

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〔略称：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〕 研究計画・研究内容について

(1) 目的・目標

地球生命と地球環境は長い年月をかけて互いに影響してでき上った複雑なシステムであり、これを切り口として、機構4研究所を中心として種々の研究資源を最大限活用して融合研究を行うことにより、全く新たな学問の地平を切り開くことを目的とする。地球生命の時間的な変動と環境との関連において、DNA 情報が得られる唯一の可能性は氷床域などの凍結地帯であり、極域の氷床コア解析はきわめて興味深い。南極の約 100 万年を経て蓄積され、封印された氷床コアから抽出された微生物から時系列的にゲノム情報を得ることにより、微生物（地球生命）がどのように環境（地球環境）と相互作用してそのシステムを多様化し、進化してきたのかを比較的単純な系の中で明らかにすることが期待される。このためには、極微量の難培養性微生物の扱い、コンタミネーションの除去技術、混合系のゲノム解析など開発研究に依存するところが大きい、新たな学問分野が開ける可能性があり、事業計画期間内で達成が可能と考えられる。

二つのサブテーマの下で、以下の研究課題を実施する。

1. 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」
 - 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) 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
2. サブテーマ「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
 - 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

(2) 必要性・重要性（緊急性）

昨今、地球の温暖化をはじめ、南極におけるオゾンホール の出現に伴う生命体への紫外線の影響、北極域の氷床、海氷の減少、海洋の酸性化による海洋生物への影響等、地球規模の変動が地球の生物に及ぼす影響が問題になっている。これらの地球環境変動の問題は本プロジェクトにとって、地球生命の遺伝・環境基盤の研究を遂行する上で、必要、かつ重要であり、緊急性を要するものである。すなわち、

生命と環境は地球生命創世の古来より相互に関係しあい、生命は進化を遂げ、今日まで複雑な生命体を形成してきた。しかしながら、その理解は必ずしも十分ではなく、また、今日、データ量が膨大になった分だけ極めて解析が困難な状態である。本プロジェクトでは過去約 100 万年間蓄積された地球の歴史と微生物の刻印が極地の氷床に認められること、また、極限環境における生物と環境の相互作用に認められることから、極限域、氷床域の比較的単純な系の中に生命と地球環境の相互関係を解明する糸口が見つかることが期待される。この様な研究方法は単に自然科学に留まるものではなく、経済、社会、文化などにも適用できるものであり、国・世界が今後どのように進むべきかの知恵を与えるものである。

(3) 期待される成果等（学問的効果、社会的効果、改善効果等）

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“進化が遅い”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。

生命システム融合研究においては南極氷床コアの生物相の研究は従来より行われているが、これ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・多様化が一举につながり、それは地球と生命の相互作用のシミュレーション研究につながるなど、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。地球システム融合研究において地球システムは、宙空圏、気水圏、地圏、生物圏など性質を異にする複合領域から構成され、極めて多様で幅広い時間スケール（数秒～数億年）をもった事象が種々の相互作用を通じて生起している。地球システムは複雑系研究の宝庫であるが、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。

地球生命システムの統合的理解は地球温暖化問題や生物環境問題、さらには新興感染症問題など人類の大問題解決にも直結することであり、本事業の成果は他の複雑なシステムへの応用など新領域の開拓が期待されるとともに社会、経済、文化などの人間社会の問題解決への応用も期待される。「科学技術基本計画」に基づいて策定された「分野別推進戦略」においても、融合領域における人材養成の推進を重点方策としている。大学共同利用機関として、大学の教育研究活動にもたらす改善効果など、研究コミュニティへの対応が主要任務であるが、融合研究センター活動は本来の分野を超えた交流となり、新しい刺激を大学など各研究所にもたらす。これが各研究所の活性化につながるのは無論、関係研究者コミュニティを含めて新分野創造につながることを期待される。

(4) 独創性・新規性等

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。情報・システム研究機構は設立の理念として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」の融合研究を通じたパラダイム創成を掲げてきた。本プロジェクトは企画の当初から、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举につながるなど、これまでの枠組みでは考えられなかった成果を期待していた。このような生命・地球システムの研究は上述のように融合研究が最もふさわしい分野であるが、4 研究所にはそのための基盤的な研究があり、その力を結集することにより様々なレベルの融合研究が開始可能である。時機を失することなく、それらを実施するためのフレームワークとして新

領域融合研究センター事業を要求するものである。

(5) これまでの取り組み内容の概要及び実績

国立極地研究所、国立遺伝学研究所を中心に、大学の研究者と共同研究体制の下で、氷床氷と環境データ、極限環境の環境試料と環境データの解析を数年以上にわたって集積し研究を進めてきた。しかしながら、地球環境と生命の歴史を同時にとらえた研究は国内外においても多くはなく、総合的な研究が待たれていた。以下、これまでの取り組み内容の概要及び実績を示す。

- 1) 地球環境変動下の生命の進化、多様性の解明は環境の変化に大きく依存する。地球生命システムを環境・遺伝基盤の上で解明してきた第 I 期プロジェクトではドームふじ基地の深層掘削コアの微生物解析を中心に、氷床・氷雪域の生命について多面的に研究を行ってきた。
- 2) ドームふじ基地氷床コアの微生物解明はコンタミ対策のために開発研究を重ね、多くの経費と年月を費やしてきた。しかしながら、これまでに一部の氷床コアを用いて、16rDNA の解析はほぼ終了した。遺伝子は断片的になっていることがわかり、新型 DNA シーケンサー解析が最良の方法であるという結論に達した。
- 3) 3000m の氷床底に見いだされたシアノバクテリアは現生している種とは大きく異なることが示唆された。南極大陸の岩盤域の極限環境に適応しているか、あるいは既に絶滅してしまった特殊な系統であるかが推測された。
- 4) 難培養微生物がほとんどである氷床コア微生物の研究において、1 細胞遺伝子解析の開発研究を行った。微生物 1 細胞に分取、ゲノム DNA 増幅、新型 DNA シーケンサーによる塩基配列決定するまでに至っている。
- 5) 氷床コアから見いだされる微生物の起源の知識を得るために、昭和基地沿岸域の 16S, 18rDNA, ITS 領域での遺伝子解析を実施した。先行研究が少ない南極では遺伝学的に未記載、未研究な生物が多い段階では、この研究は必須である。近隣では極地の中でも生物の宝庫である沿岸域、湖沼域の生物相を、遠方では熱帯アマゾン域の空中生物相の遺伝子解析を通じて解明してきた。これらの遺伝子データは一部、新型 DNA シーケンサー (454) を駆使した膨大なデータが集積されている。これらのデータ解析は第 1 期プロジェクトの 5 年目の総決算ともいうべき解析が続いている。
- 6) 南極の湖沼群に見つかったコケ坊主群集の解明は単に、分類・生態学的解明を超えて遺伝子解析を行うことによって湖沼植物群集のマイクロシステム生態系、モデル生物の開発研究に及んだ。
- 7) 極地研所蔵の多様性生物画像データベースは地理的データによって他分野データである 3D 画像解析データ、遺伝子データがとの連動が可能となり、学術標本データベースの新しい領域が見えてきた。
- 8) 中国・ロシア高山性氷河の古生態系解明としてキルギスタンのアイスコアの微生物解析において、植物、微生物を 16S, 18rDNA, ITS 解析を行い相対速度の検定を行い、年代を推定した。現在の氷河表面と比較すると、氷河底部の環境は現在の高山植物地帯に類似していることが予測される。これらの研究はグリーンランド氷床底、南極ドームふじ基地氷床底の環境推定に応用される。
- 9) 世界の様々な地域の雪氷環境中の微生物培養 (1200 株) を通じた遺伝子解析を行った。極限環境に見いだされる多くの微生物が難培養生物であるが、これらの遺伝子解析と同時に、培養可能な微生物の遺伝子解析は将来的には多くの利用や新分野の構築が期待される。

(6) 国内外における関連分野の学術研究の動向

ロシアの南極基地ポストーク氷床氷から微生物を抽出した研究に端を発して以来、ロシア、米国、英国、フランス、ベルギー、イタリア等が研究を進めてきた。しかしながら、国際的にはロシアはポスト

ーク基地の掘削は 3500m 深を超えているが汚染が引き金で中止せざるを得ない状況が続き、一方では英国が中心となって南極西部のエルスワースに新たな深層掘削を計画している等、混沌としている。北極ではグリーンランドの NEEM が立ち上がり、日本を含む 11 カ国がグリーンランド氷床の岩盤までの掘削を計画している。この計画には微生物研究チームがあり、日本も参加しているが、微生物研究においてはデンマークのコペンハーゲン大学が卓越している。日本国内では国立極地研究所、北海道大学低温科学研究所が氷床微生物の研究を進めているのみで、極めて研究者の少ない中、南極湖沼の研究プロジェクト REGAL (Research on Ecological and Genetic Approach in Antarctic Lakes)、国際極年 (IPY: International Polar Year) の日本人研究者が代表になっている唯一の研究プロジェクト、MERGE (Microbiological and Ecological Responses to Global Environmental change in the polar regions) と共同しながら、本プロジェクトにおいては 34 名の研究所、大学の研究者と共同研究体制を可能にしている。また、南極では国立極地研究所、広島大学を中心に、南極科学委員会 (SCAR) の WG である SALE (Subglacial Antarctic Lake Ecosystem)、EBA (Evolution and Biology in Antarctica) の参加、日本ーロシア共同研究「南極氷床の DNA-新規フロンティア研究分野としての氷床ゲノム学を目指して (2008-2010)」を推進し、氷床氷の微生物研究は国際的にも高いレベルに達している。

[2] 研究計画

(1) 全体計画

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	←→	←→ 微生物解析法・アイスコア微生物・生物起原物質解析				
		←→ 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				

(2) 年度計画

平成 16 年度 (予備研究)

研究を開始する当初は 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。国立極地研究所に保存されている試料の保存の現状等、それぞれの課題について、機構の 4 研究所と情報を交換した。とくに南極、北極の極地、雪氷域から得られた氷床氷、蘚苔・地衣類、藻類、シアノバクテリア、微生物試料について冷凍試料からの生物復元の予備実験を通して、今後の融合研究の可能性について検討した。その結果、「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」として課題を一本化することにより、新領域融合プロジェクトの傘テーマとして認められ、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)

プロジェクト研究の初年度として、南極氷床氷から無菌的に微生物を抽出する施設、設備、装置の整

備、開発を通して、微生物抽出の研究を目指す。実際に南極での現地観測に参加し、現地で採取した浅層氷床氷、氷山氷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た両極の極地環境より採集された蘚苔、地衣類、藻類、シアノバクテリア、微小動物の保存法、再生法に関する情報収集、実験データベースを構築する。とくに、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の開発、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う。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う。

平成 18 年度

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する。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、これらの解析について検討する。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る。南極産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す他、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う。

平成 19 年度（中間評価）

本プロジェクト研究は 5 年計画 3 年目に当たり、中間評価が加わる。中間評価に先立ち、レビュー委員による評価、意見を踏まえて、プロジェクト研究に反映させる。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をたてる。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、既に南極氷山氷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技術を構築する。19 年度以降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、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う。

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行う。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行い、作成した融解装置を用いて遺伝子の増幅を確認する。DNA データベースと照合し菌種の推定を行い、各種バクテリア、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。極限環境の微生物データベースの情報を加えることにより、新たな古環境指標として利用できる可能性を探る。また、レーザーマイクロダイセクション法による微生物 1 細胞からのゲノム解析手法の開発で分取した細胞の 16S rDNA 由来の DNA 増幅断片の DNA シークエンスを行い、増幅 16S rDNA 断片の塩基配列情報から細菌の分類推定を行い、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における古細菌、シアノバクテリア、真核生物が酸化還元条件下での存在について新たな知見を得る。

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。同時に、極限環境の遺伝子情報データベースを構築する。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まとめる。とくに、氷床底、及び岩盤由来の微生物の解析を行い、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。

[3] 研究推進・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、金子 亮、植竹 淳、中澤文男、上野 健

[国立遺伝学研究所] 仁木宏典、小原雄治、菅原秀明、鈴木えみ子、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、武田英明、市瀬龍太郎、荒井紀子、小林悟志

共同研究者

[統計数理研究所] 長谷川政美

[北海道大学] 福井 学、[秋田大] 井上正鉄、[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、[海洋研究開発機構] 高野淑識、[ゲノム創薬研究所 (kk)] 小方康至、[長浜バイオ大] 池村淑道、阿部貴志、[京都大] 幸島司郎、[立命館大] 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

[4] 研究の進捗状況

(1) 第 1 期の研究進捗及び課題

17 年度

微生物の分離法に関する基礎的情報を得るために、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 解析を行うために研究手法の開発を行った。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行った。遺伝研、極地研双方にクリーンベンチを設置し、分析環境の整備、氷床コアを無菌環境下で融解させる装置改良を行い、研究体制を整えた。また、アイスコア中の微生物及び生物起原物質を環境指標としたアイスコア解析法を検討するために、ヒマラヤ、パタゴニア、ロシア・アルタイ山脈の氷河アイスコア中の微生物及び微生物起原物質を解析した。さらに氷床コア難培養微生物、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、及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、高効率クローニング法等の開発を行った。

南極大陸に生息できる数少ない陸上生物である線虫のゲノム解析を行い、極限環境への適応戦略について検討した。混合系のゲノム解析アルゴリズムの開発、高速共焦点レーザー顕微鏡、多光子レーザー顕微鏡の導入による顕微鏡生物解析法野開発を行った。南極地域由来新規微生物の分離と

同定、南極ヌナタークに生育する地衣類等の露岩域の植物多様性解析、南極湖沼生物における地史的変遷、南極「コケ坊主」生態系における微生物相を解析した。また、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 DNA 配列を解析するためのデータベース構築について検討した。また、その他、冷凍試料データベース構築を検討した。既存の DB とのリンケージにより使いやすいシステムが実現可能となった。植物試料の 3 次元画像の取り込み、CG 化画像による構造再現、南極産生物のゲノム情報のデータベース化のフィージビリティスタディを行った。

18 年度

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構築を目指す。とくに北極、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行った。一方、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した。とくに、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。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。

19 年度

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、中間評価が加わる。平成 19 年度は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、既に南極氷山氷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の手法により多数のバクテリアを同定するにいたった。19 年度以降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ている。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

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。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行った。

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行った。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行った結果、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た。極限環境の微生物データベースの情報を加えることにより、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。さらに、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した。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について検討した。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、既知配列情報と比較を行った結果、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。一方、湖沼コケ坊主微生物の分子生物学的解析において、古細菌、シアノバクテリア、真核生物が酸化還元条件下に異なる生物種が存在している新たな知見が得られた。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、3D 画像解析等極限域の生物システムに関する研究を引き続き行った。

21 年度

南極の氷床コア及び極限環境から得られた微生物抽出を行い、時間軸にそった微生物相を明らかにしている。深層氷床コアからの微生物がどこから由来するかを解明するため、南極の湖沼、土壌、雪、コケ等の様々な環境に生育するシアノバクテリア、藻類、蘚類のシークエンスデータを取りまとめ、原核生物 16SrDNA および、真核生物 18SrDNA のライブラリー構築、シークエンス解読を行った。系統組成解析、系統組成の類似性解析により、これまで分子生物学的研究がほとんどされてこなかった南極の微生物群集構造を明らかにした。一方、氷床コア中のダスト解析により、風送粒子濃度が高い氷期末期に多く、風送粒子と共に空中輸送されてきた可能性のある球形バクテリアと、風送粒子濃度との関連は全くなく、イオン分析のピークなどとも一致しない糸状バクテリア様粒子の存在が明らかとなった。さらに、氷河雪氷試料から抽出した花粉 1 粒ずつの DNA 増幅技術の開発に成功し、塩基配列データが取得できた。

氷床コアに含まれる微生物は細胞数が限られる上に難培養性であるため、1 細胞を分取してその DNA を増幅する技術開発を行い、成功した。DNA 増幅の再現性を高めるために、さらなる改良を行った。まず、DNA コンタミネーションを避けるための工夫によりコンタミネーション DNA に由来する増幅は 1/50 サンプル以下に減少した。また、1 細胞の改修方法では微生物ゲノムを染色する蛍光色素を検討し、

除電器を複数導入した結果、回収率を 60%程度にまで向上させることができた。極限環境の生物システム解析では、南極湖沼のコケ坊主から分離された好冷性細菌 *Pseudomonas antarctica* のゲノム・ライブラリーを作成し、低温耐性に関わる複数のゲノム領域の単離に成功した。また、高度な乾燥・凍結耐性を持つ南極線虫 *Panagrolaimus davidi* の cDNA ライブラリーから単離した耐性候補遺伝子として、LEA (late embryo abundant) 遺伝子を発現ベクターに組み込み、大腸菌でのタンパク質合成に成功した。さらに、南極陸域生態系においてアンモニア態窒素の酸化を担うアンモニア酸化細菌の多様性と分布をはじめて明らかにした。

(2) 各年度の研究成果

1. 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」

1-(1) 微生物解析方法の開発

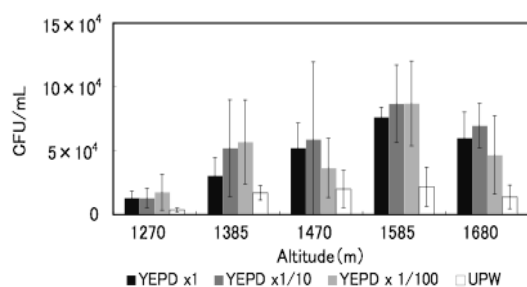
数十万年の過去の環境を復元する最も優れた物証であるアイスコア中の微生物は人為的な掘削法で採取され、大気中に飛翔している塵とともに長期的な輸送を介して氷雪に閉じ込められたと考えられ、細胞数が極端に少ないことから、研究の当初からコンタミネーションの問題がクローズアップされてきた。コンタミネーションを回避しながら無菌環境下で微生物を採取する技術開発は氷床氷の微生物を研究するうえで最も重要なステップである。17年度は氷床氷に見られるフィルンと氷との2種類に対応した融解装置の試作、共焦点レーザー顕微鏡、フローサイトメトリーなどを用いた新たな分析法、特定の微生物量を正確に検出しバイオマスを算出する方法について開発した。この融解装置は試験的に試みられた数万年前と目される南極氷山塊からの古代バクテリア及び古代ゲノム DNA の分離について有効であった。18年度は氷内部、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、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、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法等、氷床コア融解装置の開発を行った。19年度は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微量氷から、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行った。完成した融解装置を用いて試料から DNA 抽出、PCR 法による 16S リボソーム RNA 遺伝子増幅を行い、最終的に数種類のバクテリア遺伝子検出に成功した。17年度～19年度の3年間で大凡の技術開発が完成した。

1-(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-(2)-1 氷河生態系のバクテリアの生態

アイスコアには、過去に氷河上の雪氷中で増殖した微生物や、様々な環境から大気中を輸送されてきた微生物、花粉、孢子、生物起源化学物質などが含まれており、その変動は過去の環境変動を反映していると考えられるがこの分野の研究は非常に少ない。とく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なになれば、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。17年度は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の開発と、氷河生態系におけるバクテリアの生態を目的にアラスカ・グルカナ氷河、ヒマラヤ、ロシア・アルタイ山脈氷河、南米チリ共和国の中部火山群 Mocho 火山、Osorno 火山山頂氷河、パタゴニア、及び南極氷床の Patriot Hill・Lake Ellsworth において、アイスコア中の微生物及び生物起源物質の調査、採取を行った。18年度で解析を行ったところ、雪氷藻類や花粉等の生物成分が、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が確認された。さらに、南極氷床の生物成分の供給源を模索、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（ブラジル共和国アマゾン流域研究所 INPA）、およびチリ（チリ科学研究センターCECS）の温帯林と乾燥域で、大気中の生物成分に関する調査を行った。その結果、日中の試料中には *Alphaproteobacteria* が優先していたのに対し、夕方の試料からは *Betaproteobacteria* 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。19年度では南極、チリ、北極、中国山岳域の氷床、氷河生態系について研究を進めた。南極氷床アイスコア中に含まれる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、南極観測隊（日本、チリ）によって採取された現在の氷床表面とドームふじアイスコア中の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起源物質の起源と輸送・堆積過程に関する微生物濃度の比較を行った。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細菌が多い所で 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 倍細菌密度が高いことが明らかとなった。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、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。様々な氷河微生物の同定研究によると、チリ火山群氷河のアイスコア中の雪氷微生物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。さらに、Mocho 火山から 71 株の細菌を同定し、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。20年度はアラスカ、グルカナ氷河上に生息する好冷性酵母の高度分布を解析した。高度別に 5 カ所で採取された氷河表面サンプルから酵母細胞の培養を行い、これまで氷河などの寒冷環境から単離された好冷性酵母 *Rhodotorula psychropholica*、*Rhodotorula glacialis*、*Mrakia frigida* などに近縁な 4 グループの酵母が単離された。サンプル中から計測した好冷性酵母の CFU は 8.6×10^4 とこれまで報告された値よりも約 10 倍多い事がわかった。高度分布は最も標高の低い氷河の末端で有意に低く、標高が低いところで多い表面融



解水の流れなどによって洗い流されている可能性が考えられた (図 1)。

図 1. アラスカ、グルカナ氷河上に生息する好冷性酵母 (CFU) の高度分布。高度別に 5 カ所で採取された氷河表面サンプルから酵母細胞の培養を行った結果、高度分布は最も標高の低い氷河の末端で有意に低く、標高が低いところでは融解水の流れなどによって洗い流されている可能性が考えられた。

さらに 21 年度は氷河生態系におけるバクテリアおよび藻類の生態として、アジアの氷河に生息する緑藻およびシアノバクテリア解析を行った。2009 年 8 月にタジキスタン、パミールのフェドチェンコ氷河にて調査を行い、裸氷域および積雪域でサンプルを採取した。顕微鏡観察の結果、赤い色素をもった緑藻類、シアノバクテリア等の微生物が確認された。氷河試料から DNA 抽出をおこない、18s rRNA 遺伝子、および *rbcL* 遺伝子の解読をおこなった結果、北極から検出された *Chlorococcalean* sp. に 99% 近縁な種が検出された。BBM および BG11 培地で培養をおこなったところ、*Stichococcus* sp. (99%)、および未記載種である *Chlorella pyrenoidosa* (93–95%)、*Raphidonema nivale* (95%) が培養された。また、以前に掘削されたヒマラヤ・リカサンバ氷河のアイスコア、および中国祁連山のドゥンデアアイスコアの不純物、微生物分析を行った。両アイスコアとも融解による変性が多いの場所で見られたが、シアノバクテリアや緑藻類が保存されていることが明らかになった (図 2)。

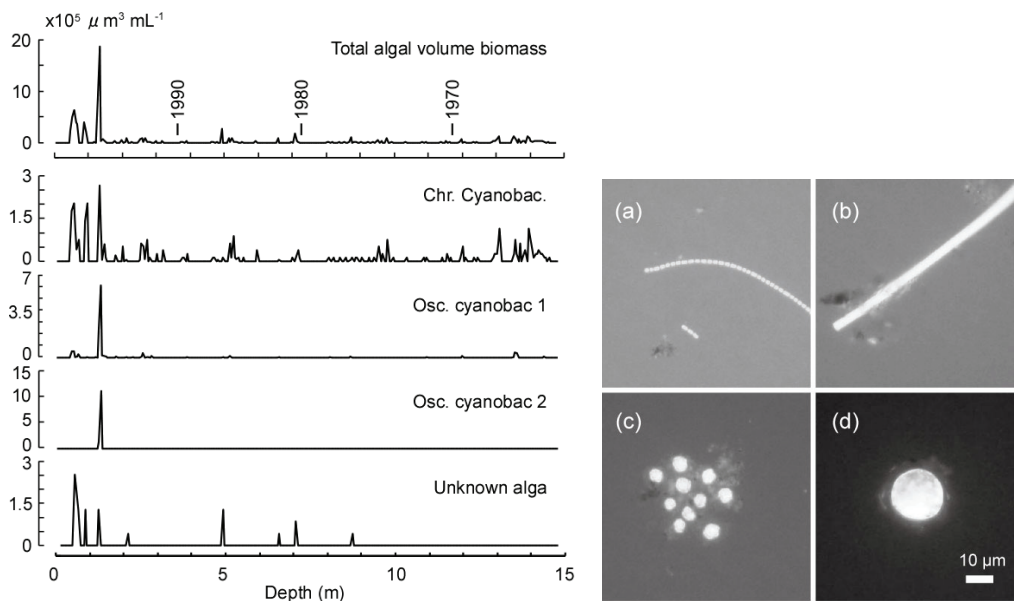


図 2. ヒマラヤ・リカサンバ氷河のアイスコア中に含まれていた微生物およびその定量結果。

平成 21 年度は雪氷藻類の遺伝子型を明らかにするために、顕微鏡で検出した微生物をマイクロマニピュレーションによって分離し、シングルセル PCR を用いて 1 細胞レベルで解析する方法を検討した。アラスカ・グルカナ氷河の赤雪試料を用い、レーザーマイクロダイセクションシステム PALM MicroBeam (カールツァイスマイクロイメージング(株)) 等により、赤雪を構成す

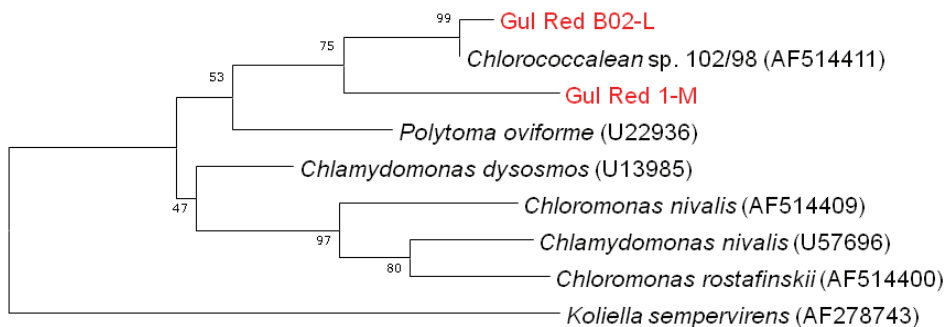


図 3. 18SrRNA 遺伝子に基づくアラスカ・グルカナ氷河の雪氷藻類の系統樹

る藻類を 1 細胞ずつ分離し、AmpliGrid SYSTEM (ニッポンテクノクラスタ(株)) を用いて 18SrRNA 遺伝子をターゲットとしたシングルセル PCR を行った。その結果、分離した 12 細胞中、3 細胞で遺伝子増幅が確認され、1 細胞からの遺伝子解析が可能であることが分かった。また、形態的には類似しているが塩基配列が異なる株が存在していることが分かった (図 3)。本手法は、形態情報と遺伝子情報を同時に得ることができることから、雪氷藻類の地理的分布を明らかにするための有効な方法であることが分かった。

