

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 [地球生命システム]

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の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・進化してきたのかが明らかにできる。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。以下の研究課題で進めている。

- 1) 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
- 2) 氷床コアゲノム解析法の開発
- 3) 難培養微生物のゲノム解析手法の開発

4) 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。以下の研究課題で進めている。

- 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
- 2) 極限環境生物統合データベースの構築

3. 年度計画

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	←→	←→ アイスコア微生物・生物起源物質解析				
		←→ 氷床微生物の解析法		←→ 全ゲノム, 1細胞ゲノム解析法		
極限環境生物システムの比較研究	←→	←→ 極限環境生物, データベース				

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、氷山氷、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

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）

平成17年度はプロジェクト研究の初年度として、比較的細胞数の多い氷山氷や浅層掘削氷床コアを対象にした融解装置が完成した。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を行った。環境微生物の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を行い、極限環境生物統合データベースの構築に向けて資料整理を行った。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した。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、氷山氷等により微生物を抽出した。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、データベース構築の準備をした。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、微生物解析手法の開発、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解析を行った。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構築の準備をした。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、研究集会を設けた。

平成18年度

平成18年度は17年度末に成功した南極ドームふじ基地における3028.52mの深層氷床コアからの微生物の解析準備として、P2級のクリーンルームの整備、氷床コア融解装置等の開発に着手した。さらに、18年度末に、3035.22mの深層氷床コアの掘削に成功し、最深部の氷に有機物と思われるものと岩盤の破片が採集された。これらの解析について検討した。一方、南極、スピッツベルゲン、アラスカ、チベット、チリなどから収集されてきた氷床コア、雪氷、土壌、植物試料等を処理して、これらから無菌的に微生物を抽出し、遺伝・環境基盤の解析を進めた。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、有用遺伝子の発見を目指した他、地衣類を中心とした極限露岩域の植物多様性研究、湖沼生物・微生物等の遺伝子解析を行った。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した。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、新型氷床氷融解装置による

微生物を抽出した。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作業を行った。

平成19年度（中間評価）

19年度からは古環境の遺伝資源を解明する新たな試みとして、1細胞からのゲノム解析手法の開発に着手した。現在、レーザーマイクロダイセクション顕微鏡を用いて1細胞を分取し、ゲノムDNAの抽出、ゲノム増幅の諸条件について検討を行なった。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した。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）の解析を行い、採取された最深部の氷中の有機物および岩盤の破片の電顕像と化学分析を行った。一方、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行った。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た。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検討、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引き続き行った。

平成20年度

氷床コアの微生物解析では、南極ドーム氷床コア最深部の有機物及び岩盤破片の解析および時間軸に沿った氷床コア微生物の解析を実質的に行う。さらに、ドーム氷床コア深層掘削試料と同様に、広域の雪氷試料から微生物、大気生物成分、環境指標としての生物起源物質を明らかにし、これまでに未知であった雪氷生物の生態を解明する。また、細胞数の少ない難培養微生物の解明のために、レーザーマイクロダイセクション法による微生物の1細胞分取を試み、全ゲノムDNA増幅とゲノム・ライブラリー構築の実用化を目指す。一方、湖沼コケ坊主微生物の分子生物学的解析、南極産線虫遺伝子解析、露岩域植物多様性、湖底・海底堆積物の微生物群集構造の解析、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、およびデータベース構築を引き続き行う。

平成21年度

南極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、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。1細胞からのゲノム解析手法の確立により、難培養微生物のゲノム解

析を行う。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・多様化の相互作用を理解し、地球生命システムのモデル化と将来予測をする。

平成22年度以降の展開

南極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引き続きまとめる。とくに、氷床底、及び岩盤由来の微生物の解析を引き続き行い、古環境と南極氷床における氷床形成プロセスと微生物の関係について解明する。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、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、モデル生物との比較によるシステムの可塑性の解析を行うとともに、さらに地球環境の変動と微生物の進化・多様化の相互作用を理解し、極限環境下での生命の適応戦略のメカニズムの解析により、地球生命システムのモデル化と将来予測を行う。

4. 研究費の推移

平成17年度実績： 241,910 千円

平成18年度実績： 197,600 千円

平成19年度見込： 171,510 千円

5. 平成19年度の研究推進体制

[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 金子 亮 植竹 淳 中澤文男

[国立遺伝学研究所] 仁木宏典 小原雄治 小方康至 菅原秀明 鹿児島浩

鈴木えみこ 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

[統計数理研究所] 長谷川正美

[北海道大学] 福井 学 [秋田大] 井上正鉄 [東京工業大] 幸島司郎

[千葉大] 竹内 望 [玉川大] 吉村義隆 [東京薬科大] 山岸明彦 横掘伸一

[日本大学] 成田貴則 [日本海洋技術研究機構] 高野淑識

[長浜バイオ大] 阿部貴志 池村淑道 [京都大] 今中忠行

[京都府立大] 牛田一成 [広島大] 長沼 毅 [島根大] 大谷修司

6. 平成19年度の研究進捗

平成19年度は中間評価の年度として、本研究の5年計画3年目に当たり、中間評価が加わった。平成18年度のレビュー委員による評価、意見を踏まえて、以下のようにプロジェクト研究

に反映させた。すなわち、アイスコアのコンタミネーションへの対応は融解ヘッド、レーザー距離計、小手式融解機器などによる実験を繰り返し、有効な融解装置の開発の目途が立った。菌数の少ない極限環境の微生物の解明は取得データの信頼度、適切な遺伝子解析キットの選択、培養法の開発など、問題が解決されていないことも多いが、既に南極氷山水から無菌的に分離したバクテリア粒子から直接、試験管内でゲノム DNA を増幅し、塩基配列を決定、バイオ・インフォマティクス的手法により多数のバクテリアを同定するにいたった。

平成19年度から極微量の難培養性微生物の解析として、1細胞からのゲノム解析技術の開発に着手した。1細胞を分取する技術として、顕微鏡観察下で細胞をレーザービーム照射により切り出すことができるレーザーマイクロダイセクション顕微鏡を導入し、細菌レベルの微小細胞の観察を可能にした特殊な高倍率レンズを搭載させ、レーザーマイクロダイセクション法による細菌1細胞の分取を試みた。検証としてPCR反応による細菌16S rDNAの検出系を用いて、モデル実験として純粋培養した大腸菌の1細胞分取の系の確立に成功した。さらに、氷山水からの微生物1細胞の分取に関する条件検討を進めた。また、極微量のゲノム DNA の増幅法として Phi29 DNA polymerase を用いた全ゲノム増幅反応の条件検討を行った。

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検討、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引き続き行った。

本プロジェクト研究に関連する調査派遣として、日本-スウェーデン南極大陸内陸共同調査に2名、南極湖沼及び氷床表面の微生物、生態学調査に2名、グリーンランド氷床に3名を派遣した。

研究の進捗状況及び成果発表として、3回の研究集会を開催した。第1回目は平成19年10月18日、融合研究シンポジウム、第2回目は11月15、16日、極域生物シンポジウムの特別セッション「極域の微生物」を開催し、30件の発表があった。第3回目は平成20年2月18日、新領域融合プロジェクト研究集会を開催し、30名の参加があった。その他、極地研、遺伝研、長浜バイオ大学において延べ10回に及ぶ会合を重ねた。

7. 平成19年度の研究成果

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」では平成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採取された試料から微生物を抽出した。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)の解析を行い、採取された最深部の氷中の有機物および岩盤の破片の電顕像と化学分析を行った。一方、サブテーマ「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行った。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し、その可能性について検討した。その結果、増幅反応における primer の修飾や反応液組成の改変によって、これまで Phi29 DNA polymerase を用いた全ゲノム増幅反応で問題となっていた非特異的な DNA 増幅が低減されることがわかった。現在、レーザーマイクロダイセクション法による細菌1細胞の分取技術と組み合わせた全ゲノム増幅の系の確立とゲノムライブラリーの作成およびゲノムシーケンスによる評価系の構築を進めた。さらに、南極線虫からの DNA の抽出、PCR 増幅技術を改良、配列決定法を確立、及びコケ坊主を中心とした湖沼微生物の分子生物学的研究等を進めた。

(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」

1) アイスコア中の微生物及び生物起源物解析による古環境復元

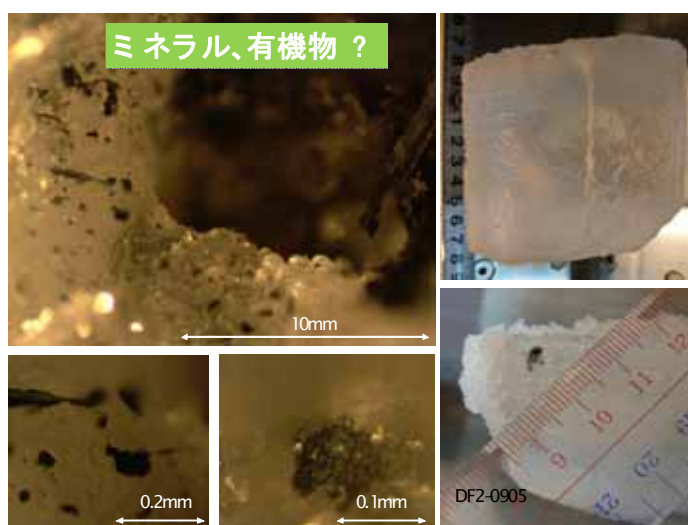
①微生物及び生物起源物質を環境指標としたアイスコア解析法

(1) 微生物解析方法の開発

従来のアイスコア解析では、主に同位体やイオンなどの物理的・化学的成分が環境指標として利用され、これらの生物的成分はほとんど分析されてこなかった。したがって、特に南極氷床コア中の生物的成分を環境指標として利用できるようになれば、過去数十万年から百万年にわたる環境変動に関して、新しい情報が得られる可能性が高い。そこで本研究では、アイスコア、特に南極氷床アイスコア中に含まれるこれらの微生物や生物起源物質を、古環境復元のための環境指標として利用することを目的に、アイスコア解析法を改良するとともに、アイスコア中の生物的成分と環境変動との関係を理解するために、雪氷微生物の分布や生態、大気中に含まれる微生物や生物期限物質の起源と輸送・堆積過程に関する研究を行った。

アイスコアからコンタミネーションを回避しながら無菌環境下で微生物を採取するため、前年度に引き続いてアイスコア融解装置の改良をおこなった。サンプル間のクロスコンタミネーションを除去するために、融解装置の内部部品を交換できるセパレートタイプを考案し、融解装置表面にスリットを入れることで、コンタミネーションを極力抑えることに成功した。また南極氷床のドームふじ基地の氷床下から採取された大陸起源と考えられる微量な氷から、氷内部の試料を無菌的に採取するための融解装置の開発をおこなった。作成した融解装置を用いて予備的に試料から DNA 抽出をおこない、得られた DNA 抽出液に対して PCR (polymerase chain reaction) 法により 16S リボソーム RNA 遺伝子の増幅を試みたところ、遺伝子の増幅が確認された。DNA データベースと照合し菌種の推定をおこなった。その結果、各種バクテリアや、光合成生物であるシアノバクテリアに近縁な遺伝子配列を検出することに成功し、遺伝子情報を新たな古環境指標として利用できる可能性を明らかにした。

氷床コア最深部の底で見つかった黒い物質の予備的な実験によると、シアノバクテリアが検出された。それらを DNA データベースで相同性検索をおこなった結果、16S リボソーム RNA

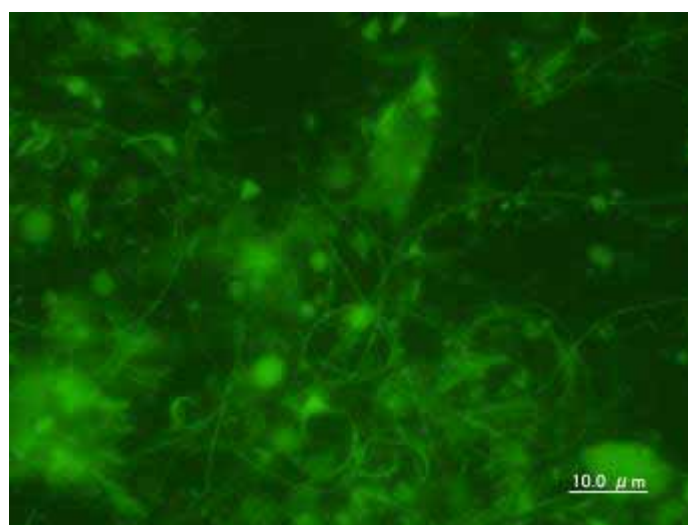


南極ドームふじ基地の深層掘削による氷床コア最深部（約3000m）の黒い物質

遺伝子で90%しか一致せず、現在のDNAデータベースには近縁種が登録されていなく、近縁種の推定はおこなえなかった。その理由は氷河などの寒冷な環境に生息するシアノバクテリアの遺伝子に関する研究が殆どおこなわれていないからだとも考えられる。そこで南極や世界各地の氷河や南極湖沼や土壌から採取された試料からDNA抽出をおこない、PCR、塩基配列の解読をおこない、それらの遺伝子情報情報のデータベース化を進めている。

