

農林水産研究推進事業委託プロジェクト研究  
脱炭素・環境対応プロジェクト  
有害プランクトンに対応した迅速診断技術の開発  
令和2年度 最終年度報告書

個別課題番号	16808839
個別課題名	有害プランクトンに対応した迅速診断技術の開発

研究実施期間	平成28年度～令和2年度（5年間）
代表機関	学校法人 早稲田大学
研究開発責任者	五條堀 孝
研究開発責任者 連絡先	TEL : 03-5286-3441
	FAX :
	E-mail : t.gojobori@kurenai.waseda.jp
共同研究機関	学校法人 早稲田大学
	国立研究開発法人 水産研究・教育機構
	国立研究開発法人 理化学研究所
	国立大学法人 高知大学
	国立大学法人 鹿児島大学
	国立大学法人 宮崎大学
	長崎県 総合水産試験場
	日本ソフトウェアマネジメント株式会社

<別紙様式3>最終年度報告書

I-1. 年次計画

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室			
	28	29	30	1	2	機関	研究室		
101. エコミクス解析による漁場環境評価技術の開発 101-1. 微生物叢エコミクス解析による赤潮関連微生物・物質情報抽出技術の開発 ・メタボローム・イオノーム解析 ・メタゲノムとの統合解析  101-2. 漁場環境評価データベースの構築とデジタルDNAチップ解析技術の改良 ・データベース開発、運用 ・デジタルDNAチップ解析システムの改良・運用 ・メタゲノム解析パイプラインの設計 ・メタゲノムデータの比較解析						理化学研究所 理化学研究所 水産研究・教育機構  日本ソフトウェアマネジメント株式会社 日本ソフトウェアマネジメント株式会社 早稲田大学 早稲田大学  日本ソフトウェアマネジメント株式会社	環境資源科学研究センター 環境資源科学研究センター 水産資源研究所      ナノ・ライフ創新研究機構 ナノ・ライフ創新研究機構		
	エコミクス解析								
	メタゲノム統合解析								
	データベースの開発・運用								
	解析ソフトの改良								
	データ解析手法の設計								
	メタゲノム解析								
	メタゲノムデータの比較解析								
	メタゲノムデータの収集								
	赤潮予測技術の開発								
201. 赤潮の発生・終息予測技術の開発 201-1. 新規熱帯・亜熱帯性赤潮情報と養殖履歴情報の収集 ・底泥コアからの微生物環境履歴の推定  ・赤潮履歴情報の収集、とりまとめ ・鹿児島県海域、長崎島県海域におけるクロマグロ養殖場における赤潮・環境調査  201-2. 微生物叢メタゲノム解析等による赤潮発生活予測技術の開発 ・細菌・プランクトンメタゲノム解析データの取得  ・赤潮発生活予測技術の開発						高知大学 宮崎大学 水産研究・教育機構 高知大学 水産研究・教育機構 鹿児島大学 長崎県総合水産試験場  水産研究・教育機構 理化学研究所 水産研究・教育機構 理化学研究所	農林海洋科学部 医学部医学科 水産技術研究所 農林海洋科学部 水産技術研究所 水産学部 漁場環境科   水産資源研究所 環境資源科学研究センター 水産資源研究所 環境資源科学研究センター		
	漁場環境評価技術の開発								
	赤潮履歴情報等の調査								
	サンプル収集								
	メタゲノムデータの収集								
	赤潮予測技術の開発								

<ul style="list-style-type: none"> <li>堆積物サンプルからの微生物遺伝子情報の取得</li> </ul> <p>201-3. 微生物の生理学的シグナル等に基づく赤潮終息予測技術の開発</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>赤潮個体群中におけるウイルス発現度に基づく赤潮終息予測技術の開発</li> <li>赤潮細胞メタボロミクス基盤構築</li> <li>赤潮終息に係るマーカー抽出</li> <li>現場実装の問題抽出とマーカーの妥当性検証</li> </ul> <p>301. 電気的手法を用いた漁場環境改善技術の開発</p> <p>301-1. 環境中の電位差を利用した微生物叢制御による養殖漁場環境改善技術の開発</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>電位計測システムの開発</li> <li>現場電位計測ならびに電位制御による環境改善</li> <li>環境電位を指標とした漁場環境改善技術の検討</li> <li>漁場環境改善技術の現場実証試験</li> </ul>	多様性解析	水産研究・教育機構 水産研究・教育機構	水産資源研究所 水産技術研究所
	赤潮終息予測技術の開発	高知大学	農林海洋科学部
	データ解析基盤の構築	水産研究・教育機構	水産技術研究所
	赤潮終息予測技術の開発	水産研究・教育機構	水産技術研究所
	DNAマーカーの検証	水産研究・教育機構	水産技術研究所
	電位計測システムの開発	理化学研究所	環境資源科学研究センター
	赤潮発生リスク軽減技術開発	理化学研究所	環境資源科学研究センター
	漁場環境改善技術の検討	水産研究・教育機構	水産技術研究所
	漁場環境改善技術の検証	水産研究・教育機構	水産技術研究所

## I-2. 実施体制

研究項目	担当研究機関・研究室		研究担当者
	機関	研究室	
研究開発責任者	早稲田大学	ナノ・ライフ創新研究機構	◎ 五條堀孝
101. エコミクス解析による漁場環境評価技術の開発	理化学研究所	環境資源科学研究センター	○ 菊地淳
101-1. 微生物叢エコミクス解析による赤潮関連微生物・物質情報抽出技術の開発	理化学研究所	環境資源科学研究センター	△ 菊地淳
	理化学研究所	環境資源科学研究センター	伊藤研悟 (2017.4～)
101-2. 漁場環境評価データベースの構築とデジタルDNAチップ解析技術の改良	水産研究・教育機構	水産資源研究所	長井敏
	早稲田大学	ナノ・ライフ創新研究機構	△ 五條堀孝
	早稲田大学	理工学術院	竹山春子
	早稲田大学	理工学術院	有川浩司 (2017.12～2018.3)
	早稲田大学	理工学術院	坂梨千佳子 (2017.12～2018.3)
	早稲田大学	ナノ・ライフ創新研究機構	峯田克彦
	早稲田大学	ナノ・ライフ創新研究機構	小林敬典
	JSM	事業推進部	辻本敦美
	JSM	事業推進部	木村学 (2016.7～2019.3)
JSM	事業推進部	吉武和敏 (2016.7～2017.3)	
JSM	事業推進部	松野恭兵 (2016.7～2020.8)	
JSM	事業推進部	小野浩明	
JSM	事業推進部	庄司健人 (2017.4～2018.3)	
JSM	事業推進部	神山春風 (2018.5～2019.3)	
JSM	事業推進部	横山頌弥 (2018.5～)	
201. 赤潮の発生・終息予測技術の開発	高知大学	農林海洋科学部	○ 長崎慶三
201-1. 新規熱帯・亜熱帯性赤潮情報と養殖履歴情報の収集	高知大学	農林海洋科学部	△ 長崎慶三
	高知大学	農林海洋科学部	大島俊一郎
	高知大学	農林海洋科学部	足立真佐雄
	高知大学	農林海洋科学部	角野貴志
	高知大学	理工学部門	高野義人
	鹿児島大学	水産学部	前田広人 (2016.7～2020.3)
	鹿児島大学	水産学部	吉川毅
	鹿児島大学	水産学部	奥西将之
	宮崎大学	医学部医学科	和田啓

