

## プロジェクト名： 地球生命システムの環境・遺伝基盤の解明と モデル化・予測に向けた研究

プロジェクトディレクター： 神田啓史

### 1. 研究目標

生命と地球環境は互いに影響しあって今日に至っている。どのように相互作用して、生命は進化し、多様化してきたかのメカニズムを理解するために、数 10 万～100 万年を経て封印されてきた過去のタイムカプセルである氷床コア中の微生物や極限環境に生きる生物の遺伝子構成や発現パターン・機能を解析し、地球及び生命システムを解明することを目標とする。

### 2. 研究概要

#### (1) 研究の理念

新領域融合研究センターの三つの課題、「生命システム」、「地球環境システム」、及び「複雑システムモデル化・情報処理」の融合研究領域を進めるにあたって、企画の当初から、南極氷床コアの生物相の研究に最新のゲノム解析の手法が加わることにより、地球環境変動と微生物の進化・多様化の研究や地球と生命の相互作用がシミュレーション研究と一挙につながるなど、これまでの枠組みでは考えられなかった成果が期待されると考えられていた。この観点に立って、本研究プロジェクト「地球生命システムの環境・遺伝基盤の解明とモデル化・予測に向けた研究」では、生物の時間的変動と環境による変動に着目して、以下の二つのサブテーマに沿って研究を進める。サブテーマの研究内容は相互に関係し、共通部分も多いため、明確に分けることはできないが、研究目的を遂行するために便宜的に設けたものである。各サブテーマにはさらに共同研究者が具体的に実施する研究課題がある。

#### (2) 二つのサブテーマ

##### 「古環境タイムカプセルとしての氷床コアの解析」

地球生命の時間的な変動と環境との関連において、DNA情報取得の唯一の可能性は凍結地帯であると考えられ、極域の氷床コア解析はきわめて興味深い。とくに南極の約 100 万年を経て封印された氷床コアから抽出された微生物等を年代順にゲノム情報を得ることにより、微生物がいつ、どのような環境と相互作用して生命システムを多様化・進化してきたのが明らかにできる。このためには、極微量の難培養性微生物の扱いや混合系のゲノム解析など、新分野が開ける可能性がある。

研究課題

- 1) 微生物解析方法の開発
- 2) アイスコア中の微生物及び生物起源物質解析による古環境復元
  - ①微生物及び生物起源物質を環境指標としたアイスコア解析法
  - ②氷河生態系におけるバクテリアの生態

- ③ 南極氷床（氷山）から分離した古代バクテリアのゲノム解析
- 3) 氷床コアゲノム解析法の開発
- 4) 難培養微生物のゲノム解析手法の開発
- 5) 抗生物質耐性遺伝子の分析手法の開発
- 6) 南極ドームふじ基地氷床コアの深層掘削

### 「極限環境生物システムの比較研究」

生物学においては実験モデル生物を使用した生命システムの研究が進んでいるが、その解明には多様なシステムの比較が必要である。このためには極低温や強紫外線という南極などの極限環境下で生息する生物の遺伝子構成や発現パターン・機能を解析してその適応戦略を明らかにし、他地域の生物との比較を通して地球全体で生命システムを理解する。

#### 研究課題

- 1) 極限環境の生物
  - ① 極限環境に生息する線虫の研究
  - ② 南極ヌナタークに生育する地衣類
  - ③ 南極地域由来新規微生物の分離と同定
  - ④ 南極湖沼生物における地史的変遷
  - ⑤ 南極「コケ坊主」生態系における微生物相の解析
  - ⑥ 海底熱水地帯の微生物解析
  - ⑦ 南極地域遺伝子資源からの極限環境バクテリアの分離
- 2) 環境微生物遺伝子資源解析のための情報基盤の整備
- 3) 極限環境生物統合データベースの構築

### (3) 期待される効果

極限環境から得られた試料を無菌的に処理し、微生物を抽出、検出する方法を開発することが、本研究の独創性である。とくに氷床氷からの微生物の抽出法、検出法が可能になれば、地球環境に飛来する生物の過去数10万年～100万年前の過去の生物のタイムカプセルの復元が期待される。これらの環境には“進化が遅れた”過去の微生物が生き残っている可能性があり、地球上ではこの場所以外では入手できない貴重な“生きた微生物化石”の宝庫ともいえる。遺伝的変異を主とした進化学的研究、新規及び有用微生物の発見につながる先端的な研究が期待できる。

情報・システム研究機構の4研究所が中心となって、機構外の大学、研究機関の研究グループと連携して融合的に研究を進め、極地環境における生物資源とゲノム解析技術及び、統計・情報解析技術を融合させることにより、これまでにない新しいアプローチを取りえる可能性がある。

### 3. 年次計画

テーマ	16年度 予備研究	17年度 プロジェクト初年度	18年度	19年度 中間評価	20年度	21年度
古環境タイムカプセルとしての氷床コアの解析	←					→
極限環境生物システムの比較研究	←					→

#### 平成16年度（予備研究）

平成16年度の予備研究では1) 地球生命システムの遺伝・環境基盤の解明とモデル化予測に向けた研究、2) 極限域の生物・微生物の特異性解析と生物体検出法の開発、3) 環境微生物遺伝資源解析のための情報基盤の整備ならびに新規微生物探索、4) 地球生命システム解明に向けた情報基盤形成の4課題が提案された。それぞれの課題について情報交換しつつ、かつ、国立極地研究所に保存されている南極、北極の極地砂漠域、湖沼域、雪氷域から得られた氷床氷、氷山水、蘚苔・地衣類、藻類、シアノバクテリア、微生物試料（原生動物、微小動物を含む）について、冷凍試料からの生物復元の予備実験を通して、今後の共同研究の可能性について調査、検討した。その結果、最終的には「地球生命システムの遺伝・環境基盤の解明とモデル化予測に向けた研究」として一本化し、新領域融合プロジェクトの傘テーマとして研究を開始することになった。

#### 平成17年度（プロジェクト開始）

南極氷床試料から無菌的に微生物を抽出する設備、装置の開発を通して微生物抽出法の確立を目指す。実際に南極での現地観測を実施し、現地で採取した浅層氷床コア、氷山水等による微生物抽出を試みる。一方、国立極地研究所に収納されている両極の極限環境より収集された蘚苔類、地衣類、藻類、シアノバクテリア、微小動物の保存法、再生能力に関する実験、データベースを構築する。

具体的には、「古環境タイムカプセルとしての氷床コアの解析（時間軸）」では、微生物解析方法の開発、アイスコア中に含まれる微生物、および極限環境下で生息する生物解析、難培養微生物のゲノム解析手法の開発、抗生物質耐性遺伝子の分析手法の開発、南極ドーム基地氷床コアの深層掘削、北極スバル諸島の氷床コアの研究等を目的とする。一方、「極限環境生物システムの比較研究（環境軸）」では環境微生物遺伝資源解析のための情報基盤の整備、南極産線虫、露岩域植物多様性、及び湖沼生物等の極限環境生物の解析、極限環境生物統合データベースの構築を目的とする。その他、4研究所を中心に、研究計画の策定、情報交換、成果発表などを目的として、研究集会を設ける。

#### 平成18年度

平成17年度末に、南極ドームふじ基地で3028.52mの深層氷床コアの掘削に成功した。これ

により南極氷床コア 3,000m 分の試料からの微生物解析を目的としたクリーンルーム、氷床コア融解装置等の分析機器の整備、充実が急務となっている。時間軸と生物進化を目標とした氷床コアから抽出される微生物の研究は、物理的、化学的データとが一体となって解析される。これまでの氷床コアそのものを融解して、微生物を無菌的に抽出する方法はサンプル量の多い浅層掘削氷床サンプル、氷河生物、冰山氷などでは有効であるが、2500m以深のサンプルは物理、化学、生物情報を効率よく収集する装置の開発や解析方法を確立することが重要である。本年度予定されている氷床下の岩盤掘削のために、現地観測と岩盤の採取方法について検討する。

平成17年度においては、比較的サンプル量の多い氷床コアを対象にした新型融解装置が完成したので、すぐに解析が可能な北極（スバルバル）の氷床コアからの微生物抽出、解析を開始する。この解析を基礎にして、十分に解析法を習熟した段階で南極ドーム氷床コアの解析に着手する。また、氷床コア解析のアイスコアコンソーシアム（ICC）の協力体制を整えつつ、平成17年度に採取した南極の浅層氷床コア及び極限環境から生物を抽出する。氷床コアと極限環境より得られた微生物の抽出法の開発と設備、装置の設計を進め、試料の保存法を考慮して、新型氷床融解装置による微生物を抽出する。その他、難培養微生物のゲノム解析法、耐性遺伝子の分析手法の開発、微生物の顕微解析法、微生物の非培養及び培養、増殖による遺伝学的解析、極限環境微生物の生理性状、分離株解析、分類学的解析、氷床の年代等環境データの整理、Webマイニングによる微生物情報取得、及び環境及び微生物のデータベースの構築を目指す。

一方、環境軸と生物システムの比較研究として、南極、スピッツベルゲン、アラスカ、チベット、チリなどの極地及び周辺域の様々な環境から収集されてきた氷床コアをはじめとした氷雪、湖沼水、岩石及び微生物試料を現場から国内の研究機関に輸送し、これらを無菌的に処理して、微生物を抽出し、遺伝・環境基盤の解析を進める。微生物の解析としては従来の培養法と平行して非培養法の開発を進め、最終的に微生物の種の決定、全ゲノムなどの遺伝子解析を行なう。新規微生物の探索手法の開発では、G-InforBIO（SOMのスタンドアロン版）の系統分類解析への機能拡充、環境由来配列データへのアノテーション付与とデータベース公開、短い断片配列に対する系統推定法の改良、環境サンプルによるSOMを利用した系統分類法の検証、得られたメタゲノム配列中に存在する遺伝子領域を対象とし、アミノ酸組成による生育環境の予測を行う。南極産線虫の極限環境への適応戦略を明らかにするために、線虫の持つ高度な凍結、乾燥に対する耐性の機構を分子レベルで解明し、さらには有用遺伝子の発見を目指す。生きた線虫の単離、同定を行い、mRNA、ゲノムDNAを採集、EST解析、ゲノム配列の決定を開始する。その他、地衣類を中心とした極限露岩域植物多様性研究、湖沼生物・微生物等の遺伝子解析を行う。

#### **平成19年度**（中間評価の年度）

平成19年度は本研究の5年計画3年目に当たり、中間評価が加わる。とくに平成18年度に実施した、レビュー委員による評価、意見（本報告の6.平成18年度の研究レビュー参照）を考慮して、これまでの研究の理念に沿った二つのサブテーマの研究経過と成果をとりまとめるとともに、最終的な目標である地球環境変動と微生物の進化・多様化、地球と生命の相互作用のシ

ミュレーション研究に向けての自己評価を行う。同時に、微生物資源の共同研究体制、とくにゲノム解析技術及び、統計・情報解析技術における機構内外の研究機関、大学との連携、融合研究の成果についても自己評価を行う。

平成17、18年度に採取した南極の浅層氷床コア及び極限環境から生物を抽出する。試料の受け入れ、保存法を考慮してこれまでに開発してきた氷融解装置によって微生物を抽出する。南極氷床コアについては平成18年度に最終的に掘削に成功した3035.22mまでの深層氷床コア（ドーム氷床コア）の解析、及び、採取された氷床下岩盤の微生物分離の準備を開始する。

極限域生物の比較研究では難培養微生物のゲノム解析法、耐性遺伝子の分析手法の開発、微生物の顕微解析法、微生物の培養法による遺伝学的解析などの開発を引き続き進める。とくに難培養微生物に関連して、南極氷床コアに対するメタゲノム解析の開発を進める一方、平成19年度より古環境の遺伝資源を解明する究極的な氷床コアの微生物解析として、1細胞からのゲノム解析手法の開発に着手する。これまでに実施してきた南極産線虫、露岩域植物多様性、湖沼微生物、湖底・海底堆積物の微生物群集構造の解析、デッドチムニー等の分離株解析、遺伝子解析および生理性状解析、及び雪氷生物の生態、大気生物成分の供給源に関する調査をさらに進める。さらに、氷床の年代等環境データの整理、Webマイニングによる微生物情報取得、およびデータベース構築を行う。

### 平成20年度

ドーム氷床コア及び氷床岩盤微生物の抽出、遺伝学的解析、難培養微生物のゲノム解析手法の開発、ゲノム解読、遺伝子/ゲノム進化の解析、メタゲノム解析および1細胞からのゲノム解析手法の開発を引き続き行う。

これまでに実施してきた南極産線虫、露岩域植物多様性、湖沼微生物、湖底・海底堆積物の微生物群集構造の解析、デッドチムニー等の分離株解析、遺伝子解析および生理性状解析、及び雪氷生物の生態、大気生物成分の供給源に関する調査をさらに進める。さらに、氷床の年代等環境データの整理、Webマイニングによる微生物情報取得、およびデータベース構築を行う。

### 平成21年度

研究計画の最終年度として、サブテーマ1「古環境タイムカプセルとしての氷床コアの解析」では、ドーム氷床コアの微生物及び岩盤域の氷床微生物のゲノム解読、遺伝子/ゲノム進化の解析およびメタゲノム解析の結果をまとめる。また、サブテーマ2「極限環境生物システムの比較研究」では南極産線虫、露岩域植物多様性、湖沼生物・微生物等の極限環境微生物の遺伝子解析、海底堆積物の微生物群集構造の解析、分類学的解析の結果をとりまとめる。難培養微生物のゲノム解析手法、1細胞からのゲノム解析手法などの開発研究は引き続き行う。最終的に、極地環境における生物資源とゲノム解析技術及び、統計・情報解析技術を融合させることにより、地球環境の変動と微生物の進化・多様化の相互作用が理解され、地球生命システムのモデル化と将来予測が可能になる。

#### 4. 平成19年度研究実施体制

- [国立極地研究所] 藤井理行、本山秀明、東久美子、藤田秀二、伊村 智、工藤 栄、  
内田雅己、瀬川高弘、中澤文男、金子 亮、植竹 淳
- [国立遺伝学研究所] 小原雄治、仁木宏典、小方康至、菅原秀明、鈴木えみこ、鹿児島浩、  
馬場知哉、柳原克彦
- [国立情報学研究所] 藤山秋佐夫、武田秀明、市瀬龍太郎、荒井紀子、小林悟志
- [北海道大学] 福井 学、高野淑識
- [秋田大学] 井上正鉄
- [千葉大学] 竹内 望
- [東京工業大学] 幸島司郎
- [日本大学] 成田貴則
- [玉川大学] 吉村義隆
- [東京薬科大学] 横掘伸一
- [長浜バイオ大学] 池村淑道、阿部貴志
- [京都大学] 今中忠行
- [京都府立大学] 牛田一成
- [広島大学] 長沼 毅
- [島根大学] 大谷修司

