



特集1

未知の海洋生態系に挑む

海洋生物を理解する新たな計測技術の開発を目指して

海に囲まれた日本が海洋国家として発展していくためには、海洋生物多様性の保全と再生を図りながら、海洋資源を有効に活用していくことが求められる。しかし、海洋の生物に関するデータや知識は十分に得られておらず、正しく理解・把握するための計測技術や予測するモデルの開発も遅れている。2011年度から始まったCREST「海洋生物多様性及び生態系の保全・再生に資する基盤技術の創出」では、海洋生物を調査研究するための新たな技術の研究開発が進められている。2つの研究事例を紹介するとともに、どのような成果が期待されるのかを聞いた。

●海中ロボット技術で海の生物研究の可能性をひらく

“木を見て森を見ず”だった海洋生物調査

海の中、特に深海に生息する生物の研究には、研究者が容易に近づけないという大きな壁がある。深くなるほど水圧がかかり、空気もない。光も遠くまで届かないので視界がきかず、研究対象となる生物サンプルを1つ採取するだけでも、その難しさは陸上生物とは比較にならない。その壁を越えるため、人が乗り込まなくても深海を探索することができる機器の開発が進められてきた。

そのひとつが海上から遠隔操作する無人探査機で、海洋生物を研究する上で重要な研究機器になっている。船上からの操作によって海中の生物に近づき、写真や動画を撮影し、さらにはサンプルを採取して、海洋生物の生態などを明らかにするために役立てられてきた。しかし、母船とケーブルでつながっているため、その機動力には限界がある。その結果、「これまでの深海生物の研究は、“木を見て森を見ず”になっていた」と、海中ロボットの開発に取り組む、九州工業大学社会ロボット具現化センター長の浦環^{うらたまき}さんは指摘する。

「海底からメタンや硫化物などが湧き出しているところには、さまざまな生物が集まってくるのが知られています。こうした生物群集は遠隔操作でも調べることはできますが、湧出域周辺だけに留まらず、面的な広がりをもって調査することは難しい。その点、遠隔操作するのではなく、



これまで数多く自律型の中ロボットを開発してきた。左は海中ロボット「TUNA-SAND」。

あらかじめプログラミングされた指示に従って自律的に活動できる海中ロボットなら、より広い範囲を効率よく調査することが可能になります。「木」ではなく“森”として海洋生物の実態に迫れるでしょう」と浦さんは言う。

すでに、浦さんが開発した海中ロボットの「TUNA-SAND（ツナサンド）」は、日本海・新潟沖で、メタン湧出域を含む広い範囲の海底を連続的に撮影し、ベニズワイガニの群れの密度の変化を効率よく捉えることに成功している。従来の遠隔操作による調査であれば、湧出域に

ベニズワイガニが密集していることはわかっても、湧出域から離れるにつれて群れの密度がどのように変化するかを明らかにするには、気が遠くなるような時間と手間がかかったはずだ。

複数の海中ロボットによる連携を目指す

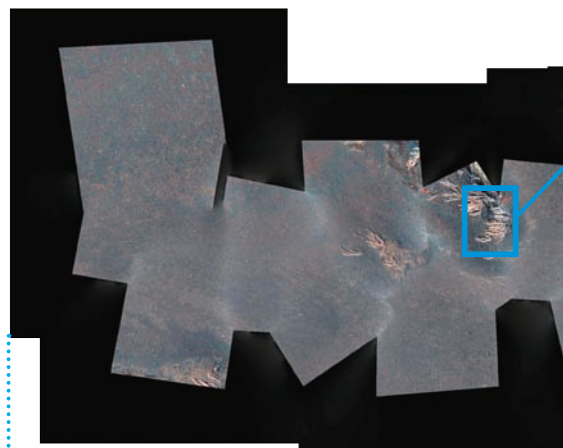
浦さんは、これまで数多くの海中ロボットを開発してきた。高速航行に適したロボットもあれば、足は遅くとも小回りの利くロボットもある。どれも比較的小型だ。浦さんは1台の海中ロボットに、数多く



伊豆・小笠原海域で調査を行った自律型海中ロボット「AE2000a」、「TUNA-SAND」、「AE2000f」(写真左から)。



海洋調査船「かいよう」(海洋研究開発機構)のクレーンで海面に降ろされる「TUNA-SAND」。



の観測機器を搭載するのは得策ではないと語る。「1台で何でもやろうとすると、海中ロボットが大きく高価にならざるを得ない。研究者がやりたい研究はそれぞれ違うので、オールインワンを目指すよりは、研究目的に合った機能を搭載した、より効果的な小型ロボットを開発すべきです。必要ならば、複数のロボットを海中で連携させるほうがいいでしょう」と浦さん。

