

6 各プロジェクトの研究成果等報告（詳細）

プロジェクト名： 地球環境変動の解析と地球生命システム学の構築
(略称：地球生命システム学)

プロジェクトディレクター： 本山 秀明教授（国立極地研究所）

サブプロジェクトディレクター： 伊村 智教授（国立極地研究所）

[1] 研究計画・研究内容について

(1) 目的・目標

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、大規模な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。

(2) 必要性・重要性（緊急性）

本研究はわが国では本機構における融合的研究においてしかできないと思われるユニークさがある。すなわち、地球生命システムの多様化・進化と相互作用の関係理解への手がかりが、72 万年の歴史を保存している氷床コアを用いた解析により、今後の地球生命システムをシミュレーションする上で必須の情報を与えてきた。これを核としてさらに大学等の研究者が参画することにより、新分野創成が可能となる。また、産業革命以後、地球環境は大きな変動をしており、昨今の地球温暖化に纏わる国際情勢や二酸化炭素の削減等の話題は人類、地球生命に対して脅威となっている。地球の生命が今後、地球環境の変動の中でどのように進化し、多様化していくのかを過去数十万年の環境復元と地球生命との相互作用を解明することにより、地球環境変動下における地球生命システム学として新しい領域を切り開く事ができる。この問題に多くの時間と経費を費やしている大学・研究所の研究者は、今こそ、地球環境変動と地球生命システム、そして人間社会への関わりを考えていく時である。本プロジェクトでは地球環境変動と生物適応を課題にしているコミュニティやコンソーシアムに対しても社会のニーズにこたえられる準備が十分に整っている。

氷床コアの微生物解析に関しては、ボストーク基地下の氷床下湖は数十万年も外界から隔離され、かつ地球上に残された神秘的かつ希少な極限環境であり、世界はそこでの特殊な生物の存在を期待している。その後、湖を汚染する危険性の問題があり掘削が停止したままになっていたが、2013 年 2 月に氷床下湖を突き抜けた。現在、解析中、また、米国と英国を中心とした新たな掘削の動きが出ており、短期間に氷床下湖（たとえばエルスワース基地周辺）のサンプルを採集する計画が進んでいる。ドームふじ基地下には氷床下湖は無いが氷床底面の融解水が存在していて、これを採取している。氷床コア底部の微生物の予備的観測により、まさに極限環境の“進化が遅れた”過去の微生物が生き残っている可能性が濃厚となっている。ドームふじ基地深層掘削氷床コアは、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、一刻も早く、氷床コア中の微生物の時系列的解明が急がれる。

(3) 期待される成果等（学問的効果、社会的効果、改善効果等）

極限環境に順応した多様な微生物試料が得られ、生命システムのメカニズムの理解に資するとともに、貴

重なる遺伝子資源が期待される。これまでに確立された地球生命の遺伝学的手法を基盤にして、地球環境変動の下で、地球環境に飛来する生物の過去数十万年前の過去の生物のタイムカプセルの復元、及び生命がどのように進化、多様性を得たかを極地において解明することが期待できる。さらに、極地の自然環境下ではどんな微生物・ウイルスがどのような振る舞いをするのか、雪氷域に微生物・ウイルスが存在するのかについてはこれまで、ほとんど分かっていなかった。また、本プロジェクトではグリーンランド、ヨーロッパアルプス、南極半島、南極等からのアイスコアから時系列的に微生物・ウイルスを検出し、進化のメカニズムを解明することで新しい分野が期待される。これらの研究により、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することができ、極限環境下の地球環境変動と生命システムのメカニズムの解明が期待できる。

新領域融合研究センター（TRIC: Trans Disciplinary Integration Center）の方法論としての「融合」の意味を徹底的に吟味し検証することにより、融合研究の真の方法論を見いだすことが出来る。本プロジェクトでは他に例のないリスクを背負った氷床微生物の解明があるが「融合」の方法論で解明することにより、多様性、進化、研究開発等多様な課題に対して解決することが期待でき、社会的波及効果も大きいと考えられる。フィールドサイエンスとしての氷床コアの解析により過去の地球環境及び生命との関わりを取得したデータで示すことは、その特異な方法論において大学教育研究活動にも大きな影響をもたらす。

(4) 独創性・新規性等

本研究の独創的な部分は極限域からの生物、微生物の無菌的検出法である。したがって、現場で試料を無菌的に採取し、処理ができる半恒久的な現場実験施設の可能性、現地から日本に持ち帰った後の施設、試料の保存法、抽出法、検出法、とくに全菌数計数、16S rRNA 遺伝子等による概略的な群集解析をルーチン手順のみならず、種の確定を実現させることが期待できる。このような方法を用いた「人間圏創始の環境復元」及び「極限環境での微生物・ウイルス検出」のテーマは新規性のあるテーマである。また、極域環境は氷床コアをはじめとして、湖底及び海底堆積物コアの解析により、地域特異的に時間軸が濃縮された形で生物由来試料の採取が可能であることが特徴である。第Ⅰ期のプロジェクトで準備された氷床年代の特定、気候変動要因解析、化学組成、同位体組成、構成生物種の構成や変動に関わるゲノム情報等のデータを加えて解析を行うことにより、地球全体の変動を反映した極域環境の変化と、極限環境における生命活動との相互作用による環境形成プロセスについて時系列的でユニークな解明が期待できる。

本プロジェクトの特徴の一つは極地研が中心となって、遺伝研、情報研、統数研が一体となって初めて目的が果たせることにある。すなわち、極地研は試料提供、極域生物相の生態と分類、気候・環境、地形・地質などのさまざまな環境情報と、第Ⅰ期計画で培った極地研—遺伝研の遺伝子解析システムを駆使して解析を実施することにより目的の達成を目指す。遺伝研は新型シーケンサーを駆使したメタゲノム、1細胞ゲノムを特定することにより、環境中に存在する全生物を一体としてとらえるための解析手法、実験手法、情報処理手法を開発し、ゲノム、遺伝子解析を中心とした世界に類を見ない研究を実施する。統数研は氷床コアから解析された物理、化学、及び生物遺伝子データの解析を行う。特に新型 DNA シーケンサーにより出てくるテラバイトに及ぶ膨大なデータの解析をコンピュータ処理により解析する。情報研においては、すでに蓄積されている学術標本データを中心に、さまざまなデータの所在等についての調査を行い、メタデータデータベースを作成する。これをもとに、第Ⅱ期目のデータベースの構築支援と統合化データベースの構築を行う。また、最終目標であるデータベースの学術ポータル（バイオポータル）による提供、開発研究を行い、最終的には共同利用機関が提供する共同研究資料として広く公開し、利用に供するシステムを構築することが独創的である。

(5) これまでの取り組み内容の概要及び実績

- ・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・雪氷域の生命について多面的に研究を行ってきた。

- ・ドームふじ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。その結果、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。
- ・3000m の氷床底面付近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。
- ・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。
- ・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, 18S rDNA, 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。
- ・南極の湖沼群に見つかったコケ坊主群集の解明は、単なる分類・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。
- ・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る他分野データである 3D 画像解析データ、遺伝子データ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。
- ・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, 18S rDNA, 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部、南極ドームふじ基地氷床底部の環境推定に応用される。
- ・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。
- ・花粉分析は、植生変遷・気候・環境の復元研究において広く使われている手法である。氷河・氷床に封じ込められた花粉に着目して予備実験を重ねてきた。氷河表層に含まれていた、数年前のマツ属花粉を対象として DNA 分析を試みたところ、その成功率は数十パーセントに達し、先行研究を大きく凌ぐ結果を得た。また取得した遺伝情報からは、形態観察からでは困難な亜節レベル (種の一階級上の分類群) での識別にも成功した。さらに、千年前の花粉の顕微鏡観察からは、花粉内に細胞内物質 (原形質) が残存していることを、約 50 年前の花粉を用いた核酸染色実験では、生殖核が残存していることも確認した。

