

学際連携研究報告書

令和 6 年度

東京大学 大気海洋研究所

はじめに

学際連携研究は、平成23年度より開始した公募型の共同研究事業である。本共同研究では、全国の個人またはグループの研究者と本研究所の教員が協力して、海洋や大気に関わる基礎的研究および地球表層圏の統合的理解の深化につながる研究を実施する。特に、複数の学問分野の連携による学際的な共同研究の推進を目指すことから、「学際連携研究」と名付けられた。本共同研究には以下の二つの形態がある。

(1) 特定共同研究

本研究所が提案し、地球表層圏変動研究センターが中心となって計画的に推進する特定共同研究課題について、所内の研究グループと所外の研究者が協力して進める共同研究。令和2年度からは琉球大学熱帯生物圏研究センターとの連携協定に基づく沿岸生態系比較研究、令和3年度からは大気海洋研究所で実施する全所的プロジェクトに関する共同研究も実施している。

(2) 一般共同研究

全国の個人またはグループが提案する研究テーマについて、所外と所内の研究者が協力して進める共同研究で、本所の研究目的に貢献が期待できるもの。新しい研究の展開のきっかけとなるポテンシャルを秘めた萌芽的あるいは試行的研究を歓迎する。また、新規プロジェクトの立案にむけてのフィージビリティ研究（打ち合わせ会議や予備調査の実施などを含む）も審査の対象とする。

令和6年度の実績は、特定共同研究の実施数が6件（同応募数6件、採択数6件）、一般共同研究の実施数が8件（同応募数9件、採択数9件、1件取り下げ）であった。

本冊子は、令和6年度実施課題の成果報告をまとめたものである。関連分野の研究者の皆様にも有効にご活用いただけると幸いである。

東京大学大気海洋研究所
共同研究運営委員会
学際連携研究部会

目次

学際連携研究報告書

【特定共同研究】

- 1 海洋環境 DNA を用いた分類群横断的な生物分布様式の解明と決定要因の評価
- 2 縄文時代前半期における九州南部～奄美諸島の遺物包含層の構造について
- 3 北海道オホーツク沿岸域における海水の生成・融解に伴う魚類群集変動
- 4 高精度放射性炭素年代測定に基づく南太平洋島嶼域での相対海水準変動の解明
- 5 底生刺胞動物の種多様性と食物網構造における役割の解明 ―温帯域と亜熱帯域の沿岸生態系における比較―
- 6 沿岸魚類における温帯―亜熱帯の分布境界を形成する遺伝基盤の探索

【一般共同研究】

- 1 海洋微生物を対象とした“新奇”生物活性物質の探索
- 2 安定同位体とゲノムでひも解く海水魚の生態的種分化
- 3 魚類の環境汚染物質代謝機構に関する研究
- 4 カレイ類マツカワの輸送過程推定に向けた安定同位体比の時系列データ抽出法の確立
- 5 船舶搭載マイクロ波放射計・GNSS を用いた黒潮域水蒸気 3 次元分布の実態解明
- 6 サンゴから学ぶ宿主・共生体間のレドックス共有メカニズム
- 7 津波履歴の解明に向けた高密度年代推定による津波堆積物の地域間対比
- 8 暗黒環境に存在する光受容体の生態学的研究

(別紙様式 4)

学際連携研究 報告書

令和 7 年 3 月 20 日

東京大学 大気海洋研究所長 殿

申請者 (代表者)

所属機関	香港科技大学
職 名	助理教授
氏 名	潮 雅之

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

- 研究の区分 (該当するものにチェック) ☒ 特定共同研究 ☐ 一般共同研究
- 研究課題 (和) 海洋環境 DNA を用いた分類群横断的な生物分布様式の解明と決定要因の評価
(英) Multi-taxonomic species distribution pattern and its determinants revealed by ocean environmental DNA
- 共同研究者 (代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下に ○	36 歳以上 40 歳 未満に○
潮 雅之 吉澤 晋 菅井 洋太	香港科技大学 東京大学 大気海洋研究所 東京大学 大気海洋研究所		○	

※ 年齢は本研究の実施年度の末日 (3 月 31 日) 現在

海洋環境 DNA を用いた分類群横断的な生物分布様式の解明と決定要因の評価

Multi-Taxonomic Species Distribution Pattern and Its Determinants Revealed by Ocean Environmental DNA

潮 雅之, 香港科技大, E-mail: ushio(at)ust.hk

吉澤 晋, 東大・大気海洋研, E-mail: yoshizawa(at)aori.u-tokyo.ac.jp

菅井 洋太, 東大・大気海洋研, E-mail: ysugai(at)aori.u-tokyo.ac.jp

Masayuki USHIO, The Hong Kong University of Science and Technology
Susumu YOSHIZAWA, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo
Youta SUGAI, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract

To clarify the effect of environmental factors on and the distribution patterns of marine microbial communities, the community structure of prokaryotes and microbial eukaryotes was investigated in surface waters of the subtropical Kuroshio region using environmental DNA metabarcoding analysis. Prokaryotic communities were dominated by Flavobacteriales during spring and Synechococcales during autumn. For eukaryotes, dinoflagellates were frequently dominant with the occasional dominance of tunicates at shallower depths. A large proportion (64.6%) of the variance in the community structure of prokaryotes was explained by environmental parameters such as salinity and chlorophyll *a* concentration (chl. *a*) whereas the variance of eukaryotes was most (24.7%) explained by chl. *a* but largely (64.6%) unexplained. This result suggests that water mass environments and resource supply by phytoplankton shape prokaryotic community structure while food environments and other factors (e.g. biological interactions) determine eukaryotic communities. The communities of prokaryotes, dinoflagellates, and ciliates showed relatively similar distribution probably due to their symbiotic and trophic relationships. In contrast, the different and unique distribution of other heterotrophic eukaryotes including Doliolida was observed, indicating their sporadic blooms under favorable conditions.

1. はじめに

海洋では、微生物群集は生食食物連鎖や微生物ループを介したエネルギーフローおよび生物地球化学プロセスにおいて重要な役割を果たしている。海洋において、微生物群集は原核生物（バクテリア、アーキア）、原生生物（植物プランクトンなど）、後生生物（動物プランクトン）などの分類・生態的にも極めて多様な生物によって構成され、生物間で複雑な関係（共生・捕食・寄生関係など）を形成している（Sherr & Sherr 2000）。微生物群集の構造や分布およびそれらに影響を与える要因を理解することは、微生物の海洋における機能や生態学的な役割を解明する上で重要である。

2. 問題設定・方法

これまで、海洋における微生物群集の構造や分布は、各生物に適した方法で調査されてきた。例えば、原核生物は海水サンプルを分子生物学的な手法で、真核生物は主にプランクトンネットサンプルを形態学的あるいは分子生物学的な手法で解析することによって調べられてきた（Sogin et al. 2006; Lindeque et al. 2013）。そのため、原核生物と真核微生物ではサンプリングおよび解析方法が異なり、データセットの時空間的な解像度などの面から、両者の群集構造や分布パターンを比較することが困難であった。しかし、最近では同一の海水サンプルを用いて生物を網羅的に検出する環境 DNA のメタバーコーディング解析により、特定の分類群や栄養段階の生物に限定されることなく、分類群横断的に海洋における微生物群集の構造や分布を調査することができるようになってきた（Djorhuus et al. 2020）。そこで、本共同研究では、海洋環境 DNA のメタバーコーディング解析を実施し、海洋における原核生物と真核微生物の群集構造への環境要因の影響と分布パターンの違いを明らかにすることを目的とした。

本共同研究では、白鳳丸 KH-22-5 次研究航海（2022 年 3 月）および新青丸 KS-22-15 次研究航海（2022 年 10 月）において奄美大島周辺の黒潮流軸内外で採取された海洋環境 DNA サ

ンプル（東京大学 大気海洋研究所 所有）を用いた。白鳳丸航海では Station NA1–NA6 と T1–T6 の 12 地点、新青丸航海では 5 地点で観測を実施し（Fig. 1）、環境要因（水温、塩分、クロロフィル *a* 濃度）の測定および表層（10, 50, 100, 150 m）海水の採取を行った。海水を孔径 0.22 μm のカートリッジフィルター（Sterivex, Merck）に濾過し、海洋環境 DNA サンプルとした。

フィルターから DNA 抽出キット（DNeasy PowerWater Sterivex Kit, Qiagen）を用いて DNA を抽出し、原核生物（16S rDNA, V4–V5, Parada et al. 2016）と真核微生物（18S rDNA, V4, Comeau et al. 2011）を対象に Early-Pooling 法（Ushio et al. 2022）による PCR およびシーケンシング（2 × 250 bp PE, NovaSeq, illumina）を実施した。リードのクオリティコントロールや ASV クラスタリングなど（DADA2, QIIME 2）を行った後、データベース（Silva）を用いて分類群を決定した。

クラスター・多次元尺度構成法（NMDS）解析により、群集構造が似ているサンプルのグループ化および原核生物と真核微生物の各分類群の分布パターンの比較を行った。また、Distance-based Linear Model（DistLM）解析により、環境要因が群集構造の変動に与える影響を評価した。

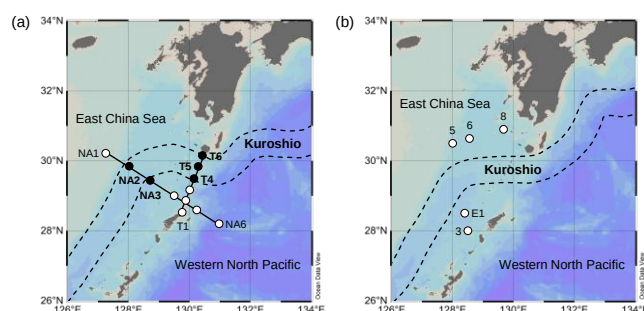


Fig. 1 Sampling locations during (a) KH-22-5 and (b) KS-22-15 research cruises.

3. 結果と考察

原核生物群集は主に季節によって異なり、春季は Flavobacteriales (Group A–C, $34.1 \pm 10.9\%$)、秋季は Synechococcales (Group D–F, $23.8 \pm 21.3\%$) が優占した (Fig. 2a, 3a)。真核微生物群集は季節や深度に関係なく Syndiniales や Peridiniales などの多様な渦鞭毛藻類 (Group A, C–E, $45.7 \pm 8.5\%$) が頻繁に優占したが、浅い深度 (10–50 m) では Copelata (Group B, $34.3\text{--}36.4\%$) と Doliolida (Group I, $60.3\text{--}67.3\%$) の被囊類、深い深度 (100–150 m) では Spumellaria (Group H, $57.3 \pm 20.6\%$) の優占も見られた (Fig. 2b, 3b)。

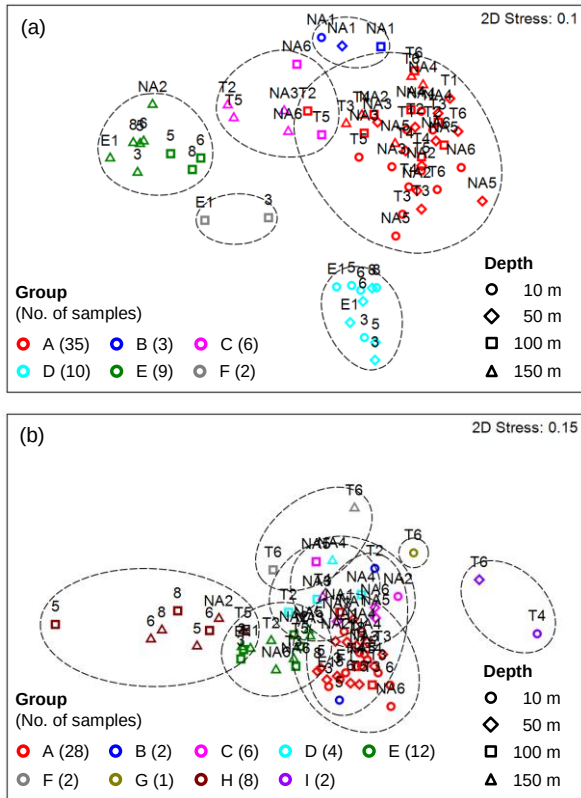


Fig. 2 nMDS analysis of (a) prokaryotic and (b) eukaryotic community structure, showing similarity distance among samples.

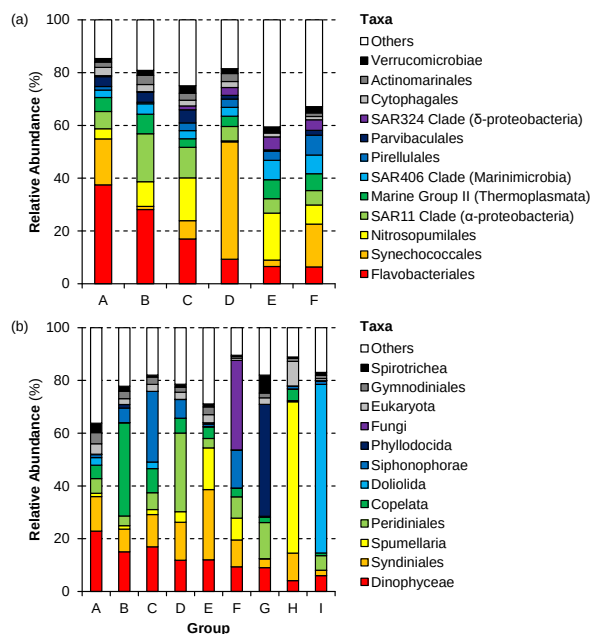


Fig. 3 Community structure of each group of (a) prokaryotes and (b) microbial eukaryotes at the order level.

DistLM 解析の結果、原核生物の群集構造の変動の大部分 (64.6%) が環境要因によって説明され、クロロフィル *a* 濃度 (35.0%)、塩分 (20.0%)、水温 (9.57%) の順に変動に寄与していた。真核微生物では、群集構造の変動にクロロフィル *a* 濃度が最も (24.7%) 寄与していたが、ほとんど (64.6%) の変動が環境要因によって説明されなかった。このことから、原核生物は植物プランクトン由来の物質の供給や水塊の物理環境、真核微生物は餌環境・無機栄養塩濃度や生物間の関係などによって群集構造が形成されることが示唆された。

原核生物と真核微生物の各分類群の分布パターンを比較したところ、原核生物、渦鞭毛藻類、繊毛虫類 (Spirotrichea)、オタマボヤ類 (Copelata) は比較的似た分布パターンを示し (Fig. 4)、これは主にこれらの生物間の共生・補食関係によるものであると考えられる。一方、ウミタル類 (Doliolida) や管クラゲ類 (Siphonophorae) などの他の従属栄養性の真核微生物は異なるかつそれぞれユニークな分布パターンを示し、各分類群に好適な環境下や魚類などの高次の栄養段階の生物との関係で散在的に大量に出現することが示唆された。

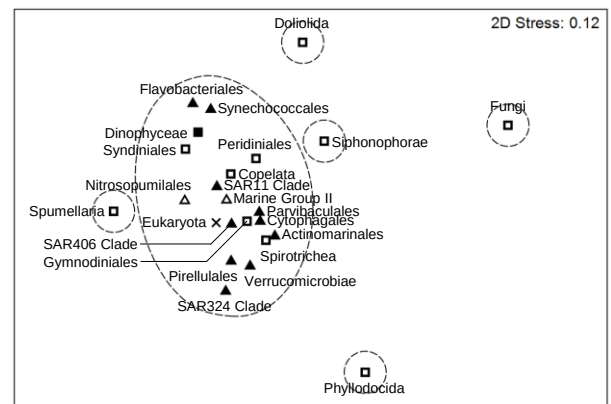


Fig. 4 nMDS analysis of prokaryotic and eukaryotic community structure, showing similarity distance among taxa.

4. 今後の展望

海洋微生物群集間の関係を詳細に調べるためには、(真核) 微生物の遺伝子配列データベースを充実させ、属などのより細かいレベルまで分類群を決定する必要がある。また、海洋における環境 DNA の濃度が低いため、微生物と後生生物や魚類などの高次の栄養段階の生物の関係を調べるには、海洋環境 DNA のメタバーコーディング解析の検出感度や定量性の向上が不可欠である。本研究成果は近日中に国際学術誌に投稿予定である。

参考文献

Comeau et al. (2011) Arctic Ocean microbial community structure before and after the 2007 record sea ice minimum. *PLOS ONE*, 6: e27492. Djurhuus et al. (2020) Environmental DNA reveals seasonal shifts and potential interactions in a marine community. *Nat. Commun.*, 11: 1–9. Lindeque et al. (2013) Next generation sequencing reveals the hidden diversity of zooplankton assemblages. *PLOS ONE*, 8: e81327. Parada et al. (2016) Every base matters: Assessing small subunit rRNA primers for marine microbiomes with mock communities, time series and global field samples. *Environ. Microbiol.*, 18: 1403–1414. Sherr & Sherr (2000) Marine microbes: An overview. *Microbial Ecology of the Oceans*. Wiley, 13–46. Sogin et al. (2006) Microbial diversity in the deep sea and the underexplored “rare biosphere”. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 103: 12115–12120. Ushio et al. (2022) An efficient early-pooling protocol for environmental DNA metabarcoding. *Environ. DNA*, 4: 1212–1228.

(別紙様式 4)

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 4 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者 (代表者)

所属機関 鹿児島県立古仁屋高等学校
職 名 教諭
氏 名 立神 倫史

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

- 研究の区分 (該当するものにチェック) ☒ 特定共同研究 ☐ 一般共同研究
- 研究課題 (和) 縄文時代前半期における九州南部～奄美諸島の遺物包含層の構造について
(英) The Structure of the Artifact-bearing Layers in the Southern Kyushu-Amami Islands during the First Half of the Jomon Period
- 共同研究者 (代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
立神 倫史	鹿児島県立古仁屋高等学校			
川口 雅之	(公財)鹿児島県文振興財団埋蔵文化財 センター			
具志堅 亮	天城町教育委員会			○
川上 晃生	奄美市立博物館		○	
宮入 陽介	東京大学大気海洋研究所			
横山 祐典	東京大学大気海洋研究所			

※年齢は本研究の実施年度の末日 (3 月 31 日) 現在。

縄文時代前半期における九州南部～奄美諸島の遺物包含層の構造について

The Structure of the Artifact-bearing Layers in the Southern Kyushu-Amami Islands
during the First Half of the Jomon Period

立神 倫史, 鹿児島県立古仁屋高等学校, E-mail: michifumi-tategami(at)edu.pref.kagoshima.jp

川口 雅之, (公財)鹿児島県文振興財団埋蔵文化財調査センター,

E-mail: amamikouko(at)gmail.com

具志堅 亮, 天城町教育委員会 E-mail: syakyo08(at)yui-amagi.com

川上 晃生, 奄美博物館, E-mail: kakeroman.nominoura(at)gmail.com

宮入 陽介, 東大・大気海洋研, E-mail: miyairi(at)aori.u-tokyo.ac.jp

横山 祐典, 東大, 大気海洋研, E-mail: kakeroman.yokoyama(at)aori.u-tokyo.ac.jp

Michifumi Tategami, Kagoshima Prefectural Konya High School

Masayuki Kawaguchi, Kagoshima Prefectural Archaeological Research Center

Ryo Gushiken Amagi Town Board of Education

Akio Kawakami, Amami Museum

Yosuke Miyairi, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Yusuke Yokoyama, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract

At the Shitabaru Cave site on Tokunoshima Island, one of the Amami Islands in Kagoshima Prefecture, we sampled a large number of soil and natural artifacts to determine the age of the artifact-bearing layers. In the future, dating will be conducted to clarify the speed of formation of the artifact-bearing layers.