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の研究では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、鉱物粒子、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、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。キルギスタンの天山山脈グリゴレア氷帽で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、氷河表面には数多くの汚れ層が確認され、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。

1-(2)-2 グリーンランド氷床微生物

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北極、グリーンランド氷床に関する情報がほとんどなかったことから、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。結果的に氷床北西部では *Actinobacteria* が優先し、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て、南西部では *Beta-Proteobacteria* が優先し、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、地域によって雪氷生物や氷河の表面構造に大きな違いがあった。グリーンランドの西部では緯度によって氷河上で優先する微生物種が異なることがわかった。グリーンランド氷床表面から採取された 3m のピットサンプルの分析の結果、現在の氷床表面では微生物量は非常に少なく、多い層でも 4 cells/ml であった。

1-(2)-3 南極氷床微生物

平成 20 年度では南極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行った。作成した融解装置を用いた試料から核酸を抽出し、PCR で遺伝子増幅が確認され、塩基配列の解読をおこなった。DNA データベースと照合した結果、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た。南極の湖沼、湖底、土壌、雪、コケなど極限環境の微生物データベースの情報を加えることにより、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。さらに、南極アイスコア中に含まれる微生物の多くは、南極大陸外の陸域から風により飛来してきたものと考えられる。微生物量が各時代において大きく増減し、とくに放線菌の生物量などは氷期と間氷期で大きな差があったことから、環境条件によって微生物が飛来してくるプロセス (発生源の環境や風の強さなど) が変化していたと推測される。ドームふじアイスコアの最終氷期初期から現在までの氷試料を微生物観察用フィルターに濾過し、DNA を染色する蛍光色素で染色し、蛍光顕微鏡による直接観察により球状バクテリア、放線菌の細胞数を計測した。また、放線菌と考えられる微生物の走査型電子顕微鏡画像の解析を行った。南極の雪氷域から採取された花粉の研究は微生物研究の分野をはじめ、多くの分野に有効な情報を提供する。とくに共焦点レーザー顕微鏡を用いた蛍光色素の波長特性を検出する方法 (スペクトル法) を検証

し、画像解析ソフトと組み合わせた細胞の自動定量法の開発のため、培養細胞、雪氷試料などを利用して予備実験を実施した。その結果、SYBR GreenI および FM4-64 をの 2 種類を用いてバクテリアの核酸と細胞膜の多重染色、スペクトルの分離が可能である事がわかった。この手法を応用して、生物量が多いと思われる氷期のサンプル (MIS 8, 23-096) の分析をおこなった。SYBR GreenI および FM4-64 を用いて蛍光染色おこない、顕微鏡観察をおこなったところ、少なくとも 0-13cells/ml の細胞が確認された。平成 21 年度は南極氷床アイスコアサンプル中に含まれる全遺伝情報の解析 (メタゲノム解析) をおこなうために、まず生物量が多いと思われる氷期のサンプル (MIS 8, 23-096) の分析をおこなった。氷試料の周囲にポジティブコントロールとして人工的に合成した DNA を塗布した後に、開発した融解装置を用いて氷の中心部と、周囲部とをそれぞれ採取した。人工 DNA 配列は氷中心部試料からは検出されず、周囲の試料からのみ検出されたことから、コンタミネーションの除外は成功した。また、古代試料は DNA が断片化しており DNA 抽出にはこれまで技術的問題が残されていたため、この問題の解決をおこなった。アイスコア試料から DNA 抽出をおこない、培養不能細菌の少数細胞からのゲノム完全長取得法を応用して全ゲノム増幅をおこなった。現在、国立遺伝学研究所の次世代シーケンサーにて解析中である。今回の MIS 8 の試料の結果をみて、MIS 9.3 に試料分析を着手する。また、平成 21 年度は南極氷床周辺域には特殊な生態系が存在することから、氷期-間氷期サイクルに伴う生物地球化学プロセスを解明する目的で、「堆積相と生物相の同期性」、「生元素およびバイオマーカーの分子レベル同位体組成的特徴」を検証した。

1-(2)-4 雪氷域花粉の DNA 解析

雪試料から花粉 1 粒を抽出し、DNA 分析するための一連の操作を確立した。南極雪試料中で存在率が高かったマツ属花粉を DNA 分析対象とし、その手法開発に着手した。予備実験として、ロシアの氷河雪試料に含まれるマツ属花粉をもちいてマルチプレックス PCR をおこない、DNA 増幅に成功した。世界で 100 種を超えるマツ属は種の絞り込みには複数の DNA 領域を調べる必要があるが、現在、塩基配列データベースを利用して増幅のターゲットとなる DNA 領域を選定している。21 年度は本研究では、南極雪氷試料に含まれる花粉の起源を特定し、それを固体微粒子のマーカーに用いることによって、南極氷床への物質輸送に関する時系列変化および空間分布の解明を目指している。花粉の起源は、花粉 1 粒ずつの DNA 分析から種を同定し、その植物の分布域をもとに決定するというアプローチを取っており、現在、ロシアの氷河試料に含まれるマツ属花粉をもちいて手法開発に取り組んでいる。平成 21 年度は、マツ属花粉をマルチプレックス PCR し、葉緑体 DNA の *rpoB* 領域 (94bp) の塩基配列を取得することに成功した。暫定的な値であるが、成功率は約 50% に達し、堆積物中の花粉を DNA 分析した先行研究 (湖沼堆積物や泥炭堆積物を使用) の成功率 (数%以下) を大きく凌いだ。マツ属は 4 つの節 (*Quinquifoliae*・*Parrya*・*Trifoliae*・*Pinus*) に分類されるが、取得した塩基配列を塩基配列データベースと比較した結果、本研究で使用した花粉は *Quinquifoliae* もしくは *Parrya* のタイプと、*Pinus* のタイプの 2 タイプが含まれていることが分かった。花粉の起源を大陸レベルで推定するためには、一階級下の亜節 (計 11 グループ) まで分類する必要がある。マルチプレックス PCR からは 1 回の実験で複数領域の塩基配列が取得できるので、既に取得できているこの領域に、新たに取得する領域を組み合わせ、亜節まで分類すべく研究に取り組んでいる。

1-(3) 氷床コアゲノム解析法の開発

17 年度は低コストシーケンス法の開発、高効率クローニング法の開発について検討し、Adaptor-ligation PCR 法によるメタゲノム・ライブラリー作成手法を確立し、Rolling Circular Amplification 法を用いた TempliPhi (GE healthcare) がより低コストであること、鋳型増幅の正確性が高いためシーケンスの成功率も高くなることが確認された。18 年度には南極氷山の融解液か

ら全ゲノム増幅を行い、DNA の増幅に成功した。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。南極氷山氷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。19 年度は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。20 年度はこれらの経験から、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) 1 細胞の分取技術（レーザーマイクロダイセクション法）及び (2) 全ゲノム増幅法（Phi29 DNA polymerase 法）について検討した。

1-(3)-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）

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、これまでに、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。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 倍濃縮の状態での回収した。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 検索により機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。

21 年度では、更なる改良を目指し、以下のような取り組みを行った。

(a) 除電

LMD による 1 細胞分取において最も頻繁に起こる問題は、切り出した細胞を含むフィルム片が静電気のためにチューブに回収されないということである。この問題は、室温や湿度のみならず顕微鏡下におけるフィルムの局所的な状態にも左右されるようであり、制御することが困難だった。そこで、従来から用いていた無風式の除電器に加え、より強力な送風式の除電器により実験直前まで除電することにした。また、除電効果を高めるため、帯電防止加工アクリル板でチャンバーを作成し、顕微鏡を覆った(写真 1)。これらの工夫により、回収率は安定的に 60%程度に改善された。

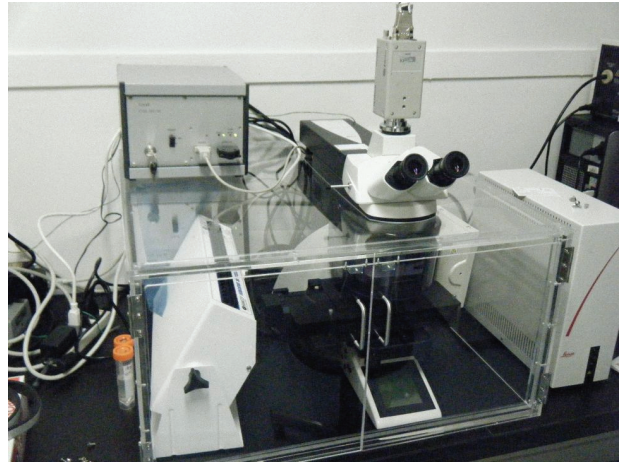


写真 1. 静電気を除いた顕微鏡装置

(b) 蛍光染色

メーカーが供給する LMD 用フィルム付きスライドには細菌と同程度の大きさの文様があり、また文様が自家蛍光を発するため、これまで蛍光染色による細菌の識別が困難だった。そこで、自家蛍光がなく、LMD で用いる UV レーザで切断可能なフィルムを検討した。その結果、black polycarbonate 膜が有効であることを見出した(写真 2)。

利点は、フィルム上で染色可能で、自家蛍光が全くなく、回収片の視認も容易であることである。逆に透過光による細胞観察ができない欠点があるが、今後細胞濃度の低い試料から LMD を用いて 1 細胞を回収する際には最善の手法であると考えられる。

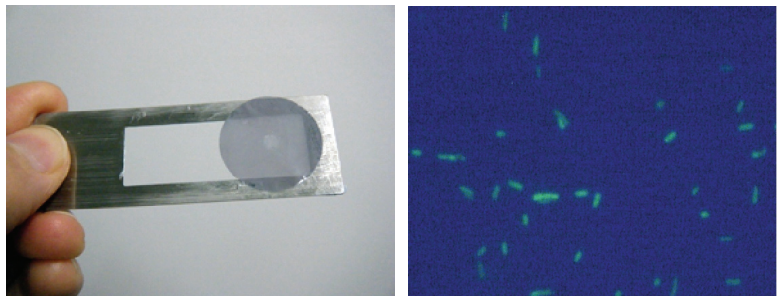


写真 2. 蛍光染色法による細菌の識別

1-(3)-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 からの DNA 増幅への適用は困難であるとされていた。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、我々も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。

20 年度はレーザーマイクロダイセクション顕微鏡を用い、微生物を直接観察しながら微生物 1 細胞を氷中から分取し、ゲノム情報を解析する手法の開発を行った。分取した細胞から PCR 法によって細菌の 16S rRNA 遺伝子領域を増幅し、種決定が行えることを示した。また、分取した細胞の全ゲノム情報を得るために、Phi29 DNA polymerase を用いて極微量のゲノム DNA から全ゲノム増幅を行う反応条件を検討した。大腸菌や枯草菌を材料としてモデル実験を行い、細胞を希釈した反応条件下で 1 細胞レベルでのゲノム DNA 増幅に成功した。さらにこの手法を実際の南極に生息する微生物に応用する目的で、南極湖沼の「コケ坊主」生態系から実験室条件で培養可能な微生物（細菌）の分離にも成功した。現在、細菌 1 細胞の全ゲノム増幅からの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ており、最終的にはアイスコア氷中を含めた難培養微生物からのゲノム解析をめざした。

昨年度、大腸菌を用いたモデル実験系を構築して Phi29 DNA polymerase 法による 1 細胞レベルでのゲノム DNA 増幅が可能であることを実証したが、実験環境中のコンタミ DNA 由来と考えられるバックグラウンドの DNA 増幅の克服も課題であった。今年度はこの点に関して重点的に取り組んだ。異なる 2 つの実験環境、陽圧型クリーンベンチと陽圧型の簡易クリーンルーム内に設置された循環型クリーンベンチ内で、それぞれバックグラウンドで増幅される DNA についての比較実験を行った（図 4）。実験方法はゲノム DNA 増幅で鋳型となる DNA を加えない条件で Phi29 DNA polymerase 法による DNA 増幅反応を行い、電気泳動により実験環境中からの混入と考えられるバックグラウンドの DNA 増幅を検出し、その増幅 DNA 産物から rDNA を PCR 法により増幅した後、その塩基配列から環境中のコンタミ DNA を推定した。その結果、実験環境（クリーンベンチ）によって増幅されるバックグラウンド DNA の由来が異なることを明らかにした。驚くべきことに物理的な空気清浄度がより高いとされるクリーンベンチであってもバックグラウンドで増幅される DNA は少なくないことも明らかとなり、循環型クリーンベンチは 1 細胞からのゲノム DNA 増幅の実験環境としては適して

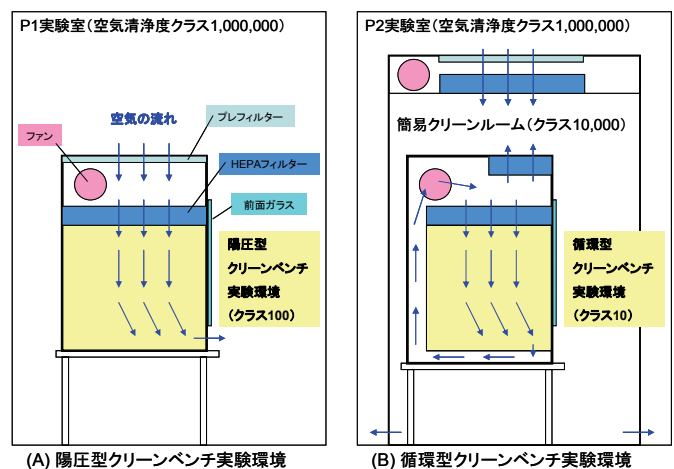


図 4. 異なる2つの実験環境の模式(断面)図

(A)は通常のP1実験室で陽圧型のクリーンベンチ内で、(B)はP2実験室内に簡易クリーンルームを設置し、その中の循環型のクリーンルーム内で、それぞれ鋳型となるDNAを加えない条件でPhi29 DNA polymerase法によるDNA増幅実験を行い、実験環境中のバックグラウンドDNAの影響を比較した。

空気清浄度クラスは1立方フィート中に含まれる0.5マイクロメートル以上の粒子数で示し(USD企画209Dに準拠)、パーティクルカウンターを用いた粒子数の測定により、それぞれの清浄度クラスが満たされていることを確認した。

いないことが示唆された(表 1-1、1-2、1-3)。これは循環型クリーンベンチの構造上からコンタミ DNA が蓄積されやすいことに起因していると考えられた。こうしたバックグラウンド DNA のデータを基に、同じ実験環境(クリーンベンチ)で南極氷山氷試料から 1 細胞レベルでのゲノム DNA 増幅の実証実験を試みた(表 2-1、2-2)。その結果、バックグラウンド DNA 由来のデータと南極氷山氷由来のデータを区別して解析できることを証明した。

こういった 1 細胞レベルでのゲノム DNA 増幅による解析手法は、アイスコア試料のみならず広く環境試料の解析にも有用であり、特に実験室条件下で培養不可能な微生物の DNA 解析には必須となる。そこで、その応用を視野に入れ、南極湖沼のコケ坊主生態系における難培養性微生物のスクリーニングの検討を行った。グルコース最小栄養培地や富栄養 LB 培地を用いて *Pseudomonas* 属や *Flavobacterium* 属の培養可能な好冷性細菌を分離してきたが、新たに糖源を含まない完全合成 BG11 培地を用いた微生物の分離を試みた。その結果、1,566 株のコロニー形成を確認し、そこから 63 株の単離に成功した。rDNA 解析の結果、*Cryobacterium* 属、*Brevundimonas* 属、*Caulobacter* 属、*Afiplia* 属、*Bosea* 属、*Rhizobium* 属、*Roseomonas* 属、*Stella* 属、*Polaromonas* 属の他、少なくとも 9 種の未同定菌が含まれることが明らかとなった。これらのいくつかは実験室条件下で良好な生育を示さないことから難培養性として、そのゲノム解析には Phi29 DNA polymerase 法によるゲノム DNA 増幅が有効であると考えられた。

1-(4) 難培養微生物のゲノム解析手法の開発

17 年度は氷床コアのメタゲノム解析より得られた DNA 断片配列を対象とした系統推定の検証として、尾瀬のアカシゴ(融

表 1-1 異なる2つの実験環境におけるバックグラウンドDNAの比較

	(A)陽圧型クリーンベンチ	(B)循環型クリーンベンチ
Phi29 DNA polymerase法による DNA増幅反応数	124	184
バックグラウンドDNA増幅の検出数 (増幅率%)	22 (18%)	57 (31%)
16S rDNAのPCR増幅の検出数	21	22
16S rDNAの塩基配列解析の成功数	17	14

(A)陽圧型クリーンベンチよりも(B)循環型クリーンベンチでバックグラウンドDNAの増幅率が高かった。また、16S rDNAのPCR増幅において、(B)循環型クリーンベンチでマルチバンドとなる場合が多く、これが16S rDNAの塩基配列解析の成功数が少なくなった原因であると考えられた。

表 1-2 (A)陽圧型クリーンベンチから検出されたバックグラウンドDNA起源の推定

解析数	生物種	16S rDNA配列の一致率(%)	最も一致率の高い16S rDNAのAccession No.	最も一致率の高い16S rDNA生物種の分離源
9	soil bacterium TWE165	87-99	DQ493433	soil
1	Bradyrhizobium	99	AF408969	soil
1	Propionibacterium	99	FJ222615	human
1	Proteobacterium	98	AF409023	soil
1	Aurantimonas	98	EU544515	oil
1	Gemella	98	L14326	humal
1	Pseudomonas	98	AM913961	brown alga
1	Hymenobacter	98	AB251884	soil
1	Bacterium Ellin339	96	AF498721	soil

表 1-3 (B)循環型クリーンベンチから検出されたバックグラウンドDNA起源の推定

解析数	生物種	16S rDNA配列の一致率(%)	最も一致率の高い16S rDNAのAccession No.	最も一致率の高い16S rDNA生物種の分離源
3	Propionibacterium	99	EU888585	clean room
3	不明	No-hit	-	-
1	Staphylococcus	100	EU834242	soil
1	Moraxella	99	FJ006859	water
1	Pseudomonas	99	FJ386496	polar area
1	Staphylococcus	99	FM202725	high altitude wetlands
1	Burkholderia	98	FJ534695	Nitrogen-fixing bacteria communities
1	Gamma proteobacterium MU-1	96	FJ816610	lake
1	Propionibacterium	92	AE017283	human
1	Serratia	90	CP000826	plant

表 2-1 (A)陽圧型クリーンベンチでの南極氷山氷からの1細胞ゲノム増幅

	南極氷山氷試料
Phi29 DNA polymerase法によるDNA増幅反応数	144
DNA増幅の検出数 (増幅率%)	15 (10%)
16S rDNAのPCR増幅の検出数	15
16S rDNAの塩基配列解析の成功数	10

表 2-2 南極氷山氷から増幅されたDNA起源の推定

解析数	生物種	16S rDNA配列の一致率(%)	最も一致率の高い16S rDNAのAccession No.	最も一致率の高い16S rDNA生物種の分離源
2	glacial ice bacterium G50-TB2	98	AF479352	glacial ice
1	Microbacterium	99	AY974047	sub-Antarctic regions
1	Cyanobacterium	95	GQ162224	Coastal limestone cliff
1	Sphingomonas	99	AB265150	soil of the Atacama Desert
1	Bacteroidetes	99	FJ816610	lake
1	Nocardioides	99	AF537332	soil
1	Pelomonas	99	AM501435	water
1	Bradyrhizobium	97	AF408969	soil
1	Gemella	97	L14326	humal

(A)陽圧型クリーンベンチのバックグラウンドDNAとして検出されたものを赤字で区別した。また、最も一致率の高い16S rDNA生物種の分離源として、南極の氷山氷の由来を強く示唆するものを青字で示した。

雪時における積雪赤褐色化) 中に含まれる DNA サンプルを用いたメタゲノム解析を行い、200base 以上の 309 本の DNA 断片配列を対象に、開発した系統推定システムにて系統推定を行った。18 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。19 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、相同性検索による系統推定を実施し、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。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を遺伝子候補領域と定義し、遺伝子探索を実施した。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。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。本年度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。20 年度は雪氷中に含まれる微生物の細胞数が少なく (100~1,000 cell/ml)、結果として平均 250bp 程度の比較的短い断片配列が得られる場合が多かったことから、一括学習型自己組織化地図マップ法 (Batch-Learning Self-Organizing Map, BLSOM) による断片ゲノム配列の生物系統分類法に改良を加え、短いゲノム断片配列に対しても高精度な推定を可能とするための手法の検討を行ってきた。現在までに、500bp 程度の配列についても、これまでの分解能とほぼ同程度の分離能が得られた。今後は更なる改良を試み、開発している解析ソフトへの実装を行う。また、メタゲノム解析で取得されたゲノム断片配列にコードされている遺伝

子の機能を知ること重要な課題の一つである。しかしながら、メタゲノム解析のように新規性の高い遺伝子が取得された場合、アミノ酸配列の相同性検索ではタンパク質の機能推定が困難な例が多い。BLSOM をタンパク質に適用し、オリゴペプチドの使用頻度の類似度を基礎にしたタンパク質の機能推定法の開発を目的として、タンパク質の BLSOM を実施したところ、機能を反映した良い分離を得た。環境微生物ゲノム由来で COG と有意な相同性が得られたタンパク質を対象に、並行して BLSOM のみでの機能推定を実施したところ、ほとんどの配列が相同性検索と同じ結果を示しており、機能未知タンパク質の機能推定が可能となった。配列相同性検索では機能推定できなかった多数のタンパク質類についても機能推定が可能となってきている。平成 21 年度は本プロジェクトの新たな研究課題として一括学習型自己組織化マップによるメタゲノム配列に対する系統推定手法を応用したウイルスゲノム探索法の開発について取り組んだ。我々が既に特許化している一括学習型自己組織化地図マップ法 (Batch-Learning Self-Organizing Map, BLSOM) による、メタゲノム解析配列を対象にした生物系統分類法の開発を行った。近年、自然環境中、特に海水や淡水中では予想以上にウイルスならびにウイルス様構造体の存在が明らかになり、その環境中における意味が注目を受けている。ウイルスゲノム上には、生物系統同定の一般的な指標として使用される rDNA が存在せず、PCR 法による rDNA の増幅と配列解読は適用できない。本年度は、メタゲノム配列中からのウイルスゲノムの探索を行うために、現時点で配列が解読されている全ウイルスゲノムに対する BLSOM 解析を行い、系統推定の可能性を検討した。

広範囲なウイルスゲノムを対象として、BLSOM のクラスタリング能力を検証するために、国際塩基配列データベース上に公開されている全ウイルス種の約 44,000 株のゲノム配列を対象に、BLSOM 解析を行った。各ウイルス株のゲノム配列を、500b と 1kb に断片化した配列を対象に、3 連ならびに 4 連続塩基頻度について解析を行った (図 5)。図 5 では、ウイルスの order (目) ならびに family (科) と呼ばれる系統レベルでの分離の結果を示した。ここで、格子点が同一の生物系統の配列のみからなる場合にはその系統を示す色で、複数の系統の配列が混在する場合には黒色で表した。大半の格子点が生物系統ごとに色付けされており、生物系統を反映して配列類がクラスタを形成 (自己組織化) している。4 連続塩基において、断片化サイズ 1kb と 500b での family レベルでの分離は、99% と 98% 以上と非常に高精度に分類されていた。ウイルス種に固有なゲノム配列

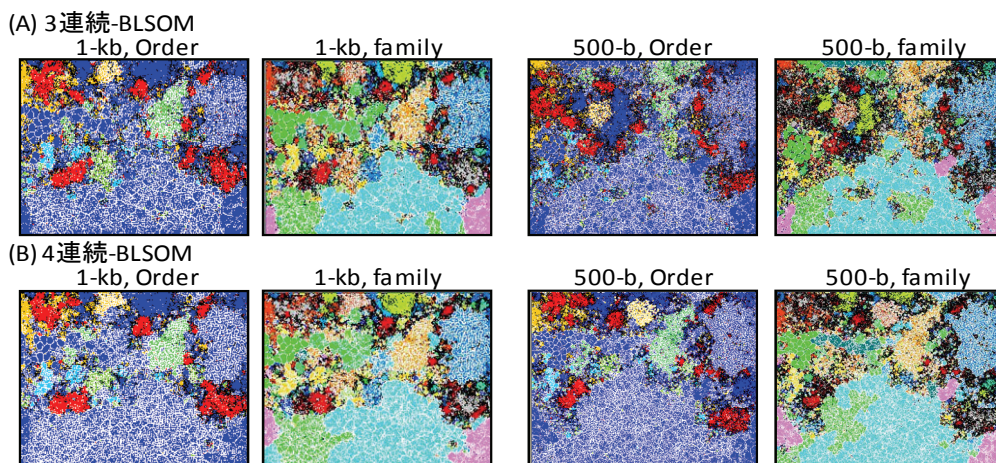


図 5. 全ウイルスを対象にした 3 連続(A)、4 連続(B)塩基での分類結果。ここで、断片化サイズを 1kb、500b とし、Order (目)、Family (科) による分類結果を示す。ここで、格子点が同一の生物系統の配列のみからなる場合にはその系統を示す色で、複数の系統の配列が混在する場合には黒色で表す。ここで、色と系統との関係は以下のとおりである。Order: ■; Caudovirales, ■; Herpesvirales, ■; Mononegavirales, ■; Nidovirales, ■; Nidovirales, ■; Orderunclassified. Family: ■; Coronaviridae, ■; Siphoviridae, ■; Hepadnaviridae, ■; Flaviviridae, ■; Poxviridae, ■; Retroviridae, ■; Orthomyxoviridae.