高速航行できるロボットは、広い範囲を調査するのに向いている。一方、小回りの利くロボットは、広域調査で見つかった地形などの詳細な観測や生物サンプル

の採取などに向いている。こうした異なるタイプのロボットを連携させて運用できれば、より効率的な海洋生物の調査が可能になるはずだ。

浦さんの研究グループは、3台の海中ロボット(「AE2000a」「AE2000f」「TUNA-SAND」、左上の写真参照)を同時運用して、八丈島沖で、過去に熱水を噴出した可能性のあるマウンド(小高い地形)を発見している。このときはロボット間での連携までは行わなかった。だが、今回のCRESTでの研究開発では、複数のロボットの連携運用にも取り組む。

「陸上と違って、海中では電波が使えま

せん。複数のロボットを連携させる場合、お互いの位置を把握させることが不可欠です。陸上ならGPS(全地球測位システム)による位置情報をやりとりできますが、海中ではできません。ロボット同士の情報のやりとりに使えるのは音波ですが、お互いの位置情報を送受信するだけでも決して簡単ではありません」と浦さんは海中ロボット開発の困難さの一端を語る。

浦さんらは、この問題を解決するため、1万分の1秒程度の誤差しか生じない高性能の時計を搭載することにした。決められた時刻に発せられた音波を受信するまでのわずかな時間差から、お互いの距離を把握しようという試みだ。この技術だけでは、ロボット間の相対的な位置関係しか把握できないが、海底の地図情報、固定ブイとの距離などを加味することで、

