

Large-scale metagenetic community analysis of epipelagic and mesopelagic copepods in the Pacific

*平井 惇也¹、津田 敦¹

*Junya Hirai¹, Atsushi Tsuda¹

1. 東京大学大気海洋研究所

1. Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Planktonic copepods are among the most important zooplankton in marine food webs and biogeochemical cycles, and their community structures have a pronounced effect on global marine ecosystems. Marine planktonic copepods are ubiquitous and diverse with more than 2,500 described species, and there are many undescribed or cryptic species in the ocean. Because morphological identifications of copepods are time-consuming and require sophisticated expertise, few studies have focused on large-scale community structures of copepods especially in the Pacific Ocean. We investigated the large-scale community structures of epipelagic and mesopelagic copepods in the Pacific using metagenetic analysis of nuclear large subunit ribosomal DNA (28S). This method is rapid and taxonomically comprehensive, revealing community structure of copepods based on massive sequence data without depending on morphological classification. VMPS net was used to collect zooplankton samples at both epipelagic (0-200 m) and mesopelagic (200-500 and 500-1000 m) layers in each sampling site. Total >100 community samples covering 40°S-68°N and 138°E-95°W were collected during 2011-2015. After DNA extraction and PCR amplification of 28S D2 region, massive sequence data were obtained using high-throughput sequencers Illumina MiSeq. All sequence reads were quality-filtered, and approximately 18,000 sequence reads in each sample were clustered into Molecular Operational Taxonomic Units (MOTUs) for community analysis. Community structures of copepod[s] were distinct between cold and warm waters both at epipelagic and mesopelagic layers, and community boundary existed between subtropical gyre and transition zones. In the epipelagic layer, copepod communities were almost corresponded with water masses including arctic, subarctic, transition, subtropical and equatorial zones. Within warm water regions in the low latitude, chlorophyll *a* concentration highly correlated with copepod communities, and communities in the Kuroshio region were more similar to those in the equatorial regions than to those in the subtropical regions. We also observed several groups of copepod communities even within the subtropical gyres. In addition to epipelagic layer, mesopelagic layer in the low latitude also showed different communities of copepods in the tropical, subtropical, and Kuroshio regions both at 200-500 and 500-1000 m depth. Therefore, small-scale community structure existed even within warm water regions in the epipelagic regions, which might affect community structures in the mesopelagic layer within relatively stable water environments. In the analysis of copepod diversity, latitudinal gradients were evident in the epipelagic layer. High diversity was observed in the tropical and subtropical areas, with a peak in the North Pacific subtropical gyre. This pattern was also observed in the mesopelagic layer, suggesting the influence of epipelagic ecosystems on mesopelagic communities. Although diversity was higher in the mesopelagic layer than in the epipelagic layer, the epipelagic community was composed of various taxonomic groups with high genetic diversity. Specific taxonomic groups were diverse in the mesopelagic layer, indicating that different mechanisms maintain diversity within each layer. Distribution patterns were clearly different between low-latitude and high-latitude groups. Phylogenetic analysis revealed recent divergence of the high-latitude group, suggesting that a relatively short evolutionary history is a factor underlying the low diversity at high latitudes. These results indicate that both environmental and evolutionary factors have determined the current diversity and biogeography of planktonic copepods.

Molecular cross-talk between a chemosymbiotic *Calymene* clam and its endosymbiont shown through meta-transcriptome sequencing

*Yi LAN¹, Jin SUN¹, Weipeng ZHANG¹, Ting XU², Chong CHEN³, Jian-Wen QIU², Pei-Yuan QIAN¹

1. Hong Kong University of Science and Technology, 2. Hong Kong Baptist University, 3. Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology

Hydrothermal vents and methane seeps are deep-sea habitats rich in reduced chemicals, such as sulfide and methane, and support dense communities of megafauna. Many endemic species harbor chemosynthetic symbionts for nutrition. Vesicomyid clams in the genus *Calymene* is one such case, and especially notable as they obtain endosymbionts through vertical transmission. The present study aims to understand the host-symbiont relationship in an undescribed *Calymene* species recently discovered from a cold seep in the South China Sea. The gill, mantle, adductor muscle, and foot tissue were dissected from one individual and subjected to RNA-Seq in an Illumina HighSeq platform. *De novo* assembly of the reads resulted in 246,150 contigs, among them 25,530 were translated into protein sequences. Comparing the expression level of the host proteins in the four different tissues revealed that Ras protein family, especially the Rab proteins that play an important role in the fusion of endosome and lysosome during endocytosis, are highly expressed in the gill. This indicates that rate of lysis is increased in the gill, where the endosymbionts are housed. Meanwhile, mapping the sequencing reads from the gill to the closest sequenced endosymbiont genome that is from *Calymene okutanii*, revealed high expression of genes involved in sulfur oxidizing and ATP synthesis in the symbiont. These results show that the new *Calymene* species also rely on sulfur-oxidizing symbionts for energy, and the high expression level of Rab proteins may help the host control the symbiont population.

Keywords: Vertical transmission, Host-symbiont relationship, Cold seep, *Calymene* clam

Carbon fixation by endosymbiotic algae within protistan microzooplankton

*高木 悠花¹、木元 克典²、藤木 徹一²、齊藤 宏明¹

*Haruka TAKAGI¹, Katsunori KIMOTO², Tetsuichi FUJIKI², Hiroaki SAITO¹

1. 東京大学大気海洋研究所、2. 独立行政法人海洋研究開発機構

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

Endosymbiosis with algae (photosymbiosis) is one of the styles of acquired phototrophy seen in marine protistan microzooplankton such as radiolarians and foraminifers. Although their biomass in the ocean is not so large, the number of cells of their symbiotic algae within one host organism ($< \text{ca. } 500 \mu\text{m}$) is well over a few thousands or even said to reach several tens of thousands. It means that the amount of photosynthesis mediated by their symbiotic systems might be “hot spots” of primary production especially in oligotrophic oceans. Of those photosymbiotic organisms, planktic foraminifers that precipitate calcite tests contribute to both inorganic carbon production by calcification, and organic carbon production via photosynthesis of their symbionts, which should be an important key player in the carbon cycle. However, compared to the famous photosymbiotic system found in coral reefs, the basic knowledge of photosymbiosis and the photosynthesis itself in pelagic microzooplankton are quite limited and have been overlooked.

Here, we performed ^{14}C -tracer experiment to estimate photosynthetic carbon-fixation rates (CFR) of the symbionts within planktic foraminifers, together with photophysiological measurement using an active fluorometry (fast repetition rate fluorometry, FRRF). The main purpose of this study is (1) to estimate the CFR of the symbionts under different light conditions, (2) to evaluate the photophysiology of the symbionts, and as a preliminary investigation, (3) to extrapolate the CFR information to field data to estimate the contribution of the symbiosis-related photosynthesis in oligotrophic oceans. The samples for the laboratory experiments were collected from Sagami Bay by surface plankton net towing. The target species was *Globigerinoides sacculifer* which has dinoflagellate symbionts. In the laboratory experiment, FRRF measurement was firstly performed on each individual under certain actinic light level (either of the three irradiance levels, 220, 150, 70 $\mu\text{mol photons m}^{-2} \text{s}^{-1}$). Right after the measurement, each specimen was transferred to a jar with $\text{NaH}^{14}\text{CO}_3$ and incubated for 1h, then radioactivity of the fixed organic carbon was measured with a liquid scintillation counter. The CFR was estimated accordingly. The field observation for the purpose (3) was conducted by R/V Shinsei-Maru in the subtropical Northwestern Pacific (KS-16-9). Vertically stratified samples were collected by VMPS towing. The standing stock, the species composition, and the size structure of the samples were analyzed.

The photophysiological parameters of the symbionts photosynthesis all demonstrated the healthy state of their photosynthetic system, indicating fine relationships between the host and the symbionts. The chlorophyll-based CFRs (median values) were 16.5, 18.2, and 9.1 $\text{mmol C (mol Chl)}^{-1} \text{s}^{-1}$ for 220, 150, 70 $\mu\text{mol photons m}^{-2} \text{s}^{-1}$, respectively. Using a size-chlorophyll relationship of the nominal species, the above results enable us to make an assumption of the CFR from the shell size of foraminiferal specimens as long as the information of the light environment of their habitat is available. In the presentation, we also show the rough estimation of the vertical structure of the symbiosis-related primary production in the studied site, their contribution, and insight of their importance in the oligotrophic ocean ecosystem.