#### 5. 平成18年度の研究進捗

「古環境タイムカプセルとしての氷床コアの解析」では北極、南極、及び中国高山域、南米の氷床、氷河のアイスコア等から微生物の抽出を行なった。汚染を避けるため特殊なヘッドを装備した融解装置を開発した。氷床コアの難培養微生物、新規微生物検出のためのゲノム解析のため、メタゲノム解析、全ゲノム DNA 増幅の開発、および培養可能な生物のゲノムシーケンス、低コストシーケンス法の開発を引き続き行った。一方、「極限環境生物システムの比較研究」では南極、ロシア・アルタイ山脈、チベット、アラスカ、南米チリの氷河生態系の微生物の役割を検討した。南極氷床の微生物相は南米の熱帯雨林であるという仮説を提唱し、ブラジルとの共同研究を開始した。南極湖沼試料から広範囲好塩菌を単離・培養するとともに、ゲノム DNA を抽出してそれらの多様性評価を行い、コケ坊主生態系における生物種の分布を解析した。南極大陸に生息する線虫の培養とゲノム解析によって、分子系統分類と形態分類の両面からの解析を引き続き行った。本年度のセルソーター及び走査型電子顕微鏡の導入によって、微生物の細胞レベルでの質的量的研究、微生物の顕微解析法の開発を行った。

##### サブテーマ1. 古環境タイムカプセルとしての氷床コアの解析

###### 1) 微生物解析方法の開発 (瀬川、幸島、植竹、吉村、竹内、牛田、神田)

アイスコア表面からのコンタミネーションを除去するために、氷内部、氷内部と氷外部との中

間部、および氷外部のサンプルをそれぞれ独立して採取するための融解装置の改良を行った。また、サンプル毎のクロスコンタミネーションを回避させるための改良や、レーザー距離計を用いた高時間分解能でのサンプル抽出などをおこなう氷床コア融解装置の開発を行った。

## 2) アイスコア中の微生物及び生物起源物質解析による古環境復元

### ①微生物及び生物起源物質を環境指標としたアイスコア解析法（同上）

平成17年度に南米チリ共和国中部火山群の Mocho 火山と Osorno 火山山頂氷河において採取した3本の10mアイスコア、及びロシア・アルタイ山脈のベルーハ氷河、中国・Dunde アイスキャップのアイスコアの分析を行い、雪氷藻類や花粉などの生物成分が、これらの地域のアイスコア年代決定に有効な年層指標となることを確認した。南極氷床アイスコアに含まれる大気起源細菌などの生物成分の供給源を特定し、環境指標としての可能性を検討するために、ブラジルの熱帯雨林、およびチリの温帯林と乾燥域で、大気中の生物成分に関する予察的調査を、それぞれブラジル共和国アマゾン流域研究所（INPA）及びチリ科学研究センター（CECS）との共同研究として行った。吸引によってフィルター上に採取した大気微粒子サンプルから細菌遺伝子を抽出し、塩基配列を解読することによって種の特特定が可能であることなどを確認した。

### ②氷河生態系における細菌の生態（同上）

アイスコアから無菌的な条件下でのサンプル抽出や連続分注など、前年度に引き続いて氷床コア融解装置の試作と改良を行い、ほぼ当初の目的を達成できる装置の開発の見通しがたった。また、共焦点レーザー顕微鏡やセルソーターなどを利用して、アイスコア中の細菌群集構造解析を可能にすることを試みるなど、アイスコア中の生物成分の新たな解析法を開発をさらに進めた。その他、アラスカ、グルカナ氷河で採取された、雪氷中で増殖する新規な細菌を記載するための分析を行った。

### ③南極氷床（氷山）から分離した古代細菌のゲノム解析（小方、阿部、成田）

南極の数千年前の物と目される氷山の氷から、雑菌が混入しない様に無菌的に古代細菌の分離を試みた。

## 3) 氷床コアゲノム解析法の開発（成田、小原、阿部、小方）

低コストシーケンス法の開発及び高効率クローニング法を開発を引き続き目指した。とくに18年度は南極氷山の融解液から全ゲノム増幅を行い、DNAの増幅を試みた。

## 4) 難培養微生物のゲノム解析手法の開発（阿倍、菅原、池村、小方、成田）

昭和基地周辺よりサンプリングされた数千年前の氷床コアをテストケースとしてメタゲノム解析を実施し、得られたDNA断片配列に対し、自己組織化地図法(SOM)解析によって、系統推定を実施した。メタゲノム解析は、小方らによる無菌的なサンプル採取、成田らによるDNAの増幅、塩基配列の決定によって行われ、11,414サンプルについて配列決定が行われた。

## 5) 抗生物質耐性遺伝子の分析手法の開発（牛田、幸島、瀬川、竹内）

千葉大学竹内らによって採取された中国蘭州氷河試料（甘粛省・祁連山脈・Dundee 氷河）から、抗生物質使用の歴史的背景に基づいて1918年、1960年、1987年、1996年、1997年、2001年代のアイスコアに注目し、テトラサイクリン系・β-ラクタム系・グリコペプチド系・キノロ

ン系・アミノグリコシド系・マクロライド系・クロラムフェニコール系の合計 42 種の抗生物質耐性遺伝子の検出を試みた。

氷試料を無菌的に解凍後、Segawa 他(2005)の方法で DNA を抽出した。この DNA 試料をテンプレートとして、対象とした抗生物質耐性遺伝子のフォワードプライマーとリバースプライマーを用いてそれぞれの配列に応じた温度サイクル条件で PCR 増幅を行った。その後、増幅産物の配列を解読し、目的の抗生物質耐性遺伝子であることを確認した。その結果、1918 年代のアイスコアからアミノグリコシド系抗生物質耐性遺伝子 (*strA*)、1996 年のアイスコアからテトラサイクリン系抗生物質耐性遺伝子 (*tet(K)*)と  $\beta$ -ラクタム系抗生物質耐性遺伝子 (*ampC*)、およびアミノグリコシド系抗生物質耐性遺伝子 (*strA*)、1997 年のアイスコアからテトラサイクリン系抗生物質耐性遺伝子 (*tet(W)*)の増幅が認められた。

#### 6) 南極ドームふじ基地氷床コアの深層掘削 (藤井、本山、東、藤田、牛田、幸島、瀬川)

過去数十万年の地球環境変動の解明を目的として、2003 年 12 月から第二期ドームふじ観測計画「南極氷床深層掘削計画」が開始され、2007 年 1 月 26 日に 3035.22m のコアの掘削に成功した。ドームふじにおける掘削は 2006 年 1 月に 3028.52m の深度に達していたが、時間切れのため、それ以上掘削を継続することができなかった。当初計画では 2006 年 1 月で掘削を終了する予定であったが、2006/2007 年のシーズンに氷床最深部の掘削に再挑戦することになり、2006 年 12 月 19 日から掘削を再開した。2005/2006 年のシーズンは、深度 3000m を超えるまで掘削が非常に順調に進んだが、深度 3000m を越える頃から、掘削は困難になった。これは、岩盤から伝わる地熱のため、氷床底部で氷温が上昇することが主な原因である。氷床底部は圧力融解点に非常に近く、切削チップが輸送中に氷化したり、掘削機の刃による摩擦熱で融けた氷が再凍結したりすることにより、掘削が困難になったと考えられる。2006/2007 年シーズンの掘削は困難を極め、1 回 4 時間以上かかる掘削で、コアが採取できないことも度々あった。コアが採取できた場合でも、コア長は数センチから二十数センチ程度のことが多かった。深度 3030m を超える頃から、融解水がしみだして再凍結したと考えられる氷が採取されるようになった。また、岩盤の屑と考えられる粒径数ミリの固体粒子が氷の中に見出されるようになった。2006/2007 年のシーズンに掘削した氷床最深部のコアと融解水が凍結したと考えられる氷は 2007 年 4 月に国内に持ち帰り、分析を実施する予定である。2006 年 4 月に持ち帰ったコアを分析した結果、3028m 深は約 7 2 万年前であることが明らかになったが、2006/2007 年シーズンの掘削で採取した約 7m のコアを分析することにより、さらに数千年、時代をさかのぼることができる可能性がある。

## サブテーマ 2. 極限環境生物システムの比較研究

### 1) 極限環境の生物

#### ①極限環境に生息する線虫の研究 (鹿児島、仁木)

平成 18 年度は、これまでの極地研との共同研究に加え、英国 British Antarctic Survey (以下 BAS と省略) P. Convey 博士との共同研究 (Antarctic terrestrial nematode molecular phylogenetics and phylogeography) を開始し、さらに幅広い南極地域からの線虫サンプルの収



集が出来るようになった。また、南極線虫の形態分類のために、BASのR. Maslen博士、札幌医科大学の鬼頭研二博士との共同研究を開始した。これによって、当研究室による分子系統分類と、共同研究者らによる形態分類の両面から南極線虫の分類学的解析が可能となった。また、形態分類のために、遺伝研、鈴木えみ子博士と南極線虫の走査型電子顕微鏡像(SEM)の撮影法を確立した。今年度からは、さらにニュージーランド、オタゴ大学のD. Wharton博士と共同して、凍結・乾燥に対し強い抵抗性を持つ *Panagrolaimus davidi* のcDNAライブラリの作成、解析を進めている。

#### ②南極ヌナタークに生育する地衣類（井上）

やまと山脈産地衣類3種類、セルウンゲン(シール岩)産地衣類15種類を新に明らかにした。これら全てが昭和基地周辺地域産地衣類との共通種であるものの、分布地理学上、両極分布種・コスモポリタン種・南極固有種で構成されており、南極産地衣類の定着過程に興味深い事象を提供しているものと思われる。

#### ③南極地域由来新規微生物の分離と同定（今中）

南極海、露岩地域の土壌、各種湖沼(淡水湖、低塩湖、中塩湖、高塩湖)の水・堆積物から採取した試料を引き続き分離培養し、塩基配列を決定し、分類の基礎資料とした。

#### ④南極湖沼生物における地史的変遷（伊村、工藤、内田、長沼、高野、福井、神田）

南極スカルプスネス域の湖底藻類マットを構成している珪藻類について検討した。また、湖沼の地史的遷移を知る目的で、スカルプスネスのナマズ池と西オングル大池の湖底堆積物の年代決定、有機物含有量について測定した。さらに、南極湖沼試料から広範囲好塩菌を単離した。菌を培養するとともに、ゲノムDNAを抽出してそれらの多様性評価を行った。単離菌株やDNA試料は広島大学で「極域微生物およびゲノム・コレクション」として保管してある。

#### ⑤南極「コケ坊主」生態系における微生物相の解析（長沼、阿部、成田、仁木、小原、伊村、神田）

一つの完全な「コケ坊主」を上下・内外の14セクションに分割し、各部由来の16S/18S rRNA遺伝子解析により、「コケ坊主」生態系における生物種の分布を把握することができた。

#### ⑥海底熱水地帯の微生物解析（山岸、横掘）

海底に存在する熱水噴出地帯では、熱水により還元型化合物が豊富に供給されており、それを利用して生育している生物が存在する。本研究の目的は、海底熱水噴出地帯で掘削を行い、その掘削孔から湧出する熱水を採水し、分子生物学的手法を用いた解析により海底下に存在する微生物相を明らかにすることである。今回の調査対象は、マリアナ海溝が南北から東西方向に大きく向きを変える場所にある南部マリアナトラフの熱水地帯である。この海域では島弧火山列と近接し背弧拡大が起こっている。過去の調査によりニカ所の海底熱水系が発見された。それぞれ、拡大軸上に存在するSnail site(別名Fryer site)と、拡大軸上から少し離れた場所に位置する海山頂部に存在するPika siteである。これら二ヶ所の熱水地帯でBMS(Benthic Multi-coring System)による海底掘削が行われた。その後、無人潜水艇を用いて、掘削孔から遊出する熱水を採水することに成功した。今年度は、海底熱水系から採取したチムニー(硫化物構造体)の一部

を用いて試料内の微生物相を非培養法で解析した。

⑦ 南極地域遺伝子資源（地衣類など）からの極限環境バクテリアの分離（小方）

南極の氷床や土壌、海洋深層水、地衣類などの南極地域遺伝子資源から高度好冷菌、紫外線耐性菌などの極限環境バクテリアの分離を試みた。

2) 環境微生物遺伝資源解析のための情報基盤の整備（阿倍、菅原、池村）

今年度は、昭和基地周辺よりサンプリングされた数万年前の氷床コアをテストケースとしてメタゲノム解析を実施し、得られた DNA 断片配列に対し、自己組織化地図法(SOM)解析によって、系統推定を実施した。メタゲノム解析は、小方らによる無菌的なサンプル採取、成田らによる DNA の増幅、塩基配列の決定によって行われ、11,414 サンプルについて配列決定が行われた。

3) 極限環境生物統合データベースの構築（小林、藤山、小方、大谷、井上、神田）

国立極地研究所で構築した南極昭和基地周辺の蘚苔類 DB に、別途取得した 3 次元画像情報を付加するためのソフトウェアプロトタイプを作成した。第 47 次日本南極地域観測隊に同行して採集した地衣類 10 数種の三次元画像化を試みた。

## 6. 平成 18 年度の研究レビュー

〔開催日時・場所〕

平成 19 年 1 月 22 日、国立極地研究所 講堂

〔レビュー委員〕

服部正平（東京大学大学院 新領域創成科学研究科情報生命科学専攻）

岩坂泰信（金沢大学 自然計測応用研究センター）

本堂武夫（北海道大学 低温科学研究所、情報・システム研究機構教育研究評議会委員）

小笠原直毅（奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科 情報生命科学専）

〔レビュー結果〕

プロジェクト全体としては概ね研究計画に沿った解析が進められ、その目標は適切に設定されているという評価であった。とくに、氷床コアの 72 万年前から現在に至る微生物生態系及びその由来の解明、抗生物質遺伝子の年代別解析、コケ坊主、南極の線虫、赤雪の地域分布など特異的で興味深いテーマが多く、極地の特殊な地域を対象とした本プロジェクトを通して、積極的な共同研究や技術・サンプル・データ共有等の国際協力の枠組構築とその展開を望むという意見であった。一方、南極のような極限条件に棲息する生物種やその年代的な解明をめざす研究において、コンタミネーションを防ぐ装置の開発は重要なステップであるが、この計画が進んでいることは評価された。とくにアイスコアのコンタミネーションへの対応はむしろこの 1～2 年で何が見つかるか、信頼性の高いデータを得るにはどうするか、という点に傾注すべきであるという意見があった。また、氷床コアのように棲息する菌数がきわめて少ない微生物の解明は現行技術だけではほぼ不可能であるが、今回の発表を聞く限りにおいて新しい手法の開発の芽が見いだされていないという指摘も受けた。この指摘はドームふじ基地の深層氷床コアをターゲットにするのであれば、どういう手順で分析・解析を進めるかという基本的な問題を早急に解決すべきである