(6) 国内外における関連分野の学術研究の動向

氷床コアからの微生物解析の研究は現在、国内外で類を見ない。類似する研究では国内では REGAL (Research on Ecology and Geohistory of Antarctic Lakes) がある。南極観測の湖沼生態系のプロジェクトである。さらに南極研究科学委員会 (SCAR) のワーキンググループ会議である SALE (Subglacial Antarctic Lake Environments) がありロシア、ドイツ、ベルギー、アメリカなど 9 カ国が参加している。これは南極氷床下湖の物理、化学、生物、地学などの総合的な問題を検討する会合である。このチームは日本のドームふじ基地の氷床コアの微生物解析について注目している。平成 23 年度には NEEM アイスコアが基盤岩付近まで掘削され、参加各国で基盤岩由来である粒子が多く含まれるアイスコアの生物解析に関するミ

ーティングが行われた。しかしながら、氷床下湖のない環境を持つドームふじ基地の氷床コアの微生物では日本が最も進んでいるのが現状であり、お互いに情報交換しながら研究を進めている。過去の遺伝子情報を再構築する研究は、特に人類を対象とした「古遺伝学」として、あるいは堆積土壌からメタゲノムとして解析する方法を中心として近年発展している分野があるが、特定の植物種を対象とするアプローチは極めて限られている。

国際極年 IPY2007-2008 の主導的なプロジェクトとして、MERGE (Microbiological and Ecological Responses to Global Environmental Changes in polar regions)があるが、研究方法、研究地域、研究者において類似している。しかし、MERGE は予算が伴わない研究プログラムであり、将来的には SALE、EBA (Evolution and biodiversity in Antarctica), PAME (Polar Aquatic Microbial Ecology)と合流していく計画である。

[2] 研究計画

(1) 全体計画

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、南極およびグリーンランドなど、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。

平成 22 年度と平成 23 年度は 6 つの研究テーマを中心に 4 研究チームで研究を進めた。研究の進捗状況に応じて柔軟に研究計画を変更することとした。結果として、研究チームを見直して、平成 24 年度以降は研究テーマを特定せず次の 3 研究チームに組織を変更して研究を進めることとした。

サブテーマ 1 「氷河、氷床コアに見る地球環境の変遷と生物の変動、人間圏との関わり」

氷河、氷床のコア解析によって地球環境変動を復元し、アイスコア中の微生物・ウイルスなどの環境変動への対応や進化メカニズムの時系列解明等の研究課題を遂行する。細胞濃度が極めて低く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 細胞遺伝子解析を軸に研究を行う。アイスコアから時系列的に微生物・ウイルスを検出し、人間圏との関わりを明らかにすることに挑む。また、古環境復元と生物の変動についての新たな手法開発に着手する。

サブテーマ 2 「極限環境における生物多様性とそのパターン」

南極沿岸域の氷床、氷河、湖沼生態系から見た地球環境の変遷およびそこに見られる極限生物の多様性と分布パターンの解明を行う。これまでに極湖沼底のコケ坊主について行ってきた 16S/18S rRNA 遺伝子解析、及び、物質生産・物質循環に関与する微生物、酵素についてさらに大規模解析を行う。また沿岸域の氷床末端、氷床上、氷床下などの境界領域を、氷床を取り巻く自由水環境と位置づけ、そこに存在する生物圏を探索する。レーダ、サーマルドリル、熱水ドリルを導入し、氷床下水系の水文学的研究、微生物生態系研究を面的に展開する。

サブテーマ 3 「極限生物の環境適応メカニズムと進化」

極限微生物の多様性と環境への適応メカニズムおよび進化プロセスの解明を行う。メタゲノム解析、ゲノム解析、一細胞からの遺伝子解析等の幅広い手法を応用し、堆積物や氷床コア中の微生物生態系解析を行う。特に機能遺伝子解析からの生態系内物質代謝メカニズムの解明、環境耐性遺伝子からの適応機構の解明を目

指す。

(2) 各年度の計画

平成 24 年度 (中間評価)

(全 体)

南極ドームふじ氷床コアや北極グリーンランド氷床コアから詳細な気候・環境変動を復元し、その変動の中での微生物の対応・進化の解析のために、物理・化学的・生物的解析システムのインフラを整備しつつ、第 I 期計画で研究成果の上がった研究テーマのとりまとめを行った。世界各地から得られた氷河生態系における微生物試料及び、氷床コア中の微生物及び生物起源物質の解明、極限微生物の多様性と進化メカニズムに焦点を合わせた研究を進めた。

平成 24 年度は、地球環境変動下の生命の進化、多様性を解明するために、両極の氷床における表面、浅層、深層、最深部など時間軸に沿った微生物解析を引き続き行う。また、微生物・ウイルスの進化メカニズムの研究を継続して行う。極限環境の南極産線虫、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、分類学的解析の結果をとりまとめ、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、極限環境下の地球環境変動と生命システムのメカニズムを解明する。

サブテーマ 1

1-1) 氷床、氷河コアの総合解析による地球環境変動の解明

ドームふじ深層コアの基本解析データセット作成を継続する。最終氷期の AIM イベントや Mid-Bruhnes イベントの研究に加えて MIS14 (55 万年) 以前の気候・環境変動について、特に氷期中の温暖化と寒冷化である AIM について詳細に研究する。北半球のグリーンランドには高々 20 万年前の氷しか残っていないが、最終氷期の中で活発に急激な温暖-寒冷の気候変動である D/O イベントが明らかになっているが、南半球の氷床コアに残る AIM イベントから、地球全体に見た時間スケールの短い気候変動を明らかにする。また氷床底面付近の氷と、底面に存在する水の物理・化学的研究、微生物学的研究を進める。さらに、アイスコア自動融解・分注装置を実用化する。この装置に固体微粒子アナライザーと水安定同位体比アナライザーを接続し、ダストと水安定同位体比の自動分析法を開発する。

1-2) 氷床アイスコアに見る地球環境変動と生物との時系列解明

昨年度まで得られたラフなアセブルデータや 16S rDNA 遺伝子等の保存的な塩基配列から生物種に特異的なプライマーを作り出し、リアルタイム qPCR で微生物種の定量的データの取得を試みる。自動細胞解析分離装置を用いて氷床アイスコア中に含まれる微生物細胞を各反応 well に 1-数細胞程度ソーティングし、16S rDNA 遺伝子配列の解析や、微量細胞からのゲノム増幅をおこない、アイスコア中の微生物の群集構造解析をおこなう。平成 23 年度までに得られた知見を基に、氷期および間氷期の南極氷床アイスコア試料から、ウイルス、微生物、植物、花粉等のゲノム情報の取得や、リボソーム RNA 遺伝子等の保存的な遺伝子領域での PCR、クローンライブラリーの作成をおこなう。また、アイスコア中の微生物の培養や、雪氷環境中の抗生物質耐性遺伝子の変化を解析することで、人間活動が環境に与えるインパクトを評価する。これらの情報を集約させて中間評価をおこなう。

1-3) アイスコア中の微生物と環境変動

ドームふじアイスコアにおいて過去数十万年スケールでの微生物量の変動を明らかにする為に、これまで特にカバーしていなかった約 10 万年以前のアイスコアから引き続きサンプリングと微生物の定量を行い、鉱物粒子、イオンやガスなどの成分と比較し、濃度の増加に影響を与えうる要因との関連を検討する。