の特徴は、500塩基レベルの短い断片配列においても検出可能なことが判明し、BLSOMを系統推定に応用することにより、メタゲノム配列中に含まれるウイルスゲノムの探索が可能なが示された。メタゲノム配列中からのウイルスゲノムの探索として、極地研・瀬川研究員と千葉大・竹内准教授が共同で実施した、キルギスタンで掘削したアイスコアより取得されたメタゲノム配列を対象にBLSOMを実施した。まず、生物カテゴリを推測するために、メタゲノム断片配列(300bp以上を対象)を、全36,248の既知生物種に由来する全ゲノム断片配列で予め作成しておいたBLSOM上にマップし、マップされた領域の既知生物種側の情報を参照することにより、各メタゲノム配列の由来する生物カテゴリを推定した(図6)。このうち、ウイルス由来と推測されたのは、各サンプル平均で4.4%であった。ウイルス由来と推測されたメタゲノム配列に対し、既知ウイルス由来の全ゲノム配列で予め作成しておいたBLSOMへ2回目のマップを行い、ウイルスの科(family)レベルでの推定を行ったところ、Herpesviridae、Caudovirales、Iridoviridaeなど、大半がdsDNAウイルスであった。

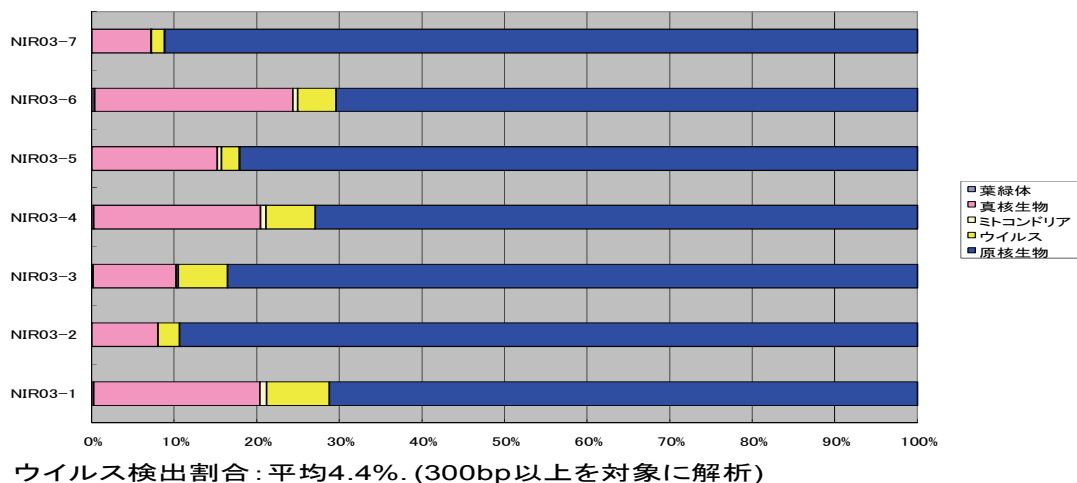


図 6. キルギスタンで掘削されたアイスコアから取得されたメタゲノム配列に対する生物カテゴリ(真核生物, 原核生物, ウイルス, オルガネラ)の推定結果

環境中に生息するウイルスを含む微生物生態系の解明に加え、新規感染症の原因微生物探索を含む医学・医療分野においても、メタゲノム解析への期待が高く、そこではウイルスの系統推定が重要な研究課題となる。メタゲノム解析を活用した新規感染症の原因微生物の探索を含む医療分野への応用、環境保全や環境修復を含む広範なバイオ産業分野でのBLSOMの活用が期待される。

1-(4)-1 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法の開発

メタゲノム解析においては、取得されたゲノム断片配列上でコードされている遺伝子の機能を知ることも重要な課題である。タンパク質の機能については、オリゴペプチドが構成する機能部品類の3次元上での立体配置が重要であり、同一ないしは類似の機能を持つタンパク質間でも、アミノ酸の1次元配列上での全域に渡る有意な相同性を見付けられない例が多い。特に、メタゲノム解析のように新規性の高い遺伝子が取得される可能性が高い場合では、アミノ酸配列の相同性検索でのタンパク質の機能推定が困難となる。異なった原理に基づくタンパク質の機能推定法の確立が急務と言える。BLSOMをタンパク質のアミノ酸配列に適用し、オリゴペプチドの使用頻度の類似度を基礎にしたタンパク質の機能推定法の開発を目的として、2~4連アミノ酸頻度を対象にしたBLSOM解析を実施した。この解析では原核生物のタンパク質の機能カテゴリデータベースであるCOG(Cluster of Orthologous Group, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG/>)を用

い、機能が既知な機能カテゴリ（COGIDの種類数は2,853：配列数は113,738）への分離（自己組織化）の程度を解析した。

機能カテゴリごとに高い頻度で分類されており、メタゲノム解析由来の機能未知タンパク質の機能推定が可能と考えられた。機能既知タンパク質と配列相同性を示したメタゲノム由来のタンパク質を解析すると、その約85%が相同性検索のCOG分類と一致する結果を与えた。さらに機能既知配列と有意な相同性を示さなかった配列を対象に解析したところ、対象としたメタゲノム由来タンパク質の約22%に対し、機能を新たに推定できた。配列相同性検索や機能モチーフ検索を補完する、適用範囲の広いタンパク質の機能推定法としてBLSOMが有用なことが示された。BLSOMで得られる、大量メタゲノム配列についての生物系統情報とタンパク質機能情報は、世界的に類例の無い大規模なアノテーション情報の提供となる。微生物生態系の実態を解明するだけではなく、環境間での比較が可能のため、環境の保全や修復に役立つ環境特有の代謝システムの比較や特徴の解明が可能である。

1-(5) 抗生物質耐性遺伝子の分析手法の開発

抗生物質耐性菌は、工業的に抗生物質が大量に生産され消費されるようになった1950年代以降、特に医療や獣医療の現場で問題とされてきた。近年、病院や農場、水産養殖場から環境中への抗生物質耐性菌の拡散が問題とされるようになってきたが、その実態は科学的に必ずしも明らかにされているわけではない。特に、(1)抗生物質耐性菌の環境中への拡散が歴史的にみて1950年代以降の問題であるのか、(2)病院等の現場で新たな耐性菌の報告がなされてからどの程度の時間をかけて環境中に蔓延するようになったのか、いずれもイベント間の時間関係が明確ではない。南極に代表される極地の氷には過去の細菌がトラップされているので、アイスコアに含まれる細菌を時系列に沿って解析すれば(1),(2)の問題を解決することが可能と考える。また、工業的な生産と使用は、主として欧米から始まったため、北半球と南半球、すなわち北極圏と南極圏のアイスコアに抗生物質耐性菌の分布の偏りが認められる可能性もある。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であると考えられる。

17年度は南極雪氷試料（ジェームスロス島アイスクラップ）、アラスカ氷河試料（アラスカ山グルカナ氷河）、中国蘭州氷河試料（甘粛省・祁連山脈・July first 氷河）を解凍後、DNAを常法によって抽出した。その結果、各種雪氷試料より抗生物質耐性遺伝子の存在が確認され、この方法論が南極及び北極のアイスコア試料に適用できる可能性が示唆された。18年度は中国蘭州氷河試料（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。最終的に雪氷試料の約2mlを融解し、遠心集菌し、回収した細菌ペレットから土壌細菌用の抽出キットを用いてDNAを調整した。RepliG Mini kit（Qiagen）を用いてDNAを増幅し、カラム精製した。精製物をPhi29 polymerase（Epicenter）を用いて再度増幅し、Real-time PCRの鋳型として用いた。

LightCycler 480 Real-Time PCR (ロシユアプライドバイオサイエンス) を用いて 93 抗菌剤耐性遺伝子の定量を行った。ポジティブコントロールとして細菌 16S rRNA 遺伝子の部分配列を用いた。検査対象とした遺伝子とそれのプライマー配列および Taqman プローブ(ロシユ)のコード番号を次の表に示す。その結果、試薬や酵素にコンタミしていると考えられた *cat1* と *tet(C)*を除くと、*aacC1*、*aph(6)*、*ampC*、*blaCTX-M*、*cmrA*、*msrA/B*、*tet(D)*、*tet(E)*、と *tet(G)* がこれらの試料から検出された。これらの遺伝子は、グルカナ氷河試料あるいはウルムチ氷河試料からのみ検出され、南極試料からは検出されなかった。南極は、北半球の氷河とは異なり、抗菌剤耐性遺伝子の分布がほぼない状況であることが示唆された。一方、本研究のもともとの目的である南極アイスコアからの抗菌剤耐性遺伝子の検出は、必ずしも期待できない事を示唆する結果であるともいえる。グリーンランド等、北半球のアイスコアをまず検討する必要性を示唆するものであるといえる。

1-(6) 南極ドームふじ基地氷床コアの深層掘削

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」が開始された。17年度は第二期ドームふじ基地氷床深層掘削計画として進めていた深層掘削が2006年、47次及び第46次南極観測隊と共同で、3029mまでの深層掘削に成功した。コア現場処理もブリットルゾーンの一部を残して終了した。深層掘削孔の検層は深度10ヶ所について実施した。試料融解連続分注装置及び試料融解連続分析装置については、模擬コアを用いて、コア融解ヘッド、ペリスタリックポンプ、フラクションコレクターの各部分の作動および対応について確認を行った。また従来開発を進めていたコア融解装置の融解ヘッドとは別のタイプのものについて、ヘッドの詳細について議論するとともに、将来的に使用できるか検討を行った。18年度は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72万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。19年度は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までについては、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1m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、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。

2. サブテーマ「極限環境生物システムの比較研究」

2-(1) 極限環境の生物

2-(1)-1 極限環境に生息する線虫の研究

南極大陸は非常に寒冷で乾燥した、生命にとっての「極限環境」である。本プロジェクトの目標は、生命がどのようにしてこの極限環境に適応したのかを遺伝子のレベルで解析することにある。このために我々は、南極大陸で生息できる数少ない多細胞動物である線虫を実験材料として用い、生物の南極環境への適応戦略を明らかにしたいと考えている。線虫はどのようにして南極環境への適応しているのだろうか？ この謎を解明するための重要な手法が比較ゲノム解析である。これは性質の異なる生物（温帯と南極の線虫）の間で発現する遺伝子の種類の違いや発現量の違いを比較することによって、また同じ生物（南極線虫）を異なる環境（温度、湿度の異なる条件）で成育し、それぞれの条件での遺伝子発現プロファイルを比較することによって耐性を生み出す遺伝子の本体を探る方法である。現在、我々はこの二つの方法を用いて線虫の極限環境への適応戦略の解明を進めている。南極に生息する線虫の収集・単離、種の同定、培養法の確立をすべて完了し、平成 18 年度の計画である凍結・乾燥耐性に関する基礎データ収集を開始した。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収集を実施した。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。

19 年度は以下、網羅的なアプローチである「1.南極に生息する線虫の網羅的な分子系統解析」と、特定の線虫に焦点を絞ったアプローチ「2.南極線虫 *Panagrolaimus davidi* の遺伝子発現解析」について報告する。

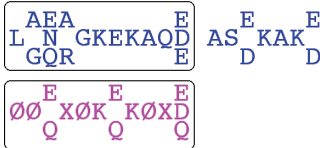
南極に生息する線虫の網羅的な分子系統解析においては線虫の形態分類の専門研究者である札幌医科大学の鬼頭研二博士と共同で、極地研が収集した線虫サンプル（昭和基地、南極半島）の形態分類と 18S rDNA 配列の決定を行っている。多数のサンプルの解析の結果、南極半島キングジョージ島に由来するサンプルから *Plectus belgicae* が見出された。英国 BAS、P. Convey 博士、R. Maslen 博士とも同様の共同研究（Antarctic terrestrial nematode molecular phylogenetics and phylogeography）を進めている。今年度は線虫からの 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。

一方、南極線虫 *Panagrolaimus davidi* の遺伝子発現解析においては、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。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。中でも我々は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。

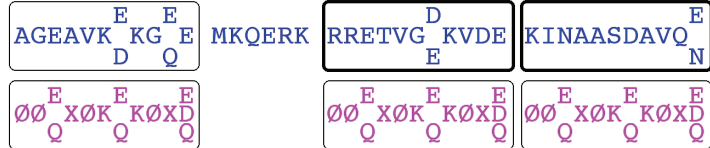
20 年度は極限環境に生息する線虫の研究では高度な乾燥・凍結耐性を持つ南極線虫 *Panagrolaimus davidi* について集中して解析を行った。ストレスのない標準条件 (温度 20°C、十分な水分、エサを与えた状態) で飼育した *P. davidi* の cDNA ライブラリの追加解析を行い、合計 6,878 種類の転写産物 (遺伝子) を得た。また、今後、この解析データは寒冷・乾燥環境ストレス下の *P. davidi* の cDNA ライブラリとの比較対象として用い、この比較解析の結果をもとに耐性遺伝子のスクリーニングを行う。前年度までの解析によって得られていた乾燥耐性遺伝子の候補、LEA (late embryo abundant) 類似遺伝子については全内部配列を決定し、全長 cDNA 配列データを得た。これにより 2 種類の新規の LEA 類似遺伝子を同定し、*P. davidi* には合計で 6 種類の LEA 類似遺伝子があることを明らかにした。引き続き *in vitro* での LEA タンパク質の機能解析を行うために、これらの cDNA を発現ベクターに組み込み、タンパク質の精製を試みている。また最近、新しく南極に生息する *Plectus* 属線虫を極地研の凍結コケ・サンプルから単離、飼育に成功した。*P. davidi* と同様に、耐性遺伝子の探索を試みる。環境ストレスのない良好な標準環境で *P. davidi* を飼育し、この状態の線虫から cDNA ライブラリを作成した。このライブラリについて、2 万 5 千クローンの配列解析を行ったところ、予想通り乾燥、凍結耐性遺伝子の候補を複数見つけることが出来た。さらに 21 年度は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。一連の解析の結果、*P. davidi* には少なくとも 6 種類の LEA 遺伝子が存在し、このうち 5 種類の遺伝子の配列は既知の LEA とは大きく異なっていることが判った [図 7]。

A

..QAGKEKAQH ASDKAKD
 LAQDGKEKAQE
 LGDRSKENAHH ASNKAKE
 LANRGNEKAQE
 LGDHAKEKASH ASDKAKE
 LANRGNAKAQE ..

**B**

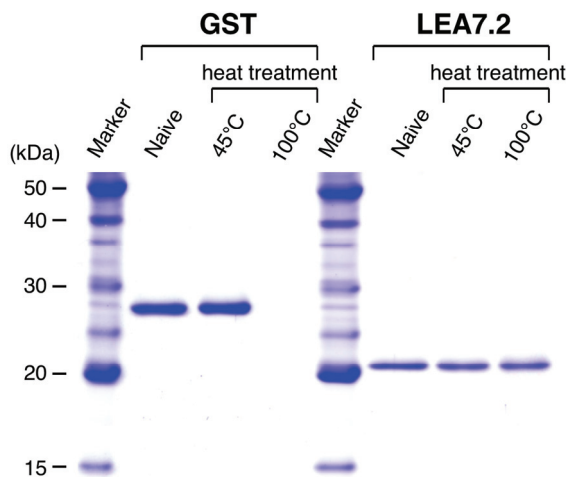
..SESVQN
 AGQAVKDKAE MKQERL RRETVEGEKVDE KINAASDAVQN
 AGEAVKEKGQE MKQERK RRETVEGDKVDE KINAASDAVQN
 AGEAVKEKGQE MKQERK RRETVEGDKVDE KINAASDAVQE
 AGEAVKDKGEE MKQDRK RRETVEGEKVDS GVSSARDTMTTE
 TGETIKQTGKN MQQDR KRRT..



[図7] 南極線虫 *P. davidi* の LEA タンパク質のアミノ酸配列

南極線虫 *P. davidi* の 6 グループある LEA タンパク質の 2 つについてアミノ酸配列の一部を文字記号で表した。配列下に示した青文字は、それぞれの LEA タンパク質のリピートのコンセンサス配列、マゼンタは植物、細菌を含めた LEA リピートのコンセンサス配列を示した (φ は疎水性アミノ酸、X は任意のアミノ酸を示す)。(A) *P. davidi* の主要な LEA-1 のアミノ酸配列。11 残基からなる LEA リピートの他にも規則的な 7 残基のリピート配列が存在している。(B) *P. davidi* から見出された新規の LEA タンパク質のうち一つのアミノ酸配列。全体として 11+(5 or 6)+11+11 残基からなるの長いリピート構造を持ち、後半 2 つの配列は典型的な LEA リピートコンセンサス配列から大きく外れている。

これら新規の配列モチーフを持つ LEA タンパク質が、未知の機能、例えば脂質二重膜の保護による乾燥耐性や、氷の結晶へ結合による凍結耐性など関係している可能性も考えられたため、我々はこれらの LEA タンパク質を大腸菌体内で増産し、精製を行った。これまでの実験から、このタンパク質は 100 度 15 分の熱処理によっても変性せず、非常に高い熱安定性を持っていることが判った [図 8]。



コントロール用のグルタチオン-S-転移酵素 (GST) タンパク質と、南極線虫 *P. davidi* の LEA タンパク質の一つ LEA7.2 を精製後、これらのタンパク質を 45°C、及び 100°C で 15 分処理し、1.5 万回転/分で 10 分遠心してから、上澄みを SDS-PAGE によって解析した。45°C 処理では、どちらのタンパク質も熱変性による沈殿を起こさなかったが、100°C 処理では、GST は沈殿し、上澄みから失われたのに対し、LEA7.2 は 100°C 処理後も可溶性が維持され、熱安定性が非常に高いことが判明した。

[図 8] 南極線虫 *P. davidi* の LEA タンパク質の熱安定性

南極線虫 *P. davidi* の 6 グループある LEA タンパク質の 2 つについてアミノ酸配列の一部を文字記号で表した。配列下に示した青文字は、それぞれの LEA タンパク質のリピートのコンセンサス配列、マゼンタは植物、細菌を含めた LEA リピートのコンセンサス配列を今後はこれら精製タンパク質を使って、酵素タンパク質や脂質二重膜への保護機能について生化学的な解析を

行う。また、このタンパク質が持つかもしれない抗凍結活性、例えば氷核への結合活性や、小さな氷の結晶同士の接触を阻害、再結晶による氷核の成長阻害などについては、共同研究者であるオタゴ大学の D. Wharton 博士、C. Marshall 博士とともに解析を進める。

2-(1)-2 南極ヌナタークに生育する地衣類

17年度はやまと山脈の地衣類を明らかにするとともに、セルウンゲン（シール岩）の地衣類相解明の足がかりをつけた。18年度は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。19年度は南極昭和基地周辺のオメガ岬、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、セルウンゲン（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、オメガ岬、スカレ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。

最終的にラングホブデ雪鳥沢で行われた地衣類の植生調査（170地点、調査面積200・400平方cm）の結果に基づいて表操作を行い、以下の3群落4亜群落を識別した。これらは氷舌から供給される融雪水、群落周辺の雪ドリフトの消長、地形要素（尾根・小ピーク・斜面・谷底；母岩・転石・砂礫地）、ユキドリ集団営巣地由来の富栄養分などの環境要因の影響下で成立している。

1. *Rhizocarpon flavum* – *Buellia subfrigida* comm.

区分種：*Physcia caesia*、構成種：*Umbilicaria aprina*, *Rhizoplaca melanophthalma*

2. *Buellia frigida* – *Candelariella flava* comm..

区分種：*Acarospora gwynii*, *Carbonea capsulata*, *Pseudephebe minusucula*、構成種：*R. melanophthalma*,

2a. *Lecidella siplei* – *pustulate-sorediate species* subcomm.

区分種：*Lecidella siplei*、構成種：*Xanthoria elegans*, *Lecidea andersonii*,

2b. *Usnea sphacelata* subcomm.

区分種：*Usnea sphacelata*、構成種：*Umbilicaria aprina*, *Rhizoplaca melanophthalma*

2c. *Umbilicaria decussata* subcomm.

区分種：*Umbilicaria decussata*、構成種：

2d. 典型亜群落

区分種：亜群落区分種を欠く、構成種：*L. andersonii*, *X. elegans*, *U. aprina*, *R. melanophthalma*, *A. gwynii*

3. 典型群落

区分種：1、2群落の区分種を欠く、主な構成種：*L. andersonii*, *X. elegans*, *U. aprina*,

Physcia caesia

植生調査で認められた 27 種類の内、出現頻度上位 11 種は *Buellia frigida* (72.7 %)、次いで *Candelariella flava* (53.5%), *Rhizoplaca melanophthalma* (35.3 %), *Lecidea andersonii* (31.2 %), *Xanthoria elegans* (28.8 %), *Umbilicaria aprina* (28.8 %), *Lecidella siplei* (24.7%), *Acarospora gwynii* (22.4%), *Pseudephebe minuscula* (21.8%), *Buellia subfrigida* (14.1%), *Rhizocarpon flavum* (13.5%) までの植物地理学的区分の内訳は 7 固有種、3 両極分布種、1 汎存種であった。これまでの研究で、大陸沿岸部における地衣類相には南極固有種が大陸内部のそれに比して多いことが指摘されているが、本研究でもそれを裏付ける結果となった。

2-(1)-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。17 年度は南極海、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・堆積物など約 260 種類の試料を採取した。微生物のキーワードを好冷菌、好塩菌、貧栄養菌、嫌気性菌、光合成菌、共生菌群として分離を試みた。18 年度は南極海、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。19 年度は南極大陸の土壌・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。

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・酸性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ので全ゲノム塩基配列解析を行った。

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。

2-(1)-4 南極湖沼生物における地史的変遷

17 年度は昭和基地周辺の数多くの多様な湖沼を観測対象とし、湖水の物理・化学的性質や生物相の多様性、堆積物からの古環境の復元などを目的に、湖沼生態系の構成、物質生産と物質循環、湖沼の環境変遷と陸上植生の記録を行った。18 年度は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。19 年度はラングホブデ・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的一种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。南極の湖沼生物における地史的変遷では近年、南極湖沼の微生物に関する知見が集積しつつあるが、湖沼堆積物の微生物についての多様性や代謝についての知見は少ない。本研究では南極昭和基地周辺の湖沼から採取された堆積物から微生物の遺伝子を解析し、南極湖沼の下における微生物相の解明を進めている。20 年度は南極昭和基地周辺のすりばち池の堆積物中の古細菌 (アーキア) の多様性を明らかにした。また、塩湖堆積物中の硝化反応 ($\text{NH}_3 \rightarrow \text{NO}_2^- \rightarrow \text{NO}_3^-$)、特にアンモニア酸化を行う微生物に注目し、その群集構造を調べるためにアンモニア酸化酵素遺伝子 (*amoA*) の解析を行った。21 年度は微生物は地球上の窒素循環 (窒素固定、硝化、脱窒) に対して大きく寄与しており、とりわけ硝化反応 ($\text{NH}_4^+ \rightarrow \text{NO}_2^- \rightarrow \text{NO}_3^-$) は窒素固定と脱窒を繋ぐ重要な代謝経路である。そのため、陸域や水圏等の多様な環境中に生息する硝化菌の研究がこれまで広く進められてきたのである。その一方で極域や雪氷域などの寒冷環境における硝化菌に関する知見は他の環境に比してあまりにも少ない。そこで、南極陸域における硝化菌、特にアンモニア酸化菌、の多様性と分布傾向を明らかにすべく、アンモニア酸化酵素遺伝子 (ammonia monooxygenase gene, *amoA*) および 16S rRNA 遺伝子を指標として研究を試みた。本研究の成果は、寒冷生態系における窒素循

環を解明する上での一助となることが期待できる。

第 49 次日本南極地域観測隊 (2007~2008) によって南極昭和基地周辺から採取された、生物マット (4 サンプル)、彩雪 (3 サンプル)、土壌 (3 サンプル)、塩湖堆積物 (1 サンプル) の合計 11 サンプルから抽出した全ゲノム DNA を鋳型とし、PCR-クローン解析を行った。その結果、*Nitrosospira* (β プロテオバクテリア) に属する *amoA* 遺伝子がほぼすべての環境から検出されるのに対して、アーキア由来の *amoA* 遺伝子は生物マット (淡水湖の藻類マット、シアノバクテリアマット、岩石藻マット) のみから検出された。また、南極陸域から得られた *amoA* 遺伝子の多様性はアーキア、バクテリア共に低く、土壌や雪、湖沼などの多様な環境にも関わらず群集構造が類似していることが明らかとなった。また、アンモニア酸化バクテリアの 16S rRNA 遺伝子の解析を行ったところ、*Nitrosospira* に加えて *Nitrosomonas* (β プロテオバクテリア) に近縁な遺伝子が検出された。南極大陸では限られた種類のアンモニア酸化菌、特にバクテリアによってアンモニア酸化反応が行われていると考えられる。また、アンモニア酸化アーキアの生息域は生物マット、恐らくはシアノバクテリアによる活発な窒素固定が行われている環境に限られることも本研究によって示唆された。

2-(1)-5 南極「コケ坊主」生態系における微生物相

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。17 年度は解析では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、各部由来のリン脂質脂肪酸および中性脂肪酸についてガスクロマトグラフィー (GC) および GC 質量分析 (GC-MS) を行い、生物相・微生物相を概観的にキャラクタライズすることができた。18 年度は一つの完全な「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。19 年度は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、平成 18 年度に解析した真生細菌 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 firigida* に近縁の系統群が優先すること、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。20 年度は南極「コケ坊主」生態系にお