という助言にも繋がり、今後、本格的な深層氷床コア解析を進める上での重要な指摘として受け止めている。融合研究としての成果については、現段階では具体的効果は評価できないが、生物系と物理系の連携をはじめとして、それぞれが得意な知識や技術を駆使してサンプル整備、解析、データベース構築などの分担を通して、連携の努力が認められるので、今後はより明確な融合研究の成果を期待したいという意見であった。

## 7. 平成18年度の研究成果

### (1) 知見・成果物・知的財産権等

#### サブテーマ1. 古環境タイムカプセルとしての氷床コアの解析

**【要約】**北極、南極、及び中国高山域、南米の氷河のアイスコア等から微生物を抽出した。氷の外部、内部、及び中間部の融解水を分別して採取する特殊なヘッドを装備した融解装置を開発に成功した。アイスコア中のバクテリア群集構造の解析が可能になり、アイスコア中の生物成分の新たな解析法の開発をさらに進めた。南極、北極域から得られた微量なアイスコアサンプルからDNA解析を行うための研究手法として、各種微生物のDNA量とサイズ・形態、内部構造、蛍光強度等の微生物情報を解析し、微生物を分取・分注させる分析方法の開発を引き続き行なった。本年度に導入したセルソーター及び走査型電子顕微鏡の導入によって、微生物の細胞レベルでの質的量的研究、微生物の顕微解析法の開発を行った。氷床コアの難培養微生物、新規微生物検出のためのゲノム解析手法の開発として、メタゲノム解析、全ゲノムDNA増幅の開発、および培養可能な生物のゲノムシーケンス、低コストシーケンス法の開発を引き続き行なった。また、南極氷床の微生物相は南米の熱帯雨林であるという仮説を提唱し、ブラジルとの共同研究（INPA）を開始した。時系列に沿った解析を地理的な分布の解析と組み合わせることで、細菌の地球規模での伝播に関して新たな知見を得ることが可能になった。遺伝研、極地研の双方に設置されたクリーンルームに、氷床コアを無菌環境下で融解させる施設、設備の改良、分析環境を引き続き整備した。一方、ドームふじ基地では2003年12月から第二期ドームふじ観測計画「南極氷床深層掘削計画」を開始し、2006年1月には3028.52mの深度に達し、解析の結果、72万年前であることが明らかになった。さらに、その後の掘削が昨年度も継続し、2007年1月26日には3035.22mのコアの掘削に成功し、岩盤の屑と考えられる粒径数ミリの固体粒子が氷中に見出された。その粒子の解析は平成19年度早々に開始の予定である。

#### 1) 微生物解析方法の開発

アイスコア表面からのコンタミネーションを除去するために、氷内部、氷内部と氷外部との中間部、および氷外部のサンプルをそれぞれ独立して採取するための融解装置の改良を行った。(図1)。また、サンプル毎のクロスコンタミネーションを回避させるための改良や、レーザー距離計を用いての高時間分解能でのサンプル抽出などをおこなう氷床コア融解装置の開発を行った。氷表面にバクテリアと同程度の大きさの蛍光ビーズを塗布したもの、および氷内部のみを蛍光ビーズで作成した実験氷を用いて融解実験をおこない、それぞれ氷表面からのみ、および氷内部から

のみ蛍光ビーズが検出され、開発した融解装置を用いる事でコンタミネーションが起こりうる氷表面を除去し、正確に氷内部のみ採取させることに成功した。

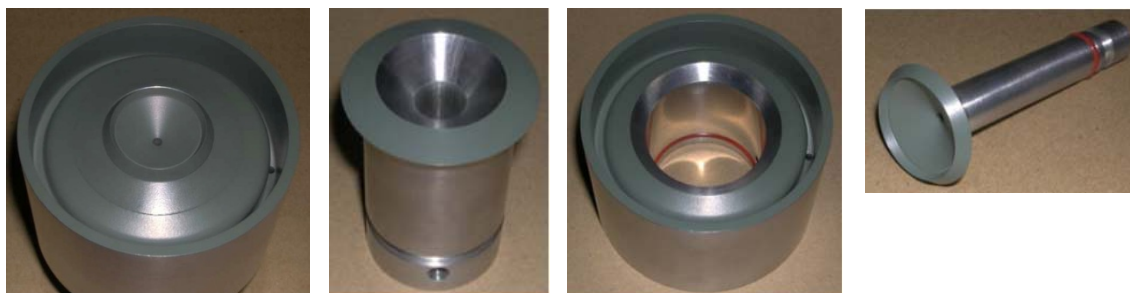


図 1.アイスコア融解装置のヘッド

## 2) アイスコア中の微生物及び生物起源物質解析による古環境復元

### ①微生物及び生物起源物質を環境指標としたアイスコア解析法

平成17年度に南米チリ共和国中部火山群のモチョ Mocho 火山(標高2,415m)とオソルノ Osorno 火山(標高2,661m, 図2)山頂氷河において採取した3本の10mアイスコア中の生物成分、化学成分、水素同位体比、氷板層分布の分析を行った。その結果、いずれのアイスコアにも雪氷中で増殖する藻類である雪氷藻類やナンキョクブナ類などの樹木花粉、また、それらを食べて増殖したと思われる有殻アメーバ類やソコミジンコ類(甲殻類)が含まれていることが明らかになった(図3)。これらの生物成分、特に雪氷藻類と有殻アメーバ類は、ともに融解の盛んな夏に形成されたと思われる層に集中して分布しており、冬層と見られる部分にはほとんど含まれていなかった



図2: チリ、オソルノ火山(標高2,661m,)山頂氷河でのアイスコア採取

た。生物成分には、このような明確な季節変化が見られたのに対して、水素同位体比や各種イオンの季節変化は、特に融解水の浸透による混合効果が大きいアイスコア下部では、非常に不明確だった。つまり、標高が低く中緯度に位置するため夏の融解が激しいこの地域のアイスコアでは、従来の水素や酸素の同位体比、および化学成分の季節変化を利用したアイスコア年代決定は困難であるが、生物成分を利用すれば、正確な年代決定が可能であることが明らかになった。

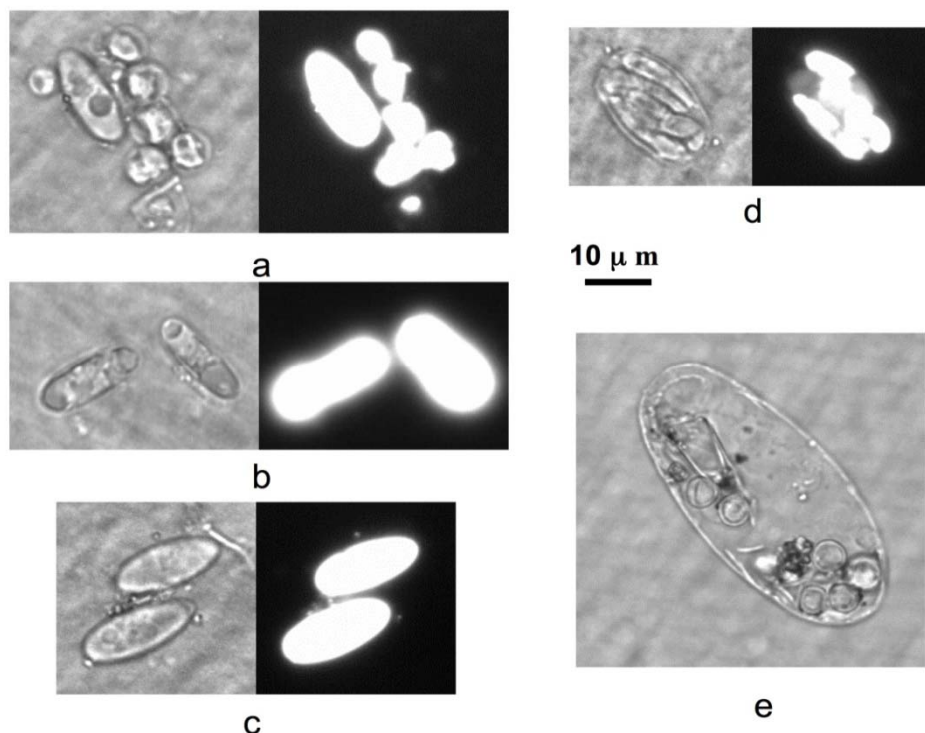


図3：オソルノ火山アイスコアに含まれていた雪氷藻類（a-d）と有殻アメーバ(e)

平成17年度にアラスカ・グルカナ氷河で採取された雪氷試料を用いて、バクテリアを分離・培養した。用いた培地は、R2A培地、50倍希釈R2A培地、LB培地、50倍希釈LB培地などであり、培養温度は、0、15、25℃で行った。培養によって得られた約520株の中から、コロニーの色や形態などから、異なる種と思われる株を89株選抜し、16SrRNA遺伝子の塩基配列を解析による種の同定を行った。その結果、以下の26属に渡る株が得られた。

*Pseudomonas*, *Janthinobacterium*, *Herbaspirillum*, *Flavobacterium*, *Cryobacterium*, *Herminimonas*, *Variovorax*, *Aquaspirium*, *Coccomonas*, *Sphingomonas*, *Polaromonas*, *Sphingoterrabacterium*, *Leifsonia*, *Pedobacter*, *Cenibacterium*, *Hymenobacter*, *Sphingobacterium*, *Dyella*, *Cryocola*, *Acidovorax*, *Ginsengisolibacter*, *Taxeobacter*, *Pochenobacter*, *Flectobacillus*, *Chryseobacterium*, *Brevundionas*. また、これらのうち、データベース上での近縁種との相同値が低い（97%未満）株が19株存在していた。これらは新規微生物の可能性が高いため、いくつかの株について詳しい性状を検討している。

#### ②氷河生態系におけるバクテリアの生態

南極氷床アイスコアに含まれているバクテリアなどの生物成分の多くは、地球規模の大気大循環によって低緯度域や中緯度域から大気中を長距離輸送されてきたと考えられる。そこで、これらの生物成分の供給源を特定して環境指標としての可能性を検討するために、大気生物成分の供給源候補地であるブラジルの熱帯雨林、チリの温帯林および乾燥域で、大気中の生物成分に関する予察的調査を行った。ブラジルでは、ブラジル共和国アマゾン流域研究所（INPA）の試験林（ZF2）にある高さ約50mのタワー上で大気中を浮遊する微生物の採取を試みた。1日の様々

な時間帯にポンプを利用して1000-7000Lの大気を吸引することによってフィルター上に大気中の微粒子を採取した（図4）。フィルターの一部を切り取って蛍光染色し、蛍光顕微鏡



図4：アマゾン流域研究所試験林にある高さ約50mのタワー上での大気微生物採取

下でバクテリア細胞と菌類細胞数を計測したところ、バクテリアも菌類孢子も日中より夜間に多く採取される傾向があることが明らかになった。また、一部のフィルターからバクテリアの16SrRNA 遺伝子を抽出・増幅し、計72クローンの塩基配列を解読することによってバクテリア種の同定を試みたところ、各種の土壌菌など14種を検出することができた。これらの分析結果をもとに、大気バクテリアのサンプリング法及び分析法を検討した。

### ③ 南極氷床（氷山）から分離した古代バクテリアのゲノム解析（小方、阿部、成田）

南極の数万年前の物と目される氷山の氷から、雑菌が混入しない様に無菌的に古代バクテリアの分離を試み、DNA染色されるバクテリア粒子を発見、このバクテリア粒子から直接ゲノムDNAを増幅、塩基配列を決定し、自己組織化地図法（Self-organizing map = SOM）によって17属83属のバクテリアのゲノムを検出した。

### 3) 氷床コアゲノム解析法の開発（成田、小原）

低コストシーケンス法及び高効率クローニング法を目指して、難培養微生物のゲノム解析法について引き続き開発を行った。本年度は約10,000個/mlのDAPI陽性粒子を含む南極氷山の融解液100mlから全ゲノム増幅を行い、DNAの増幅に成功した。さらに、データ取得効率の向上を狙い500bp以下の短増幅断片の除去後、クローニングを行い $10^6$ の独立クローンを得る系の構築に成功した。このうち約10,000クローンの両端シーケンスを行った。その結果、インサート効率98%および平均長約460bpのデータを取得した。

### 4) 難培養微生物のゲノム解析手法の開発（阿倍、菅原、池村）

今年度は、昭和基地周辺よりサンプリングされた数万年前の氷山水をテストケースとしてメタゲノム解析を実施し、得られたDNA断片配列に対し、自己組織化地図法(SOM)解析によって、系統推定を実施してみた。メタゲノム解析は、小方らによる無菌的なサンプル採取、成田らによるDNAの増幅、塩基配列の決定によって行われ、11,414サンプルについて配列決定が行われた。なお、本解析では、配列長300bp以上の9,163配列を使用した。得られたDNA配列を対象に系統推定を実施した結果を図1に示す。図1において、SOM解析によって真核生物・原核生物を含め、



現在既知の DNA 塩基配列と類似していないとされた新規性の高い配列は、全体の 30%強を占めており、非常に新規性の高い生物種由来の配列が得られていることが解った。また、原核生物で

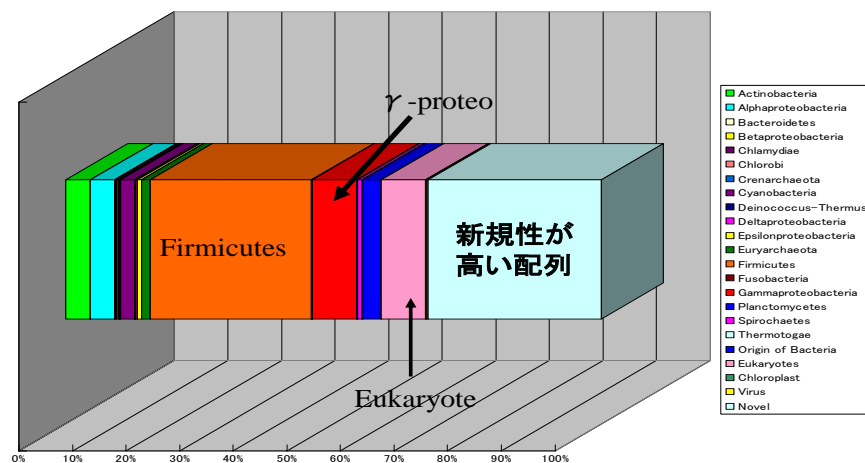


図 1. SOM によって予測された系統群の分布。分布は全件に対する各系統群の割合

は、Firmicutes 由来が大半を占め、優占種として考えられる。一方、真核生物種由来の配列も 10%近くを占め、今後は、これら真核生物由来配列についてもより詳細な解析を行う予定である。さらに、系統群内での属数の分布を図 2 に示す。総属数 83 属に推定された。優占種と考えられる Firmicutes においては 15 属と、予測された属数は  $\gamma$  プロテオバクテリアと同じであり、