1-4) 氷河・氷床中の花粉 1 粒ずつの DNA 分析- 遺伝情報を利用した古環境復元-

マツ花粉を種レベルで同定するために、全ゲノム増幅法を取り入れた手法開発に取り組む。氷河中の花

粉に残存する核・ミトコンドリア・葉緑体ゲノム DNA を Phi29 DNAP と呼ばれる酵素を使って予備増幅し、増幅された DNA を材料として、種を同定するための塩基配列情報の取得を目指す。また、マツ花粉の種を同定するためのプライマー設計を開始する。手法を確立したのち、北極域の氷河氷から抽出したマツ花粉をもちいてテストし、種レベルでの同定を試みる。

サブテーマ 2

2-1) コケ坊主生態系の微生物種組成と物質循環構造

微生物の種組成および機能遺伝子の解析による物質循環系の全体像を解明する。地球生態系のミニチュアとして、生態系モデルの構築を進める。

2-2) 南極沿岸生態系の生物多様性と地史的変遷

クマムシ、センチュウを中心とした微小動物についての分類学的検討を進める。湖底堆積物コア中の微小動物相解析に着手することで、生物相の地史的変遷を復元する。

2-3) 周氷生態系における生物圏探索

氷河、氷床上の生態系と、沿岸陸上生態系との関係を明らかにする。

サブテーマ 3

3-1) 南極コケ坊主生態系を構成する微生物のゲノムおよびメタゲノム解析

平成 22・23 年度において取得した南極コケ坊主試料からの 1 細胞ゲノム解析（難培養性微生物）および培養可能株のゲノム解析、および平成 23 年度において取得した新たなコケ坊主試料からのメタゲノム解析情報などを集約することで、本プロジェクトの中間評価を行い、戦略的および技術的な修正・変更を見極める。

3-2) 南極線虫を用いた比較ゲノム解析

Panagrolaimus davidi の低温、乾燥、およびこれらからの回復期について異なる cDNA ライブラリを作成し、超平行配列解析装置によって配列データを取得し、低温、乾燥ストレスに対する耐性遺伝子候補をスクリーニングする。さらに、新たに飼育できた南極線虫については、乾燥、凍結耐性を確認し、これらの条件からの cDNA ライブラリの作成を行い、配列解析を行う。

3-3) 微量試料（氷床コア、地殻コアなど）における遺伝子解析技術の開発

LMD による微生物 1 細胞遺伝子分析の最大の利点は、微生物の局在を観察しながら任意の細胞を取得できることにある。第 52 次南極観測隊夏隊が持ち帰る“生きた”コケボウズ試料について、コケ細胞近傍における微生物-微生物、微生物-コケの物理的相互作用という視点で顕微鏡観察を行い、微生物種の同定を行う。

平成 25 年度

(全 体)

極域の氷床コアより取得された環境変動と生命情報、微生物・ウイルスの進化メカニズムについて研究を継続する。さらに、湖底や堆積物から得られた環境および生命情報を引き続き取得する。極地の大規模な環境変動（温暖化、海水準変動、海洋大循環等）を把握し、生命の進化、多様性について検討し、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、変動する極限環境下での生命システムのメカニズムを解明する。

サブテーマ 1

1-1) 氷床、氷河コアの総合解析による地球環境変動の解明

ドームふじ深層コアの基本解析データセット作成を継続する。AIM イベント、Mid-Bruhes イベントに

ついでの研究を継続する。氷床底面付近の氷と、底面に存在する水の物理・化学的研究、微生物学的研究を継続する。また、グリーンランド北西氷床にて計画されている 200m 氷床掘削コアを用いた北極域での地球環境変動を明らかにする研究を開始する。さらに、アイスコアの固体微粒子と水安定同位体比の自動分析法を確立し、実際のサンプルの分析を開始する。また、アイスコア自動融解・分注装置に ICP 質量分析装置を接続し、アイスコアの自動 ICP 質量分析法の開発に着手する。

1-2) 氷床アイスコアに見る地球環境変動と生物との時系列解明

氷床アイスコア中の微生物、ウィルス、植物等の大規模なメタゲノム解析に取り組むと共に、得られた膨大なゲノムデータから生物種に特異的なプライマーを作り出し、リアルタイム qPCR や digital PCR で生物種の定量的データの取得や、自動細胞解析分離装置を用いた微生物細胞から 16S rDNA 遺伝子配列解析に取り組む。数サイクル分の氷期-間氷期サイクルや、最終氷期 (LGM) からの気候変動イベントと生物情報に着目した解析をおこなう。また、自動細胞解析分離装置と集積流体回路チップとを組み合わせた分析をおこない、アイスコア試料中の 1 細胞からのゲノム増幅や定量的解析に取り組む。

1-3) アイスコア中の微生物と環境変動

北極域で行われているアイスコア掘削の試料を用いて、過去十数万年スケールでの微生物の変動を明らかにして、南北両極における微生物の変動を明らかにする。また、これらの違いから微生物の全球的、もしくは地域的な変動の原因をアイスコア解析から得られる過去の気候復元データから検討する。

1-4) 氷河・氷床中の花粉 1 粒ずつの DNA 分析-遺伝情報を利用した古環境復元-

平成 24 年度で開発した手法を南極表層雪試料中のマツ花粉に適用し、南極に飛来するマツ花粉の起源を明らかにする。そして、この実験の結果を数値実験による結果と比較・検討し、南極における物質循環の理解を深める。また、北極域氷河で掘削されたアイスコアをもちいて、そこに含まれるマツ花粉の DNA 分析に着手する。アイスコアの各時代に含まれるマツ花粉を種レベルで同定し、その変遷を明らかにする。この地域では氷河に含まれるマツ花粉は長距離輸送によるものなので、その種の情報から花粉起源の変遷についても明らかにする。

サブテーマ 2

2-1) コケ坊主生態系の微生物種組成と物質循環構造

これまでに得られた微生物構成と物質循環系、および内部環境データを元に、地球生態系のミニチュアとしてのコケ坊主生態系モデルを構築する。

2-2) 南極沿岸生態系の生物多様性と地史的変遷

生物多様性の現状を解明するとともに、湖底堆積物コア中の生物相解析による地史的変遷を復元し、古環境復元データとの関連を明らかにする。

2-3) 周氷生態系における生物圏探索

氷河、氷床上、および氷床下という特異環境下の生物相を解明する。

サブテーマ 3

3-1) 南極コケ坊主生態系を構成する微生物のゲノムおよびメタゲノム解析

コケ坊主試料からの微生物を中心とした大規模なゲノム解析およびメタゲノム解析に取り組むと共に、平成 24 年度までに得られた知見を基に、個々の微生物における環境 (低温、貧栄養) 適応のメカニズムや、微生物間での相互作用 (窒素固定、炭酸固定を中心とした代謝関連の共生関係) についてゲノムレベルでの解明を行う。

3-2) 南極線虫を用いた比較ゲノム解析

標準状態、低温・乾燥状態、およびこれらからの回復状態においた南極線虫からタンパク質の抽出を行

い、発現パターンの比較を行う。これらのストレス下において発現が変化するタンパク質を同定し、質量分析装置により耐性遺伝子候補を決定する。また cDNA、およびタンパク質の発現パターンの比較から得られた耐性候補遺伝子について、タンパク質を大量に精製し、生化学的な機能解析を行う。

3-3) 微量試料（氷床コア、地殻コアなど）における遺伝子解析技術の開発

コケ細胞近傍において物理的相互作用が認められた微生物-微生物、微生物-コケのうち、コケの生育に積極的な関与が示唆される微生物についてさらに解析をすすめる。そのような微生物として例えば、細胞内共生菌や菌根様を形成する微生物、細胞壁や仮根など特定の部位に局在するものを想定している。

