定する際には、今後の生物の分布変動予測を取り入れた検討が重要であることも明らかになった。

キーワード：生物多様性、沿岸生態系、水温上昇、シナリオ分析、EBSAs

Keywords: Biodiversity, Coastal ecosystem, Water temperature rise, Scenario analyses, EBSAs

Predicting potential fish distributions in the western North Pacific: an attempt to construct species distribution models using commercial fisheries data

*松葉 史紗子¹、五十嵐 弘道¹、山北 剛久¹、石川 洋一¹、田中 裕介¹、屋良 由美子¹、藤倉 克則¹

*Misako Matsuba¹, Hiromichi Igarashi¹, Takehisa Yamakita¹, Yoichi Ishikawa¹, Yusuke Tanaka¹, Yumiko Yara¹, Katsunori Fujikura¹

1. 国立研究開発法人海洋研究開発機構

1. Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology

Understanding the effects of ocean conditions on distributions of commercial fish is critical for elucidating potential distributions of fish and forecasting where they will be in the future. Species distribution modellings (SDMs) enable estimation of habitat suitability for each species at a site as a function of environment factors. Traditionally modelling of species distribution has been applied to species data surveyed through standardized methods that could collect both presence and absence records, but was incapable for using presence-only data, such as those collected from fisheries or citizen monitoring schemes. Maximum entropy (MaxEnt) model provides high predictability using a presence and pseudo-absence data, which relatively fewer studies applied it to marine areas than terrestrial fields. We developed MaxEnt model to relate the occurrence records from fisheries data obtained in the western North Pacific with environment condition such as annual sea temperature and salinity from Four-dimensional Variational Ocean ReAnalysis for the Western North Pacific (FORA-WNP30), and topology. Our model indicated *Sebastolobus macrochir*, for instance, was influenced by both ocean conditions and topology, and would potentially distribute in the area where was no catch record. MaxEnt models will contribute to infer the probability of species using data of which detection was imperfect.

キーワード：ニッチモデリング、生息適地、サンプリングバイアス、漁獲データ、地図化

Keywords: ecological niche modelling, habitat suitability, sampling bias, fisheries data, mapping

東北沿岸域における底引き網漁業のためのハビタットモデル構築 Development of habitat suitability index models of demersal fishes off the eastern coast of Japan

*Igarashi Hiromichi¹、石川 洋一¹、田中 裕介¹、山北 剛久¹、松葉 史紗子¹、屋良 由美子¹、藤倉 克則¹

*Hiromichi Igarashi¹, Yoichi Ishikawa¹, Yusuke Tanaka¹, Takehisa Yamakita¹, Misako Matsuba¹, Yumiko Yara¹, Katsunori FUJIKURA¹

1. 海洋研究開発機構

1. JAMSTEC Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology

漁獲対象となる魚種の好適生息域を正確に見積もることができるようになることで、その魚種の生息域が海洋環境変動によりどのような影響を受けるかを理解できることに加えて、その漁業資源の効率的な利用に資する情報を作り出すことが可能となる。好適生息域推定モデル（HSIモデル）は生態系アセスメントや生態系復元研究に加えて、水産学における漁場推定研究でも広く利用されており、漁業情報サービス等で活用され始めている。HSIモデルは対象魚種の豊度と様々な海洋環境変数との関係を、統計モデルを用いて推定することにより、その魚種にとっての好適生息域を数値化して表現することができる。本研究では、水産研究・教育機構東北区水産研究所で集計された「太平洋北区沖合底びき網漁業漁場別漁獲統計資料」に収められている約30種類の魚種を対象として、複数の機械学習アルゴリズムを適用することにより、東北沿岸域におけるいくつかの底魚類についてのHSIモデルを作成した。また海洋環境データとしては、JAMSTEC地球情報研究センターと気象研究所で共同開発したFORA-WNP30を用いた。このデータセットは水平解像度0.1度、鉛直54層で北西太平洋における3次元の海洋循環や物理構造を精緻に再現した再解析データで、底魚類が生息する底層の環境も再現されている。本研究では、東北沖で起こった海洋環境変動に伴うHSI分布の変動について解析を行い、マコガレイやババガレイ等のいくつかの魚種について、2012年冬季に起こった親潮の南下に伴い好適生息域が変動していることが示唆される結果を得た。

キーワード：ハビタットモデル、底魚、海洋再解析

Keywords: habitat suitability index model, demersal fish, FORA

海洋生物多様性情報収集・共有のための世界の取り組み、日本の取り組み Global and local activities to collect and share marine biodiversity information

*細野 隆史¹、藤倉 克則¹、齋藤 秀亮¹、山内 束¹、菱木 美和¹、伊勢戸 徹¹、園田 朗¹

*Takashi Hosono¹, Katsunori FUJIKURA¹, Hideaki Saito¹, Tsukane Yamauchi¹, Miwa Hishiki¹,
Tohru Iseto¹, Akira Sonoda¹

1. 国立研究開発法人 海洋研究開発機構

1. Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology

世界規模での環境問題への意識の高まりを受けて、海洋生物情報の重要性も増加している。世界規模での海洋生物多様性の情報源となることを目的にOcean Biogeographic Information system (OBIS)がInternational Oceanographic Data and Information Exchange プログラムが設立された。OBISの設立以降、海洋生物多様性情報を必要とする世界的な関心領域は様々に変化している：海洋保護区設定議論における沿岸領域、地球温暖化議論における北極域、BBNJ議論における深海底。それらの興味、議論に対してOBISは、極域から熱帯、沿岸から外洋、表層から深海底の広い領域をカバーする情報を提供している。

OBISのデータは各国のノードが提供したデータの集合体である。日本ノードは2012年に設立され、日本の研究活動から得られる情報は、日本ノードのメインの情報システムであるBISMaL (Biological information system for marine life) を通して提供されている。日本から発信されている海洋生物の情報は科学的な品質が高く、世界的にもユニークな情報が多い。たとえば北西太平洋域のプランクトン情報のメインソースとなっているJODCのデータセットや、文献調査に基づく太平洋アジア地域を網羅するデータセット、あるいは深海生物の標本に基づくデータセットが公開されている。そのほか、海草・サンゴ・大型褐藻といった特定の生態系に特化したデータセットも整備されつつある。BISMaLにはそれらのデータセットを含めて全5,992種、445,993件の出現記録を公開している。そしてこれは、日本周辺から知られている海産生物既知種約33,000種の20%をカバーしていることになる。

OBISはこれまで「生物名」、「観察時間」、「緯度」、「経度」から構成される基礎的な生物出現記録を収集してきた。しかし、より高度な解析に使用したいという近年の科学的ニーズに対応するため、OBISは出現記録に加えて、関連する物理環境データを取り扱うことができるデータフォーマットを採択した。このタイプのデータが蓄積されることにより、将来的には、生物出現記録と環境情報とを組み合わせた解析が全球規模で行えるようになるかもしれない。

キーワード：海洋生物多様性、データベース、OBIS

Keywords: marine biodiversity, database, OBIS