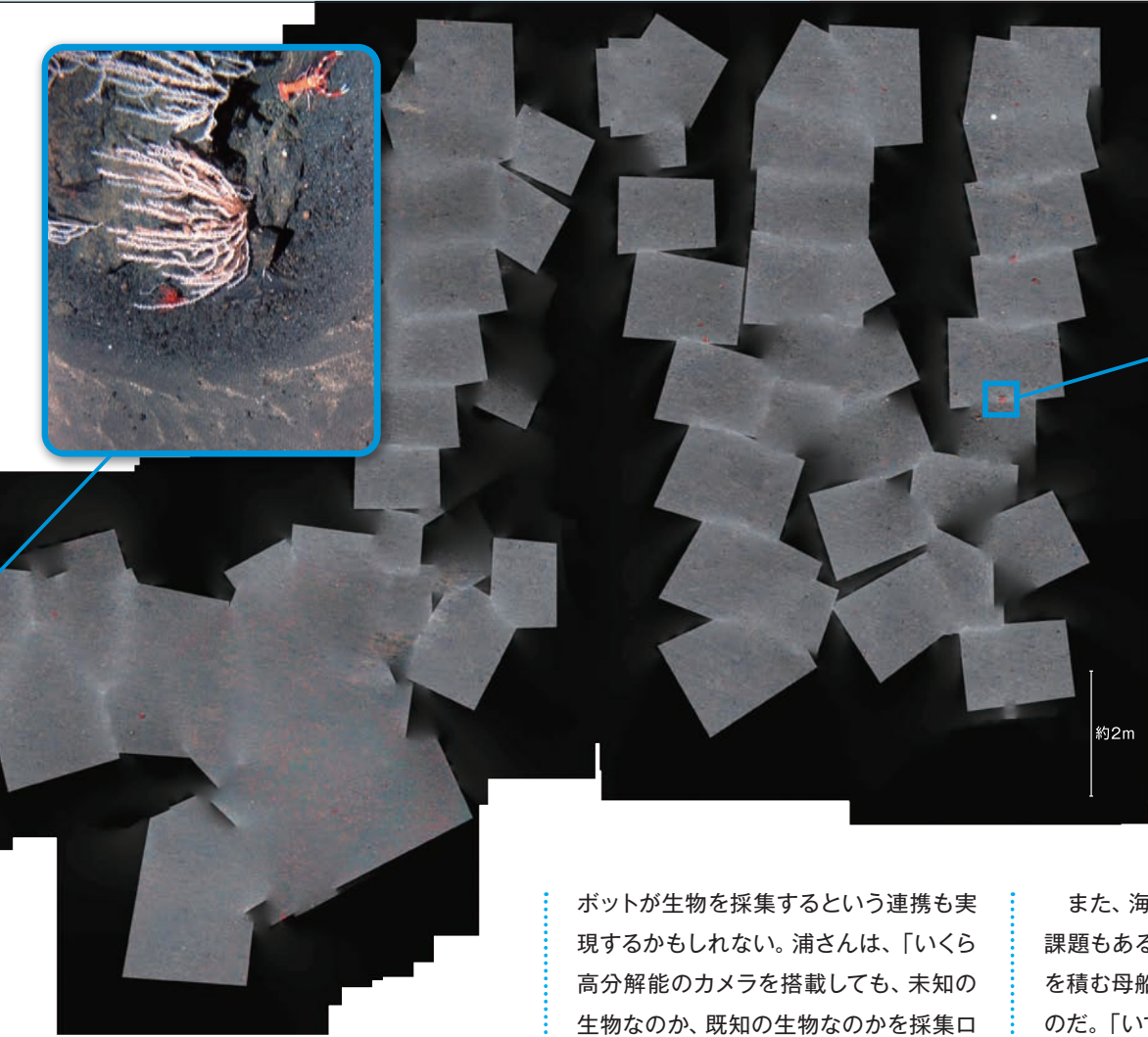


海中ロボット「Tri-TON」について説明する浦さん。

浦環 うら・たまき

九州工業大学社会ロボット具現化センター長 特任教授

1972年、東京大学工学部船舶工学科卒業。77年、東京大学大学院工学系研究科博士課程修了後、同研究所で講師、助教授を務め、92年より東京大学生産技術研究所教授。99年に東京大学生産技術研究所海中工学研究センター長。2007年、IEEEフェロー就任。13年より現職。日本造船学会賞、日本機械学会技術賞ほか受賞多数。11年よりJST戦略的創造研究推進事業CREST「センチメートル海底地形図と海底モザイク画像を基礎として生物サンプリングをおこなう自律型海中ロボット部隊の創出」代表研究者。



「TUNA-SAND」が撮影した200枚近い写真によって作成された海底地形写真図（伊豆小笠原海域）。水深約800mの海底で、あらかじめプログラミングされたルートに沿って、海底から約2mの高度を維持しながら潜航し、幅約15m、長さ約26mの広範囲について自動で撮影を行った。エビやサンゴなどの生物（拡大写真）も詳細にとらえられている。

約2m

複数の海中ロボットの正確な移動を実現させようとしている。

一歩ずつ夢を追う

将来的には広域探査ロボットが未知の生物を発見し、その情報を受けた別の口

ポットが生物を採集するという連携も実現するかもしれない。浦さんは、「いくら高分解能のカメラを搭載しても、未知の生物なのか、既知の生物なのかを採集ロボットが判断するのは不可能です。人間の判断が求められます。今回のCRESTでは、『採集せよ』と指令することで、移動しながら撮影を続けるロボットを元の位置に戻らせ、生物サンプルを採集する技術も開発する予定です」と次の一歩に思いを馳せる。

また、海は面積だけでなく、時間的な課題もある。海洋調査では、実は探査機を積む母船のスケジュール確保が大変なのだ。「いずれは、お掃除ロボットのように海底で充電できる仕組みも作って、船を出さずに連続的に探査ができるようにしたい」と浦さんは夢を膨らませる。浦さんらの開発する海中ロボットは、海洋生態系を理解するための必要不可欠な研究ツールになるに違いない。

フィールドで使える海洋生物を理解する技術の開発に期待

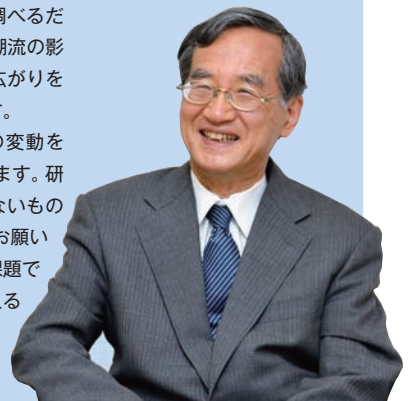
CREST「海洋生物多様性及び生態系の保全・再生に資する基盤技術の創出」
研究総括 小池勲夫（琉球大学監事）