1. はじめに

縄文時代前半期(約 15,000calBP～4,500calBP)は土器使用開始、弓矢猟開始、硬果類の本格的な利用開始など遊動生活から定住生活へ移行した人類史的に大きな転換点であり、最終氷期から完新世にかけての温暖化の時期にもあたることから、環境史的研究成果なども踏まえた歴史的意義について検討される事例が増えてきている。AMS(加速器質量分析)法による土器付着炭化物を対象とした年代測定を実施し、従来の土器研究に、較正年代を付与する作業が進んでいることがその背景としてある。

しかしながら、当該期の南西諸島の土器に関しては、九州南部以北に比べ出土量が極めて少なく、詳細な年代的な関係が判然としない状況である。そのため、土器付着炭化物による年代測定が困難な場合は、遺物包含層の年代を明らかにすることで、暦年代を指標とした分析が可能となる。昨年度は主に包含層の年代対比の基準を作成するために九州南部本土でサンプリングを実施した。今年度は、遺物包含層が安定的に堆積している奄美諸島の洞穴遺跡の1つである鹿児島県徳之島天城町所在の下原洞穴遺跡を分析対象とした

2. 問題設定・方法

本研究では1遺跡でのサンプル数を通常の行政発掘では行えない高い密度で分析し、年代測定を実施した。そのことにより同一遺物包含層中の土器と他の遺物との時間的關係が明らかとなる。今回は、包含層の土壌だけでなく同一層から出土した貝類や獣骨等の自然遺物も分析の対象とした。

3. 結果と考察

下原洞穴遺跡では、地表面より遺物包含層まで連続する土壌サンプルを200点あまり採取することができた。また、捕食したと考えられるイノシシやアマミノクロウサギなどの獣骨や貝類の自然遺物は、南西諸島特有の土器である波状条線土器や爪形文土器とともに出土しており、完新世以降の食性の変化が明らかとなった。一方で、年代測定が一部に留まっており、縄文時代前半期の多くの部分に関しては、今後の年

代測定実施後に、較正年代を算出し時間的な関係を精査した上で分析する必要がある。



Fig. 1 Soil sample collection at an archaeological site in Shitabaru Cave site .

4. まとめと今後の展望

本研究により従来の研究以上の精度で遺物包含層の形成年代が推定できる環境が整った。特に今回は九州南部本土だけでなく、南西諸島の洞穴遺跡からサンプルを得ることができた。開地遺跡とは異なる環境下でどのように遺物包含層が形成されていくのか暦年代を指標とした多様な視点での分析に対応することが期待される。特に、完新世開始後の環境史的なアプローチも加味することで、南西諸島における土器出現に関する背景が明らかになると考えられる。

参考文献

- (1) 天城町教育委員会 2024『下原洞穴遺跡 総括報告書ー平成28年～令和5年度町内遺跡発掘調査等事業に係る発掘調査報告書ー』 天城町埋蔵文化財発掘調査報告書 11

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 4 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者(代表者)

所属機関 北海道大学 大学院水産科学研究院
職 名 博士研究員
氏 名 川上 達也

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

1. 研究の区分(該当するものにチェック) ■特定共同研究 □一般共同研究
2. 研究課題(和) 北海道オホーツク沿岸域における海水の生成・融解に伴う魚類群集変動
(英) Changes in fish community structure associating with sea-ice formation and melting in the coastal area of Hokkaido along the Sea of Okhotsk
3. 共同研究者(代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
川上達也	北海道大学大学院 水産科学研究院			
笠井亮秀	北海道大学大学院 水産科学研究院			

※年齢は本研究の実施年度の末日(3 月 31 日)現在。

北海道オホーツク沿岸域における海水の生成・融解に伴う魚類群集変動

Changes in fish community structure associating with sea-ice formation and melting in the coastal area of Hokkaido along the Sea of Okhotsk

川上 達也, 北大院水産, E-mail: kawakami(at)fish.hokudai.ac.jp

笠井 亮秀, 北大院水産, E-mail: kasai(at)fish.hokudai.ac.jp

兵藤 晋, 東大・大気海洋研, E-mail: hyodo(at)aori.u-tokyo.ac.jp

Tatsuya kawakami, Faculty of Fisheries Sciences, Hokkaido University

Akihide Kasai, Faculty of Fisheries Sciences, Hokkaido University

Susumu Hyodo, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract

In the coastal region of Hokkaido along the Sea of Okhotsk, a gradual increase in water temperature, a reduction in sea ice, and shifts in fish distribution have been reported. To understand the impacts of the recent environmental changes in this region, clarifying the relationship between sea ice and fish distribution is crucial. Therefore, we evaluated the environmental factors driving the fish community structure along the coast of Mombetsu City, applying eDNA metabarcoding. Taxonomic diversity clearly showed a seasonal change, which is apparently related to the water temperature and the presence of sea ice. Clustering and ordination analyses revealed seasonal changes in community composition, with water temperature being the potential factor influencing it. A spatial variations in community structure during the drift ice season was also detected. These findings indicate the potential usefulness of eDNA to investigate the ice-covered environment and emphasize the significance of sea ice in shaping the fish diversity in this region.

1. はじめに

季節海水域は冬季にのみ海水に覆われる海域であり、北極圏から亜北極圏に広くみられる。海水はアイスアルジーや無脊椎動物をはじめ多様な生物に生息場を提供し、独自の海水生態系が形成される。季節海水域において海水の存在は、生物生産の季節性に密接に関連している。一次生産の変化は、高次捕食者である魚類の生態にも大きな影響を与える。近年、地球温暖化に伴う海水の減少と結氷期間の短縮により季節海水域が拡大する傾向にある。海水の生成と融解に対する魚類の応答を明らかにすることは、海水減少がもたらす生態系の変化を理解する上で不可欠である。

北海道オホーツク沿岸域は、冬季に流氷が接岸する季節海水域である。この海域でもすでに温暖化の影響が顕在化しており、顕著な水温上昇と流氷減少がみとめられている。同時に、スケトウダラなど冷水性魚類の漁獲量が減少し、一方でブリなど暖水性魚類の漁獲量が増加している。これは温暖化に伴い魚類の分布域がシフトしていることを示している。温暖化と海水減少がこの海域の魚類の生態に及ぼす影響を理解することは喫緊の課題である。

2. 問題設定・方法

オホーツク海沿岸域では、夏季から秋季にかけての魚類の季節的な分布変化は報告されているものの、結氷期における魚類の生態は未だ不明な点が多い。また、魚類の分布は水温と強く関連することが知られているものの、海水の有無との関連はごく限られた魚種についてしか調べられてこなかった。結氷環境における調査手法の制約を克服することで、魚類の生態に関する知見を飛躍的に増やすことができる。

そこで本研究では、近年発展した環境 DNA 分析技術を導入することで、季節海水域である北海道オホーツク海沿岸において、海水の生成・融解に伴う魚類群集変動を明らかにすることを目的とした。環境 DNA は、海水中に含まれる大型生物由来の DNA であり、その存在は放出源である生物の存在を間接的に示す指標となる。環境は採水と濾過によって採集

されるため、魚類の多様性と分布を比較的容易に、かつ海水の有無によらず統一した手法で把握できる。

本研究は紋別市周辺で実施した。紋別市沿岸のオホーツクタワーにて、2022 年 4 月から 2024 年 3 月まで、原則として毎月 1 回、表面海水を採水・濾過して環境 DNA サンプルを得た (Fig. 1)。さらに、流氷期である 2023 年 2 月と 3 月に砕氷船ガリンコ号 2 および砕氷船ガリンコ号 3 を利用した調査を実施し、紋別市沖の流氷帯と開放水面にて、表面海水および底層海水を採水・濾過して環境 DNA サンプルを得た。

得られたサンプルから DNA を抽出し、MiFish プライマー (Miya et al., 2015) を用いてミトコンドリア DNA の 12S rRNA 遺伝子の部分領域を増幅し、iSeq 100 (Illumina) でシーケンスした。得られたデータを MiFish パイプラインで処理し、各配列には相同性に基づいて分類群名を割り当てた。 α 多様性は分類群数と Shannon 指数で評価した。群集構造と環境との関連を調べるため、DNA リード数を Hellinger 変換し、Bray-Curtis 指数と Ward 法に基づくクラスタリングと非計量多次元尺度

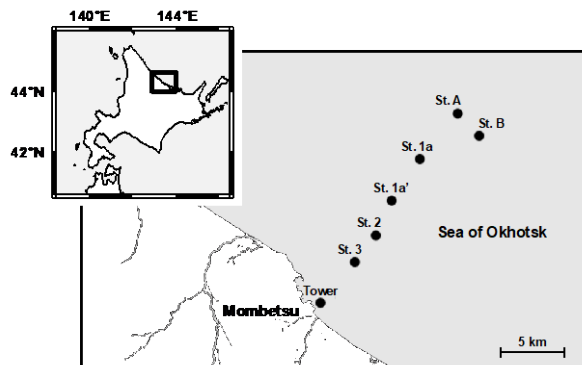


Fig. 1. Map of water sampling sites for environmental DNA (eDNA) collection along the coast of Mombetsu City. eDNA samples were periodically collected at the Okhotsk Tower, adjacent to the Mombetsu Port. Additional eDNA samples were collected off Mombetsu City during the drift ice season.

法(NMDS)による序列化に基づく間接傾度分析を実施した。また、SIMPER (Similarity percentage)分析により、クラスタ間の非類似度に寄与が大きい種を調べた。

3. 結果と考察

オホーツクタワーで採集されたサンプルからは計 85 分類群が、流氷期の紋別沖のサンプルからは計 51 分類群が検出された。出現頻度が高かった上位 3 種は、スケトウダラ (*Gadus chalcogrammus*), マイワシ (*Sardinops melanostictus*), ニシン (*Clupea pallasii*)だった。

オホーツクタワーにおける分類群数と Shannon 指数は 4 月以降の水温上昇に伴い上昇し、7~9 月に最も高くなった。これらの値はその後の水温低下に伴って低下し、1 月に最も低くなった(Fig. 2)。冬季の α 多様性は夏季に比べれば低いものの、流氷期である 2~3 月には一時的に検出分類群数が増加した。流氷期のみ出现过した分類群は、ベロ (*Bero elegans*)やフサカジカ(*Porocottus allisi*)などのカジカ科(Cottidae), ゲンゲ科のマユガジ属 (*Lycodes* sp.), タウエガジ科 (Stichaeidae)だった。

クラスタリングの結果、オホーツクタワーのサンプルは 4 グループに分かれた (Fig. 3A)。主に、グループ A は 3~5 月、B は 6~8 月、C は 10 月~翌 1 月、D は 12 月~翌 3 月のサンプルによって構成されていた。非類似度に最も大きく寄与していた種は、A-B 間と D-A 間はニシン、B-C 間はマイワシ、C-D 間はスケトウダラだった。流氷期の紋別沖のサンプルは、オホーツクタワーとは別個のグループ(E)を形成した。各グループは NMDS プロット上でも明瞭に識別され、その変化は水温に同調していた (Fig. 3B)。

以上の結果から、紋別沿岸の魚類群集の季節的な変化には、マイワシやニシンといった回遊性魚類の海域をまたぐ季節的な来遊だけでなく、カジカ類のような定住性魚類のローカルな生息地移動が関連していることが示唆された。この変化を生じさせる主な環境要因は水温であると考えられた。一方で、流氷期における一時的な多様性の増加と特異的な分類群の出

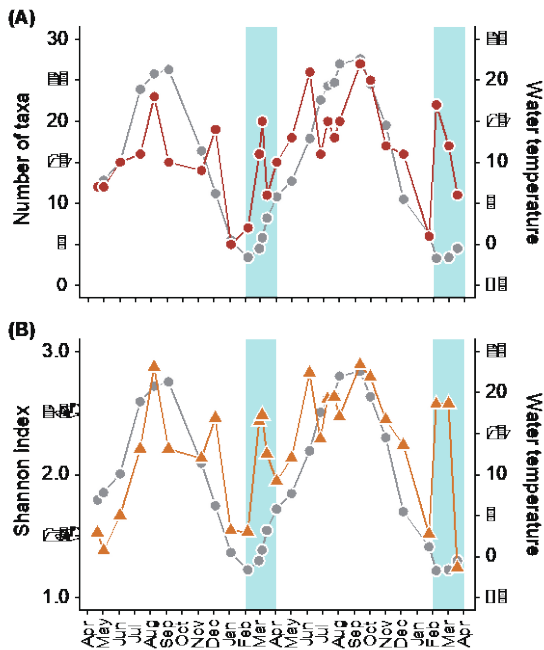


Fig. 2. Seasonal changes in (A) the number of fish taxa and (B) the Shannon diversity index of the fish community at the Okhotsk Tower, as determined by eDNA metabarcoding. Blue shaded areas represent the drift ice season. Red circles represent the number of taxa, yellow triangles represent the Shannon index, and gray circles represent water temperature.

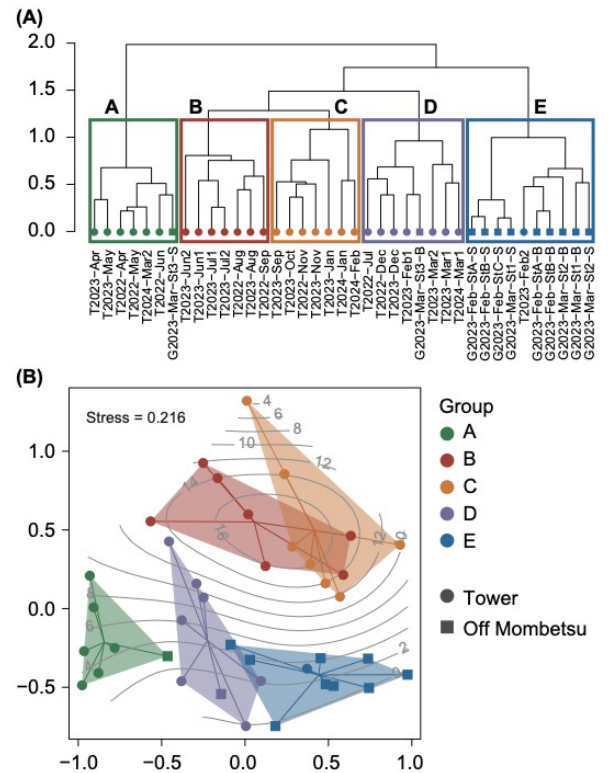


Fig. 3. Fish community structure revealed by eDNA metabarcoding. (A) Dendrogram showing hierarchical clustering of fish communities. (B) Non-metric multidimensional scaling (NMDS) ordination of fish communities, with groups identified by the clustering overlaid. Gray contours represent water temperature fitted by a generalized additive model (GAM).

現から、海氷の存在それ自体も魚類の分布に影響する要因であると推測された。

4. まとめと今後の展望

本研究では、環境 DNA 分析により、季節海氷域における魚類群集の季節変化と流氷期における空間的差異を捉えた。この変化には、水温だけでなく、流氷の存在が関連していることが示唆された。季節海氷域における魚類の多様性と分布を決定づける環境要因を明らかにするためには、環境 DNA データを蓄積するとともに、より多くの要因(例えば一次生産量、餌生物の分布、海氷下の物理環境)を含めた解析を実施することが重要である。また、結氷環境では、極低温であること、海氷が魚類環境 DNA を集積すると考えられること (Kawakami et al., 2025)から、環境 DNA の動態は温帯とは大きく異なると予想される。今後環境 DNA 手法を結氷環境において展開するためには、この特徴的な条件下における魚類環境 DNA の動態に関する研究が不可欠である。

参考文献

- (1) Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Poulsen, J. Y., Sato, K., ... Iwasaki, W. (2015). MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society Open Science*, 2, 150088.
- (2) Kawakami, T., Ozaki, M., Yamazaki, A., Nomura, D., & Kasai, A. (2025). Overwintering fish community in ice-covered environments in Hokkaido, Japan, inferred from environmental DNA. *Environmental DNA*, 7, e70068

(別紙様式4)

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 2 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者(代表者)

所属機関 東京大学
職 名 教授
氏 名 後藤和久

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

- 研究の区分(該当するものにチェック) ☒ 特定共同研究 ☐ 一般共同研究
- 研究課題(和) 高精度放射性炭素年代測定に基づく南太平洋島嶼域での相対海水準変動の解明
(英) Relative sea level change at South Pacific islands revealing by high resolution radiocarbon dating

3. 共同研究者(代表者の方も含めてご記入下さい。40歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
後藤 和久 横山 祐典 石澤 堯史 中田 光紀 笠井 克己	東京大学 東京大学 東北大学 東京大学 東京大学		○ ○ ○	

※年齢は本研究の実施年度の末日(3月31日)現在。

高精度放射性炭素年代測定に基づく南太平洋島嶼域での相対海水準変動の解明

Relative sea level change at South Pacific islands revealing by high resolution radiocarbon dating

後藤 和久, 東京大学・大学院理学系研究科, E-mail: goto50(at)eps.s.u-tokyo.ac.jp
横山 祐典, 東京大学・大気海洋研究所, E-mail: yokoyama(at)aori.u-tokyo.ac.jp
石澤 堯史, 東北大学・災害科学国際研究所, E-mail: ishizawa(at)irides.tohoku.ac.jp
中田 光紀, 東京大学・大学院理学系研究科, E-mail: nakata-koki864(at)g.ecc.u-tokyo.ac.jp
笠井 克己, 東京大学・大学院理学系研究科, E-mail: kasai-katsumi0316(at)g.ecc.u-tokyo.ac.jp

Kazuhisa Goto, School of Science, The University of Tokyo
Yusuke Yokoyama, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo
Takashi Ishizawa, International Research Institute of Disaster Science, Tohoku University
Koki Nakata, School of Science, The University of Tokyo
Katsumi Kasai, School of Science, The University of Tokyo

Abstract

This study investigated relative sea level changes at South Pacific Islands based on high-resolution radiocarbon dating. Through field surveys, we found emerged coral microatolls in the Kingdom of Tonga. These microatolls are dated to 7000-6500 years ago and their elevations were higher than the eustatic sea level estimated by the GIA model. We therefore interpreted that crustal uplift occurred in the past. We also measured the 3D model of coastal notches. Furthermore, multiple sandy tsunami deposits were observed, and one of these deposits, which was found underneath a huge boulder, was dated to the 17th-18th century in the western sites but the 15th century in the eastern site. Some events might have been generated by a huge earthquake at the Tonga Trench, which may have induced crustal uplift of the island.