201-2. 微生物叢メタゲノム解析等による赤潮発生予測技術の開発	長崎県総合水産試験場	漁場環境科	山砥稔文
	長崎県総合水産試験場	漁場環境科	平江想 (2016.7~2020.3)
	長崎県総合水産試験場	漁場環境科	山本佳奈 (2018.4~)
	長崎県総合水産試験場	漁場環境科	中島吉洋 (2020.4~)
	水産研究・教育機構	水産技術研究所	外丸裕司
	水産研究・教育機構	水産資源研究所	△ 長井敏
	水産研究・教育機構	水産資源研究所	田邊晶史 (2016.7~2017.3)
	水産研究・教育機構	水産資源研究所	本郷悠貴
	水産研究・教育機構	水産技術研究所	坂見知子
	理化学研究所	環境資源科学研究センター	菊地淳
201-3. 微生物の生理学的シグナル等に基づく赤潮終息予測技術の開発	理化学研究所	環境資源科学研究センター	種田あずさ (2017.4~2018.3)
	長崎県総合水産試験場	漁場環境科	山砥稔文
	長崎県総合水産試験場	漁場環境科	平江想 (2016.7~2020.3)
	長崎県総合水産試験場	漁場環境科	山本佳奈 (2018.4~)
	長崎県総合水産試験場	漁場環境科	中島吉洋 (2020.4~)
	水産研究・教育機構	水産技術研究所	△ 外丸裕司
	水産研究・教育機構	水産技術研究所	羽野健志
	水産研究・教育機構	水産技術研究所	坂本節子 (2017.4~)
	高知大学	農林海洋科学部	長崎慶三
	高知大学	理工学部門	高野義人
301. 電気的手法を用いた漁場環境改善技術の開発	理化学研究所	環境資源科学研究センター	○ 中村龍平
	理化学研究所	環境資源科学研究センター	△ 中村龍平
301-1. 環境中の電位差を利用した微生物叢制御による養殖漁場環境改善技術の開発	水産研究・教育機構	水産技術研究所	伊藤克敏
	水産研究・教育機構	水産技術研究所	伊藤真奈

### I-3. 研究目的

本研究では、クロマグロ養殖場および比較対象海域において、メタゲノム・メタボローム解析等を駆使した長期モニタリングを行うことで、赤潮の発生・終息予察を含めた微生物叢の動態推移予察技術を開発する。赤潮の発生や終息といった生物環境変化に際し、特異的に出現する遺伝情報・代謝物質等を指標とすることで、赤潮の挙動予測の高精度化に資する。また、酸化還元電位の電氣的調整による養殖環境改善のための技術開発を行う。

このため、本研究では、下記の3つの小課題を設定し、研究を進める計画である。

#### 課題101. エコミクス解析による漁場環境評価技術の開発

メタゲノム・イオノーム・メタボローム解析により、水環境中における物質および微生物の変動を把握する。養殖海域および対照海域の微生物叢・代謝物質の推移を解明することにより、エコミクスという視点から漁場環境を評価する技術を開発する。

#### 課題201. 赤潮の発生・終息予測技術の開発

赤潮発生履歴の調査と並行して、底泥コア層別解析に基づく過去の生物環境推定技術の開発を行う。赤潮の発生・増殖・消滅過程の時系列データと微生物叢メタゲノムデータを比較し、赤潮発生および終息を予測するための技術を開発する。

#### 課題301. 電氣的手法を用いた漁場環境改善技術の開発

環境微生物群のエネルギー獲得様式の特性を考慮し、酸化還元電位の電氣的調整による養殖環境（とくに底質環境の）改善を実現するための新たな技術を開発する。

上記の研究成果に基づき、①エコミクスの視点からの漁場評価技術および赤潮の発生・終息予察技術の開発、ならびに②養殖場の底質環境を電氣的に改善するための新技術の開発が期待される。

## I-4. 研究方法

### 101. エコミクス解析による漁場環境評価技術の開発

各機関と連携し、東京湾、伊万里湾、鹿児島、および大阪湾の海水中・底泥の無機・有機物群および微生物叢の計測を行った。予測のモデルケースである東京湾においては、毎週1度のサンプリングを継続して遂行した。また、海洋・気象データは連続観測されているものを取得した。得られたデータ群を統合し、K近傍法により欠損値補完を行った。人工知能の技術を用いた予測手法の構築にあたっては、赤潮発生の指標として、一般的な基準であるクロロフィルα濃度を対象とした。長期予測モデルの作成には、リカレント・ニューラル・ネットワーク(RNN)を用いて検討した。他海域における予測モデルを構築する前に、判別分析(OPLS-DA)を行って、地理的特異性のある環境要因やマーカーの探索・評価を行った。また、環境因子等の関係性をネットワーク化およびヒートマップ化することで、海洋環境構造の可視化を行い、赤潮発生・終息因子の探索を行った。東京湾をモデルケースとして作成した長期予測モデルを伊万里湾および大阪湾へ適用するため、RNNにおける各層の学習済みの重みを最適化する転移学習を行った。

漁場環境評価データベースの開発では、早稲田大学にハードウェア環境を構築し、各課題担当者がインターネットから自由にデータを閲覧・利用できるようにソフトウェア環境を構築した。データベースの運用では、各課題担当者から提供されたデータについて情報整理・データ整形・解析等を行い、利用者の要望に応じてデータベースの構成や画面レイアウトの改良を継続的に行った。また、先行課題で使用していたデジタルDNAチップ解析システム(DDCA)を漁場環境評価データベースの環境に適合するようにプログラムの改変を行い、漁場環境評価データベースに組み込んだ。さらに、群集解析機能などの新たな機能追加や機能拡張などを行い、データ解析ツールとして利用できるように提供・運用した。プロジェクトで得られたマーカー配列については、マーカー配列を検出できる汎用チップを構築するためにデジタルDNAチップに集約した。

### 201. 赤潮の発生・終息予測技術の開発

有害渦鞭毛藻を標的としたアルベオラータ特異的18Sメタアンプリコン解析を設計し、浦ノ内湾海底泥層別コア試料に適用した。同法で検出されない種については、定量PCR法による検出を行った。マグロ養殖場を持つ伊万里湾および甑島において赤潮調査を実施し、赤潮が発生した場合にはその機構について考察した。また、マグロ養殖海域での赤潮被害事例を整理した。海底泥コア各層の分析により過去の生物環境を推定する技術を開発した。

次に、発生・終息予測技術に資するための指標として、生理状態の診断に有効な代謝物に着目した研究を展開した。植物プランクトン細胞の蝟集から代謝物抽出に至る手法を確立し、メタボローム解析に供した。得られた代謝物のプロファイルから定常期後期から終息に至る植物プランクトン細胞内で特異的な挙動を示す指標代謝物の抽出を試みた。さらに、この指標代謝物の妥当性を、実海域において赤潮を形成した細胞で検証した。また、有害赤潮藻に感染するウイルスの重要遺伝子に特異的な定量PCR系を設計し、その実用性について検討した。

### 301. 電気的手法を用いた漁場環境改善技術の開発

電位センサーを用いた環境診断という新たな概念を実証すべく、養殖場の底質環境を模した培養リアクターを開発し、環境電位のリアルタイム計測を行った。特に、野外への応用を念頭に置き、赤潮発生と密接な関係がある有機汚濁に着目し、有機物の添加による電位変化のその電位の挙動から、自浄作用ポテンシャルを予測する技術の開発に取り組んだ。また、同培養リアクターを用い、養殖場底質に炭層棒を埋設し、電位変化を計測し、電位制御の効率を最大化