キーワード：炭素固定、光共生、マイクロ動物プランクトン、浮遊性有孔虫

Keywords: carbon fixation, photosymbiosis, microzooplankton, planktic foraminifers

ミズクラゲポリプの増殖：機能的応答とエネルギー収支

Reproduction of *Aurelia aurita* s.l. (Cnidaria: Scyphozoa) polyps:
Functional response and energy budget*上 真一¹、池田 英樹¹、溝田 千秋¹*Shin-ichi Uye¹, Hideki Ikeda¹, Chiaki Mizota¹

1. 広島大学

1. Hiroshima University

1. 緒言

鉢クラゲ類メデューサの出現量は一般に顕著な年々変動を示し、時に大発生する。その原因究明のカギはポリプにある。ポリプは特異的な無性生殖方法により個体群の増大を図ることができ、さらに季節的にストロビラに変態して、多くのエフィラを水中に放出するからである。そうすると、クラゲ大発生の原因究明において最も肝要なことは、ポリプの再生産や個体群動態に影響する要因を抽出し、それらの影響を定量的に評価することである。そこで、本研究ではミズクラゲのポリプ期におけるエネルギー収支を明らかにし、ポリプの再生産速度に及ぼす水温と餌密度の影響を評価した。

2. 材料と方法

実験に使用したミズクラゲのポリプは、2011年に博多湾で採取した成熟メスに由来し、以後継続飼育したものである。ポリプの呼吸速度に及ぼす水温と塩分の影響、捕食速度に及ぼす餌（カイアシ類、ベントス幼生）の質的違い、餌密度、水温の影響を調査した。それらの結果に基づいて炭素収支モデルを構築した。そのモデルを福山湾のポリプ個体群に当てはめ、純生産（体重増加と再生産）速度の季節変動を算出した。

3. 結果と考察

3-1. 呼吸速度

呼吸速度に及ぼす水温の影響は顕著で、単位炭素重量当たりの呼吸速度は8℃から28℃への水温上昇に伴い、指数関数的に増大した。一方、塩分は影響せず、15～33の範囲では呼吸速度はほぼ一定であった。

3-2. 捕食速度

ポリプは与えたいずれの餌でも捕食可能で、しかもその捕食速度は既報の微小動物プランクトンを餌とした場合よりもはるかに高かった。ポリプは中型動物プランクトンを主要餌生物にしていると考えられる。複数の分類群で構成される中型動物プランクトン群に対してポリプは次のような機能的応答を示した。即ち、捕食速度は餌密度の上昇に伴い直線的に増大し、実験した餌条件下では飽和することはなかった。ただし、捕食速度は餌のサイズや遊泳速度による影響を受けた。また、濾水速度は餌密度に関係なく一定で、水温と正相関を示した。

3-3. 炭素収支モデルの構築とその野外ポリプ個体群への適用

上記実験結果に基づいて炭素収支モデルを構築し、水温と餌密度を変数としてポリプの純生産速度を定式化することができた。その式を福山港（水温範囲：9.7～27.2℃、カイアシ類現存量範囲：9.7～82.7 mg C m⁻³）のポリプ個体群に当てはめた。富栄養化したこの湾内でポリプは常に純生産を行い、その速度は0.0039～0.34 $\mu\text{g C } \mu\text{g C}^{-1} \text{ d}^{-1}$ の範囲で変動した。モデル式から、ポリプの呼吸速度を賄えない餌濃度（4.6～8.6 mg C m⁻³）以下の貧栄養海域ではポリプは生息できないことも明らかになった。

4. まとめ

ミズクラゲのポリプの再生産速度には餌供給量が顕著な影響を及ぼすことから、富栄養化はクラゲ大発生の主要な原因であることが確かめられた。広義のミズクラゲは世界中の沿岸域に分布するが、ここで使用したミズクラゲと同様の生活史パターンや生理生態的特性を有する種類には、本モデル式が適用可能である。