日本は国土こそ狭いものの、領海と排他的経済水域（EEZ）の広さは世界第6位であり、今後、広大な海の利用は大いに期待されます。生物資源については、従来の食糧としての利用に留まらず、未利用の生物から医薬品などに応用できる物質を見いだすといった、これまでにない利用も可能になるでしょう。

しかしながら、現在、海洋科学の計測技術は、海洋で用いる条件に対して十分に揃っているとは言えない状況です。特に生物分野の調査技術は、水温や化学組成などを計測する物理・化学分野の技術に比べて立ち遅れています。生物資源を持続的に利用していくには、海の中にどれほどの種類、どれほどの量の生物がいるのかを明らかにする必

要がありますが、従来のようにサンプリングして調べるだけでは不十分。例えば海の季節変化や海の生物が潮流の影響で大きく移動することなどを考えると、面的な広がりを持って、連続的に調査していく技術も求められます。

CRESTでは、海洋生態系を把握し、海洋生物の変動を予測するための基礎的な技術の開発を目指しています。研究者らには、条件の整えられた実験室でしか使えないのではなく、現場で使える技術にしていきたいと願っています。障壁の多い海を相手にレベルの高い課題ですが、実際に海洋科学の研究者たちに使ってもらえるものになっていなければ、海の生物多様性、生態系の保全・再生を進めるための技術とはいえません。



● 培養が難しい海洋微生物のゲノムを読み解く

小さな生命が秘める 大きな可能性

未知の微生物の遺伝子を明らかにし、その特徴が解明できるなら、医薬などに応用できる新しいたんぱく質などを得ることができるかもしれない。例えば、カイメンの仲間からは多くの有用物質が見つかったが、最近では、その多くがカイメンと共に暮らす微生物に由来すると考えられている。

各地で減少が問題となっているサンゴも、共生微生物の宝庫である。サンゴを取り巻く環境の変動と微生物の変化の関係を明らかにすれば、サンゴや海洋環境の保護に役立てることも期待できる。実際に環境が変化すると、共生する微生物の種類や量が変化する。分析のために沖縄から東京に運ぶ数時間の間に、ストレスで微生物相ががらりと変わることもある。もし環境の悪化などでサンゴが弱れば、病原体のような日和見的な微生物が増えてくるかもしれない。そういった特徴的な微生物の増減を捉えることができれば、サンゴの健康状態を知り、見ただけではわからない回復のきざしをつかむ



“海の熱帯雨林”ともいわれるサンゴ礁は、海洋生物の宝庫であるとともに、海洋環境の変動で最も大きな影響を受ける生態系の1つとされる。竹山さんは海洋生物工学の技術を駆使して、サンゴ礁生態系の把握とリスク予測を可能にするため、微生物ゲノム情報を取得する研究に取り組んでいる。