(2) 蛍光顕微鏡観察によるドームふじ基地アイスコア中の微生物分析

ドームふじ基地アイスコアは過去72万年間の氷期、間氷期サイクルによる地球規模での環境変動を記録している。たとえば、氷期末期のアイスコアには風送微粒子量が増加することから、この時期には現在よりも風が強く大気による微粒子輸送量が増加した事、また海面低下によって微粒子発生源である陸地面積が拡大したことが示唆されている。微生物もまた、微粒子と同様に大気を介して南極に飛来してきたと考えられるため、アイスコア中の微生物量も、地球規模の環境変動の影響を受けて大きく変化している可能性がある。そこで、現在の氷床表面



アイスコア中から観察された放線菌様の微生物 (SYBR Gold 染色)

とドームふじアイスコア中の微生物濃度の比較を行った。解析には、南極観測隊（日本，チリ）によって採取された南極各地の現在の表面積雪とドームふじアイスコア試料を用いた。試料中の微生物 DNA を SYBR Gold 染色し，蛍光顕微鏡による直接観察によって，微生物細胞密度の測定を行った。その結果，現在の南極表面の雪氷中には主に球形バクテリアが多い所で 7×10^2 cells/ml 程度含まれていたのに対して，アイスコア中では多い所で 2.5×10^3 cells/ml 程度と，現在の表面濃度より約 3.5 倍バクテリア密度が高い事が明らかとなった。またアイスコア中では，現在の表面では全く観察されない放線菌の一種と考えられる細胞が多数観察されたこと，また，全微生物の総細胞体積で表した生物量 (cell volume/ml) は，アイスコア中の方が約 30 倍も多いことが示された。この結果から，過去のある時点，おそらく氷期には，間氷期である現在よりも，多くの微生物細胞が南極氷床中央部の表面に輸送されていたことが示唆された。

②氷河生態系におけるバクテリアの生態

(1) チリ火山群氷河のアイスコアと雪氷微生物

南米チリ共和国中部火山群の Mocho 火山 (標高 2,415m) および Lanin 火山 (標高 3,776 m) において，2007年3月に氷河雪氷生物に関する調査を行った。Mocho 火山では，高度別に，表面付近の微生物相及び氷河山頂付近 (標高 2,395 m) で約 10m のアイスコアを採取した。用いた培地は，R2A，50 倍希釈 R2A，NB，100 倍希釈 NB，セルロース(CMC)培地等であり，培養温度は 0°C 及び 15°C で行った。表面試料からはバクテリアの分離を行った。18SrRNA 遺伝子解析 (917bp) では，スピッツベルゲン島の雪氷から報告されている *Chloromonas cf. platystigma* (AF514402) と高い相同性(100%)を示していた。世界各地の赤雪から報告されている *Chloromonas nivalis* (AF514409) や *Chlamydomonas nivalis* (U57696) とは，それぞれ 98.6%，97.7% の相同値を示していた。アイスコア中の微生物に関しては現在分析中である。

サンプリング場所



サンプリング場所	標高(m)
S1	1,867
S2	1,916
S3	2,000
S5	2,200
S7(アイスコア採取)	2,395



サンプリング場所
標高 2,513m



さらに、高度別試料3地点とアイスコア中に見られた微生物層（表面下約6m）について、剤濃度勾配ゲル電気泳動法（DGGE法）による細菌相の解析を行い、バンドパターンの違いを比較した。Lanin火山では、標高2,513m地点の赤雪を採取し、BBM培地を用いて雪氷藻類の分離を行った。分離した株は、16SrRNA(または18SrRNA)遺伝子を解析することによって種の同定を行った。その結果、Mocho火山からは、71株の細菌を同定した。これらは全て、*Proteobacteria*門、*Bacteroidetes*門、*Actinobacteria*門に属しており、特に、*Betaproteobacteria*に属する株が最も多かった。この傾向は、アラスカ・グルカナ氷河での培養株から得られた傾向と類似しており、両者に共通の属（*Flavobacterium*, *Herminimonas*, *Variovorax*, *Aquaspirillum*, *Janthinobacterium* (以上 *Betaproteobacteria*), *Pseudomonas*, *Rhodanobacter* (以上 *Gammaproteobacteria*), *Hymenobacter*, *Pedobacter* (以上 *Bacteroidetes*)) が多数見られたことから、培養可能な氷河細菌相には共通のパターンが存在することが示唆された。DGGE法による細菌相の解析では、バンドパターンの変化に明瞭な高度変化が見られ、各高度に特徴的な種と、共通に見られる種が存在することが分かった。さらに、アイスコア採取地点においては、2007年に形成された微生物層と、コア中に保存されている数年前の微生物層との間でバンドパターンの類似性が見られ、DGGE法を用いたアイスコア解析の可能性が示唆された。

(2) 氷床コア中の大気生物成分の供給源を特定するための大気中の微生物分析

南極氷床アイスコアに含まれる細菌などの生物成分の多くは、大気大循環によって大気中を長距離輸送されてアイスコア中に保存されたと考えられる。そこで、そ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のタワー上から採取された大気サンプル中の遺伝子解析をおこなった。その結果、日中の試料中には *Alpha-proteobacteria* が優先していたのに対し、夕方の試料からは *Beta-proteobacteria* が優先しており、試料中に含まれる微生物種が時間帯によって異なることが分かった。これらの分析結果をもとに、大気細菌のサンプリング法及び分析法を検討した。

(3) 西グリーンランドの氷河微生物

氷河表面のアルベド（反射率）は、氷河の融解に影響する重要な要因の一つである。これまで主にアジア高山域の氷河で、氷河上で繁殖する生物やその生物に由来する有機物がアルベドを低下させて氷河の融解を加速し、質量収支や氷河変動に影響していることを明らかにしてきた。しかし南極に次いで大きな氷床であり、温暖化による海面上昇への大きな寄与が予測されているグリーンランド氷床に関する情報がほとんどなかった。そこでグリーンランド氷床の西側を対象に、雪氷藻類等の雪氷微生物および、氷河表面のアルベドや生物的汚れ物質に関する調査を行った。グリーンランド北西部のカナック周辺、西部のイルリサット周辺、および南西部のカングルーサック周辺の氷河において調査を行った結果、氷床北西部ではヒマラヤと類似した生物的汚れ物質が氷河表面を覆い、氷河消耗域のアルベドが大きく低下していたのに対し、南西部では、氷河表面に深い縦穴が発達するためにアルベドが高く保たれるなど、地域に



グリーンランド北西部カナック周辺の氷河。氷河下流部の表面がクリオコナイトと呼ばれる生物起源の汚れ物質に覆われ、暗色に色づいている。

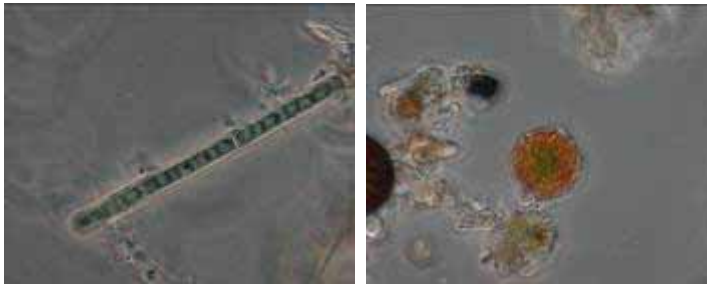
よって雪氷生物や氷河の表面構造に大きな違いがあることが明らかになった。そこで氷河消耗域に生息しているバクテリア，シアノバクテリアを同定するために，グリーンランド北西部のカナック周辺，西部のイルリサット周辺，および南西部のカンゲルーサック周辺の氷河から採取された試料に対して 16SrRNA 遺伝子解析による微生物分析をおこなった。その結果，サンプル中から 24 から 39 種類のバクテリアが検出された。また，北西部のカナック周辺では *Actinobacteria* が優占しているのに対し，南下するに伴って *Actinobacteria* の割合が減少し，南西部のカンゲルーサック周辺の氷河では *Beta-Proteobacteria* が優占することが明らかになり，グリーンランドの西部では緯度によって氷河上で優占する微生物種が異なることがわかった。

(4) 中国・天山山脈およびキルギスタンの氷河アイスコアと雪氷微生物

中国，天山山脈のウルムチ No.1 氷河において，氷河表面の雪氷微生物の群集構造の調査を，6月と8月の二回おこなった。また，2006年10月に同氷河で掘削された約5メートルのアイスコアの分析を行った。9月には，キルギスタンのグリコレア氷帽でアイスコアの掘削および表面微生物の調査をおこなった。



調査を行った
中国ウルムチ
No.1 氷河



中国ウルムチ
No.1 氷河表面
の優占微生物

中国、天山山脈のウルムチ No.1 氷河の表面微生物相の調査の結果、下流部の氷表面には糸状のシアノバクテリアが優占し、上流部の雪表面にはクロロモナス属緑藻が優占していることが明らかになった。また、同氷河のアイスコアの光学顕微鏡分析の結果、アイスコアサンプル中には、鉍物粒子、花粉、不定形有機物粒子、微生物などが含まれていることがわかった。各粒子の定量の結果、鉍物粒子と不定形有機物粒子がそのほとんどで、それぞれ平均で全体の60%、40%をしめていた。不定形有機物粒子は、氷河上で繁殖した微生物に由来する有機物であると考えられる。不定形有機物粒子が全体の約40%を占めていたという事実は、この氷河のアイスコアの固体粒子濃度は単にダストストーム等の規模を反映している訳ではなく、氷河上の微生物活動の影響が大きいことを示している。このアイスコアは層位と全粒子濃度の季節変動にもとづいて年代決定を行い、2006–1996年に相当することがわかった。年代決定にしたがい鉍物粒子と不定形有機物粒子の年変動を求めた結果、両者では全く異なる変動をすることが明らかになった。鉍物粒子は2001-2004年に比較的多く、これはこの地域のダストストームが頻発したという記録と一致する。不定形有機物粒子は、2001年が他の年に比べて2.3倍の濃度であった。これは、過去12年の中で、2001年が特に微生物活動が活発であったことを示唆している。今後、この2001年に注目して、微生物活動と環境条件の分析を始めていく予定である。



グリゴレア氷帽アイスコア中
の汚れ層（深さ約80m）

キルギスタンの天山山脈グリゴレア氷帽において、アイスコア掘削を行った結果、岩盤まで86mのアイスコア掘削に成功した（地球研プロジェクト）。最新部からは、有機物を含む土壌が採取され、放射性炭素同位体比による年代決定から約13,000年前であることが明らかになった。アイスコア中には、数多くの汚れ層が確認された。また氷河表面には糸状のシアノバクテリアが優占していることが明らかになった。これらの分析から氷期の終了から現在までの間の

環境と雪氷微生物の変動の詳細な復元が期待される。今後、分析を進めていく予定である。

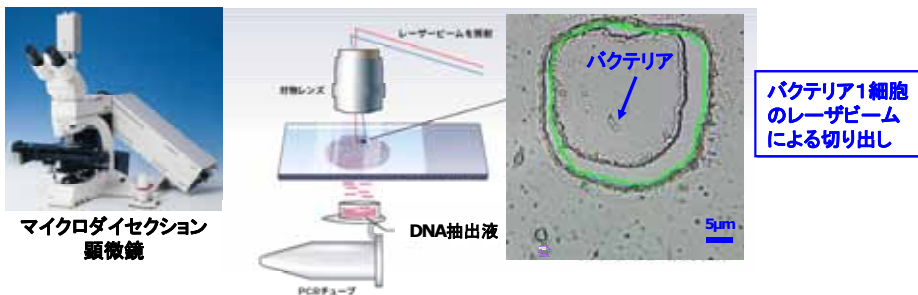
2) 氷床コアゲノム解析法の開発

南極氷床に封印されている微生物を解明する強力な解析手法にゲノム解析がある。これまでにゲノム情報が解析された微生物は 640 株以上の報告があるが、南極域から分離された微生物のゲノム情報はわずかに 1 例のみである。さらに、これまでの解析は全て培養可能な微生物に限られており、地球環境中に生息する全微生物を網羅しているとは言い難い。平成 18 年度に本研究プロジェクトで解析された南極氷山水のメタゲノム解析からは南極域の氷中に封印された微生物は難培養性あるいは未知の微生物の割合が非常に高いことが強く示唆された。本年度はこれまでは未開拓の研究分野であった難培養性微生物の解析として、1 細胞からのゲノム解析技術の開発に着手したので、Step1「1 細胞の分取技術（レーザーマイクロダイセクション法）」と Step2「全ゲノム増幅法（Phi29 DNA polymerase 法）」について得られた知見を報告する。