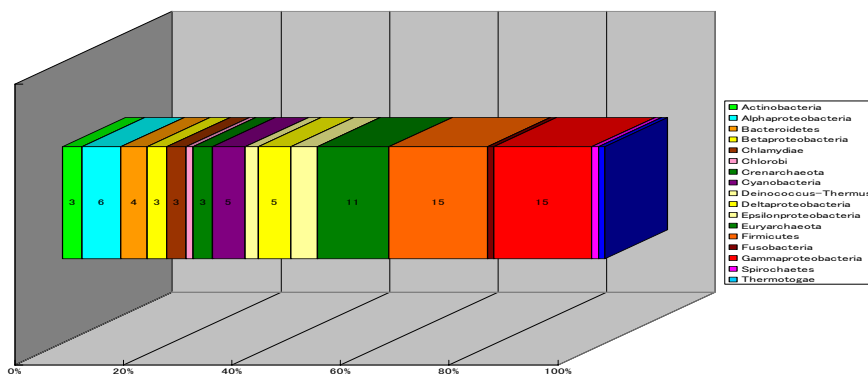


図 2. SOM 解析によって推定された氷床コア中の系統ごとの属数の分布図

Firmicutes 内において、ある特定の属への偏りが存在していることもわかった。系統推定の基準を低くし、考えられる全ての属について予測を行った際には 130 属以上が予測されており、氷床コア中に多様な微生物叢が存在している可能性が示唆された。また、今回配列決定を行った配列数での氷床コアに生息する微生物叢の網羅性の検証を行った。検証方法として、今回配列決定を行った配列を対称に、ランダムに 500 配列ずつをサンプリングし、それを 9,000 配列まで繰り返す。SOM 解析によって推定される系統群数・属数と解析対象の配列数との関係を見た。なお、偶然性を排除するために、同様の操作を各配列において、10 回実施し、その平均値を用いた。

その結果を、図 3 に示す。予測された系統群の推移は、2,500 配列から、18 系統群 (DNA 配列が決定されている既知系統群は 29 系統。) で推移が飽和していた。一方、図 3 に示した属数の推移

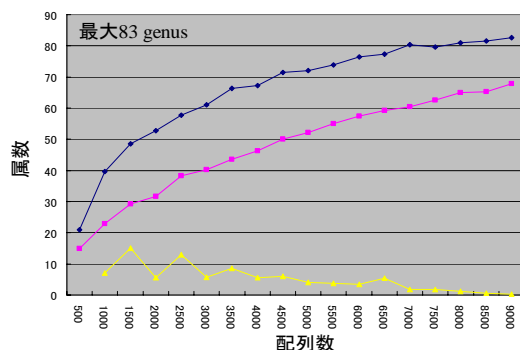


図 3. 取得された配列に対する SOM 解析により推定される属数の推移 (●:全体、■:2 配列以上推定された属、▲:分散値)

においては、9,000 配列においても飽和せず、右上がりとなっており、氷床コア中に存在する微生物叢の全てを網羅しているとは言い難い。しかしながら、7,000 配列以上から推移がなだらかになっており、優先種として考えられる大半については、網羅していると考えられる。

次年度以降は、南極の氷床に生息する微生物叢のコントロールデータの取得を目的に、複数の南極表層の氷床コアをサンプルとして、メタゲノム解析を実施し、南極表層の氷床コアに生息する微生物叢の解明を行う。また、併せて、北極表層より得られたサンプルについてもメタゲノム解析を実施し、南極と北極表層に生息する微生物群集比較についても実施する予定である。

##### 5) 抗生物質耐性遺伝子の分析手法の開発 (牛田、幸島、竹内、瀬川)

本プロジェクトメンバである竹内ら (千葉大学) によって採取された中国蘭州氷河試料 (甘肅省・祁連山脈・Dundee 氷河) から、抗生物質使用の歴史的背景に基づいて 1918 年、1960 年、1987 年、1996 年、1997 年、2001 年代のアイスコアに注目し、テトラサイクリン系・β-ラクタム系・グリコペプチド系・キノロン系・アミノグリコシド系・マクロライド系・クロラムフェニコール系の合計 42 種の抗生物質耐性遺伝子の検出を試みた。氷試料を無菌的に解凍後、Segawa 他 (2005) の方法で DNA を抽出した。この DNA 試料をテンプレートとして、対象とした抗生物質耐性遺伝子のフォワードプライマーとリバースプライマーを用いてそれぞれの配列に応じた温度サイクル条件で PCR 増幅を行った。その後、増幅産物の配列を解読し、目的の抗生物質耐性遺伝子であることを確認した。その結果、1918 年代のアイスコアからアミノグリコシド系抗生物質耐性遺伝子 (*strA*)、1996 年のアイスコアからテトラサイクリン系抗生物質耐性遺伝子 (*tet(K)*) と β-ラクタム系抗生物質耐性遺伝子 (*ampC*)、およびアミノグリコシド系抗生物質耐性遺伝子 (*strA*)、1997 年のアイスコアからテトラサイクリン系抗生物質耐性遺伝子 (*tet(W)*) の増幅が認められた。

##### 6) 南極ドームふじ基地氷床コアの深層掘削 (藤井、本山、東、藤田、牛田、幸島、瀬川)

日本の南極観測隊は第 2 期ドームふじ深層コア掘削計画の下で、2007 年 1 月に 3035.22m 深のコアの掘削に成功した。2006 年 4 月に 2400~3028m の深さのコアを国内に持ち帰り、2007 年 4



月に最深部までのコアを国内に持ち帰った。これらの氷床コアは深度 3030m を超える頃から、ドリル内に融解水がしみ込んで再凍結したと考えられる氷が採取されるようになった(図1、2)。また、氷床コアの最深部と思われる氷には岩盤の屑と考えられる粒径数ミリの固体粒子が氷の中に見出されるようになった(図3)。今後、氷床コア試料の配分、解析計画に沿って、微生物の抽出、解析を行っていく。



図1. 氷床コアの深度 3030m を超えた頃から、しみ込んだ融解水が再凍結した氷が採取された。

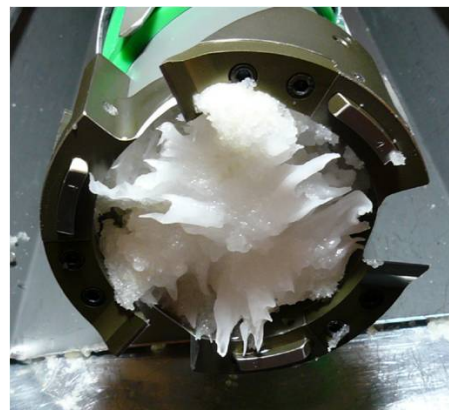


図2. ドリルの末端に凍りついた氷床底面の水

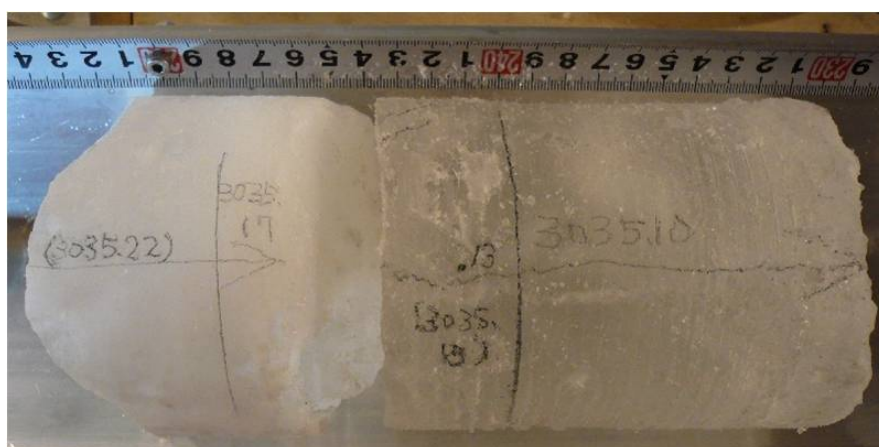


図3. 氷床コアの最深部。岩盤の屑とみられる固体粒子が見出された。

2006年4月にドームふじコアの研究母体であるアイスコアコンソーシアム(ICC)が改編され、ICC内に化学解析研究グループ、物理解析研究グループ、ガス解析研究グループ、新領域研究グループ、年代決定研究グループの5つの研究グループが設置された。2006年5月から新しい研究組織によってドームふじコアの解析研究が進められている。現在、化学解析研究グループは、国立極地研究所において第2期ドームふじコアの酸素・水素同位体、イオン、固体微粒子等の解析を実施している。これ以外の化学解析、物理解析、ガス解析、宇宙線生成核種解析、宇宙塵解析等も、多数の大学や研究機関の共同研究により実施している。コアの年代決定に関しては、外国人や氷床流動モデル研究者も含むグループが研究を進めている。本報告では、国立極地研究所で実施している解析を中心とする最新の結果を報告する。ドームふじコアの酸素同位体プロファイルとドームCコアの水素同位体プロファイルの比較により、深度 3028m は約 720,000 年前に対応し、Marine Isotope Stage (MIS 17) であることが分かった。また、ドームふじコアは 3028m

の深さ（720,000 年前）まで気候・環境変動の歴史を良く記録していることが明らかになった。ドームふじコアの同位体プロファイルは、ドームCと同様、MIS11 より前の間氷期がそれ以後の間氷期よりも寒冷であったことを示している。また、MIS9 以前の氷期にも、第1期ドームふじコアがカバーする、それ以後の氷期と同様に激しい気温の変動が何度もあったこと、MIS15 の間に急激な気温変動を伴う寒冷期があったことなどを示している。ドームふじコアのイオン分析の結果によると、ドームふじにおける非海塩性カルシウムイオン及び海塩性ナトリウムイオンのフラックスは、ドームCと同様、氷期に高く、間氷期に低かった。両イオンのフラックスをドームふじとドームCで比較すると、両イオンのフラックス及びその長時間スケールの変動が両地点でほぼ同じであったことが明らかになった。このことは、東南極の標高の高い地域において、両イオンのフラックスが長時間スケールで見るとほぼ均一であったことを示唆している。

## サブテーマ 2. 極限環境生物システムの比較研究

【要約】南極大陸に生息する線虫の培養とゲノム解析、分子系統分類と形態分類の両面からの南極線虫の分類を新たな共同研究体制で開始した。南極湖沼試料から広範囲好塩菌を単離・培養するとともに、ゲノム DNA を抽出してそれらの多様性評価を行った。また、コケ坊主生態系においては、16S rRNA 遺伝子を標的としたクローンライブラリーシステムで遺伝子解析を行い、生物種分布の把握が可能になった。地衣類、藻類、蘚苔類の分類学的解析においてデータベース構築をさらに進め、とくに蘚苔類においては3D画像解析と地球分布図作成の開発研究を進めた。極域から多様な環境に生息する生物種を網羅的に解析する自己組織化マップ（SOM）の系統分類解析への機能拡充、系統推定システムの有用性の検討、メタゲノムの系統推定の試み、汎用的なソフトウェア化、環境由来のDNA配列を解析するためのデータベース構築についてさらに検討した。

### 1) 極限環境の生物

#### ① 極限環境に生息する線虫の研究（鹿児島、鈴木、仁木）

南極大陸は、生命にとって必要不可欠の要素である水と温度が厳しく制限された極限環境である。本研究では、南極大陸に生息できる数少ない多細胞動物の一つである線虫を材料として、この生物の極限環境への適応戦略を明らかにすることを目標としている。

本プロジェクトでは昨年度までに、線虫の凍結サンプル、及び生きている線虫サンプルから微量のゲノム DNA を抽出し、18S rDNA 領域の増幅を行い、配列の決定を行うことに成功した。これにより7種類の南極線虫の分子系統解析を行い、これらがそれぞれ、*Plectus*, *Aporcelaimellus*, *Subanguina*, *Teratocephalus*, *Aphelenchoides*, *Theristus*, *Pungentus* 属に近縁な線虫であることを明らかにした。このようにして南極線虫の分子系統解析のための基礎技術は確立出来たが、残念なことに、配列データと過去から蓄積された形態分類などのデータとの間の関係が不明なため、これらの種が過去に報告のあるどの線虫と一致するのか、あるいは新しく見出された種なのか判断できない。その原因としては、線虫は形態を保ったままの保存が困難であること、南極線

虫の研究はほぼ形態だけで行われており、分子生物学的な解析が行われていなかったこと、研究者によって記載が異なっている（不十分である）こと、線虫の形態分類の専門研究者の数は非常に少なく、しかも特徴の少ない線虫の形態分類は専門研究者でもかなり難しいことなどが上げられる。このため数少ない専門研究者以外にも比較的容易で、客観的な判断ができる配列データによる分類は、形態分類の専門研究者からも必要とされていた。実際、これまでに内陸部線虫 14 種、沿岸部線虫 29 種の南極線虫が記載されているが、中には百年以上前に記載された線虫も少なくなく（最古のデータは 1873 年）、これらと最近採取されたサンプルと同じものであるのかどうかを、わずかな記載とスケッチだけで確かめることは非常に困難である。また、古い記載の中で内陸部の線虫と報告されたもののいくつかは、現在では植物寄生性線虫であることが判明しており、これなどはサンプルの混同による間違いだろうと推測されている (Maslen and Convey, 2006)。記載の中には他にも、サンプルの出所が疑わしいもの、記述が不完全なものなどが複数含まれているため、本年度より、古典的な形態分類と配列解析による分子系統分類の両方による南極線虫の再分類を開始することにした。

現在、線虫の形態分類の専門研究者である札幌医科大学の鬼頭研二博士と共同研究を行っており、博士には日本隊が収集した線虫サンプル（昭和基地、南極半島）の形態分類を行っていただき、当研究室で種の同定が終わった同じ線虫サンプルから DNA を抽出、配列の決定を行っている。一方、英国 BAS、P. Convey 博士、R. Maslen 博士とも、同様の共同研究 (Antarctic terrestrial nematode molecular phylogenetics and phylogeography) を行っており、こちらは英国隊が採取・同定したサンプルの配列解析を当研究室で行っている。この際に用いる固定法として、形態分類のために一般に行われてたホルマリン固定では DNA が修飾されてしまい、その後の配列解析の大きな障害となる。一方、DNA を保存するためのエタノール固定では線虫の形態が大きく破壊されてしまい、形態分類の障害となる。そこで本研究においては、2006 年に M. Yoder 博士によって開発された DESS (DMSO/EDTA/Saturated Sodium chloride) 固定を用いることにした (Yoder et al. 2006)。この固定法は、形態的特徴を破壊することなく DNA を保存できる優れた固定法であり、形態解析と分子系統解析を行う本プロジェクトの遂行に非常に有効な方法である。現在までに、BAS のチームにより形態分類された 5 種類の南極線虫 *Geomonhystera villosa*, *Panagrolaimus* *genus A/B*, *Coomansus gerlachei*, *Eudorylaimus coniceps* から DNA を抽出し、18S rDNA の配列を決定した (図 1)。