平成 26 年度

(全 体)

極域の氷床コアより取得された環境変動と生命情報と、湖底や堆積物から得られた環境および生命情報を引き続き取得する。氷床コアから時系列的に微生物・ウイルスを検出し、人間圏との関わりを明らかにすることに挑む。地球環境の変動と微生物の進化・多様化の相互作用のとりまとめを行い、変動する極限環境下での生命システムのメカニズムを解明する。

サブテーマ 1

1-1) 氷床、氷河コアの総合解析による地球環境変動の解明

ドームふじ深層コアの基本解析データセット作成を継続する。AIM イベント、Mid-Bruhnes イベントについての研究を継続する。また、グリーンランド北西氷床にて計画されている 200m 氷床掘削コアを用いた北極域での地球環境変動を明らかにする研究を行う。25 年度に引き続き、アイスコアの ICP 質量分析の自動化を完成させる。

1-2) 氷床アイスコアに見る地球環境変動と生物との時系列解明

平成 25 年度までに得られた知見を基に、複数のアイスコア試料からメタゲノム解析や 1 細胞ゲノムの解析をおこなう。氷床アイスコアに刻まれている各種気候学的なイベントや、宇宙線強度変動や太陽活動変動要素と、生物やウイルスとの関係性や進化的視点に着目した解析をおこなう。

1-3) アイスコア中の微生物と環境変動

人為起源の影響を非常に受けやすい山岳地域アイスコア試料から数千年スケールでの微生物の変動を明らかにする。極域アイスコアからの長期的な微生物変動データと比較し、特に人為起源の影響が強く現れると考えられる、文明圏成立後の環境変動に着目する。

1-4) 氷河・氷床中の花粉 1 粒ずつの DNA 分析- 遺伝情報を利用した古環境復元 -

引き続き北極アイスコアの解析を進める。そして、本研究より明らかになる花粉起源の情報と数値実験による結果を比較・検討し、北極域の物質循環の変遷について考察する。また、ロシアの山岳氷河で掘削されたアイスコアをもちいて、そこに含まれるマツ花粉の DNA 分析をおこない、気候・環境変動にともなうマツ種の変遷の研究に着手する。DNA の分析は平成 24 年度に開発した全ゲノム増幅法をもちいる。

サブテーマ 2

2-1) コケ坊主生態系の微生物種組成と物質循環構造

地球生態系のミニチュアとしてのコケ坊主生態系モデルを完成するとともに、南極湖沼生態系のサブユニットとしての位置付けから、研究対象を南極湖沼生態系全体の多様性・物質循環系に拡大する。

2-2) 南極沿岸生態系の生物多様性と地史的変遷

生物多様性と物質循環に基づくネットワークを明らかにし、沿岸生態系の動的なシステムを解明する。これと地史的変遷モデルとを組み合わせることにより、ネットワークの変遷という新たな次元へと展開さ

せる。

2-3) 周氷生態系における生物圏探索

大陸氷床上、氷床中、氷床下全体を周氷生態系と位置付け、生物相と物質循環系を明らかにする。

サブテーマ3

3-1) 南極コケ坊主生態系を構成する微生物のゲノムおよびメタゲノム解析

平成25年度までに得られた知見を基に、コケ坊主生態系を構成する微生物の起源(由来)を解明するために、湖沼底堆積物、氷床下水系、氷床コア、地殻コアなどの試料においてもメタゲノム解析を行い、これらの比較を行う。また、必要に応じて個別生物間での詳細なゲノム解析比較を行う。

3-2) 南極線虫を用いた比較ゲノム解析

南極線虫の体内での機能解析を行うため、コントロール遺伝子(致死率が高いなど、効果の観察が容易な遺伝子)を使ってRNAi(RNA干渉)法の確立を試みる。また、モデル線虫*C. elegans*への南極線虫遺伝子の導入による耐性機能の獲得を試みる。

3-3) 微量試料(氷床コア、地殻コアなど)における遺伝子解析技術の開発

前年までの知見として、同定できる微生物は難培養性であることが予想され、そのゲノムを解析するにはLMDを使った1細胞分取と全ゲノム増幅法の確立が必須である。その技術的検討は平成23年度を中心に行う予定だが、その技術が確立されていない場合、コケ細胞近傍の微生物をまとめて取得し、“メタ”ゲノム解析を行うことを検討する。

平成27年度

(全体)

3つの研究課題「氷河、氷床コアに見る地球環境の変遷と生物の変動、人間圏との関わり」、「極限環境における生物多様性とそのパターン」、「極限生物の環境適応メカニズムと進化」について研究を遂行し、これらを統合的に取りまとめ、地球生命システム学の構築を目指す。研究成果を公開するとともに、地球生命システム学についての国際共同研究を主導する。

サブテーマ1

1-1) 氷床、氷河コアの総合解析による地球環境変動の解明

ドームふじ深層コアの基本解析データセット作成を完成する。氷床コア研究が学際的に行われているので、地球環境変動研究の現状をまとめるとともに、将来に実施すべき研究の方向を検討する。データベースを作成し、これを公開することで地球環境変動史などの研究進展に貢献する。また、アイスコア自動融解・分注装置にLC/MSを接続し、アイスコアの自動LC/MS分析法の開発を行う。

1-2) 氷床アイスコアに見る地球環境変動と生物との時系列解明

環境変動とそれに伴う氷床生物および微生物・ウィルスの変化を時系列ごとに解析することで、地球環境変動に対する地球生命システムの環境適応のメカニズムの解明をめざす。

1-3) アイスコア中の微生物と環境変動

これまで得られた様々な地域のアイスコア中の微生物変動データから、過去数万年から数千年にわたる変動を総合的に整理して、様々な年代スケールでの微生物量変動から、これまでになかった視点からの環境復元法の確立を目指す。

1-4) 氷河・氷床中の花粉1粒ずつのDNA分析—遺伝情報を利用した古環境復元—

引き続き山岳氷河のアイスコア解析を進める。この地域では、氷河中の花粉は周辺植生由来と考えられる。各時代のマツ種の変遷を明らかにし、先行研究により明らかにされている気候・環境変動との関係を

考察する。

サブテーマ 2

2-1) コケ坊主生態系の微生物種組成と物質循環構造

コケ坊主を中心とした南極湖沼生態系の生物多様性の全容、および各生物種が生態系の中に占める栄養的地位に基づくネットワークモデルを完成させる。

2-2) 南極沿岸生態系の生物多様性と地史的変遷

南極沿岸生態系の生物多様性と物質循環に基づくネットワークを明らかにし、その地史的変遷を明らかにする。

2-3) 周氷生態系における生物圏探索

周氷生態系における生物相を明らかにすると共に、その物質循環からの特性を明らかにする。

サブテーマ 3

3-1) 南極コケ坊主生態系を構成する微生物のゲノムおよびメタゲノム解析

本プロジェクトの集大成として、南極環境（低温、貧栄養、紫外線照射など）における個々の微生物および共生関係について、ゲノムレベルでコケ坊主生態系を評価することで、地球環境変動に対する生命システムの環境適応のメカニズムの解明をめざす。

3-2) 南極線虫を用いた比較ゲノム解析

乾燥、凍結耐性を持たない南極線虫の近縁線虫の cDNA、タンパク質の発現パターンの比較から、耐性遺伝子の同定を試みる。また、耐性候補遺伝子について、RNAi (RNA 干渉法) を使って遺伝子機能阻害を試みる。