ける微生物相の解析では一個の完全なコケ坊主体について、物質生産・物質循環に関与する酵素のうち、二酸化炭素固定酵素（ルビスコ）、硝酸還元酵素群、窒素固定酵素の遺伝子の PCR クローンライブラリーの作成し、その大量解析を行った。また、平成 18、19 年度に実施した 16S/18S rRNA 遺伝子解析の再現性を確認するため、第二のコケ坊主体について同様の解析を行い、塩基配列を取得した。さらに、コケ坊主生態系によって得られた微生物の細胞を希釈した反応系において、1 細胞遺伝子の増殖に成功した。21 年度は rRNA 遺伝子に基づいた系統解析のみでは、微生物の機能を知ることは困難であったため、スカルブスネス地域のほとけ池から採取した一つの完全なコケ坊主体について、分子生物学的手法を用い、窒素循環に関わる窒素固定酵素遺伝子を標的とした多様性解析を試みた。コケ坊主の内層上下 14 部位から抽出・精製した混合ゲノム DNA を基にし、窒素固定酵素（ニトロゲナーゼ）をコードする *nifH* 遺伝子断片を PCR によって増幅させた。そして、PCR クローンライブラリーを構築し（計 14 組）、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 クローンについて塩基配列を決定した。取得した塩基配列を基に分子系統学的解析を行った結果、コケ坊主全体としては γ -プロテオバクテリア *Thiocapsa roseopersicina* 由来の *nifH* 遺伝子が優占していることが分かった。更に、その外層ではシアノバクテリア *Nostoc* 属由来の *nifH* 遺伝子が特異的に、また、内層では偏性嫌気性の硫酸還元菌である *Desulfovibrio* 属由来のものが準優占的に検出され、コケ坊主の好気的外層と嫌気的内層の酸化還元勾配に応じて、異なる系統群由来の *nifH* 遺伝子が分布していることが明らかとなった（表 3）。

表 3 コケ坊主内外上下における窒素固定酵素遺伝子の分布

ONU ID.	Outer aerobic section							Inner anaerobic section							Closest amino acid sequence [Organism name]	Similarity (%)		
	O1	O2	O3	O4	O5	O6	O7	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7				
Cyanobacteria																		
ONU4	9	10	11	4	2	11	3										nitrogenase reductase [<i>Nostoc punctiforme</i>]	97
Alphaproteobacteria																		
ONU3	1	6	7	11	8	7	3	6		4	4	5	9	4			NiH [<i>Bradyrhizobium japonicum</i>]	89
ONU11								4	1		1	1					NiH [<i>Bradyrhizobium japonicum</i>]	94
ONU16												2	1				NiH [<i>Bradyrhizobium japonicum</i>]	93
ONU18																	NiH [<i>Bradyrhizobium japonicum</i>]	96
ONU23								1									NiH [<i>Bradyrhizobium japonicum</i>]	87
ONU28									1								NiH [<i>Bradyrhizobium japonicum</i>]	94
Betaproteobacteria																		
ONU9	1			3	1			1	5	5				3			nitrogenase iron protein [<i>Leptothrix cholodnii</i>]	95
ONU13								1	2	2	2						nitrogenase iron protein [<i>Burkholderia</i> sp.]	96
Gammaproteobacteria																		
ONU1	70	67	69	61	63	67	57	42	49	51	39	59	33	36			dinitrogenase reductase [<i>Thiocapsa roseopersicina</i>]	97
ONU6	7	4	1	2	3	2	2	3	3	6	3	3	1	1			nitrogenase iron protein [<i>Methylobacter luteus</i>]	95
ONU8				4	3	4	13	3									dinitrogenase reductase [<i>Thiocapsa roseopersicina</i>]	94
ONU10				1				3			1	5					nitrogenase reductase [<i>Acidithiobacillus ferrooxidans</i>]	94
ONU12	1	1			2	1	1	1						2			nitrogenase iron protein [<i>Allochromatium vinosum</i>]	94
ONU17												1					dinitrogenase reductase [<i>Thiocapsa roseopersicina</i>]	96
ONU19					2												nitrogenase iron protein [<i>Ectothiorhodospira shaposhnikovii</i>]	94
ONU20								2									nitrogenase iron protein [<i>Methylococcus capsulatus</i>]	86
ONU21								1									nitrogenase iron protein [<i>Allochromatium vinosum</i>]	91
ONU26										1							dinitrogenase reductase [<i>Thiocapsa roseopersicina</i>]	94
Deltaproteobacteria																		
ONU2					3	7	2	25	11	21	7	8	36				nitrogenase iron protein [<i>Desulfovibrio aesopoeensis</i>]	97
ONU7						2		4	4	5	11	3					nitrogenase iron protein [<i>Desulfovibrio aesopoeensis</i>]	93
ONU14					1	2	1										nitrogenase iron protein [<i>Desulfotribacillum alkenivorans</i>]	94
ONU25																1	nitrogenase iron protein [<i>Desulfovibrio aesopoeensis</i>]	93
ONU29					1												nitrogenase iron protein [<i>Geobacter uraniferriducens</i>]	97
Chlorobi																		
ONU27													1				nitrogenase iron protein [<i>Chloroherpeton thalassium</i>]	86
Spirochaetes																		
ONU22										1							dinitrogenase reductase [<i>Spirochaeta zuelzeriae</i>]	88
Verrucomicrobia																		
ONU5	1			3									37	1			Nitrogenase [<i>Opitutaceae</i> bacterium]	93
ONU15	1									1		2					nitrogenase iron protein [<i>Verrucomicrobiae</i> bacterium]	88
ONU24							1										Nitrogenase [<i>Opitutaceae</i> bacterium]	93
Total	91	92	88	91	83	95	91	70	91	87	82	89	93	87				

2-(1)-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。17 年度は南部マリアナトラフの熱水地帯の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、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。今回はそれらの掘削孔から得られた熱水と、比較対象として天然ベントから得られた熱水、さらに周辺海水中の微生物の解析を行った。18 年度は、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。過去の調査により二ヶ所の

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。19 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。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。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。20 年度は海底熱水地帯の微生物解析ではこれまで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た。熱水噴出口付近の微生物マットに注目し、その微生物群集の解析を行った。微生物マット試料から微生物のゲノム DNA を抽出し、16S rRNA 遺伝子と機能遺伝子 (メタン酸化、アンモニア酸化、硫酸還元) の PCR クローン解析と定量 PCR を行い、また、蛍光顕微鏡観察によって微生物群集構成と存在量、多様性を調査した。その結果、微生物マット中に系統学的・代謝機能的に多様な微生物 (真正細菌と古細菌) 群集の存在が明らかになり、*Zetaproteobacteria* 綱という、最近報告された新しい分類群に属する 16S rRNA 遺伝子配列が多数検出された。現在、唯一分離培養されている *Zetaproteobacteria* の種は、微好気性独立栄養性鉄酸化菌である鉄酸化菌グループと予想されるが、一次生産者として海底地殻環境の微生物生態系を支えている可能性がある。21 年度は南部マリアナトラフにおける硫化物構造体中の微生物群集について解析した。海底熱水噴出域には硫化鉱物で構成された大規模な構造体が存在する。例えば、黒煙のごとく熱水を噴出する「ブラックスモーカー」と呼ばれる煙突状のものや、小山のようなマウンド状のものがある。熱水を活発に噴出している硫化物構造体中の微生物群集に関しては多くの報告がなされており (例えば Takai and Horikoshi, 1999; Schrenk et al, 2003)、その構造体内部には、熱水中の還元型物質 (H_2 , H_2S , Fe^{2+} など) と海水中の酸化型物質 (O_2 , NO_3^- , SO_4^{2-} など) との酸化還元反応からエネルギーを獲得して炭酸固定を行う化学合成独立栄養性微生物を一次生産者とした微生物生態系が成り立っていることが明らかにされている (Nakagawa and Takai, 2008)。このような化学合成生態系は光合成の誕生以前の地球上でも存在可能であり、太古代の生態系を反映していると考えられている。いずれ熱水活動は終焉を迎えるが、いったん作られた硫化物構造体は、微生物のエネルギー源になり得る膨大な量の硫黄や鉄を含んだ状態で、そのまま海底面に残る。こういった非活動的な硫化物構造体中の微生物に関する情報はほとんどなく、どんな多様な微生物がどのくらい存在して、どのような微生物生態系が成り立っているのかはまだ明らかになっていない。本研究では、熱水を噴出している硫化物構造体と熱水活動をおえた硫化物構造体のそれぞれの微生

物群集を比較解析することで、熱水活動の有無とそこに存在する微生物群集との相互関係を明らかにすることを目的とした。太古代の海底熱水噴出域にも熱水活動を終えた硫化物構造体があったに違いない。現在の非活動的な硫化物構造体中の微生物生態系を明らかにすることから、太古代の微生物生態系を知るための新たな手がかりが得られると期待される。2003年から2005年にかけて、南部マリアナトラフ海底熱水域において、しんかい6500 (JAMSTEC) を用いて、熱水活動が活発な硫化物構造体と熱水活動を終えた硫化物構造体をそれぞれ採取した (合計8試料)。それぞれの試料からゲノムDNAを抽出し、16S rRNA 遺伝子を標的にした微生物群集解析をおこなった。微生物の存在量は定量PCR法、フォスファターゼ活性測定、全有機炭素と窒素量測定によって評価した。活動的および非活動的な硫化物構造体中の比較解析の結果、その微生物群集組成は明確に異なっていた (図9)。さらには、同じ地域で採取した微生物マット (Kato et al., 2009a)、噴出熱水と掘削孔熱水 (Kato et al., 2009b) の微生物群集データを含めて包括的に比較

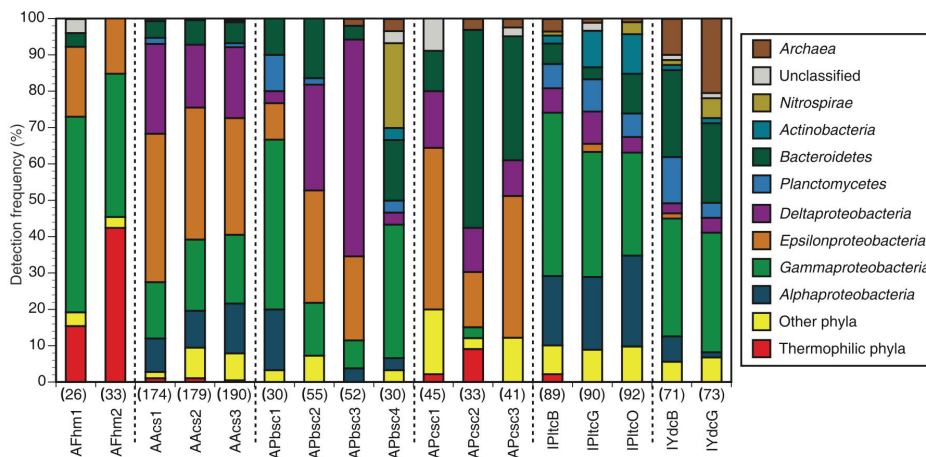


図9. 各試料間の微生物群集構造

した結果、それぞれの環境の群集構造は互いに異なることが見いだされた (図10)。それらの構成種を調べたところ、その微生物群集構造の相違を導くもっとも大きな要因は、*Epsilonproteobacteria* (水素または硫黄酸化菌を多く含む分類群) の相対的な存在量であることが示された (図10)。このことは、熱水活動の程度 (すなわち温度と水素および硫化水素の利用性) によって海底熱水環境の微生物群集構造が徐々に変化する、ということを示唆している。

非活動的な硫化物構造体中の微生物の存在量は、活動的な硫化物構造体中のそれに匹敵することが示された ($10^8 \sim 10^9$ cells/g)。非活動的な硫化物構造体中から鉄酸化菌に近縁

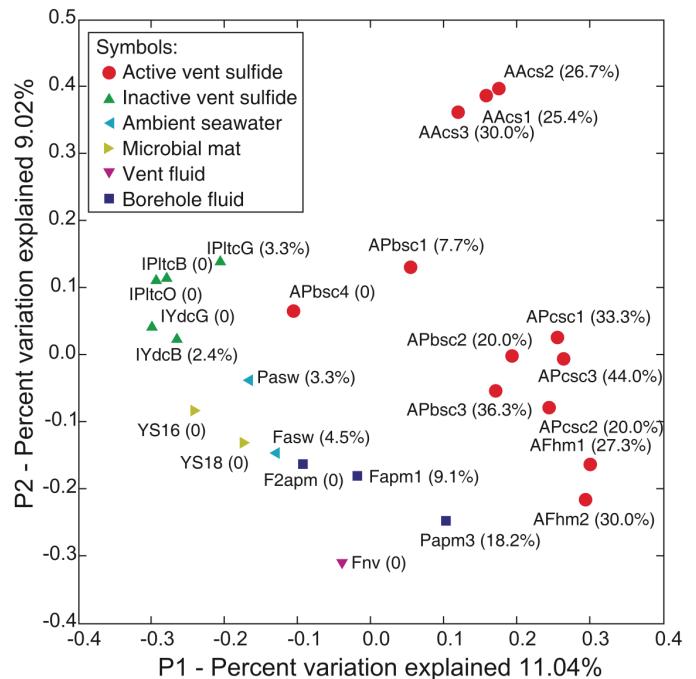


図10. 主座標分析による各試料間の微生物群集構造の比較 (括弧内の数字はクローンライブラリー中で *Epsilonproteobacteria* 系統型クローンが占める割合を示す)。

な遺伝子配列が検出されたことから、この大きなバイオマスを誇る非活動的な硫化物構造体中の微生物生態系を維持しているエネルギー源は鉄であることが示唆された。さらには、非活動的な硫化物構造体中における微生物群集の構成種の系統学的多様性は、活動的な硫化物構造体中のそれに匹敵する（もしくはそれ以上）ことが

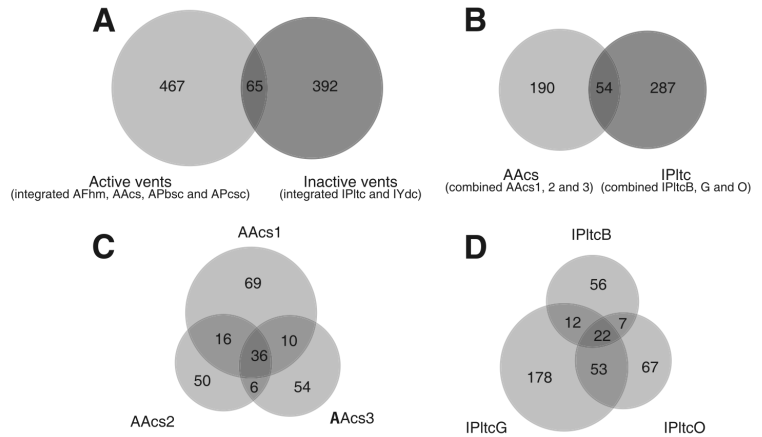


図 11. 各試料間における微生物群集構成種の系統学的多様性の比較(数字は Chao1 species richness 推定値を示す)

示された (図 11A, B ; Shannon score: 3.38~4.62 vs. 1.97~4.24)。硫化物構造体中の各部分の微生物群集構成種を比較したところ、それぞれの部位に独自の種が存在することが示された (図 11C, D)。おそらく活動的な硫化物構造体と同様に、非活動的な硫化物構造体内部には物理化学的多様性 (酸素濃度など) があり、それに伴って微生物構成種の相違が生みだされ、その結果ひとつの硫化物構造体全体でみると系統学的多様性が高くなったのだと予想される。太古代と現在の微生物生態系を関連付ける上で、これまでは熱水が活発に噴出している環境 (エネルギー源は水素または硫化水素) のみが注目されてきたが、熱水活動を終えたあとにできる硫化物構造体中にも、そこに内包された化学エネルギーによって支えられた微生物生態系が存在した可能性があることも忘れてはならない。本研究によって、深海の非活動的な硫化物構造体は極めて高密度かつ多様な微生物を育む環境のひとつであることが示された (Kato et al., 2010)。この結果は、太古代の微生物生態系を考える上で、熱水活動が終わった環境にできる微生物生態系の重要性を見直す必要があることを暗示している。また、海底熱水地帯の微生物解析の共同研究として、岩石内部に棲息する微生物の環境特異的な生態を示した。

2-(2) 極限環境生物統合データベースの構築

17年度は国立極地研究所に保存してある極地冷凍植物試料 (蘚苔類、地衣類、藻類、シアノバクテリア) の整理と予備的に作成されたデータベースを再検討した。また、極地より得られた極地研保管の全植物試料を対象にした極地植物多様性画像データベースのシステムについて検討した。18年度は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。19年度は国立極地研究所に収蔵されている極地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し、これまでにない新たな研究リソースとして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。3D 画像表示ソフトウェアの改良では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。DNA 解析用のコケ標本サンプリングでは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）を用いた。

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。極域植物データベースの構築では南極昭和基地周辺の淡水藻類について研究を行った。淡水藻類は湖沼他、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発表した。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用の原稿を作成した。

20 年度は分類作業とデータの更新を行った。とくに、昭和基地周辺スカーレン大池湖底堆積物中の珪藻について分類学的検討を行った。珪藻の種組成からスカーレン大池は以前海洋環境にあったが、汽水環境をへて現在の淡水環境へ変化したと考えられた。21 年度も引き続き昭和基地周辺スカーレン大池湖底堆積物中の珪藻について分類学的検討を行い、SCAR International Biology Symposium で口頭発表した。また、昭和基地周辺湖沼の底生藻類の光合成特性に関する研究を行い、論文として発表した。一方、極地研収蔵標本（蘚類）の 3D 画像データベースシステムについては、データ取得作業を続行するとともに撮影技術並びにソフトウェアの改良を続け、冷凍標本解凍試料においても、鮮明な原色を再現できる撮影技術を確立した。また、3D 画像上で試料の任意点の長さを測定できる計測システムを構築し、特許申請を行った。国内から極地に至るまで汎地球的に分布するコケ類を対象に、地球上での分散機構と生存戦略をゲノム構造多様性の面から解明することをめざし、そのための対象種として選定したギンゴケ (*B. argenteum*) について、ゲノム構造解析用試料の個体培養を進めている。これまでのところ、極地研で採集した標本に加え、スピッツベルゲンおよび宗谷海岸由来の凍結試料からコケ生体の再生に成功した。宗谷海岸採取の試料は採種年月がおおよそ 25 年前のものであること、コケと同時にクマムシと線虫の生存が確認できた点で極めて興味深い。21 年度は前年度に引き続き、極地研収蔵標本（蘚類）の 3D 画像データベースシステムのためのデータ取得作業を続行した。一方、国内から極地に至るまで汎地球的に分布するコケ類を対象に、地球上での分散機構と生存戦略をゲノム構造多様性の面から解明することをめざ

し、国立情報研、国立遺伝研とも連携した極限環境生物システム比較プロジェクトを進めた。対象に選定したギンゴケについて、旧極地研キャンパスで採集した標本のクローン培養から抽出したゲノム DNA について、新型シーケンサによる全ゲノム解読を進めている。ギンゴケの生育が予想以上に遅く、また冷凍標本から生存個体の回復ができなかったため、今年度は新たにアラスカ・カップーメイン地域からギンゴケ標本を採集し、クローン化作業を進めている。また、今年度の南極観測夏隊にギンゴケ標本の採集を依頼し、新観測船「しらせ」が持ち帰った試料について、極地研究所においてクローニングを開始した。これらの試料については 22 年度以降に順次全ゲノム解析を行い、旧極地研キャンパス由来の標本から得られたデータを基準として全ゲノム比較解析を行う予定である。昨年度に、スピッツベルゲンおよび南極宗谷海岸由来の凍結試料から再生に成功したコケ個体には残念ながらギンゴケは含まれていなかったが、数種類については同定とクローン化に成功しており、これらについても将来の解析対象とする予定である。極限環境に生育するコケ類について何らかの共通性がゲノム情報から見つかるのかどうか、極めて興味深い課題である。

(3) 第 2 期中期目標及び中期計画との関連性

情報・システム研究機構新領域融合研究センターの第 2 期中期目標には 多種・大量の地球科学や生命科学などのデータ及び知見を、モデリング技術や情報技術と結合させ、新しい研究分野を目指して融合研究を一層推進するとあり、同じく、中期計画は新領域融合プロジェクトの対象領域に「人間・社会」を加え、研究を推進するほか、人材育成プログラムの「若手研究者クロストーク」等を着実に実施し、融合研究に関する後進の育成に取り組む。さらに、4 研究所のデータ、知見及び技術を結集し、国立大学の附置研究所や国内外の研究機関との連携強化等により、国際的研究拠点の形成に取り組むことになっている。

本プロジェクトは融合研究センターで掲げられていた地球、生命、情報を考慮し、①生物多様化メカニズムの解明とモデル化・予測、②生命・地球システムの相互作用の解明とそのモデル化・将来予測、③地球科学情報の統合データベース構築を通じた地球環境変動メカニズムの解明、④複合系としての地球システムの解明とそのモデル化・変動予測の研究の 4 項目について配慮した計画である。

地球環境は地球上の気水圏、地圏、生物圏、そして、人間圏の相互のバランスの上で形成されてきた。地球環境変動と現代への影響を地球生命システムとの関わりの上で解明することを目標とする。これまでの遺伝子解析で得られた微生物多様性のデータを、氷床コア情報から得られた氷期、間氷期を含む気候変動と照合し、地球環境変動と微生物の進化・多様化の相互作用を理解し、環境変動下での生命の適応戦略のメカニズムを明らかにし、地球生命システム学の構築を目指す。そのために本プロジェクトでは、南極および北部グリーンランドの氷床コア等、環境の変動が大きい極域を中心に、環境データの取得と微生物解析について研究を行う。以下のテーマを中心に 4 研究チームで研究を進める。

- 1) 氷床コア中の微生物及び生物起源物質の解明 (チーム 1)
- 2) 氷床コアに見る人間圏創始の環境 (ダスト等) と生物活動 (チーム 1、2)
- 3) ウイルスデータを用いた進化メカニズムの時系列解明 (チーム 1、2)
- 4) 極限微生物の多様性と進化メカニズム (チーム 2)
- 5) 海底堆積物中の微生物相の解明 (チーム 3)
- 6) 沿岸域の氷床、氷河、湖沼生態系から見た地球環境変動の変遷 (チーム 4)

今期の研究プロジェクトでは、南極の氷床コアが最も重要な研究対象であり、今後も重要な研究試料と考えられる。これまでは「100 万年分の微生物 (DNA) データベース」が目玉であったが、次期は表面氷といった比較的浅い層の微生物解析が重要となるだろう。南極で 20kg の氷から 1 個しか発見されないと言われる宇宙塵の研究でも大量の表面氷を用いて研究成果が出ているので、同様の手法で花粉な

どの解析が可能となる。次期計画では花粉 1 粒の遺伝子解析、微生物 1 細胞の遺伝子解析は地球環境の生命の変動史の中で飛躍的な発展が期待される。

南極における今後の掘削計画、例えば岩盤までの掘削計画はあるかについては、おそらく、現在のドームふじ基地の施設がそのまま使える状況にないため、第二期 6 年間では間に合わないと考えている。次期の南極における掘削としては沿岸域において「熱水ドリル」という新手法を用いて、氷床下の地殻コアのサンプリング計画がある。基礎的な技術開発は終了したが、掘削基地の設営を含め実用化には 3 年程度を要する。沿岸近くの岩盤掘削、生物解析用のサンプリングは十分に可能と見ている。人間社会との関わりで考えれば過去の植生が重要になるのではないかと。現在、南極の表面氷で解析している松科の花粉は、本来は北半球の植生である松の分布が人間活動と共に南半球に分布を広げた可能性が示唆されている。人間社会との関わりということでは、氷床微生物以外にペンギンの糞から薬剤耐性菌の分布等も該当するのではないかと？現在のプロジェクトでも、南極、中国の山岳氷河から薬剤耐性遺伝子が検出されている。

今期から第二期への Phase Change に関しては、「手法の確立」から「多面的な解析」へと考えている。新しい課題の可能性としては今期に 4 研究所で立ち上がった成果であるアイスコアと微生物を中心にして、それを発展させると共に、地球環境変動、生態系変動を関連付けることで「人間と社会」のキーワードとしていく。北極（グリーンランド）と南極という両極の研究を中心として山岳氷河はその比較という位置付けが得策であると考えている。

[5] 研究成果

(1) 第 1 期（平成 17～21 年度）の研究成果のまとめ

① 成果物（知見・成果物・知的財産権等）

仮想的立体画像の表示装置、表示方法および表示プログラム

特許出願中 出願番号 2009-031165

特許出願日 平成 21 年 2 月 13 日

② 成果発表等

<論文発表>

[学術論文]

平成 17 年度

1. Abe Takashi, Hideaki Sugawara, Shigehiko Kanaya, Makoto Kinouchi, Yasaburo Matsuura, Heizo Tokutaka and Toshimichi Ikemura (2005). “A large-scale Self-Organizing Map (SOM) constructed with the Earth Simulator unveils sequence characteristics of a wide range of eukaryotic genomes”, *Proceedings of Workshop 2005 on Self-Organizing Maps*, pp. 187-194, pp.187-194.
2. Abe, Takashi, Toshimichi Ikemura, Shigehiko Kanaya, Makoto Kinouchi, and Hideaki Sugawara (2005). “A novel bioinformatics strategy for phylogenetic study of genomic sequence fragments: self-organizing map (SOM) of oligonucleotide frequencies”, *Proceedings of Workshop 2005 on Self-Organizing Maps*, pp. 669-676.
3. Abe, Takashi, Hideaki Sugawara, Makoto Kinouchi, Shigehiko Kanaya, Toshimichi Ikemura (2005). “Novel Phylogenetic Studies of Genomic Sequence Fragments Derived from Uncultured Microbe Mixtures in Environmental and Clinical Samples”, *DNA research*, 12, 281-290.
4. 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.