本研究により、形態分類と分子系統分類の両データがそろった初めての南極線虫「カタログ」が準備することが出来た。今後、このようなデータを蓄積して行くことによって、配列データによる南極線虫の分類が容易になるものと考えている。現在さらに 18S rDNA 配列の情報学的な解析を進めると同時に、別のゲノム領域 28S rDNA の D2-D3 領域の配列解析を行い、詳細な系統分類を進めている。南極線虫の形態分類と分子系統分類の両者による再分類は、様々な生物学的な研究の基礎となるだけでなく、南極線虫の生態系の研究や、南極に適応した線虫の進化的な研究にも非常に重要な知見となるだろう。また、本プロジェクトの目標の一つである、南極線虫の持つ凍結・乾燥耐性の分子機構を明らかにする上で、南極に生息する線虫は南極という特殊な環境に

適応した固有の生物種であるのか、もしもそうならば、どのような遺伝的な違いがあるのかを研究する第一歩となる。

```

630      640      650      660      670
-----+-----+-----+-----+-----+
ACCCTTGGGTTGTAACTGTACTAAATGTTTTTATAAGATTT
ACCCTTGGGTTGTAACTGTACTAAATGTTTTTATAAGATTT
ACCCTTGGGTTGTAACTGACTAAAATGTTTTTATAAGATTT
ACCCTTGGGTTGTAACTGACTAAAATGTTTTTATAAGATTT
ACCCTTGGGTTGTAACTGTACTAAATGTTTTTATAAGATTT
ACCCTTGGGTTGTAACTGTACTAAATGTTTTTATAAGATTT
ACCCTTGGGTTGTAACTGACTAAAATGTTTTTATAAGATTT
ACCCTTGGGTTGTAACTGACTAAAATGTTTTTATAAGATTT

```

図1. *Panagrolaimus* 属の 18 rDNA 配列 (一部)  
全長にわたって配列はほぼ一致しているが数か所の種間多形が観察される。

形態分類を行う上で一部の線虫については通常のノマルスキー顕微鏡による観察に加え、走査型電子顕微鏡 (SEM) による観察を行い、Mononchidae 目と考えられる線虫の SEM 像を得ることができた (図2)。SEM を用いることにより、通常の顕微鏡では見ることのできない微細な構造、例えば口唇部の形状や、6つ並んだ突起などが観察が出来るようになった。このような詳細な構造の観察は、線虫の分類に役立つだけでなく、その生活形態 (自活性・捕食性など) や、後述する線虫の凍結・乾燥に伴って起こる形態的な変化を観察・研究する上で非常に有効な手段となる。このためには今年度から遺伝研に新しく導入された SEM が力を発揮するものと期待している。

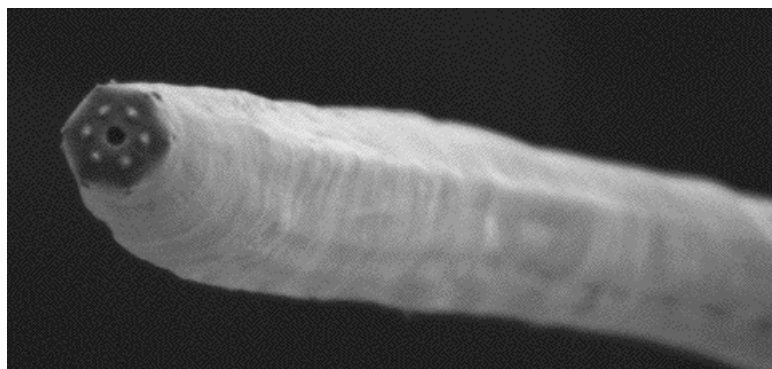


図2. Mononchidae 目線虫の頭部の走査型電子顕微鏡像

本研究の目標の一つ、線虫の凍結耐性の生化学的、遺伝学的研究のためには、その飼育が不可欠となる。これまでも南極半島のコケ・サンプル (コケ、細菌、カビ、ワムシなどが混在する) をそのまま用いて、線虫を維持することには成功していたが、昨年度は、これから一種類の線虫 (*Plectus* 種) だけを分離し、大腸菌だけをエサとして飼育することを試みた。寒天培地、飼育温度に工夫をし、第1世代に卵を産ませ、2世代目を成長させることまでは成功したが、第2世代は次世代を産む前に死に絶えてしまい、結局、純粋 (二者) 飼育には成功しなかった。これに対してニュージーランド、オタゴ大学の D. Wharton 博士から分与された *Panagrolaimus davidi* は凍結・乾燥に対し強い抵抗性を持つ南極由来の線虫でありながら、常温で飼育でき、通常の寒

天培地と大腸菌で維持することが可能な優れた性質を持つ。そこで現在、この線虫を使って cDNA ライブラリの作成を進めている。この線虫は、常温(20° C)で飼育していても十分な凍結耐性を持つため、凍結耐性遺伝子は恒常的に発現していると考えられるが、1 週間ほど 4° C で寒冷馴化させることにより、さらに高度な凍結耐性を発揮するようになる(Wharton et al. manuscript in preparation)。現在、このような 2 種類の条件で *P. davidi* を飼育し、cDNA の発現パターン、発現量などを比較することで、凍結耐性遺伝子の検索を試みている。

この線虫はまた、高度な乾燥耐性を持つことが知られている。実際にこの線虫をプレパラート上に乗せて放置し、数時間室温で自然乾燥させると完全に水分が完全に蒸発した状態になるが、これに水を加えると大半の個体はその状態から数分から数十分の間に回復し活動を開始した。驚いたことにこの乾燥と回復は日をおいて何度も繰り返すことが出来た。非常に高度な乾燥耐性を持つことで知られるユスリカでは、乾燥にも回復にも同様に長い時間をかけることが必要であるが、この線虫は非常に短時間で両方の過程を進行させることができるようだ。現在、この性質についても様々な基礎実験を行っており、今年度中に乾燥時、回復時の cDNA ライブラリを作成し、乾燥耐性遺伝子の検索を進める計画である。

#### ②南極ヌナタークに生育する地衣類 (井上)

やまと山脈産地衣類 3 種類、セルウンゲン(シール岩)産地衣類 15 種類を新に明らかにした。ナナバケチャシブゴケ *Rhizoplaca melanophthalma* について、上記ヌナターク産を含む 203 標本を精査したところ、南極の他地域からの報告と同様に非常に変異に富む事が認められた。しかし、それにも関わらず含有する地衣成分 lichen substance 及び形態的特徴からこれに近縁の新種と思われる種類を明らかにした。この種類は(仮に *Rhizoplaca* sp. 1 とする)は日の出岬、ラングホブデなど 5 露岩域 10 地点で採集されているが、全てヌナタークに準ずる環境といえる大陸氷床と露岩の接する場所であった。

#### ③南極地域由来新規微生物の分離と同定 (今中)

南極海、露岩地域の土壌、各種湖沼(淡水湖、低塩湖、中塩湖、高塩湖)の水・堆積物などより採取した約 260 種類の試料を好冷菌、好塩菌、貧栄養菌、嫌気性菌、光合成菌、共生菌群として引き続き分離を試みた。様々な培地を用いることにより生じたコロニーについて単一コロニー分離を繰り返して純化した後、液体培養した。それぞれの株について 16S rRNA の塩基配列を決定するとともに電子顕微鏡観察、生理学的検討を行った。

#### ④南極湖沼生物における地史的変遷 (伊村、工藤、内田、長沼、高野、福井、神田)

南極スカルプスネス域の湖底藻類マットを構成している珪藻類について検討した。*Amphora* sp. (cf. *veneta*) がほとんどの池で優占し、*Craticula* sp. (cf. *molestata*) と *Diadesmis* sp. (cf. *perpusilla*) が一部で優占した。また、*Navicula ectoris* Vande Vijver は南極大陸で初めて報告された。マット中の珪藻の分布は蘚類の有無にはとくに影響しないことが分かった。一方、湖沼の地史的遷移を知る目的で、スカルプスネスのナマズ池と西オングル大池の湖底堆積物の年代と有機物含有量について測定した。ナマズ池は主として蘚類と藻類の堆積物からできており、大池はシアノバクテリアを含む砂礫で構成されていた。それぞれの堆積物の<sup>14</sup>Cの解析から年

代は 1550 年、2330 年、堆積率は 30 年/cm、59 年/cm であった。ナマズ池の高い全炭素量 (TOC) 24.5% は堆積物が主に有機物からなっていることを示し、表面から 25cm 深での TOC/全窒素比をみると 1100 年頃から水生蘚類が増加していることが明らかになった。

南極湖沼試料から広範囲好塩菌を単離・培養するとともに、ゲノム DNA を抽出してそれらの多様性評価を行った。*Halomonas* 属菌や *Marinobacter* 属菌を主体とする単離菌株や DNA 試料は広島大学で「極域微生物およびゲノム・コレクション」として保管し、さらに詳細な実験・解析に供する体制を整備中である。

⑤南極「コケ坊主」生態系における微生物相の解析 (長沼、阿部、成田、仁木、小原、伊村、神田)

蘚類の *Bryum* 属や *Leptobryum* 属は緑藻類やケイ藻類、ラン藻類とともに、湖底に「コケ坊主」と呼ばれるユニークな構造を形成する。コケ坊主の地理的分布は、東部南極大陸の昭和基地付近の特定の湖に限定されている。これまでにサイズ、乾燥重量、炭素量、窒素量、クロロフィル量などが計測されているが、コケ坊主を構成している微生物相については明らかにされていなかった。そこで本研究では、昭和基地周辺スカルプスネス地域の B-4 池から採取したコケ坊主について、16S rRNA 遺伝子を標的としたクローンライブラリー法を用い、その微生物相の解析を行った。一つのコケ坊主主体について、好気的外層と嫌気的内層に分けた上で縦方向に各層 7 分割し、計 14 部分に分けた。この各部分からバルク DNA を抽出し、16S rDNA 遺伝子の PCR クローンライブラリー (計 14 組) を構築した。各ライブラリーから 96 クローンを無作為に選び、総計 1,344 clone について 16S rRNA 遺伝子のほぼ全長の塩基配列を決定し、分子系統解析を行った。この結果、コケ坊主全体では Proteobacteria、Planctomycetes に近縁な系統群が優占しており、さらに、外層では Cyanobacteria が準優占的、内層では Firmicutes、Actinobacteria、Bacteroidetes が準優占的に検出され、コケ坊主の外層と内層の酸化還元条件に応じて、異なる系統群が存在していることが示唆された。16S rRNA 遺伝子だけでなく機能酵素遺伝子の分布調査も現在進めているところである。

⑥海底熱水地帯の微生物解析 (山岸、横掘)

南マリアナトラフ Fryer site、Pika site の 2 つの海底熱水噴出地帯から採取されたチムニー (硫化物構造体) 試料から微生物のゲノム DNA を抽出した。次に、抽出したゲノム DNA を鋳型にして PCR によって 16S rRNA 遺伝子領域を増幅した。なお、プライマーは原核生物全体をターゲットにしたもの及び古細菌に特異的なものの 2 組を用いた。その後、増幅された DNA 断片をクローニングし、シーケンシングによって 16S rRNA 遺伝子の塩基配列を決定した。得られた配列を元に系統解析を行った。また定量 PCR と蛍光顕微鏡観察を行うことにより、試料中の菌体数を推定した。

真正細菌クローンを解析した。その中に水素や硫黄に依存した独立栄養及び従属栄養を行う好熱菌や超好熱菌のクローンが多数検出された。このことから、南マリアナトラフの海底熱水系において好熱菌、超好熱菌を中心とする生態系があることが示された。この結果は、他の海底熱水系の高温環境における報告のいくつかと類似している。また古細菌クローンについては、



Crenarchaeota や Euryarchaeota よりも進化系統樹において根元に位置する Submarine Hydrothermal Vent Archaeal group(以下 SHVAG と略記)や Korarchaeota に属するクローンが検出された。SHVAG のクローンはこれまでにわずか2例しか報告されていない未培養のクローンであり、Crenarchaeota や Euryarchaeota、Korarchaeota のいずれにも属さないことが示唆されている。今回作成した系統樹において、SHVAG のクローンはそれら3つの古細菌グループよりも根元の位置で独立のクラスターを形成した。このことから SHVAG は Crenarchaeota や Euryarchaeota、更には Korarchaeota よりも生命の共通の祖先に近い可能性が示唆された。また Korarchaeota に属するクローンが最も多く得られた試料は Fhm2P という熱水マウンド試料で、その割合は 66 クローン中 18 クローンと約 27% の割合であった。この割合はこれまでの Korarchaeota に属するクローンが検出された報告と比べて高かった。また Korarchaeota のクローンは Fhm1P、3P という熱水サンプルでも 10% 以上の割合で検出された。これらのことから今回解析した熱水マウンド周辺の環境が Korarchaeota や SHVAG にとって生育しやすい環境であることが推定された。

我々は、南部マリアナトラフの熱水地帯で、拡大軸上に存在する Snail site と、拡大軸上から少し離れた Pika site で掘削孔から遊出する熱水を採水することに成功している。今年度は、海底熱水系から採取したチムニー（硫化物構造体）の一部を用いて試料内の微生物相を非培養法で解析した。Fryer site、Pika site から採取されたチムニー試料から微生物のゲノム DNA を抽出し、PCR によって 16S rRNA 遺伝子領域を増幅し、塩基配列決定、分子系統解析を行った。また定量 PCR と蛍光顕微鏡観察を行うことにより、試料中の菌体数を推定した。真正細菌クローンの解析から、南マリアナトラフの海底熱水系において好熱菌、超好熱菌を中心とする生態系があることが示された。古細菌クローンについては、Crenarchaeota や Euryarchaeota よりも進化系統樹において根元に位置する Submarine Hydrothermal Vent Archaeal group(以下 SHVAG と略記)や Korarchaeota に属するクローンが検出された。SHVAG のクローンはこれまでにわずか2例しか報告されていない未培養のクローンであり、Crenarchaeota や Euryarchaeota、Korarchaeota のいずれにも属さないことが示唆されている。今回作成した系統樹において、SHVAG のクローンはそれら3つの古細菌グループよりも根元の位置で独立のクラスターを形成した。