1. はじめに

地球上のある地点における過去の海面の高さは、気候変動や氷床の融解などの全球的な要因のみならず、地震あるいは火山活動などにより引き起こされる局所的な地殻変動などの複合的な要因によって変動する。過去の相対海面変動史を明らかにし、諸分析や数値計算を組み合わせることで各要素が引き起こした相対海面変動量を分離できれば、古気候、古環境の復元だけでなく、地震や海底火山活動の理解にもつながると考えられる。

過去の相対海面変動を知る手段として、海面高に対して生息高度を敏感に変化させるサンゴなどが活用される。例えば、塊状サンゴの一部は同心円状に成長するものの低潮位面より上位には成長できないため、低潮位面付近まで成長すると上面が平坦な特殊な形状を持つようになる(マイクロアトールと呼ばれる)。この他にも、ノッチと呼ばれる海岸崖の波による侵食地形が、過去の海水面の指標として用いられる場合もある。

南太平洋島嶼域は熱帯・亜熱帯性の気候条件であることから、サンゴが良く発達している。また、極域から最も離れた赤道付近に点在していることから、氷床の融解に伴う変動の影響などを評価するうえで重要な場所に位置する。これに加えて、トンガ海溝に面し多数の海底火山列が存在するなど、地震・火山活動も活発な地域である。同地域においては、1980年代頃から相対海面変動に関する研究が数多く行われてきた。例えば Nunn and Finau (1995) は、トンガの南岸で複数段のノッチを認め、1.6 mm/年の相対海水準低下を報告している。これは極めて速い速度であることから、地震性の隆起が間欠的に発生しているものと解釈されている。近年の推定ではこれほどの隆起量ではないにせよ、一定の隆起が起きなければ相対海水準変動を説明できないとされる(Fukuyo et al., 2020)。ただし、隆起がいつ、どれほどの規模で、何を要因として発生したかは明らかにされていない。また、先行研究の

多くは2000年代前半頃までに行われたものであり、最新の調査・分析技術に基づいていないため、質的にも量的にも課題が残る。実際に、海面変動の復元に必要なデータの品質を示した Hijma et al. (2015) のプロトコルに従えば、過去のデータの大半は低品質と判断され、相対海水準変動を明らかにするために必要なデータの品質が担保されていないという問題が残る。

そこで本研究では、南太平洋島嶼域のうちトンガを主たる対象地域として、両地域における相対海水準変動履歴を解明することを主目的とした。

2. 問題設定・方法

トンガにおける地殻変動履歴と相対海水準変動を明らかにするため、トンガタブ島にて調査を実施した(Fig. 1)。北東部の Kolonga では離水マイクロアトール、南部の Nakolo では離水ノッチの調査を行い、西部の Kala' au と東部 Haveluliku ではトレンチ掘削による津波堆積物調査を行った。その後、Kolonga の離水マイクロアトールの放射性炭素年代測定を行った。また、Kala' au と Haveluliku のイベント層中の貝やサンゴの放射性炭素年代の多点測定を行い、イベントの年代推定を行った。これら年代測定は大気海洋研究所において実施した。

3. 結果と考察

Kolonga の離水マイクロアトールの年代は7000-6500年前ごろを示した(Fig. 2)。この結果とマイクロアトールの標高から、7000-6500年前に相対海水準が+0.2 m から+1.6 m と次第に上昇したと推定された。GIA モデルから計算されるユースタシーな海水準変動(Fukuyo et al., 2020)と本研究の結果を比較すると、7000年間で約1-4 m(0.15-0.57 mm/yr)の隆起が示唆される。この値はFukuyo et al. (2020)による過去2500年間で0.5 m以上の隆起(>0.2 mm/yr)があったとする推

定とも調和的である。

Nakoloにおいては、ドローンLiDARによる測量を行い、高精度の離水ノッチの形状情報を取得した。この地域のノッチは複数段観察され、従って地震性地殻変動を繰り返してきた可能性が考えられる。今後、このデータは地震性隆起履歴の解明に使用予定である。

また、トンガタブ島西部のKala'auにおいて5つの津波堆積物と考えられるイベント層を発見した。そのうち巨礫直下に堆積する最新のイベントについて年代測定を行ったところ、津波は17-18世紀に発生したと推定された。これはNakata et al. (2024)によって報告されたトンガタブ島北西部Kanakupoluにおけるイベント層の年代とも対応する。トンガタブ島東部のHavelulikuにおいてもLavigne et al. (2021)で報告されている津波堆積物と考えられるイベント層を確認した。この層についても年代測定を行ったところ、15世紀ごろのイベントと推定された。Lavigne et al. (2021)でも15世紀ごろと推定しているが、今回多点数の年代測定を実施したことでその確度が上がった。以上からトンガタブ島西側では17-18世紀、東側では15世紀ごろに、巨礫を打ち上げるような規模の津波に襲われていたことが示唆される。



Fig. 1 Survey sites on Tongatapu island in this study.

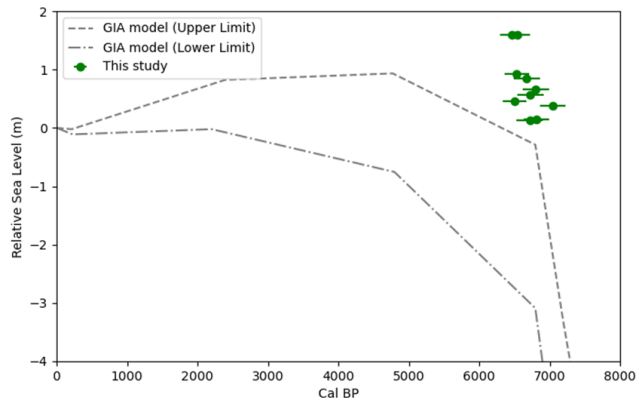


Fig. 2 Comparison between the GIA model results (Fukuyo et al., 2020) and past sea levels inferred from

microatolls at Kolonga in this study.

4. まとめと今後の展望

本研究では、トンガタブ島において現地調査を行い、さらに取得試料を用いて放射性炭素年代測定を実施した。その結果、南太平洋島嶼域の海面変動史と地殻変動史の解明に資するデータを取得することができた。トンガタブ島は完新世において複数回の地震性隆起が起きている可能性が強く示唆され、その一部は津波を伴った可能性が考えられる。今後、地震や海底火山噴火を想定した数値計算を実施し、地殻変動量や津波規模を定量的に推定することにより、相対海水準変動と地殻変動史を高精度で復元できるものと考えられる。

南太平洋の相対海水準変動は長年研究の対象とされてきたが、その多くは2000年代までで一段落しており、かつ現在の相対海水準変動の議論に耐えられるほどの精度がないことが問題となっていた。本計画の成果は、こうした現状の改善に資するものであると同時に、対象国の将来課題（海面上昇、巨大地震・火山、環境保全）に密接に関連しており、対象国の政策への反映や一般への普及活動を図ることが重要である。

参考文献

- (1) Nunn, P., Finau, F., 1995: "Holocene emergence history of Tongatapu island, south Pacific", *Z. Geomorph. N. E.*, 39, 69-95.
- (2) Hijma, M., Engelhart, S. E., Tornqvist, T. E., Horton, B. P., Hu, P., Hill, D. F., 2015: "A protocol for a geological sea-level database", *Handbook of Sea-Level Research Chapter 34*,
- (3) Fukuyo, N., Clark, G., Purcell, A., Parton, P., & Yokoyama, Y., 2020: "Holocene sea level reconstruction using lagoon specific local marine reservoir effect and geophysical modeling in Tongatapu, Kingdom of Tonga" *Quat. Sci. Rev.*, 244, 106464.
- (4) Lavigne, F., Morin, J., Wassmer, P., Weller, O., Kula, T., Maea, A.V., Kelfoun, K., Mokadem, F., Paris, R., Malawani, M.N., Faral, A., Benbakkar, M., Saulnier-Copard, S., Vidal, C.M., Tu'lafitu, T., Kitekei'aho, F., Trautmann, M., Gomez, C., 2021: "Bridging legends and science: field evidence of a large tsunami that affected the Kingdom of Tonga in the 15th century", *Front. Earth. Sci.* 9, 748755.
- (5) Nakata, K., Ishizawa, T., Goff, J., Faoliu, S., Vailea, P., Kasai, K., Yokoyama, Y., Miyairi, Y., Goto, K., 2024: "Initial results of a two-thousand years paleotsunami history of Tongatapu Island, Kingdom of Tonga" In Paper presented at Japan geoscience union meeting 2024.

(別紙様式 4)

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 3 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者 (代表者)

所属機関 国立科学博物館 (現; 熊本大学 くまもと水循環・減災研究教育センター 沿岸環境部門)
職 名 日本学術振興会特別研究員 PD (現; 准教授)
氏 名 吉川晟弘

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

- 研究の区分 (該当するものにチェック) ☒ 特定共同研究 ☐ 一般共同研究
- 研究課題 (和) 底生刺胞動物の種多様性と食物網構造における役割の解明
— 温帯域と亜熱帯域の沿岸生態系における比較 —
(英) Species diversity and ecosystem function of benthic Cnidaria in the coastal area

3. 共同研究者 (代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
吉川晟弘 横山祐典	国立科学博物館 (現; 熊本大学) 東京大学大気海洋研究所		○	

※年齢は本研究の実施年度の末日 (3 月 31 日) 現在。

底生刺胞動物の種多様性と食物網構造における役割の解明 —温帯域と亜熱帯域の沿岸生態系における比較— Species diversity and ecosystem function of benthic Cnidaria in the coastal area

吉川晟弘, 熊大・合津マリンステーション, E-mail: akiyoshikawa(at)kumamoto-u.ac.jp

横山祐典, 東大・大気海洋研, E-mail: yokoyama(at)aori.u-tokyo.ac.jp

Akihiro Yoshikawa, Aitsu Marine Station, Kumamoto University

Yusuke Yokoyama, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract

Extensive knowledge of species diversity and food web structure is essential for a comprehensive understanding of biological production processes in coastal ecosystems. However, due to the difficulty of preserving specimens of cnidarians, which lack hard body structures, fundamental aspects of their species composition and ecological roles within the food web remain poorly understood. This study aims to characterize the species diversity of benthic cnidarians (e.g., sea anemones and hydrozoans) and elucidate their trophic interactions using carbon and nitrogen stable isotope analysis. Then, we seek to provide a more integrative understanding of food web dynamics in coastal marine ecosystems.

1. はじめに

沿岸生態系における生物の生産過程を包括的に明らかにするためには、そこに暮らす動植物の種多様性や、食物網構造についての網羅的な知見が必要である。しかしながら、軟体部のみで構成される刺胞動物においては、その扱いの難しさから、食物網における役割はおろか、出現する種組成さえも未だ把握できていない。

本研究では、イソギンチャクやヒドロ虫など「底性の刺胞動物」の種多様性を把握し、それらが具体的に何を食べて、何に食べられているのかを炭素・窒素同位体分析により明らかにする。これにより、沿岸生態系の食物網構造の包括的な理解を目指す。

2. 問題設定・方法

対象とする刺胞動物の種を判別するためには、麻酔により触手が開いた状態で固定された標本を観察する必要がある。標本を作るには時間がかかる上に、特に、他の動物(主にヤドカリ類、巻貝類)を宿主とする共生種については、刺胞動物に麻酔がかかる前に宿主が動いてしまうことが多く、種判別に必要な特徴を確認できる状態で保存することが非常に難しい。そのため、たとえ数多く採集できる種であっても、その分類学的位置が不明なものが数多く存在する。そこで本研究では、主に沿岸環境に数多く生息しており、かつ主にヤドカリ類と共生関係にあると予想できる刺胞動物の種多様性と、それらの食物網構造における位置を明らかにすることを目的として調査および分析を行った。

生物の採集は、珍しい生き物が数多く分布する奄美大島(亜熱帯域)の潮間帯にて、令和6年の7月から8月にかけて実施した。また、生物相と食物網構造を気候間で比較するために、過去に千葉県館山市(温帯域)、および岩手県大槌町(亜寒帯域)で得られた標本も研究に利用した。そして得られた標本に対して分類学的な精査を行った。奄美大島および千葉県沿岸で採集された標本については炭素・窒素同位体分析を行うために、筋肉組織を個別に保存し、分析の前処理を施した。

3. 結果と考察

奄美大島名瀬市小浜の潮間帯(水深0~1m)にて、ソメンヤドカリとカブトヤドカリが使う貝殻の上から1未記載種 *Verrillactis* sp.が採集された(図1A)。本種は

分類学的な混乱を抱えているものの、ヤドカリと共生する種として、モンバンイソギンチャクという和名が与えられている。しかし、当該種またはその近縁種がヤドカリ以外の動物の体表からも発見されており、形態的に類似した複数種が存在することが示唆されている[1]。 *Verrillactis* spp.は千葉県館山市などの温帯域では、宿主となるヤドカリが潮下帯(水深約10m)から採集されることが多い。そのため、温帯域と亜熱帯域では、本未記載種も生息する水深帯が異なる可能性がある。

亜寒帯域の岩手県大槌町沿岸の潮下帯(水深約10m)ではイガグリガイホンヤドカリの貝殻の上からヒドロ虫の1種であるイガグリガイウミヒドラの標本が数多く得られた(図1B)。本種についても、温帯域では深海域(水深約100~200m)から見つかる場合が多く、生息する水深帯が気候帯によって異なる可能性がある。また三陸沿岸からは、生態的な特徴が本種と酷似しているが形態的に識別することができる個体が複数見つかった(図1C, 不明種)。今後は、当該個体の分類学的精査を行った上で、食性を分析する必要がある。

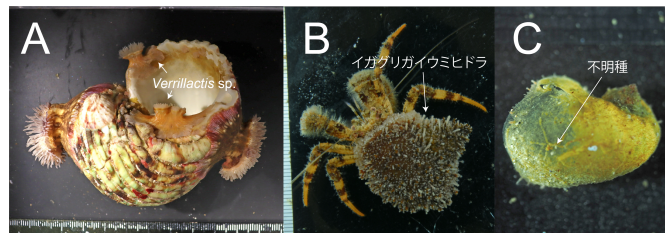


Fig. 1. Benthic cnidarian species found on the hermit crab snail shell. (A), *Verrillactis* sp. (B), *Hydrissa sodalis* (Stimpson, 1858) (C), unknown species.

4. まとめと今後の展望

本研究の予備的調査により、同種のイソギンチャクとヒドロ虫であっても、気候帯によって生息する水深が異なることが示唆された。また、同種とされるものの中に複数の種が存在する可能性も示唆されたため、今後は各種の分類学的精査を行う必要がある。引き続き、それぞれの種に対して炭素・窒素同位体分析を実施する。これにより当該刺胞動物の異なる気候帯および水深における食物網構造での位置を解明していきたい。

参考文献

[1] Yoshikawa, A., A. Yasuda, T. Izumi, K. Yanagi, 2022: "A novel epibiotic association in the benthic community: The sea anemone *Verrillactis* sp. (Actiniaria: Sagartiidae) on the necto-benthic fish, *Inimicus japonicus*", *Plankton Benthos Res.*, 17(2), 208-213

(別紙様式 4)

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 4 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者（代表者）

所属機関 東京大学大学院農学生命科学研究科
職 名 准教授
氏 名 平瀬祥太郎

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

1. 研究の区分（該当するものにチェック） ☒ 特定共同研究 ☐ 一般共同研究
2. 研究課題（和）沿岸魚類における温帯—亜熱帯の分布境界を形成する遺伝基盤の探索
（英） Genetic basis of the temperate-subtropical distribution boundary in coastal fishes
3. 共同研究者（代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。）

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
平瀬祥太郎	東京大学大学院農学生命科学研究科			
末松知宙	東京大学大学院農学生命科学研究科		○	

※年齢は本研究の実施年度の末日(3月31日)現在。

沿岸魚類における温帯—亜熱帯の分布境界を形成する遺伝基盤の探索

Genetic basis of the temperate-subtropical distribution boundary in coastal fishes

平瀬祥太郎, 東大・院農, E-mail: cashirase(at)g.ecc.u-tokyo.ac.jp

末松知宙, 東大・院農, E-mail: michishio1016(at)gmail.com

横山 祐典, 東大・大気海洋研, E-mail: yokoyama(at)aori.u-tokyo.ac.jp

Shotaro Hirase and Tomohiro Suematsu, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo

Yusuke Yokoyama, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Some Japanese coastal fishes show genetic differentiation consistent with the “Watase Line”, the biogeographic boundary between the temperate and subtropical zones. Such genetic differentiation may involve adaptive evolution to the respective climatic zones and provide important information on their genetic basis. In this study, we focused on the genetic structure of closely-related gobiid fishes, *Luciogobius ryukyuensis* and *L. guttatus*, which are considered to be distributed in south and north of the Watase Line, respectively. We first performed genome assembly of *L. guttatus* using hi-fidelity long reads. The obtained genome assembly was chromosome-scale and contained 97.2% complete single-copy Actinopterygii BUSCO. ADMIXTURE analyses using low coverage whole genome sequencing data indicated clear genetic differentiation consistent with the Watase Line. On the other hand, *L. ryukyuensis* of Amami-Oshima island showed slight genetic introgression from *L. guttatus*, indicating the possibility of gene flow.

1. はじめに

地球上の生物種の分布域は常に変化し続けている。近年では、地球温暖化によって生物種の地理的分布はこれまでにないスピードで変化し、一部の種の分布域は高緯度側にシフトしつつあることが示唆されている。このような分布域のシフトが生じている場合、分布の後縁集団・種 (Rear-edge population, species; 以下、後縁集団)、すなわち種や近縁種群の分布域において低緯度側に存在する集団や種は、分布域の中心に存在する集団や種よりも高い絶滅リスクに曝されると考えられている (Hampe and Petit, 2005)。このことは、後縁集団はその種群における耐熱限界付近で生活しているため今後の環境の変化に対してより脆弱であること、分布域の端で地理的に隔離されやすい後縁集団は有効集団サイズも小さい傾向にあることに由来している。一方、このような後縁集団はより温暖な環境に適応するための変異を有している可能性も高く、後縁集団の遺伝的独自性を明らかにすることは、種全体における環境変動への適応能力を維持するという観点からも重要である。

日本列島は南北に長く、北端の北海道から南端の琉球列島までの距離は実に約 3000 km におよび、その気候も日本列島の中で亜寒帯から亜熱帯まで大きく変化する。その沿岸域に生息する生物種の中には、北海道から琉球列島までの広い分布域を有する種や近縁種群も存在する。これらの種の多くでは分布域全体において広範な移動分散が生じていると考えられ、実際に分布域全体において低い遺伝的分化しか観察されない例が複数存在する。一方、一部の種・種群では、日本列島における温帯域と亜熱帯域の生物地理学的境界にあたる「渡瀬線 (トカラ列島の悪石島と小宝島の間を通る生物の分布境界線)」と一致する遺伝的分化が生じていることが示唆されており、境界を隔てた移動分散が制限されている可能性が

ある。さらに、こうした亜熱帯域に分布する集団は、本州沿岸の温帯域の集団が持たない、高温環境に適応するための遺伝変異を有していることが期待される。

本研究では、日本列島から琉球列島における後縁集団として、ミナミヒメミズハゼ *Luciogobius ryukyuensis* に着目する。本種はミミズハゼ *L. guttatus* の近似種として近年記載された種であり、ミミズハゼが渡瀬線以北の温帯域に分布するのに対し、本種は渡瀬線以南の亜熱帯域に分布することが示唆されている (Chen et al., 2008)。

2. 問題設定・方法

本研究は、集団ゲノミクス解析によって、ミミズハゼとミナミヒメミズハゼ間の分布境界の把握と集団動態の解明を目的とした。この目的を達成するため、集団ゲノミクス解析において重要なミミズハゼ参照ゲノム配列の構築、Low-Coverage Whole Genome Sequencing (lcWGS) 法による集団ゲノミクス解析 (Lou et al., 2021) を行った。

ミミズハゼの参照ゲノムを構築するために、PacBio による high-fidelity (HiFi) ロングリードシーケンスを行った。シーケンスには 2024 年 5 月に三重県の銚子川から採集したミミズハゼの雌のサンプルを使用した。サンプルからの DNA 抽出には NucleoBond HMW DNA キットを使用した。

この DNA 溶液を使用したライブラリー調整およびシーケンスを macrogen Japan 社に委託した。シーケンシングは、PacBio Revio の Circular consensus sequencing (CCS) モードによって行われた。取得された HiFi リードの総配列長は約 77Gb であった。この HiFi ロングリードによるゲノムアセンブリ構築は、hifiasm 0.16.0 をデフォルトの設定で使用するで行った。参照ゲノムの完成度、スキャフォールドの配列長の分布と BUSCO 遺伝子の網羅度に基づいて評価した。ま

た、ミミズハゼの参照ゲノムと、ミミズハゼと比較的近縁なアゴハゼの参照ゲノム (Kato et al., 未発表) とのシンテニーを比較するために、近縁種アゴハゼの参照ゲノムからも同様の手法で BUSCO 遺伝子を抽出した。ミミズハゼの参照ゲノムとのシンテニーは、各参照ゲノムの中でシングルコピーである BUSCO 遺伝子の座標を入手し、その座標における参照ゲノム間の対応関係を可視化することで比較した。

集団ゲノミクス解析に使用する 1cWGS データについては、阪大微生物病研究会に委託した。徳島県海部郡と鹿児島県屋久島で採集したミミズハゼ、鹿児島県奄美大島と沖縄県本島、沖縄県石垣島で採集したミナミヒメミミズハゼの各 16 個体について被覆率 1.5X 程度のショートリードデータを取得し、このデータを、応募者が構築したミミズハゼの参照ゲノムに BWA でアラインメントし、ANGSD によって遺伝子型情報を取得してクラスタリング解析を行った。