5. Aizen, V. B., Aizen E. M., Fujita, K., Nikitin, S. A., Kreutz, K. J., Takeuchi, N. (2005) . Stable-isotope time series and precipitation origin from firn cores and snow samples, Altai glaciers, Siberia. *Journal of Glaciology*, 51(175), 637-654..
6. Fujita, K., Thompson, L. G., Kajikawa, Y., Ageta, Y., Yasunari, T., Sakai, A., and Takeuchi, N. (2006). Thirty-year history of glacier melting in the Nepal Himalayas. *Journal of Geophysical Research*, 111,D03109, doi:10.1029/2005JD005894.
7. Hayashi, Hidenori, Takashi Abe, Mitsuo Sakamoto, Hiroki Ohara, Toshimichi Ikemura, Kazuo Sakka and Yoshimi Benno (2005). “Direct cloning of genes encoding novel xylanases from human gut”, *Canadian Journal of Microbiology*, 51, 251-259.
8. 伊村智, 工藤栄(2006). 昭和基地周辺の南極湖沼における潜水調査報告. 南極資料. 50(1), 103-113.
9. 伊村智(2005). 南極の湖沼の謎に挑む. 極地, 41(2), 10-15.
10. Matsumoto, G.I., Komori, K., Enomoto, A., Imura, S., Takemura, T., Ohyama, Y., Kanda, H. (2006). Environmental changes in Syowa Station area of Antarctic during the last 2300years inferred from organic components in lake sediment cores. *Polar Bioscience*, 19, 51-62.
11. 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.
12. Naganuma T, Hua PN, Okamoto T, Ban S, Imura S & Kanda H (2005). Depth distribution of euryhaline halophilic bacteria in Suribati Ike, a meromictic lake in East Antarctica. *Polar Biology*, 28(12): 964-970.
13. 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, 9-11 May 2006, Incheon, Korea. Proceedings, p. 21-24.
14. Nakazawa, F., Fujtia, K., Takeuchi, N., Fujiki, T., Uetake, J., Aizen, V., and Nakawo, M. (2005). Dating of Seasonal snow/firn accumulation layers using pollen analysis. *Journal of Glaciology*, 51(174) , 483-490.
15. Takano, Y. H. Mori, T. Kaneko, Y. Ishikawa, K. Marumo, and K. Kobayashi (2006). Phosphatase and microbial activity with biochemical indicators in semi-permafrost active layer sediments over the past 10,000 years. *Applied Geochemistry*, 21, 48-57.
16. Takano, YK. Kobayashi, Y. Ishikawa and K. Marumo (2006). Emergence of the inflection point on the racemization rate constant of D- and L- amino acids in the early stage of terrestrial diagenesis. *Organic Geochemistry*, 37, 334-341.
17. 高野淑識(2005). 地球物質中の易分解性有機物と初期高分子化反応 (Labile organic matter and initial polymerization process in geochemical materials.). 海洋, 37 (12), 858-865.
18. Takeuchi, N., Matsuda, Y., Sakai, A. and Fujita, K. (2005). A large amount of biogenic surface dust (cryoconite) on a glacier in the Qilian Mountains, China. *Bulletin of Glaciological Research*, 22, 1-8.
19. 山岸明彦(2005). 海底熱水系地下微生物圏。海の研究 14:319-326.
20. Uchiyama, Taku, Takashi Abe, Toshimichi Ikemura, Kazuya Watanabe (2005).“Substrate-induced gene-expression screening of environmental metagenome libraries for isolation of catabolic genes”, *Nature Biotechnology*, 1, 88-93.

平成 18 年度

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. Genka H, Baba T, Tsuda M, Kanaya S, Mori H, Yoshida T, Noguchi MT, Tsuchiya K, Sawada H. (2006): Comparative analysis of *argK-tox* clusters and their flanking regions in phaseolotoxin-producing *Pseudomonas syringae* pathovars. (2006): *J. Mol. Evol.*, 63, 401-414.
 8. 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 du ring cell constriction in *E. coli*. *Mol. Microbiol.*, **63**, 1008-1025.
 9. 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 .10
 10. 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.
 11. 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.
 12. 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.
 13. 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*, 64(4), 883-894. .
 14. 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.

15. 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.
16. 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.
17. 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
18. 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.
19. 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.*, 369(4), 1060-1069.
20. 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.
21. Suzuki, S., Ono, R., Narita, T., Pask, A.J., Shaw, G., Wang, C., Kohda, T., Alsop, A.E., Jennifer, A. Marshall Graves, G., Kohara, Y., Ishino, F., Renfre, M.B., and Kaneko-Ishino, T. (2007). Retrotransposon silencing by DNA methylation can drive mammalian genomic imprinting. *Plos Genetics*, 3(4): e55. oi:10.1371/journal.pgen.0030055.
22. 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.
23. Tanaka, Naoto, Takashi Abe, Satoru Miyazaki, and Hideaki Sugawara (2006). G-InforBIO: Integrated system for microbial genomics, *BMC Bioinformatics*, 7, 368.
24. 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.
25. 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.
26. 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.
27. 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.
28. Ueno, T. and Kanda, H. (2006). Photosynthetic response of the arctic semi-aquatic moss *Calliergon giganteum* to water content., *Aquatic Botany* , 85:241-243.
29. 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.

30. 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.
31. 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.
32. Watanabe, K. and Yamagishi (2006). A., The effects of multiple ancestral residues on the *Thermus thermophilus* 3-isopropylmalate dehydrogenase. *FEBS Lett.* 580, 3867-3871.
33. 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.
34. 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.
35. 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.
36. 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.
37. 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.
38. 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.
39. 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.

平成 19 年度

1. 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*.
2. 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.
3. 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 N.V. (2006) Time machine: ancient life on earth and in the cosmos. *EOS*, 87(39): 401, 406.
4. 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.

5. 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.
6. 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
7. 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.
8. 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*.
9. 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.
10. 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.
11. 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).
12. Naganuma,T., 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.
13. 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.
14. 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.
15. 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
16. 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
17. 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.
18. 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.

平成 20 年度

1. Abe T., Ikemura, T., Ohara, Y., Uehara, H., Kinouchi, M., Kanaya, S., Yamada Y., Muto A. and Inokuchi H.(2009): "tRNADB-CE: tRNA gene database curated manually by experts", *Nucleic Acids Research*, 37 (Database issue), D163-D168.
2. Baba T, Huan H.C., Datsenko K, Wanner B.L., Mori H.(2008):The applications of systematic in-frame, single-gene knockout mutant collection of *Escherichia coli* K-12. *Methods Mol Biol.*, 416:183-194.
3. Baba T, Mori H. (2008): The construction of systematic in-frame, single-gene knockout mutant collection in *Escherichia coli* K-12. *Methods Mol Biol.*, 416:171-181.
4. Hara KY, Shimodate N, Ito M, Baba T, Mori H, Mori H. (2009):Systematic genome-wide scanning for genes involved in ATP generation in *Escherichia coli*. *Metab Eng.*, 11(1):1-7.
5. Horiuchi, K., T. Uchida, Y. Sakamoto, A. Ohta, H. Matsuzaki, Y. Shibata, H. Motoyama (2008): Ice core record of ¹⁰Be 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*, vol. 3, issue 3, 253-267.
6. Iizuka Y., Miyake, T., Hirabayashi, M., Suzuki, T., Matoba, S., Motoyama, H., Fujii Y. and Hondoh, T. (2009):Constituent elements of insoluble and non-volatile particles during the Last Glacial Maximum of the Dome Fuji ice core. *Journal of Glaciology*, 55(19), 552-562.
7. Iizuka Y., Hondoh, T. and Fujii, Y. (2008): Antarctic sea ice extent during the Holocene reconstructed from inland ice core evidence. *Journal of Geophysical Research*, Vol. 113, D15114, doi:10.1029/2007JD009326.
8. Kashiyama, Y., Miyashita, H., Ohkubo, S., Ogawa, N.O., Chikaraishi, Y., Takano, Y., Suga, H., Toyofuku, T., Nomaki, H., Kitazato, H., Nagata, T. and Ohkouchi, N. (2008): Evidence of Global Chlorophyll d. *Science*, 321, 658-658. DOI: 10.1126/science. 1158761.
9. 小林悟志 (2008)九州南部における葉の表皮組織の形態に基づくツブラジイとスダジイおよび雑種の分布. *植生学会誌*. 25(1):51-61.
10. Kosaka T., Kato, S., Shimoyama, T., Ishii, S., Abe, T. and Watanabe, K. (2008): "The genome of *Pelotomaculum thermopropionicum* reveals niche-associated evolution in anaerobic microbiota", *Genome Research*, 18, 442-448,
11. Kato, S., Kobayashi, C., Kakegawa, T., and Yamagishi, A. (2009a): Microbial communities in iron-silica-rich microbial mats at deep-sea hydrothermal fields of the southern Mariana Trough. *Environmental Microbiology*: doi: 10.1111/j.1462-2920.2009.01930.x.
12. Marumo, K., Urabe, T., Goto, A., Takano, Y. and Nakaseama, N. (2008): Mineralogy and Isotope Geochemistry of Active Submarine Hydrothermal Field at Suiyo Seamount, Izu-Bonin Arc, West Pacific Ocean. *Resource Geology*, 58, 220-248. DOI: 10.1111/j.1751-3928. 2008.00059.x.
13. Muraoka H., Noda H., Uchida M., Ohtsuka T., Koizumi H. and Nakatsubo T. (2008): Photosynthetic characteristics and biomass distribution of the dominant vascular plant species in a high-arctic tundra ecosystem, Ny-Ålesund, Svalbard: implications to their role in ecosystem carbon gain. *Journal of Plant Research* 121: 137-145.

14. Nakatsubo T., Yoshitake S., Uchida M., Uchida M., Shibata Y. and Koizumi H. (2008): Organic carbon and microbial biomass in a raised beach deposit under terrestrial vegetation in the High Arctic, Ny-Ålesund, Svalbard. *Polar Research* 27: 23-27.
15. Nakazawa, F. and Suzuki, K. (2008): The alteration in the pollen concentration peak in a melting snow cover. *Bull. Glaciol. Res.* 25: 1-7.
16. 大谷修司、北脇悠平、崎幸子、福田俊治、神谷宏、吉岡勝廣、後藤宗彦、石飛裕、宍道湖・中海の植物プランクトン水質調査結果 (2008). 島根県保健環境科学所報 49: 118-125.
17. Sato S, Nakamura Y, Kaneko T, Asamizu E, Kato T, Nakao M, Sasamoto S, Watanabe A, Ono A, Kawashima K, Fujishiro T, Katoh M, Kohara M, Kishida Y, Minami C, Nakayama S, Nakazaki N, Shimizu Y, Shinpo S, Takahashi C, Wada T, Yamada M, Ohmido N, Hayashi M, Fukui K, Baba T, Nakamichi T, Mori H, Tabata S. (2008): Genome structure of the legume, *Lotus japonicus*. *DNA Res.*, 15, 227-239.
18. Takano, Y., Chikaraishi, Y., Ogawa, O.N., Kitazato, H. and Ohkouchi, N. (2008): Compound-specific nitrogen isotope analysis of D-, L-alanine and valine: application of diastereomer separation to delta-15N and microbial peptidoglycan studies. *Analytical Chemistry*, in press, DOI: 10.1021/ac802077v.

平成 21 年度

1. Abe T, Kanaya S, Ikemura T (2009) Batch-Learning Self-Organizing Map for Predicting Functions of Poorly-Characterized Proteins Massively Accumulated. *WSOM 2009 (J.C. Príncipe and R. Miikkulainen (Eds.)) LNCS 5629*:1–9.
2. Abe T, Hamano Y, Kanaya S, Wada K, Ikemura T (2009) A Large-Scale Genomics Studies Conducted with Batch-Learning SOM Utilizing High-Performance. *IWANN 2009 Part I (J. Cabestany et al. (Eds.)) LNCS 5517*:829–836.
3. Abe T, Wada K, Iwasaki Y, Ikemura T (2009) Novel bioinformatics for inter- and intraspecies comparison of genome signatures in plant genomes. *Plant Biotechnology* 26:469-477.
4. Abe T, Kanaya S, Uehara H, Ikemura T (2009) A novel bioinformatics strategy for function prediction of poorly-characterized protein genes obtained from metagenome analyses. *DNA Research* 16:287-298.
5. Abe T, Ikemura T, Ohara Y, Uehara H, Kinouchi M, Kanaya S, Yamada Y, Muto A, Inokuchi H (2009) tRNADB-CE: tRNA gene database curated manually by experts. *Nucleic Acids Research*, 37:D163-D168.
6. Ashida, N., S. Ishii, S. Hayano, K. Tago, T. Tsuji, Y. Yoshimura, S. Otsuka, and K. Senoo (2009). Isolation of functional single cells from environments using a micromanipulator: application to study denitrifying bacteria. *Applied Microbiology and Biotechnology* 85,1211-1217.
7. Chikaraishi, Y., Ogawa, O.N., Kashiyama, Y., Takano, Y., Suga, H., Tomitani, A., Miyashita, H., Kitazato, H., Ohkouchi, N., (2009) Amino acid trophic level (ATL): elucidation of aquatic food web structure based on compound-specific nitrogen isotopic composition of amino acids. *Limnology and Oceanography: Methods*, 7, 740-750.
8. Fujii, M., Takano, Y., Kojima, H., Hoshino, T., Tanaka, R., Fukui, M., (2010) Microbial community structure, pigment composition, and nitrogen source of red snow in Antarctica. *Microbial Ecology*, 59, 466–475.
9. Shuji Fujita, Junichi Okuyama, Akira Hori, Takeo Hondoh. (2009): Metamorphism of stratified firn

- at Dome Fuji, Antarctica: A mechanism for local insolation modulation of gas transport conditions during bubble close-off. *Journal of Geophysical Research*, VOL. 114, F03023, doi:10.1029/2008JF001143, 2009.
10. Hara KY, Shimodate N, Hirokawa Y, Ito M, Baba T, Mori H, Mori H. (2009): Glutathione Production by Efficient ATP Regenerating *Escherichia coli* Mutants. *FEMS Microbiol. Lett.*, 297, 217-224.
 11. Iizuka, Y., Takayuki Miyake, Motohiro Hirabayashi, Toshitaka Suzuki, Sumito Matoba, Hideaki Motoyama, Yoshiyuki Fujii and Takeo Hondoh (2009): Constituent elements of insoluble and non-volatile particles during the Last Glacial Maximum of the Dome Fuji ice core. *Journal of Glaciology*, 55, 552-562.
 12. Inoue, Maskane and Kanda, Hiroshi (2009). Distributional pattern of Japanese Lecideoid lichens occurring in subalpine or alpine regions, with special reference to the taxa being distributed in both Japan and Svalbard, *Memoirs of the Faculty of Education and Human Studies, Akita University (Natural Science)*, 64, 1-8.
 13. Kanda, Hiroshi (2009). The Environmental and Genetic Approach for Life on Earth (EAGLE) project, *Polar Science* 3(3), 189-196.
 14. Kato, S., Takano, Y., Kakegawa, T., Oba, H., Inoue, K., Kobayashi, C., Utsumi, M., Marumo, K., Kobayashi, K., Ito, Y., Ishibashi, J., Yamagishi, A., (2010). Biogeography and biodiversity in sulfide structures of active and inactive vents at deep-sea hydrothermal fields of the Southern Mariana Trough. *Applied and Environmental Microbiology*, 76, 2968-2979.
 15. Kato, S., Yanagawa, K., Sunamura, M., Takano, Y., Ishibashi, J., Kakegawa, T., Utsumi, M., Yamanaka, T., Toki, T., Noguchi, T., Kobayashi, K., Moroi, A., Kimura, H., Kawarabayashi, Y., Marumo, K., Urabe, T., and Yamagishi, A., Abundance of *Zetaproteobacteria* within crustal fluids in back-arc hydrothermal fields of the Southern Mariana Trough, *Environ. Microbiol.* 11(12): 3210-3222 (2009).
 16. Kato, S., Kobayashi, C., Kakegawa, T., and Yamagishi, A., Microbial communities in iron-silica-rich microbial mats at deep-sea hydrothermal fields of the Southern Mariana Trough, *Environmental Microbiology* 11(8): 2094-2111 (2009).
 17. Kato, S., Hara, K., Kasai, H., Teramura, T., Sunamura, M., Ishibashi, J., Kakegawa, T., Yamanaka, T., Kimura, H., Marumo, K., Urabe, T., and Yamagishi, A., Spatial distribution, diversity and composition of bacterial communities in sub-seafloor fluids at a deep-sea hydrothermal field of the Suiyo Seamount, *Deep-Sea Research Part I* 56(10): 1844-1855 (2009).
 18. Kato, S., Takano, Y., Kakegawa, T., Oba, H., Inoue, K., Kobayashi, C., Utsumi, M., Marumo, K., Kobayashi, K., Ito, Y., Ishibashi, J., and Yamagishi, A., Biogeography and biodiversity in sulfide structures of active and inactive vents at deep-sea hydrothermal fields of the Southern Mariana Trough, *Applied and Environmental Microbiology*, doi:10.1128/AEM.00478-10 (2010)
 19. 三宅隆之、平林幹啓、植村立、東久美子、本山秀明 (2009): 極域氷床深層コアの化学成分分析用試料の汚染除去前処理方法の検討. *南極資料*, 53(3), 259-282.
 20. 川村賢二, 氷床コアから探る第四紀後期の地球システム変動, *第四紀研究*, 48 (3), 109-129 (2009).
 21. Takuro Kobashi, Jeffrey P. Severinghaus, Jean-Marc Barnola, Kenji Kawamura, Tara Carter, Tosiya Nakaegawa, Persistent multi-decadal Greenland temperature fluctuation through the last millennium, *Climatic Change*, DOI 10.1007/s10584-009-9689-9 (2009).
 22. Kudoh, Sakae, Tanabe Yukiko, Inoue Takeshi, Imura Satoshi and Kanda Hiroshi (2009). Breaching

of a perennial snow dam below lake Hyoga Ike in the Langhovde region of the Soya Coast, East Antarctica: Probable effect of disturbance events on the distribution and colonization of flora within/around the lake, *Antarctic Record*, 53 (1), 114-122.

23. Kudoh, S., Tanabe, Y., Matsuzaki, M. & Imura, S.(2009). In situ photochemical activity of the phytobenthic communities in two Antarctic lakes. *Polar Biology*, 32, 1617-1627.
24. Misawa, K., Kohno, M., Tomiyama, T., Noguchi, T., Nakamura, T., Nagao, K., Mikouchi, T., Nishiizumi, K. (2010):Two extraterrestrial dust horizons found in the Dome Fuji ice core, East Antarctica. *Earth and Planetary Science Letters*, 289, 287-297.
25. Nakai, Ryosuke, Kise Yukimura, Takeshi Naganuma (2009). Latitudinal and longitudinal migration of airborne microorganisms. *Proceeding of the 10th Edition Tunisia-Japan Symposium on Society, Sciences, and Technology (TJASSST)*, submitted.
26. Naganuma, Takeshi, Annick Wilmotte (2009). Microbiological and Ecological Responses to Global Environmental Changes in Polar Regions (MERGE): An IPY Core Coordinating Project., *Polar Science*, 3: 139-146.
27. Nakazawa, F., T. Miyake, K. Fujita, N. Takeuchi, J. Uetake, T. Fujiki, V. Aizen and M. Nakawo, Establishing the timing of chemical deposition events on Belukha glacier, Altai Mountains, Russia, using pollen analysis, *Arctic, Antarctic, and Alpine Research*, under re-review.
28. Sasa, K., Yuki Matsushi, Yuki Tosaki, Michiko Tamari, Tsutomu Takahashi, Yasuo Nagashima, Kazuho Horiuchi, Hiroyuki Matsuzaki, Yasuyuki Shibata, Motohiro Hirabayashi, Hideaki Motoyama (2010): Measurement of cosmogenic ^{36}Cl in the Dome Fuji ice core, Antarctica: Preliminary results for the Last Glacial Maximum and early Holocene. *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research B*, 268 (2010) 1193-1196.
29. Hirabayashi, Hideaki Motoyama (2010): Measurement of cosmogenic ^{36}Cl in the Dome Fuji ice core, Antarctica: Preliminary results for the Last Glacial Maximum and early Holocene. *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research*, B, 268 (2010) 1193-1196.
30. Seddik, H., R. Greve, T. Zwinger and L. Placidi (2009). A full-Stokes ice flow model for the vicinity of Dome Fuji, Antarctica, with induced anisotropy and fabric evolution. *The Cryosphere Discussions*, 3 (1), 1-31.
31. Segawa, Takahiro, Nozomu Takeuchi, Kazunari Ushida, Hiroshi Kanda, and Shiro Kohshima, Altitudinal changes in bacterial community on the Gulkana Glacier in Alaska, *Extremophiles*, submitted.
32. Segawa, Takahiro, Kazunari Ushida, Hideki Narita, Hiroshi Kanda and Shiro Kohshima. Bacterial diversity in two Antarctic ice cores analyzed by 16S rRNA gene sequencing analysis. *Polar Science*, submitted.
33. Segawa, Takahiro, Yoshitaka Yoshimura, Kenichi Watanabe, Hiroshi Kanda, and Shiro Kohshima. Community structure of culturable bacteria on the Gulkana Glacier, Alaska. *Polar Science*, submitted.
34. Sugiyama, S., H. Enomoto, S. Fujita, K. Fukui, F. Nakazawa and, P. Holmlund, Dielectric permittivity of snow measured along the route traversed in the Japanese-Swedish Antarctic Expedition 2007/08, *Annals of Glaciology*, 10, 51(55), 9-15.
35. Suto, Y. and S. Ohtani (2009). Morphology and taxonomy of five Cephaleuros species (Trentepohliaceae, Chlorophyta) from Japan, including three new species. *Phycologia*, 48: 213-236.

36. Takano, Y., Kashiyama, Y., Ogawa, O.N., Chikaraishi, Y., Ohkouchi, N., (2010) Isolation and desalting with cation-exchange chromatography for compound-specific nitrogen isotope analysis of amino acids. *Rapid Commun. Mass Spectrom*, in press.
37. Takano, Y., Yokoyama, Y., Tyler, J.J., Fukui, M., Sato, T., Ogawa, N.O., Suzuki, N., Kitazato, H., Ohkouchi, N., (2010) Crustal uplifting rate associated with late-Holocene glacial-isostatic rebound at Skallen and Skarvsnes, Lützow-Holm Bay, East Antarctica: evidence of a synchrony in sedimentary and biological facies on geological setting. *Biogeosciences Discuss.*, 7, 4341–4384, doi:10.5194/bgd-7-4341-2010.
38. Takeuchi, N., K. Fujita, F. Nakazawa, M. Nakawo and B. Rana (2010). A snow algal community on the surface and in an ice core of Rikha-Samba Glacier in Western Nepali Himalayas, *Bulletin of Glaciological Research*, 27, 25-35.
39. Takeuchi, N., T. Miyake, F. Nakazawa, H. Narita, K. Fujita, A. Sakai, M. Nakawo, Y. Fujii, K. Duan and T. Yao, A shallow ice core re-drilled on the Dunde Ice Cap, western China: recent changes in the Asian high mountains, *Environmental Research Letters*, 4, 2009, 045207, doi: 10.1088/1748-9326/4/4/045207.
40. Tanabe, Y., S. Ohtani, N. Kasamatsu, M. Fukuchi and S. Kudoh (2010). Photophysiological response of phytobenthic communities to the strong light and UV in Antarctic shallow lakes. *Polar Biology*, 33:85-100.
41. Uemura, R., Eugeni Barkan, Osamu Abe and Boaz Luz. (2010): Triple isotope composition of oxygen in atmospheric water vapor. *Geophysical Research Letters*, VOL. 37, L04402, doi:10.1029/2009GL041960, 2010.
42. Ueno, Takeshi, Osono, Takeshi. and Kanda, Hiroshi (2009). Inter- and intraspecific variations of the chemical properties of high-Arctic mosses along water-regime gradients, *Polar Science*, 3, 134-138.
43. Uetake, Jun, Shiro Kohshima, Fumio Nakazawa, Nozomu Takeuchi, Koji Fujita, Takayuki Miyake, Hideki Narita, Vladimir Aizen, Masayoshi Nakawo, Variations in psychrophilic yeast concentrations in an ice core from a Siberian Altai glacier. *Journal of Geophysical Research-Biogeoscience*, submitted.
44. Uetake, Jun, Takeshi Naganuma, Martin Bay Hebsgaard, Hiroshi Kanda, Shiro Kohshima, Communities of algae and cyanobacteria on glaciers in west Greenland. *Polar Science*, 4, 71-80, 2010.
45. Uchida, M., A. Kishimoto, H. Muraoka, T. Nakatsubo, H. Kanda & H. Koizumi (2009). Seasonal shift in factors controlling net ecosystem production in a high Arctic terrestrial ecosystem. *J. Plant Res.* 123, 79-85.
46. Ushida, K., Inoue, R., Segawa, T., Kohshima, S., Takeuchi, N., Fukui, K., Li, Z. & Kanda H. (2010). Application of real-time PCR array to the multiple detection of antibiotic-resistant genes in glacier ice samples. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 56, 43-52.
47. Yukimura, Kise, Ryosuke Nakai, Shiro Kohshima, Jun Uetake, Hiroshi Kanda and Takeshi Naganuma (2009). Spore-forming halophilic bacteria isolated from Arctic terrains: Implications for long-range transportation of microorganisms, *Polar Science*, 3(3). 163-169.
48. Yasui K, Tabata M, Yamada S, Abe T, Ikemura T, Osawa R, Suzuki T (2009) Intra-Species Diversity between Seven *Bifidobacterium adolescentis* Strains Identified by Genome-Wide Tiling Array Analysis. *Bioscience Biotechnology and Biochemistry* 73:1422-1424.

<会議録>

平成 18 年度

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。

平成 19 年度

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>

平成 18 年度

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, 辻谷次 (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.

平成 19 年度

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

平成 20 年度

1. 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道; “ゲノム配列情報からの効率的な知識発見のための情報学的手法の確立”, 日本化学会情報化学部会誌, 26, 20-22, 2008.
2. 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法による新規情報学的手法の開発”, 日本化学会情報化学部会誌, 26, 31-33, 2008.
3. 井口八郎, 小原康雄, 武藤あきら, 山田優子, 木ノ内誠, 前野聖, 金谷重彦, 池村淑道, 阿部貴志; “エキスパートがキュレートした tRNA データベース”, 日本化学会情報化学部会誌, 26, 11-16, 2008.

4. 池村淑道, 上原啓史, 棚橋佳世, 阿部貴志; “公的データベースからの有用遺伝子の発掘: 持続可能型社会への貢献遺伝子データベースの構築と世界最高水準スーパーコンピュータの利用”, 日本化学会情報化学部会誌, 26, 40-44, 2008.
5. 亀井綾美, 山岸明彦. 原核生物における細胞骨格の進化. 蛋白質核酸酵素 53, 1759-1764 (2008)
6. 山岸明彦. 生命の進化と古細菌. 蛋白質核酸酵素 54(2): 108-113 (2009)
7. 山岸明彦. 好酸性菌. 渡邊信他編集 微生物の辞典 p.682-685 朝倉書店 (2008)
8. 山岸明彦, 矢野創, 小林憲正, 横堀伸一, 橋本博文, 山下雅道. たんぱく: 宇宙ステーションでの微生物有機物捕獲, 曝露実験 Viva Origino, 37, in press (2008)

[研究ノート]

[その他]

<会議発表等>

[招待講演]

平成 18 年度

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.