#### ⑦ 南極地域遺伝子資源（地衣類など）からの極限環境バクテリアの分離（小方）

酷寒で紫外線の強い南極に棲息している高度好冷菌、紫外線耐性菌などの極限環境バクテリアを分離、その原因遺伝子（極限環境遺伝子）を獲得すべく、第 47 次日本南極地域観測隊(2005 年 11 月～2006 年 3 月)に同行し、無菌テントを建てるなどして無菌的に採取して来た南極の氷床や土壌、海洋深層水、地衣類などの南極地域遺伝子資源からバクテリアの分離を試み、地衣類を構成する藻類と菌類の分離培養の過程に於いて、地衣類の内棲バクテリアを発見した。地衣類の共生（寄生）菌の可能性が考えられる。

#### 2) 環境微生物遺伝資源解析のための情報基盤の整備（阿倍、菅原、池村）

昨年に引き続き、昭和基地周辺よりサンプリングされた数万年前の氷床コアをテストケースとしてメタゲノム解析を実施し、得られた DNA 断片配列に対し、自己組織化地図法(SOM)解析によって、系統推定を実施した。メタゲノム解析は、小方らによる無菌的なサンプル採取、成田らによ

る DNA の増幅、塩基配列の決定によって行われ、11,414 サンプルについて配列決定が行われた (参照: 本報告の 4. 難培養微生物のゲノム解析手法の開発)。

環境由来 DNA 配列統合データベース GIB-ENV

<http://bioportal.ddbj.nig.ac.jp/wgs/index.html>

### 3) 極限環境生物統合データベースの構築 (小林、小方、藤山、大谷、井上、神田)

3D 画像表示データベース構築用ソフトウェア (名称未定、特許申請を考慮中) を開発した。また、第 47 次日本南極地域観測隊に同行し、採集して来た地衣類 10 数種の三次元画像化に成功した。

国立極地研究所を中心とした南極昭和基地周辺の植物 蘚苔類、地衣類、藻類、種子植物 (神田啓史、小島 覚、伊村 智、井上正鉄、大谷修司)、昭和基地周辺の淡水藻類 (大谷修司・神田啓史)、南極昭和基地周辺の地衣類 (井上正鉄・神田啓史) を発行した。

<http://antmoss.nipr.ac.jp/database2.html>

## (2) 成果発表等

### 〔論文発表〕

< 学術論文 >

1. Abe, Takashi, Hideaki Sugawara, Shigehiko Kanaya, Makoto Kinouchi, Toshimichi Ikemura (2006). A large-scale Self-Organizing Map (SOM) unveils sequence characteristics of a wide range of eukaryote genomes, *Gene*, 365, 27-34.
2. Abe, Takashi, Hideaki Sugawara, Shigehiko Kanaya and Toshimichi Ikemura (2006). Sequences from almost all prokaryotic, eukaryotic, and viral genomes available could be classified according to genomes on a large-scale Self-Organizing Map constructed with the Earth Simulator, *Journal of the earth simulator*, 6, 17-23.
3. Abe, Takashi, Hideaki Sugawara, Shigehiko Kanaya and Toshimichi Ikemura (2006). A novel bioinformatics tool for phylogenetic classification of genomic sequence fragments derived from mixed genomes of uncultured environmental microbes, *Polar Bioscience*, 20, 103-112.
4. Abyzov, S.S., Duxbury, N.S., Bobin, N.E., Fukuchi, M., Hoover, R.B., Kanda, H., Mitskevich, I.N., Mulyukin, A.L., Naganuma, T., Poglazova, and Inanov, M.V. (2006). Siper-long anabiosis of ancient microorganisms in ice and terrestrial models for development of methods to search for life on Mars, Europa and other planetary bodies., *Advances in Space Research*, 1191-1197.
5. Aizen, V. B. , Aizen, E. M. , Joswiak, D.R. , Fujita, K., Takeuchi, N. and Nikitin, S. A. (2006). Climatic and atmospheric Circulation Pattern Variability from Ice-core isotope/geochemistry Records (Altai, Tien Shan and Tibet), *Annals of Glaciology*, 43, 49-60.
6. Duxbury, N.S., Abyzov, S. S., Bobin, N. E. Imura, S., Kanda, H., Mitskevich, I. N., Mulyukin, A. L., Naganuma, T., Poglazova M. N. and Ivanov, M. V. (2006). Time Machine: Ancient Life on Earth and in the Cosmos., *EOS*, 39(87): 401- 406.



7. Gerding, M. A., Ogata, Y., Pecora, N. D., Niki, H. and de Boer, P. A. (2007). The trans-envelope Tol-Pal complex is part of the cell division machinery and required for proper outer-membrane invagination during cell constriction in *E. coli*. *Mol. Microbiol.*, **63**, 1008-1025.
8. Hamasaki, N., Miyagawa, H., Mitomo, D., Yamagishi, A. and Higo, J. (2006). DNA-protein binding mediated by solvent site-dipole field. *Chemical physics Lett.* 431, 160-163 .
9. Hara, F., Yamashiro, K., Nemoto, N., Ohta, Y., Yokobori, S., Yasunaga, T., Hisanaga, S., and Yamagishi, A.(2007). An actin homolog of the archaeon *Thermoplasma acidophilum* that retains the ancient characteristics of eukaryotic actin. *J. Bacteriol.* 189, 2039-2045.
10. Matsumoto, G.I., Komori, K., Enomoto, A., Imura, S., Takemura, T., Ohyama, Y. and Kanda, H. (2006). Environmental changes in Syowa Station area of Antarctica during the last 2300 years inferred from organic components in lake sediment cores, *Polar Bioscience.* , 19, 51-62.
11. Matsuzaki, M., Kubota, K., Satoh, T., Kunugi, M., Ban, S. and Imura, S.(2006). Dimethyl sulfoxide-respiring bacteria in Suribati Ike, a hypersaline lake, in Antarctica and the marine environment., *Polar Bioscience*, 20, 73-81.
12. Mitomo, D., Nakamura, H., Ikeda, K., Yamagishi, A. and Higo, J. (2006). Transition state of a SH3 domain detected with principle component analysis and a charge-neutralized all-atom protein model. *Proteins* in press.
13. Miyake, T., Nakazawa, F., Sakugawa, H., Takeuchi, N., Fujita, K., Ohta, K., Nakawo, M. (2006). Concentrations and source variations of n-alkanes in a 21-m ice core and snow samples at Belukha Glacier, Russian Altai Mountains, *Annals of Glaciology*, 43, 142-147.
14. Mori, A., Osono, T., Iwasaki, S., Uchida, M. and Kanda, H.(2006). Initial recruitment and establishment of vascular plants in relation to topographical variation in microsite conditions on a recently-deglaciated moraine in Ellesmere Island, high arctic Canada., *Polar Bioscience*, 19, 85-95.
15. Ohtsuka, T., Kudoh, S., Imura, S. and Ohtani, S. (2006). Diatoms composing benthic microbial mats in freshwater lakes of Skarvsnes ice-free area, East Antarctica. *Polar Bioscience* 20, 113-130.
16. Ohtsuka T., Adachi M., Uchida M. and Nakatsubo T., Relationship between vegetation types and soil properties along a topographical gradient on the northern coast of the Brøgger Peninsula, Svalbard., *Polar Bioscience*, 19: 63-72, 2006
17. Osono, T., Mori, A., Uchida, M. and Kanda, H. (2006). Chemical property of live and dead leaves of tundra plant species in Oobloyah Valley, Ellesmere Island, high arctic Canada., *Mem. Nat. Inst. Polar Res., Special Issue*, 59, 144-153.
18. Shimizu, H., Yokobori, S., Ohkuri, T., Yokogawa, T., Nishikawa, K., and Yamagishi, A. (2007). Extremely thermophilic translation system in the common ancestor Commonote: ancestral mutants of Glycyl-tRNA synthetase from the extreme thermophile *Thermus thermophilus*. *J. Mol. Biol.* in press
19. Shiraishi, K., Imai, Y., Yoshizaki, S., Tadaki, T., Ogata, Y. and Ikeda, H. (2006). The role of UvrD in

- RecET-mediated illegitimate recombination in *Escherichia coli*. *Genes Genet. Syst.*, **81**, 291-297.
20. Suzuki, S., Ono, R., Narita, T., et al. (2007). Retrotransposon silencing by DNA methylation can drive mammalian genomic imprinting. *Plos Genetics* ,**3**.
  21. Tanaka, Naoto, Takashi Abe, Satoru Miyazaki and Hideaki Sugawara (2006). A useful bioinformatics suite for retrieving and analyzing microbial genome data (G-InforBIO), *Journal of Computer Aided Chemistry*, **7**, 87-93.
  22. Tanaka, Naoto, Takashi Abe, Satoru Miyazaki, and Hideaki Sugawara (2006). G-InforBIO: Integrated system for microbial genomics, *BMC Bioinformatics*, **7**, 368.
  23. Takeuchi, N., Dial, R., Kohshima, S., Segawa, T., Uetake J. (2006). Spatial distribution and abundance of red snow algae on the Harding Icefield, Alaska derived from a satellite image. *Geophysical Research Letter*. Vol.33, L21502.
  24. Takeuchi, N., Uetake, J., Fujita, K., Aizen, V., and Nikitin, S.(2006). A snow algal community on Akkem Glacier in the Russian Altai Mountains. *Annals of Glaciology*, **43**, 378-384.
  25. Uchida M., Nakatsubo T., Kanda H. and Koizumi H. (2006). Estimation of the primary production of the lichen *Cetrariella delisei* in a glacier foreland in the High Arctic, Ny-Alesund, Svalbard., *Polar Research*, **25**(1), 39-49.
  26. Ueno,T., Bekku, Y., Uchida. M. and Kanda, H. (2006). Photopsynthetic light responses of a widespread moss, *Sanionia uncinata*, from contrasting water regimes in the high Arctic tundra, Svalbard,Norway , *Journal of Bryology*, **28**, 345-349.
  27. Ueno, T. and Kanda, H. (2006). Photosynthetic response of the arctic semi-aquatic moss *Calliergon giganteum* to water content., *Aquatic Botany* , **85**:241-243.
  28. Uetake J., Sakai A., Matsuda Y., Fujita K., Narita H., Matoba S., Duan K., Nakawo M. and Yao T.(2006). Preliminary observations of sub-surface and shallow ice core at July 1st Glacier, China in 2002-2004., *Bulletin of Glaciological Research*, **23**, 85-93.
  29. Uetake J, Kohshima S, Nakazawa F, Suzuki K, Kohno M, Kameda T, Arkhipov S & Fujii Y (2006). Biological ice-core analysis of the Sofiyskiy Glacier in the Russian Altai mountains. *Annals of Glaciology*, **43**, 70-78.
  30. Watanabe, K., Ohkuri, T., Yokobori, S. and Yamagishi, A. (2006). Designing thermostable proteins: Ancestral mutants of 3-isopropylmalate dehydrogenase designed by using a phylogenetic tree. *J. Mol. Biol.* **355**, 664-674.
  31. Watanabe, K. and Yamagishi (2006). A., The effects of multiple ancestral residues on the *Thermus thermophilus* 3-isopropylmalate dehydrogenase. *FEBS Lett.* **580**, 3867-3871.
  32. Yamashiro, K., Yokobori, S., Oshima, T. and Yamagishi, A. (2006). Structural analysis of the plasmid pTA1 isolated from the thermoacidophilic archaeon *Thermoplasma acidophilum*. *Extremophiles* **10**, 327-335.
  33. Yokoi, H., Shimada, A., Carl, M., Takashima, S., Kobayashi, D., Narita, T. (2007). Mutant analyses

reveal different functions of fgfr1 in medaka and zebrafish despite conserved ligand-receptor relationships. *Dev. Biol.* 304:326-337.

34. Yoshimura, Y., Kohshima, S., Takeuchi, N., Seko, K. and Fujita, K. (2006). Snow algae in a Himalayan ice core: new environmental markers for ice core analyses and their correlation with summer mass balance. *Annals Glaciol.* Vol. 43, p148-153.
35. Yoshinari, S., Itoh, T., Hallam, S. J., DeLong, E. F., Yokobori, S., Yamagishi, A., Oshima, T., Kita, K., and Watanabe, Y. (2006). Archaeal pre-mRNA splicing: a connection to hetero-oligomeric splicing endonuclease. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 346, 1024-1032.
36. Yoshitake S., Uchida M., Nakatsubo T. and Kanda H.(2006). Characterization of soil microflora on a successional glacier foreland in a high Arctic, Ellesmere Island, Nunavut, Canada using phospholipid fatty acid analysis. , *Polar Bioscience*, 19, 73-84.
37. Yoshitake S., Uchida M., Koizumi H. and Nakatsubo T. (2007). Carbon and nitrogen limitation of soil microbial respiration on a successional glacier foreland in the High Arctic: Ny-Ålesund, Svalbard., *Polar Research*, 26: 22-30.
38. Yoshitake S., Sasaki A., Uchida M., Funatsu Y. and Nakatsubo T. (2007). Carbon and nitrogen limitation to microbial respiration and biomass in an acidic solfatara field., *European Journal of Soil Biology* , 43:1-13.

<会議録>

1. Yamagishi, A., Watanabe, K., Shimizu, H., Ohkuri, T., and Yokobori, S. (2006). Thermostable proteins designed by using phylogenetic trees. In “*Proceedings of the International Symposium on Extremophiles and Their Applications 2005*”.
2. 飯嶋一征、井筒直樹、福家英之、斉藤芳隆、川崎朋実、松坂幸彦、並木道義、太田茂雄、鳥海道彦、山上隆正、山田和彦、瀬尾基治、山岸明彦、横堀伸一. 微生物採集装置の開発。宇宙研究開発機構研究開発報告：大気球報告(2006) ISSN1349-1113, JAXA-RR-05-012. pp. 117-128.
3. 横堀伸一、山岸明彦、川口寿太郎、Yang Yinjie、奥平恭子、矢野創、小林憲正、丸茂克美、山下雅道 (2007). 宇宙空間での微生物・有機物・鉱物探査計画.スペースプラズマ研究報告.

<解説・総説>

1. 鹿児島浩, 小原雄治 (2007) 多様な線虫のシステム比較 –モデル生物 *C. elegans* から極限環境線虫まで-. 伊藤隆司, 小原雄治, 榊佳之, 辻省次 (編) 実験医学 Vol. 25 No. 2 (増刊) ゲノム情報と生命現象の統合的理解. 羊土社, 東京. pp 136-142.

[会議発表等]

<招待講演>

1. Kanda, H. (2006). Response of Arctic tundra ecosystem and carbon cycle to climate change (TUNDRACYCLE): An international polar year (IPY) activity. The 1st TARANTELLA Workshop, 9

October 2006, Rilland, The Netherlands.