キーワード：クラゲ大発生、ポリプ、機能的応答、エネルギー収支

Keywords: jellyfish bloom, polyp, functional response, bioenergetics

音響を用いた動物プランクトン生態研究

Ecological studies on zooplankton by using acoustic technic

*喜多村 稔¹、甘糟 和男²、井上 龍一郎¹、伊東 素代¹

*Minoru Kitamura¹, Kazuo Amakasu², Ryuichiro Inoue¹, Motoyo Itoh¹

1. 海洋研究開発機構、2. 東京海洋大学

1. Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, 2. Tokyo University of Marine Science and Technology

Since acoustic backscatter data has higher temporal and vertical resolution with a longer sampling duration, the backscatter data obtained from several types of acoustic devices (e.g. ADCP, AZFP, echo sounder, TAPS) have been used to describe the temporal and spatial variability of zooplankton biomass and migration over decade. Mooring observation of the acoustic device allows the sampling of interannual and seasonal variability as well as episodic events such as eddies and storms. Usefulness of the acoustic mooring in barely accessible area such as seasonal ice zones is also well known. Acoustic backscattering strength from organisms is known to be dependent on target size, anatomical characteristics and orientation, and the frequency of the incident sound. These dependences can be used to make inferences about classification of target organisms and their size distribution. Recent studies have used the differences in backscatter measurements at multiple frequencies to attempt to identify the scatterers. In this presentation, we will introduce our acoustic studies on zooplankton ecology; vertical migration and its seasonal variability of zooplankton in the subtropical western North Pacific by using moored ADCP, seasonal dynamics of zooplankton and identification of the dominant scatterers in the southern Chukchi Sea, Pacific Arctic, by using moored AZFP (Acoustic Zooplankton Fish Profiler), and high-resolution profiling of zooplankton vertical distribution by vertical haul of AZFP in the subarctic western North Pacific. Additionally, we will also discuss problems found out through the studies and future direction for the acoustical zooplankton studies.

キーワード：音響手法、動物プランクトン生態、ADCP、AZFP

Keywords: acoustic technic, zooplankton ecology, ADCP, AZFP

A challenge to evaluate effect of climate change on Japanese anchovy (*Engraulis japonicus*) in the East China Sea III

*伊藤 進一¹、小松 幸生¹、北島 聡²、高須賀 明憲²、吉江 直樹³、奥西 武²、高橋 素光²、長谷川 徹²、瀬藤 聡²、米田 道夫²

*Shin-ichi Ito¹, Kosei Komatsu¹, Satoshi Kitajima², Akinori Takasuka², Naoki Yoshie³, Takeshi Okunishi², Motomitsu Takahashi², Toru Hasegawa², Takashi Setou², Michio Yoneda²

1. 東京大学大気海洋研究所、2. 水産研究・教育機構、3. 愛媛大学

1. Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo, 2. Fisheries Research and Education Agency, 3. Ehime University

We have evaluated climate change (global warming) effects on Japanese anchovy (*Engraulis japonicus*) in the East China Sea by integrating a fish-migration and growth model using environmental conditions derived from simulations of a coupled ocean circulation and ecosystem model with contemporary and future climate forcing. For the ocean circulation model, a high resolution (1/16 deg.) CHOPE (Max-Planck-Institute Ocean Model) was used. For the marine ecosystem model, eNEMURO, an extended version of NEMURO (North Pacific Ecosystem Model for Understanding Regional Oceanography) was used. For future climate forcing, the output of MIROC-3.2(high) with the SRES A1B scenario was used. The initial spawning grounds were assumed in the area which depth is less than 1000 m and the sea surface temperature (SST) is between 14.1 and 20.1 degC and 27.2 and 27.8 degC based on the field data analyses. We estimated the spawning grounds in March, April and May. The fish growth and migration model was integrated for one year since the spawning.

