

山中 康裕

北海道大学大学院地球環境科学研究院・教授

植物プランクトン群集の多様性に注目したナウキャスト技術開発

§1. 研究実施体制

(1)「山中」グループ

① 研究代表者:山中 康裕 (北海道大学 大学院地球環境科学研究院、教授)

② 研究項目

[1]植物プランクトン群集の多様性を表現する次世代モデルの開発

[2]ナウキャスト用のオペレーショナルモデルの開発

[3]衛星観測アルゴリズムの検証と改良

[4]オペレーショナルモデルへのデータ同化を通じたナウキャストの基盤形成

(本年度の実施なし)

(2)「鈴木」グループ

① 主たる共同研究者:鈴木 光次 (北海道大学 大学院地球環境科学研究院、准教授)

② 研究項目

[5]超高速液体クロマトグラフィーによる植物プランクトン色素分析法の開発と応用

[6]連続自動海水ろ過システムの開発 (本年度の実施なし)

[7]色素データの基づいた植物プランクトン群集組成の推定とその検証

(本年度の実施なし)

§2. 研究実施内容

(文中に番号がある場合は(3-1)に対応する)

[1]植物プランクトン群集の多様性を表現する次世代モデルの開発

本項目では、西部太平洋域での数十グループの植物プランクトンを明示的に表現する多様性モデル(以下、多様性モデル)の開発をねらいとしている。本年度は、多様性モデルの開発の初期段階として、今後開発するモデルの設計を行なった。モデルの設計には、鈴木グループを含め、研究協力者を含めたチーム全体で行なった。モデル開発上で必要となる生物プロセス過程の表現(特に、多様な生理パラメータの決定方法)において、既存の Michaelis-Menten 式による植物プランクトンの栄養塩取り込み過程は、生物学的解釈を必ずしも忠実に反映していないため、生物的解釈がより適切な Optimum Nutrient Uptake Kinetics を採用することとした。特に、植物プランクトンに関連する数々の生理パラメータ内や周囲の環境との間で起こるトレードオフ、つまり、Trade-Off among Biological Traits の概念を導入した新しい手法を取り入れたパラメタリゼーションを行なう事で、生理過程の多様性に基づいて植物プランクトンの群集構造の多様性を表現する手法をとる事を決定した。これにより、植物プランクトンを~100 グループ(動物プランクトンは群集全体で1つとする)を扱うこととした。モデルの対象とする領域は、多様性が特に高いとされる西部北太平洋、特に、傾圧不安定により物理構造が複雑、かつ、多様性との生物-物理的關係が科学的に特に興味深い、黒潮続流域(南北 3000km 東西 1000km)を主な対象海域とすることを決定した。モデルの空間分解能は 10km をベースとし、順次解像度を上げていく(最終目標 2km)。

[2]ナウキャスト用のオペレーショナルモデルの開発

物理場を同化したモデルを利用して生物場(植物プランクトン)を同化するナウキャスト用モデルを開発することをねらいとする。本年度は、データ同化モデルの仕様の作成を開始した。モデルの仕様は、[1]や[3]と関連付けて行ない、鈴木グループを含め、研究協力者を含めたチーム全体で行なった。開発する同化モデルは、気象研究所による物理モデル MRI.COM によって水温・塩分・海面高度場が同化されている物理場データを利用して、オフライン手法によって生態系モデルを駆動させる事とした。水平解像度は、物理データの制約や、下記[3]において利用できる同化用の衛星データの解像度をふまえて 1/10 度とし、生態系モデルには、これまで開発してきた植物プランクトン群集を明示的に表現するモデルを用いる事とした。今後は、物理モデルを北海道大学の計算機システムに導入する。

[3] 衛星観測アルゴリズムの検証と改良 [山中グループ]

衛星観測用の多様性アルゴリズムを検証することをねらいとして、これまでの過去の航海で測定された HPLC データの品質管理を含めた編纂を開始した。これらの収集データには、NASA SeaBASS や、これまで鈴木グループで得られた過去データ等が含まれる。また、衛星データには、National Aeronautics and Space Administration (NASA) が運用する海色観測センサ(The

Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer, MODIS)を準備した。将来のノウキャストへの利用も考慮して今後の同化に向けて [1]および[2]と並行して議論した結果に基づき、空間解像度 4km (1/10 度のおよそ 1/3) および時間解像度、1 日、8 日、および 1 カ月の衛星海洋放射輝度データや植物プランクトンクロロフィル-a 濃度の MODIS データを準備した。European Space Agency (ESA)により時期的に並行して運用されている衛星センサ (Medium Resolution Imaging Spectrometer, MERIS)と多様性アルゴリズムの入力値となる Chla 濃度について比較したところ、両者は大まかな一致を示した、違いも見られ MODIS を利用する場合には、多様性アルゴリズムを MODIS 専用に改良することが望ましいことが裏付けられた。今後は、([5]で述べられる)今年度・次年度以降に得られた現場データや次年度以降に得られるデータと照らし合わせ、実際に多様性アルゴリズムの検証と改良を順次反復的に行なう。

[5]色素データの基ついた植物プランクトン群集組成の推定とその検証

平成23年12月1日から21日の間、東京大学大気海洋研究所の全国共同利用の一環として実施された(独)海洋研究開発機構・学術研究船白鳳丸KT-11-10次研究航海レグ1に参加した。北太平洋亜熱帯海域の植物プランクトンの群集多様性を評価するため、植物プランクトン色素、フローサイトメリー、サイズ分画DNA、光学顕微鏡用の試料を採取した。また、海水中の水温、塩分のデータを現場で取得するとともに、栄養塩試料を採取した。さらに、調査海域の光学特性把握および海色衛星リモートセンシングデータの校正と検証を行うため、米国NASA研究員、兼鈴木研究室の外国人研究員であるStanford B. Hooker博士が水中光学観測を実施した。白鳳丸は平成24年3月7日に東京港に帰港したので、採取した試料を本研究室に移し、高速液体クロマトグラフィー(HPLC)による植物プランクトン色素分析を開始した。今後、このHPLCによる色素データについては、日本(北大)、アメリカ合衆国(NASA)、フランス(LOV)、デンマーク(DHI)、オーストラリア(CSIRO)間で国際データ比較を実施する。また、Suzuki et al. (2011)に従い、各植物プランクトングループの多様性指数を評価する予定である。さらに、これら色素データは、Fujiwara et al. (2011)に従い、衛星リモートセンシングから植物プランクトンサイズ組成を評価する際に利用する計画である。

超高速液体クロマトグラフィー(UHPLC)による植物プランクトン色素分析法の開発に関しては、その試料前処理として、ビードビーターを用いた色素抽出法を検討した。この方法は、HPLCによる色素分析の際の前処理に用いた超音波細胞破碎法と比べて、抽出溶媒量を著しく減らすことが出来、より高濃度の色素抽出試料の作成が可能であることが判明した。本年度導入したUHPLCの最大試料注入量は、本研究室の既存のHPLCに比べ、1/5であることから、ビードビーター抽出法がUHPLCによる色素分析に有効であることがわかった。UHPLCの色素分析条件については、現在のHPLCの分析条件を基に分析カラム等を検討した。