するための炭素棒の多孔質度や電気伝導度、また、炭素棒の密度(間隔)や底質に射し込む深さ等の検討を行った。以上の培養リアクターを用いた実験室での実証試験を踏まえ、電子機器開発ならびに無線通信技術を専門とする企業とともに開発した屋外電位計測システムを用いて、瀬戸内水研が保有する屋外水槽及び熊本県天草市のクルマエビ養殖場にて、長期間に渡る底質電位計測を実施した。

## I-5. 研究結果

### 101. エコミクス解析による漁場環境評価技術の開発

エコミクス各階層(マイクロバイオーム/イオノーム/メタボローム)の試料調製法と計測法を検討し、赤潮関連微生物や物質情報の抽出、赤潮発生予測のためのデータ取得基盤技術を整備した。東京湾沿岸域の3地点、伊万里湾の2地点、鹿児島島の2地点および大阪湾の3地点の海洋・気象および微生物叢、無機・有機物群のデータを継続的に取得してきており、これらの蓄積してきた伊万里湾および鹿児島島の分析データに関しては、漁場環境評価データベースへの登録作業を行った。また、東京湾サンプルをモデル試料として、人工知能の技術を用いた予測技術開発を行ってきた。再帰型機械学習を行った結果、東京湾においては、赤潮(Chl. a濃度)の長期予測を高精度で行えることが示された。また、予測モデルの重要因子を算出することで、赤潮(Chl. a濃度)予測に関連する微生物・物質情報を抽出することも可能であった。東京湾においては、日照時間や風向きといった環境情報、ガラクトースやフェニルアラニンといった海水成分、*P. micans*や*N. scintillans*といった微生物、ケイ素や硝酸態窒素が予測に重要な因子であることが伺えた。次に、ここで構築した予測モデルをマクロ養殖筏が設置されている伊万里湾へ適用することとした。しかし、地理的特異性が影響し、また、伊万里湾のデータは時系列において疎であるため、東京湾のデータを用いて構築した予測モデルをそのまま適用することは困難であった。そこで、機械学習的欠損値補間法であるK近傍法を用いて、伊万里湾のデータの欠損値を補完した。さらに、RNNにおける各層の学習済みの重みを最適化する転移学習を行うことで、伊万里湾においても、精度の良い赤潮(Chl. a濃度)の長期予測が可能となり、現場実装への可能性を示した。他海域への適用可能性、汎用性を示し、具体的な社会実装を目指すため、地理的特異性のある大阪湾のデータも用いて検証を行った。大阪湾の2地点共に良好な予測精度であったことが示され、どのような海域であっても、堅牢な予測を行うことが可能であることが示された。

各課題担当者がメタゲノム・メタボローム・物理化学データ等を自由に検索・閲覧・ダウンロード・アップロードできる漁場環境評価データベースを開発し、プロジェクト内部へ提供できた。各課題担当者から提供された情報により総件数1,393、総配列数2,398,070,394、総塩基数638,605,661,160のデータが漁場環境評価データベースに登録された。デジタルDNAチップ解析システムでは群集解析機能などの新たな機能追加や機能拡張により、プロジェクト内にデータ解析環境を提供できた。また、プロジェクトで得られたマーカー配列をデジタルDNAチップに集約することにより、マーカー配列を検出できる汎用チップを構築できた。

### 201. 赤潮の発生・終息予測技術の開発

有害渦鞭毛藻を標的としたアルベオラータ特異的18Sメタアンプリコン解析を設計し、その汎用性を確認した。これにより、浦ノ内湾で採取した海底泥より有害赤潮藻アレキサンドリウム・リエイが検出された。同法で検出できなかった有害赤潮藻カレニア・ミキモトイについては、定量PCR法による検出系を作出し、その汎用性を確認した。マクロ養殖場を持つ伊万里湾および甕島において赤潮調査を実施した結果、伊万里湾でカレニア赤潮が発生した。その発生



機構ならびに発達機構についてモデルを作成した。また、マグロ養殖海域での赤潮被害事例を整理した。また、海底泥コア各層について年代推定ならびに逆転写PCRによるウイルス探索により、過去の発生履歴を推定した。年代測定結果はきわめてリーズナブルであり、測定結果は同海域での養殖の発達の歴史とよく合致した。

植物プランクトンを用いたメタボローム解析に着手し、植物プランクトンから抽出した代謝物の変動から生理状態を診断する手法を開発した。得られた代謝物のプロファイルから定常期後期に顕著に増加する指標を抽出し、終息予測に有効であることを見出した。この有効性を室内実験、実海域の赤潮プランクトン細胞においても確認した。また、ヘテロカプサ・サーキュラリスカーマに感染するウイルスHcDNAVのDNAポリメラーゼ遺伝子を標的とした定量PCR系を設計し、その汎用性を確認した。ウイルス遺伝子コピー数の増加も、赤潮終息のシグナルの一つと考えられた。

### 301. 電気的手法を用いた漁場環境改善技術の開発

実験室での実証試験より、底質の汚染度、より具体的には有機汚濁の進行度に応じて、電位が鋭敏に応答することを確認した。引き続き、電子機器開発ならびに無線通信技術を専門とする企業とともに開発した屋外電位計測システムを用いて、瀬戸内海区水産研究所が所有する6トンの屋外水槽の底質に設置し、長期間の電位計測を実施した。その結果、外部電力無接続の環境において約8カ月間の連続電位計測に成功し。また、電位計測システムを改良することでシステム全体のコスト削減を行い、一台当たり大凡1万円となった。引き続き、熊本県天草市のクルマエビ養殖場にて、養殖実施期間中に底質電位計測を実施し、5カ月間の連続電位計測に成功した。観測された電位計の値は、漁場環境の重要な指標となる硫化物量および溶存酸素濃度との相関が認められた。さらに、養殖現場において計器の耐久性も確認され、社会実装の可能性が十分に示された。炭素棒(竹炭)による底質改善技術の現場での実現性を客観的に評価するため、屋外大型実験池や各種養殖生物の実験水槽にてケーススタディを実施した。その結果、クルマエビを飼育している実験水槽で高い汚染の進行を抑制する効果が認められた。また、使用に関して設置も容易であり、生物に対する悪影響を懸念する必要が少ないことから、養殖現場への適用性も高いとの見解をいただいた。

## I-6. 今後の課題

### 101. エコミクス解析による漁場環境評価技術の開発

データの量や質が、精度の高い環境変動の予測の鍵であり、対象となる漁場においてデータの充実化を図ることが課題であると考えている。また、「漁場環境評価データベース」に本課題で構築した予測法をデプロイし、赤潮に関連する微生物や環境因子情報の抽出や予測が行えるパイプラインを整備する必要があると考えている。

プロジェクト終了後は早稲田大学で継続運用するが、将来的なデータベースの運用を検討する必要がある。

### 201. 赤潮の発生・終息予測技術の開発

本事業で抽出した指標に基づく診断手法の頑健性を評価するため、実海域におけるデータの蓄積が必要である。また、現在は指標代謝物をGC/MSにより測定しているが、社会実装のためにはこれらの指標代謝物を容易かつ迅速で好感度に検出するためのキット化技術の確立が不可欠である。

オンサイトで赤潮現場海水中の細菌16S組成を12時間以内に解析する手法を確立した。今後

は、さらにデータを蓄積することで、殺藻細菌群の出現割合を指標にした赤潮消滅予測に関する技術の高度化を図りたい。

### **301. 電気的手法を用いた漁場環境改善技術の開発**

本技術をより確かなものとするため、養殖場現場での更なる実証試験を進める。また、IoTを専門とする企業との連携を強化し、双方向通信技術も取り込んだシステムまで昇華させる。

小課題番号	101	小課題 研究期間	平成28～令和2年度
小課題名	エコミクス解析による漁場環境評価技術の開発		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・環境代謝分析チーム・菊地 淳		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