3-3) 微量試料（氷床コア、地殻コアなど）における遺伝子解析技術の開発

前年まで主にコケボウズ試料を解析の中心とするが、適宜その他の試料（氷床コア、地殻コアなど）についても LMD による 1 細胞ゲノム分析の対象としていく。それらの解析を通して、本プロジェクトで培った LMD による 1 細胞ゲノム解析技術の技術的な適応範囲、例えば解析可能な試料形態、菌種、精度などを明らかにし、次代の研究のために役立てる。

平成 28 年度以降の展開

(全 体)

南極及び北極の氷床コア、極限環境より取得された環境と生命情報をとりまとめ、地球環境変動から今日まで生起している環境変動（温暖化、海水準変動、海洋大循環等）の相互作用について考察し、極限環境下の地球環境変動の解析と生命システム学を構築する。

サブテーマ 1

南極及び北極の氷河、氷床コアと、極限環境より取得された環境情報と生命情報を空間軸と時間軸に沿って、地球規模にとりまとめる。過去と現在の地球環境変動と生物の相互作用について考察する。

サブテーマ 2

南極湖沼を含む沿岸生態系、氷床を巡る周氷生態系を統一的に理解するため、生物多様性の全体像および物質循環のネットワークを明らかにする。このような生態系の全体像の理解は、系の構成が単純な南極でしかなしえないものである。さらに、堆積物からの過去の変動、および数値モデルからの将来変動の予測と、時間軸に沿った南極生態系の動態を明らかにする。

サブテーマ3

3-1) 南極コケ坊主生態系を構成する微生物のゲノムおよびメタゲノム解析

本プロジェクトで取得された貴重な遺伝資源に対して、人類に有用な遺伝資源の活用および機能未知遺伝子の機能解明をめざす。

3-2) 南極線虫を用いた比較ゲノム解析

耐性候補遺伝子の培養細胞への導入、トランスジェニックマウスなどの作成を行い、高等生物での凍結・乾燥耐性の付加を試みる。

3-3) 微量試料（氷床コア、地殻コアなど）における遺伝子解析技術の開発

本研究プロジェクトを通して培った1細胞ゲノム解析技術の適応を様々な試料に対して行う。難培養性の微生物を研究対象とするあらゆる分野、特に顕微鏡による観察像が重要な情報となる研究に役立つものと考えられる。

[3] 研究推進・実施体制

4 研究所が連携して研究を進めるほかに、北海道大学、筑波大学、千葉大、東京大学、日本海洋技術研究機構(JAMSTEC)、東京工業大学、玉川大学、京都大学、京都府立大学、広島大学等と連携する。極地研はドームふじ氷床コア・コンソーシアム(ICC)、附属施設である南極昭和基地、北極スバルバル、日本ニーオルスン基地の利用をはじめ、北海道大学低温科学研究所、北見工業大学、JAMSTEC、アラスカ大学国際北極研究センターと共同研究を目的に MOU を交わしている。本プロジェクトを推進していく上でこれらの機関との連携は必須であり、現在、国内外の研究体制は整備されている。

プロジェクトディレクター 本山秀明〔国立極地研究所〕

サブプロジェクトディレクター 伊村 智〔国立極地研究所〕

・共同研究者

〔極地研〕	東久美子、藤田秀二、川村賢二、工藤 栄、内田雅己、三浦英樹、菅沼悠介、神田啓史、福地光男
〔遺伝研〕	小原雄治、仁木宏典、斎藤成也、菅原秀明、豊田 敦、中井亮佑
〔遺伝研・情報研〕	藤山秋佐夫
〔情報研〕	佐藤真一
〔統数研〕	曹 纓、足立 淳
〔新領域融合研究センター〕	近藤伸二、瀬川高弘、植竹 淳、中澤文男、小林悟志、馬場知哉、柳原克彦、鹿兒島浩、KRYUKOV Krill、丸山多恵子
〔北海道大学〕	福井 学、的場澄人、飯塚芳徳
〔札幌医科大学〕	鬼頭研二
〔慶應大学〕	鈴木 忠
〔筑波大学〕	永田恭介
〔千葉大〕	竹内 望
〔東京工大〕	黒川 顕、本郷裕一
〔東京大学〕	金子 亮
〔玉川大学〕	吉村義隆
〔海洋研究開発機構〕	高野淑識
〔長浜バイオ大〕	池村淑道
〔新潟大学〕	阿部貴志

〔京都大学〕	幸島司郎
〔京都府立大学〕	牛田一成
〔広島大学〕	長沼 毅
〔琉球大学〕	植村 立
〔国立感染症研究所〕	内藤忠介
〔British Antarctic Survey, GB〕	Peter Convey, Rolf Maslen
〔Otago University, NZ〕	David Wharton
〔復旦大学、中国〕	米澤隆弘

サブテーマ

本研究プロジェクトは3つのサブテーマのもとに推進するが、構成員は相互に流動しながら研究を進め、サブテーマの研究代表者のもとで取りまとめていく。

サブテーマ1 「氷河、氷床コアに見る地球環境の変遷と生物の変動、人間圏との関わり」

- ・研究代表者
 - 〔極地研〕 本山秀明
- ・共同研究者
 - 〔極地研〕 東久美子、藤田秀二、川村賢二
 - 〔遺伝研〕 小原雄治、仁木宏典、斎藤成也
 - 〔遺伝研・情報研〕 藤山秋佐夫
 - 〔新領域融合研究センター〕 近藤伸二、瀬川高弘、植竹 淳、中澤文男、馬場知哉、柳原克彦、
KRYUKOV Krill
 - 〔北海道大学〕 福井 学、的場澄人、飯塚芳徳
 - 〔京都府立大学〕 牛田一成
 - 〔玉川大学〕 吉村義隆
 - 〔東京工大〕 黒川 顕、本郷裕一
 - 〔京都大学〕 幸島司郎
 - 〔長浜バイオ大〕 池村淑道
 - 〔新潟大学〕 阿部貴志
 - 〔筑波大学〕 永田恭介
 - 〔千葉大学〕 竹内 望
 - 〔琉球大学〕 植村 立
 - 〔国立感染症研究所〕 内藤忠介

サブテーマ2 「極限環境における生物多様性とそのパターン」

- ・研究代表者
 - 〔極地研〕 伊村 智
- ・共同研究者
 - 〔極地研〕 工藤 栄、内田雅己、神田啓史、三浦英樹、菅沼悠介、福地光男
 - 〔遺伝研〕 小原雄治、中井亮佑
 - 〔新領域融合研究センター〕 瀬川高弘、植竹 淳、中澤文男、小林悟志、鹿児島浩
 - 〔京都大学〕 幸島司郎

〔広島大学〕	長沼 毅
〔北海道大学〕	福井 学
〔海洋研究開発機構〕	高野淑識
〔東京大学大気海洋研究所〕	金子 亮
〔札幌医科大学〕	鬼頭研二
〔慶應大学〕	鈴木 忠