Under the contemporary condition, the number of anchovy larvae advected to the northwestern side of Kyushu (NWK) showed the maximum in April, while it showed the maximum in March in the southwestern side of Kyushu (SWK). However, under the future climate during 2050-60, it showed the maximum in March both in the NWK and SWK. Therefore, the peak timing was advanced in the NWK under the future condition. Regarding the body size, larvae advected to the NWK showed the maximum mode body length in May, while those advected to the SWK showed it in April under the contemporary condition. Under the future condition during 2050-60, the timing was advanced by one month (April in the NWK and March in the SWK). Under the future condition during 2050-60, the number of larvae advected to the SWK in April and May and those advected to the NWK in May were drastically decreased. This result heavily depends on the assumption that the spawning ground is not formed in the region which SST is between 20.2 and 27.1 degC. Under the future condition during 2090-2100, the timing of the maximum advected larval number and growth was the same as those during 2050-60. However, the number of anchovy larvae advected to SWK was much more reduced. The results highly depend on the initial spawning distribution. As a future work, the estimation of spawning area should be improved.

キーワード：海洋生態系モデル、魚類成長一回遊モデル、カタクチイワシ、地球温暖化

Keywords: ecosystem model, fish growth-migration model, Japanese anchovy, climate change

犬吠崎沖の低次生産機構と黒潮続流域への影響

Biological production in the water off Cape Inubo and its influence on the biological environment of the Kuroshio Extension region

*日高 清隆¹、上村 泰洋¹、寒川 清佳¹、小埜 恒夫¹、小松 幸生²

*Kiyotaka Hidaka¹, Yasuhiro Kamimura¹, Sayaka Sougawa¹, Tsuneo Ono¹, Kosei Komatsu²

1. 水産研究・教育機構、2. 東京大学大学院

1. Japan Fisheries Research and Education Agency, 2. The University of Tokyo

本州南方海域に産卵場を持つマイワシやカタクチイワシ、サンマ等の小型浮魚類の仔稚魚は、黒潮とその周辺を輸送されながら成長していくとされる。輸送中の環境は地理的に変化するものと考えられるため、これら仔稚魚の輸送中の環境条件を理解するためには、輸送域内の地理的変異について、周辺域も含めて理解する必要がある。房総沖は黒潮続流の入口にあたり、輸送過程において重要な海域の一つであるが、低次生産過程についての知見が少ない。今回は、黒潮が東へ向きを変える犬吠崎沖周辺海域の低次生産構造を解明することを目的として、衛星観測データおよび海洋観測結果を解析した。

衛星観測データ：海表面水温（SST）および海表面クロロフィル濃度（SSChl）について、東経135度30分から142度、北緯30度から37度、水深500m以深の範囲を集計した。東経138度15分から141度15分に含まれる水深が3000m以浅の海域を伊豆海嶺域とし、伊豆海嶺域を除く集計範囲を東経140度を境に東西に分け、西側を駿河灘とし、東側を更に北緯35.7度を境に南北に区分して南側を房総沖、北側を鹿島灘とした。SSTにはOISST (AVHRR only)、SSChlにはMODIS-Aquaのデータを利用し、2003年から2013年のデータについて8日間平均値を作成し、集計を行った。

水深500m以深の海域での海表面クロロフィルの季節変動において、駿河灘と房総沖は最大値がそれぞれ0.75および0.84 $\mu\text{g L}^{-1}$ と同程度だった。最大値をとる時期は駿河灘で3月末から4月初頭、房総沖ではそれより約1ヶ月遅かった。鹿島灘では最大値が1.10 $\mu\text{g L}^{-1}$ と他海域を上回り、海域の平均が0.8 $\mu\text{g L}^{-1}$ を超える期間が4月半ばから6月半ばまで継続した。

海洋観測：2009年4月・2015年4・5月に、東経137度から147度、北緯32度から38度の範囲で海洋観測を行った。各観測点では、CTDセンサーによって、水温・塩分の鉛直プロファイル深度1000mまで取得し、クロロフィル濃度分析用の試料を0-200 mの深度から採集した。動物プランクトンについては数種の目合および採集深度での観測を行ったが、これらのうち目合100 μm のノルパックネットによる50 mの採集物の分析結果を解析した。