3. 結果と考察

HiFi ロングリードシーケンス法によって、総配列長が約 77 Gb である Hi-Fi リードが取得された。アセンブリを行ったところ、スキファールド数が 282 本、配列長が 769 Mb、Scaffold (Contig) N50 が 29.2 Mb のゲノム配列が得られた。この参照ゲノムの配列長に基づく、本研究で取得した Hi-Fi リードは約×100 のカバレッジに相当するデータ量であった。BUSCO の評価では、脊椎動物および条鰭類における主要オルソログ遺伝子 (3,354 個) のうち 97.2% (3,260 個) が参照ゲノム中に含まれていた。10 Mb を超えるスキファールド数は 22 本で、このスキファールドの合計配列長は参照ゲノム全体の 87.4% を占めた。また、この 22 本のスキファールド上の BUSCO 遺伝子の配置をアゴハゼにおける染色体レベルの参照ゲノムと比較したところ、22 本のスキファールドはアゴハゼの染色体とほぼ相同であった (図 1)。したがって、本研究で新たに構築したミミズハゼの参照ゲノムは、染色体レベルに近い品質であると判断された。

クラスタリング解析は、種間における明確な遺伝的分化を示した一方で、分布境界に相当する奄美大島のミナミヒメミミズハゼはミミズハゼのゲノムをわずかに保有する個体が見られたことから (図 2)、種間の遺伝子流動がわずかに生じている可能性が示された。

4. まとめと今後の展望

本研究により作成したゲノムアセンブリと 1cWGS データを用いた集団ゲノミクス解析により、ミミズハゼとミナミヒメミミズハゼ間には明瞭な遺伝的分化が存在することが明らかとなった。これは従来の知見通り、渡瀬線を境界とした 2 種の異所的な分布パターンを示すものである。一方で、本研究は、分布境界に相当する奄美大島のミナミヒメミミズハゼ

がミミズハゼのゲノムをわずかに保有していることから、種間の遺伝子流動が生じている可能性が示された。今後は、このようなミミズハゼから奄美大島の集団へと浸透したゲノム領域を探索するとともに、ミミズハゼとミナミヒメミミズハゼで高い遺伝的分化を示す分化アイランド領域や亜熱帯適応遺伝子候補を探索していく予定である。

ミミズハゼ属には、日本だけで少なくとも 30 種以上存在することが明らかになっている。本属魚類は、日本を中心に急速に適応放散した一群であり、礫の間隙や伏流水に特化した特異な形態をもつ種や、特殊な分布パターンを示す種がいることから、局所適応やボディープランの進化研究等にとって興味深い。本研究によって構築したミミズハゼのゲノムアセンブリは、今後のミミズハゼ属魚類を用いたゲノム研究基盤を提供することにつながると考えられる。

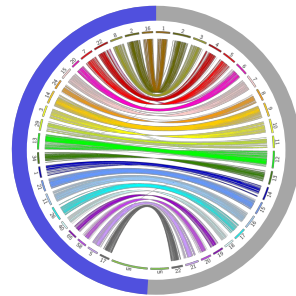


Figure 1. Synteny plot comparing the placement of BUSCO genes in the newly constructed genome assembly of the *Luciogobius guttatus* and the chromosome-level reference genome of the East China Sea lineage of *Chaenogobius annularis* constructed by Kato et al. (unpublished). The blue area in the circles indicates the genome assembly of *L. guttatus*, and the gray area indicates the genome assembly of *C. annularis*.

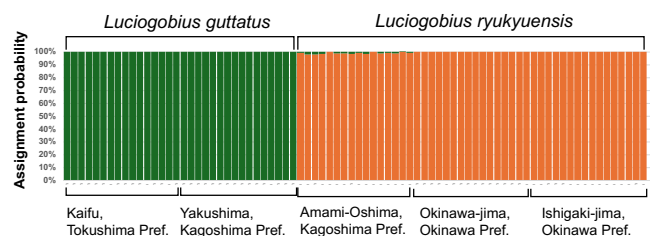


Figure 2. Results of clustering analysis. Genetic clusters corresponding to two species were detected. However, traces of gene introgression from *Luciogobius guttatus* were found in *L. ryukyuensis* from Amami-Oshima island.

参考文献

- (1) Hampe, A., & Petit, R. J. (2005). Conserving biodiversity under climate change: the rear edge matters. *Ecology Letters*, 8(5), 461-467.
- (2) Chen, I., Suzuki, T., & Senou, H. (2008). A new species of gobiid fish, *Luciogobius* from Ryukyus, Japan (Teleostei: Gobiidae). *Journal of Marine Science and Technology*, 16(4), 250-254.
- (3) Lou, R. N., Jacobs, A., Wilder, A. P., & Therikildsen, N. O. (2021). A beginner's guide to low-coverage whole genome sequencing for population genomics. *Molecular Ecology*, 30(23), 5966-5993.

(別紙様式 4)

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 4 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者（代表者）

所属機関 北里大学 薬学部 微生物薬品製造学教室
職 名 教授
氏 名 大城 太一

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

- 研究の区分（該当するものにチェック） ☐ 特定共同研究 ☐ 一般共同研究
- 研究課題（和）海洋微生物を対象とした“新奇”生物活性物質の探索
（英） Screening for novel bioactive compounds from marine microorganisms

3. 共同研究者（代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。）

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
大城 太一	北里大学薬学部微生物薬品製造学教室			
茂野 聡	北里大学薬学部微生物薬品製造学教室		○	
今田 千秋	佐賀大学海洋エネルギー研究所			
吉澤 晋	東京大学大気海洋研究所			

※年齢は本研究の実施年度の末日(3月31日)現在。

海洋微生物を対象とした“新奇”生物活性物質の探索

Screening for novel bioactive compounds from marine microorganisms

大城 太一, 北里大・薬, E-mail: ohshiro@pharm.kitasato-u.ac.jp
今田 千秋, 佐賀大・海洋エネルギー研究所, E-mail: jess604@tbz.t-com.ne.jp
吉澤 晋, 東大・大海研, E-mail: yoshizawa@aori.u-tokyo.ac.jp
茂野 聡, 北里大・薬, E-mail: shigeno.satoru@kitasato-u.ac.jp

Taichi Ohshiro, School of Pharmacy, Kitasato University
Chiaki Imada, Institute of Ocean Energy, Saga University
Susumu Yoshizawa, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo
Satoru Shigeno, School of Pharmacy, Kitasato University

Abstract

Many natural compounds have been discovered in terrestrial microorganisms. They are contributed as not only drugs but also research reagents. On the other hand, the “oceans” occupy 70% of the earth's surface, and the organisms and microorganisms that inhabit them are considered to be highly diverse. Therefore, we are focusing on the source of “oceans” microorganism and marine derived natural compounds. In this research, 105 marine-derived bacteria and 27 marine-derived actinomycete were isolated. And, their culture broths were investigated using 9 in house screening systems. Some strains were hit in the screening systems of antibiotics and anti-cancer. Furthermore, one of three same actinomycete strain (for example, *Brevundimonas vesicularis* and *Pedobacter lignilitoris*) produced specific secondary metabolites.

1. はじめに

微生物のうち、抗生物質の生産や発酵食品など我々に有益な働きをするものは有用微生物と呼ばれる。有用微生物は古来より我々の生活と密接に関わっており、その分離源も植物や土壌など身の回りの環境に由来することが多い。近年、新たな有用微生物の分離環境として海洋が注目されている。海洋は陸上と比較して過酷な環境 (低温、貧栄養、高浸透圧) であることから、特異な細菌叢の形成が期待され、実際にその細菌叢は陸上とは大きく異なることが明らかとなっている¹⁾。一方、これら細菌の代謝産物や有用酵素については未解明な部分が多く、未開拓な微生物資源として期待される。北里グループでは、長年、微生物資源から有用生物活性物質を探索し、創薬研究へとつなげ、抗がん剤である放線菌由来マイトマイシン (秦藤樹博士らが発見) や抗寄生虫薬である放線菌由来エバーメクチン (大村智博士らが発見) のように実績を残してきた。そして最近、微生物資源を土壌のみならず、温泉などさまざまな環境から微生物資源を収集し、その微生物培養液から新奇生物活性物質を発見してきた¹⁻³⁾ (Figure 1)。そこで本研究では、深海環境を含む様々な海洋環境から分離された海洋微生物を対象として、その代謝産物の解析、生物活性スクリーニングを行い、新たな微生物資源および新奇生物活性物質の開拓を目指した。

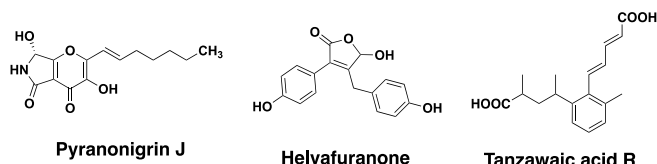


Fig. 1 Structures of compounds from Hot-spring derived microorganism.

2. 問題設定・方法

分離対象として、非選択的に分離される海洋細菌に加えて抗生物質の生産が多く知られる放線菌に着目した。微生物の分離源は、海洋細菌と放線菌と異なる分離源を用いた。すなわち、海洋細菌の分離源には、MR24-01c-みらい航海で採取した海水サンプル (5 サンプル、水深 1137 m) を用いた。放線菌の分離には、KH-23-5 白鵬丸航海で採取した深海堆積物 (26 サンプル、水深 6600~8000 m) および千葉県、沖縄県、奄美大島で採取した浅瀬堆積物 (14 サンプル) を用いた。これらを放線菌選択培地に塗布し、生育したコロニーを純粋培養することで微生物を分離した (Fig. 2 左)。分離した微生物について液体培地で培養し、得られた培養抽出液について生物活性スクリーニングおよび LC-UV を用いた網羅的解析に供した。また、海洋細菌については 16S rRNA 解析から菌学解析した。

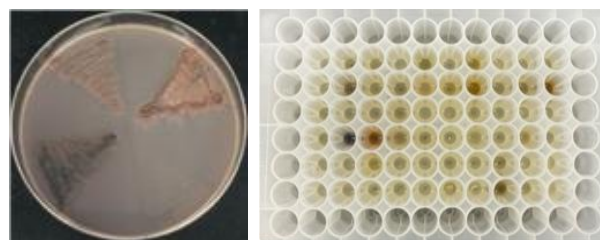


Fig. 2 Pure culture of actinomycetes (left) and culture broth (right)

3. 結果と考察

微生物分離の結果、海洋細菌 105 株および海洋放線菌 27 株を分離した。分離した微生物は全て 10% グリセロールストック溶液を作製し、-80°C で保存した。続いて、これらを 2 種類の培養抽出し、培養抽出液 264 サンプルを作製した (Fig. 2 右)。得られた培養抽出液を用いて大城研究室で保有する生物活性評価系 (Table 1) にてスクリーニングを行った結果、海洋細菌 8 株で生物活性が見出され、6 株が抗酸菌

Table 1 Screening systems in Kitasato group

<感染症>
・抗抗菌活性
・抗真菌活性
・抗真菌薬アムホテリシンB活性増強活性
<がん>
・抗悪性中皮腫活性
・TGF- β シグナル阻害活性
<生活習慣病>
・中性脂質蓄積阻害活性
・SOAT1もしくはSOAT2阻害活性
・PCSK9阻害活性
<骨代謝関連疾患>
・軟骨細胞分化促進活性

(*Mycobacterium avium*) に対する抗菌活性、2 株が TGF- β 阻害活性であった (Table 2)。一方、今回分離した放線菌の培養抽出液には生物活性は見出されなかった。これまで海洋細菌の二次代謝産物に関する知見は少なく、本研究で培養抽出液に生物活性が見出されたことは、これら海洋細菌が何らかの二次代謝産物、さらには生物活性物質を生産する能力があることを強く示唆している。現在、それぞれの培養液から目的の生物活性物質の精製検討を進めている。

Table 2 Screening result of hit strains

Strain	抗抗菌活性	TGF- β シグナル阻害活性
<i>Microbacterium lacus</i>	○	
<i>Brevundimonas vesicularis</i>		○
<i>Brevundimonas vesicularis</i>		○
<i>Pedobacter lignillitoris</i>	○	
<i>Microbacterium lacus</i>	○	
<i>Acinetobacter pittii</i>	○	
<i>Sphingobium abikonense</i>	○	
<i>Brevundimonas viscosa</i>	○	

続いて培養抽出液の LC-UV 解析の結果、海洋細菌および放線菌ともに二次代謝産物の生産が確認された。また、生物活性を示した海洋細菌のうち、同属同種と同定された株の代謝産物を比較したところ、興味深いことにその代謝産物に違いが見られた (Fig. 3)。たとえば、*Brevundeimonas vesicularis* の 3 株の二次代謝産物を比較したところ、strain 1 では LC-UV の保持時間 2.0 ~ 3.0 min 付近に他の strain 2 と 3 で観察されない二次代謝産物を確認した。*Pedobacter lignillitoris* の 3 株では、strain 1 について LC-UV の保持時間 1.0 ~ 3.0 min 付近で特異的な二次代謝産物の生産を確認した。現在、特異的に生産された二次代謝産物に着目し、精製検討を進めている。

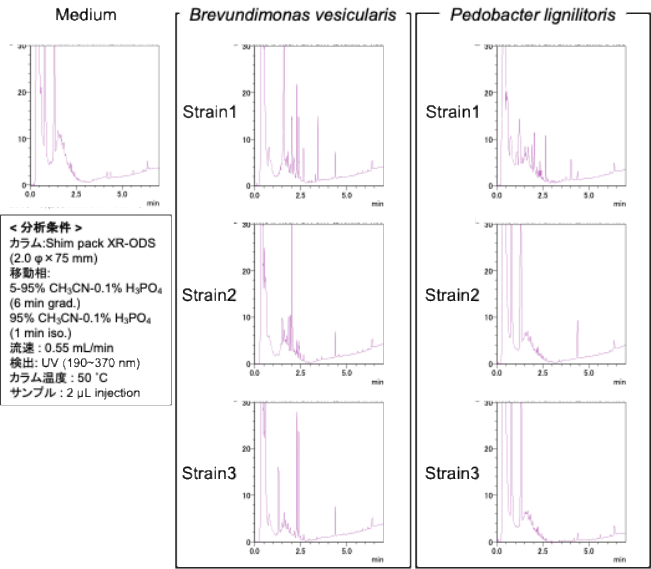


Fig. 3 LC chromatograms of marine-derived bacteria

4. まとめと今後の展望

海洋微生物は医薬シーズや新規酵素の探索源として注目されているが、深海環境や海水中の細菌の有用性に関する研究はほとんどない。本研究より、様々な海洋環境から微生物の分離および代謝産物の解析を行った結果、複数の海洋細菌の培養抽出液に生物活性を見出した。また、海洋環境に生息する微生物が二次代謝産物を生産すること、さらに同種の微生物であっても生産する代謝産物が異なることを示し、海洋細菌が持つポテンシャルの一部を明らかにできたと考える。現在、それら二次代謝産物の精製を進めている。

最終的に、海洋細菌の代謝産物のさらなる解析を通じて、その構造および有用性について解き明かしていきたい

参考文献

- (1) Furukawa T., *et al.*, 2016: “Helvafuranone Produced by the Fungus *Aspergillus nidulans* BF0142 Isolated from Hot Spring-derived Soil” *Nat Prod Commun*, 11, 1001-1003.
- (2) Uchida R., *et al.*, 2016: “Pyranonigrin L, a New Antioxidant, Produced by the Hot Spring-derived Fungus *Penicillium adametzii* BF-0003” *Nat Prod Commun*, 11, 1111-1114.
- (3) Tominaga T., *et al.*, 2018: “Anti-Rhizopus activity of tanzawaic acids produced by the hot spring-derived fungus *Penicillium* sp. BF-0005” *J Antibiot*, 71, 626-632.
- (4) Chen J., *et al.*, 2024: “Global marine microbial diversity and its potential in bioprospecting” *Nature*, 633, 371-379.

学際連携研究報告書

令和 7 年 3 月 17 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者(代表者)
所属機関 北里大学海洋生命科学部
職 名 講師
氏 名 武藤望生

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

1. 研究の区分(該当するものにチェック) ☐ 特定共同研究 ☒ 一般共同研究
2. 研究課題(和)安定同位体とゲノムでひも解く海水魚の生態的種分化
(英)Elucidating the mechanism of ecological speciation in marine fishes by an integrative approach combining genomics and stable isotope analysis

3. 共同研究者(代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
武藤望生	北里大学 海洋生命科学部	講師 (申請者・代表者)		○
稲垣志峰	北里大学 大学院海洋生命科学 学研究科	大学院生 (共同研究者)	○	
白井厚太郎	東京大学大気海洋研究所	准教授 (受入研究者)		

※年齢は本研究の実施年度の末日(3 月 31 日)現在。

安定同位体とゲノムでひも解く海水魚の生態的種分化

Elucidating the mechanism of ecological speciation in marine fishes by an integrative approach combining genomics and stable isotope analysis

武藤 望生, 北里大・海洋生命, E-mail: muto.nozomu(at)kitasato-u.ac.jp

稲垣 志峰, 北里大・海洋生命, E-mail: inagaki.shih(at)st.kitasato-u.ac.jp

白井 厚太郎, 東大・大気海洋研, E-mail: kshirai(at)aori.u-tokyo.ac.jp

Nozomu Muto, School of Marine Biosciences, Kitasato University

Shiho Inagaki, Graduate School of Marine Biosciences, Kitasato University

Kotaro Shirai, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract (Times New Roman 10pt)

Ecological speciation, whereby ecological or behavioral divergence drives speciation in the face of gene flow, has rarely been demonstrated for marine fishes. We aimed to test the hypothesis that two rockfishes of the genus *Sebastes* (Sebastidae), *S. vulpes* and *S. zonatus*, have undergone ecological speciation, using an integrative approach combining genomics and otolith oxygen isotopic ratio ($\delta^{18}\text{O}$) analysis. Consistent with the hypothesis, the otolith $\delta^{18}\text{O}$ analysis implicated ecological divergence as a reproductive barrier between the two species: a clear depth segregation between *S. vulpes* and *S. zonatus*, along with an intermediate habitat depth for their hybrids, was demonstrated. We also obtained genome-wide SNP data for the two species and their hybrids, which will be used in future analyses to test divergence with gene flow. Interestingly, a Principal Component Analysis based on the SNP data suggested the presence of a third species that may have originated through hybridization between *S. vulpes* and *S. zonatus*.