本課題では、時系列でのビッグデータ取得が行いやすい現場環境の物理観測データと、底質からの寄与要因を特定するための底泥試料採取および各種オミクス解析を遂行する。また、微生物叢のメタゲノム解析データ、海水のイオノームやフィルター画分のメタボローム解析による物質動態の長期間モニタリングデータ、底泥試料の化学・微生物データと、現場環境の物理観測データとを組み合わせ、時系列動態に関する網羅的把握（いわゆるエコミクス解析）を実施する。得られたデータに基づき、赤潮発生時・非発生時の異なる環境下の微生物叢・物質種をそれぞれ比較・解析し、物理化学環境、原因プランクトン密度等、海洋微生物叢の時系列的な相関性や因果関係について統合的に解析することにより、養殖漁場の環境評価技術の開発に資する。

また、本事業により得られるメタゲノム、メタボローム解析データ、物理化学データ、養殖履歴データ、赤潮生物情報等を的確に統合格納するための漁場環境評価データベースを構築する。さらに、これらの時系列観測データを大容量構成のコンピュータを用いて解析し、赤潮に関連する微生物情報の抽出が行えるパイプラインを整備する。また、鍵となる微生物遺伝子、ならびに赤潮の発生・終息のシグナルとなる遺伝子配列情報を対象としたデジタルDNAチップを開発し、開発された評価技術の汎用化に資する。

これらにより得られる知見・技術に基づき、クロマグロ等の新たな魚種の養殖に適した海域を科学的に選択するための技術開発を実施する。

### 2) 研究方法

#### 101-1. 微生物叢エコミクス解析による赤潮関連微生物・物質情報抽出技術の開発

各機関と連携し、東京湾、伊万里湾、鹿児島、および大阪湾の海水中・底泥の無機・有機物群および微生物叢の計測を行った。予測のモデルケースである東京湾においては、毎週1度のサンプリングを継続して遂行した。また、海洋・気象データは連続観測されているものを取得した。得られたデータ群を統合し、K近傍法により欠損値補完を行った。人工知能の技術を用いた予測手法の構築にあたっては、赤潮発生の指標として、一般的な基準であるクロロフィルα濃度を対象とした。長期予測モデルの作成には、リカレント・ニューラル・ネットワーク(RNN)を用いて検討した。他海域における予測モデルを構築する前に、判別分析(OPLS-DA)を行って、地理的特異性のある環境要因やマーカーの探索・評価を行った。また、環境因子等の関係性をネットワーク化およびヒートマップ化することで、海洋環境構造の可視化を行い、赤潮発生・終息因子の探索を行った。東京湾をモデルケースとして作成した長期予測モデルを伊万里湾および大阪湾へ適用するため、RNNにおける各層

の学習済みの重みを最適化する転移学習を行った。

#### 101-2. 漁場環境評価データベースの構築とデジタルDNAチップ解析技術の改良

漁場環境評価データベースの開発では、早稲田大学にハードウェア環境を構築し、各課題担当者がインターネットから自由にデータを閲覧・利用できるようなソフトウェア環境を構築した。データベースの運用では、各課題担当者から提供されたデータについて情報整理・データ整形・解析等を行い、利用者の要望に応じてデータベースの構成や画面レイアウトの改良を継続的に行った。また、先行課題で使用していたデジタルDNAチップ解析システム（DDCA）を漁場環境評価データベースの環境に適合するようにプログラムの改変を行い、漁場環境評価データベースに組み込んだ。さらに、群集解析機能などの新たな機能追加や機能拡張などを行い、データ解析ツールとして利用できるように提供・運用した。プロジェクトで得られたマーカー配列については、マーカー配列を検出できる汎用チップを構築するためにデジタルDNAチップに集約した。

### 3) 研究結果

#### 101-1. 微生物叢エコミクス解析による赤潮関連微生物・物質情報抽出技術の開発

まず、エコミクス各階層（マイクロバイーム/イオノーム/メタボローム）の試料調製法と計測法を検討し、赤潮関連微生物や物質情報の抽出、赤潮発生予測のためのデータ取得基盤技術を整備した。東京湾沿岸域の3地点、伊万里湾の2地点、鹿児島島の2地点および大阪湾の3地点の海洋・気象および微生物叢、無機・有機物群のデータを継続的に取得しており、これらの蓄積してきた伊万里湾および鹿児島島の分析データに関しては、漁場環境評価データベースへの登録作業を行った。また、東京湾サンプルをモデル試料として、人工知能の技術を用いた予測技術開発を行ってきた。再帰型機械学習を行った結果、東京湾においては、赤潮（Chl. a濃度）の長期予測を高精度で行えることが示された。また、予測モデルの重要因子を算出することで、赤潮（Chl. a濃度）予測に関連する微生物・物質情報を抽出することも可能であった。東京湾においては、日照時間や風向きといった環境情報、ガラクトースやフェニルアラニンといった海水成分、*P. micans*や*N. scintillans*といった微生物、ケイ素や硝酸態窒素が予測に重要な因子であることが伺えた。次に、ここで構築した予測モデルをマグロ養殖筏が設置されている伊万里湾へ適用することとした。しかし、地理的特異性が影響し、また、伊万里湾のデータは時系列において疎であるため、東京湾のデータを用いて構築した予測モデルをそのまま適用することは困難であった。そこで、機械学習的欠損値補間法であるK近傍法を用いて、伊万里湾のデータの欠損値を補完した。さらに、RNNにおける各層の学習済みの重みを最適化する転移学習を行うことで、伊万里湾においても、精度の良い赤潮（Chl. a濃度）の長期予測が可能となり、現場実装への可能性を示した。他海域への適用可能性、汎用性を示し、具体的な社会実装を目指すため、地理的特異性のある大阪湾のデータも用いて検証を行った。大阪湾の2地点共に良好な予測精度であったことが示され、どのような海域であっても、堅牢な予測を行うことが可能であることが示された。

#### 101-2. 漁場環境評価データベースの構築とデジタルDNAチップ解析技術の改良

各課題担当者がメタゲノム・メタボローム・物理化学データ等を自由に検索・閲覧・ダウンロード・アップロードできる漁場環境評価データベースを開発し、プロジェクト内部

へ提供できた。各課題担当者から提供された情報により総件数1,393、総配列数2,398,070,394、総塩基数638,605,661,160のデータが漁場環境評価データベースに登録された。デジタルDNAチップ解析システムでは群集解析機能などの新たな機能追加や機能拡張により、プロジェクト内にデータ解析環境を提供できた。また、プロジェクトで得られたマーカー配列をデジタルDNAチップに集約することにより、マーカー配列を検出できる汎用チップを構築できた。

#### 4) 成果活用における留意点

##### 101-1. 微生物叢エコミクス解析による赤潮関連微生物・物質情報抽出技術の開発

本課題で収集したデータについては、「漁場環境評価データベース」に提供しており、その活用に関して留意する点は無い。また、本課題で構築した技術および成果については、学術論文[1]で公開されており、特許[2]に関しても出願後に公開されているため、その活用に関して留意する点は無い。

##### 101-2. 漁場環境評価データベースの構築とデジタルDNAチップ解析技術の改良

漁場環境評価データベースに登録されているデータの活用についてはデータ取得機関との調整が必要である。

#### 5) 今後の課題

##### 101-1. 微生物叢エコミクス解析による赤潮関連微生物・物質情報抽出技術の開発

データの量や質が、精度の高い環境変動の予測の鍵であり、対象となる漁場においてデータの充実化を図ることが課題であると考えている。また、「漁場環境評価データベース」に本課題で構築した予測法をデプロイし、赤潮に関連する微生物や環境因子情報の抽出や予測が行えるパイプラインを整備する必要があると考えている。

##### 101-2. 漁場環境評価データベースの構築とデジタルDNAチップ解析技術の改良

プロジェクト終了後3～5年間は早稲田大学で継続運用するがそれ以降の期間の設置場所については未決定である。将来的なデータベースの運用を検討する必要がある。

#### <引用文献>

[1] Oita, A., Tsuboi, Y., Date, Y., Oshima, T., Sakata, K., Yokoyama, A., Moriya, S. and Kikuchi, J.\* Sci.Total Environ. 636, 12-19 (2018).