平成 19 年度

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", 化学と物理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 activities 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: Oxygen-18 of water from Dome Fuji ice core, Antarctica: measurement and preliminary result. The 14th International Symposium on Polar Science, 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.

平成20年度

1. Kanda, H. Evolution of Arctic Ecosystems in a Warming, Arctic Science Summit Week (ASSW), Science Symposium, Bergen, Norway, 3/24-26, 2009.
2. 山岸明彦、横堀伸一、矢野創、奥平恭子、橋本博文、山下雅道、小林憲正、田端誠、河合秀幸。宇宙で生命の起原を探る: タンポポは飛ぶ。第49回大気環境学会年会、金沢, 9, 2008
3. 山岸明彦。深海・宇宙の微生物。第24回日本環境感染学会総会、横浜 2, 2009.
4. 山岸明彦。生命の初期進化: どこまでわかったか。生命科学研究所シンポジウム東京 3, 2009.

平成 21 年度

1. Goto-Azuma, K.: Interglacials in the ice core records. ESF-FWF Conference in Partnership with LFUI, “Mechanisms of quaternary climate change: stability of warm phases in the past and in the future”, 06 - 11 June 2009, Obergurgl, Austria.
2. Inoue Masakane. Symbiosis in lichens. Origin and Evolution of Environmental Adaptations. Symbiosis, Cells, Individuals, Populations and Societies, 総合研究大学院大学 交際セミナー. 2009.
3. 神田啓史. 極地とコケ植物, 第 38 回日本蘚苔類学会埼玉大会、2009.8.18, 熊谷、立正大学
4. Kawamura, K., S. Aoki and T. Nakazawa: Accurate chronology of the Dome Fuji ice core based on O₂/N₂ ratio of trapped air. PAGES 3rd Open Science Meeting, Corvallis, OR, USA, 8-11 July 2009
5. Kawamura, K., and the Dome Fuji Ice Core Project Members: Millennial-scale Southern Hemisphere Climatic Variability During the Last Seven Glacial Periods and its Relation to Northern Hemisphere Climate. AGU Chapman Conference on Abrupt Climate Change, Columbus, OH, USA, June 15-19, 2009.
6. 川村賢二: 極域氷床コアによる地球規模の環境変動解析. 東京大学海洋研究所共同利用研究集会、東京、10月7日、2009.
7. 川村賢二、菊地佑斗、青木周司、中澤高清:南極ドームふじ氷床コアの 2680m 以深の気体解析結果と O₂/N₂ による年代決定、日本地球惑星科学連合大会、幕張メッセ国際会議場、千葉、5月16-21日、2009.
8. 加藤真悟、太古の海底熱水環境と初期微生物生態系—室内実験によるアプローチ、第 35 回生命の起源および進化学会学術講演会、2010/3、函館.
9. 加藤真悟、柳川勝紀、砂村倫成、高野淑識、石橋純一郎、掛川武、内海真生、山中寿朗、土岐知弘、野口拓郎、木村浩之、丸茂克美、浦辺徹郎、山岸明彦、乗船研究員一同、海洋地殻内流体中の *Zetaproteobacteria* とその重要性、2009 年度日本地球化学会年会、2009/9、広島.
10. 山岸明彦、古細菌 *Thermoplasma acidophilum* の Actin ホモログについて、JST-CNRS 合同「マリーングゲノム・バイオ分野」セミナー2009 “新規ウイルス様膜小胞体の発見と超好熱性古細菌での機能解明に向けて”、2009/10、つくば.

[一般講演]

平成 17 年度

1. Abe Takashi, Ikemura Toshimichi, Kozuki Tokio, Nakagawa Satoshi, Kinouchi Makoto, Shigehiko Shigehiko Kanaya and Sugawara Hideaki, “A novel bioinformatics approach for phylogenetics analyses of environmental and clinical samples on the basis of Self-Organizing Map (SOM)”, Human Genome Meeting 2005 (Kyoto, Japan), April 2005.
2. Abe Takashi, Ikemura, Toshimichi Kanaya Shigehiko, Kinouchi Makoto, Sugawara Hideaki: A novel bioinformatics strategy for phylogenetic study of genomic sequence fragments, Self-Organizing Map (SOM) of oligonucleotide frequencies. Workshop 2005 on Self-Organizing Maps (Paris, France), Sept., 2005.
3. Abe Takashi, Sugawara Hideaki, Kinouchi Makoto, Kanaya Shigehiko, Matsuura Yasaburo, Heizo Tokutaka, and Ikemura Toshimichi: A large-scale Self-Organizing Map (SOM) constructed with the Earth Simulator unveils sequence characteristics of a wide range of eukaryotic genomes. Workshop 2005 on Self-Organizing Maps (Paris, France), Sept., 2005
4. Abe Takashi, Sugawara Hideaki, and Ikemura Toshimichi: Phylogenetic classification of environmental and clinical samples without orthologous sequence sets and sequence alignment on

- the basis of Self-Organizing Map (SOM). 2006 Sokendai International Symposium (Hayama, Japan), Jan., 2006.
5. 阿部貴志, 池村淑道, 金谷重彦, 木ノ内誠, 菅原秀明, “自己組織化地図法(Self-Organizing Map)に基づいた環境由来 DNA 配列からの微生物多様性解明”, 日本微生物資源学会第 12 回大会(かずさ), 2005 年 6 月.
 6. 阿部貴志, 池村淑道, 木ノ内誠, 金谷重彦, 菅原秀明, ”環境由来 DNA 配列を用いた自己組織化地図法(Self-Organizing Map)による培養困難な微生物群の系統推定手法の開発”, 第 28 回日本分子生物学会年会(博多), 2005 年 12 月.
 7. 阿部貴志, 池村淑道, 田中尚人, 金谷重彦, 木ノ内誠, 菅原秀明, ”環境由来 DNA 配列を用いた自己組織化地図法(Self-Organizing Map: SOM)による微生物群集比較”, 第 8 回微生物ゲノム研究のフロンティア(かずさ) 2006 年 3 月
 8. Hua P, Naganuma T, Imura S & Kanda H (2006) Euryhaline halophiles in a saline lake near Syowa Station, Antarctica. International Conference on Alpine and Polar Microbiology, 27-31 March 2006, Innsbruck, Austria.
 9. Kato Singo, Ishibashi J., Sunamura M, Utsumi M., Kakegawa T., Kawarabayashi Y., Chiura, H. Marumo K., Urabe T. and Yamagishi A.: Microbial community in the hydrothermal systems at south Mariana Trough. International Symposium on Extremophiles and Their Applications. 2005. 11.29-12.2 (Tokyo)
 10. 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, 浦辺徹朗, 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, 2006 年 2 月 23-24 日, (横浜)
 11. 加藤真悟, 内海真生, 河原林裕, 千浦博, 石橋純一郎, 丸茂克美, 浦辺徹郎, 山岸明彦. 千葉南部マリアナトラフにおける海底熱水系微生物相の解析. 地球惑星科学関連学会 2005 年合同大会. 2005 年 5 月 22-26 日, (千葉).
 12. 加藤真悟, 石橋純一郎, 砂村倫成, 内海真生, 河原林裕, 千浦博, 丸茂克美, 浦辺徹郎, 小林智織, 加藤真悟, 掛川武, 佐藤誠悟, 益田晴恵, 丸茂克美, 浦辺徹朗, 山岸明彦. 南部マリアナトラフにおける熱水生堆積物の微生物相の解析. ブルーアース'06, 2006 年 2 月 23-24 日, (横浜).
 13. Kohshima S., Y.Yoshimura, N.Takeuchi, T. Segawa and J. Uetake, Characteristics of Glacier Ecosystems and Glaciological Importance of Glacier Microorganisms, International Conference on Alpine and Polar Microbiology at Innsbruck, Austria, 27-31 March, 2006.
 14. Naganuma T & Wilmotte A (2006) Microbiological and ecological responses to global environmental changes in Polar regions (MERGE): An international polar year (IPY) activity. The 13th International Symposium on Polar Sciences, 9-11 May 2006, Incheon, Korea.
 15. 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, 24-26 April 2006, Grenoble, France.
 16. Naganuma T, Ban S & Imura S (2005) Euryhaline halophiles from the meromictic lake, Suribati Ike, Antarctica. The 28th Symposium on Polar Biology, 8-9 December 2004, National Institute of Polar Research, Tokyo, Japan.
 17. Nishikawa Y, Naganuma T, Imura S & Kanda H (2005) Peptide D-amino acids in microorganisms isolated from Antarctic lacustrine samples. The 28th Symposium on Polar Biology, 8-9 December

2005, National Institute of Polar Research, Tokyo, Japan.

18. Segawa, T., Takeuchi, N. and Kohshima S., Altitudinal change in bacterial flora on the Gulkana Glacier, Alaska, analyzed by 16S rRNA gene. International Conference on Alpine and Polar Microbiology at Innsbruck, Austria, 27-31, March, 2006.
19. Segawa, T., Takeuchi, N. and Kohshima S., Altitudinal change in bacterial flora on the Gulkana Glacier, Alaska, analyzed by 16S rRNA gene. International Glaciological Society, Symposium on High-Elevation Glaciers and Climate Records, Lanzhou, China, 5-9 September 2005.
20. Takeuchi, N., Uetake, J., Fujita, K., Aizen, V., and Nikitin, S., A snow algal community on the Akkem Glacier in the Altai Mountains, Russia, International Glaciological Society, International Symposium on High-Elevation Glaciers and Climate Records, Lanzhou, China, 5-9 September 2005.
21. 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.
22. Uetake J., S.Kohshima, F.Nakazawa, N Takeuchi, K Fujita, Y.Fujii, M Nakawo, Biological ice core analysis in the Belukha Glacier, Altai mountains, Russia, International Conference on Alpine and Polar Microbiology at Innsbruck, Austria, 27-31 March, 2006.
23. Uetake J., S.Kohshima, F.Nakazawa, N Takeuchi, K Fujita, Y.Fujii, M Nakawo, Biological ice core analysis in the Belukha Glacier, Altai mountains, Russia, International Glaciological Society, Symposium on High-Elevation Glaciers and Climate Records, Lanzhou, China, 5-9 September 2005.
24. 山岸明彦。南部マリアナトフにおける海底 熱水系地下圏の微生物。第 28 回日本分子生物学会年会、2005 年 12 月 7-10 日、(福岡)
25. Yamagishi, A. (Invited Lecture) Extermophiles: The keys to astrobiology. PACIFICHEM2005(2005 環太平洋国際化学会議), 2005, 12.15-20, Hawaii, USA
26. Yoshimura, Y., Kohshima, S., Takeuchi, N., Seko, K. and Fujita, K., Snow algae in a Himalayan ice core: new environmental markers for ice core analyses and their correlation with summer mass balance. International Glaciological Society, Symposium on High-Elevation Glaciers and Climate Records, Lanzhou, China, 5-9 S September 2005.

平成 18 年度

1. Akanuma, S. and Yamagishi, A.. Identification and characterization of key substructures involved in the early folding events of a (β/α)₈ 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. Horiuchi, Kazuho, Tomoko Uchida, Yuko Sakamoto, Aoi Ohta, Hiroyuki Matsuzaki, Yasuyuki Shibata, and Hideaki Motoyama : ^{10}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.
8. 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
9. 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.
10. 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.
11. 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.
12. 小林悟志・神田啓史・藤山秋佐夫.南極蘚苔類における 3D 映像の研究開発. 第 29 回極域生物ンポジウム.(国立極地研究所 2006, 11)
13. 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
14. 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.
15. 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.
16. Narayan, R., Nemoto, N. and Yamagishi, A.. Cloning, expression, purification, and characterization

- of digeranylgeranyl glyceryl 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.
17. 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.
 18. 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).
 19. 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 ³⁶Cl 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.
 20. 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.
 21. 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.
 22. 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.
 23. Shimizu, H., Yokobori, S., Ohkuri, T., Yokogawa, T., Nishikawa, K. and Yamagishi, A.. Hyper thermophilic 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.
 24. 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.
 25. 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.
 26. 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.
 27. 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.
 28. Yamagishi, A.. TANPOPO: Astrobiology exposure and micrometeoroid capture experiments on the EUSO. International Symposium on Astronomy and Astrophysics of Extreme Universe. 2007/3,

Wako.

29. 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).
30. 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Cl-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.
31. 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.
32. 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.
33. 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.
34. 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.
35. 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.
36. 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.
37. 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
38. 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⁺濃度と南極海の海氷面積. 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.
39. 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.
40. 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.
41. 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.
42. 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.
43. 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
44. 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. 南部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.
45. 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.

46. 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
47. 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
48. 木村光夫、渡辺敬子、清水秀明、横堀伸一、山岸明彦. 真正細菌全祖先型及び古細菌全祖先型ヌクレオシ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.
49. 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.
50. 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.
51. 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.
52. 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.
53. 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.
54. 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.
55. 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
56. 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長時間分解分析. 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.
57. 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.
58. 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
59. 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.
60. 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.
61. 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.
62. 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.
63. 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.
64. 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.

65. 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.
66. 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.
67. 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.
68. 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.
69. 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.
70. 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 .
71. 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.
72. 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.
73. 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.
74. 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.
75. 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.
76. 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.
77. 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.
78. 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.
79. 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ローラ. 日本地球惑星科学連 2006 年大会、2006/5、東京.
80. 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.
81. 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.
82. 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.
83. 薮下さやか、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.

84. 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.
85. 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.

平成 19 年度

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).
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).
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, 200 年 12 月 (横浜).
4. 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.
5. 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.
6. Goto-Azuma, K., 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.
7. Goto-Azuma, K., 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.
8. 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.
9. 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.
10. 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.
11. 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.
12. 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.

13. 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.
14. Horiuchi, K., A. Ohta, T. Uchida, H. Matsuzaki, Y. Shibata, H. Motoyama(2007): Concentration of ^{10}Be 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..
15. 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
16. 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
17. 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.*
18. 小林悟志・神田啓史・藤山秋佐夫. 南極産蘚苔類における 3D 化の研究開発 II. 第 30 回極域生物ンポジウム.(国立極地研究所 2007, 11).
19. 小林悟志. 大隅半島稲尾岳におけるシイ類の垂直分布について. 第 12 回植生学会. (岡山市, 2007. 10) .
20. 小林悟志. 稲尾岳周辺におけるツブラジイとスタジイおよび雑種の垂直分布. 第 71 回日本植物学会 (野田, 2007.9)
21. 小林悟志・神田啓史・藤山秋佐夫. 極域蘚苔類の 3D データベース統合. 情報とシステム 2007. 利用者のためのライフサイエンスデータベース-その現状と将来. (国立情報学研究所 2007, 2)
22. 小林悟志. 南九州におけるシイ類の垂直分布について. 第 55 回日本生態学会. (福岡, 2008).
23. 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、谷口文晃、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)
24. 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.*
25. 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.
26. 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*
27. V. Masson-Delmotte, 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).*

28. 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.
29. 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.
30. 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.
31. 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.
32. 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、渡邊興亞：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.
33. 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.
34. 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、渡邊興亞：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.
35. 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.
36. Motoyama, Hideaki and Dome Fuji ice core project members (Ice Core Consortium)：A New 3035.22m Deep Ice3 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.
37. 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.
38. 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.
39. 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.
40. 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.
41. Naganuma T & Wilmotte 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.

42. 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, 1, p. 322-323.
43. 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
44. 中井亮佑・長沼毅・鹿児島浩・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.
45. 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. アルタイ山脈バ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
46. 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.
47. 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.
48. 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.
49. 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.
50. 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,
51. 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.
52. 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.
53. 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.
54. 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
55. 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.
56. 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.
57. 富山隆將、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.
58. 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.

59. 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.
60. Uemura, Ryu, Hideaki Motoyama, Shuji Fujita, Makoto Igarashi, Takayuki Miyake, Motohiro Hirabayashi, Kumiko Goto-Azuma and Dome Fuji ice core project members : Oxygen-18 of water from Dome Fuji ice core, Antarctica: measurement and preliminary result. The 14th International Symposium on Polar Science, KOPRI, Incheon, Korea, 15-17 May, 2007.
61. 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.
62. 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
63. 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
64. 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
65. 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).
66. Yokobori, S. & E. Hirose. Molecular phylogeny of *Trididemnum* species (Didemnidae: Ascidiacea) hosting *Prochloron*, non-*Prochloron* cyanophytes, and no photosymbionts. PSC21, Ginowan, Okinawa, Japan (2007/6)
67. Yokobori, S. Molecular Phylogeny of Urochordata (Tunicata) inferred from 18S rRNA genes and mitochondrial genomes. The 4th International Tunicate Meeting. Villefranche-sur-Mer, France. (2007/6).
68. 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).
69. 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.
70. 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・モチョ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

平成 20 年度

1. Abe Takashi, Shigehiko Kanaya, Hiroshi Uehara, Toshimichi Ikemura, "A novel bioinformatics

- strategy for prediction of functions of a massive amount of poorly-characterized protein genes obtained by metagenome studies", XX International Congress of Genetics, Berlin, 2008.
2. 阿部貴志, 池村淑道, 小原康雄, 武藤あきら, 山田優子, 上原啓史, 木ノ内 誠, 金谷重彦, 井口八郎, "エキスパートがキュレートした tRNA データベース", 日本遺伝学会第 80 回大会, 2008.
 3. 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, "一括学習型自己組織化地図法 (Batch Learning Self-Organizing Map: SOM) による環境微生物ゲノム群集の解明", 日本遺伝学会第 80 回大会, 2008.
 4. 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道, "一括学習型自己組織化地図法(Batch Learning Self-Organizing Map: BLSOM)による環境微生物ゲノム由来断片配列からの知識発見", 日本 分子生物学会 2008 年度大会, 2008.
 5. 阿瀬貴博, 横山祐典, 堀内一穂, 松崎浩之, 植村立, 本山秀明 : Laschamp geomagnetic excursion found at 41 kyr BP as a Be-10 peak in the Dome Fuji ice core, Antarctica. 日本地球惑星科学連合 2008 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5/25-30, 2008.
 6. 麻生祐司, 高橋哲也, 山本達之, 大谷修司, 神田啓史, 伊村智, 工藤栄南極に生息する動植物からの好冷性乳酸菌の分離と機能解析第 31 回極域生物シンポジウム, 12/4,2008.
 7. 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) : 南極氷床から復元された過去数十万年の気候・環境変動. 日本地球惑星科学連合 2008 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5/25-30, 2008.
 8. 東久美子, 平林幹啓, 三宅隆之, 植村立, 倉元隆之, 本山秀明, 五十嵐誠, 飯塚芳徳, 鈴木啓助, 鈴木利孝, 藤田耕史, 堀川信一郎, 河野美香, 藤井理行, 川村賢二, 青木周司, 中澤高清 : ドームふじにおける過去 72 万年間のオービタル・スケール及び千年スケールのエアロゾル変動. 第 31 回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム, 国立極地研究所, 12/2-5, 2008.
 9. 東久美子: 南極と北極の氷に記録された過去の気候・環境変動の解説. 気候講演会 (気象庁主催), 新潟市民プラザホール, 8/27,2008.
 10. Baba T., K. Yanagihara, H. Niki. Conservation of essential genes among psychrophilic bacteria genomes, SCAR/IASC IPY Open Science Conference, Saint Petersburg, Russia, 7,2008.
 11. 馬場知哉, 柳原克彦, 仁木宏典. 様々な環境に生息する gamma-Proteobacteria におけるゲノムのコア構造 第 31 回日本分子生物学会年会, 神戸 12,2008.
 12. Goto-Azuma Kumiko and Members of the Dome Fuji Ice Core Research Group: Millennial-scale climate variability in East Antarctica during the past 720,000 years. Polar Research - Arctic and Antarctic Perspectives in the International Polar Year. St. Petersburg, Russia. 7/8-11,2008.
 13. Goto-Azuma. K., Hirabayashi, M., Miyake, T., Uemura, R., Kuramoto, T., Motoyama, H., Igarashi, M., Iizuka, Y., Suzuki, K., Suzuki, T., Fujita, K., Horikawa, S., Kohno, M., Fujii, Y., Kawamura, K., Aoki, S. and Fujita, Shuji, Junichi Okuyama, Akira Hori, Takeo Hondoh : Metamorphism of stratified firn at Dome Fuji, Antarctica: A mechanism for local insolation modulation of gas diffusion during bubble close-off. EPICA open science conference, Venice, Italy, 11/10-13,2008.
 14. Goto-Azuma Kumiko and Members of the Dome Fuji Ice Core Research Group: Millennial-scale climate variability during the past 720,000 years recorded in the Dome Fuji ice core. General Assembly of the European Geosciences Union, Vienna, Austria. 4/13-18,2008.
 15. Hashida, C., Hashimoto, H., Hidaka, T., Kawasaki, Y., Kishimoto, M., Kobayashi, K., Mita, H., Miyakawa, A., Naganawa, K., Ogawa, M. Satoh, S., Suzuki, A., Takahashi, J., Takano, Y., Tsuji, T, Wakana, I., Yamada, K., Yabuta, H., Yoshimura, Y. (2008) Evolution and adaptation of living in the extreme environments 2. bacteria and microorganisms. XXXI Symposium on Polar Biology, Tokyo,

12,2008.

16. 平林幹啓, 本山秀明, 中井俊一, 宇田川弘勝, 田中敦: 南極ドームふじ近傍表面積雪の Sr-Nd 同位体分析. 2008 年雪氷研究大会, (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 東京大学本郷キャンパス, 9/24-27, 2008.
17. 飯田隆之, 吉村義隆, 河野均, 辻堯, 大友俊允 (2009). 氷雪極限環境微生物のマイクロマニピュレーション法による分離とその Single-Cell PCR(SCP)による同定. 日本農芸化学会福岡, 3, 2009.
18. 五十嵐誠, 望月優子, 高橋和也, 中井陽一, 本山秀明: 火山噴火記録から推定した南極ドームふじコアの堆積年代. 1260AD~現在. 日本地球惑星科学連合 2008 年大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5/25-30, 2008.
19. 五十嵐誠, 中井陽一, 望月優子, 高橋和也, 本山秀明, 牧島一夫: 火山噴火記録から推定した南極ドームふじ浅層コアの堆積年代-1260AD~現在-. 2008 年雪氷研究大会, (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 東京大学本郷キャンパス, 9/24-27, 2008.
20. 伊村智, 杉山慎, 福井幸太郎. 南極氷床を巡る新規生物圏探査計画, 第 31 回極域生物シンポジウム, 12/4, 2008.
21. 井上源喜, 森山貴代, 田澤知子, 竹村哲雄, 瀬戸浩二, 渡邊隆広, 中村俊夫, 伊村智, 神田啓史. 南極スカーレン大池の湖底堆積物コアの有機成分による昭和基地周辺の環境変動の推定, 第 31 回極域生物シンポジウム 12/4, 2008.
22. 井上正鉄. ラングホブデ雪鳥沢における地衣類群落, 第 31 回極域生物シンポジウム 2008,12,4
23. 亀井綾美, 原太志, 横堀伸一, 山岸明彦. 好熱好酸性古細菌 *Thermoplasma acidophilum* 由来 TaFtsZ1 の性質. 第 21 回日本 Archaea 研究会講演会, 那覇, 7, 2008.
24. 岩野耕助, 山本達之, 高橋哲也, 麻生祐司, 大谷修司, 神田啓史, 伊村智, 工藤栄, 入江伸吉, 服部俊治, 田中啓友 2 次元培養および再構成皮膚中のヒト皮膚線維芽細胞への紫外線照射の影響第 31 回極域生物シンポジウム, 12/4, 2008.
25. Kaneko, R., K. Seto, and H. Kanda, Diversity and distribution of prokaryotes in sediments from a hypersaline Antarctic lake, 日本地球惑星科学連合, 5,2008.
26. Kaneko, R., K. Seto, S. Imura, and H. Kanda, Diversity and distribution of prokaryotes in sediments from a hypersaline Antarctic lake, The International Conference on Polar and Alpine Microbiology, 5, Banff, Canada, 2008,
27. 金子亮, 神田啓史, 南極におけるアンモニア酸化酵素遺伝子の多様性と分布, 第 24 回日本微生物生態学会, 11,2008.
28. 金子亮, 伊村智, 神田啓史. 南極すりばち池堆積物におけるアンモニア酸化酵素遺伝子の系統学的多様性, 第 31 回極域生物シンポジウム 12/4, 2008.
29. 加藤真悟, 柳川勝紀, 砂村倫成, 石橋純一郎, 掛川武, 益田晴恵, 浦辺徹郎, 山岸明彦. 南部マリアナトラフ海底熱水噴出地帯における微生物相. 日本地球惑星科学連合 2008 年大会, 幕張, 5,2008.
30. 加藤真悟, 大場裕紀, 小林智織, 井上和彦, 横堀伸一, 山岸明彦. 海底熱水噴出地帯における古細菌の多様性. 第 21 回日本 Archaea 研究会講演会, 那覇, 7,2008.
31. 加藤真悟, 小林智織, 掛川武, 佐藤誠悟, 益田晴恵, 浦辺徹郎, 横堀伸一, 山岸明彦, YK05-09 航海乗船者一同. 南部マリアナトラフにおける熱水性堆積物中の微生物相. ブルーアース'08 しんかいシンポジウム, 横浜, 2,2009.
32. 河口優子, 横堀伸一, 吉村義隆, 辻堯, Yang Yinjie, 藤崎健太, 小林憲正, 橋本博文, 河合秀幸, 三田肇, 鳴海一成, 奥平恭子, 田端誠, 山下雅道, 矢野創, 山岸明彦. 有機物・微生物の宇宙曝露と宇宙塵・微生物の捕集実験(たんぼぼ): 宇宙での微生物捕集法の検討. 第 34 回生命の起原および進化学会学術講演会, 大阪, 3,2009.