1. はじめに

生物の集団間に生殖隔離が成立することにより新たな種が誕生する「種分化」は、従来、祖先集団の地理的分断をきっかけとしておきる場合がほとんどであると考えられてきた⁽¹⁾。ところが近年、地理的分断がない状況で生態・行動的差異による生殖隔離が集団間に成立していく「生態的種分化」のケースが陸上や淡水生物から多くみつき、稀な現象ではないことが明らかになりつつある⁽²⁾。生態的種分化は海洋でも稀ではないと予測されているものの、海洋生物の生態・行動を自然下で直接観察することは困難であり、海洋における生態的種分化のおこりやすさやメカニズムはほとんど明らかになっていない。

2. 問題設定・方法

本研究は、メバル属の海水魚キツネメバル *Sebastes vulpes* とタヌキメバル *S. zonatus* に着目し、両種が生態的種分化を経験したとの仮説を検証することを目的とする。両種は分布域がほぼ完全に重複し、ときおり交雑する(生殖隔離が不完全である)一方、生息水深と食性の差異が示唆されており、これらの差異が今まさに生態的種分化を駆動している可能性がある⁽³⁾。さらに、交雑の頻度(=生殖隔離の強さ)が地域によって異なっている。本研究では、交雑頻度が異なる地域ごとに両種の生息水深と食性を比較することにより、これらが生殖隔離の要因であるかを検討する。加えて、生態的種分化に特有の歴史的個体群動態パターンを両種が示すかをゲノム解析により検討する。

両種の生息水深は数十~200m程度と見積もられており、生態の直接観察は困難である。本研究ではこの困難を、耳石の酸素同位体比($\delta^{18}\text{O}$)分析および眼球の炭素・窒素・硫黄(CNS)同位体比分析により解決する。耳石 $\delta^{18}\text{O}$ は個体の経験水温を反映することから、生息水深の指標となる。眼球CNS同位体比は生息環境と食性履歴を反映し、その値から個体の「同位体ニッチ」⁽⁴⁾を復元できる。本研究では、交雑

頻度が異なる地域ごとにキツネメバル-タヌキメバル-交雑個体の間で耳石 $\delta^{18}\text{O}$ と眼球CNS同位体比を比較する。生態的種分化仮説のもとでは、1) 交雑頻度が高くキツネ-タヌキ間の生殖隔離が弱い地域では生息水深・同位体ニッチの種間の重複が大きくなる、2) 交雑個体は両種の間隔的な生息水深・同位体ニッチをもつ、と予測される。

ゲノム解析では、RAD-seq法および全ゲノムシーケンシングにより取得した一塩基多型(SNP)データにもとづく歴史的集団動態のモデル選択により、キツネメバルとタヌキメバルの種分化過程における種間の遺伝子流動の有無とタイミングを推定する。生態的種分化仮説のもとでは、種分化の開始時に遺伝子流動があったとの結果が予測される。一方、対立仮説である地理的分断による種分化のもとでは、分化過程全体にわたって遺伝子流動がない、または分化の途中で遺伝子流動が開始された(二次的接触)との結果が予測される⁽⁵⁾。

3. 結果と考察

<安定同位体比分析> 本年度は、交雑頻度が低い地域から得られたキツネメバルとタヌキメバル、ならびに交雑頻度が高い地域からの交雑個体の耳石 $\delta^{18}\text{O}$ 分析を実施した。キツネメバルとタヌキメバルの耳石 $\delta^{18}\text{O}$ は成長とともに分離していく傾向がみとめられ、成熟年齢(7歳前後)以降はほぼ重複しなかった(Fig. 1)。一方、交雑個体は両種の間隔的な値を示した(Fig. 1)。これらの結果は、成熟後の両種は生息水深帯が重複しないこと、交雑個体は中間の水深帯に分布することを示唆する。したがって、前述した予測2)と整合的であり、生息水深の分離による生殖隔離が生態的種分化を駆動しているという研究開始当初の仮説を支持する。

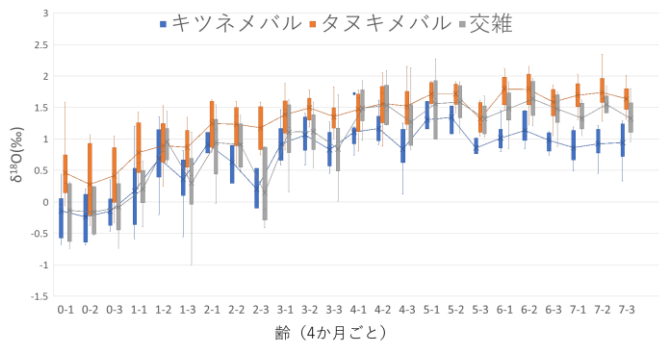


Fig. 1 Ontogenetic changes in otolith $\delta^{18}\text{O}$ values of *S. vulpes* (blue plots), *S. zonatus* (orange), and hybrids (gray).

<ゲノム解析> 本年度は RAD-seq の SNP データを予備的に分析したところ、当初の想定とは異なる興味深い結果が得られた。当初はキツネメバル、タヌキメバル、および両種の交雑個体をゲノム解析により識別し、分化パターンを明らかにする計画であった。しかし実際には、これらのいずれとも異なる第三の集団の存在が明らかになった (Fig. 2)。この集団はキツネメバルとタヌキメバルの中間的な遺伝的特徴をもちつつ両種から明瞭に分離することから、両種の交雑により形成された可能性がある。

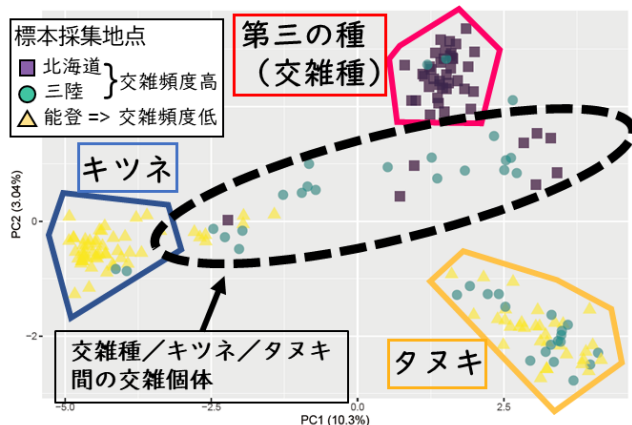


Fig. 2. Principal component analysis based on RAD-seq data.

4. まとめと今後の展望

耳石 $\delta^{18}\text{O}$ 分析の結果は、生態的種分化仮説にもとづく予測 2) を支持した。今後は予測 1) の検証のためサンプルを追加して分析を行う。また、眼球 CNS 分析を実施して栄養ニッチの視点からも仮説を検証する。さらに、歴史的集団群動態からの裏付けのため、ゲノム解析にもとづき種分化過程における遺伝子流動の有無と開始タイミングを推定する。

以上に加え、交雑に由来する第三の種の存在が示唆された点にも着目して、新たな方面にも研究を展開したい。種間交雑があらたな種の形成につながる「交雑種分化」は、動物では稀な現象と考えられてきたものの、近年は陸上や淡水性の動物で報告例が増加しつつある⁽⁶⁾。一方海洋生物では、ほとんど報告例がない。このため、交雑種分化が多様な環境・分類群でどのようにしておきるかは明らかになっていない。理論的には、交雑により形成された集団が親種と異なる生態・行動を獲得することが交雑種分化の成立には不可欠との予測がある⁽⁷⁾。この予測は陸上や淡水生物でのケーススタディから支持されているものの、海洋生物での検証例はない。したがって、上述の「第三の種」が実際に交雑種分化に由来するかどうかを精密なゲノム分析により検証するとともに、キツネ・タヌキとの生態・行動的差異を安定同位体比分析により検証すれば、海洋生物における交雑種分化の成立過程に肉薄した先駆的研究となる可能性がある。

参考文献

- (1) Coyne JA & Orr HA. 2004. 545 pp. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- (2) Nosil P. 2012. 280 pp. Oxford University. Press, Oxford
- (3) Muto N, et al. 2013. Extensive hybridization and associated geographic trends between two rockfishes *Sebastes vulpes* and *S. zonatus* (Teleostei: Scorpaeniformes: Sebastidae). *Journal of Evolutionary Biology* 26: 1750-1762.
- (4) Newsome et al. 2007. *Frontiers in Ecology and the Environment* 5: 429-436.
- (5) Sousa V & Hey J. 2013. *Nature Review Genetics* 14: 404-414.
- (6) Long Z, Rieseberg L. 2024. *Mol Ecol*, doi: 10.1111/mec.17412
- (7) Mallet J. 2007. *Nature*, 446:279-283

(別紙様式 4)

学際連携研究報告書

令和 年 月 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者（代表者）

所属機関	鹿児島大学
職 名	教授
氏 名	宇野 誠一

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

1. 研究の区分（該当するものにチェック） ☐ 特定共同研究 ☒ 一般共同研究
2. 研究課題（和）魚類の環境汚染物質代謝機構に関する研究

（英）Studies on mechanisms to metabolize environmental pollutants in fish

3. 共同研究者（代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。）

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
宇野 誠一	鹿児島大学			
國師 恵美子	鹿児島大学			
山崎 雅俊	鹿児島大学			○
井上 広滋	東京大学			

※年齢は本研究の実施年度の末日(3月31日)現在。

魚類の環境汚染物質代謝機構に関する研究

Studies on mechanisms to metabolize environmental pollutants in fish

宇野 誠一, 鹿大・水産学部, E-mail: uno(at)fish.kagoshima-u.ac.jp
國師 恵美子, 鹿大・水産学部, E-mail: kokushi(at)fish.kagoshima-u.ac.jp
山崎 雅俊, 鹿大・水産学部, E-mail: m-yamasaki(at)fish.kagoshima-u.ac.jp
Taroh Butsuri, Physics Research Lab, Kashiwa University
Hanako Seibutsu, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract (Times New Roman 10pt)

The interplay between aryl hydrocarbon receptor (AhR) activation and cytochrome P450 (CYP)-mediated metabolism in PAH-induced fish embryo malformations is unclear. We examined this using Japanese medaka embryos exposed to various PAHs with or without the CYP1A inhibitor piperonylbutoxide (PBO) or the AhR antagonist CH223191 (CH). While phenanthrene and fluoranthene were non-teratogenic, benzo(a)anthracene induced craniofacial defects that were significantly exacerbated by PBO. In contrast, pyrene caused multiple defects (craniofacial, cardiac, edema, spinal) which were attenuated by either CH or PBO. These results demonstrate that different PAHs elicit developmental toxicity via distinct mechanisms, revealing divergent roles for AhR and CYP1A depending on the specific PAH structure.

1. はじめに

多環芳香族炭化水素 (PAHs) は環境中に広く分布する汚染物質であり、魚類胚に対して発生異常などの有害な影響を及ぼす。PAHs の毒性発現には、異物応答に関わるアリール炭化水素受容体 (AhR) と、その標的遺伝子であり PAH 代謝に関わるシトクロム P450 1A (CYP1A) が関与すると考えられている (Corrada et al., 2016)。しかし、AhR 活性化に基づく毒性評価 (TEQ モデル) だけでは PAH の毒性を十分に説明できない場合があり、特に CYP1A による代謝が解毒に働くか、あるいは毒性化 (反応性代謝物や活性酸素種 (ROS) の生成) に働くかは、PAH の化学構造によって異なると考えられる (Larsson et al., 2012)。本研究では、ジャワメダカ (*Oryzias javanicus*) を主な研究対象とし、汚染物質代謝機構を総合的に解明することを目指すものである。ジャワメダカは日本のメダカの近縁種で、メダカと同様に実験動物として扱いやすい一方、本来の生息域が海水であるため、海水魚としての生理学的性質を備えており、海水魚の優れた研究モデルである。本研究では最終的にジャワメダカを主な研究対象とし、多環芳香族炭化水素類 (PAHs) の暴露影響発現機構を総合的に解明することを目指している。特に有機汚染物質代謝の第一段階を担う酵素シトクロム P450 1A 遺伝子をノックアウトした系統 (Cyp1a-KO 系統) を用いた解析を計画しているが、本系統ジャワメダカの暴露試験に供する十分な個体数を得るのは、その個体群の繁殖能力から考えると難しい。そこで、ある程度影響メカニズムに予測を付けるために、ジャワメダカの近縁種ヒメダカ (*Oryzias latipes*) を対象として、いくつかの PAHs と薬物代謝阻害剤を同時暴露し、そのメカニズムの概要を予測することを目的とした。

本研究は、構造の異なる 4 種の PAH (phenanthrene (Phe), fluoranthene (Flu), benzo(a)anthracene (BaA), pyrene (Pyr)) を用い、ヒメダカ胚発生における毒性メカニズムの違いと、AhR 阻害剤 (CH223191; CH) および CYP1A 阻害剤 (piperonylbutoxide; PBO) が毒性発現に及ぼす影響を比較検討することで、PAHs の構造とヒメダカにおける毒性メカニズムの関係を明らかにすることを目的とした。

2. 問題設定・方法

本研究では、PAH による発生毒性メカニズムは、その化学構造に依存し、AhR 経路と CYP1A 経路の寄与が異なるのではないかと、という問いを設定した。これを検証するため、ヒメダ

カ胚を Phe, Flu, BaA, Pyr の各 PAH に単独で、あるいは CH または PBO を 14 日間同時暴露した。評価項目として、孵化後仔魚の形態異常 (頭蓋や顔面、心血管系、脊椎など) の観察、暴露 7 日目胚における AhR 標的遺伝子 (CYP1A, ARNT) の mRNA 発現量の RT-PCR による定量、および CYP1A 酵素活性 (EROD 活性) の測定を行った。

3. 結果と考察

実験の結果、PAH の種類に依存して、発生毒性の特徴とメカニズムが大きく異なることが示された。その中で、Phe および Flu は、今回設定した試験濃度範囲では顕著な形態異常をヒメダカ胚では引き起こさなかった。そのため、これらの PAHs のヒメダカ胚に対する影響はかなり限定される、と考えられた。

BaA 単独暴露では軽度な頭蓋や顔面部分に異常が見られた。さらに PBO との共暴露により、重篤な頭蓋や顔面部分への異常、心臓形成不全、心膜浮腫、胚中での出血といった、魚胚のダイオキシン暴露時に観察されるブルーサック症候群 (BSD) によく似た症状が増加するのが認められた。一方、CH の同時暴露では毒性の変化は見られなかった。遺伝子発現解析では、BaA 単独暴露では CYP1A 発現を誘導し、PBO または CH との同時暴露でさらにその発現が促進された。これらの結果から、BaA の毒性に対して CYP1A は主に解毒的な役割を果たしており、その阻害は BaA 蓄積と AhR の過剰な活性化を招き、ダイオキシンに類似した毒性を顕在化させたと考えられた。

Pyr 暴露では、BaA とは異なる心肥大や脊椎湾曲といった特徴的な奇形が高頻度で観察された。一方で、Pyr の毒性は PBO または CH との同時暴露によって有意に軽減された。Pyr も CYP1A 発現を誘導したが、BaA よりは弱く、CH 共暴露ではその発現が抑制された。この結果は、Pyr の毒性発現には CYP1A 酵素活性に依存しており、AhR は主に CYP1A 発現を制御することで間接的に毒性に関与していることを示唆している。これらの代謝過程において、毒性代謝物の生成や活性酸素種 (ROS) 産生がなされ、これらの要素が毒性発現に大きく寄与している可能性が考えられた。

EROD 活性測定では、高い CYP1A mRNA 発現を示した BaA や Pyr が必ずしも高い酵素活性を示さないという乖離が見られた。これは、これらの PAH やその代謝物が CYP1A 酵素と結合し、測定基質と競合した可能性を示唆している。

総じて、BaA の毒性は AhR 依存적であり CYP1A による解毒が重要である一方、Pyr の毒性は CYP1A による代謝活性化に依存するという、PAHs の構造による明確なメカニズムの違いが明らかになった。これは、AhR 活性化能だけでは PAHs の毒性を一律に評価できないことを示唆するものとして注目される。

4. まとめと今後の展望

本研究は、ヒメダカ胚を用いて、PAHs による発生毒性メカニズムが化学構造に依存し、AhR と CYP1A の役割が異なることを明確に示した。BaA の毒性には AhR 活性化が重要であり CYP1A は防御的に働く一方、Pyr の毒性には CYP1A による代謝活性化が必須であった。この結果は、AhR 活性化のみに基づく現行のリスク評価モデルの限界を示唆しており、特に異なるメカニズムを持つ PAH 混合物のリスク評価には注意が必要である。

今後の研究課題として、今回ヒメダカ胚に対して見られた PAHs の影響が、ジャワメダカでも観察されるかを確認する。また、Cyp1a-KO 系統のジャワメダカに対して今回対象とした PAHs を暴露したときに、ヒメダカ胚における PAHs+PBO 暴露時と同様の影響が観察されるかを詳細に検討する。さらに、今回のヒメダカ胚暴露試験から、Pyr などの毒性に関与する具体的な代謝産物の同定とその毒性評価、ROS 産生の定量的評価と毒性への寄与の解明、異なる毒性作用機序を持つ PAHs 混合物の相互作用の解析など検証し、さらなる PAHs の影響発現機構に迫る。そして、最終的に、石油汚染などに端を発する PAHs 暴露時の魚類に対する毒性発現メカニズムの解明を目指す。

参考文献

- (1) orrada, D., Soshilov, A. A., Denison, M. S., Bonati, L., 2016. Deciphering Dimerization Modes of PAS Domains: computational and Experimental Analyses of the AhR:ARNT Complex Reveal New Insights Into the Mechanisms of AhR Transformation. PLOS Comput. Biol. 6, e1004981.
- (2) Larsson, M., Orbe, D., Engwall, M., 2012. Exposure time-dependent effects on the relative potencies and additivity of PAHs in the Ah receptor-based H4IIE-luc bioassay. Environ. Toxicol. Chem. 31, 1149-1157.

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 1 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者（代表者）

所属機関 地方独立行政法人北海道立総合研究機構 水産研究本部栽培水産試験場
職 名 研究主任
氏 名 坂上 嶺

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

1. 研究の区分（該当するものにチェック） ☐ 特定共同研究 ☒ 一般共同研究
2. 研究課題（和）カレイ類マツカワの輸送過程推定に向けた安定同位体比の時系列データ抽出法の確立
（英） Establishment of time-series stable isotope ratio data acquisition method for estimation of the ontogenetic migration history of barfin flounder *Veasper moseri*

3. 共同研究者（代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。）

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
坂上 嶺 石村豊穂 伊藤進一 白井厚太郎	(地独)道総研・栽培水産試験場 京都大学・人間・環境学研究科 東京大学・大気海洋研究所 東京大学・大気海洋研究所		○	

※年齢は本研究の実施年度の末日(3月31日)現在。

カレイ類マツカワの輸送過程推定に向けた安定同位体比の時系列データ抽出法の確立

Establishment of time-series stable isotope ratio data acquisition method for estimation of the ontogenetic migration history of barfin flounder *Verasper moseri*

坂上 嶺, 道総研・裁水試, E-mail: sakanoue-rei(at)hro.or.jp

石村 豊穂, 京大・人環, E-mail: ishimura.toyoho.8r(at)kyoto-u.ac.jp

伊藤 進一, 東大・大気海洋研, E-mail: goito(at)aori.u-tokyo.ac.jp

白井厚太郎, 東大・大気海洋研, E-mail: kshirai(at)aori.u-tokyo.ac.jp

Rei Sakanoue, Mariculture Fisheries Research Institute, Hokkaido Research Organization

Toyoho Ishimura, Graduate school of Human and Environmental Studies, Kyoto University

Shin-ichi Ito, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Kotaro Shirai, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract

Barfin flounder *Verasper moseri* conducts spawning migrations, but its ontogenetic migration from spawning grounds off southern Tohoku to nursery ground in Hokkaido remains unclear. This study aimed to establish a method for tracking migration history using the oxygen stable isotope ratio ($\delta^{18}\text{O}$) in the otoliths of wild juveniles. The otolith observations of wild juveniles confirmed the presence of a mouth-opening check near the otolith core, which serves as a reference for measuring daily increments, similar to hatchery-reared individuals. However, conventional otolith polishing for daily increment measurement made it difficult to acquire sufficient $\delta^{18}\text{O}$ samples. We will refine the technique for obtaining otolith samples corresponding to daily increments division and advancing the estimation of water temperatures experienced during the larvae and juvenile stage.