[2] 伊藤研悟、菊地淳、松本朋子、朝倉大河、黒谷篤之. PCT/JP2020/16472, 2020年4月14日.

小課題番号	201	小課題 研究期間	平成28～令和2年度
小課題名	赤潮の発生・終息予測技術の開発		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	高知大学・農林海洋科学部・長崎慶三、足立真佐雄、大島 俊一郎、理工学部門・高野義人		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

本課題では、事業実施期間全体を通して、クロマグロ養殖海域および近傍の非養殖海域（対照区）の海水および底泥試料等を各参画機関に対して現場データとともに提供する（初年度終了段階で、クロマグロ養殖場の環境が当初の想定以上に健常であることが明らかとなったことから、2年目からは新たに赤潮頻発海域の試料を解析対象に加えることとする）。連続観測定点では、有害赤潮種の出現密度や物理環境パラメータの測定と並行して、海水中微生物叢のメタゲノム解析により出現微生物種の網羅的検出を行う。得られたデータを連携課題101-2で構築されるデータベースに格納し、赤潮生物の動態に呼応して出現する微生物群を特定する。これらの候補微生物の遺伝子配列を分子マーカーとして活用することで、有害赤潮生物の予測技術開発に資する。また、ウイルス感染細胞のメタボローム解析ならびにウイルスゲノムの定量PCR系の活用により、赤潮終息の指標となる微生物シグナルの探索を行う。

クロマグロ養殖海域における赤潮発生状況および履歴については文献調査および現場での聞き取りを行い、2年目までにとりまとめる。並行して、海底泥コアに記録された藻類優占種の痕跡（遺伝子断片）やウイルス粒子の種類と量から、その海域で過去にどのような生物現象（赤潮など）が起きたかをモニターするための技術開発を実施する。

### 2) 研究方法

#### 201-1. 新規熱帯・亜熱帯性赤潮情報と養殖履歴情報の収集

本課題では、全期間を通して、クロマグロ養殖海域および近傍の非養殖海域（対照区）の海水および底泥試料等を各参画機関に対して現場データとともに提供することにより、当該プロジェクト研究全体を支えるミッションを担う。試料採取については、長崎県・鹿児島県海域を中心として実施することとし、その方法・採取時期・場所等については検討を続ける（29年度からは赤潮頻発海域試料の導入を行う）。また、先進的な試みとして、海底泥コアに記録された藻類優占種の痕跡（遺伝子断片）やウイルス粒子の種類と量から、その海域で過去にどのような生物現象（赤潮など）が起きたかをモニターするための技術開発を実施する。赤潮の発生記録との比較が可能な試料については、両者間で見られる法則性を抽出する。またウイルス感染細胞からの微生物学的シグナルをメタボローム解析や定量PCR法等により突き止め、赤潮終息指標としての適性を吟味する。これらの研究を通して得られた知見に基づき、赤潮の発生・終息予測技術の開発を行う。

#### 201-2. 微生物叢メタゲノム解析等による赤潮発生予測技術の開発

亜熱帯域のマグロ養殖漁場において、有害赤潮の発生・増殖・消滅過程を時系列でモニタリングすると同時に、他の微生物叢やプランクトン種の増減もメタゲノム解析を中心

とした遺伝子解析によりモニタリングを行う。メタゲノム解析より出力される結果から、有害赤潮種とそれ以外の生物の出現の相関を解析し、有害赤潮の増殖を促進する微生物やプランクトン、あるいは消滅に関与する微生物叢を特定する。特定した生物の遺伝子断片を赤潮の増殖・消滅の動態を予測する分子マーカーとして利用することで、有害赤潮の発生予測に資する。

#### 201-3. 微生物の生理学的シグナル等に基づく赤潮終息予測技術の開発

植物プランクトン体内の代謝物をメタノール：クロロホルム：水の混合溶媒で抽出し、ガスクロマトグラフ質量分析計 (GC/MS) を用いたメタボローム解析に供した。得られた代謝物のプロファイルから定常期後期から終息に至る植物プランクトン細胞内で特異的な挙動を示す代謝物の抽出を試みた。さらに、この指標代謝物の妥当性を実海域において発生した赤潮細胞においても検証した。

### 3) 研究結果

#### 201-1. 新規熱帯・亜熱帯性赤潮情報と養殖履歴情報の収集

伊万里湾では、平成28年から令和元年まで毎年 *K. mikimotoi* による赤潮が発生した。しかし、令和2年の最高細胞密度は1 cell/mLであり、赤潮非発生年となった。これについては、渦鞭毛藻 *Prorocentrum dentatum* が多く出現したことなどがカレニア赤潮非発生の一因と考えられた。また、梅雨の期間が6月11日から7月30日と長く、栄養塩が断続的に供給され、合間に適度な日照があったことが珪藻の増殖を促した可能性も考えられる。

このように赤潮の発生には競合種の多少、気象、海況条件や海域の地形等が複雑に関与しており、各湾にオーダーメイドの赤潮発生予察技術が必要となる可能性が示唆された。今後、環境物理データ、流動モデル解析、光条件および過去の大規模発生例等を詳細に整理し、国や大学の関係機関と連携を強め、総合的な考察を行う必要があると考えられる。

有害赤潮渦鞭毛藻 *Alexandrium leei* を検出対象とする定量PCR法について、同藻の1細胞当たりのコピー数を求める際に、DNA抽出効率を検討した。その結果、細胞からのゲノムDNA抽出時のDNA回収率は7.51%であり、得られた回収率を考慮して1細胞当たりのrDNAのコピー数を求めたところ、そのコピー数は124,216 copies/cellと求まり、回収率による補正を行う前の値(9,336 copies/cell)と比べ約13倍大きい値が得られた。よって、精度の高い同藻の定量PCR法が確立できた。

また、本定量PCR法により2016年8月に浦ノ内湾から採取した底泥コア試料において、有害種である *A. leei* のプローブ・プライマーセットを用いた定量PCR法により解析した結果、7試料から同藻が検出された。これら3試料について、メタ18S解析を用いて解析したところ、7試料のうち5試料から同藻が検出された。

また、海底泥コア解析については、すべての生物種において増幅バンドを確認することができた。さらに、魚類rRNAに関してはすべての底泥層(0-57 cm)において明瞭な増幅バンドを得ることができた。rRNAはゲノムDNAにコードされる転写産物のため、このバンドの鋳型となった遺伝子はゲノムDNAなのかrRNA自体なのかを、鋳型遺伝子をDNase I 処理後に逆転写PCRにかけることで調べた。その結果、非常に意外な結果であるが、今回得られた増幅バンドは泥中にRNAとして存在していることを明らかにした。

また、各層におけるヘテロカプサ・サーキュラリスマ感染性ウイルスの存在様態と年代を比較した結果、養殖開始後に宿主であるヘテロカプサ個体群がその量を増した可能性が示唆された。また、HcRNAVおよび近縁配列に共通するアミノ酸配列領域を標的とした縮重PCRも機能し、このアプローチは近縁ウイルスの情報収集に役立つと推察される。これらの結果は、海底堆積物コアの解析が過去の水産活動が環境影響に及ぼした影響を知るうえで有用な情報をもたらすことを示す。したがって、環境適応型ウイルス調査の意義と実施例を残すことができた。