(1) 1 細胞の分取技術（レーザーマイクロダイセクション法）

これまでに、顕微鏡観察下で細胞をレーザービーム照射により切り出すことができるレーザーマイクロダイセクション顕微鏡を用いた細胞の分取は、主にヒトを含めた哺乳類の組織からの特定細胞の分離や、単細胞生物では酵母などの 10 マイクロメートル以上の大きさの真核細胞での報告がなされている。これは細胞を観察しながらレーザービーム照射部位を正確にコントロールできる対物レンズが 40 倍程度のものしか無かった事に起因している。本研究では、レーザーマイクロダイセクション顕微鏡に 150 倍という特殊な高倍率の対物レンズの採用することで、5 マイクロメートル以下の観察と分取を可能にし、細菌レベルの微小細胞の分取を試みた。

Step 1. レーザーマイクロダイセクション法



Step 2. DNA増幅



最初にレーザーマイクロダイセクション顕微鏡を、細菌レベルの微小細胞の分取用にセットアップを行った。HEPA フィルターを搭載した加湿空気清浄機により空気中の微粒子と湿度を

コントロールできる専用室を準備し、そこにさらに HEPA フィルターを搭載したクリーンブースを設置、その中にレーザーマイクロダイセクション顕微鏡をセットアップすることで無菌的に細胞を分取する環境を整備した。また、レーザービーム照射で切り出した微小片の帯電による散逸を防ぐために除電装置も設置し、電気的な安定状態の維持にも努めた。次に南極氷山氷からのサンプル調製を行った。氷山氷の融解液から遠心による沈殿物を約 100 倍濃縮の状態まで回収した。この一部をレーザーマイクロダイセクション用のフィルム上に塗布し、乾燥後にメタノール固定を経て細菌用グラム染色を行った。その結果、氷山氷中からグラム陽性および陰性細菌と思われる細胞を検出した。

顕微鏡観察下で細菌様の細胞と思われるものをレーザービーム照射で切り取り、回収した後、0.1% Tween-20 を含んだ溶菌液中での DNA 抽出を経て、16S rDNA 領域の約 800bp を PCR 反応 (45 cycle) により DNA 増幅を行った。これらの操作において蒸留水を用いることで、試料に依存しない外部からの混入に起因すると考えられるバックグラウンド DNA 増幅を抑制するべく、ネガティブ・コントロール実験を平行して行い確認をした。分取した細胞の 16S rDNA 由来の DNA 増幅断片は DNA シークエンスを行い、blast 検索により既知配列情報と比較を行った。これまでに氷山氷から 26 試料片の回収を行い、同様の実験操作による解析した結果、21 試料片で分取細胞の 16S rDNA 由来と考えられる DNA 増幅断片を得、15 試料片で増幅 16S rDNA 断片の塩基配列情報から細菌の分類推定に成功した。これまで環境中に存在する難培養性の細菌の分類・同定は、その環境中の生物集団全体から抽出した DNA に対して 16S rDNA 断片の共通配列部分を利用した PCR 反応、増幅 16S rDNA 断片の大腸菌へのクローニングを経て塩基配列情報から推定していたが、本研究により世界で初めて顕微鏡観察下で分取した細菌 1 細胞からの分類・同定に道が開けたことには大きな意義がある。今後は細胞の染色法や、分取した細胞からの DNA 抽出法の改良による解析の効率化を検討している。

(2) 全ゲノム増幅法 (Phi29 DNA polymerase 法)

Phi29 DNA polymerase は枯草菌 *Bacillus subtilis* のファージ DNA にコードされた Rolling Circle 型の DNA polymerase である。従来、Phi29 DNA polymerase を用いた DNA 増幅にはテンプレート DNA が存在しない場合にも primer だけでバックグラウンドの DNA 増幅が起こることが指摘され、極微量のテンプレート DNA、細胞数では 1000 細胞以下のゲノム DNA から DNA 増幅への適用は困難であるとされていた。そこで、本研究プロジェクトでは南極氷のメタゲノム解析の手法として平成 17 年度に Adaptor-ligation PCR 法によるメタゲノム・ライブラリー作成手法が確立され、平成 18 年度には南極氷山氷のメタゲノム解析で Adaptor-ligation PCR 法によるメタゲノム・ライブラリー作成は有効であることが実証された。しかし、平成 19 年度に南極氷床表面雪氷のメタゲノム解析を行う目的で、いくつかのメタゲノム・ライブラリーが Adaptor-ligation PCR 法により構築されたが、平均インサート DNA 長が短いものしか作成されなかった。その要因としてライブラリー作成に用いられた細胞濃度が低いことが考えられた。氷山氷では濃縮によりライブラリー作成に必要な細胞数の確保が可能であったが、氷床表面雪氷では Adaptor-ligation PCR 法でのライブラリー作成に必要な細胞数の確保が困難で

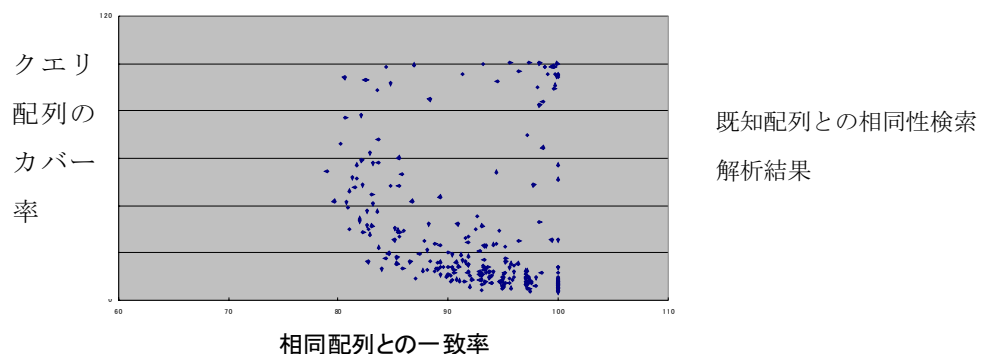
あり、これは本格的な氷床コア氷の解析では、より低い細胞濃度も考慮する必要があるため、そのライブラリー作成手法の見直しが必要となった。

最近、Phi29 DNA polymerase を用いた 1 細胞からの全ゲノム DNA 増幅が世界中のいくつかの研究グループにより取り組まれている。大腸菌細胞を用いたモデル実験系が用いられ、Phi29 DNA polymerase の酵素精製法や、DNA 増幅反応に用いる primer 設計、反応液組成、修飾酵素類の添加効果など、様々な観点からの改善・改良・工夫が試みられている。現在、他の研究グループでの報告等を参考に Phi29 DNA polymerase を用いた 1 細胞からの全ゲノム DNA 増幅の実用化に取り組んでいる。その一端として、DNA 増幅反応に用いる primer 設計を見直し、primer に修飾を施すことで改善された。これまで用いられてきた Random pentamer ではバックグラウンドの DNA 増幅が起こるが、primer の 3'末端側に 2 塩基伸ばした Random heptamer として伸ばした 2 塩基部分にチオリン酸化の修飾を導入することでバックグラウンドの DNA 増幅の低減が見られた。そのメカニズムは未解明であるが、primer 長の伸長は非特異的なアニーリングを低減させる効果が考えられること、チオリン酸化修飾は DNA polymerase の 3'→5'の exonuclease 活性に耐性を示すことなどから、DNA 増幅反応の進行においても安定した primer の供給がなされることが何らかの関与をしていることが考えられる。

今後は他の改善法との併用や、実際にレーザーマイクロダイセクション法により分取した 1 細胞からの全ゲノム DNA 増幅への発展により早期の実用化を検討している。また、新しい技術開発を行う際にはモデル生物を用いた検証系の構築が必要不可欠である。モデル生物で先行している技術の移転や改変を積極的に行うことで本研究プロジェクトの加速度的な進展を検討していきたい。

3) 難培養微生物のゲノム解析手法の開発

本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のメタゲノム解析により得られた 11,414 クローンを対象に、従来実施されている相同性検索による系統推定も実施し、一括学習型自己組織化マップ法(BLSOM)解析により系統推定を実施した結果との比較を行った。相同性解析は、NCBI にて公開されている non-redundant な塩基配列を対象に相同性検索を実施した。得られた相同配列のトップヒットの配列との一致率とクエリ配列の相同領域のカバー率の分布図を示す。

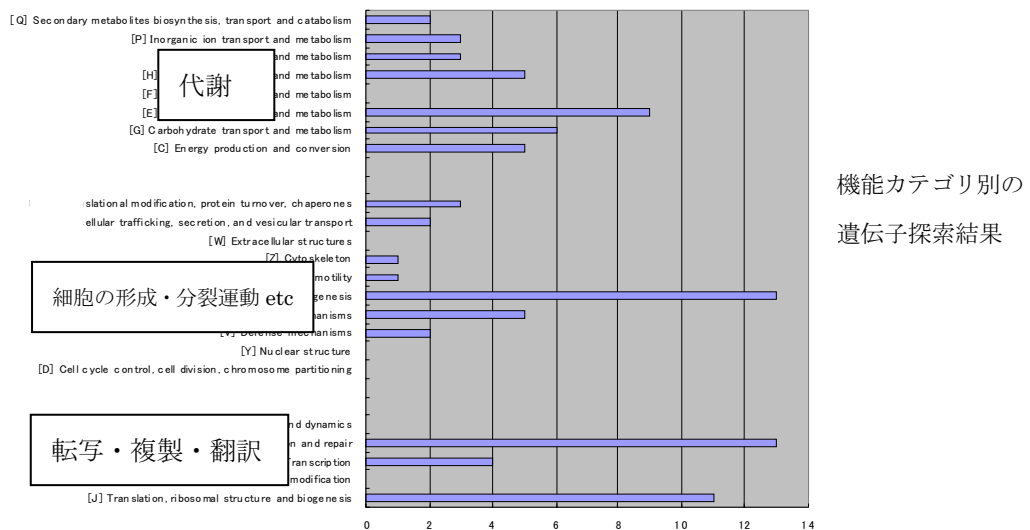


ここで、相同性検索結果の E 値が $1e^{-5}$ 以下の条件下にて、配列相同性が得られた配列は全配列(11,414 配列)中の 272 件、2.3%しかなかった。大半は有意な相同性配列が得られず、氷山氷より取得されたメタゲノム配列では相同性解析による系統推定の実施は難しく、BLSOM 法の適用が必須なことが判明した。次に、氷山氷より取得されたメタゲノム解析由来 DNA 断片配列を対象に、遺伝子機能の探索を実施した。遺伝子機能の探索方法として、メタゲノム配列を対象に、オーソログ的なタンパク質の機能分類データベースである COG (Clusters of Orthologous Group)に収録されているアミノ酸配列を検索対象とし、相同性解析を実施した。

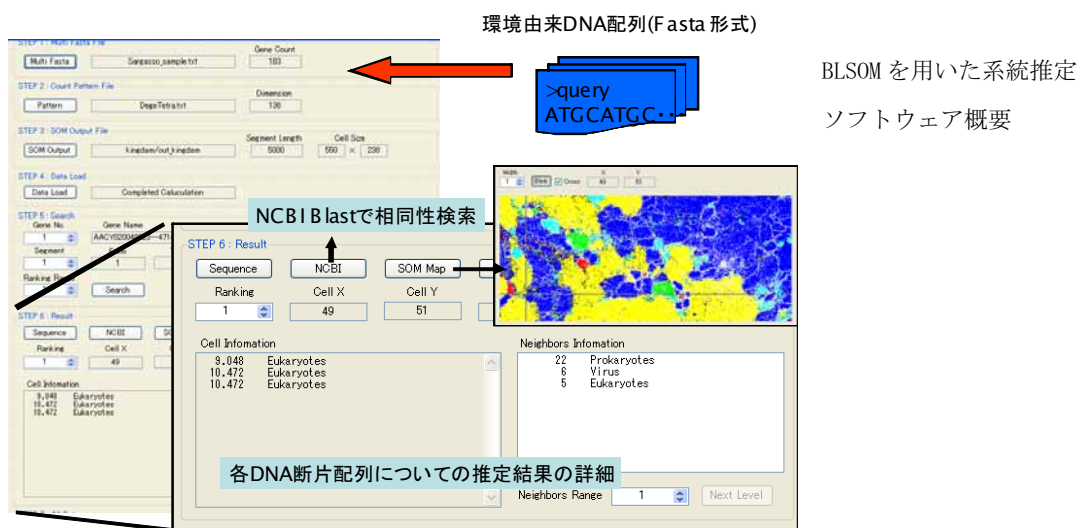
ここで、相同性が得られた配列との E 値が $1e^{-10}$ 以下、相同性配列との一致率が 30%以上、相同性が得られた配列の配列全長のカバー率が 30%以上の条件で相同性領域が得られた場合遺伝子候補と定義し、遺伝子探索を実施した。ここで遺伝子候補領域を同定することが出来た配列を COG の機能分類カテゴリ別にまとめた結果を示す。