1. はじめに

マツカワは主に茨城県以北の太平洋沿岸域に分布する水産重要種であるが、生態学的知見は未だ不明な点が多い。近年、人工種苗の大規模な標識放流調査結果から、北海道太平洋沿岸域にて成熟した本種親魚は冬季～春季に常磐沖まで南下し、産卵後再び北海道に戻る産卵回遊を行うことが明らかになった (Wada et al. 2013; Kayaba et al. 2014)。孵化後の仔稚魚についての情報は断片的であったが、2012年以降、北海道太平洋沿岸域の浅海域砂浜帯にて複数の仔稚魚が採集されている。

これらの結果から、本種はその初期生活史において産卵場（常磐沖）から育成場（北海道）まで海域間移動を行う可能性が示唆されている。しかし、遊泳力の低い浮遊期仔魚が親潮の影響が強い海域を北上して北海道まで到達できるのかという疑問も生じる。マツカワの生活史環を解明するためには、この初期生活史における輸送過程の実態を把握する必要がある。

2. 問題設定・方法

マツカワの初期生活史における輸送過程の実態を解明する手段として、本研究では生体組織（耳石）に含まれる安定同位体比に着目した。耳石には日輪が形成されるため、日齢区分毎の酸素安定同位体比 $\delta^{18}\text{O}$ の時系列データを用いた海域間移動履歴推定が浮魚類を対象に報告されている（例えば Sakamoto et al. 2017; Enomoto et al. 2022）。マツカワについても孵化～仔稚魚期の酸素安定同位体比 $\delta^{18}\text{O}$ を時系列データとして測定することが出来れば、北海道沿岸で採集された仔稚魚が浮遊仔魚期に経験した水温を推定し、過去の常磐沖～北海道太平洋域の水温データと照合することで、仔稚魚の移動履歴や産卵場を推定できると考えられる。

そこで本研究では移動履歴推定に至る前段階として、マツカワの耳石から日齢区分に基づく酸素安定同位体比 $\delta^{18}\text{O}$ の時系列データ抽出法を確立することを目指す。方法としては、①地曳網採集調査による天然（毎年放流されている人工

種苗でない）マツカワ仔稚魚の採集を行い、耳石（扁平石・礫石）を摘出する。このうち扁平石について表面研磨を行い、後述の時系列データを抽出するための指標となる日周輪構造を確認する。②マイクロドリルを用いて日齢区分毎の切削を行い、得られた粉末サンプルの酸素安定同位体比 $\delta^{18}\text{O}$ の測定を行う。本課題と並行して、マツカワ卵-仔魚の水温別飼育実験による耳石酸素安定同位体比と水温との関係式を確立する別課題を実施中であり、最終的にはこの関係式を用いて、北海道で採集されたマツカワ仔稚魚の孵化～仔稚魚期における経験水温の推定を目指す。

3. 結果と考察

2023-2024年の期間に北海道登別市富浦湾にて計12回の地曳網採集調査（月1回頻度）を実施し、計12個体（38.5-161.2 mm SL）の天然マツカワ稚魚-若魚を採集した。また、水温別飼育実験の予備個体（孵化81日齢）の耳石扁平石（最大径約600 μm ）の縁部から数えて約40日分に該当する日周輪部分の切削を行い、得られた粉末試料から酸素安定同位体比が測定できることを確認した。

人工種苗のマツカワでは孵化後10日前後の摂餌開始時に耳石核付近に開口チェックと呼ばれる明瞭な輪紋構造が形成され、日齢計測の基準となることが確認されている（城ら, 2020）。採集された天然マツカワの耳石扁平石について表面研磨し観察した結果、天然個体でも同様の開口チェックが形成されており、日齢計測基準として利用可能であることが確認された（図1）。

しかし、これら核付近の構造を光学顕微鏡で確認するためには耳石をかなり薄くまで研磨する必要があるため、研磨したことによって安定同位体比分析に使用する十分量の耳石粉末試料を得ることが困難であることが判明した。現在、日齢区分毎の切削による耳石粉末試料を得るための方法について再検討している。

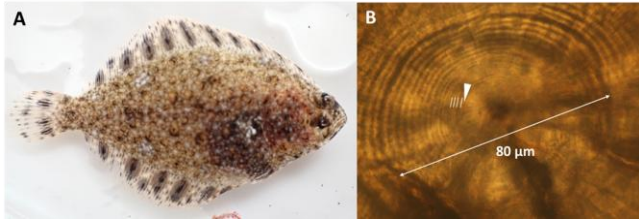


Fig. 1 A, Collected wild barfin flounder juvenile. B, Photograph of sagittae extracted from barfin flounder juvenile. White triangle and bars indicate mouth opening—check and daily increments.

4. まとめと今後の展望

新たな耳石粉末試料を採取する方法として、比較的年齢の観察が容易な耳石縁辺部から年齢計測およびマイクロドリル切削を行い、耳石を数 μm 単位で研磨しては切削するという作業を核方向に向けて繰り返し行う手法が考えられる。現在、人工種苗の耳石を用いて μm 単位での研磨&切削による粉末試料採取方法の熟練化を実施している。方法を確立次第、天然マツカワ耳石からの酸素安定同位体比分析を実施する。また、地曳網による採集調査も引き続き実施し、天然マツカワの分析に供すサンプル数を増やしていく予定である。

参考文献

- (1) Enomoto, M., Ito, S., Takahashi, M., Sassa, C., Higuchi, T., Shirai, K., 2022: “Vertical habitat shift of juvenile jack mackerel estimated using otolith oxygen stable isotope”, *Progress in Oceanography* 208:102897.
- (2) Kayaba, T., Wada, T., Kamiyama, K., Murakami, O., Yoshida, H., Sawaguchi, S., Ichikawa, T., Fujinami, Y., Fukuda, S., 2014: “Gonadal maturation and spawning migration of stocked female barfin flounder *Verasper moseri* off the Pacific coast of northern Japan”, *Fisheries Sci.*, 80(4), 735–748.
- (3) Sakamoto, T., Komatsu, K., Yoneda, M., Ishimura, T., Higuchi, T., Shirai, K., Kamimura, Y., Watanabe, C., Kawabata, A., 2017: “Temperature dependence of $\delta^{18}\text{O}$ in otolith of juvenile Japanese sardine: laboratory rearing experiment with micro-scale analysis”, *Fisheries Res.*, 194, 55–59.
- (4) 城幹昌, 松田泰平, 吉村圭三, 2020: “マツカワ *Verasper moseri* 仔稚魚の耳石日周輪形成の確認および輪紋形成開始と水温の関係” *水産海洋研究*, 84(1), 27–35.
- (5) Wada, T., Kamiyama, K., Shimamura, S., Yoshida, T., Kayaba T., Sasaki, M., 2013: “Detection of fishing grounds, fishing season, and size distribution of stocked barfin flounder *Verasper moseri* in southern Tohoku, the Pacific coast of eastern Japan”, *Aquaculture Sci.*, 61(1), 39–46.

(別紙様式 4)

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 4 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者 (代表者)

所属機関 京都大学防災研究所
職 名 准教授
氏 名 吉田 聡

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

1. 研究の区分 (該当するものにチェック) ☐ 特定共同研究 ☒ 一般共同研究
2. 研究課題 (和) 船舶搭載マイクロ波放射計・GNSS を用いた黒潮域水蒸気 3 次元分布の実態解明
(英) Elucidating the Actual Distribution of Water Vapor in the Kuroshio Region Using Shipborne Microwave Radiometers and GNSS

3. 共同研究者 (代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
吉田 聡 藤田 実季子 川合 義美	京都大学防災研究所 海洋研究開発機構 海洋研究開発機構			

※年齢は本研究の実施年度の末日 (3 月 31 日) 現在。

船舶搭載マイクロ波放射計・GNSS を用いた黒潮域水蒸気 3 次元分布の実態解明 Elucidating the Actual Distribution of Water Vapor in the Kuroshio Region Using Shipborne Microwave Radiometers and GNSS

吉田 聡, 京大・防災研, E-mail: yoshida.akira.4z(at)kyoto-u.ac.jp
藤田 実季子, 海洋研究開発機構・, E-mail: fmiki(at)jamstec.go.jp
川合 義美, 海洋研究開発機構・, E-mail: ykawai(at)jamstec.go.jp
Akira Kuwano-Yoshida, Disaster Prevention Research Institute, Kyoto University
Mikiko Fujita, Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology
Yoshimi Kawai, Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology

Abstract

The heat flux released from the ocean to the atmosphere in the winter Kuroshio region is one of the largest in the world, along with the Gulf Stream region in the North Atlantic and is referred to as a “hot spot” in the climate system. In this study, to clarify the actual state of water vapor supplied to the atmosphere from the winter Kuroshio region, water vapor distribution was continuously observed by shipboard small microwave radiometer, cloud camera, GNSS, and radiosonde observation during the Hakuho Maru KH-25-1 cruise from February 8 to March 4, 2025. Through the Kuroshio region from the south coast of Japan to the East China Sea, we obtained water vapor vertical profiles from minute-by-minute microwave radiometer observations and 27 radiosonde observations. The observation from the northwest of the Kuroshio to the center of the Kuroshio and back during the cold air outbreak captured the modification of the atmospheric boundary layer under the cold air by receiving water vapor supply from the Kuroshio.

1. はじめに

冬季の黒潮域で海洋から大気へ放出される熱フラックスは、北大西洋のメキシコ湾流域と並んで世界最大級であり、「気候系のホットスポット」と称される。熱フラックスの多くは水蒸気としての潜熱フラックスであり、北太平洋ストームトラックを維持する主要なエネルギー源の一つである。しかし、海洋上の水蒸気は衛星観測で鉛直積算した水蒸気量(可降水量)の面的分布は得られるものの、鉛直観測は少なく、3次元的分布は数値モデルとデータ同化に依存している。我々は近年開発された船舶に搭載可能な小型マイクロ波放射計 (Minowa et al. 2024)・雲カメラ (Fig. 1) と GNSS による海上水蒸気量観測研究を計画し、2020 年から複数の船舶での高頻度海上水蒸気観測を実施している。現在、三重大学の「勢水丸」、東海大学の「望星丸」、水産大学校の「耕洋丸」の 3 隻で常時観測を行い、「白鳳丸」、「新青丸」、「みらい」での集中観測と共に、日本沿岸から熱帯太平洋、北極域までの高頻度の水蒸気鉛直観測データを得た。しかし、世界最大の水蒸気



Fig. 1 Microwave radiometer and cloud camera on the deck of Hakuho Maru.

供給域である冬季黒潮域の観測はまだ不足しており、中緯度大気海洋相互作用の本質を捉えきれていない。

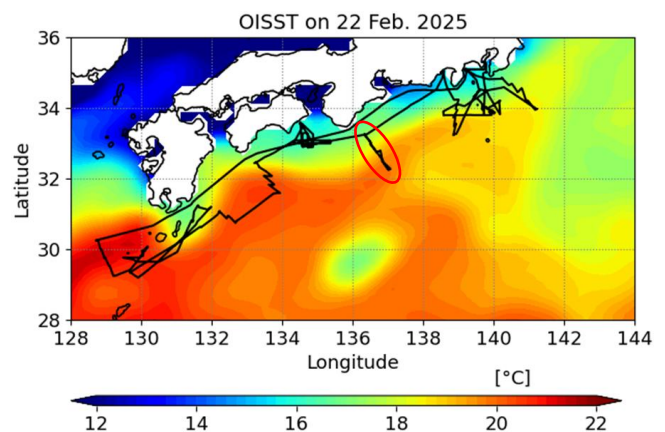


Fig. 2 KH-25-1 cruise track and SST on 22 Feb. 2025. Red circle shows Kuroshio cross section in Fig. 6.

2. 問題設定・方法

本研究では、黒潮から供給される水蒸気の 3 次元分布の実態解明のため、2025 年 2 月 8 日から 3 月 4 日に実施された「白鳳丸」KH-25-1 航海での 1 ヶ月弱に及ぶ冬季黒潮域長期集中観測で、マイクロ波放射計・GNSS・ラジオゾンデでの高頻度水蒸気観測と雲カメラによる雲観測を実施した。マイクロ波放射計は約 20 秒毎に可降水量及び水蒸気量鉛直分布(高度 100m 毎、地表から高度 10000m まで)を連続的に計測した。ただし、雨等で受信面が濡れている時は観測できない。GNSS は天候に関係なく 15 分毎の可降水量を計測した。ラジオゾンデは 1 日 1 回程度、高度 10m 毎に上空の気温、相対湿度、風向風速の鉛直プロファイルを計測し、マイクロ波放射計及び GNSS の精度検証に利用した。雲カメラは 2 分毎に可視光での全天画像を撮影し、日中の雲量を計測した。これ

らの高頻度連続観測により、黒潮域での水蒸気分布の実態を把握する。

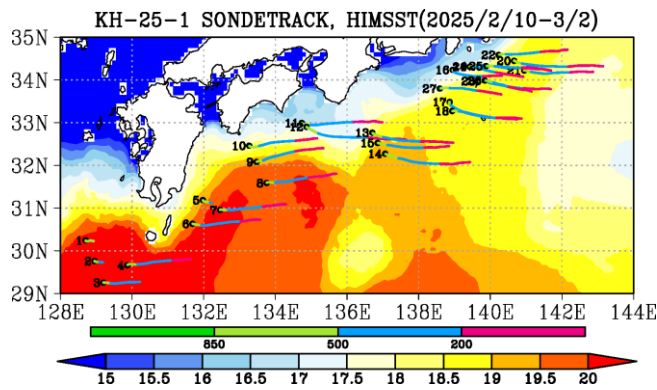


Fig. 3 Radio sonde tracks (color is pressure in hPa) in KH-25-1 and HIMSST ($^{\circ}\text{C}$) averaged between 10 Feb. and 2 Mar 2025.

3. 結果と考察

KH-25-1 航海は 2025 年 2 月 4 日に横須賀を出港し、黒潮沿いに日本南岸を西進し、東シナ海で折り返し、東進しながら観測し、2 月 22 日に清水港に寄港した (レグ 1)。その後、2 月 24 日に再び出港し、関東南方を観測して、3 月 4 日に東京に帰港した (レグ 2, Fig. 2)。この間、ラジオゾンデ観測は全 27 回実施し、うち 24 回が対流圏上層までのプロファイル観測に成功した (Fig. 3)。

観測期間中は 4 つの移動性擾乱が通過し、マイクロ波放射計、GNSS で、それらに伴う大規模な水蒸気量の増加が捉えられた (Figs. 4 and 5)。一方、黒潮縁辺を北西～南東方向に往復横断観測した 2 月 19 日から 22 日にかけては、寒気が吹き出していた (Fig. 2 赤丸)。黒潮に入った 20 日 18UTC 頃には、海面水温が急激に上昇した (Fig. 6)。しかし、マイクロ波放射計による水蒸気量の増加はそれより遅れ、黒潮中心付近でピークを迎えていた。この間、10 m/s 程度の北西風が吹

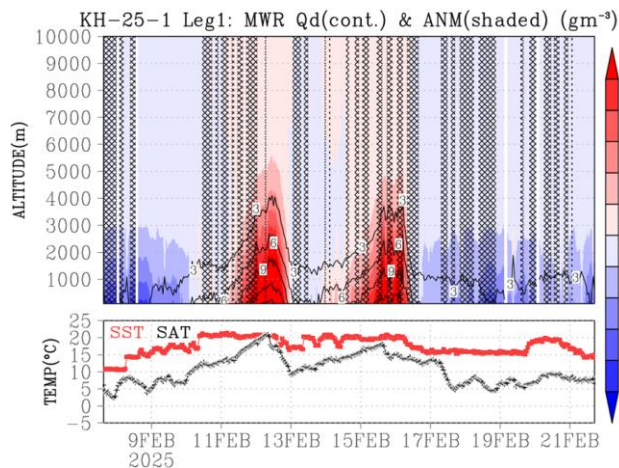


Fig. 4 (Upper) height - time section of water vapor density (Qd, g m^{-3} , black contour) and its anomaly from observation period average, and (lower) hourly SST (red) and surface air temperature (SAT, black) in Leg-1. The hatch indicates that the ship is stopped. いていたことから、寒気の吹き出しによって黒潮から蒸発した水蒸気が南東側に移流していたことが示唆された。黒潮北

側と黒潮中心付近でそれぞれ実施したゾンデ観測でも、湿潤な境界層高度が 200 m に上昇し、含まれる水蒸気量も増加しており (図示せず)、黒潮からの水蒸気供給が冬季太平洋上の大気境界層を変質させていることが観測的に示された。一方、マイクロ波放射計の水蒸気鉛直プロファイルはゾンデで観測されたようなはっきりとした境界層構造を再現できておらず、水蒸気推定方法の改良が必要なが示された。

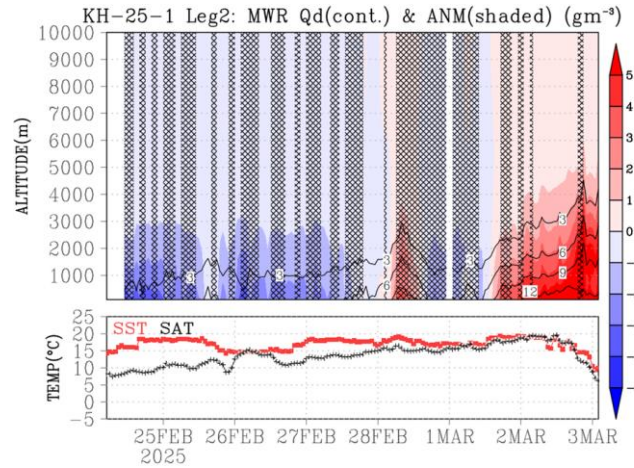


Fig. 5 Same as Fig. 4, but for Leg-2.

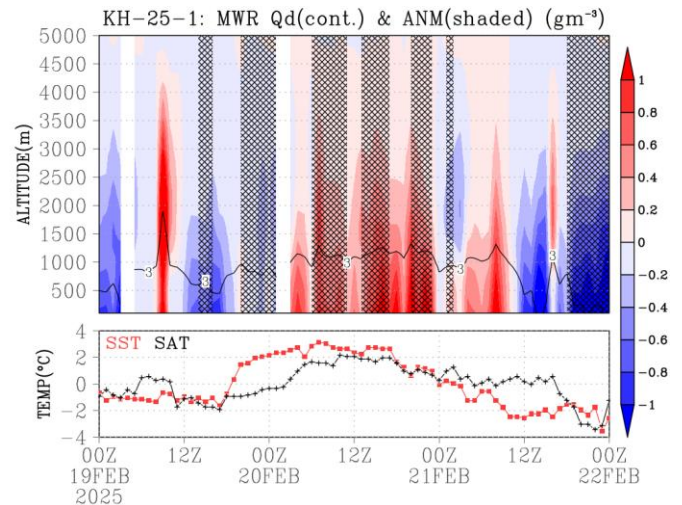


Fig. 6 Same as Fig. 4, but for a line of Kuroshio cross section shown by red circle in Fig. 2 with (upper) Qd, (lower) SST and SAT anomalies from the cross-section period.