サブテーマ3 「極限生物の環境適応メカニズムと進化」

・研究代表者

〔遺伝研〕 仁木宏典

・共同研究者

〔遺伝研〕 小原雄治、豊田 敦、斎藤成也、中井亮佑、菅原秀明

〔遺伝研・情報研〕 藤山秋佐夫

〔情報研〕 佐藤真一

〔統数研〕 曹 纓、足立 淳

〔新領域融合研究センター〕 近藤伸二、瀬川高弘、馬場知哉、柳原克彦、鹿児島浩、KRYUKOV Krill、丸山多恵子

〔新潟大学〕 阿部貴志

〔広島大学〕 長沼 毅

〔長浜バイオ大〕 池村淑道

〔千葉大学〕 竹内 望

〔札幌医科大学〕 鬼頭研二

〔British Antarctic Survey, GB〕 Peter Convey, Rolf Maslen

〔Otago University, NZ〕 David Wharton

〔復旦大学、中国〕 米澤隆弘

〔4〕 研究の進捗状況

平成24年度の研究の進捗状況をサブテーマ毎にまとめた。なお、各年度の計画とサブタイトルが一致しないが、研究内容がわかりやすいサブタイトルとした。

サブテーマ1 「氷河、氷床コアに見る地球環境の変遷と生物の変動、人間圏との関わり」

I) 氷床、氷河コアの総合解析による地球環境変動の解明

(1) ドームふじコア研究と、関連の気候システム研究

- ・水の安定同位体、ダスト、イオンの分析

第2期ドームふじコアの深度2400～3035mについて、化学基本分析を継続した。

- ・最終氷期における南極の温暖化イベント(AIM)の分析と研究

AIM3～8を7～10年という高時間分解能で化学分析。AIM3～4については、解析結果を学会で発表し、論文を準備中。

- ・雪氷コア自動融解・分注装置の開発を続けた。

(2) 南極多点浅層コアおよび表面・内部・底面現象の観測

- ・既存の南極多点浅層コアの解析を実施した。また、ドームふじ周辺にて浅層コアと積雪ピットの採取、沿岸から内陸まで表面積雪を採集。これらの解析・研究発表をおこなった。

II)南極アイスコア・氷河サンプル群より採取された細菌叢のメタゲノム及び単離された微生物のゲノム解析研究

II-1) 南極氷床アイスコア中の微生物は細胞濃度が極めて低い上に、そのほとんどが培養不可能な細胞であり、また試料年代が非常に古く、解析するには非常に高度な技術が必要である。また実験室からのコンタミネーションの問題も焦点となってくる。そこで、氷試料から微生物を採取するためのアイスコア融解装置の改良や、培養不能細菌の少数細胞からのゲノム完全長取得法や、微量 RNA から全トランスクリプトーム増幅法の開発、改良をおこなった。ドームふじアイスコア試料中の極めて少ない細胞数に対して、数サンプルの氷期および間氷期試料の分析をおこなった。ゲノム完全長取得法を用いた全ゲノム増幅を用いて、メタゲノムライブラリーの作成をおこない、国立遺伝学研究所の新型シーケンサー (HiSeq2000) にてゲノム解読をおこなった。

II-2) 南極アイスコアの異なる深度から採取されたサンプル群の細菌叢のゲノム DNA に対し、次世代シーケンサ (454 シーケンサ) によるシーケンスをおこなった。得られた大量の DNA 配列をメタゲノム手法による解析をおこない、存在する細菌種の同定、ゲノム上にコードされている遺伝子群の決定、それら遺伝子群の機能の予測、及びそれら細菌叢で支配的に行われている代謝経路の同定作業を行い、第一次の解析結果を報告した。また、同サイトから得られたサンプルより単離された微生物群のゲノム DNA 配列の第一次解析も行った。

III) 石筍内部及び外部の細菌叢のメタゲノム解析研究

鍾乳洞に形成される石筍の酸素同位体組成は、それが形成された当時の温度や滴下水の組成などを反映することが知られている。石筍はアイスコアと並んで陸域環境に関する長期時系列記録を復元できる地質試料として注目されており、最近、石筍中の化学成分を用いた古環境復元研究がおこなわれている。従来の解析では、同位体比や化学成分など物理・化学的な分析のみが考慮され、生物学的観点による研究は報告されてこなかった。そこで本研究では、長期間石筍試料内部に封じ込められた試料からのゲノム解析に着手した。

石筍試料の内部及び外から採取された細菌叢のゲノム DNA を次世代シーケンサ (454 及び ILLUMINA シーケンサ) を用いてシーケンスした。得られた大量の DNA 配列に対してメタゲノム手法を用いて解析し、存在する細菌種の同定比較 (図 1)、ゲノム上にコードされている遺伝子群の決定、それら遺伝子群の機能の予測、及びそれら細菌叢で支配的に行われている代謝経路の同定作業を行い、第一次の解析結果を報告し、それらの改良に取り組んでいる。総 150 GB を超える大量の配列データを効率的かつ迅速に処理・解析 (配列アセンブリ、遺伝子予測、既存のデータベース上の存在する大量の遺伝子情報との照合による機能予測及びタンパク質代謝経路の推定) するコンピュータ解析パイプラインを遺伝研スーパーコンピュータ上に構築し、改良を重ねて来ている。また、16S rDNA 遺伝子配列に基づく解析結果との比較解析及び tRNA 群の解析を行った。微量の資料からの DNA 採取によるシーケンスの問題点の評価、同問題点を補てんする解析方法の開発にも取り組んで来た。

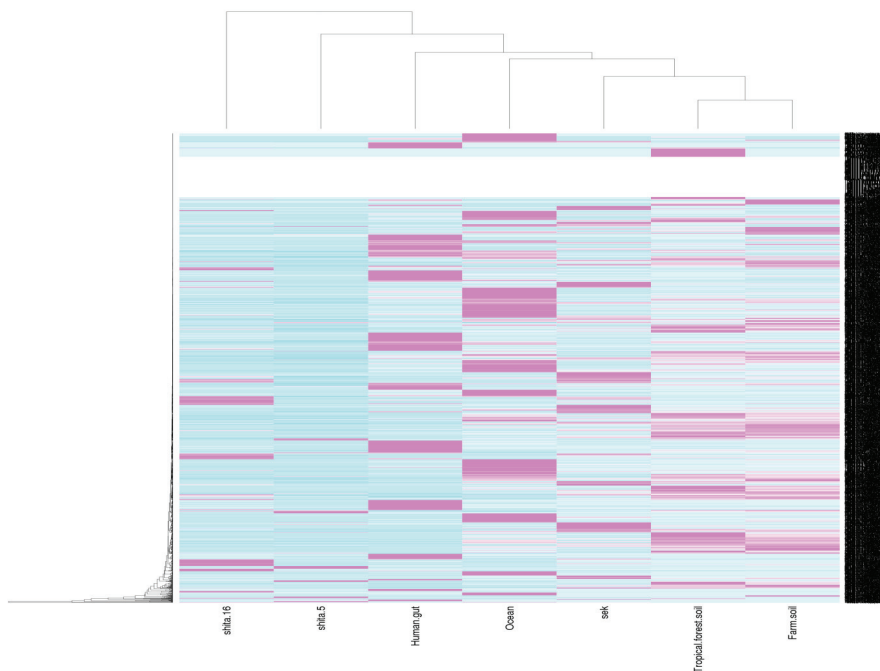


図1：メタゲノムDNAデータより得られた石筍内部 (shita-5、shita-16)、石筍外部 (sek)、ヒト腸内細菌 (Human gut)、海水 (Ocean) 及び土壌 (農場：Farm soil、熱帯雨林：Tropical forest soil) 間の微生物種分布の比較解析。石筍外部 (sek) の生物種は土壌に生息する生物種と類似するが、石筍内部 (shita-5、shita-16) の生物種は、既存のメタゲノムサンプルと類似するものが無く、石筍内部が極めて特殊な生物圏であることを示唆している。

IV) NEEM アイスコア中における微生物濃度の測定

南極や北極の氷床アイスコアは、数万年～数十万年以上の環境変動の記録と環境変動に対応し飛来してきた微生物の量や種類の情報を含んでいると考えられる。氷床中に飛来してくる風送粒子の量や発生源は氷期・間氷期とでは異なる事が報告されており、同じく周辺の大陸起源と考えられる微生物も風送粒子と同様に量や種類が変動している可能性がある。