遺伝子候補領域として相同性が得られた配列は、215 件と少ないが、相同性が得られた遺伝子の機能分類を見たところ、様々な機能を持つ遺伝子候補が得られていることが解った。今後は、耐冷性を持つ有用な酵素などに着目し、メタゲノム解析由来 DNA 配列に対しての詳細なアノテーションを実施し、科学的ならびに産業的に重要な遺伝子を発掘していく予定である。

南極の氷床に生息する微生物相との対比に用いるコントロールデータの取得を目的に、南極表層のメタゲノム解析を実施したが、雪氷中に含まれる細胞数が少なく(100~1,000 cell/ml)、平均 250 bp 程度の比較的短い DNA 断片配列が多く得られた。現在までに開発を行ってきた



BLSOM を用いた系統推定法では、推定する DNA 断片配列の最低長として 1 kb 前後を想定しており、今回得られた平均 250 bp 程度の短い DNA 断片配列での系統推定を想定していなかった。そのため、現在の BLSOM 解析条件での短い DNA 断片配列に対する系統推定の精度の検証を試みた。今回は、現在の系統推定用の BLSOM マップ作成に使用していないゲノム 15 種をランダムに抽出し、それらを 100, 250, 400, 500, 1000, 5000 bp ごとに断片化を行い、各々の配列が本来の系統に推定されるかで検証を実施した。原核生物由来か真核生物由来かを対象



とした系統推定では、250bp でも推定精度が 80% となっており、比較的短い DNA 断片配列でも精度高く推定できることが解った。原核生物由来を対象とした原核生物の系統群への系統推定では、500 bp にて 62% の推定精度であり、DNA 断片配列が短くなるにつれて、推定精度は下がっていた。ただし、500bp では、系統推定を行う BLSOM マップを作成の際に使用された断片配列数が多い系統群では推定精度は平均よりかなり良くなっており(例えば、Gamma proteobacteria では、精度が 80% であった)、断片配列数が少ない系統群では精度が低くなっていた。そのため、系統推定を実施する DNA 断片配列長が 500 bp 程度の場合、系統推定用の BLSOM マップに使用される各系統群の配列が拡充されれば、ある程度は精度高く系統推定を実施することが可能であることが解った。しかしながら、500 bp 以下では、現在の解析条件では精度高く系統推定を実施するのは困難なため、来年度は短い断片配列についても高い精度を実現するための BLSOM 条件の検討を実施する。

また、既知の全微生物ゲノム配列で作成した BLSOM 上へ、環境由来の新規 DNA 塩基配列を PC レベルの計算機を用いてマップすることで、系統推定を行うためのソフトウェアの開発を実施した。

現段階ではまだ開発版であり公開を行っていないが、本ソフトウェアを用いて多数な新規配列の系統推定が可能であり、得られた系統推定の検証のための相同性解析や BLSOM マップ上での位置の可視化など、本解析に必要な多様な機能を備えている。本ソフトウェアを拡充していくことで、本プロジェクト内での円滑な利用が可能になる。研究成果として本系統推定法の普及に努めてゆきたいと考えている。

4) 南極ドームふじ基地氷床コアの深層掘削

南極ドームふじにて採取された長さ 3035m の氷床深層コアを解析して、過去 72 万年間の気候・環境変動を明らかにする。これによって年代軸に沿った生物活動の古環境情報を提供し、氷床コア中の微生物研究を進める。平成 19 年 4 月に 3035m まで掘削されたドームふじ氷床深層コアを南極から国内に持ち帰った。このうち氷床底面の岩盤に近い 3028m から 3034m ま

では、水安定同位体やダストの分析から過去の気候シグナルが残っているとわかった。それより下の1 m は固体微粒子と思われる粒子がたくさん入っており、一部は切り出して生物学的、岩石学的に研究を進めている。2400m 以深についての基本解析については、最初ミレニアムスケールの気候変動が見える間隔に間引いて分析を行った。この研究結果について投稿準備を進めている。2400m 以深の連続分析は来年度までには終了するように精力的に続けている。国内外の共同研究として学際的な分野との研究も進めている。

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

(1) 南極に生息する線虫の網羅的な分子系統解析

これまでに南極線虫は43種が記載されているが、これらの中には他の地域の線虫との混同や明らかな間違いも少なからず含まれていることが分かっている。これは南極線虫を専門とする研究者が少ないことや、形態的特徴の少ない線虫そのものの分類が非常に難しいことに起因する。サンプルの種の同定ができないことは比較研究においては致命的な問題となる。例えば、興味深い線虫サンプルを得ても、これが既知の線虫なのか新種なのか、また南極に固有な線虫なのか、その他の地域にも分布する種なのか、などについて比較検討することができない。この現状を解決するために、国内外の研究者と共同して、昨年度から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行っている。

本研究では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で、極地研が収集した線虫サンプル（昭和基地、南極半島）の形態分類と18S rDNA配列の決定を行っている。多数のサンプルの解析の結果、南極半島キングジョージ島に由来するサンプルから *Plectus belgicae* が見出された。これまでにこの種がキングジョージ島から発見された記録はなく、近々この件についての論文報告を行う予定である。南極には *P. belgicae* と形態的に非常に類似した *P. murrayi* がいるため、この種との間の配列の相違を解析した上、この報告をさらに確実なものとしていたいと考えている。このためには本年度に帰国する49次南極観測隊が持ち帰る予定の昭和基地周辺のコケ、土壌サンプルの分与が望まれる。また、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) を進めている。今年度は線虫からの DNA の抽出法、特異的遺伝子増幅法に改良を加え、格段に精度の高い配列情報を得ることに成功した。この結果、*Calcaridorylaimus signatus*, *Coomansus gerlachei*, *Eudorylaimus coniceps*, *Geomonhystera villosa*, *Plectus antarcticus*, *P. belgicae*, *P. meridianus*, *Tylenchus sp.* と形態分類された8種の線虫の18S rDNA配列中にある1塩基の相違を検出できる精度で解析することに成功し、非常に正確な系統分類が可能になった。この技術によって、今まで形態からの分類が困難であった近縁線虫 *P. antarcticus* と *P. belgicae* も、18S rDNA配列の中の特定の1

塩基の相違で厳密に区別することができるようになった。さらに、極めて類似した形態を持つため同じ *E. coniceps* に分類されていた線虫は、18S rDNA の配列から2種類に分けられることが分かった。

また、形態分類をさらに詳細に行うために、遺伝研、鈴木えみ子博士と共同して南極線虫の走査型電子顕微鏡(SEM)による観察を行った。この際、昨年度に導入された最新式の SEM を用いることよって、前年度報告の時よりも数段鮮明な SEM 解析画像を得ることができ、より微細な構造の観察が可能になった。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。

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。また、本研究によって初めて、南極に生息する線虫は特殊環境に適応した固有の生物種であるのか、温暖、湿潤な環境にある線虫と遺伝的にどのような違いがあるのかを遺伝子レベルで明らかにして行くことが可能になると考えている。

(2) 南極線虫 *Panagrolaimus davidi* の遺伝子発現解析

線虫の凍結、乾燥耐性の生化学的、遺伝学的研究のためには、その飼育が不可欠となるが、残念ながらこれまでに南極線虫の飼育には成功していない。今後も独自の南極線虫の飼育の試みは続けて行くが、一方、ニュージーランド、オタゴ大学の D. Wharton 博士と共同して *Panagrolaimus davidi* の研究を開始した。これは凍結、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、一般に使用されている寒天培地で常温飼育が可能な線虫である。まず比較解析の基準となるデータセットを用意するため、*P. davidi* を環境ストレスのない良好な標準環境(温度 20°C において十分な水分、エサを与えた状態)で飼育し、このような線虫から mRNA を調整し cDNA ライブラリを構築した。通常、生物は耐性状態に移行するためある程度の準備期間が必要であるが、この線虫は良好な飼育状態から急激に凍結、乾燥を行っても強い耐性を持つため、良好な飼育環境であってもある程度の耐性遺伝子が恒常的に発現されているものと考えられた。実際に1万クローンの cDNA 配列を解析したところ、期待された耐性遺伝子の候補を複数含んだ多様な遺伝子が幅広く発現されていることが判明した。

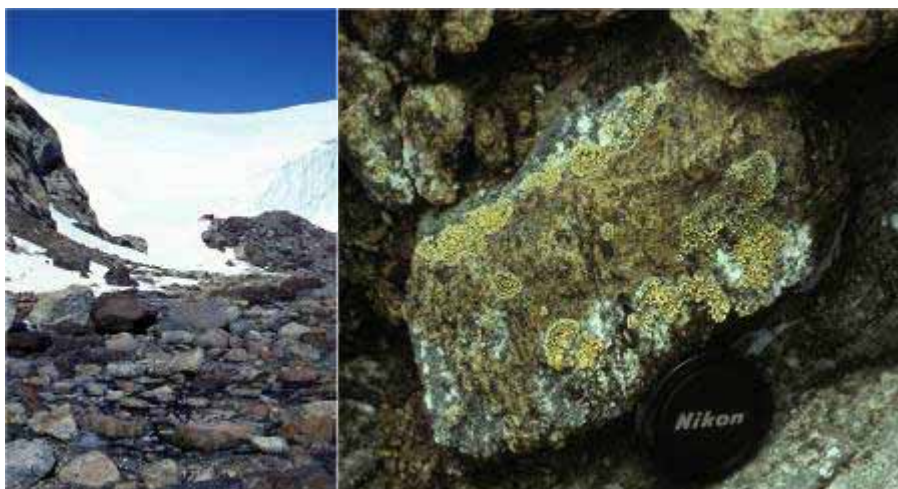
中でもライブラリの中で比較的高いレベルで発現していた *lea* (Late Embryo Abundant) 遺伝子群に注目した。*lea* 遺伝子は初めコムギの後期胚において高発現する遺伝子として同定され、現在までに多くの動物、植物、細菌に広く存在することが知られている乾燥耐性遺伝子である。動物では特に線虫、ワムシ、クマムシ、ネムリユスリカなど高度な環境耐性を持つ生物にあり、乾燥条件によって発現が誘導されることが分かっている。特徴として親水性の 11 アミノ酸の繰り返し配列を持ち、この配列が水分子の保持、蛋白質の保護などに働いているのではないかと考えられているが、その作用機構については未だほとんど明らかになっていない。cDNA 解析の結果、*P. davidi* には少なくとも4種類の *lea-1* ファミリー遺伝子が存在することがわかった。このうち1つは比較的 *C. elegans* の *lea-1* と類似の遺伝子だと考えられるが、他の3種類

の遺伝子の持つ特徴的な配列は、既知の配列データベース中には見つからず、新しい機能モチーフである可能性がある。現在、これら一群の遺伝子について、1. 定量的 RT-PCR によって乾燥、凍結などの環境においた場合の *lea* 遺伝子の発現誘導性を検討する、2. *P. davidi* の *lea* 遺伝子を *C. elegans* に導入し、耐性能への影響を観察する、3. *P. davidi* に *lea* の二重鎖 RNA を注入し、RNAi(RNA 干渉法)による遺伝子機能阻害を検討する、などの実験を計画している。これらの解析により *P. davidi* の *lea* 遺伝子群の機能を明らかにしたいと考えている。