写真提供：酒井一彦所長（琉球大学熱帯生物圏研究センター瀬底研究施設）

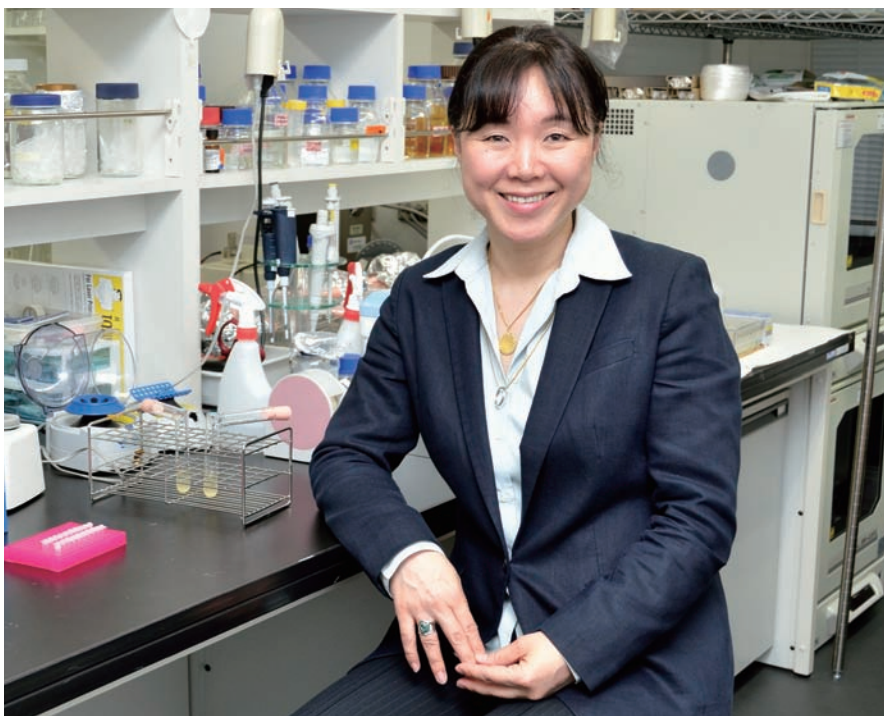
「指標」として利用することもできるだろう。

こうした期待からサンゴやカイメンの共生微生物を研究してきた早稲田大学理工学術院先進理工学部生命医科学科教授の竹山春子さんは、いままでの海洋研究にない遺伝子解析法を駆使している。

99.99%の未知に 光を当てるメタゲノム解析

未知の微生物の遺伝子を解析するには、通常はその微生物を培養することが不可欠だ。しかし、すべての微生物を培養する技術が確立されているわけではない。むしろ、陸上の微生物の約99%、海洋の微生物に至っては99.99%が培養できないと言われている。その理由について、竹山さんは次のように説明する。

「それぞれの微生物が暮らしやすい環境を、人工的な培養器の中にうまく再現できないこともその理由のひとつです。培地の成分や温度、共生微生物など、培養に影響する条件はとて多い。私が研究



竹山 春子 たけやま・はるこ

早稲田大学理工学術院先進理工学部生命医科学科 教授

1986年、東京農工大学農学部卒業。92年、東京農工大学工学研究科物質生物学専攻博士後期課程修了。マイアミ大学海洋研究所研究員、東京農工大学工学部物質生物学科（現・生命工学科）助手、助教授、教授を経て、2007年より現職。東京農工大学工学部客員教授。専門はマリンバイオテクノロジー、遺伝子工学、微生物工学。12年からJST戦略的創造研究推進事業CREST「シングルセルゲノム情報に基づいた海洋難培養微生物メタオミックス解析による環境リスク数理モデルの構築」代表研究者。



対象としている共生微生物の場合、宿主であるサンゴやカイメンなどの体内を模した環境をつくるのが培養を成功させる近道かもしれませんが、それも簡単なことではありません。

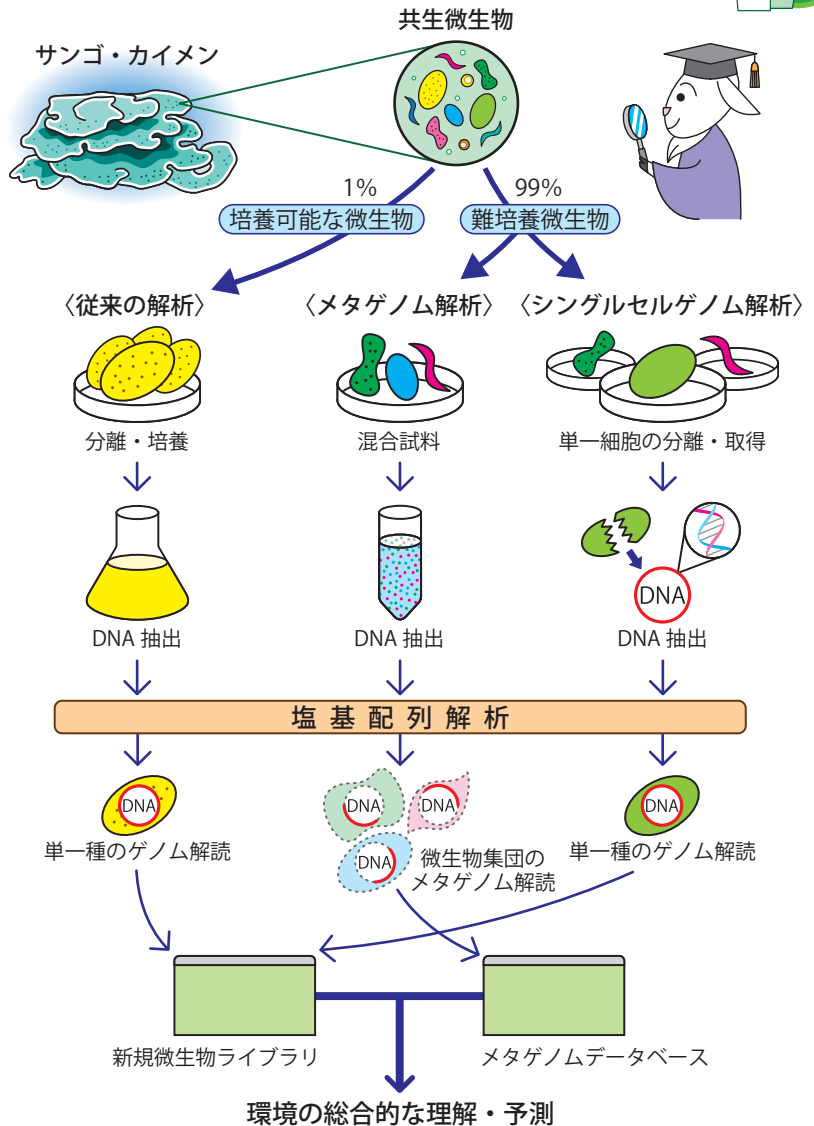
そこで竹山さんが取り入れたのが、メタゲノム解析だ。微生物のゲノム（全遺伝情報）はヒトなどに比べるとはるかに短い。その塩基配列をそのまま読み取るには長すぎる。このため、通常の遺伝子解析では、いったんDNAを断片化させて配列を読み取り、それをジグソーパズルのようにつなぎ合わせて1つのゲノム情報に復元する（右図参照）。しかし、メタゲノム解析では、環境中から得られた種々雑多な微生物が含まれる試料をそのまま遺伝子解析する。得られる情報には、異なる生物のピースが一緒になっているため、それぞれの微生物のゲノムに復元することはできない。しかし、この「メタゲノム」と呼ばれる断片的な遺伝情報の集合体からでも、宝探しが可能だ。「解読したDNA断片を大腸菌に導入していった、有効利用できる遺伝子を見つけることもできます。遺伝子がどの微生物由来なのかは特定できませんが、そこに暮らす微生物の特徴を知ることができるのです」と目を輝かせる。