## 201-2. 微生物叢メタゲノム解析等による赤潮発生予測技術の開発

プロジェクト期間中、夏季を中心として毎年、長崎県伊万里湾2定点、鹿児島県甑島2地点、および東京湾2定点での週1回の時系列モニタリングを計画通り実施し（東京湾福浦の地点は4年間のデータ収集）、メタゲノム解析やメタボローム解析用のサンプルを確保し、分析を行った。

2017年、2018年の東京湾の真核18S、細菌16Sのメタバーコーディング解析で得られた結果を用いて、ピアソンの相関解析を行った。東京湾からは27-28種のHAB種が検出された。このうち、22種（渦鞭毛藻、ラフィド藻、珪藻）において、複数の細菌OTUs (Operational Taxonomic Units) と正の相関が検出されたが、年によって異なる細菌OTUsと相関関係にあったことから、種特異的な関係というより、HAB種の増殖に伴い排出される有機物を利用して、細菌OTUsが日和見的に増殖している可能性が高いと推察された。一方で、浅野らが開発した、生物間相互作用における因果関係を考慮した時系列組み込みネットワーク解析の結果、珪藻Skeletonema属とラン藻Synechococcus属の出現の間に負の相関関係が見られ、Synechococcus属の出現の後に、Skeletonema属の出現密度が低下するという現象が検出された。

伊万里湾や東京湾における定点モニタリングだけでは、有害赤潮サンプルを入手できなかったため、2017年、2018年には九州沿岸や瀬戸内海沿岸各地からそれぞれ約100、約40サンプルの赤潮海水を入手し、16Sメタゲノム解析により、その細菌叢を解析した。その結果、赤潮盛期から末期のサンプルにおいては、Alteromonas属、Cytophaga, Flavobacterium属、Kordia属、Nautella属、Nereida属、Tenacibaculum属、Vibrio属等の細菌群が優占し、80%を超える割合で出現するケースも確認された。一方で、非赤潮海水サンプルにおいては、ある細菌が単独で優占するような事例は確認できなかった。赤潮海水中で優占した細菌群は、殺藻細菌として知られているグループであり、殺藻細菌の出現により、赤潮が消滅する事例があることが強く示唆された。また、これまでの赤潮海水サンプルの細菌叢解析の結果と赤潮現場において赤潮が消滅した日時を考慮すると、殺藻細菌群が>20-30%の高い割合で優占している場合、数日以内に赤潮が終息する可能性の高いことが示唆された。

伊万里湾や東京湾における細菌16Sを用いた時系列モニタリングを実施してきたが、細菌16Sのみの解析結果だけでは、どのOTUsが殺藻細菌なのか判定が出来ないことに気づいた。このため、2019年度より、より高精度に殺藻細菌の挙動をモニタリングするための手法として、①MPN法による殺藻細菌の時系列モニタリング、②MPN法において殺藻が見られた培養ウェルの細菌16S解析、③現場海水の細菌16Sを組み合わせて解析する方法を考案した。これにより、MPN法で殺藻が確認されたウェルから検出された殺藻細菌を指標とすれば、天然海から検出された細菌群のうち、どの細菌群が殺藻細菌であったのか、

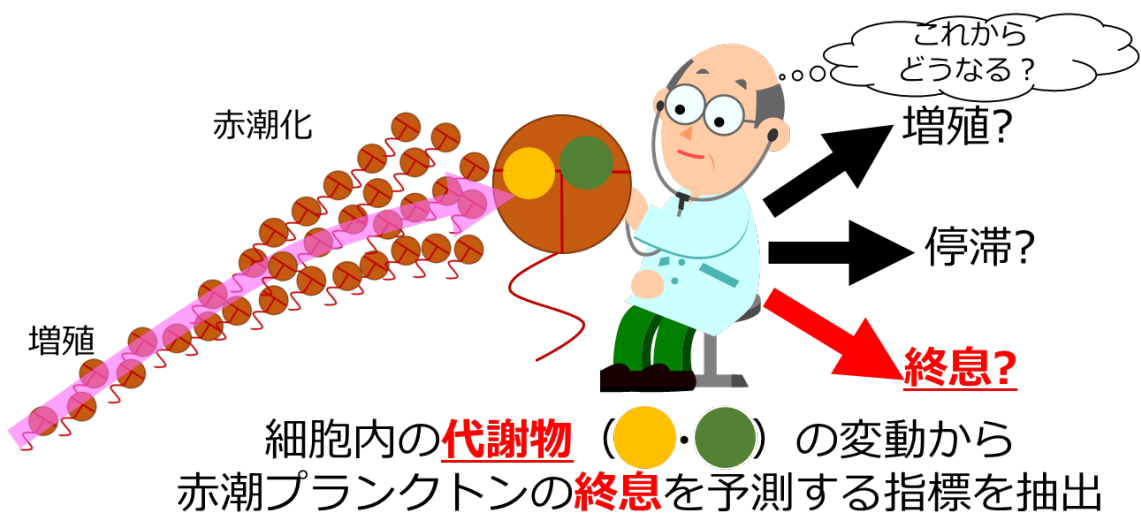


ある程度、判定が出来るはずである。2019年の東京湾における海水サンプルにおいて、*Karenia mikimotoi*を宿主として用いて、MPN法により殺藻細菌の出現密度計数を試みた(合計9サンプル)。各サンプルについて、殺藻が確認されたウェルの細菌叢を細菌16Sにより解析した結果(n = 69)、Flavobacteriaceae(フラボバクテリア科)が29%、Rhodobacteraceae(ロドバクテリア科)が25%、ラン藻 Synechococcaceae(シネココッカス科)が16%、その他が30%を占めた。各ウェルから検出された細菌群は、最優占種の配列数の割合は17.2~89.3%の範囲にあり、平均48.5%と高い値を示した。この様に、殺藻が見られたウェルでは、ある細菌群が著しく高い割合で優占し、*Karenia*細胞を殺藻することを示すものである。また、東京湾におけるプランクトン・細菌の時系列メタゲノム解析の結果、*Synechococcus*属による*Skeletonema*属の増殖抑制の検出とMPN法での殺藻細菌の同定結果から、東京湾においては、*Synechococcus*属が赤潮原因藻類の殺藻細菌として作用していることが示唆された。

以上の結果から、海水中の殺藻細菌の出現割合を指標に、有害赤潮の消滅を予測できるのではないかと考え、赤潮現場において、その日のうちに、赤潮海水中の細菌叢組成を解析できる手法の開発に取り組んだ。そこで、ナノポア社の携帯型次世代型シーケンサーであるMinIONを用いた細菌16S全長解析法に着目し、DNA抽出、PCR条件等を検討した結果、本法により、12時間程度で赤潮海水の細菌叢解析を完了することが可能であった。MinIONによる解析結果をMiseqによるものと比較した結果、優占種の検出に関しては、遜色なく検出されることを確認した。今後、さらに多くの赤潮海水中の細菌叢を解析することで、本法による赤潮消滅予測手法を確立したい。

### 201-3. 微生物の生理学的シグナル等に基づく赤潮終息予測技術の開発

植物プランクトンを用いたメタボローム解析に着手し、植物プランクトンから抽出した代謝物の変動から生理状態を診断する手法を開発した(Hano and Tomaru, 2019)。得られた