これまでに *P. davidi* の標準状態からの cDNA を 1 万クローン配列解析し、この結果このライブラリは非常に高品質であることが確認できた。そこで今年度はさらにこのライブラリについて 1-2 万クロンの追加配列解析を進める。またさらに寒冷、乾燥環境で飼育した *P. davidi* からの cDNA ライブラリを作成し、各 1-2 万クローンづつの配列解析を行う。これによって、環境刺激がどのような遺伝子の発現上昇、あるいは下降を促すかを明らかにし、寒冷、乾燥環境に対する耐性遺伝子を見出したいと考えている。このような研究に cDNA ライブラリの解析は非常に有効なアプローチであるが、一方、自然状態では温度、温度は非常に変化しやすいため、耐性遺伝子の発現は長い応答時間が必要な転写調節ではなく、速やかな応答が可能な翻訳調節によって制御されているという報告がある。例えば、寒冷耐性を制御する cold shock/Y box 蛋白質は、通常的环境では標的である寒冷耐性遺伝子の mRNA に結合しその翻訳を抑制しているが、寒冷刺激によって mRNA が乖離され、短期間に大量の耐性蛋白質の産生を促すと考えられている。興味深いことに *P. davidi* の cDNA ライブラリの中には cold shock/Y box 遺伝子が高い割合で含まれており、線虫体内ではこのような形の制御が行われている可能性が高い。もしもそうならば翻訳制御を受ける耐性遺伝子を mRNA 量の変動で検出することは不可能であり、蛋白質量の変化を解析するしかない。このため、現在、蛋白質の 2 次元電気泳動による展開と質量分析による解析を検討している。

②南極ヌナタークに生育する地衣類

南極昭和基地周辺のおメガ岬、ラングホブデ、ブライボーグニーパ、スカルプスネス、スカレビークハルセン、セルンゲン（シール岩）の *Rhizocarpon adarense* の分類及び、分布について再検討を行った。とくに採集品の多い雪鳥沢で得られた分布組成データ（Aufnahme）183 中 23 地点、同様にラングホブデ平頭山をはじめ、おメガ岬、スカールビークハルセンの地衣類標本、ナンキョクチズゴケ *Rhizocarpon flavum* を再精査したところ、*R. adarense* との共存は見られなかったが、ミズギワノスミイボゴケ *Buellia subfrigida* とは共存していた。さらに *Rhizocarpon* の他種、*R. aquatile* の産地はルンドボークスヘッタの 2 地点に限られていた。昭和基地周辺における *Rhizocarpon* 属、*Buellia* 属等の固着地衣類の分類・生態は大陸氷床縁やヌナターク、とくに、夏季に生じる融雪氷水の流れ及びその周辺域と密接な関係があることが解ってきた。昭和基地周辺の調査は越冬観測により 1985 年 12 月～1987 年 2 月まで行ったが、帰国後 20 年を経た今日の研究成果から興味深い事実が明らかになってきた。今後の計画として、ラングホブデ長期滞在や夏期間のスカルプスネスや日の出岬等、大規模露岩での調査が必要と感じた。ヌナタークの環境と地衣類分布の関係をさらに研究していく必要がある。



南極ラングホブデ平頭
山水縁部（左）と地衣
類（右）。黄色はナン
キョクチズゴケ、灰色
はミズギワノスミイボ
ゴケ

③南極地域由来新規微生物の分離と同定

地球上には熱水（高温）や塩湖（高塩濃度）、深海（高圧）といった一般的な生物の生育が困難な過酷な環境条件が存在する。このような極限環境においても独自に進化し、環境に適応して生息している微生物が存在する。このような極限環境微生物は温和な環境で生育する微生物と比べ、有用な生体分子や新規な代謝経路を有する場合があるので興味深い研究対象となっている。南極大陸は地球上で最も寒冷な地域であり、低温だけでなく貧栄養・高塩濃度・高UV照射・乾燥といった多くの極限条件が存在する。また、他地域に比べて微生物研究があまり進んでいないことから南極大陸から新規微生物の発見が期待される。

本研究では、南極大陸の土壌・湖水・藻類などから得られた 262 種類の試料のうち、好気条件下で採取された 130 種類の試料を用い、様々な生育パラメーターを検討して培養することにより新規微生物の探索を行った。

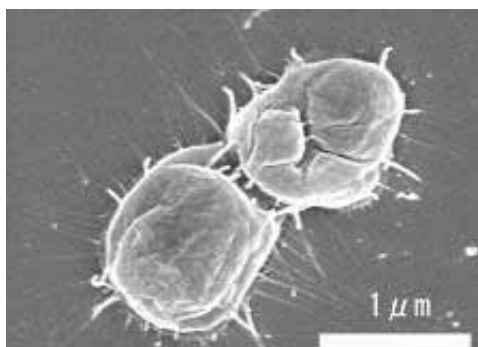
新規微生物の分離

微生物分離の培地として LB 培地・M9 培地・肉汁培地などを用いた。低温菌は 4°C で培養し、好塩菌は、NaCl 濃度を 1 M～5 M に調整した培地で培養した。また、貧栄養環境を再現するために培地中の有機物濃度を 10 倍から 1000 倍まで希釈した培地で培養を行い、pH もアルカリ性、賛成条件ともに検討を行った。その結果、様々な培養条件で 1000 種類を超える微生物が生育した。得られた微生物の新規性は 16S rRNA 配列の相同性に基づいて判断し、既知の微生物との相同性が 97% 以下であれば新種に分類される可能性が高いと考えた。生育した微生物のうち 200 種類以上の 16SrRNA 配列を解析し、新種の候補であると考えられた 8 種類の微生物を中心に同定を進めた。

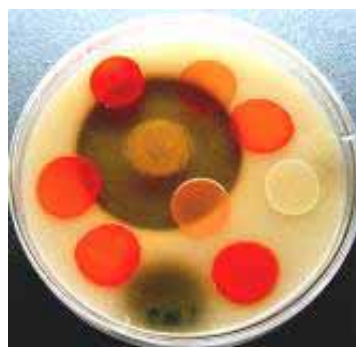
120-1 株は既知の微生物との 16S rRNA 配列相同性が 93% 程度と極めて低い値を示した細菌である。120-1 株は直径 0.5～1.0 μm 程度の球菌であり、SEM 観察を行ったところ菌体の周囲に突起状構造が観察された。進化系統樹からも新属新種であるだけでなく、新しい科を代表する微生物となる可能性が期待される。120-1 株は既知の微生物には見られないような有用物質生産能や代謝活性を示す可能性があるため全ゲノム塩基配列解析を行った。

Table 1. 分離した新規微生物とその 16S rRNA 配列相同性と最も近縁な既存微生物属

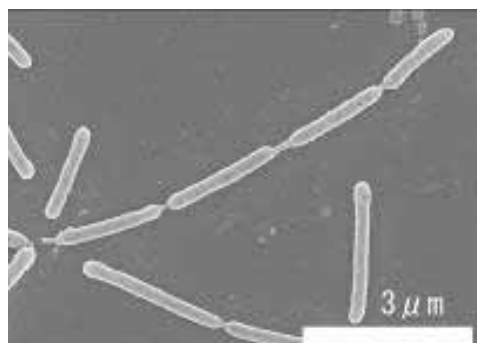
株	相同性(16S rRNA)	最近縁属	備考
120-1	93.29%	<i>Mesorhizobium</i>	全ゲノム塩基配列決定
107-E-2	97.75%	<i>Lysobacter</i>	高分解活性
89	96.61%	<i>Roseomonas</i>	
62-5	98.44%	<i>Roseomonas</i>	
56	97.80%	<i>Roseomonas</i>	
262-2	98.08%	<i>Roseomonas</i>	
147-1	97.59%	<i>Rhodopseudomonas</i>	T,Y 字型を示す桿菌
60-2-1	96.71%	<i>Psychroflexus</i>	好塩性



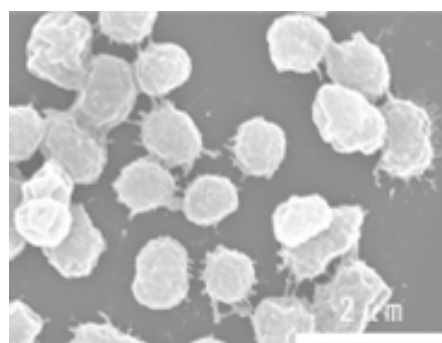
120-1 株電顕像



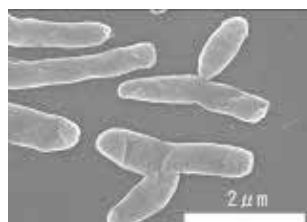
107-E-2 株のプロテアーゼ活性



107-E-2 株電顕像



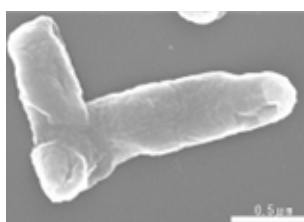
89 株電顕像



147-1 株 T 字型電顕像



同株 Y 字型



同株 L 字型

その総塩基数 5,663,506bp, 遺伝子数は 5,000-6,000 個程度と予想された。現在までに解糖系や TCA 回路, ペントースリン酸回路などの主要代謝系の存在が明らかとなり, さらなるゲノム情報の解析を通じて本菌の特性が解明されると期待できる。107-E-2 株は *Lysobacter* 属の

微生物と近縁な微生物である。コロニーの色は黄色であるが、培養後期には黒色色素を分泌するという特徴がある。また SEM を用いた観察から長桿菌であることが分かった。この株はプロテアーゼ、アミラーゼ、エステラーゼ、リゾチームなど様々な分解酵素を生産しており、これらは *Lysobacter* 属の既知の微生物にも見られる特徴である。現在報告されている *Lysobacter* 属の微生物は全て 30°C で生育可能だが 107-E-2 株は 30°C では生育できず、この株は南極大陸から単離されていることから低温で高活性を示す有用酵素の発見が期待される。さらに、南極大陸の異なる地点から *Roseomonas* 属と近縁な細菌が 4 種類 (56, 62-5, 89, 262-2 株) 得られた。いずれも球菌であり、培養中に細胞が凝集する傾向が観察された。16S rRNA 配列に基づいて系統樹を作成したところ、4 種の微生物間の配列に若干相違がみられたものこれらは既知の *Roseomonas* 属の微生物と離れた位置に一群を形成した。培養特性からもこれら 4 種の微生物は異なる微生物種であることが示唆され、南極大陸で独自に進化を遂げた *Roseomonas* 属の微生物群を示すものと考えられる。147-1 株は光合成細菌 *Rhodospseudomonas palustris* と近縁な細菌であった。SEM を用いて観察を行ったところ、T 字型や Y 字型、L 字型といった特異な形状が観察された。このような形状の微生物としてピフィズス菌が知られているが、極めて珍しい分裂様式と考えられる。

本研究では、既知の微生物との相同性が 93% と低い値を示す 120-1 株や高い分解活性を有する 107-E-2 株、T 字や Y 字型など特異な形状を示す 147-1 株など新種の候補となる株を複数種得ることに成功した。今後、これらの微生物から有用な生体分子や南極生態系についての重要な知見が得られることが期待される。

④南極湖沼生物における地史的変遷

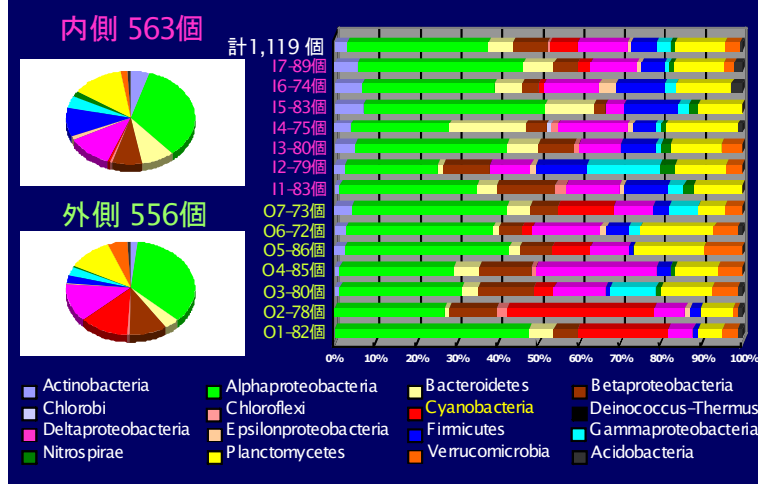
ラングホブデ・ぬるめ池での湖沼観測では、ハルパクチコイダというケンミジンコの一種とみられる動物プランクトンを発見した。東南極の大陸性湖沼では極めて珍しい発見であり、昭和基地周辺の湖沼生態系解明の上で、重要な意味を持つと考えられる。湖底には藻類とコケ類が塔状となっている構造物に生息する真菌類を明らかにするために、既存の冷凍サンプルから菌の分離を試みている。現在までに 11 タイプの真菌類が見つかっており、今後、形態や遺伝子解析により種の同定を行う予定である。