また、サンゴの健康状態も、特徴的な微生物そのものを見つけるのではなく、「指標遺伝子」により把握することを目指している。そこで、さまざまな環境にあるサンゴから取ってきた多様なサンプルのメタゲノムを比較し、環境条件の違いによる差に注目している。将来的には、現場でも容易に使える指標遺伝子検出キットを作りたい考えだ。

こうして長年メタゲノム解析に取り組んできた竹山さんだが、この数年、「メタゲノム解析だけでは不十分だ」と考えるようになった。

単一細胞の解析を組み合わせる世界

「メタゲノム解析では、いつまでたっても難培養微生物の実状に迫ることは難しい。そこでCRESTではシングルセル（単一細胞）を用いた解析を組み合わせるこ



海洋微生物の99%以上は培養が難しいとされる。そのため、培養せずに微生物集団のDNAを取り出して、直接DNAレベルで解析する「メタゲノム解析」が、盛んに研究されるようになった。竹山さんらは、さらに単一細胞を取り出してゲノム情報を得る「シングルセルゲノム解析」を組み合わせることで、海洋微生物の実態に迫ろうとしている。

とにしました」と竹山さん。

技術の進歩により、たった1つの細胞からでもゲノムを解読することができるようになってきたのだ。さまざまな微生物がいる試料から、細胞を1つだけ取り出して、ある微生物のゲノムを解読できれば、「未知の生物」を1つ減らすことができる。聞こえは簡単だが、障害も多い。単一細胞の試料なので、実験者の肌から何か落ちて台無しになる。解析に使う試薬から、別のDNAが混入することもある。

そうやって、1つずつ集めた新しい微生物のゲノム情報を、さらにメタゲノムのデータベースと比べることで、生物学の新しい世界が開ける。

これらの膨大な遺伝子情報を読み解くには、情報技術の支援も不可欠だ。竹山

さんの研究では、実際に沖縄の海で観測した環境変動の情報と照らし合わせることで、微生物や遺伝子を指標として環境リスクを把握する数理モデルの確立を目指している。そのため、琉球大学でサンゴ礁の生態を長年観測している研究者や京都大学のバイオフィンフォマティクス用の遺伝子情報データベース構築に関わった研究者もチームに参加している。

培養が困難という問題を解決するために取り入れられたメタゲノム解析から、さらに進んでシングルセルゲノムを用いた研究へ——竹山さんらの研究によって、これまで手付かずだった海洋微生物の理解が進めば、サンゴやカイメンをはじめとする海洋生態系の保全に役立つ貴重な情報が得られることだろう。