代謝物のプロファイルから定常期後期に顕著に増加する指標を抽出し、終息予測に有効であることを見出した。さらに、これらの現象の全てまたは一部を珪藻1種、渦鞭毛藻3種を用いた室内試験で確認し、当該指標が種横断的に適用可能であることが示された。

#### 4) 成果活用における留意点

##### 201-1. 新規熱帯・亜熱帯性赤潮情報と養殖履歴情報の収集

海底堆積物コア中のウイルスを指標として海洋の過去の生物環境を推定する方法についてはTakahashi et al. Sci. Tot. Env. 770: 145220 (2021)として発信した(ダウンロード可能)。魚類等その他の生物に関する履歴については、さらに条件を検討した後、論文化を目指す。なお、同技術の使用に際しての相談は適宜受けることが可能である。

##### 201-2. 微生物叢メタゲノム解析等による赤潮発生予測技術の開発

5年間に取得したデータ(今年度の伊万里湾、甕島、東京湾におけるメタゲノムデータおよび環境データは整理・解析中)は、今後、さらに詳細な解析を行い、論文化する予定である。2年間ほどのデータ整理・論文作成期間を経た後は、外部の研究者が使用したい申し出があった場合は、データ取得者と要相談という事で対応させていただきたい。

##### 201-3. 微生物の生理学的シグナル等に基づく赤潮終息予測技術の開発

実海域の赤潮ランクトンの終息予測の手法の確立にあたっては、汎用性、すなわちプランクトン生理に詳しくない初心者でも簡単にその診断が可能となるような基盤技術になることを目指した。当該指標を算出することの最大の利点は経験や専門的な知識を要する細胞の計数が不要であることであり、容易に生理状態の診断が可能となる。

#### 5) 今後の課題

##### 201-1. 新規熱帯・亜熱帯性赤潮情報と養殖履歴情報の収集

海底堆積物中から過去の生物環境を把握可能であることが示されたが、その時間軸は少なくとも数年単位以上であり、時間スケールについては問題が残された。今後、さらにコアの厚さを薄くして解析を行うことにより、より詳細な生物履歴(例;赤潮発生履歴)を明らかにできるものと期待される。

##### 201-2. 微生物叢メタゲノム解析等による赤潮発生予測技術の開発

大規模が赤潮した場合、1ヶ月も赤潮状態が継続する事例がある。赤潮現場の魚類養殖場においては、餌止めによる斃死軽減が主たる対策として取られている。養殖業者は、餌止めを解除する正確な時期を知る必要があり、このため、赤潮の発生予測だけでなく消滅予測も重要な研究課題となる。本研究において、殺藻細菌群の出現割合を指標とした赤潮消滅予測技術を確立した。しかし、まだ予測精度の検証が不十分であり、今後さらに天然赤潮海水や培養実験による詳細な解析等、研究の継続により予測精度を上げる努力をするのが課題として残された。

##### 201-3. 微生物の生理学的シグナル等に基づく赤潮終息予測技術の開発

本事業で抽出した指標に基づく診断手法の頑健性を評価するため、実海域におけるデータの蓄積が必要である。また、現在は指標代謝物をGC/MSにより測定しているが、社会実装のためにはこれらの指標代謝物を容易かつ迅速で好感度に検出するためのキット化技術の確立が不可欠である。

小課題番号	301	小課題 研究期間	平成28～令和2年度
小課題名	電気的手法を用いた漁場環境改善技術の開発		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・生体機能触媒研究チーム・中村龍平		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

本課題では、リアルタイム環境電位測定法の開発および基質（炭素）等を用いた全く新しい養殖漁場改善技術の開発を目指す。

### 2) 研究方法

301-1. 環境中の電位差を利用した微生物叢制御による養殖漁場環境改善技術の開発

電位センサーを用いた環境診断という新たな概念を実証すべく、養殖場の底質環境を模した培養リアクターを開発し、環境電位のリアルタイム計測を行った。特に、野外への応用を念頭に置き、赤潮発生と密接な関係がある有機汚濁に着目し、有機物の添加による電位変化のその電位の挙動から、自浄作用ポテンシャルを予測する技術の開発に取り組んだ。また、同培養リアクターを用い、養殖場底質に炭層棒を埋設し、電位変化を計測し、電位制御の効率を最大化するための炭素棒の多孔質度や電気伝導度、また、炭素棒の密度(間隔)や底質に射し込む深さ等の検討を行った。

以上の培養リアクターを用いた実験室での実証試験を踏まえ、電子機器開発ならびに無線通信技術を専門とする企業とともに開発した屋外電位計測システムを用いて、瀬戸内水研が保有する屋外水槽及び熊本県天草市のクルマエビ養殖場にて、長期間に渡る底質電位計測を実施した。

### 3) 研究結果

301-1. 環境中の電位差を利用した微生物叢制御による養殖漁場環境改善技術の開発

実験室での実証試験より、底質の汚染度、より具体的には有機汚濁の進行度に応じて、電位が鋭敏に応答することを確認した。引き続き、電子機器開発ならびに無線通信技術を専門とする企業とともに開発した屋外電位計測システムを用いて、瀬戸内海区水産研究所が所有する6トンの屋外水槽の底質に設置し、長期間の電位計測を実施した。その結果、外部電力無接続の環境において約8カ月間の連続電位計測に成功し。また、電位計測システムを改良することでシステム全体のコスト削減を行い、一台当たり大凡1万円となった。引き続き、熊本県天草市のクルマエビ養殖場にて、養殖実施期間中に底質電位計測を実施し、5カ月間の連続電位計測に成功した。観測された電位計の値は、漁場環境の重要な指標となる硫化物量および溶存酸素濃度との相関が認められた。さらに、養殖現場において計器の耐久性も確認され、社会実装の可能性が十分に示された。炭素棒(竹炭)による底質改善技術の現場での実現性を客観的に評価するため、屋外大型実験池や各種養殖生物の実験水槽にてケーススタディを実施した。その結果、クルマエビを飼育している実験水槽で高い汚

染の進行を抑制する効果が認められた。また、使用に関して設置も容易であり、生物に対する悪影響を懸念する必要が少ないことから、養殖現場への適用性も高いとの見解をいただいた。

#### 4) 成果活用における留意点

301-1. 環境中の電位差を利用した微生物叢制御による養殖漁場環境改善技術の開発

本技術は、既に基本特許を押さえている。また、電位計測システムのコストの大幅削減に成功している。そして、IoTを専門とする企業との連携も密に進めていることも、成果活用に向けて順調に進んでいるといえる。

#### 5) 今後の課題

301-1. 環境中の電位差を利用した微生物叢制御による養殖漁場環境改善技術の開発

本技術をより確かなものとするため、養殖場現場での更なる実証試験を進める。また、IoTを専門とする企業との連携を強化し、双方向通信技術も取り込んだシステムまで昇華させる。

#### <引用文献>

[1] 発明の名称：環境電位を指標にした環境の恒常性測定装置および環境電位を利用した自動給餌システム 出願番号：JP2017/028271 出願日：平成29年8月3日 出願人：国立研究開発法人理化学研究所、国立研究開発法人水産研究・教育機構 発明者：中村龍平、梅澤明夫、伊藤克敏、伊藤真奈

[2] 伊藤 克敏(2019)漁場環境の恒常性を保つ底質管理 環形動物による浄化とORP監視のススメアクアネット12月号特集 生簀の下はどうなってるの？

[3] Ito K, Ito M, Hano T, Onduka T, Mochida K, Shono N, Nakamura R (2019) Marine sediment conservation using benthic organisms. Bull. Jap. Fish. Res. Edu. Agen., 49, 45-51