2. Naganuma.T. (2006). Microbiological and ecological responses to global environmental changes  
In Polar regions (MERGE): An international polar year (IPY) activity. The 1st TARANTELLA  
Workshop, 9 October 2006, Rilland, The Netherlands.
3. Naganuma,T(2006). Molecular and physiological characterization of euryhaline halophilic  
microorganisms from Antarctic saline habitats. Subglacial Antarctic Lake Environments (SALE) in  
the International Polar Year (IPY), Advanced Science and Technology Planning Workshop, 25 April  
2006, Grenoble, France.
4. Naganuma T & Wilmotte A (2006) Microbiological and ecological responses to global environmental  
changes in Polar regions (MERGE): An international polay year (IPY) activity. The 13th International  
Symposium on Polar Sciences, 9 May 2006, Incheon, Korea.
5. Yamagishi, A.. TANPOPO: Astrobiology exposure and micrometeoroid capture experiments on the  
EUSO. International Symposium on Astronomy and Astrophysics of Extreme Universe. 2007/3,Wako.
6. 山岸明彦. シンポジウム「ゲノム／トランスクリプトーム／構造プロテオーム データが語る  
たんぱく質構造の変化」、進化情報に基づく高温耐性タンパク質の設計とその進化的意味. 日  
本進化学会 2006 年大会、2006/8、東京.
7. 山岸明彦. 祖先型たんぱく質作製：全生物の共通祖先超好熱菌説の検証. 法政大学 生命情報  
科学シンポジウム「生命情報と分子進化」、2006/9、東京.
8. 山岸明彦. 成層圏の微生物探査. 大気バイオエアロゾルシンポジウム、2006/10、名古屋.

<一般講演>

1. Akanuma, S. and Yamagishi, A.. Identification and characterization of key substructures involved in  
the early folding events of a ( $\beta/\alpha$ )<sub>8</sub> barrel protein. Fifth East Asian Biophysice Symposium &  
Forty-fourth Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2006/11, Okinawa.
2. Aze, Takahiro, Yusuke Yokoyama, Hiroyuki Matsuzaki, Kazuho Horiuchi, Yasuyuki Shibata, Hideaki  
Motoyama : Chlorine-36 variability for the past 900 years recorded in the Dome Fuji shallow ice core .  
The 9th symposium of Japanese AMS Society: Prospects for the New Frontiers of Earth and  
Environmental Sciences, Takeda Hall, The University of Tokyo, 20-21, October, 2006.
3. Chiba, N., Tamakoshi, M. and Yamagishi, A.. The pili gene of the extreme thermophile *Thermus  
thermophilus* is involved in phage infection and twitching motility but not in the competence for  
natural transformation. 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular  
Biology and 11th FAOBMB Congress, 2006/6, Kyoto.
4. Fujita, Shuji, Yoshiharu Satoh, Junichi Okuyama and Shinji Mae: Detection of physical conditions  
within ice by radar sounding and link to ice core studies. PICR-2, 北海道大学低温科学研究所,  
Institute of Low Temperature Science, Hokkaido University, 2-6 February, 2007.
5. Fujita Shuji. Ice core drilling, processing and initial data of the 3029m deep Dome Fuji Antarctic ice

- core. EPICA Scientists' meeting, Il Ciocco, Italy, 16-19 October, 2006.
6. Fujita, shuji. Dome Fuji ice core project members : Ice core drilling, processing and initial data of the 3029m deep Dome Fuji Antarctic ice core. 2006 AGU Fall Meeting, Moscone Center West, San Francisco, 15 December, 2006.
  7. Goto-Azuma, K., M. Igarashi, H. Motoyama, K. Kamiyama, H. Shoji, Y. Fujii , O. Watanabe, M. Hirabayashi and T. Miyake : Millennial-scale variation of mineral dust at Dome Fuji, Antarctica during the last glacial period. European Geosciences Union General Assemblies, Vienna, Austria, Apr.15-20, 2007.
  8. Goto-Azuma, Kumiko and Dome Fuji Ice Core Consortium: A 720 kyr ice-core chemistry record from Dome Fuji, Antarctica. IUGG, Perugia, Italy, July 2nd-13th, 2007.
  9. Horiuchi, Kazuho, Tomoko Uchida, Yuko Sakamoto, Aoi Ohta, Hiroyuki Matsuzaki, Yasuyuki Shibata, and Hideaki Motoyama : <sup>10</sup>Be in Dome Fuji ice cores: a promising tool for elucidating the history of cosmic ray intensity and earth's climate. The 9th symposium of Japanese AMS Society: Prospects for the New Frontiers of Earth and Environmental Sciences, Takeda Hall, The University of Tokyo, 20-21, October, 2006.
  10. Kato, S., Ishibashi, J., Sunamura, M., Utsumi, M., Kakegawa, T., Kawarabayashi, Y., Chiura, H. X., Marumo K., Urabe, T. and Yamagishi, A.. Microbial community in the subseafloor around the hydrothermal system at the Southern Mariana Trough. 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, 2006/6, Kyoto
  11. Kato, S., Ishibashi, J., Sunamura, M., Utsumi, M., Kakegawa, T., Kawarabayashi, Y., Chiura, H. C., Marumo, K., Urabe, T. and Yamagishi, A.. Microbial community in the subseafloor around the hydrothermal system at Southern Mariana Trough. The 6th International Conference on Extremophiles, 2006/9, Brest, France.
  12. Kimura, M., Shimizu, H., Yokobori, S., Ohkuri, T., Yokogawa, T., Nishikawa, K. and Yamagishi, A.. Hyperthermophilic translation system in the common ancestor Commonote: Analysis of ancestral mutants of Glycyl-tRNA synthetase of the extreme thermophile *Thermus thermophilus*. 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, 2006/6, Kyoto.
  13. Kobayashi, C., Kato, S., Kakegawa, T., Sato, S., Masuda, H., Urabe, T., Yokobori, S. and Yamagishi, A.. Microbial diversity in the unique hydrothermal sediment around hydrothermal systems at the Southern Mariana Trough. 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, 2006/6, Kyoto.
  14. Kohno, Mika, Yoshiyuki Fujii, Koji Fujita, Shuji Fujita, Kumiko Goto-Azuma, Takeo Hondo, Shinichiro Horikawa, Makoto Igarashi, Yoshinori Iizuka, Takao Kameda, Atsushi Miyamoto, Hideaki Motoyama, Keisuke Suzuki, Toshitaka Suzuki, Morimasa Takata, Okitsugu Watanabe : Tephra study on a 3035.22-m deep ice core from Dome Fuji, Antarctica. IUGG, Perugia, Italy, July 2nd-13th, 2007.

15. Matsuba, T., Umeda, N., Akanuma, S. and Yamagishi, A.. LAHTH: A designed helix-turn-helix protein with high thermal stability. Fifth East Asian Biophysics Symposium & Forty-fourth Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2006/11, Okinawa
16. Miyake, Takayuki, Takahiro Yanagisawa, Kiyofumi Sano, Ryu Uemura, Yoshiyuki Fujii : High-depth resolution analyses of microparticles in the last glacial and Holocene periods of a deep ice core at Dome Fuji, Antarctica. European Geosciences Union General Assembly 2006, Austria Center Vienna, VIENNA, AUSTRIA, 2- 7 April, 2006.
17. Miyake, Takayuki, Takahiro Yanagisawa, Kiyofumi Sano, Ryu Uemura, Yoshiyuki Fujii : High-depth resolution analyses of microparticles in the last glacial and Holocene periods of a deep ice core at Dome Fuji, Antarctica. American Geophysical Union 2006 Fall Meeting, Moscone Center West, San Francisco, 11- 15 December, 2006.
18. Motoyama, Hideaki and Dome Fuji ice core project members : A new 3035.22 m deep ice core at Dome Fuji, Antarctica and reconstruction of global climate and environmental change over past 720 kyr. The 14th International Symposium on Polar Science, KOPRI, Incheon, Korea, 15-17 May, 2007.
19. Motoyama, Hideaki and Dome Fuji ice core project members (Ice core consortium, NIPR): A new 3035m deep ice core at Dome Fuji, Antarctica and reconstruction of global environmental change over past 720kyr. AOGS2007, Bangkok, Thailand, Jul. 30th -Aug.4th, 2007.
20. Narayan, R., Nemoto, N. and Yamagishi, A.. Cloning, expression, purification, and characterization of diglyceranylglycerol phosphate synthase from thermophilic archaeon, *Thermoplasma acidophilum* and *Methanocaldococcus jannaschi*, 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, 2006/6, Kyoto.
21. Narayan, R., Nemoto, N. and Yamagishi, A.. Study of an enzyme in etherlipid biosynthesis of an acidothermophilic archaeon. 日本Archaea 研究会第 19 回講演会 2006/8、福岡.
22. Ogata, Y., Narita, T., Abe, T., Kohara, Y., Niki, H. and Kanda, H. Metagenome analysis for unveiling microbial diversity of Antarctic ice core. XXIX Symposium on Polar Biology (2006 年 11 月 21 日、東京、国立極地研究所).
23. Sasa, Kimikazu, Yasuo Nagashima, Yuki Tosaki, Yuki Matsushi, Michiko Tamari, Tsutomu Takahashi, Ben Hu Zhou, Keisuke Sueki, Kotaro Bessho, Hiroshi Matsumura, Kazuho Horiuchi , Yasuyuki Shibata, Hideaki Motoyama: Preliminary results of <sup>36</sup>Cl measurement in an ice core retrieved from the Dome Fuji station by the Tsukuba AMS system. The 9th symposium of Japanese AMS Society: Prospects for the New Frontiers of Earth and Environmental Sciences, Takeda Hall, The University of Tokyo, 20-21, October, 2006.
24. Sasaki, M., Uno, M., Watanabe, K. and Yamagishi, A.. Cold adaptation of the thermophilic enzyme 3-isopropylmalate dehydrogenase (IPMDH) from *Sulfolobus tokodaii*. 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, 2006/6, Kyoto.
25. Sasaki, M., Uno, M., Watanabe, K. and Yamagishi, A.. Cold adaptation of the thermophilic enzyme

- 3-isopropylmalate dehydrogenase from *Sulfolobus tokodaii*. Fifth East Asian Biophysice Symposium & Forty-fourth Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2006/11, Okinawa.
26. Segawa, Takahiro, Nozomu Takeuchi and Shiro Kohshima: Studies on bacterial community of glacier ecosystem by 16S rRNA gene, XXIX Symposium on Polar Biology, 2006.11.21. Tokyo.
  27. Shimizu, H., Yokobori, S., Ohkuri, T., Yokogawa, T., Nishikawa, K. and Yamagishi, A.. Hyperthermophilic translation system in the common ancestor: Analysis of ancestral mutants of GlyRS of the *Thermus thermophilus*. Fifth East Asian Biophysice Symposium & Forty-fourth Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan, 2006/11, Okinawa.
  28. Suzuki, Toshitaka, Itoh, Takeshi and Fujii, Yoshiyuki: Variations in total concentrations of metallic elements in Dome Fuji ice core representing the last 320 kyr. INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON CRYOSPHERIC INDICATORS OF GLOBAL CLIMATE CHANGE, University of Cambridge, August 21st-25th, 2006.
  29. Takata, M., T. Hondoh, Y. Fujii and N. Azuma : A Study on Optical Scattering Intensity of Dome Fuji Ice Core, Antarctica. PICR-2, 北海道大学低温科学研究所, Institute of Low Temperature Science, Hokkaido University, 2-6 February, 2007.
  30. Uemura, Ryu, Hideaki Motoyama, Shuji Fujita, Makoto Igarashi, Takayuki Miyake, Motohiro Hirabayashi, Kumiko Goto-Azuma and Dome Fuji ice core project members : Osygen-18 of water from Dome Fuji ice core, Antarctica: measurement and preliminary result. The 14th International Symposium on Polar Sciemce, KOPRI, Incheon, Korea, 15-17 May, 2007.
  31. Watanabe, H., Watanabe, K., Ohkuri, T., Yokobori, S. and Yamagishi, A.. Efficient way of designing thermostable enzymes: Ancestral mutants of 3-isopropylmalate dehydrogenase (IPMDH) from a thermophilic bacterium designed by using a phylogenetic tree. 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, 2006/6, Kyoto.
  32. Yamagishi, A. and Watanabe, K.. The effects of ancestral residues on the *Thermus Thermophilus* 3-isopropylmalate dehydrogenase. The 6th International Conference on Extremophiles, 2006/9, Brest, France.
  33. Yamagishi, A.. TANPOPO: Astrobiology exposure and micrometeoroid capture experiments on the EUSO. International Symposium on Astronomy and Astrophysics of Extreme Universe. 2007/3, Wako.
  34. 阿部貴志, 池村淑道, 木ノ内誠, 金谷重彦, 菅原秀明, 自己組織化地図 (Self-Organizing Map: SOM) による環境微生物ゲノム由来断片配列解析, 第1回日本微生物ゲノム学会, 2007年3月 (かずさ) .
  35. 阿瀬貴博, 横山祐典, 松崎浩之, 堀内一穂, 柴田康行, 本山秀明 : 南極ドームふじ浅層アイスコアに記録された過去900年間のC1-36の変動. 2006年度 古海洋学シンポジウム, 東京大学海洋研究所講堂, 1月12, 13日, 2007.
  36. ドームふじ氷床深層コア掘削・研究グループ: 第2期ドームふじ深層コアの解析概況. 第29