⑤南極「コケ坊主」生態系における微生物相の解析

南極の貧栄養湖沼に特有の生物体「コケ坊主」は、主構成種であるコケ類とそれに付随する微生物相が極限環境で協調的に物質生産および物質循環を行うミニ生態系である。本研究ではコケ坊主の存立に寄与する微生物種の系統と機能の網羅的な解析を目的とし、将来のメタゲノミクス等に供すべきコケ坊主部位を選定するため、コケ坊主の各部について 16S/18S rRNA 遺伝子および物質生産・物質循環に関与する酵素の遺伝子をターゲットとした PCR クローンライブラリーの作成とその大量解析を目標とした。

Bryum 属や *Leptobryum* 属などの水生蘚類は、緑藻類やケイ藻類、ラン藻類とともに「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

真正細菌 16S rRNA 遺伝子による微生物相の解析



コ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生物相については明らかにされていない。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、平成 18 年度に解析した真正細菌 16S rRNA 遺伝子に加えて、さらに古細菌とシアノバクテリアの 16S rRNA 遺伝子および真核生物の 18S rRNA 遺伝子を標的としたクローンライブラリーを作成し、その系統解析を行った。一つのコケ坊主体について、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/18S rRNA 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最高 96 クローンを無作為に選び、総計 2,112 クローンについて 16S/18S 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、古細菌は有意に検出されなかったこと、光合成をするシアノバクテリアは外側に多く存在し南極種 *Leptolyngbya frigida* に近縁の系統群が優占すること、真核生物としてはコケ種 *Leptobryum* 属の系統群が優占することが分かり、コケ坊主の外層と内層の酸化還元条件に応じて、異なる生物種が存在していることが示唆された。現在、16S/18S 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

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。このような環境は、初期生命が生育した環境に類似している可能性が指摘されている。本研究の目的は、海底熱水地帯周辺の環境標品を分子生物学的手法で解析すること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。本年度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。

3) 極限環境生物統合データベースの構築

本研究は国立極地研究所に収蔵されている極域を中心としたコケ類標本を対象に、高精度 3 次元顕微画像とゲノム DNA 配列情報、地図情報を加味したデータベースを作成することを目的とした。この作成によりこれまでにない新たな研究リソースとして情報を学界に提供すると共に、汎地球的分布をすることが知られている種を対象に比較ゲノム解析を実施し、従来の研究によって明らかにされている形態分類学的多様性に加え、標本採取地の地誌情報、ゲノム情報から得られる進化系統距離等を加味して、極限環境生物システムについての統合的な理解を得ることができる。

(1) 3D 画像表示ソフトウェアの改良

ソフトウェアをバージョン 10 から 11 に更新した。これに伴い、倍率の異なる画像を 1 つにまとめた 3D 表示の実現、すなわち、3次元での全体像から拡大像の切り替えが画面上での指示で可能になった。これに伴い、標本あたりの画像数が 144 から 288 に増加した。現在までに 3D 画像を撮影した標本数は南極乾燥標本 (58 検体)、北極乾燥標本 (14 検体)、南極冷凍標本 (19 検体) になった。この結果、昭和基地周辺に分布する 12 種のコケ類は、すべて網羅できた。

乾燥標本については、極地研に保管されているそのままの状態を 3D 化した。拡大倍率は、全体像で 10 倍、拡大像で 35 倍～200 倍である。冷凍標本については、35 倍～200 倍で撮影した。

(2) DNA 解析用のコケ標本サンプリング

国内から独自に採集した蘚類冷凍サンプル：93 検体 (うち洗浄試料 24, 乾燥試料 16)、南極および北極の極地研所蔵乾燥標本：1,048 検体 (うち洗浄試料 96)、極地研所蔵南極冷凍標本：171 検体 (うち洗浄試料 120) を DNA 解析用に準備した。

一般的に、植物試料からの高分子 DNA 抽出に当たっては、ヌクレアーゼ、多糖類、色素類、二次代謝物の混入の影響を受けるために困難であることが多い。当初の計画では、葉緑体 RUBISCO 遺伝子間領域、ゲノム ADK 遺伝子、Phytochrome 2 遺伝子、RNA ポリメラーゼ I, II, III 各遺伝子のイントロン領域を PCR 増幅し、比較配列解析を行う予定であったが、これ

までのところ、PCR 増幅の段階で再現的な結果が得られていない。また乾燥標本については、燻蒸用アルキル化剤による DNA 修飾の影響が考えられるため、DNA 配列レベルでの解析対象からは除くことにした。当初の目的を達成するためには充分量の配列データから解析を行う方が解析の感度が上昇することと、解析手法そのものの新規性も考慮し、20 年度以降については新型シーケンサによる大量 DNA 配列決定と全ゲノム解析を考慮したい。これにより、特に汎地球種といわれている種について、DNA 配列レベルでの多様性が明確になることが期待される。

(3) 極域植物データベースの構築

本年度は主に、淡水藻類、地衣類について検討した。とくに南極昭和基地周辺の淡水藻類については湖沼他、コケ群落、土壤中、雪上、岩上など幅広い環境に生息している。昭和基地周辺の淡水藻類には、未同定の種類や分類学的問題を含む種類が多く残されている。特に同定に培養を必要とする緑藻、黄緑藻の分類学的研究は遅れている、この研究では藍藻、珪藻、緑藻と黄緑藻の代表的な種類について分類学的研究を実施する。この内容の一部は極域生物画像データベースとしてホームページで公開し、研究者のみならず初心者や一般にも広く利用されることを目指している。昭和基地周辺の岩上に生育する藍藻 *Gloeocapsa* 属、*Gloeocapsopsis* 属、*Chondrocystis* 属について分類学的検討を行い、第 30 回極域生物シンポジウムで発表を行った。藍藻 *Chondrocystis dermochroa*、緑藻 *Cosmarium clepsydra* については極域生物画像データベースとしてホームページ公開を行った。

(2) 成果発表等

<論文発表>

[学術論文]

1. Kawamura K., F. Parrenin, L. Lisiecki, R. Uemura, F. Vimeux, J. P. Severinghaus, M. A. Hutterli, T. Nakazawa, S. Aoki, J. Jouzel, M. E. Raymo, K. Matsumoto, H. Nakata, H. Motoyama, S. Fujita, K. Goto-Azuma, Y. Fujii, and O. Watanabe (2007): Northern Hemisphere forcing of climatic cycles in Antarctica over the past 360,000 years, *Nature*, 448, 912-916.
2. Abe Takashi, Shun Ikeda, Shigehiko Kanaya, Kennosuke Wada, and Toshimichi Ikemura, 2007: Characterization of Genetic Signal Sequences with Batch-Learning SOM", *Proceedings of Workshop 2007 on Self-Organizing Maps*.
3. Hirahata Masaki, Takashi Abe, Naoto Tanaka, Yoshikazu Kuwana, Yasumasa Shigemoto, Satoru Miyazaki, Yoshiyuki Suzuki, and Hideaki Sugawara(2007). *Genome Information Broker for Viruses (GIB-V): Database for comparative analysis of virus genomes.*, *Nucleic Acids Research*, 35, D339-D342.
4. BHATT, Maya P., Toshiyuki MASUZAWA, Mineko YAMAMOTO and Nozomu TAKEUCHI (2007) Chemical characteristics of pond waters within the debris area of

- Lirung Glacier in Nepal Himalaya *J. Limnol.*, 66(2): 71-80.
5. Kohshima, S., Takeuchi, N., Uetake, J., Shiraiwa, T., Uemura, R., Yoshida, N., Matoba, S. and Godoi, M.A. (2007): Estimation of net accumulation rate at a Patagonian glacier by ice core analyses using snow algae. *Global and Planetary Change*. 59, 236-244.
 6. Hara, F., K. Yamashiro, N. Nemoto, Y. Ohta, S. Yokobori, T. Yasunaga, S. Hisanaga & A. Yamagishi (2007) An actin homolog of the archaeon *Thermoplasma acidophilum* that retains the ancient trait of eukaryotic actin. *J. Bacteriol.* 189: 2039-2045.
 7. 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
 8. Tanji, M., E. Yakabe, T. Kageyama, S. Yokobori, M. Ichinose, K. Miki, H. Ito, & K. Takahashi (2007) Purification and characterization of pepsinogens from the gastric mucosa of African coelacanth, *Latimeria chalumnae*, and properties of the major pepsins. *Comp. Biochem. Physiol. B Biochem. Mol. Biol.* 146: 412-420.
 9. Shimizu, H., S. Yokobori, T. Ohkuri, T. Yokogawa, K. Nishikawa, & A. Yamagishi (2007) Extremely thermophilic translation system in the *Commonote*: ancestral mutants of Glycyl-tRNA synthetase from the extreme thermophile *Thermus thermophilus*. *J. Mol. Biol.* 369: 1060-1069.
 10. Ohkuri, T. & A. Yamagishi (2007) The effects of mutations at position 253 on the thermostability of the *Bacillus subtilis* 3-isopropylmalate dehydrogenase subunit interface. *J. Biochem.* 141: 791-797
 11. Yokobori, S., D. J. Lindsay, M. Yoshida, K. Tsuchiya, A. Yamagishi, T. Maruyama, & T. Oshima (2007) Mitochondrial genome structure and evolution in the living fossil vampire squid, *Vampyroteuthis infernalis*, and extant cephalopods. *Mol. Phylogen. Evol.* 44: 898-910
 12. Yokobori, S., T. Iseto, S. Asakawa, T. Sasaki, N. Shimizu, A. Yamagishi, T. Oshima, & E. Hirose (2008) Complete nucleotide sequences of mitochondrial genomes of two solitary entoprocts, *Loxocorone allax* and *Loxosomella aloxiata*: Implications for lophotrochozoan phylogeny. *Mol. Phylogen. Evol.* (in press)
 13. 山岸明彦, 矢野創, 奥平恭子, 小林憲正, 横堀伸一, 田端誠, 河合秀幸 (2007) TANPOPO : 有機物と微生物の宇宙空間曝露と微隕石及び微生物の捕集実験。 *Biol. Sci. Space* 21: 67-75
 14. 小林憲正, 石川洋二, 内海裕一, 奥平恭子, 河崎行繁, 小池惇平, 長沼毅, 奈良岡浩, 橋本博文, 丸茂克美, 三田 肇, 山岸明彦, 山下雅道, 高橋淳一, 癸生川陽子, 鈴木彰子, 杉浦 桂, 加藤政博, 小林克己, 矢野 創 (2007) 地球周回軌道におけるアストロバイオリジー実験: 宇宙環境下での有機物・微生物・生態系を探る。 *Space Util. Res.*, 23, in press
 15. Takeshi Naganuma, Hiroyuki Kimura, Risa Karimoto & Nikolay V. Pimenov (2007)

Abundances of planktonic thraustochytrids and bacteria and of particulate ATP in the Greenland and Norwegian Seas. *Polar Bioscience*, 20: 37-45.

16. Ishii N, Nakahigashi K, Baba T, Robert M, Soga T, Kanai A, Hirasawa T, Naba M, Hirai K, Hoque A, Ho PY, Kakazu Y, Sugawara K, Igarashi S, Harada S, Masuda T, Sugiyama N, Togashi T, Hasegawa M, Takai Y, Yugi K, Arakawa K, Iwata N, Toya Y, Nakayama Y, Nishioka T, Shimizu K, Mori H, Tomita M. 2007., Multiple high-throughput analyses monitor the response of *E. coli* to perturbations, *Science*, 316, 593-597.