2015年4・5月の観測時の海況は、久保（1985）によって整理された3パターンのうち、黒潮が東西に流れる「Oパターン」であった。犬吠崎周辺の観測点において、鹿島灘から房総半島北部にかけて沿岸域の表層に周辺よりポテンシャル密度(σ_θ)が0.25–0.5 kg m^{-3} 高い海水が分布し、その周辺で栄養塩濃度とクロロフィル濃度がともに高くなっていた。また、犬吠崎の上流と下流でそれぞれ黒潮を横切る2つの断面を比較すると、上流（南側）の断面では全体にクロロフィル濃度が2 $\mu\text{g L}^{-2}$ であったのに対し、下流（北側）の断面では黒潮流軸の陸側に5 $\mu\text{g L}^{-2}$ を超える高クロロフィル濃度の水塊が見られた。この高クロロフィル濃度の水塊は断面上の他の測点に比べて塩分濃度が低く、代表的な沿岸性のカイアシ類である *Acartia omorii* が高密度 (> 40,000 inds m^{-2}) に分布していた。このことよりこの水塊は、八木ら（2001）等によって指摘されている鹿島灘の反時計回りの表層流によって本州沿岸から輸送されてきたものと考えられた。

これらの結果と衛星観測データを合わせ、亜表層からの高栄養塩な海水の湧昇と、それに伴う生物生産の増加が鹿島灘から房総沖北部にかけて各年に起きていることが示唆され、水平的な移流によって黒潮続流域の餌料プランクトン環境に寄与している可能性が考えられた。

キーワード：プランクトン、房総沖、黒潮

Keywords: Plankton, upstream of the Kuroshio Extension, Kuroshio

西部北太平洋および北極海におけるアーキアの群集構造

Community structure of Archaea in the western North Pacific and the Arctic Ocean

*浜崎 恒二¹、井上 智¹、伊知地 稔¹、南 承一²、鈴木 健太³、山本 正伸⁴

*Koji Hamasaki¹, Satoru Inoue¹, Minoru Ijichi¹, Song-Il Nam², Kenta Suzuki³, Masanobu Yamamoto⁴

1. 東京大学大気海洋研究所、2. 韓国極地研究所、3. 北海道大学大学院環境科学院、4. 北海道大学大学院地球環境科学研究院

1. Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo, 2. Korea Polar Research Institute, 3. Graduate School of Environmental Science, 4. Faculty of Environmental Earth Science

アーキアは、バクテリア、真核生物と並ぶ一大ドメインであり極限環境を含むあらゆる環境に生息しているが、その培養の困難さから生物学的機能や生態系の中での役割など不明な点が多く残されている。海水環境中には *Thaumarchaeota* 門に属する Marine Group I (MG-I), *Euryarchaeota* 門に属する MG-II, MG-III, MG-IV の4系統群が分布している。これらの海洋性アーキアは、中・深層水中においてバクテリアに匹敵する現存量を示すことなどから、その生態学的な役割の解明が期待されている。これまで、わずかに分離されている培養株の解析やシングルセルゲノム解析、メタゲノム解析などにより、海水環境に生息するアーキアは、浮遊生態系のエネルギー代謝や物質循環に少なからず寄与していることが次第に明らかになりつつあり、サブグループ毎に生息場所が異なるエコタイプの存在も示唆されている。しかし、その生態学的な役割と寄与を明らかにするには、「どこにどのタイプのアーキアが生息しているか」といった基礎的な知見が、バクテリアとの比較において圧倒的に不足している。

本研究では、海水濾過試料を用いて16S rRNA遺伝子をターゲットとするアンプリコン解析を行い、西部北太平洋および北極海におけるアーキアの群集構造を明らかにすることを目的とした。解析には、西部北太平洋の東経160度を縦断する3測点で鉛直8層、小笠原諸島の東沖1測点で鉛直3層（2回）、北極海の4測点で鉛直2ないし4層、合計44点の試料を用いた。採取した海水は、粒子付着性画分 (PA, >3.0 μm) と自由生活性画分 (FL, 0.22–3.0 μm) 用に孔径の異なる2種類のフィルターで連続的にろ過した。DNA抽出後、16S rRNA遺伝子のV4領域をPCR増幅しアンプリコンシーケンスを行った。配列類似性97%以上の配列をOTU