4. まとめと今後の展望

白鳳丸 KH-25-1 航海でのマイクロ波放射計、GNSS、ラジオゾンデによる水蒸気連続観測により、冬季黒潮上での気団変質過程を捉えることができた。

参考文献

- (1) Minowa, M., K. Araki, and Y. Takashima, 2024: "Compact Microwave Radiometer for Water Vapor Estimation with Machine Learning Method". SOLA, 20, 2-9

(別紙様式 4)

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 4 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者 (代表者)

所属機関 神戸大学大学院 農学研究科
職 名 助教
氏 名 嶋川銀河

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

- 研究の区分 (該当するものにチェック) ☐ 特定共同研究 ☒ 一般共同研究
- 研究課題 (和) サンゴから学ぶ宿主-共生体間のレドックス共有メカニズム
(英) Redox network mechanism between hosts and symbionts in coral reefs

3. 共同研究者 (代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
嶋川 銀河 高木 俊幸 中西 周次	神戸大学 東京大学 大阪大学		○ ○	

※年齢は本研究の実施年度の末日 (3 月 31 日) 現在。

サンゴから学ぶ宿主-共生体間のレドックス共有メカニズム

Redox network mechanism between hosts and symbionts in coral reefs

嶋川 銀河, 神戸大学大学院 農学研究科, E-mail: gshimakawa@panda.kobe-u.ac.jp

高木 俊幸, 東京大学 大気海洋研究所, E-mail: takagi@aori.u-tokyo.ac.jp

中西 周次, 大阪大学 基礎工学研究科, E-mail: nakanishi.shuji.es@osaka-u.ac.jp

Ginga Shimakawa, Graduate School of Agricultural Sciences, Kobe University

Toshiyuki Takagi, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Shuji Nakanishi, Graduate School of Engineering Science, Osaka University

Abstract

Bleaching, one of the most serious events that coral reefs can experience, is caused by high sea water temperatures that inactivate photosynthesis of algal symbionts. Corals and associated microorganisms, including these endosymbiotic algae and bacteria, comprise coral holobionts. Recently, coral microbiome research has been expanding and symbiont contributions are being studied (PMID: 30518818, 28186132). However, multi-kingdom interactions in coral holobionts complicate studies on coral host-microbiome interactions (PMID: 39823335, 37217477). In addition, major reef-building corals are restricted to tropical coastal areas, making it difficult to culture them in temperate regions, much less for long periods in the laboratory. Therefore, it is extremely difficult to prepare corals harboring the same symbiotic algal and bacterial communities. To advance coral holobiont research, we prepared laboratory strains of coral *Acropora tenuis*, harboring the same symbiotic algal and bacterial communities, using long-term acclimation in a closed-circuit aquarium system containing 600 L of artificial seawater. Furthermore, many researchers have examined only Fv/Fm (maximum quantum yield of photosystem II [PSII]) to evaluate responses of symbiotic algae. In the present study, a research specialist in photosynthesis, Dr. Ginga Shimakawa, measured comprehensive photosynthetic parameters (PSII and PSI activities) in heat-dependent bleaching. Unexpectedly, we also observed signs of bleaching at normal water temperatures, known as “nutrient-dependent” bleaching (PMID: 37612503). However, previous papers have not analyzed photosynthetic parameters in endosymbionts. In this comprehensive investigation of photosynthetic parameters in heat- and nutrient-dependent bleaching, we found a trade-off between growth of coral hosts and their capacity to maintain algal symbionts.

1. はじめに

サンゴ礁は生物多様性の観点において最も重要な生態系の一つである。海洋においてサンゴ礁が占める面積は1%にも満たないが、その中には全海洋生物の約4分の1に相当する9万種の生物が生息しており、これら多種多様な生物を支えるサンゴ礁は、漁業や観光業の観点において私たちの生活に重要な役割をもつ。しかし近年では世界規模でサンゴ礁の減少が深刻な問題になっており、今後の将来を見据えたサンゴ礁の保全やサンゴ養殖技術の確立に向けた取り組み、さらにはサンゴに関する基礎研究の重要性が高まっている。

造礁サンゴは、その細胞内に渦鞭毛藻の一群である褐虫藻を共生させており、日中は主に一次生産者である褐虫藻が作り出した光合成産物からエネルギーを得ている(右図)。しかしながら、海水温の上昇など環境変動によってサンゴ・褐虫藻のどちらかがストレスを受けると、サンゴは白化し、死んでしまう。サンゴ白化の引き金となる分子メカニズムは未だ不明であるが、これまでの研究から宿主-共生体間における酸化還元(レドックス)バランスの崩壊がその要因であることが推定される。

現在もっとも広く議論されているサンゴ白化の環境要因として高温ストレスが挙げられるが、このとき褐虫藻の光合成活性はその中心タンパク質複合体である光化学系IIの傷害によって低下することが報告されており、その結果、宿主への光合成産物供給がなくなることや、光合成失活に伴って有毒な活性酸素が生成することが、レドックスバランス崩壊の具体的な内容と考えられる。その一方で、サンゴの白化は、通常水温下でも観測されることが知られている。この原因につい

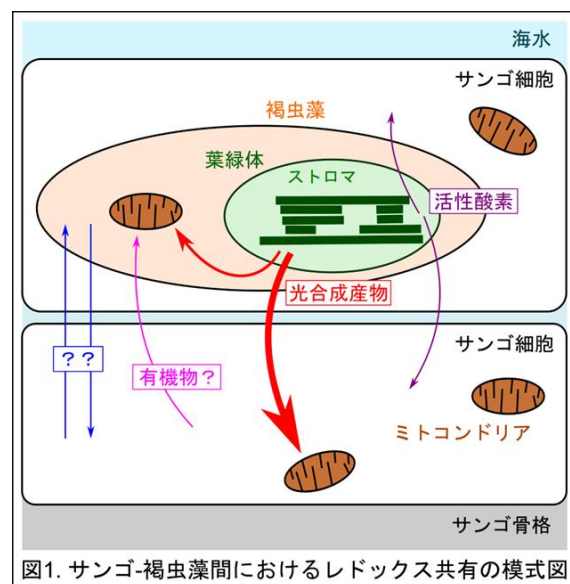


図1. サンゴ-褐虫藻間におけるレドックス共有の模式図

ては長らく不明であったが、近年 Wiedenmann らが実験室で行った研究から、窒素やリンなどの無機栄養が欠乏した環境下でミドリイシやコモンサンゴなど造礁サンゴの白化が顕著にみられることが明らかとなった (Wiedenmann et al. 2023)¹⁾。我々は、しばしば議論される「高温ストレス型の白化」と比較して、この現象を「栄養ストレス型の白化」と定義するが、両者の間における白化メカニズムの違い、より具体的には栄養ストレス型の白化と褐虫藻の光合成との関係性は一切不明である。本研究では東京大学大気海洋研究所の高木が確

立した実験室サンゴ栽培システムと光合成専門家である嶋川のもつ光合成生理解析技術を融合することで、異なる2種のサンゴ白化を実験室で再現するとともに、両者の間における褐虫藻光合成の違いを定量的に明らかにすることを試みた。

2. 問題設定・方法

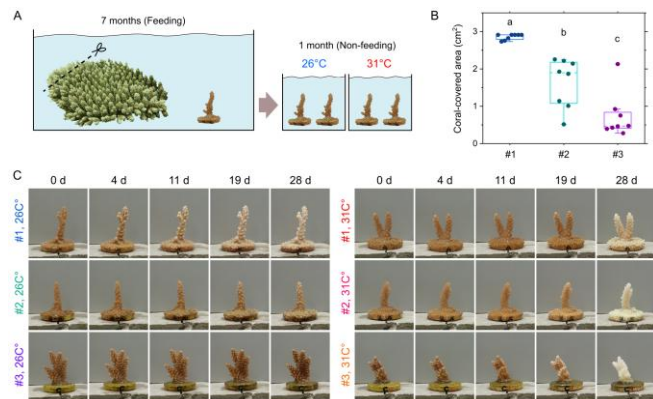
A. クロロフィル蛍光・吸収測定によるサンゴ-褐虫藻レドックス評価系の開発

パルス変調クロロフィル蛍光・吸収測定によって褐虫藻の行う光合成の場である葉緑体内のレドックスレベルを高い時間分解能で非破壊的に評価する。これによって光化学系IIと光化学系Iの同時測定を可能とした。本実験手法の詳細については前年度の研究報告書をご参照いただきたい。

一方で、大気海洋研究所の高木は、実験材料であるサンゴの飼育や、環境条件の管理を担当した。実験には高木らが独自に採取したウスエダミドリイシにおける3つの系統からそれぞれ4つのフラグメントを切除し、計12株を実験水槽で栽培したものを用いた。また白化の指標として1週間ごとに写真を撮影し、色調をベースとして褐虫藻濃度を相対的に評価した。

B. サンゴと共生する褐虫藻および細菌叢の解析

確立した3つのウスエダミドリイシ系統について、系統間において共生生物種の違いを調べるため、各系統から抽出・精製したDNAをアンプリコンシーケンスによって解析した。この結果をもとに実験で生じた白化の主要因となったホロビオント中のコンポーネントが特定可能である。



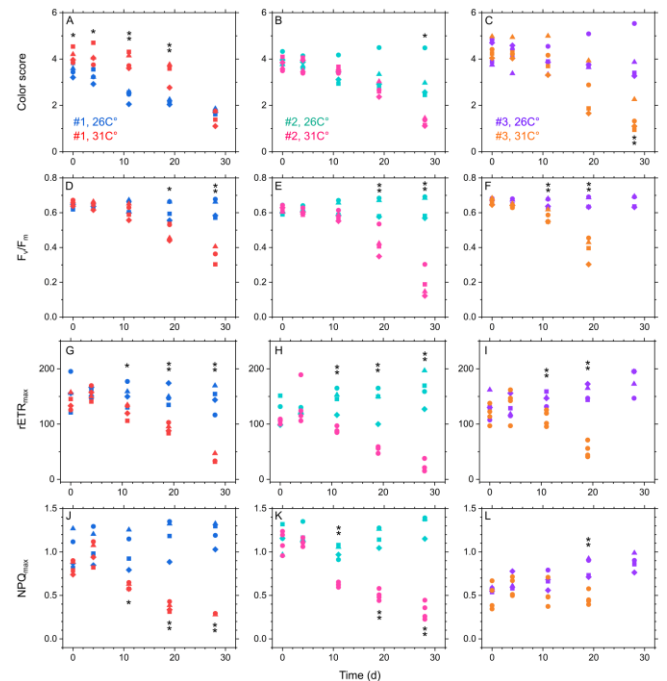
3. 結果と考察

実験室で7ヶ月間飼育したウスエダミドリイシ (*Acropora tenuis*) の独立した3株 (#1~#3 株) を実験水槽へ移した (上図A)。それぞれ通常水温 (26°C) および高水温 (31°C) の実験水槽において4週間飼育した *A. tenuis* に対し、白化の度合いを評価したところ、全ての株において4週間の高水温ストレスでサンゴの白化が確認された (上図B and C)。一方で面白いことに、#1 株や#2 株では 26°Cにおける褐虫藻濃度の低下がみられ、しかしながら1ヶ月間の実験の後にも完全に白化することはなかった (上図C)。それぞれウスエダミドリイシ系統の生育度合いは土台となるセラミックのカバー率から算出可能であるが、興味深いことにサンゴの生育が良いほど 26°Cにおける褐虫藻濃度減少の度合いが大きいことが分かった (上図B)。さらにアンプリコンシーケンスの結果から各系統における褐虫藻のクレードおよび細菌叢に大きな違いはなく、#1~#3における個体間の差は、主に宿主であるサンゴ側によるものと推定された。

それぞれ 26°Cおよび 31°Cでの飼育過程においてパルス変

調クロロフィル蛍光・吸収測定を行い、光化学系IIおよび光化学系Iのレドックス状態を評価した。また同時に、光化学系IIの健康度合いを示す最大量子収率 (F_v/F_m) を測定した。#1~#3 全ての株において 31°C区で F_v/F_m の低下がみられたことは、高水温ストレスによって光化学系IIの光傷害が生じていることを意味し、*A. tenuis* 実験室株において高水温での光傷害が実証された (下図D-F)。この結果は光化学系IIのコアD1タンパク質のウエスタンブロッティング結果からも支持された。31°Cにおける電子伝達活性 (rETR) の低下および非光化学的消光 (NPQ) の増加も光合成失活の結果と矛盾しない (下図G-L)。一方で、光化学系Iのレドックス状態は全飼育期間を通して 26°Cと 31°Cどちらにおいてもほとんど変化がなく、このことは、31°Cにおける白化においても光化学系IIの傷害はあくまで現象の一部を捉えたものであり、褐虫藻光合成の失活は光化学系Iをも含む光合成反応全体のスケールで生じていることを意味していた。

面白い事に、26°Cにおける「栄養ストレス型の白化」では褐虫藻の光合成パラメータにほとんど影響がみられなかった。この事は栄養ストレス型の白化があくまで宿主側の問題であり、サンゴの栄養欠乏が褐虫藻の光合成活性に対して何の影響ももたないことを示している。



4. まとめと今後の展望

ウスエダミドリイシにおいて「高温ストレス型」および「栄養ストレス型」2種の白化を実験室レベルで再現し、それらと褐虫藻の光合成との関係性を明らかにした。本成果は現在「Two modes of coral bleaching: thermal inactivation of endosymbiont photosynthesis and endosymbiont digestion by coral hosts (Shimakawa, Aoyama, and Takagi)」として学術雑誌 *Coral Reefs* へ投稿中である。

参考文献

- Wiedenmann J, D' Angelo C, Mardones ML, Moore S, Benkwitt CE, Graham NAJ, Hambach B, Wilson PA, Vanstone J, Eyal G, Ben-Zvi O, Loya Y, Genin A (2023) Reef-building corals farm and feed on their photosynthetic symbionts. *Nature* 620, 1018-1024.

学際連携研究報告書

令和7年4月4日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者(代表者)

所属機関 信州大学理学部理学科地球学コース
職 名 助教
氏 名 山田 昌樹

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

1. 研究の区分(該当するものにチェック) ☐ 特定共同研究 ☒ 一般共同研究
2. 研究課題(和) 津波履歴の解明に向けた高密度年代推定による津波堆積物の地域間対比
(英) Inter-regional correlation of tsunami deposits by high-resolution radiocarbon dating for the understanding of tsunami history
3. 共同研究者(代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
山田昌樹	信州大学・理学部	助教	○	
藤野滋弘	筑波大学・生命環境系	准教授		

※年齢は本研究の実施年度の末日(3 月 31 日)現在。

津波履歴の解明に向けた高密度年代推定による津波堆積物の地域間対比

Inter-regional correlation of tsunami deposits by high-resolution radiocarbon dating for the understanding of tsunami history

山田 昌樹, 信州大・理学部, E-mail: yamada@shinshu-u.ac.jp
藤野 滋弘, 筑波大・生命環境系, E-mail: shige-fujino@geol.tsukuba.ac.jp
横山 祐典, 東大・大気海洋研, E-mail: yokoyama@aori.u-tokyo.ac.jp
宮入 陽介, 東大・大気海洋研, E-mail: miyairi@aori.u-tokyo.ac.jp
Masaki Yamada, Faculty of Science, Shinshu University
Shigehiro Fujino, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba
Yusuke Yokoyama, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo
Yosuke Miyairi, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract

This study conducted separate coring surveys of tsunami deposits in two distinct regions: Wakasa Bay on the Sea of Japan and the northern coast of Beppu Bay, to investigate local tsunami histories and evaluate the potential for inter-regional correlation of tsunami deposits. By combining high-resolution radiocarbon dating with multiple analytical methods such as XRF elemental analysis and diatom assemblage analysis, we determined the depositional ages of event layers and reconstructed the timing of prehistoric tsunamis. These findings contribute to a better understanding of past tsunami activity and improve the accuracy of regional comparisons of tsunami deposits across different coastal settings.

1. はじめに

巨大地震に伴う津波の発生履歴を明らかにすることは、長期的な地震・津波リスク評価に不可欠である。特に歴史記録が存在しない先史時代に関しては、地層中に保存された津波堆積物を用いた復元が必要となる。津波堆積物から津波の発生時期や規模、影響範囲を明らかにすることで、過去の大規模地震の発生頻度や破壊域の推定に資することができる。本研究では、放射性炭素年代測定を高密度に実施することにより、先史時代の津波堆積物の時間的分解能を高め、異なる地域間での年代値に基づく津波堆積物の比較を可能にすることを目的とした。

2. 問題設定・方法

調査対象としたのは、大分県の別府湾と福井県の若狭湾に面する沿岸地域である。別府湾では、湾内の海底活断層で発生したと考えられる1596年慶長豊後地震によって、沿岸各地に津波が襲来したことが古文書記録から知られている。また、湾の南岸に位置する沿岸湿地の掘削調査では、過去7300年間で5回の津波浸水履歴があった可能性が指摘されている(Yamada et al., 2021)。日本海側の若狭湾は、海溝型地震による津波の影響は小さいものの、海底活断層が多く分布することから、活断層型津波の発生が懸念されている。しかしながら、いずれの地域においても津波堆積物に関する研究事例は限られており、先史時代の津波の発生年代や規模は十分に明らかにされていない。

別府湾では、大分県速見郡の沿岸湿地で既に採取されていた堆積物コアに対して、放射性炭素年代測定および珪藻化石群集解析を実施し、イベント堆積物の形成要因とその年代を検討した。若狭湾に面する福井県敦賀市の沿岸湿地で最大深度5 mのコア4本を採取し、有機質泥層中に挟在する砂層や植物片密集層を対象としてXRF元素分析および放射性炭素年代測定を行った。年代測定に用いた試料は、各コア堆積物中の有機質泥層から採取された葉や種子などの植物遺体である。得られた年代値は、OxCalのPhaseモデルを用いて統計的に校正し、イベント層ごとの暦年代範囲を明確化した。

3. 結果と考察

3. 1. 別府湾沿岸における津波堆積物

本研究では、海岸線から約110 mおよび約140 m地点で掘削された堆積物コア(それぞれCore 4, Core 6; Fig. 1)に対して放射性炭素年代測定を行い、約70 m地点のCore 1を用いて珪藻分析を実施した。Core 4を例に堆積相を説明すると、本調査地域の堆積物は、下位から泥質砂層(深度約130~160 cm)、有機質泥層(約60~130 cm)、耕作土(約0~60 cm)から構成される。有機質泥層中には、山田ほか(2022)によって津波堆積物と推定されている砂層(110.5~112 cm)が確認され、その上位には、CT画像やXRF分析によってのみ認識可能な砂質泥層(約94~104 cm)が存在した。本コアの有機質泥層を対象に16層準の放射性炭素年代測定を実施した結果、およそ6000~7000年前の有機質泥層が保存されていることが示された(Fig. 2)。

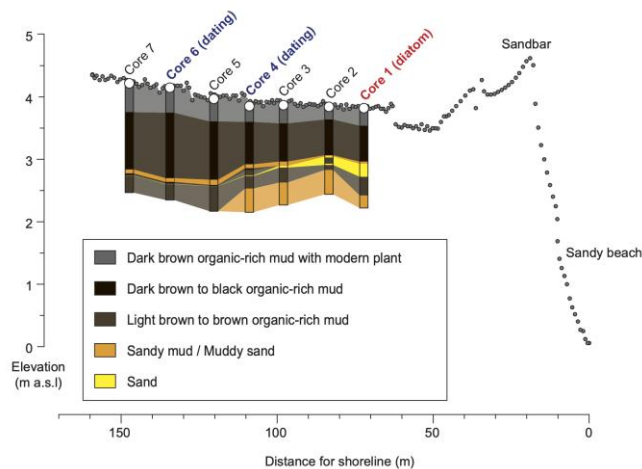


Fig. 1. 別府湾の沿岸湿地で採取されたコア試料.