[会議録]

1. 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。平成18年度スペース・プラズマ研究会報告。pp. 84-87

[解説・総説]

1. 幸島司郎 (2008) : 氷河の生物。遺伝, 62 (1), 66-70.
2. 竹内望, 他 (2007) アイスコアによる黒河流域の環境の変化の復元, 黒水城人文与環境研究, 中華人民大学出版社, 104-118
3. 竹内望 (2008) ユキムシの世界～雪氷生物, 世界通信教材学習ニュース, 1909, [PDF]
4. 瀬川高弘, 竹内望 (2007), 雪氷写真館: 雪や氷の世界に住む微生物, 雪氷。
5. 山岸明彦 (2007) 10.9タンパク質工学。生物物理学ハンドブック, 石渡信一, 桂勲, 桐野豊, 美宅成樹編, pp. 607-610
6. 山岸明彦 (2007) シンポジウム「地球の初期環境と生命の起源・進化」企画意図。はじめに: 地球の初期環境と生命の起源・進化研究法。遺伝別冊「進化でどこまでわかるか」, pp. 178-179
7. 山岸明彦 (2007) シンポジウム「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」。遺伝別冊「進化でどこまでわかるか」, pp. 191-195
8. 横堀伸一 (2007) 生化学辞典第4版 (分担執筆: 11項目)。東京科学同人。
9. 山岸明彦 (2007) 遺伝子からどこまでさかのぼれるか—全生物の共通の祖先遺伝子を探る— *Biophilia* 3 (2): 34-37
10. 横堀伸一 (2007) すべてはシアノバクテリアから?—光合成の起源について。蛋白質核酸酵素52:171

[研究ノート]

[その他]

<会議発表等>

[招待講演]

1. 阿部貴志, "自己組織化マップ(SOM)によるゲノムとタンパク質配列からの効率的な知識発

- 見", 化学と生物学を統合する情報学に関するシンポジウム, 2007年12月(東京), 招待公演。
2. 山岸明彦。宇宙における生命の起源と進化。2007宇宙ライフサイエンス若手の会・夏の学校。東京。(2007/8)
 3. 山岸明彦。タンパク質耐熱化設計の現状と新しい設計法：祖先型耐熱化。第17回WSフォーラム。福岡。(2007/11)
 4. Naganuma T (2007) Water that fuels life – a meta-biological thought. The 1st International Symposium on Aqua Science, Water Resource and Innovation Development of Countryside, 26-30 November 2007, Sakuraza Hall, Sakawa, Kochi, Japan. Proceedings, p. 27-33.
 5. Naganuma T & Wilmotte A (2007) MERGE report for the activieis done and to-be-done. The 30th Symposium on Polar Biology, 15-16 November 2007, National Institute of Polar Research, Tokyo, Japan. Abstracts, p. 14.
 6. 長沼 毅 (2007) 極限環境生物学からみた生命生存の原理。第2回放射線防護研究センターシンポジウム, 独立行政法人 放射線医学総合研究所, 千葉市, 2007年12月17日, Abstracts, p. 7。
 7. 長沼 毅 (2007) 生物学から見た惑星表層環境。日本地球惑星科学連合2007年大会, 2007年5月19日, J247-007。
 8. 東久美子：南極氷床に記録された気候変動。地質学会シンポジウム「温暖化は悪いのか?」, 9月10日, 2007。
 9. 川村賢二：Northern hemisphere forcing of climatic cycles over the past 360,000 years implied by absolute dating of Antarctic ice cores. IODP Topic Symposium "North Atlantic and Arctic Climate Variability", Bremen, Germany, August 15-16, 2007.
 10. 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.
 11. Kumiko Goto-Azuma and Dome Fuji Ice Core Consortium: A 720 kyr ice-core chemistry record from Dome Fuji, Antarctica. IUGG, Perugia, Italy, July 2nd-13th, 2007.
 12. 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.
 13. 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.

14. 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.

〔一般講演〕

1. 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, “データベースに蓄積の著しい機能未知のタンパク質類の機能推定のための自己組織化マップの開発”, 日本遺伝学会第79回大会, 2007年9月(岡山)口答。
2. 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, “超大型スーパーコンピュータで可能になるゲノム情報に基づく生物の俯瞰的把握と環境ゲノム資源活用のための情報学的手法確立”, 次世代スーパーコンピューティング・シンポジウム2007(2007年11月), ポスター。
3. 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, “データベースに蓄積の著しい機能未知のタンパク質類の機能推定のための一括学習型の自己組織化マップ法”, 第30回日本分子生物学会年会, 2007年12月(横浜), ポスター。
4. Takeuchi Nozomu, Takahiro Segawa, Li Zhongqin. A distinctive snow algal community on a glacier in the Tianshan Mountains, China. IUGG, Perugia, Italy. 2007/7/12.
5. Takeuchi Nozomu, Shiro Kohshima Significant Effect of Biogenic Material (cryoconite) on Surface Albedo of Asian Glaciers: -Geographical Comparison of the Amounts of Cryoconite and Surface Albedo of Glaciers. IUGG, Perugia, Italy. 2007/7/9.
6. Yoshimura Yoshitaka, Nakazato Yuki, Inoue Genki, Segawa Takahiro, Uetake Jun and Shiro Kohshima- Exploration of microorganisms from snow environments. International Conference “Cryogenic Resources of Polar Regions”. Salekhard, Russia, June 2007.
7. Uetake Jun, Fumio Nakazawa, Shiro Kohshima, Takayuki Miyake, Hideki Narita, Koji Fujita, Nozomu Takeuchi, Vladimir Aizen, Masayoshi Nakawo. Biological Ice Core Analysis in Russian Altai, 2007AGU Fall meeting, San Francisco, Dec.2007.
8. Kohshima Shiro, Jun Uetake, Nozomu Takeuchi, Takahiro Segawa, Takeshi Naganuma, Martin Hebsgaard and Keiji Kanda. Biogenic dirt materials and albedo of glaciers in West Greenland. XXX Symposium on Polar Biology, NIPR, Tokyo, 15 Nov.2007
9. Segawa Takahiro, Jun Uetake, Shiro Kohshima, Andres Rivera, Motoyama Hideaki, and Hiroshi Kanda, Studies on bacterial community on Antarctic ice sheet by 16S rRNA gene, XXX Symposium on Polar Biology, 2007.11. Tokyo,
10. 吉村義隆, 瀬川高弘, 山下智大, 見上貴教, 吉川永美, 長沼毅, ジーノ・カサッサ, 幸島司郎。チリ・モチヨ氷河における微生物群集の解析。平成19年度 極域生物シンポジウム, 国立極地研究所, 2007年11月15日。

11. 古川隆朗, 西山大陸, 竹内望。富山県・立山の融雪期の積雪面における不純物の特性と積雪面アルベド, 日本雪氷学会, 富山, 口頭 2007/9/28
12. 竹内望, 角川咲江。伊吹山頂上付近の雪溪の雪氷藻類, 日本雪氷学会, 富山, ポスター, 2007/9/27
13. 永塚尚子, 中野孝教, 竹内望。アジアの氷河表面の汚れ物質のストロンチウム同位体比, 日本雪氷学会, 富山, ポスター, 2007/9/27
14. 石田依子, 竹内望。中国・天山山脈ウルムチ No.1 氷河のアイスコア中の不純物の特性, 日本雪氷学会, 富山, ポスター, 2007/9/27
15. 竹内望, 李忠勤。中国天山ウルムチ NO.1 氷河の表面汚れ物質の特性, 日本雪氷学会, 富山, 口頭, 2007/9/26
16. 岡本祥子, 藤田耕史, 成田英器, 植竹淳, 竹内望, 三宅隆之, 中澤文男。アルタイ山脈ベルーハ氷河におけるアイスコア中の氷層を用いた夏期気温復元, 日本雪氷学会, 富山, 口頭, 2007/9/26
17. 竹内望, 中尾正義。中国祁連山のアイスコアの分析から明らかになった中国乾燥域の近年の環境変動, 日本地球惑星科学連合同大会, 幕張, 口頭, 2007/5/22
18. 植竹淳, 中澤文男, 幸島司郎, 藤田耕史, 竹内望, 三宅隆之, 成田英器, 鈴木啓助, 亀田貴雄, 藤井理行, 中尾正義。ロシア・アルタイ山脈における生物成分を用いたアイスコアの年代決定, 日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 千葉, 口頭, 2007 年 5 月
19. 植竹淳, 瀬川高弘, 長沼毅, Martin Bay Hebsgaard, 神田啓史, 幸島司郎。西グリーンランドの氷河における雪氷藻類群集, 国立極地研究所 第30回極域生物シンポジウム, 東京, ポスター, 2007年11月
20. 植竹淳, 中澤文男, 幸島司郎, 三宅隆之, 成田英器, 藤田耕史, 竹内望, Vladimir Aizen, 中尾正義 (地球研) 『ロシア, アルタイ山脈における生物成分を用いたアイスコア年代決定』 国立極地研究所 第30回極域気水圏シンポジウム 2007年11月 東京
21. Yokobori, S. & E. Hirose. Molecular phylogeny of *Trididemnum* species (Didemniidae: Ascidiacea) hosting *Prochloron*, non-*Prochloron* cyanophytes, and no photosymbionts. PSC21, Ginowan, Okinawa, Japan (2007/6)
22. Yokobori, S. Molecular Phylogeny of Urochordata (Tunicata) inferred from 18S rRNA genes and mitochondrial genomes. The 4th Interenational Tunicate Meeting. Villefranche-sur-Mer, France. (2007/6)
23. Yamagishi, A., H. Yano, K. Okudaira, K. Kobayashi, S. Yokobori, M. Tabata, & H. Kawai. TANPOPO: Astrobiology exposure and micrometeoroid capture experiments. The 5th ISLSWG International Workshop on Space Microbiology, Tokyo, Japan. (2007/9).
24. Yokobori, S., A. Kurabayashi, J. Nishikawa, Y. Osone, A. Yamagishi, & E. Hirose. Molecular Phylogeny of Urochordata (Tunicata) inferred from 18S rRNA and

- mitochondrial gene sequences. The 5th Asia-Africa Evolution Meeting. Chiba, Japan (2007/12)
25. 植竹淳, 中澤文男, 幸島司郎, 藤田耕史, 竹内望, 三宅隆之, 成田英器, 鈴木啓助, 亀田貴雄, 藤井理行, 中尾正義『ロシア・アルタイ山脈における生物成分を用いたアイスコアの年代決定』日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 2007 年 5 月, 千葉。
 26. 植竹淳, 瀬川高弘, 長沼毅, Martin Bay Hebsgaard, 神田啓史, 幸島司郎 『西グリーンランドの氷河における雪氷藻類群集』 国立極地研究所 第 30 回極域生物シンポジウム 2007 年 11 月 東京
 27. 植竹淳, 中澤文男, 幸島司郎, 三宅隆之, 成田英器, 藤田耕史, 竹内望, Vladimir Aizen,
 28. 中尾正義 (地球研)『ロシア, アルタイ山脈における生物成分を用いたアイスコア年代決定』 国立極地研究所 第 30 回極域気水圏シンポジウム 2007 年 11 月 東京
 29. Jun Uetake, Fumio Nakazawa, Shiro Kohshima, Takayuki Miyake, Hideki Narita, Koji Fujita, Nozomu Takeuchi, Vladimir Aizen, Masayoshi Nakawo 『Biological Ice Core Analysis in Russian Altai』 2007AGU Fall meeting 2007 年 12 月 San Francisco
 30. Naganuma T, Kurosawa N, Imura S & Kanda H (2007) Thioautotrophic euryhaline halophiles (halomonads) isolated from Polar habitats. International Conference on Cryogenic Resources of Polar Regions, 17-21 June 2007, Salekhard, Russia. Proceedings, Volume 1, p. 322-323.
 31. Naganuma T & Willemotte A (2007) The MERGE: an IPY activity. Seventh International Conference on Global Change: Connection to the Arctic (GCCA-7), 19-20 February 2007, Fairbanks, Alaska, USA. Proceedings, p. 2-5.
 32. 中井亮佑, 長沼毅, 鹿兒島浩, 仁木宏典, 小原雄治, 伊村智, 神田啓史, 柳原克彦, 馬場知哉, 阿部貴志, 成田貴則 (2007) リボソーム RNA 遺伝子に基づいた南極コケ坊主の微生物相の解析。第 30 回極域生物シンポジウム, 2007 年 11 月 15 日, 国立極地研究所, PT-7。
 33. 小林悟志, 神田啓史, 藤山秋佐夫。南極蘚苔類における 3D 化の研究開発 II。第 30 回極域生物シンポジウム。(国立極地研究所 2007, 11 月)
 34. 小林悟志, 川本祥子, 北本朝展, ムリアディ・ヘンドリー, 荒木次郎, 谷口丈晃, 伊藤武彦, 宮崎智, 藤山秋佐夫。日本語バイオポータルによる横断的ゲノムビューアの構築。第 79 回日本遺伝学会 (岡山市, 2007, 9 月)
 35. 馬場知哉, 柳原克彦, 仁木宏典。1 細胞からのゲノム DNA 増幅の技術開発に向けた取り組み, 第 2 回日本ゲノム微生物学会年会, 大阪大学コンベンションセンター, 3 月 6-8 日, 2008。
 36. Horiuchi, K., T. Uchida, Y. Sakamoto, A. Ohta, H. Matsuzaki, Y. Shibata, H. Motoyama (2008): Ice core record of ^{10}Be over the past millennium from Dome Fuji, Antarctica: a new proxy record of past solar activity and a powerful tool for stratigraphic dating. *Quaternary Geochronology*, in press.
 37. Masson-Delmotte, V., S. Hou, A. Ekaykin, J. Jouzel, A. Aristarain, R.T. Bernardo, D.