(operational taxonomic unit) としてクラスタリングし、Greengenesデータベースを用いて分類群の同定を行った。その結果、検出されたアーキアの98%以上がMG-I, MG-II, MG-IIIに分類された。他に *Parvarchaeota*, Marine Benthic Group, MG-IVが検出されたがその存在割合は合計で2%未満であった。MG-Iとして同定されたOTUのさらに詳細な分類を行うため、独自に構築したデータベースを用いた再解析を行った。その結果、MG-Iのサブグループとして現在10に分類されているサブグループのうちMG-I etaを除く9グループが検出されたが、MG-I alpha, MG-I beta, MG-I gammaが突出して多く、MG-Iの約93%を占めていた。各点の群集構造を見ると、太平洋の観測点では、海洋表層 (0–200 m) でMG-IIが優占し、中層以深 (> 200 m) ではMG-Iが優占であった。さらに、MG-Iのサブグループについて見ると、表層でMG-I alphaの割合が多く、中層以深にはMG-I gammaの割合が多くなっていた。これらの深度による群集構造の違いは、おおむね既報の知見と一致しており、太平洋亜熱帯海域から北極まで広範囲に見られる特徴であることがわかった。しかし、北極海の一部では表層でもMG-Iが優占し、北太平洋亜熱帯海域の亜表層クロロフィル極大層にはMG-I betaが優占するなど、既報知見とは異なる分布パターンも見られ、さらに詳細な解析が待たれる。

以上本研究の結果、亜熱帯から亜寒帯海域、さらに北極海域まで、広範囲な海域における海洋性アーキアの群集構造が明らかとなった。特に、独自のデータベースを構築することにより、汎用のデータベースでは特定できないMG-Iのサブグループ分類が可能となった。これらのサブグループのうち、少なくともMG-I alpha,

beta, gammaは生息深度や増殖至適温度の違いなどにより住み分けをしているエコタイプであると考えられるため、サブグループごとに群集構造を記述することは重要である。本研究で構築されたサブグループ同定用のデータベースを用いることにより、今後は様々な海域で包括的な群集構造解析を進めることができ、サブグループごとの分布の特徴が明らかになると期待される。

キーワード：アーキア、西部北太平洋、北極海

Keywords: Archaea, The western North Pacific Ocean, The Arctic Ocean

衛星観測で見る黒潮域の植物プランクトン群集サイズ組成と基礎生産 Phytoplankton group-specific size structure and primary production in the Kuroshio waters by satellite observation

*平田 貴文¹、鈴木 光次¹

*Takafumi Hirata¹, Koji Suzuki¹

1. 北海道大学地球環境科学研究所

1. Faculty of Environmental Earth Science, Hokkaido University

新規に開発した衛星観測手法より得られた地球観測データを用いて、黒潮域を含む日本近海の植物プランクトン群集別のクロロフィルa現存量、光合成量子収率、一次生産速度、及び、細胞サイズを解析した。1998-2007年の月別気候値を解析した結果、黒潮域では、相対的にハプト藻類の現存量が多いことが示された。また、日本近海の珪藻類の一次生産速度の変動は、年間を通じて主に珪藻類の（クロロフィル量としての）現存量の変動を反映しているのに対し、藍藻類の一次生産速度の変動は、年間を通じて主に藍藻類の光合成量子収率を反映していることが示唆された。ハプト藻類の一次生産速度の変動は、ハプト藻類の現存量と光合成量子収率の双方に依存し、それぞれへの依存度は季節で大きく異なることが示唆された。さらに、黒潮流域の珪藻類・ハプト藻類・藍藻類の細胞サイズ分布とそれぞれの一次生産速度の年平均場を比較したところ、珪藻類の一次生産速度は最頻する細胞サイズで最も大きくなる傾向が見られたのに対し、ハプト藻類や藍藻類の一次生産速度は、最頻する細胞サイズで必ずしも最大ではない傾向にあることが示された。

キーワード：黒潮、植物プランクトン、基礎生産、衛星、サイズ

Keywords: Kuroshio, Phytoplankton, Primary Production, Satellite, size