グリーンランド NEEM アイスコアでは、底部の深度 1560～1819m、および 2181～2528m の微生物測定を実施した。その結果、微生物濃度は多い所で 2000cells/ml を超え、現在のグリーンランド氷床よりも高濃度の層が多数確認された。これらの微生物高濃度層と風送粒子の指標となる Ca^{2+} の関連性を調べたところ、表層で確認された現象と同じく微生物ピークと鉱物粒子のピークの相関はほとんど見られなかった。このことから、アイスコア中に含まれる微生物は鉱物粒子の堆積とは異なるプロセスで氷床上に堆積している事が示唆された。

V) 氷河・氷床中の花粉 1 粒ずつの DNA 分析—遺伝情報を利用した古環境復元—

本研究の目的は、1) 南極氷床中のマツ属花粉 1 粒ずつを DNA 分析し、種を同定したのち、その分布域をもとに花粉の起源を推定すること。さらに、2) 南極氷床で広域的に採取した表層雪氷試料を 1) の方法で解析し、氷床へ輸送される固体微粒子の起源を時空間的に明らかにし、数値実験による結果と本研究から明らかになる室内実験の結果との比較から、南極における物質循環の理解を深めることにある。

これまで種を同定するための手法開発に取り組んできた。昨年度までの成果は、1) マツ属花粉を節のレベルで同定することに成功し、2) DNA 分析の成功率は 7.6%と先行研究のそれを凌ぐ結果を得た。本年度は、さらに一階級下 (種の一階級上) の亜節レベルで同定することに成功した。また、DNA 分析の成功率向上を目指して新たにマルチプレックス PCR 法を採用した結果、成功率を 45%程度まで上げることに成功した。実験に使用したロシアアルタイ・ベルーハ氷河中のマツ属花粉からは、氷河周辺に分布するシベリアマツ (*Pinus sibirica*) と同節である *Quinquefoliae* 節のほか、北米にのみ分布する *Austerales* 亜節

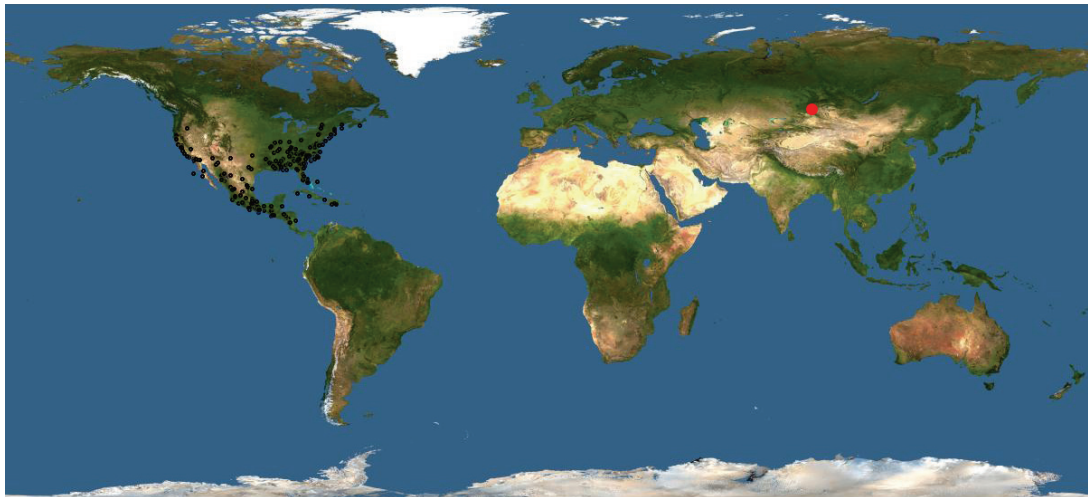
や、カナリア諸島・地中海・ヒマラヤにのみ生息する *Pinaster* 亜節に同定される花粉も見つかった。これらの亜節に属する花粉は、偏西風により長距離輸送されたものであると考えられる。従って、氷河中のマツ属花粉は近距離輸送のものと長距離輸送のものが混在していることがわかった。

今後アイスコアを利用して多数の花粉 DNA 分析が必要になること、さらに近距離と遠距離輸送による花粉の割合等を議論する際に多数のデータが必要になること等を考慮すると、さらなる実験のスピードアップが必要と考えられた。そこで今年度は、実験前処理にあたる花粉洗浄方法の改良に取り組んだ。エンドヌクレアーゼとエキソヌクレアーゼをもちいて花粉表面に付着している DNA コンタミネーションを除去する方法、さらに PCR キャリーオーバー防止試薬を使用することにより、以前に行った PCR 増幅産物からのコンタミネーションを除去する方法を従来の洗浄方法に組み入れた。これにより花粉洗浄に要する時間を、分析精度を落とすことなく、半分に短縮することができ、1日の処理数も2~3倍に増やすことが可能となった。

一方、全ゲノム増幅法の開発にも取り組んだ。各メーカーから発売されている種々の試薬を試したが、メーカーが提供するプロトコルでは増幅に成功しなかった。現在、各反応ステップについて氷河中の花粉サンプルに適した方法を検討中であり、今後はプロトコルの改良に取り組んでいく。

参考文献

Farjon, A. (2005) *Pines: Drawings and Descriptions of the Genus Pinus*, Leiden, Brill.



Aurales 亜節の分布域 (黒丸) とベルーハ氷河の位置 (赤丸)。(Global Mapper of Discover Life により作成)



シベリアマツの分布域 (緑部分) とベルーハ氷河の位置 (赤丸)。(Farjon (2005)より引用)

VI) フィールド蛍光顕微鏡の開発

本研究は、氷河や極地の湖沼のような極限環境に存在している微生物を、現場で検出、計測するために、高感度かつ高解像度のフィールド蛍光顕微鏡を開発することを目的としている。本顕微鏡を用いることにより、極地微生物の生態学的研究や、試料採取場所の選定などにおいて有益な情報が得られることが期待できる。

本研究で開発する顕微鏡は、極地での使用を想定し、低温（ -40°C ）から高温（ 85°C ）の広い温度範囲で使用可能、防水・防塵構造、湖沼などの水中でも観察できるように、試料をステージに載せることなく試料をそのままの状態を観察可能、幅広い面積を観察するためX軸・ θ 軸・Z軸装置駆動機構など、従来の蛍光顕微鏡には無い特徴を持っている。

昨年度までに、顕微鏡の設計、レーザーダイオードを用いた光源装置の製作、X軸・ θ 軸・Z軸装置駆動機構、顕微鏡を収納する外筒を製作した。本年度は、昨年度同様、元静岡大学・宮川厚夫氏の協力を得て、ダイクロイックミラーホイールの製作を行った。

製作したホイールは、種々の蛍光色素に最適な励起光が選択できるように、8枚のダイクロイックミラーを装着できるようにした。また、来年度以降製作予定の蛍光フィルターホイールと組み合わせることにより、CCD撮像素子の波長範囲 200nm から 1000nm の範囲で、自由に測定波長を選択できるようになる。その結果、多種類の蛍光色素を使用することができるだけでなく、蛍光スペクトルの測定や、クロロフィルなどの自家蛍光も検出可能になる。