Ⅲ 研究成果一覧【公表可】

個別課題番号 16808839

課題名 有害プランクトンに対応した迅速診断技術の開発

成果等の集計数

課題番号	学術論文		学会等発表(口頭またはポスター)		出版図書	国内特許権等		国際特許権等		PCT	報道件数	普及しうる成果	発表会の主催(シンポジウム・セミナー)	アウトリーチ活動
	和文	欧文	国内	国際		出願	取得	出願	取得					
16808839	1	2	8	4	1	0	0	0	0	1	0	0	1	2

(1)学術論文

区分:①原著論文、②その他論文

整理番号	区分	タイトル	著者	機関名	掲載誌	掲載論文のDOI	発行年	発行月	巻(号)	掲載ページ
1	②	有害・有毒プランクトンモニタリング技術の高度化と応用	長井 敏	中央水産研究所	日本水産学会誌		2018	5	84	357-360
2	①	Comparative analysis of morphological and molecular approaches integrated into the study of the dinoflagellate biodiversity within the recently deposited Black Sea sediments – benefits and drawbacks.	Dzhembekova N, Rubino F, Nagai S, Zlateva I, Ivanove P, Slabakova N, Moncheva S	ブルガリア科学アカデミー、CNR-IRISA、中央水産研究所、ブルガリア科学アカデミー、ブルガリア科学アカデミー、ブルガリア科学アカデミー、ブルガリア科学アカデミー、ブルガリア科学アカデミー	Biodiversity Data Journal	10.3897/BDJ.8.e55172	2020	9	8	e55172
3	①	Chronological distribution of dinoflagellate-infecting RNA virus in marine sediment.	Michiko Takahashi, Kei Wada, Yoshihito Takano, Kyohei Matsuno, Yuichi Masuda, Kazuno Arai, Masafumi Murayama, Yuji Tomaru, Kouki Tanaka, Keizo Nagasaki.	高知大学 宮崎大学 日本ソフトウェアマネージメント 水産研究・教育機構	Sci. Total Env.	10.1016/j.scitotenv.2021.145220	2021	1	770	145220

種別(和文or欧文)

## (2)学会等発表(口頭またはポスター)

整理番号	タイトル	発表者名	機関名	学会等名	発行年	発行月	種別(国際or国内)
1	Metabarcoding in marine eukaryotes	Nagai S	水産研究・教育機構 水産資源研究所	Illumina webinar	2020	6	国内
2	海洋環境における真核生物のメタバーコーディング	長井 敏	水産研究・教育機構 水産資源研究所	イルミナ社研究ウェビナー	2020	6	国内
3	海底泥コア試料からの渦鞭毛藻ウイルスHcRNAVの探索	高橋迪子	高知大学	第35回中四国ウイルス研究会	2020	9	国内
4	縮重PCRを用いた渦鞭毛藻感染性ウイルスHcRNAVに近縁なウイルスの探索	増田雄一	高知大学	2020年度日本ベントス学会・日本プランクトン学会合同大会	2020	9	国内
5	海底泥コアにおける渦鞭毛藻ウイルスHcRNAVの時系列分布	高橋迪子	高知大学	JSME Envirus Meeting2020	2020	9	国内
6	Detection of HAB species by eDNA technology	Nagai S	水産研究・教育機構 水産資源研究所	Inetrnational and National Seminar on Fisheries and Marine Science IX (Indonesia)	2020	9	国際
7	Recent progress of eukaryotic metabarcoding in Japanese coastal waters	Nagai S	水産研究・教育機構 水産資源研究所	PICES-2020	2020	10	国際
8	海洋におけるビッグデータの獲得と利用ー紋別市における時系列データを例に	長井 敏	水産研究・教育機構 水産資源研究所	環境DNA学会第3回大会・第36回個体群生態学会合同大会要旨集	2020	11	国内
9	Acquisition and utilization of marine big data—time series monitoring in Mombetsu Hokkaido Japan as an example.	Nagai S	水産研究・教育機構 水産資源研究所	The Joint meeting of the eDNA Society & the Eociety of Population Ecology	2020	11	国際
10	メタバーコーディングによる微小プランクトン検出技術の現状	長井 敏	水産研究・教育機構 水産資源研究所	マリンバイオテクノロジー学会秋のシンポジウム2020	2020	12	国内
11	Harmful Algal Blooms in the North Pacific: current dynamics and impact to marine ecosystems	Nagai S	水産研究・教育機構 水産資源研究所	The Russian Academy of Science international webinar	2020	12	国際
12	海底泥コアを用いた渦鞭毛藻ウイルスの環境遡及的アプローチについて	高橋迪子	高知大学	ウイルス学若手研究集会2020	2020	12	国内

## (3) 出版図書

区分:①出版著書、②雑誌(学術論文に記載したものを除く、重複記載をしない。)、③年報、④広報誌、⑤その他

整理番号	区分	著書名(タイトル)	著者名	機関名	出版社	発行年	発行月
1	②	先端技術による有毒プランクトンのモニタリングの高度化	長井 敏、Sildever S、西 典子、田澤 賢、葛西広海、塩本明弘、片倉靖次	中央水産研究所、日本学術振興会、アクシオヘリックス、アクシオヘリックス、北海道区水産研究所、東京農業大学、紋別市役所	月刊海洋	2020	5

## (4) 国内特許権等

区分:①育成者権、②特許権、③実用新案権、④意匠権、⑤回路配置利用権

整理番号	区分	特許権等の名称	発明者	権利者(出願人等)	機関名	出願番号	出願年月日	取得年月日

## (5) 国際特許権等

区分: ①育成者権、②特許権、③実用新案権、④意匠権、⑤回路配置利用権

整理番号	区分	特許権等の名称	発明者	権利者 (出願人等)	機関名	出願番号	出願年月日	取得年月日	出願国
1	②	環境因子予測装置、方法、プログラム、学習 済モデルおよび記憶媒体	伊藤 研悟, 菊地 淳, 松本 朋子, 朝 倉 大河, 黒谷 篤之	理化学研究所	理化学研究所	PCT/JP2020/1647 2	2020/4/14		

## (6) 報道等

区分: ①プレスリリース、②新聞記事、③テレビ放映、④その他

整理番号	区分	記事等の名称	機関名	掲載紙・放送社名 等	掲載 年月日	備考

## (7) 普及に移しうる成果

区分: ①普及に移されたもの・製品化して普及できるもの、②普及のめどがたったもの、製品化して普及のめどがたったもの、③主要成果として外部評価を受けたもの(複数選択可)。

整理番号	区分	成果の名称	機関名	普及(製品化) 年月	主な利用場面	普及状況



## (8)発表会の主催(シンポジウム・セミナー等)の状況

整理番号	発表会の名称	機関名	開催場所	年月日	参加者数	備考
1	理研 CSRSインフォマティクス・データ科学推進プログラム成果報告会	理化学研究所 環境資源科学研究センター	Web	2021/2-3月(未定)	不明	

## (9)アウトリーチ活動の状況

区分:①一般市民向けのシンポジウム・講演会及び公開講座・サイエンスカフェ等、②展示会及びフェアへの出展・大学及び研究所等の一般公開への参画、③その他(子供向け出前授業等)

整理番号	区分	アウトリーチ活動	機関名	開催場所	年月日	参加者数	主な参加者	備考
1	①	水産資源保護啓発研究事業(巡回教室)	水産研究・教育機構 理化学研究所	岩手県大槌町	2020/10/7	40	漁業者	
2	①	高知県漁協および高知県水試との勉強会	水産研究・教育機構 理化学研究所 高知大学	高知県須崎市	2020/11/18	10	漁業者	