33. 金城健太、赤沼哲史、玉腰雅忠、田之倉優、山岸明彦. 超好熱菌由来の他基質アミノトランスフェラーゼ、第 31 回日本分子生物学会年会・第 81 回日本生化学会大会合同大会(BMB2008)、神戸, 12,2008.
34. 小林憲正、伏見英彦、藤崎健太、谷内俊範、金子竹男、三田肇、山岸明彦、たんぼぼ WG. 惑星間塵中の有機物と生命の起源：国際宇宙ステーション曝露部での捕集計画. 日本惑星科学会秋季講演会、福岡, 11, 2008.
35. 小林悟志、神田啓史、藤山秋佐夫. 極地蘚類における 3D 画像解析と全ゲノム計画, 第 31 回極域生物シンポジウム 12/4, 2008.
36. 小林悟志、薦田多恵子、荒木次郎、谷口丈晃、伊藤武彦、隈啓一、藤山秋佐夫、Web サイトジャビオン (Jabion) におけるゲノムビューアーの特色. 第 80 回日本遺伝学会、名古屋, 9, 2008.
37. 小林悟志・神田啓史・藤山秋佐夫. 南極昭和基地周辺に分布する蘚類の 3D 画像化. 第 72 回日本植物学会、高知, 9, 2008.
38. 小林悟志. シイ林における天然林と社寺林および都市公園の現状. 第 56 回日本生態学会 (盛岡 2009,3)
39. 小林悟志. 島嶼に分布するシイ類個体群における北限 (佐渡島) と南限 (屋久島) の違い. 第 13 回植生学会. (東京, 2008. 10)
40. 小林悟志・神田啓史・藤山秋佐夫. 南極昭和基地周辺に分布する蘚類の 3D 画像化. 第 72 回日本植物学会 (高知, 2008.9)
41. Kohshima S, Uetake J, Segawa T, Naganuma T, Hebsgaard M, Kanda K. (2008) Microbial flora of glaciers in West Greenland. XXXI Symposium on Polar Biology, Tokyo, 12, 2008.
42. 工藤栄、田邊優貴子. 南極湖沼での長期連続観測から見てきた湖沼環境の変動性, 第 31 回極域生物シンポジウム, 12/4, 2008.
43. 倉元隆之、平林幹啓、本山秀明：南極沿岸域からドームふじ基地ルート上における表面積雪の化学特性. 2008 年雪氷研究大会, (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 東京大学本郷キャンパス, 9/24-27, 2008.
44. Mita, H., Hashida, C., Hashimoto, H., Hidaka, T., Kawasaki, Y., Kishimoto, M., Kobayashi, K., Miyakawa, A., Naganawa, K., Ogawa, M. Satoh, S., Suzuki, A., Takahashi, J., Takano, Y., Tsuji, T, Wakana, I., Yamada, K., Yabuta, H., Yoshimura, Y. (2008) Evolution and adaptation of living in the extreme environments 1. Organic condition. XXXI Symposium on Polar Biology, Tokyo, 12, 2008.
45. Miyake Takayuki, Yoshiyuki Fujii, Motohiro Hirabayashi, Ryu Uemura, akayuki Kuramoto, Kumiko Goto-Azuma, Hideaki Motoyama, Yoshinori Iizuka, Makoto Igarashi, Mika Kohno, Keisuke Suzuki, Toshitaka Suzuki, Koji Fujita, Shinichiro Horikawa : A 720-kyear record of dust variability from the Dome Fuji ice core, Antarctica. American Geophysical Union 2008 Fall Meeting, San Francisco, 12/15-19, 2008.
46. 三宅隆之、藤井理行、平林幹啓、植村立、倉元隆之、東久美子、本山秀明、飯塚芳徳、五十嵐誠、河野美香、鈴木啓助、鈴木利孝、藤田耕史、堀川信一郎：南極ドームふじにおける過去 72 万年のダスト変動. 第 31 回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム, 国立極地研究所, 国立極地研究所, 12/2-5, 2008.
47. 三宅隆之、飯塚芳徳、蓼沼拓也、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. 日本地球惑星科学連合 2008 年大会, 幕張メッセ国際会議場、千葉, 5 月 25-30 日, 2008.
48. 三宅隆之、飯塚芳徳、佐野清文、蓼沼拓也、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・その 2—異なる気候ステージでの比較—. 2008 年雪氷研究大会, (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 東京大学本郷キャンパス, 9/24-27, 2008.
49. 望月優子、牧島一夫、高橋和也、中井陽一、五十嵐誠、馬場彩、本山秀明、鈴木啓助、今村隆史、秋吉英治：南極氷床—超新星・太陽周期探索プロジェクト. 第 2 回学術会議シンポジウム「天文学・宇宙

物理学の展望—長期計画の策定へ向けて」、東京大学本郷キャンパス小柴ホール、5/31-6/1, 2008.

50. Motoyama, Hideaki, Ryu Uemura, Motohiro Hirabayashi, Takayuki Miyake, Takayuki Kuramoto, Yoichi Tanaka, Dome Fuji Ice Core Project Members : Characteristics of basal ice and subglacial water at Dome Fuji, Antarctica ice sheet. 2008 AGU Fall Meeting, San Francisco, 12/15-19, 2008.
51. Motoyama, Hideaki, Ryu Uemura, Motohiro Hirabayashi, Takayuki Miyake, Takayuki Kuramoto, Yoichi Tanaka, Dome Fuji Ice Core Project Members : Characteristics of basal ice and chemical constituents at Dome Fuji, Antarctica ice sheet. EPICA open science conference, Venice, Italy, 11/10-13,2008.
52. Motoyama, Hideaki and Dome Fuji ice core project members : A 3035m deep ice core at Dome Fuji, Antarctica and the state of basal ice sheet. Polar Research - Arctic and Antarctic Perspectives in the International Polar Year , St. Petersburg, Russia, 7/8-11, 2008.
53. Motoyama, Hideaki and Dome Fuji ice core project members: A 3035m deep ice core at Dome Fuji, Antarctica and the global environmental change during the past 720,000 years. AOGS2008, Busan, Korea, 6/16-20,2008.
54. 本山秀明、植村立、平林幹啓、三宅隆之、倉元隆之、田中洋一、ドームふじ氷床コア研究グループ(ICC) : 南極ドームふじにおける氷床深部の状態と底面融解. 第 31 回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム, 国立極地研究所, 12/2-5, 2008.
55. 本山秀明、植村立、平林幹啓、三宅隆之、田中洋一、ドームふじ氷床コア研究グループ : 南極ドームふじにおける氷床底面付近の状態. 2008 年雪氷研究大会, (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 東京大学本郷キャンパス, 9/24-27, 2008.
56. 本山秀明: 南極ドームふじ基地における氷床深層掘削 3035m と過去 72 万年間の地球環境変動. 日本地球惑星科学連合 2008 年大会, 幕張メッセ国際会議場、千葉, 5/25-30, 2008.
57. Nakai Ryosuke, Takeshi Naganuma, Hiroshi Kagoshima, Hironori Niki, Yuji Kohara, Satoshi Imura, Hiroshi Kanda, Katsuhiko Yanagihara, Tomoya Baba, Takashi Abe, Takanori Narita “16S rRNA-based analysis of microflora from an Antarctic moss pillar” International Conference on Polar and Alpine Microbiology, Banff, Canada 5,2008.
58. Nakai,Ryosuke Takeshi Naganuma, Hiroshi Kagoshima, Hironori Niki, Yuji Kohara, Satoshi Imura, Hiroshi Kanda, Katsuhiko Yanagihara, Tomoya Baba, Takashi Abe, Takanori Narita “Bacterial diversity of an Antarctic moss pillar” International Conference on Polar and Alpine Microbiology, Banff, Canada, 5,2008.
59. Nakai Ryosuke, Takeshi Naganuma, Hiroshi Kagoshima, Hironori Niki, Yuji Kohara, Satoshi Imura, Hiroshi Kanda, Katsuhiko Yanagihara, Tomoya Baba, Takashi Abe, Takanori Narita “18S rRNA-based analysis of microflora from an Antarctic moss pillar” SCAR-IASC Open Science Conference, St. Petersburg, Russia, 7, 2008.
60. Nakai, R., Yukimura, K., Naganuma, T., Kohshima, S., Uetake, J., Kanda, H., Spore-forming halophilic bacteria isolated from Arctic terrain: Implication for tropospheric transportation of microorganisms, Arctic Science Summit Week 2009, Bergen, Norway, 3,2009.
61. 中井亮佑、長沼毅、鹿児島浩、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. 南極コケ坊主におけるシアノバクテリア・プロテオバクテリアの炭酸固定酵素 (RuBisCO) 遺伝子の多様性, 第 31 回極域生物シンポジウム 12/4, 2008,
62. 中澤文男、植竹淳、神田啓史. 南極雪試料中の花粉一粒ずつを対象とした DNA 分析, 31 回極域生物シンポジウム 12/3, 2008.

63. Nakazawa, T. : Orbital and millennial-scale variability of sea-salt, dust and non-sea-salt sulfate aerosols during the past 720,000 years reconstructed at Dome Fuji, East Antarctica. EPICA open science conference, Venice, Italy, 11/10-13, 2008.
64. 大谷修司、大塚泰介、井上源喜、瀬戸浩二南極スカーレン大池の湖底堆積物コア中の珪藻による昭和基地周辺の環境変動の推定日本藻類学会第33回大会、琉球大学、3/27,2009.
65. 大谷修司、大塚泰介、井上源喜、瀬戸浩二. 南極スカーレン大池の湖底堆積物コア中の珪藻による昭和基地周辺の環境変動の推定, 第31回極域生物シンポジウム、12/4, 2008.
66. 神門利之、大谷修司、崎幸子、石飛裕宥道湖で発生したカビ臭について第43回日本水環境学会 山口大学吉田キャンパス、3/17, 2009.
67. Saigusa, Y.C. Y. Chikaraishi, Y. Takano, H. Kitazato, N. Ohkouchi. Site-specific $^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$ analysis of alanine by NMR. 4th International Symposium on Isotopomers (ISI). Tokyo, 9, 2008.
68. Sasa, Kimikazu, Yuki Matsushi, Yuki Tosaki, Michiko Tamari, Tsutomu Takahashi, Keisuke Sueki, Shozo Mihara, Toshiyuki Oki, Yasuo Nagashima, Hiroshi Matsumura, Norikazu Kinoshita, Kotaro Bessho, Kazuho Horiuchi, Hiroyuki Matsuzaki, Yasuyuki Shibata, Motohiro Hirabayashi and Hideaki Motoyama : Cosmogenic nuclide ^{36}Cl measurements in the Dome Fuji ice core, Antarctica. The 11th International Conference on Accelerator Mass Spectrometry, Rome, Italy, 9/14-19,2008.
69. 笹公和、松四雄騎、高橋努、戸崎裕貴、玉理美智子、末木啓介、長島泰夫、松村宏、松崎浩之、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} : 古環境復元指標としての可能性 Cosmogenic Cl-^{36} in the Dome Fuji ice core, Antarctica: a potential tool for the reconstruction of global environmental change. 日本地球惑星科学連合2008年大会, 幕張メッセ国際会議場、千葉、5/25-30, 2008.
70. 佐藤弘康、鈴木利孝、飯塚芳徳、平林幹啓、本山秀明、藤井理行: ドームふじ氷コアに記録された間氷期における鉄濃縮と CO_2 濃度の関係. 2008年雪氷研究大会, (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 東京大学本郷キャンパス, 9/24-27, 2008.
71. 佐藤弘康、鈴木利孝、飯塚芳徳、平林幹啓、本山秀明、藤井理行 : ドームふじ氷コアに記録された金属異常濃縮と CO_2 濃度の関係. 第31回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム, 国立極地研究所, 国立極地研究所, 2008.
72. 佐藤弘康、油井紗瑛子、鈴木利孝、平林幹啓、藤井理行 : ドームふじ氷床コアから得た鉱物・海塩エアロゾルフラックスが示す気候変. 日本地球惑星科学連合2008年大会, 幕張メッセ国際会議場、千葉、5/25-30, 2008.
73. 瀬川高広. 『南極氷床中に含まれる微生物解析』地球惑星科学連合大会 5,2008.
74. Segawa Takahiro. Microbial analysis of subglacial samples drilling at Dome Fuji, Antarctica, SCAR-IASC Open Science Conference, St. Petersburg, Russia. 7,2008.
75. Segawa Takahiro. Microbial analysis of subglacial samples drilling at Dome Fuji, Antarctica, XXXI Symposium on Polar Biology, Tokyo, Japan, 12, 2008.
76. Segawa Takahiro. Microbial analysis of subglacial samples drilling at Dome Fuji, Antarctica, SCAR-IASC Open Science Conference, 2008, 7, St. Petersburg, Russia,
77. Segawa.Takahiro Altitudinal change in bacterial and cyanobacterial flora on the No.1 Glacier, China, analyzed by 16S rRNA gene. International Conference on Polar and Alpine Microbiology, Banff, Canada, 5, 2008.
78. 瀬川高弘、植竹淳、アンドレ・リベラ、本山秀明、神田啓史. 南極氷床表面、および氷床底の微生物解析, 第31回極域生物シンポジウム, 12/3,2008.

79. Suzuki, Toshitaka, Hironori Sato, Saeko Yui, Motohiro Hirabayashi and Yoshiyuki Fujii :Mineral dust fluxes over the last 340kyr derived from the Dome Fuji ice core. Goldschmidt 2008, Vancouver, 7/13-18, 2008.
80. Segawa.Takahiro Altitudinal change in bacterial and cyanobacterial flora on the No.1 Glacier, China, analyzed by 16S rRNA gene. International Conference on Polar and Alpine Microbiology, Banff, Canada 5, 2008.
81. 高橋哲也, 麻生祐司, 山本達之, 大谷修司, 近藤哲男, 笠井稚子, 神田啓史, 伊村智, 工藤栄.南極由来の動植物を分離源とした好冷性微生物の培養第 31 回極域生物シンポジウム, 12/4. 2008.
82. Takano Yoshinori, Fumio Inagaki, Yuki Morono, Nanako O. Ogawa, Hiroshi Kitazato, and Naohiko Ohkouchi. Application of NMR to characterize intact polar lipids in deep biosphere. Goldschmidt conference, Vancouver, Canada, 7, 2008.
83. Takano Y., Nomaki, H., Ogawa,N., Chikaraishi, Y., Kitazato, H. and Naohiko Ohkouchi. *In-situ* tracer experiment for benthic archaea: carbon isotopic evidence of active metabolism from caldarchaeol and crenarchaeol of archaeal membrane lipids. 7th International Symposium for Subsurface Microbiology (ISSM), Shizuoka, 11, 2008.
84. Takeuchi,N.,Ishida, Y.,(2008) Changes of biological community from the 1990s to 2008 on the Yala Glacier, Nepali Himalayas.. XXXI Symposium on Polar Biology, Tokyo 12, 2008.
85. 竹内望, 藤田耕史, 岡本祥子, 直木和弘, 奈良町千之, Vladimir Aizen (2008) キルギスタン・グリゴリア氷帽から掘削した 87m アイスコア. 日本雪氷学会全国大会, 東京, 9,2008.
86. 竹内望 (2008) 中国祁連山およびロシアアルタイ山脈のアイスコアから復元した過去 100 年の風送ダストの年変動. 地球惑星科学連合大会、幕張 5, 2008.
87. 蓼沼拓也、東久美子、三宅隆之、平林幹啓、倉元隆之、本山秀明、藤井理行：南極ドームふじ氷床コアにおける最終氷期の温暖化イベント (AIM イベント) の連続化学分析. 第 31 回極域気水圏・生物圏合同シンポジウム, 国立極地研究所, 国立極地研究所, 12/2-5, 2008.
88. 十倉克幸、東條元昭、星野保、貴田健一、神田啓史.スピッツベルゲン島ニーオルスン日本基地北側斜面における 2003 年から 2008 年のコケ生息性糸状菌の種構成と分離頻度の変化, 第 31 回極域生物シンポジウム 12/4, 2008.
89. 植竹淳、長沼毅、マーティン・ヘプスガード、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と雪氷面アルベド. 地球惑星科学連合大会、幕張 5, 2008.
90. 植竹淳, 本山秀明, 神田啓史：氷期・間氷期サイクルにおけるドームふじアイスコア中の微生物濃度変化. 2008 年雪氷研究大会, (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 東京大学本郷キャンパス, 9/24-27, 2008.
91. Uetake, J., Kohshima, S., Takeuchi, K., Fujita, K., Narita, H., Aizen V., Nakawo, M. Yeast distribution in ice core from Russian Altai mountains. International Conference on Polar and Alpine Microbiology, Banff, Canada, 5, 2008.
92. Uetake, J., Naganuma, T., Hebsgaard, M. B., Kanda,H., Kohshima, S. Snow algal communities and albedo on the glaciers in West Greenland, International Conference on Polar and Alpine Microbiology,5, 2008
93. Uetake, J., Naganuma, Hebsgaard, M. B., Kanda,H., Kohshima,S. Snow algal communities on the glaciers in West Greenland, First International Symposium on the Arctic Research, 10, 2008.
94. Uetake Jun. Snow algal communities on the glaciers in West Greenland. The First International Symposium on the Arctic Research, 東京、11, 2008.
95. 植竹淳、瀬川高弘、本山秀明、神田啓史. ドームふじアイスコア中の微生物濃度変化, 第 31 回極域生物シンポジウム 12/3, 2008.

96. Uemura R., Motoyama, H., Miyake, T., Hirabayashi, M., Kuramoto, T., Goto-Azuma, K., Masson-Delmotte, V., Jouzel, J., Fujii, Y., Fujita, K., Horikawa, S. Igarashi, M., Iizuka, Y., Kohno, M., Suzuki, K., Suzuki, T. : A 720,000 years record of deuterium-excess variation from the Dome Fuji ice core, Antarctica. EPICA open science conference, Venice, Italy, 11/10-13, 2008.
97. 植村立、阿部理、本山秀明: 南極ドームふじ氷床コアにおける水の酸素 3 種同位体 : 17O-excess が示す氷期サイクルの相対湿度変動. 日本地球惑星科学連合 2008 年大会, 幕張メッセ国際会議場、千葉, 5/25-30, 2008.
98. 植村立、本山秀明、ドームふじ氷床深層コア化学解析研究グループ(代表 東久美子): 南極ドームふじ氷床コアにおける過去 72 万年の d-excess 変動. 日本地球惑星科学連合 2008 年大会, 幕張メッセ国際会議場、千葉, 5/25-30, 2008.
99. 上野健、大園享司、神田啓史. 高緯度北極に生育するコケ植物と維管束植物の化学量論からみた違い, 第 31 回極域生物シンポジウム, 12/4,2008.
100. 横堀伸一、Yang Yinjie、藤崎健太、河口優子、小林憲正、橋本博文、河合秀幸、三田肇、鳴海一成、奥平恭子、田端誠、山下雅道、矢野創、吉村義隆、山岸明彦. 有機物・微生物の宇宙曝露と宇宙塵・微生物の捕集実験 (たんぼぼ) : 微生物の宇宙での生存可能性の検討. 第 34 回生命の起原および進化学会学術講演会、大阪、3,2009.
101. 横堀伸一、Yang Yinjie、藤崎健太、河口優子、小林憲正、橋本博文、河合秀幸、三田肇、奥平恭子、田端誠、山下雅道、矢野創、吉村義隆、山岸明彦. 有機物・微生物の宇宙曝露と宇宙塵・微生物の捕集実験 (たんぼぼ) : パンスペルミア仮説の検証にむけて. 極限環境微生物学 2008 年度(第 9 回)年会、東京、11,2009.
102. 吉村義隆、瀬川高弘、田口幸広、飯田隆之、長沼毅、ジーノ・カサッサ、幸島司郎. チリ・モチ氷における雪氷微生物の高度分布, 第 31 回極域生物シンポジウム、12/4,2008.
103. 吉竹晋平、内田雅己、小泉博、神田啓史、中坪孝之. 高緯度北極ネーオオルスの一次遷移初期における土壌クラストの光合成特性, 第 31 回極域生物シンポジウム、12/4, 2008.
104. 幸村基世、長沼毅、幸島司郎、植竹淳、神田啓史. 北極陸上試料から単離した芽胞形成中度好塩菌, 第 31 回極域生物シンポジウム、東京、12/3, 31 回極域生物シンポジウム、東京、12/3, 2008.

平成 21 年度

1. Abe T, Kanaya S, Ikemura T (2009) Unveiling microbial diversity and protein function of uncultured environmental microbe mixtures on the basis of Batch Learning Self-Organizing Map (BLSOM). International Symposium Marine Genomics 2009.
2. Abe T, Kanaya S, Ikemura T (2009) Unveiling microbial diversity of uncultured environmental microbe mixtures on the basis of Batch Learning Self-Organizing Map (BLSOM). Xth SCAR International Biology Symposium.
3. 阿部貴志, 小原康雄, 上原啓史, 平野晋也, 木ノ内誠, 金谷重彦, 菅原潤一, 金井明夫, 山田優子, 武藤昱, 井口八郎, 池村淑道 (2009) 学部生シニア世代の共同作業としての「高精度・高機能な遺伝子データベース」の構築とその利用. 日本遺伝学会 第 81 回大会.
4. 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道 (2009) 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自己組織化マップ法. 第 32 回日本分子生物学会年会.
5. 阿部貴志, 池村淑道, 小原康雄, 上原啓史, 平野晋也, 木ノ内誠, 金谷重彦, 菅原潤一, 金井明夫, 山田優子, 武藤昱, 井口八郎 (2009) tRNADB-CE:エキスパートがキュレートした tRNA 遺伝子データベース. 第 32 回日本分子生物学会年会.
6. 阿部貴志, 金谷重彦, 池村淑道 (2009) 全地球レベルの環境微生物多様性を把握・俯瞰するための新規情

報学手法の開発. 第 11 回日本進化学会大会.

7. 阿部貴志, 池村淑道, 小原康雄, 上原啓史, 平野晋也, 木ノ内誠, 金谷重彦, 菅原潤一, 金井明夫, 山田優子, 武藤昱, 井口八郎 (2009) tRNADB-CE: エキスパートがキュレートした tRNA 遺伝子データベース. *RNA 学会第 11 回大会*.
8. 阿部貴志, 小原康雄, 上原啓史, 平野晋也, 木ノ内誠, 金谷重彦, 菅原潤一, 金井明夫, 山田優子, 武藤昱, 井口八郎, 池村淑道 (2009) エキスパートがキュレートした tRNA 遺伝子データベース. *統合データベースプロジェクトシンポジウム 2009*.
9. 東久美子. 雪氷コアの水素同位体分析による過去の気候・環境変動の復元. 安定同位体を用いて生態系と気候変動の関わりを科学する一陸と海と空と、過去・現在・未来をつなぐ安定同位体、三重大学、3, 9, 2010.
10. Baba, Tomoya, Katsuhiko Yanagihara, Hironori Niki, Hiroshi Kanda: Cold Tolerance Genes of an Antarctic Bacterium, *Pseudomonas antarctica*, 第 32 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12/11, 2009.
11. 榎本浩之, Sylviane Surdyk, 杉山慎, 藤田秀二, Par Holmlund, Susanne Ingvander: 日本-スウェーデン南極トラバースルートにおける涵養量の地域分布. 第 32 回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11 月 17-18 日、2009 年
12. Fujita, S., Junichi Okuyama; Akira Hori; Takeo Hondoh: Metamorphism of stratified firn at Dome Fuji, Antarctica: A mechanism for local insolation modulation of gas transport conditions during bubble close-off. American Geophysical Union, Fall Meeting, 14-18 December, San Francisco, 2009
13. Fujita S., Metamorphism of stratified firn at Dome Fuji, Antarctica: A mechanism for local insolation modulation of gas transport conditions during bubble close-off. The 2nd International Symposium on the Dome Fuji ice core and related topics, Tokyo, Japan, 18-20 November, 2009.
14. 藤田秀二、宮本淳、東信彦: 自動ファブリックアナライザーの南極フィルン計測への応用. 第 32 回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11 月 17-18 日、2009 年
15. 藤田秀二、榎本浩之、亀田貴雄、本山秀明、杉山慎: 南極ドームふじ地域の表面積雪密度の夏の変化. 第 32 回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11 月 17-18 日、2009 年
16. 藤田秀二、奥山純一、堀彰、本堂武夫: ドームふじの積層構造をもったフィルンの変態: 気泡クローズオフの際にフィルン内のガス輸送が夏の地域日射により変調されるメカニズム. 雪氷研究大会(2009・札幌), (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 北海道大学 学術交流会館, 9 月 29 日~10 月 3 日, 2009 年.
17. 藤田秀二、奥山純一、堀彰、本堂武夫: 夏の日射が南極氷床フィルン中のガス輸送を変調するメカニズム、日本地球惑星科学連合大会、幕張メッセ国際会議場、千葉、5 月 16-21 日、2009.
18. 古崎睦、田中洋一、新堀邦夫、本山秀明、津田勝幸、高田知哉: ドームふじ深層掘削データ解析による高圧温暖氷掘削の研究(その二). 第 32 回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11 月 17-18 日、2009 年
19. Goto-Azuma, Kumiko: Variability of sea-salt, mineral dust and non-sea-salt sulfate aerosols at Dome Fuji, East Antarctica during the past seven glacial cycles. The 2nd International Symposium on the Dome Fuji ice core and related topics, Tokyo, Japan, 18-20 November, 2009.
20. Goto-Azuma, K., Hirabayashi, M., Miyake, T., Uemura, R., Kuramoto, T., Motoyama, H., Igarashi, M., Iizuka, Y., Suzuki, K., Suzuki, T., Fujita, K., Horikawa, S., Kohno, M., Fujii, Y., Kawamura, K., Aoki, S. and Nakazawa, T.: Environmental changes during the past seven glacial cycles reconstructed from Dome Fuji, East Antarctica. IAMAS/IAPSO/IACS 2009 Joint Assembly(MOCA-09), Motreal, Canada, 2009 年 7 月 19-24 日
21. Goto-Azuma, K.: A 720,000 year climate and environment history from a deep ice core drilled at