- Bromwich, O. Cattani, M. Delmotte, S. Falourd, M. Frezzotti, H. Galee, L. Genoni, E. Isaksson, A. Landais, M.M. Helsen, G. Hoffmann, J. Lopez, V. Morgan, H. Motoyama, D. Noone, H. Oerter, J.R. Petit, A. Royer, R. Uemura, G.A. Schmidt, E. Schlosser, J.C. Simoes, E.J. Steig, B. Stenni, M. Stievenard, M.R. Van den Broeke, R.S.W. Van de Wal, W.J. Vande Berg, F. Vimeux, J.W.C. White. (2007): A review of Antarctic surface snow isotopic composition: observations, atmospheric circulation and isotope modelling. *Journal of Climate* (accepted).
38. Kameda, T., Motoyama, H., Fujita, S. and Takahashi, S. (2007): Temporal and spatial variability of surface mass balance at Dome Fuji, East Antarctica, by the stake method from 1995 to 2006. *Journal of Glaciology* (in press).
39. Motoyama, H. (2007): The Second Deep Ice Coring Project at Dome Fuji, Antarctica. *Scientific Drilling*, No.5, 41-43 (doi:10.2204/Iodp.sd.5.05.2007).
40. Kawamura, K., Parrenin, F., Lisiecki, L. Uemura, R., Vimeux, F., Severinghaus, J. P., Hutterli, M. A., Nakazawa, T., Aoki, S., Jouzel, J., Raymo, M. E., Matsumoto, K., Nakata, J., Motoyama, H., Fujita, S., Goto-Azuma, K., Fujii, Y., Watanabe, O. (2007): Northern Hemisphere forcing of climatic cycles in Antarctica over the past 360,000 years. *Nature*, 448, 912-916(23 August 2007) | doi:10.1038/nature06015.
41. Parrenin, F., Dreyfus, G., Durand, G., Fujita, S., Gagliardini, O., Gillet, F., Jouzel, J., Kawamura, K., Lhomme, N., Masson-Delmotte, V., Ritz, C., Schwander, J., Shoji, H., Uemura, R., Watanabe, O., Yoshida, N. (2007): Ice flow modelling at EPICA Dome C and Dome Fuji, East Antarctica, *Climate of the Past Discussions*, 3(1), 19-61. 41. Horiuchi, K., H. Matsuzaki, A. Ohta, Y. Shibata, H. Motoyama (2007): Measurement of ²⁶Al in Antarctic ice with the MALT-AMS system at the University of Tokyo. *nuclear Instruments and Methods in Physics Research B*, doi: 10.1016/j.nimb. 2007.01.240.
42. Horiuchi, K., A. Ohta, T. Uchida, H. Matsuzaki, Y. Shibata, H. Motoyama (2007): Concentration of ¹⁰Be in an ice core from the Dome Fuji station, Eastern Antarctica: preliminary results from 1500-1810 yr AD. *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research B*, doi:10.1016/j-nimb.2007.01.306..
43. 宮原ひろ子, 横山祐典, 松崎浩之, 堀内一穂, 本山秀明 : High-resolution measurement of beryllium-10 in the Dome Fuji shallow ice core during the Maunder Minimum. 2007 American Geophysical Union fall meeting, San Francisco, 10-14, December, 2007.
44. 内田智子, 堀内一穂, 安富友樹人, 菅原愛, 松崎浩之, 本山秀明, 柴田康行, 箕浦幸治 : Be-10 variations in Dome Fuji ice core during the last deglaciation. 2007 American Geophysical Union fall meeting, San Francisco, 10-14, December, 2007.
45. Motoyama, Hideaki and Dome Fuji ice core project members (Ice Core Consortium) : A New 3035.22m Deep Ice Core At Dome Fuji, Antarctica And Reconstruction Of Global

- Climate And Environmental Change Over Past 720kyr. 2007 American Geophysical Union fall meeting, San Francisco, 10-14, December, 2007.
46. Uemura, Ryu (National Institute of Polar Research, Japan) and Dome Fuji ice core project members (Ice Core Consortium, Japan): Vapor isotopes in the ocean and water isotopes from the Dome Fuji ice core, Antarctica. International Symposium on Water Isotopes and Climates, 名古屋大学, 1-4, Dec., 2007.
 47. 河野美香, 藤井理行, 本山秀明, Sepp Kipfstuhl. ドームふじ (I・II 期) および EPICA-DML コアのテフラ示準層. 国立極地研究所, 11 月 20-21 日, 2007.
 48. 三澤啓司, 富山隆将, 河野美香, 長尾敬介, 野口高明, 本山秀明. ドームふじ氷床コアからみつかった微隕石は小惑星衝突に由来するか?. 国立極地研究所, 11 月 20-21 日, 2007.
 49. 富山隆将, 河野美香 (極地研), 野口高明, 三澤啓司, 本山秀明. ドームふじ氷床コアに含まれる微隕石の岩石鉱物学. 国立極地研究所, 11 月 20-21 日, 2007.
 50. Kumiko Goto-Azuma, Members of the Dome Fuji Ice Core Research Group (Ice Core Consortium): 南極ドームふじコアに記録された過去 72 万年間の千年スケール気候変動. 第 30 回極域気水圏シンポジウム, 国立極地研究所, 11 月 20-21 日, 2007.
 51. 三宅隆之, 藤井理行, 東久美子, 飯塚芳徳, 五十嵐誠, 植村立, 河野美香, 佐藤和秀, 鈴木啓助, 鈴木利孝, 平林幹啓, 福岡孝昭, 藤田耕史, 堀川信一郎, 本山秀明, 吉田尚弘, 渡邊興亜: 南極ドームふじ氷床コアにおける過去 72 万年のダスト濃度の変動. 第 30 回極域気水圏シンポジウム, 国立極地研究所, 2007.
 52. 佐藤弘康, 鈴木利孝, 藤井理行: ドームふじコアの金属解析によるエアロゾル供給源変動の復元. 第 30 回極域気水圏シンポジウム, 国立極地研究所, 11 月 20,21 日, 2007.
 53. Kumiko Goto-Azuma, Members of the Dome Fuji Ice Core Research Group (Ice Core Consortium) : New results from the Dome Fuji chemistry group. 1st European Ice Core Forum- European Partnerships in Ice Core Science (EPICS), Bernin, France, October, 10th-14th, 2007.
 54. Hideaki Motoyama, A new 3035.22 m deep ice core at Dome Fuji, Antarctica and the characteristics of the ice near the bedrock. 1st European Ice Core Forum- European Partnerships in Ice Core Science (EPICS), Bernin, France, October, 10th-14th, 2007.
 55. 東久美子, 平林幹啓, 三宅隆之, 植村立, 河野美香, 本山秀明, 藤井理行, 飯塚芳徳, 堀川信一郎, 鈴木利孝, 五十嵐誠, 佐藤和秀, 鈴木啓助, 福岡孝昭, 藤田耕史, 吉田尚弘, 渡邊興亜: 東南極内陸高原における過去 72 万年間のエアロゾル・フラックスの変動. 2007 年度日本雪氷学会全国大会, 富山大学, 9 月 25-28 日, 2007.
 56. 三宅隆之, 藤井理行, 東久美子, 飯塚芳徳, 五十嵐誠, 植村立, 河野美香, 佐藤和秀, 鈴木啓助, 鈴木利孝, 平林幹啓, 藤田耕史, 堀川信一郎, 本山秀明, 吉田尚弘, 渡邊興亜: 南極ドームふじ氷床コアにおけるダスト濃度の変動 A record of dust concentration variation in ice cores at Dome Fuji, Antarctica. 2007 年度日本雪氷学会全国大会, 富山大学, 9 月 25-28

- 日, 2007。
57. 三宅隆之, 飯塚芳徳, 蓼沼拓也, 柳澤和勳, 佐野清文, 植村立, 本堂武夫, 藤井理行: 南極ドームふじ氷床コアにおけるダストの高時間分解能解析: ダストとカルシウムイオンとの関係。2007年度日本雪氷学会全国大会, 富山大学, 9月25-28日, 2007。
 58. 本山秀明, 新堀邦夫, 田中洋一, 掘削技術委員会, ドームふじ氷床掘削関係者: 2006/07 ドームふじ基地での深層掘削 3035.22m深到達。2007年度日本雪氷学会全国大会, 富山大学, 9月25-28日, 2007。
 59. 村松康行, 保科真弓, 堀内一穂, 松崎浩之, 本山秀明: ドームふじ氷床コア(浅層)中の Be-10 の AMS 分析。放射化学会, 静岡大学(静岡コンベンションアーツセンタ), 9/24-26, 2007。
 60. 宮原ひろ子, 横山祐典, 松崎浩之, 堀内一穂, 本山秀明: 南極氷床コア中 10Be 濃度測定による太陽・宇宙線変動史の研究 I。第 62 回日本物理学会年次大会, 北海道大学札幌キャンパス, 9/21-24, 2007。
 61. 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.
 62. 東久美子, ドームふじ氷床深層コア掘削・研究グループ(ドームふじアイスコア・コンソーシアム): 第 2 期南極ドームふじ氷床コアによる気候・環境変動の復元。日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5月19-24日, 2007。
 63. 笹公和, 松四雄騎, 戸崎裕貴, 玉理美智子, 高橋努, 末木啓介, 長島泰夫, 別所光太郎, 松村宏, 堀内一穂, 柴田康行, 本山秀明: 南極ドームふじ氷床コア中の宇宙線生成核種 Cl-36 の変動と放射壊変減衰による年代推定。日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5月19-24日, 2007。
 64. 鈴木利孝, 佐藤弘康, 秋山瞳, 藤井理行: ドームふじ深層氷コアが示す氷期サイクルにおけるエアロゾル化学組成変動。日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5月19日-24日, 2007。
 65. 藤田秀二, 阿部彩子, 東久美子, 東信彦, Greve Ralf, 本堂武夫, 堀内一穂, 亀田貴雄, 川村賢二, 河野美香, Parrenin Frederique, Pattyn Frank, 齋藤冬樹, 佐藤和秀, 宮本淳, 本山秀明, 植村立: Dating of the very deep part of the Dome Fuji Station ice core. 日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5月19-24日, 2007。
 66. 堀内一穂, 内田智子, 松崎浩之, 本山秀明, 北川浩之, 柴田康行: 古気候記録間を結ぶ宇宙線生成核種の古生成率変動。日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5月19-24日, 2007。
 67. 三宅隆之, ドームふじ氷床コア化学解析研究グループ東久美子: 南極ドームふじ氷床コアにおけるダスト濃度記録 A record of dust concentration in ice cores at Dome Fuji,

Antarctica. 日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5 月 19-24 日, 2007。

68. ドームふじ氷床深層コア掘削・研究グループ (ドームふじアイスコア・コンソーシアム) / 代表責任者, 連絡担当者: 本山秀明: 南極ドームふじにおける氷床最深部の掘削。日本地球惑星科学連合 2007 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5 月 19-24 日, 2007。

69. Kawamura, K., F. Parrenin, L. Lisiecki, M. Raymo, R. Uemura, F. Vimeux, J.P. Severinghaus, M. Hutterli, T. Nakazawa, Shuji Aoki, Jean Jouzel, Yoshiyuki Fujii and Okitsugu Watanabe: Northern Hemisphere insolation forcing of glacial cycles implied by absolute dating of Antarctic ice cores. European Geosciences Union General Assemblies, Vienna, Austria, 15 20 April, 2007.

70. 大谷修司 南極昭和基地周辺における藍藻 *Gloeocapsa* 属の分布について。第 30 回極域生物シンポジウム, 2007.11。

<著書等>

1. 阿部貴志, 池村淑道, 木ノ内誠, 中村由紀子, 前野聖, 金谷重彦 "SOM の医学・生物学からバイオ産業への応用まで" 「自己組織化マップとその応用」, 徳高ら編, シュプリンガー・ジャパン, p87-98 (2007)

2. 植竹淳, 他 (2007) アジア遊学 No99 『地球環境を黒河に探る』共著

<受賞>

(3) その他の成果発表

1. 大谷修司, 神田啓史, 南極昭和基地周辺の淡水藻類, 極域生物画像データベース, 国立極地研究所ホームページ及び CD 版 2007。

2. 井上正鉄, 神田啓史, 南極昭和基地周辺の地衣類, 極域生物画像データベース, 国立極地研究所ホームページ及び CD 版 2007。

3. 小島 覚, 神田啓史, 南極昭和基地周辺の地衣類, 極域生物画像データベース, 国立極地研究所ホームページ及び CD 版 2007。