- 回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム, 国立極地研究所 (Program and Abstracts), 11月20-22日, 2006.
37. ドームふじ氷床深層コア掘削・研究グループ: 第2期ドームふじ深層コアの解析速報. 第29回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム, 国立極地研究所, 11月20-22日, 2006.
38. ドームふじ氷床深層コア掘削・研究グループ(本山秀明・極地研/総研大ほか): 第2期ドームふじ氷床深層コア解析速報. 日本雪氷学会全国大会, 秋田市民交流プラザ ALVE, 11月15-18日, 2006.
39. 藤井理行: Dome Fuji Deep Ice Coring Project. 北海道大学 国際南極大学シンポジウム「極地科学のフロンティア」, 北海道大学低温科学研究所, 10月13日, 2006.
40. 藤田秀二、(以下50音順) 東久美子、東信彦、飯塚芳徳、五十嵐誠、亀田貴雄、斎藤健、庄子仁、高田守昌、田中洋一、鈴木啓助、鈴木利孝、藤井理行、藤田耕史、古崎睦、本堂武夫、本山秀明、渡辺興亜: 第2期ドームふじ氷床深層コアの現場処理報告 Ice core processing at Dome Fuji Station, Antarctica. 日本雪氷学会全国大会, 秋田市民交流プラザ ALVE, 11月15-18日, 2006.
41. 堀内一穂、内田智子、坂本優子、松崎浩之、柴田康行、本山秀明: ドームふじ氷床コアの Be-10 より探る宇宙線と地球環境の変動史. 日本地球惑星科学連合2006年大会, 幕張メッセ国際会議場、千葉, 5/14-18, 2006.
42. 原太志、山城寛、根本直樹、太田好則、安永卓生、久永真市、山岸明彦. 古細菌型 Actin の特性解明及び真核生物 Actin との比較検討. 第6回日本蛋白質科学会年会、2006/4、京都
43. 飯塚芳徳、本堂武夫、藤井理行: 南極ドームふじ地域における雪氷中の Na<sup>+</sup>濃度と南極海の高氷面積. 日本雪氷学会全国大会, 秋田市民交流プラザ ALVE, 11月15-18日, 2006.
44. 加藤真悟、石橋純一郎、砂村倫成、掛川武、内海真生、河原林裕、千浦博、丸茂克美、浦辺徹郎、山岸明彦. 南部マリアナトラフにおける海底熱水系地下圏の微生物相の解析. ブルーアース '06、2007/2、横浜.
45. 加藤真悟、石橋純一郎、砂村倫成、内海真生、掛川武、河原林裕、千浦博、丸茂克美、浦辺徹郎、山岸明彦. 南部マリアナトラフにおける海底熱水系地下圏の微生物相の解析. 日本地球惑星科学連合2006年大会、2006/5、東京.
46. 金城健太、赤沼哲史、根本直樹、真鍋簡利、李愚哲、丸岡慎太郎、田之倉優、山岸明彦. 好熱菌由来アミノトランスフェラーゼのキャラクタリゼーション、第7回極限環境微生物学会年会、2006/11、川崎.
47. 小林憲正、石川洋二、内海裕一、奥平恭子、川崎行繁、小池惇平、長沼毅、奈良岡浩、橋本博文、丸茂克己、三田肇、山岸明彦、山下雅道. 地球周回軌道におけるアストロバイオロジー実験: 宇宙環境下での有機物・微生物・生態系を探る. 宇宙利用シンポジウム、2007/1、東京.
48. 小林智織、加藤真吾、掛川武、佐藤誠悟、益田晴恵、丸茂克美、浦辺徹郎、山岸明彦. 南部マリアナトラフにおける熱水性堆積物の微生物の解析. ブルーアース '06、2007/2、横浜



49. 小林智織、加藤真悟、掛川武、佐藤誠悟、横堀伸一、益田晴恵、浦辺徹郎、山岸明彦. 南マリアナトラフにおける熱水性堆積物の微生物相の解析. 日本地球惑星科学連合 2006 年大会、2006/5、東京.
50. 幸島司朗、吉村義隆、竹内望、瀬川高弘、植竹淳、牛田一成. 氷河生態系と生物学的アイスコア解析. 氷床を取り巻く展開. 国立極地研究所. 2006/11. 21. 東京.
51. 木村光夫、渡辺敬子、清水秀明、横堀伸一、山岸明彦. 真正細菌祖先型及び古細菌祖先型 NDK の全合成とその性質. 日本 Archaea 研究会第 19 回講演会、2006/8、福岡
52. 木村光夫、渡辺敬子、清水秀明、横堀伸一、山岸明彦. 真正細菌祖先型及び古細菌祖先型 NDK の全合成とその性質. 第 7 回極限環境微生物学会年会、2006/11、川崎
53. 木村光夫、渡辺敬子、清水秀明、横堀伸一、山岸明彦. 真正細菌祖先型及び古細菌祖先型ヌクレオシドジフォスフェイトキナーゼ. 生命の起源と進化学会第 32 回学術講演会、2007/3、神戸.
54. 本山秀明：南極ドームふじ深層掘削計画 II の概要. 日本地球惑星科学連合 2006 年大会、幕張メッセ国際会議場、千葉、5/14-18、2006.
55. 本山秀明、新堀邦夫、田中洋一、吉本隆安、高橋昭好、藤井理行：南極ドームふじ深層掘削. 日本雪氷学会全国大会、秋田市民交流プラザ ALVE、11 月 15-18 日、2006.
56. 長沼 毅・中井亮佑・阿部貴志・成田貴則・仁木宏典・小原雄治・伊村 智・神田啓史 (2006) 16S rRNA 遺伝子を用いた南極コケ坊主の微生物相の解析. 第 29 回極域生物シンポジウム、2006 年 11 月 22 日、国立極地研究所.
57. 根本直樹、宮園健一、木村光男、横堀伸一、田之倉優、山岸明彦. 復元古代 NDK と古細菌由来脂質合成酵素の立体構造解析. タンパク 3000 総合シンポジウム、2007/2、東京.
58. 小方康至. 南極氷床コアを用いたメタゲノム解析による古代バクテリアゲノムの検出. 第 29 回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム、国立極地研究所、2006/11. 20、東京.
59. 大谷修司. 南極昭和基地周辺から採集された緑藻 *Oedogonium* sp. の形態とその分布. 日本藻類学会第 31 回大会 2007 年 3 月 24 日 神戸大学.
60. 大場裕紀、加藤真悟、掛川武、石橋純一郎、益田晴恵、浦辺徹郎、山岸明彦. 南マリアナトラフの硫化物構造体における微生物相の系統樹解析. 第 7 回極限環境微生物学会年会、2006/11、川崎
61. 佐野清文、三宅隆之、柳澤和勲、植村立、藤井理行：ドームふじ深層コアの完新世と LGM における不溶性固体微粒子濃度の高時間分解分析. 第 29 回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム、国立極地研究所、11 月 20-22 日、2006.
62. 鈴木利孝、秋山瞳、佐藤弘康、藤井理行：ドームふじ深層コアから探る氷期サイクルにおける鉱物および海塩エアロゾル寄与率の変動. 日本雪氷学会全国大会、秋田市民交流プラザ ALVE、11 月 13-18 日、2006.
63. 清水幹夫、山岸明彦、大島泰郎. ヒスチジン、システイン酵素と中枢代謝系. 生命の起源と進化学会第 32 回学術講演会、2007/3、神戸

64. 島田大資、玉腰雅忠、山岸明彦. 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* のイソプロピルリンゴ酸イソメラーゼの解析. 第7回極限環境微生物学会年会、2006/11、川崎.
65. 瀬川高弘、竹内 望、幸島司郎. 氷河生態系の微生物群集解析. 第29回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム、国立極地研究所、2006/11. 20、東京.
66. 高野淑識、福井 学、東岡由里子、伊村 智、鈴木徳行. 昭和基地周辺およびオイルタンク近傍から採取した表層試料の炭化化合物の分布と特徴. 第29回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム、国立極地研究所、2006/11. 20、東京.
67. 竹内 望、三宅隆之、中澤文男、植竹淳、成田英器、藤田耕史、藤井理行、中尾正義、Vladimir B. Aizen、段克勤、桃壇棟：アイスコアによる黒河流域の環境の変化の復元、カラホトの歴史と環境の国際シンポジウム、中国内モンゴル、2006. 9. 17.
68. 竹内 望. リモートセンシングを使った雪氷生物の分布の解析と定量. 第29回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム、国立極地研究所、2006/11. 20、東京.
69. 植竹 淳、瀬川高弘、中国祁連山七一氷河の特殊な雪氷藻類群集と高い pH, 雪氷学会全国大会、秋田、2006. 11. 17.
70. 植竹 淳、幸島 司郎、中澤文男、瀬川高弘、三宅隆之、吉村 義隆、成田英器、藤田耕二、竹内 望、中尾正義：アルタイ山脈・ベルーハ氷河での微生物アイスコア解析による古環境復元、日本雪氷学会全国大会、秋田、2006. 1. 17.
71. 植竹 淳、幸島司郎、中澤文男、瀬川高弘、吉村義隆、成田英器、三宅隆之、藤田耕二、竹内 望、中尾正義：アルタイ山脈・ベルーハ氷河での微生物アイスコア解析による古環境復元、第29回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム、国立極地研究所、2006/11. 20、東京.
72. 浦辺徹郎、高井研、沖野郷子、石橋純一郎、山岸明彦. 海底下の地下生物圏の進化と伝播を規定する地球科学的要因. 日本地球惑星科学連合2006年大会、2006/5、東京.
73. 横堀伸一、伊勢戸徹、浅川修一、佐々木貴史、清水信義、山岸明彦、大島泰郎、広瀬裕一. 単体性内肛動物ミトコンドリアゲノムの全塩基配列の解析と冠輪動物の進化の解析. 日本進化学会2006年大会、2006/8、東京.
74. 牛奥修三、神前太郎、山岸明彦、養王田正文. 超好熱性古細菌 *Thermococcus sp.* strain KS-1 (T. KS-1) 由来シャペロンの低温適応化. 第7回極限環境微生物学会年会、2006/11、川崎.
75. 吉村義隆、三浦香理、井上元気、中里有紀、飯田隆之、瀬川高弘、植竹淳、幸島司郎. 培養法による、アラスカ・グルカナ氷河と立山・内蔵助雪渓における雪氷微生物解析. 平成18年度極域気水圏・生物圏合同シンポジウム、国立極地研究所、2006年11月21日.
76. 横堀伸一、山岸明彦、川口寿太郎、Yang Yinjie、奥平恭子、矢野創、小林憲正、丸茂克己、山下雅道. 宇宙空間での微生物・有機物・鉱物探査計画. 平成18年度スペース・プラズマ研究会、2007/3、相模原.
77. 山岸 明彦. ワークショップ「タンパク質設計の到達点と今後」、進化工学、逆進化工学. 第6回日本蛋白質科学会年会、2006/4、京都.
78. 山岸明彦. シンポジウム「ゲノム／トランスクリプトーム／構造プロテオーム データが語

- るたんぱく質構造の変化」、進化情報に基づく高温耐性タンパク質の設計とその進化的意味。日本進化学会2006年大会、2006/8、東京。
79. 山岸明彦. ワークショップ「地球の初期環境と生命の起源・進化」、生命の起源のシナリオ。日本進化学会2006年大会、2006/8、東京。
80. 山岸明彦. 成層圏の微生物探査. 大気バイオエアロゾルシンポジウム、2006/10、名古屋。
81. 山岸明彦. 全生物の共通の祖先を巡る諸問題. 日本Archaea 研究会第19回講演会、2006/8、福岡。
82. 山岸明彦. 祖先型たんぱく質作製：全生物の共通祖先超好熱菌説の検証. 法政大学 生命情報科学シンポジウム「生命情報と分子進化」、2006/9、東京。
83. 山岸明彦、Yang Yinjie、川口寿太郎、横堀伸一、柄沢伸治、山上隆正、飯島一征、井筒直樹、福家英之、斉藤芳隆、松坂幸彦、並木道義、太田茂雄、鳥海道彦、山田和彦、尾瀬基治. 成層圏における微生物採集. 大気球シンポジウム、2007/1、相模原。
84. 山岸明彦、横堀伸一、南川純一、清水久美子、山上隆正、斉藤芳隆、井筒直樹、福家英之、飯島一征、松坂幸彦、並木道義、太田茂雄、鳥海道彦、山田和彦、尾瀬基治、川崎朋実. 大気球を用いた成層圏における微生物採集. 日本宇宙生物科学会第20回大会、2006/9、大阪。
85. 山岸明彦、加藤真悟、小林智織. 海底熱水地帯微生物マイクロフローラ. 日本地球惑星科学連合2006年大会、2006/5、東京。
86. 山岸明彦、小林憲正、丸茂克美、山下雅道. 大気圏上空での微生物、有機物、鉱物探査の試み. 日本地球惑星科学連合2006年大会、2006/5、東京。
87. 山岸明彦、川口寿太郎、Yang Yinjie、奥平恭子、矢野創、小林憲正、丸茂克己、山下雅道. 宇宙空間での微生物・有機物・鉱物探査計画. 宇宙利用シンポジウム、2007/1、東京。
88. 山岸明彦、渡辺敬子. 進化系統樹をもとに設計した多重祖先型化高度好熱菌3-イソプロピルリンゴ酸脱水酵素(IPMDH)の耐熱性と活性. 第6回日本蛋白質科学会年会、2006/4、京都。
89. 藪下さやか、永縄一樹、金子竹男、小林憲正、奥平恭子、矢野創、山岸明彦. 宇宙ステーション高度でのダスト採取と有機物分析(1) ブランク測定. 日本宇宙生物科学会第20回大会、2006/9、大阪。
90. 藪下さやか、永縄一樹、金子竹男、小林憲正、奥平恭子、矢野創、山岸明彦. 宇宙ステーション高度でのダスト採取と有機物分析. 生命の起源と進化学会第32回学術講演会、2007/3、神戸。
91. 吉村義隆、三浦香理、井上元気、中里有紀、飯田隆之、瀬川高弘、植竹 淳、幸島司郎. 培養法による、アラスカグルカナ氷河と立山・内蔵助雪渓における雪氷微生物解析. 第29回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム、国立極地研究所、2006/11.20、東京。

#### [著書等]

1. 竹内望 (2006) : ヒマラヤと地球温暖化—消え行く氷河, 昭和堂, 2, 5章分担執筆.
2. 山岸明彦. 第2章 原始地球環境と化学進化. 「生命環境科学II : 環境と生物進化」石川統二

- 河成男編著、p. 20-29、日本放送出版協会 (2006).
3. 山岸明彦. 第4章 極限環境での生物の生存戦略. 「生命環境科学II：環境と生物進化」石川 統 二河成男 編著、p. 40-51、日本放送出版協会 (2006).
  4. 山岸明彦. 第2章 生命の誕生そのメカニズム. 「生物界の変遷」松本忠夫編、p. 22-30日本 放送出版協会 (2006).

### (3)その他の成果発表

1. 東久美子：南極大陸と氷. すみだ区南極イベント「南極の今が分かる」, すみだリバーサイド ホール, 3月24日, 2007.
2. 東久美子：南極と北極の氷から見た地球環境変動. 三省堂サイエンスカフェ, 三省堂書店, 神 田, 4月7日, 2007.
3. 東久美子：南極観測からわかること. 平成18年度日本雪氷学会公開シンポジウム, 11月18 日, 2006.
4. 小方康至：市民環境大学「環境遺伝学-南極の極限環境遺伝子の獲得-」三島市 (平成18年8 月25日).
5. 本山秀明：ドームふじ深層掘削最新レポート. 雪氷サロン, 学士会館, 3月17日, 2006.

## 8. その他

<データベース>

1. 大谷修司・神田啓史：極地生物多様性画像データベース 南極昭和基地周辺の淡水藻類. 国立 極地研究所 HP. <http://antmoss.nipr.ac.jp/sou/index.html>
2. 井上正鉄・神田啓史：極地生物多様性画像データベース、南極昭和基地周辺の地衣類. 国立極 地研究所 HP. <http://antmoss.nipr.ac.jp/chii/index.html>
3. 小島 覚・神田啓史：極地生物多様性画像データベース、北極・南極域の種子植物. 国立極地 研究所 HP. <http://antmoss.nipr.ac.jp/shusi/index.html>