Core 1を用いた珪藻分析では、最下位の泥質砂層からは古海面指標種である*Pseudopodosira kosugii*が多産し、上位の有機質泥層では淡水~汽水性、あるいは淡水性種が優占した。

このことから、対象湿地では縄文海進最盛期の高海面期に最下部の堆積物が形成され、その後の相対的な海面低下とともに潮間帯から淡水環境へと遷移したと考えられる。

津波堆積物と推定される砂層からは、6410～6610 cal. yr BP の挟み込み年代が得られた (Fig. 2) 。この年代は、別府湾南岸で報告されている津波堆積物 (5750～6750 cal. yr BP ; Yamada et al., 2021) と重なっており、両者が同一イベントに由来する可能性がある。また、この砂層からは、淡水生の *Eunotia* 属や海水性の *Palaria sulcata* を含む多様な珪藻種が産出しており、津波による海水の流入により異地性の珪藻群集が混在して堆積したと推定される。これらの結果から、約 6500 年前に別府湾の海底活断層が活動し、沿岸広域に津波が襲来したことが示唆される。

一方、上位の砂質泥層の珪藻群集は有機質泥層と類似しており、明瞭な異地性の種は認められなかった。また、Core 4 においてこの層から得られた年代値は、直下の有機質泥層と比較して古い値を示しており、再堆積の可能性も考えられる。一方で、Core 6 ではこのような年代の逆転は認められず、当該層の成因については今後さらなる検討が必要である。

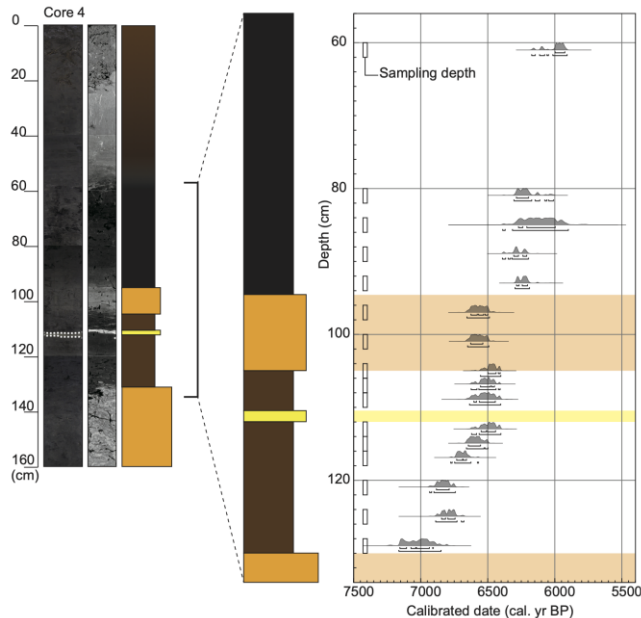


Fig. 2. Core 4 の放射性炭素年代測定値。

3. 2. 若狭湾沿岸における津波堆積物

福井県敦賀市の沿岸湿地において、最大約 5 m の堆積物コア 4 本 (Core A～D) を採取した。湿地の堆積物は主に有機質泥層から構成されているが、その中に砂や礫からなる明瞭なイベント層が 2 層 (深度 340～380 cm に分布する A 層、深度 360～480 cm の B 層) と 1 層の植物片が密集する層 (深度 180 cm 付近に分布) が認められた (Fig. 3) 。

これらのコアのうち 1 本について、ITRAX コアスキャナーを用いた元素分析を実施した。その結果、A 層および植物片密集層において、S/Rb 比や Ca/Rb 比などの海水の流入を示す指標が顕著に増加しており、これらの層は津波または高潮に伴う海水流入イベントに起因する可能性が高いと考えられる。一方、B 層では一部の海水指標 (Sr) を除き明瞭な変化が確認されず、海水流入の痕跡が残されているとは言えない。

放射性炭素年代測定の結果、A 層の年代はコア間でおおよそ 5700～6100 cal. yr BP に分布し、いくつかの値は関西電力ら (2012) が報告した同地域の津波堆積物の年代 (5320～5600 cal. yr BP) と一部重なった。B 層についても、類似の年代 (約

5750～5900 cal. yr BP) が得られたが、現時点では津波堆積物かどうかは判断が難しい。

これらの結果から、若狭湾沿岸において先史時代に津波または高潮による海水流入イベントが発生していた可能性が高く、これに伴う堆積物が記録されていることが示唆される。歴史記録と一致する年代は得られなかったものの、今回得られたイベント堆積物の年代値は、今後若狭湾の沿岸地域での津波堆積物の対比や再検討の基礎情報として有用である。なお、若狭湾における研究成果は卒業論文としてまとめられた (福永, 2025) 。

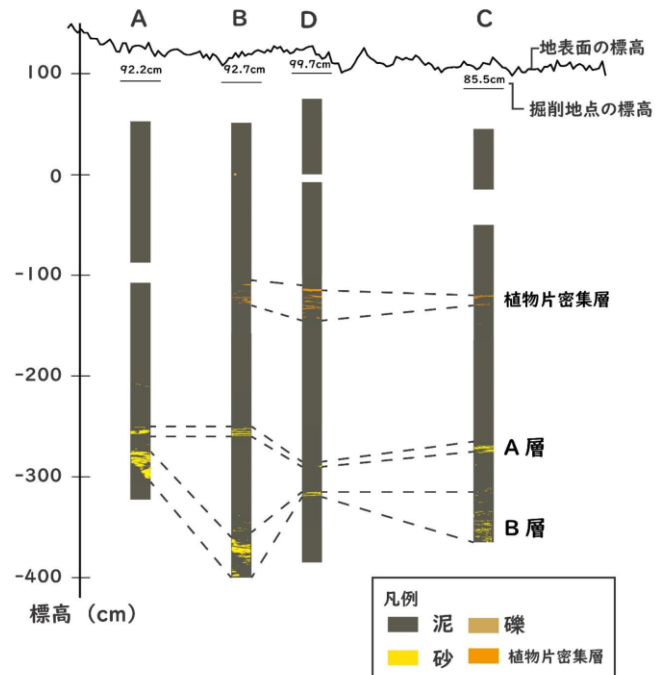


Fig. 3. 若狭湾の沿岸湿地で採取されたコア試料。

4. まとめと今後の展望

本研究では、別府湾と若狭湾において津波堆積物の調査を行い、放射性炭素年代測定と複数の分析手法を組み合わせることで、先史時代の津波浸水履歴を明らかにした。両地域で得られた年代値の一部は先行研究と整合し、広域的な津波イベントの可能性も示唆された。今後は、新たな地域での調査を進めるとともに、本研究のように高精度な年代値を蓄積することが、津波履歴の解明とリスク評価の高度化に不可欠である。

参考文献

- (1) 福永拓真, 2025, 福井県敦賀湾沿岸における古津波履歴の復元. 筑波大学 2024 年度卒業論文.
- (2) 関西電力, 日本原子力発電株式会社, 独立行政法人日本原子力研究開発機構, 2012, 若狭湾沿岸における津波堆積物の調査結果について. <https://www.kepco.co.jp/corporate/pr/2012/1218-1j.html>.
- (3) Yamada, M., Fujino, S., Chiba, T., Chagué, C., Takeda, D., 2021, Recurrence of tsunamigenic intraplate earthquakes inferred from tsunami deposits during the past 7300 years in Beppu Bay, southwest Japan. *Quaternary Science Reviews* 259, 106901.
- (4) 山田昌樹, 長谷健太郎, 加藤汰一, 佐藤哲郎, 佐竹健治, 2022, 大分県速見郡日出町大神の沿岸湿地における約 6500 年前の古津波堆積物. 日本地球惑星科学連合 2022 年大会, M-IS13-08

(別紙様式 4)

学際連携研究報告書

令和 7 年 4 月 1 日

東京大学大気海洋研究所長 殿

申請者 (代表者)

所属機関	海洋研究開発機構
職 名	特任研究員
氏 名	中島 悠

下記学際連携研究について別紙のとおり報告します。

記

- 研究の区分 (該当するものにチェック) ☐ 特定共同研究 ☒ 一般共同研究
- 研究課題 (和) 暗黒環境に存在する光受容体の生態学的研究
(英) Ecological study on photoreceptor present in dark environment

3. 共同研究者 (代表者の方も含めてご記入下さい。40 歳以上の方は○印は不要です。)

氏 名	所 属	備 考	35 歳以下 に○	36 歳以上 40 歳未満に○
吉澤 晋	海洋生態系科学部門微生物グループ			

※年齢は本研究の実施年度の末日 (3 月 31 日) 現在。

暗黒環境に存在する光受容体の生態学的研究

Ecological study on photoreceptor present in dark environment

中島 悠, 海洋研究開発機構・海洋機能利用部門, E-mail: yu-nakajima@jamstec-go.jp
吉澤 晋, 東大・大気海洋研, E-mail: yoshizawa@aori.u-tokyo.ac.jp
Yu Nakajima, Research Institute for Marine Resource Utilization, JAMSTEC
Susumu Yoshizawa, Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo

Abstract

Microbial rhodopsins are seven-transmembrane proteins binding retinal as a chromophore. Rhodopsins transport various ions such as H^+ , Na^+ , and Cl^- using light energy. In recent years, rhodopsin genes from various lineages have been discovered in diverse environments. Among these, a cluster named Heliorhodopsin (HeR) remains functionally unknown. Metagenome analysis revealed that HeR exists not only in the photic zone but also in dark environments where light does not continuously reach. Genome analysis of prokaryotes possessing HeR gene showed that more than 90% of these microbes lacked the "*bhlh* gene" necessary for producing retinal. This suggests that for light receiving, these microbes need to either "use a different chromophore," "produce retinal through an alternative metabolic pathway," or "uptake retinal from external environment". This study aimed to determine whether rhodopsins function in dark environments and to elucidate the chromophore supply pathways.

(Abstract should not be longer than 10 lines).

1. はじめに

光受容体とは、光を受容することによって活性化し機能を発揮する有機分子・タンパク質などの総称である。例えば光合成においては、クロロフィルが光受容を担い、光エネルギーを化学エネルギーへと変換している。海洋環境、特に外洋の貧栄養な海域において古くは光合成のみが光エネルギーを利用するエネルギー生産システムと考えられてきたが、2000年、微生物型ロドプシン「プロテオロドプシン(PR)」の発見¹によりその常識が覆された。微生物型ロドプシン(以降ロドプシンと記載)とは、7回膜貫通型の光受容タンパク質であり、内部に発色団(光受容を担う分子)としてレチナール色素を結合させている。ロドプシンはバクテリアやアーキア、真核藻類、菌類、ウイルスから見つかっており、光エネルギーを用いたプロトン(H^+)や Na^+ イオン、 Cl^- イオンなどのイオン輸送を可能にしている。特に光駆動型 H^+ ポンプは、細胞の内外に H^+ の濃度勾配を形成することによってATPを合成でき、光合成とは全く異なる光エネルギー利用機構として注目されている。海洋においては、有光層に生息する半数以上のバクテリア・アーキアがロドプシンを保有するとも言われており、太陽光から始まるエネルギーフラックスや炭素循環の理解にとって、これらロドプシンの理解は極めて重要な役割を持つと考えられる。

近年の遺伝子解析技術の発達により、2000年時点では僅かなロドプシンしか知られていなかったものの、現時点では海洋に限らず、湖や塩湖、土壌、植物の葉など非常に多様な環境から様々な系統のロドプシン遺伝子が発見されている(Fig. 1)。このうち、

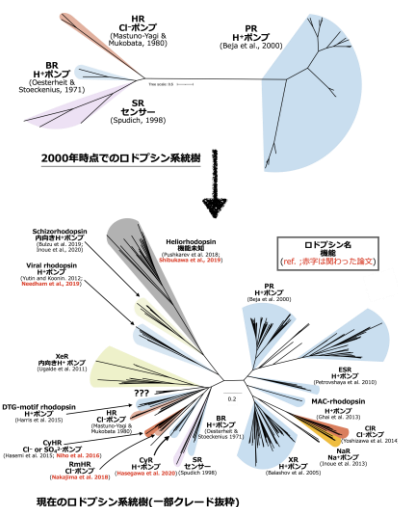


Fig. 1 ロドプシン系統樹の進化

2018年に初めて報告された Heliorhodopsin (HeR)² と呼ばれるクラスターは、現在でも機能未知とされている。HeRは大規模な環境ゲノム(メタゲノム)解析により海洋や湖の表層だけではなく、地下水や堆積物、深海の熱水噴出孔といった、常時光が届かないような「暗黒環境」にも存在していた。さらに、表層では HeR の存在量は、イオン輸送が確認されている既知のロドプシンクレード(イオン輸送型: Type1)の数分の一程度であるのに対し、暗黒環境では、HeRの方が数倍多く存在していることが申請者によ

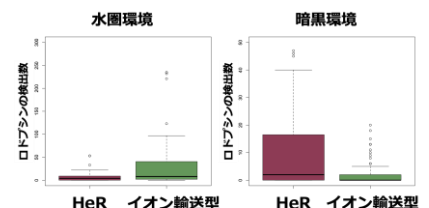


Fig. 2 水圏環境と暗黒環境におけるロドプシン存在量

って明らかとなっている(Fig. 2)。また、この HeR を保有するバクテリア・アーキアのゲノム解析を行ったところ、9割以上の微生物が、ロドプシンに必要であるはずのレチナール色素を生産するための遺伝子(*bhlh*遺伝子)を保有していなかった。つまり光受容を行うためには、「別の発色団を利用」、「別の代謝経路によるレチナール生産」または、「外部から色素を取り込む」必要があると考えられる。

2. 問題設定・方法

申請者である中島は、これまでの研究で *bhlh* 遺伝子を持たない細菌が別の代謝経路でレチナールを生産していることを明らかにしている³。一方、当該研究において、そのレチナール生産量は細胞内のロドプシン量に対して非常に少なく、外部からの供給によって活性が上昇するという結果も出ており、環境中の色素に依存する可能性は排除されていない。HeRが多く存在する暗黒環境は、レチナールを生産できるバクテリア・アーキアが非常に限られているため、より外部の色素に依存するべき環境と考えられる。

海洋に存在する難分解性溶存有機物のうち、最大4%がレチナール前駆体であるカロテノイド色素やその代謝物(≡レチナール様物質)とも見積られており⁴、それらが沈降・蓄積する堆積物中には発色団として利用可能な色素が多く存在している可能性がある。そこで本研究では、暗黒環境、特に海洋堆積物を用いた網羅的遺伝子解析を推し進めている申請者が

共同研究教員である吉澤らと共に、以下の3点について明らかにすることを目的とした;

目的①: HeRのみを保有し *bhlh* 遺伝子を持たない培養株を用いて、HeRに結合している色素を解明

目的②: 環境中における色素生産遺伝子やロドプシンの発現量を推定・解析

目的③: 環境試料中の多様な色素がロドプシンを機能させられる質・量であるのかの解明

まずHeRのみを保有する株の選定について、原核生物の80万個以上のゲノムを10万種相当に振り分けているGenome Taxonomy Database (GTDB)のデータセット(2024年4月ver)を用い、全タンパク配列(2億配列以上)からロドプシン配列とみられるものを抽出した。その後、抽出された配列の由来ゲノム情報を付与することで、「Type1のみ」「HeRのみ」「両方」保有する種に分類した。

次に、環境試料中のロドプシンおよび色素生産遺伝子の存在量を推定するため、KH-23-5航海で取得された4地点×4層(16サンプル)の堆積物試料のDNAを抽出し、メタゲノム解析を行うとともに、MR24-01C航海で採取された海水濾過フィルターのメタゲノムデータ(10, 30, 70, 150m)を使用した。また、KH-23-5の堆積物試料うち、1地点2層(stD, 0-2cm, 6-8cm)のサンプルを用い、アセトン抽出によって、レチナールやその前駆体となるカロテノイド色素の検出・定量を行った。

3. 結果と考察

GTDBからのロドプシン遺伝子の探索の結果、1万2000配列以上の候補配列を得られた。これらが由来するゲノムの分類群を調べたところ、約9500ゲノムに分布していた。この結果を元に、HeRのみを有するゲノムかつ、培養可能で保存機関から取得可能な種を選別する。また、吉澤研究室では、海洋表層水に紫外線を照射することによるスクリーニングで、HeRのみを保有する株を含む、ロドプシン保有細菌の分離培養に成功しており⁵、これらが本研究に利用可能かを今後検討する。

KH-23-5の堆積物試料を用いたメタゲノム解析の結果、Table1で示す通り、いずれの地点でもType1・HeRの両方のタイプのロドプシン遺伝子が存在していた。Fig. 2で示したように、暗黒環境においてType1とHeRの存在量が逆転しているとはこの結果からは支持されなかった。しかし、これら数値は配列数かつ

	stB	stF	stD	stH
4層を1	7200	6500	7400	8000
解析デー				
Type1	8	5	5	5
HeR	1	1	3	16

として

統合している(co-assembling)。つまり、1配列でも相対存在量の高い微生物が保有している場合は、ロドプシンの存在量も高くなる。また、堆積物表層(0-2cm, 2-4cm)はどの地点でも好氣的であり、海水の染み込みなどによる水塊中の微生物の相対存在量も高いと考えられる。これらの微生物由来のロドプシン配列が、Type1の数値を上げている可能性が考えられる。今後の解析により、深度方向でのリードマッピングによりそれぞれのロドプシン配列の存在量を推定し、かつ発現解析も組み合わせる必要があると考えられる。

MR24-01C航海で得られた海水試料について、10-300mの合計12層、24サンプルのメタゲノムデータを現在解析中である。これに加え、4層(10, 70, 130, 200m)のRNA抽出、シーケンスが実施される予定であり、表層から中深層にかけての水塊中でどの程度ロドプシンや色素生産遺伝子が存在・発現しているかを解析予定である。これまでのところ、300mの

サンプルから、Type1ではあるものの、ロドプシンの機能決定に重要なアミノ酸モチーフが全く新しいロドプシンを発見した。当該ロドプシンは、海洋で最もよくみられるPRのクレード内に位置しているものの、通常DTE/DTKであるモチーフではなく、ETLモチーフであった(Fig. 3)。ETLモチーフは、HeRと同じモチーフであり、今後、詳細な分光解析などによって、活性の有無や吸収波長などの特性を明らかにすることができれば、機能未知であるHeRの理解に繋がると期待できる。

環境試料中の色素量について、KH23-5航海のst.D(0-2cm, 6-8cm層)およびMR24-01C航海の南鳥島沖海水の濾過フィルターサンプル(5m, 500m)を用い、色素抽出→HPLC分析を行ったところ、堆積物からも海水からもそれぞれall-trans retinalと見られるピークが検出できた。内部標準のcholesterol benzoateを用いた定量的結果、堆積物では約0.03μM/g、海水フィルター(10L濾過)は0.25~0.44μMのレチナールが含まれていると見積もられた。また、極微量ではあるが、5mの試料からはベータカロテン(0.005μM)とエキネノン(0.01μM)が、堆積物からはカンタキサンチンやアスタキサンチンが0.004~0.034μM検出された。

実験室内での機能解析では、大腸菌がレチナールを生産できないため、30μM程度のレチナールを添加により、ロドプシンを再構成し活性測定を行う。大腸菌と自然環境中の細胞密度、あるいはロドプシンを保有する微生物の割合などの詳細な検討が今後必要であるが、細胞密度の差が100~1000倍程度であれば、上記の濃度は、自身でレチナールを生産できない微生物でもロドプシンを再構成でき得る濃度と考えられる。

4. まとめと今後の展望

本研究では、当該年度において、研究航海によって得られた海洋堆積物サンプルの遺伝子解析を進め、地点によらずType1・HeR両方のクレードが存在していた。メタゲノムやメタトランスクリプトームデータのマッピングをすることで、より詳細に好氣的な堆積物表層から嫌氣的な層にかけてのロドプシン遺伝子の動態を明らかにすることができる。

また、ロドプシンの発色団であるレチナールやその前駆体であるベータカロテン、あるいは補助色素として知られるその他のカロテノイドは、海洋の表層から中深層、堆積物中に至るまでnMオーダー以上で存在していることも明らかになった。この濃度は、*bhlh* 遺伝子を持たないロドプシン保有微生物が大多数である暗黒環境においても、「光」以外の点では機能可能な状態になっている可能性を示すものである。今後、同じ試料を用いたロドプシンの再構成、活性測定などによって、暗黒環境におけるロドプシンの機能化について明らかにする予定である。

参考文献

1. Bejà, O. *et al.* Bacterial rhodopsin: evidence for a new type of phototrophy in the sea. *Science* **289**, 1902-1906 (2000).

2. Pushkarev, A. *et al.* A distinct abundant group of microbial rhodopsins discovered using functional metagenomics. *Nature* **558**, 595-599 (2018).

3. Nakajima, Y. *et al.* Bacterium Lacking a Known Gene for Retinal Biosynthesis Constructs Functional Rhodopsins. *Microbes Environ.* **35**, (2020).

4. Arakawa, N. *et al.* Carotenoids are the likely precursor of a significant fraction of marine dissolved organic matter. *Sci Adv* **3**, e1602976 (2017).

5. Takada, M. *et al.* Draft genome sequences of three rhodopsin possessing *Croceitalea* sp. strains, isolated from the sea surface microlayer in Japan. *Microbiol. Resour. Announc.* **13**, e0003824 (2024).