- Dome Fuji, East Antarctica.インスブルック大学の非公式セミナー、インスブルック大学、2009年
22. 平林幹啓、倉元隆之、本山秀明、中井俊一、田中敦:南極表面積雪の金属濃度およびSr-Nd同位体比分析. 雪氷研究大会(2009・札幌), (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 北海道大学 学術交流会館, 9月29日~10月3日, 2009年.
 23. 平林幹啓、倉元隆之、本山秀明、中井俊一、田中敦: 東南極表面積雪の金属濃度およびSr-Nd同位体比環境研究. 第32回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11月17-18日、2009年
 24. 保科優、藤田耕史、中澤文男、飯塚芳徳、三宅隆之、平林幹啓、倉元隆之、本山秀明: 南極ドームふじ積雪の化学成分の堆積後の変化. 第32回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11月17-18日、2009年
 25. 保科優、藤田耕史、中澤文男、飯塚芳徳、三宅隆之、平林幹啓、倉元隆之、本山秀明:南極ドームふじ積雪の化学成分の堆積後の変化. 雪氷研究大会(2009・札幌), (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 北海道大学学術交流会館, 9月29日~10月3日, 2009年.
 26. 堀内一穂、松崎浩之、本山秀明: ドームふじアイスコアの宇宙線生成核種に刻まれた宇宙線強度の長期変動: 地球磁場強度変動との関係. 地球電磁気・地球惑星圏学会第126回総会・講演会, 金沢大学角間キャンパス自然科学本館, 2009年9月27日-30日
 27. 堀内一穂、松崎浩之、笹公和、本山秀明:ドームふじアイスコア中の宇宙線生成核種. 日本地球化学会第56回年会, 広島大学理学部, 2009年9月15日-18日
 28. 飯塚芳徳、鈴木利孝、櫻井俊光、平林幹啓、三宅隆之、本山秀明、藤井理行、本堂武夫:南極ドームふじ氷床コアによる氷期間氷期スケールの水溶性エアロゾルの主要組成変動. 雪氷研究大会(2009・札幌), (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 北海道大学 学術交流会館, 9月29日~10月3日, 2009年.
 29. Inoue, T., Kudoh, S., Uchida, M. Photosynthetic characteristics of lichens growing on a glacier foreland, in Ny-Alesund Spitsbergen, Norway, Xth SCAR International Biology Symposium, 2009, 7. Sapporo, Hokkaido Univ.
 30. 井上正鉄. ラングホブデ雪鳥沢における地衣類群落 Lichen communities in Yukidori Valley of Langhovde. Xth SCAR International Biology Symposium, 2009, 7. Sapporo,
 31. 石田依子, 竹内望 アジアの山岳氷河のアイスコア中に含まれる固体粒子の特性, 日本雪氷学会全国大会 drilled at Dome Fuji, East Antarctica.インスブルック大学の非公式セミナー、インスブル会, 札幌市, 2009/9/30.
 32. 石田依子, 竹内望 山岳氷河のアイスコア中に含まれる有機物粒子の特性, 日本地球惑星科学連合2009大会, 幕張メッセ, 千葉市, 2009/5/20.
 33. 伊藤弘樹, 竹内望, ほかに 衛星画像をつかったグリーンランド氷床裸氷域の不純物分布の解析ースペクトル特性による表面条件の推定一, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/9/30.
 34. 岩崎裕貴, 池村淑道, 伊藤正恵, 阿部貴志 (2009) オリゴヌクレオチド組成を用いた一括学習型自己組織化地図法によるA型インフルエンザウイルスの俯瞰的な特徴解明. 第18回バイオ情報学研究会
 35. 岩崎裕貴, 阿部貴志, 伊藤正恵, 和田健之介, 池村淑道 (2009) A型インフルエンザウイルスの全ゲノム配列を対象とした一括学習型自己組織化マップ法(BL-SOM)による効率的な知識発見とその応用. 第32回日本分子生物学会年会.
 36. 岩崎裕貴, 阿部貴志, 伊藤正恵, 和田健之介, 池村淑道 (2009) 全インフルエンザAウイルスを対象にした新規情報学的手法による俯瞰的可視化とそこからの知識発見. 日本遺伝学会 第81回大会.
 37. Kagoshima, Hiroshi, Junko Kajiwara, Tadasu Shin-I, Yuji Kohara. Comparative genomic analysis of the nematodes in Antarctica. 16th International *C. elegans* Meeting, Los Angeles, 24-28 June 2009.
 38. 菅尚子、内田雅己、小泉博、神田啓史. Winter CO₂ efflux from snow surface on the high Arctic glacier

- foreland,日本地球惑星科学連合 2009 年大会, 2009,5,19, 千葉、幕張メッセ.
39. Kanda, H. International System on Arctic Science and Japanese activities, 日本地球惑星科学連合 2009 年大会, 2009,5,19, 千葉、幕張メッセ.
 40. Kanda, H. Ecosystem Responses to Climate Change on a High Arctic Glacier Foreland. Japan-Norway Joint Workshop, 2010,3,12, Tromsø, Norway.
 41. Kaneko, R., K. Seto, S. Imura, and H. Kanda, Vertical distribution of archaeal ammonia-monooxygenase (amoA) and 16S rRNA gene sequences in sediment of hypersaline Antarctic lake. Xth SCAR International Biology Symposium, 2009 年 7 月.
 42. 金子亮、神田啓史、南極湖沼堆積物における微生物群集構造解析、日本微生物生態学会、2009 年 11 月.
 43. Kato, K., Imura, S. and Kanda, H. Molecular systematic of two aquatic mosses at the bottom of lakes in Syowa Station area, east Antarctica. Xth SCAR International Biology Symposium, 2009, 7, Sapporo, Hokkaido Univ.
 44. 加藤真悟、山岸明彦、環境中アーキアの遺伝的多様性の再評価、日本 Archaea 研究会第 22 回講演会、2009/7、札幌
 45. 加藤真悟、極限環境中アーキアの遺伝的多様性の再評価、第 10 回極限環境微生物学会年会、2009/10、東京
 46. 加藤真悟、伊藤隆、山岸明彦、未培養性 *Epsilonproteobacteria* グループ (Terrestrial group I) に属する新規好気性細菌の分離培養、第 29 回日本微生物系統分類研究会年次大会、2009/11、千葉
 47. Kawamura, K., and the Dome Fuji Ice Core Project Members: Multi-millennial-scale climate variability in Antarctica during the past seven glacial periods. AGU 2009 Fall Meeting, San Francisco, USA, December 14-18, 2009
 48. Kawamura, K., Accurate chronology of the Dome Fuji deep ice core based on O₂/N₂ ratio of trapped air. The 2nd International Symposium on the Dome Fuji ice core and related topics, Tokyo, Japan, 18-20 November, 2009.
 49. 川村賢二: 1000 年から 10 万年の時間スケールにおけるグローバル気候変動 -氷河期から人為起源の気候変化を見据える-. 日本地球惑星科学連合 2009 年大会. 千葉幕張メッセ国際会議場 2009 年 5 月 16 日 (土) -21 日 (木) .
 50. 久米篤、坂田 (別宮) 有紀子、半場祐子、神田啓史. 北極・ニーオルソンの *Cetrariella delisei* の窒素・水利用について、第 38 回地衣類研究会大会, 2009,8,8, 足寄、九州大学北海道演習林.
 51. 小林悟志・薦田多恵子・隈啓一・藤山秋佐夫. 生物教育に役立てよう Web サイト Jabion. 第 88 回日本生物教育学会.(仙台, 2010. 1).
 52. 小林悟志. 開聞岳における植生図とシイ個体の分布範囲の比較. 第 14 回植生学会.(鳥取, 2009. 11).
 53. 小林悟志・神田啓史・藤山秋佐夫. 極地蘚類の実写 3D による標本の測定. 第 73 回日本植物学会 (山形, 2009.9) .
 54. 小林悟志・薦田多恵子・隈啓一・藤山秋佐夫.迅速な相同遺伝子の検索を可能にするゲノムビューアーの特色. 第 81 回日本遺伝学会 (長野, 2009.)
 55. 小林悟志.蘚類の 3D システム.国立科学博物館 筑波実験植物園 植物研究部セミナー (筑波,2010,3).
 56. 近藤美由紀、内田昌男、内田雅己、大塚俊之. スピッツベルゲン島ニーオルスン氷河後退域における土壌有機炭素の安定同位体比の空間的变化, 日本地球惑星科学連合 2009 年大会, 2009,5,19, 千葉、幕張メッセ.
 57. 倉元隆之、平林幹啓、本山秀明: 南極沿岸からドームふじルート上における表面積雪の化学成分の季節特性. 第 32 回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11 月 17-18 日、2009 年

58. 倉元隆之, 平林幹啓, 本山秀明:南極沿岸からドームふじルート上における表面積雪の化学成分の季節特性. 雪氷研究大会(2009・札幌), (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 北海道大学 学術交流会館, 9月29日～10月3日, 2009年.
59. 松嶋克成, 佐藤弘康, 鈴木利孝, 飯塚芳徳, 平林幹啓, 本山秀明, 藤井理行: ドームふじ氷コアから探る気候変動とエアロゾル化学風化の関係. 第32回極域気水圏シンポジウム, 国立極地研究所, 東京, 11月17-18日, 2009年
60. Mita, H., Yoshimura, Y., Kobayashi, K., Naganawa, K., Sato, S., and Ogawa, M. Preliminary studies for distribution and alteration of living microorganisms and organic compounds in the extreme Antarctic environments.
61. 三田肇, 赤瀬詩, 佐藤明日佳, 小林憲正, 佐藤修司, 長縄一樹, 吉村義隆, 藪田ひかる, 小川麻里. 有機物分析による南極の生態系解析. 日本地球化学会 2009年度年会. 2009年9月16日. 広島大学.
62. Miyake, T., Yoshinori Iizuka, Kiyofumi Sano, Takuya Tatenuma, Ryu Uemura, Takeo Hondoh, Yoshiyuki Fujii: High time-resolution analysis of dust in the Dome Fuji ice core, East Antarctica: a comparison of differential climate stages during the last glacial period. American Geophysical Union 2009 Fall Meeting, San Francisco, USA, 2009年12月14日-18日.
63. Miyake, T., Dust record from the Dome Fuji ice core, Antarctica over the past 720-kyrs. The 2nd International Symposium on the Dome Fuji ice core and related topics, Tokyo, Japan, 18-20 November, 2009.
64. 三宅隆之, 平林幹啓, 植村立, 東久美子, 本山秀明: 極域氷床深層コアの化学成分分析用試料の汚染除去前処理法の検討. 第32回極域気水圏シンポジウム, 国立極地研究所, 東京, 11月17-18日, 2009年
65. 三宅隆之, 平林幹啓, 植村立, 東久美子, 本山秀明: 第2期ドームふじ氷床コアの化学成分分析用試料の前処理方法の検討. 雪氷研究大会(2009・札幌), (社)日本雪氷学会・日本雪工学会, 北海道大学 学術交流会館, 9月29日～10月3日, 2009年.
66. 三宅隆之, 藤井理行, 平林幹啓, 植村立, 倉元隆之, 東久美子, 本山秀明, 飯塚芳徳, 五十嵐誠, 河野美香, 鈴木啓助, 鈴木利孝, 藤田耕史, 堀川信一郎: 南極ドームふじ氷床コアにおける過去72万年のダストフラックス変動, 日本地球惑星科学連合大会, 幕張メッセ国際会議場, 千葉, 5月16-21日, 2009.
67. 望月優子, 中井陽一, 高橋和也, 本山秀明: ドームふじ浅層コアの酸素同位体比から見いだされた太陽活動長周期. 第32回極域気水圏シンポジウム, 国立極地研究所, 東京, 11月17-18日, 2009年
68. Motoyama, H., Overview of the second deep ice coring project at Dome Fuji, East Antarctica and the paleoenvironmental record during the last seven glacial periods. The 2nd International Symposium on the Dome Fuji ice core and related topics, Tokyo, Japan, 18-20 November, 2009.
69. Motoyama, H., Dome Fuji Ice Core Project members: The paleoenvironmental record during the last seven glacial periods in the deep ice core at Dome Fuji station, East Antarctica. PAGES 3rd Open Science Meeting (OSM) "Retrospective views on our planet's future", 8-11 July 2009, Oregon State University in Corvallis, USA.
70. Motoyama, R. Uemura, M. Hirabayashi, T. Miyake, T. Kuramoto, Y. Tanaka, Dome Fuji Ice Core Project Members: Characteristics of basal ice and chemical constituents at Dome Fuji, Antarctica. European Geosciences Union General Assembly 2009, Vienna, Austria, 19-24 April, 2009.
71. 長井宏介, 竹内望, 富山県立山積雪中の CH₁-a 濃度の季節変化, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/9/30.
72. 永塚尚子, 中野孝教, 竹内望. アジア・アラスカの山岳氷河上の鉱物粒子および有機物の Sr, Nd 同位体比, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/10/1.

73. 永塚尚子, 竹内望, 中野孝教 アジア・アラスカの山岳氷河表面の不純物の Sr, Nd 同位体比, 日本地球惑星科学連合 2009 大会, 幕張メッセ, 千葉市, 2009/5/21.
74. 中分路可, 喜多純子, 加藤真悟, 山岸明彦, NT05-16 航海乗船研究員一同, 水曜海山海底熱水域における地殻内流体中微生物群集の包括的解析, 共同利用研究集会「海底拡大系の総合研究－InterRidge Japan 研究集会－海底熱水系が繋ぐ地圏・水圏・生命圏」、2009/10、東京
75. Nakai, Ryosuke, Takashi Abe, Tomoya Baba, Satoshi Imura, Hiroshi Kagoshima, Hiroshi Kanda, Yuji Kohara, Takeshi Naganuma, Hironori Niki, Katsuhiko Yanagihara “Diversity of green-like RuBisCO large-subunit genes in an Antarctic moss pillar” Xth SCAR International Biology Symposium, Japan, 2009.7
76. 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 「南極コケ坊主生態系における微生物相の解析」国際極年 2007-2008 シンポジウム-地球規模の変動現象と極域の役割り-, 東京、2010 年 3 月
77. 中井陽一, 望月優子, 高橋和也, 五十嵐誠, 本山秀明, 鈴木啓助: ドームふじの浅層氷床コアにおける硝酸イオン濃度の年代プロファイルー12 世紀~19 世紀. 第 32 回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11 月 17-18 日、2009 年
78. 中分路可, 加藤真悟, 山岸明彦. 水曜海山熱水地帯における地下微生物群集の経時変化、極限環境微生物学 2008 年度(第 9 回)年会、東京、11、2009.
79. Nakazawa F., J. Uetake, Y. Suyama, R. Kaneko, N. Takeuchi, K. Fujita and H. Kanda: DNA analysis of a single *Pinus* pollen grain in a glacier, 2009 AGU Fall Meeting, San Francisco, California, USA, 14 December 2009.
80. Nakazawa F., J. Uetake, Y. Suyama, R. Kaneko, N. Takeuchi, K. Fujita and H. Kanda: DNA analysis of a single *Pinus* pollen grain in a glacier, 2009 AGU Fall Meeting, 2009. 12.
81. Nakazawa F., J. Uetake, Y. Suyama, R. Kaneko and H. Kanda: DNA analysis of a single pollen grain to determine provenance of modern pollen in Antarctic snow, The 2nd International Symposium on the Dome Fuji ice core and related topics, 2009. 11.
82. 中澤文男: 環境動態解析への利用を目的とした、氷河・氷床中の花粉 1 粒ずつの DNA 分析, 第 1 回能登総合シンポジウム, 2009. 11.
83. 中澤文男, 陶山佳久, 植竹淳, 竹内望, 藤田耕史, 神田啓史: 種レベルでの花粉分析を目的とした氷河中のマツ属花粉 1 粒ずつの DNA 分析, 日本地球惑星科学連合大会, 千葉県千葉市, 2009 年 5 月 20 日.
84. 中澤文男, 陶山佳久, 植竹淳, 竹内望, 藤田耕史, 神田啓史: 氷河試料中のマツ属花粉 1 粒ずつの DNA 分析, 雪氷研究大会, 北海道札幌市, 2009.年 9 月 30 日.
85. 中澤文男, 陶山佳久, 植竹淳, 神田啓史: 南極に飛来する花粉の起源推定を目的とした花粉 1 粒ずつの DNA 分析, 日本地球惑星科学連合大会, 2009. 5.
86. 中澤文男, 植竹淳, 陶山佳久, 金子亮, 竹内望, 藤田耕史, 神田啓史: 氷河試料中のマツ属花粉 1 粒ずつの DNA 分析, 第 32 回極気水圏シンポジウム, 2009. 11.
87. Osono T, Uchida M. & Kanda H. Natural abundance of ^{15}N in leaves and stems of *Salix arctica* on a recently- deglaciaded moraines on Ellesmere Island, high arctic Canada. Xth SCAR International Biology Symposium, Sapporo, Hokkaido Univ. 2009, 7.Sapporo, Hokkaido Univ.
88. 西山大陸, 竹内望. アジアの 3 つの氷河におけるクリオコナイト粒の比較, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/9/30.
89. 仁田原翔太, 拓洋第 5 海山における海洋性マンガクラストの微生物群集解析、第 10 回極限環境微生物学会年会、2009/10、東京

90. 仁田原翔太、加藤真悟、中分路可、山岸明彦、NT09-02 航海乗船研究員一同、拓洋第 5 海山における海洋性マンガンクラストの微生物群集解析、Blue Earth '10、2010/3、東京
91. Ogawa, M., Kishimoto, M., Kobayashi, K., Mita, H., Naganawa, K., Sato, S., Wakana, I., Yabuta, H., Yamada, K., and Yoshimura, Y. Antarctic MARIMO as ecosystem - Structure, microorganisms and organic matter in a mass of the algae -. 10th SCAR, International Biology Symposium, (2009/7/26-31, Sapporo) .
92. Ohtani, S., Ohtsuka, T., Inoue, G. and Seto, K. Change in species composition of diatoms in a sediment core from Lake Skallen O-ike, East Anarctica. Xth SCAR International Biology Symposium, Sapporo, Hokkaido Univ. 2009, 7.Sapporo, Hokkaido Univ.
93. 岡本祥子, 藤田耕史, 成田英器, 植竹淳, 竹内望, ほか, ロシアアルタイ山脈ペルーハ氷河アイスコア中の気泡に着目した層位解析, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/9/30.
94. Segawa T., Uetake J., Rivera A., Motoyama H. and Kanda H. Microbial analysis of subglacial samples drilling at Dome Fuji, Antarctica, The 2nd Dome Fuji ice core symposium, 11, 2009.
95. Segawa, Takahiro, Jun Uetake, Andres Rivera, Hideaki Motoyama, Hiroshi Kanda, MICROBIAL ANALYSIS OF SUBGLACIAL SAMPLES DRILLING AT DOME FUJI, ANTARCTICA, Xth SCAR International Biology Symposium , 7, 2009.
96. 瀬川高弘, 神田啓史, 藤田耕史, 岡本祥子, 直木和弘, 竹内望. キルギス・グレゴリア氷河から掘削されたアイスコアの遺伝子解析による古環境復元, 地球惑星科学連合大会 2009 年 5 月
97. 佐野清文、本山秀明、東久美子：南極浅層コアの統計解析. 第 32 回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11 月 17-18 日、2009 年
98. 佐野清文、本山秀明、東久美子：南極ドームふじ浅層氷床コア (DF2001) の統計解析. 雪氷研究大会 (2009・札幌)、(社)日本雪氷学会・日本雪工学会、北海道大学 学術交流会館、9.29~10.3, 2009..
99. 世良俊太郎, 竹内望, ほか キルギス天山山脈グリゴリア氷帽のアイスコア中の花粉分析と年代決定, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/10/1.
100. 竹内望, 石田依子. ネパールヒマラヤ, ヤラ氷河の 1990 年代から 2008 年代の雪氷生物群集の変化, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/10/1.
101. 竹内望, 西尾文彦, Abake Gulkianati Landsat 衛星画像を使った中国新疆ウイグル, 天山山脈の氷河表面反射率と表面ダストの空間分布の解析, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/10/1.
102. 竹内望, 横山宏太郎, 竹内由香里, 亀田貴雄, 佐藤和秀 積雪中のクロロフィル (葉緑素) 濃度の時間変化と地域比較～上越地方, 十日町, 北見市, 日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/9/30.
103. 竹内望, ほか キルギスタングリゴリア氷帽から掘削した 87m アイスコア, 日本地球惑星科学連合 2009 大会, 幕張メッセ, 千葉市, 2009/5/20.
104. 槌本陽、櫻井俊光、飯塚芳徳、宮本淳、保科優、堀彰、藤田秀二、本堂武夫：南極ドームふじ表面雪に含まれる不揮発性微粒子の化学組成分析. 第 32 回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京、11 月 17-18 日、2009.
105. Uemura, R., Deuterium-excess record from the Dome Fuji ice core over the past 720,000 years. The 2nd International Symposium on the Dome Fuji ice core and related topics, Tokyo, Japan, 18-20 November, 2009.
106. 上原啓史, 阿部貴志, 中泉友紀, 和田千恵子, 井口八郎, 池村淑道 (2009) 学部生とシニア世代の共同作業としての「健康への貢献遺伝子データベース」構築. 第 32 回日本分子生物学会年会.
107. 上原啓史, 阿部貴志, 中泉友紀, 和田千恵子, 井口八郎, 池村淑道 (2009) 学部教育としての「健康」ならびに「持続可能型社会」への貢献遺伝子データベース構築. 第 82 回日本生化学会大会 .

108. 上原啓史, 阿部貴志, 中泉友紀, 和田千恵子, 井口八郎, 池村淑道 (2009) 環境微生物ゲノム配列からのお宝遺伝子発掘の学部や高校教育における活用. *日本遺伝学会 第81回大会*.
109. 上原啓史, 阿部貴志, 中泉友紀, 和田千恵子, 井口八郎, 池村淑道 (2009) 学部教育としての健康ならびに持続可能型社会への貢献遺伝子データベース構築. *統合データベースプロジェクトンポジウム 2009*.
110. 上原啓史, 阿部貴志, 中泉友紀, 和田千恵子, 井口八郎, 池村淑道 (2009) 健康への貢献ならびに持続可能型社会への貢献遺伝子データベース. *第3回微生物ゲノム学会*.
111. 内田智子・堀内一穂・箕浦幸治・松崎浩之・本山秀明・柴田康行: ドームふじアイスコアの最終氷期末期にみられる千年スケールの ^{10}Be 変動. *地球電磁気・地球惑星圏学会第126回総会・講演会*, 金沢大学角間キャンパス自然科学本館, 2009年9月27日-30日
112. 植竹淳, 永塚尚子, 吉村義隆, アラスカ、グルカナ氷河における好冷性酵母群集について *日本微生物生学会 2009年11月*.
113. 植竹淳, 永塚尚子, 吉村義隆, アラスカ、グルカナ氷河における好冷性酵母群集について *日本雪氷学全国大会, 2009年9月*.
114. 植竹淳, 瀬川高弘, 本山秀明, 神田啓史, ドームふじアイスコア中の微生物濃度変化, *地球惑星科学連大会, 2009年5月*.
115. 内田昌男, 内田雅己, 近藤美由紀, 柴田康行. 北極スバル諸島土壤微生物による化石炭素を用いた従属栄養代謝に関する証拠—分子レベル放射性炭素同位体分析による検証, *日本地球惑星科学連合 2009年大会, 2009,5,19*, 千葉、幕張メッセ.
116. 内田雅己, 村岡裕由, 神田啓史, 中坪孝之. The impact of climatic warming on the ecosystem carbon cycle of a high Arctic glacier foreland II: long-term simulation, *日本地球惑星科学連合 2009年大会, 2009,5,19*, 千葉、幕張メッセ.
117. 吉村義隆. 顕微鏡法による極限環境微生物の解析. *日本農芸化学会関東支部 2009年度大会. 2009年10月31日*. 玉川大学.
118. 吉竹晋平, 内田雅己, 小泉博, 神田啓史, 中坪孝之. 高緯度北極ニーオルスンの氷河後退域における炭素循環に対する土壌クラストの影響, *日本地球惑星科学連合 2009年大会, 千葉、幕張メッセ*.
119. 山本知聖, 藤田耕史, 竹内望, 西中国ドゥンデで再掘削されたアイスコアの化学成分の変化, *日本雪氷学会全国大会, 札幌市, 2009/9/30*.
120. 油井紗瑛子, 鈴木利孝, 飯塚芳徳, 平林幹啓, 本山秀明, 藤井理行: 南極ドームふじ浅層コアの金属測定による大気古環境解析. *第32回極域気水圏シンポジウム, 国立極地研究所, 東京, 11月17-18日, 2009*.

< 著者等 >

平成 18 年度

1. 竹内望. 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 (2006).
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).

平成 19 年度

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

平成 20 年度

1. 神田啓史 分担執筆. 共立出版(株), 高山植物学 (第 10 章: 高山のコケ植物) (増沢武弘編著)

平成 21 年度

1. Abe T, Kanaya S, Ikemura T (2010) Sequences from prokaryotic, eukaryotic and viral genomes currently available clustered according to phylotype on a large-scale Self-Organizing Map. *Knowledge-Based Bioinformatics (Wiley & Sons, Ltd)* in press
2. 阿部貴志, 上原啓史, 金谷重彦, 池村淑道 (2009) 環境由来大量 DNA 配列を利用した難培養性生物群の系統推定のための新規情報学手法. *マリンメタゲノムの有効利用 (シーエムシー出版)*, 228-239
3. 岩崎裕貴, 池村淑道, 伊藤正恵, 阿部貴志 (2009) オリゴヌクレオチド組成を用いた一括学習型自己組織化地図法による A 型インフルエンザウイルスの俯瞰的な特徴解明. 第 18 回バイオ情報学研究会 (2009-BIO-18) 5:1-6.
4. 山岸明彦, 第 1 章 生命の起源と初期進化、海洋生命系のダイナミクス・シリーズ 第 1 巻「海洋の生命史」、p.10-27, 東海大学出版会 (2009)

<受賞>

平成 21 年度

1. Nakai, Ryosuke. “IPY OSC Stipend Award in IPY Oslo Science Conference” 2010.2.

その他の成果発表

平成 18 年度

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>

平成 19 年度

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.
4. 東久美子：南極と北極から見た地球環境変動. 核融合科学研究所第 2 回市民学術講演会, 多治見市, 7 月 21 日, 2007.
5. 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.
6. 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.

