

2018年度 教育奨励基金「学習・研究活動」

噴火予測に向けた富士五湖の微生物群集調査

慶應義塾大学 環境情報学部 環境情報学科 2年

学籍番号 : 71744915

Email : t17491tt@sfc.keio.ac.jp

1. 概要

2000年以降、阿蘇山・箱根山・御嶽山など、日本列島のあらゆる火山活動が活発化の局面に突入した。最近では、伊豆・小笠原諸島の岩礁群で海面に変色が見られ、海底火山の噴火警報が出されたことも知られている。ここで不安を煽るのは、同じ東日本火山帯に位置する日本最大の活火山、富士山の噴火である。日本人なら誰もが誇りに思う日本一の山だが、その反面、噴火による被害の影響も日本一であることも容易に窺える。内閣府が発表した富士山ハザードマップによると、被害総額はおよそ2兆5000億円と予想されていることから、その被害の大きさが容易に想像できる。富士山の噴火兆候として、突如地下水が湧き出す異常湧水が発生したり、3合目付近で水蒸気が噴出したりと報告が相次いでいる。ここで注目したいのは、異常湧水である。東京大学地震研究所の中村一明教授が命名された「水噴火」という現象は、地中のマグマが上昇したことにより、地下水が突発的に押し出される現象である。湧水からの水噴火時、化学的変化として中性水から酸性水に変化したことが報告されている。こうした環境中の化学的成分の変化はそれを代謝する微生物の組成を大きく変動させることが予想される。したがって本研究では、噴火の予兆とされる異常湧水による微生物群集の変動を明らかにし、富士山における噴火予測の新規的指標を分子生物学的側面から見出す。

2. 研究の妥当性と新規性

現状の噴火予知では過去の噴火履歴や観測事例に関するデータに頼るところが大きく、今までに無いパターンが生じた場合、次に起きる噴火予測は非常に困難とされている。本研究では、これまで明らかになっていなかった火山活動の活発化による微生物群集の変動を明らかにする。温泉における微生物の変動報告は多少あるものの、特定の微生物にしか着目しておらず、本研究のような富士五湖における大規模な微生物調査を実施した暁には世界初となる。また、西湖・精進湖・本栖湖の三湖が湖底でつながっているとされる「湖底連結説」を微生物群集の組成を基に証明する。もともと1つの湖だったとされる3つの湖はその基準水位が900メートルで一致していることから、それぞれが湖底でつながっているという仮説が立てられている。そこで、群集の類似性の計算や特徴量の抽出などを総括的に行うバイオインフォマティクス解析を用いる。本解析により、サンプリング地点ごとの微生物群集の特徴を定量的に捉えられ、3つの湖において特異的に存在する微生物が探索可能となる。

3. 目的

火山活動による細菌叢の変化を出力されたデータから見逃さないためにも、ポジティブコントロールとなるデータの検討を目的とした。火山活動以外の外的環境変化の代表例として、気温・湿度・気圧をはじめとしたあらゆる気候要素を変化させる季節変動が挙げられる。したがって、今回は季節変動が細菌叢へ与える影響評価を公共データ（Baltic Sea Surface Water Metagenome）を用いて実施した。

4. 結果と考察

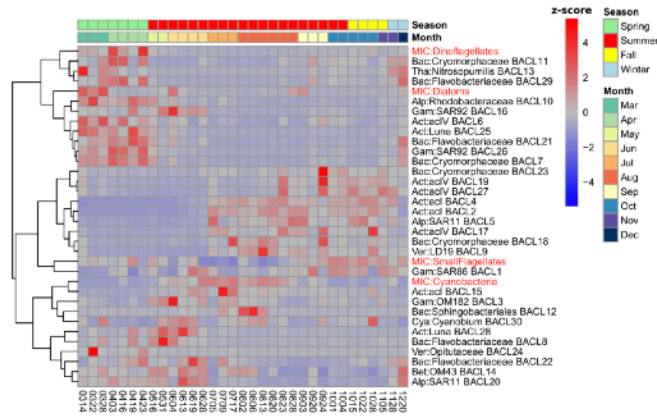


図1：MAGクラスタリングによる植物プランクトンにおける季節的動態の観測 (Hugerth LW et al. (2015) より転載、)

先行研究ではMAG クラスタリングおよび微生物の相対存在量 (Z-score) を示しており、(図1)、植物プランクトンの季節的動態が顕著に現れていることが確認できる。シアノバクテリウムによって合成された貯蔵化合物シアノフィシンの分解を可能にするシアノフィシナーゼが3つのacI MAGクラスターのうちの2つにおいて見出された。また7月下旬には7つのacI MAGクラスター (BACL2と4) が豊富になっており、シアノフィシンを生産する糸状のシアノバクテリアがピークに達し始めたためであると推測できる。

5. 今後の展望

今回の調査により、季節変動と密接な関わりがある微生物の候補として、周囲の栄養素を代謝する従属栄養生物である植物プランクトンが挙げられた。中でもシアノバクテリアはシアノフィナーゼを賛成することもあり、本酵素の存在がシアノバクテリアの存在を裏付けている。今後は富士五湖における微生物の経時的観測を実施する上でのサンプリング機材を揃えるとともに、今回の解析で明らかになった植物プランクトンの季節的変動をノイズデータとして扱うパイプラインの開発にも着手していきたい。

謝辞

本活動は慶應義塾大学湘南藤沢キャンパス教育奨励基金「学習・研究奨励金」の助成を受けたものであり、資金を提供してくださった慶應義塾大学湘南藤沢キャンパス教育奨励基金様ならびに城南信用金庫様に心から感謝を申し上げます。また、慶應義塾大学環境情報学部の鈴木治夫准教授には丁寧かつ熱心なご指導を賜りました。ここに感謝の意を表します。

参考文献

1. Hugerth LW, Larsson J, Alneberg J, Lindh MV, Legrand C, Pinhassi J et al. Metagenome-assembled genomes uncover a global brackish microbiome. *Genome Biol.* 2015.
2. Ghylis TW, Garcia SL, Moya F, Oyserman BO, Schwientek P, Forest KT, et al. Comparative single-cell genomics reveals potential ecological niches for the freshwater acI Actinobacteria lineage. *ISMEJ.* 2014.