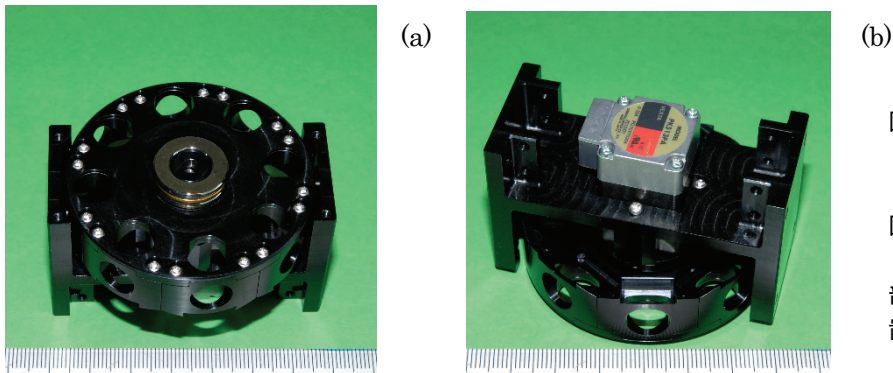


図1：製作したダイクロイックミラーホイール。
(a)：対物レンズ側から見た図。
(b)：(a)を逆にした写真。上部にホイール回転モータが設置されている。

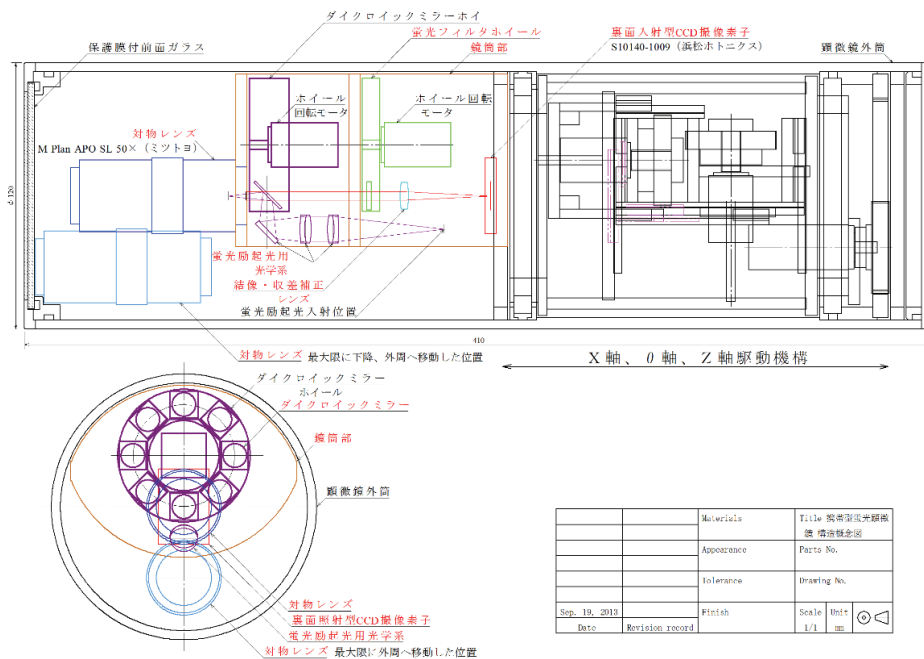


図2：本顕微鏡の構造概念図。これまでに、顕微鏡外筒、X軸・ θ 軸・Z軸装置駆動機構、光源部を製作し、今年度はダイクロイックミラーホイールの製作を行った。赤字で示したのは、来年度以降に製作予定の部分

サブテーマ2 「 極限環境における生物多様性とそのパターン」

I) グリーンランド北西部におけるクリオコナイトの形成過程による微生物種の変動

クリオコナイト (cryoconite) と呼ばれる顆粒状の構造は、様々な雪氷微生物の生息環境として知られている。これらは氷河表面に集積するとアルベドを低下し、氷河の融解を促進させる現象が世界各地の氷河で報告されている。一方でクリオコナイトがあまり発達しない氷河も多くあり、これらの形成に何らかの因子が関連している事が推測されるが、形成過程に関して十分な知見は得られていなかった。そのため、特に発達に最も重要であると考えられる形成の初期 (直径 30~99 μm 、100~244 μm) に着目して細菌相の比較を行った。クリオコナイトが発達している地点では、アジアなどのクリオコナイトから報告されているシアノバクテリアの *Phormidium pristleyi* が検出されたが、これらはクリオコナイトの発達が無いところでは全く検出されなかった。このことから、クリオコナイトの骨格を形成している *Phormidium pristleyi* が、形成初期に生育しているかどうか、クリオコナイトの発生の有無を決定しているのではないかと推測された。

II) ウガンダ・ルウェンゾリ山の氷河上に分布する塊状の蘚苔類 (コケ植物) (融合シーズ)

赤道直下のアフリカ、ルウェンゾリ山の氷河では、航空写真や衛星画像の解析などにより大幅な縮小が報告され、近い将来に消滅が予測されている。この縮小の原因には地球温暖化による温度上昇や乾燥化などが挙げられている。一方で、温暖氷河では氷河表面に雪氷微生物が増殖し黒色の汚れ物質を形成し、アルベドを低下させ氷河の融解を促進させていることがよく知られている。現地での調査の結果、氷河の縁辺部に直径約 1-3 cm、厚さ約 1-2 cm の黒色の有機物塊が多く分布している事が始めて明らかとなった。これらの塊も同様に氷河の融解に寄与している可能性があるが、生物学的な情報が全く不明であった。塊状構造を形成する種の培養と遺伝子解析から、これらは蘚類 *Ceratodon purpureus* の糸状の無性芽が大繁殖し、毛糸玉のように絡まっている構造であることがわかった。培養株の葉緑体の電子伝達速度 (Electron Transport Rate : ETR) は、5 $^{\circ}\text{C}$ の低温でも活性があるものの至適温度は 25 $^{\circ}\text{C}$ と陸上に生息する蘚苔類と同等であった。また塊状構造が多く存在する地点で、雪氷藻類の細胞数が最も多く、塊状構造は他の多くの微生物の生息環境となっている事が示された。

III) コケ坊主生態系の微生物種組成と物質循環構造

昨年度までに取得した 18S rRNA 遺伝子 (真核生物の系統分類に汎用される遺伝子領域) の塩基配列情報から、コケ坊主内の真核微生物相を網羅的に記載報告した (Nakai *et al. Polar Biology* 2012a)。また、生態系の一次生産のうち、二酸化炭素固定に関わる酵素である炭酸固定酵素 (RuBisCO) の配列情報についても整理し、コケ坊主の内外上下における二酸化炭素固定微生物の系統とその分布を国際誌に報告した (Nakai *et al. Polar Biology* 2012b)。

また、昨年度に引き続きコケ坊主共生生物相における窒素循環関連酵素遺伝子の多様性解析を進めた。本年度は、一酸化窒素から亜酸化窒素への還元を触媒する一酸化窒素還元酵素遺伝子 (*qnorB*) の配列情報について分子系統解析を行った。一酸化窒素還元プロセスは、脱窒 (窒素固定によって取り込まれた結合型窒素を分子状窒素として放散させる反応) において含窒ガスが出る鍵反応である。その結果、共生生物相が有する *qnorB* に近縁な遺伝子配列 (全 1265 件) は、Acidobacteria (1182 件)、Alphaproteobacteria (6 件)、Bacteroidetes (4 件) および Firmicutes (73 件) の 4 の細菌系統群に分子分類された。特に、Acidobacteria の *Candidatus Solibacter usitatus* Ellin6076 の *qnorB* に最近縁な配列がコケ坊主全体で優占的に検出された (全体の約 39%)。昨年度に報告したコケ坊主内の細菌群集構造解析においては、Acidobacteria に帰属する配列は全体の 3.5%であった (Nakai *et al. Polar Biology*; 2012c)。コケ坊主内における Acidobacteria の存在量は少数派ではあるものの、一酸化窒素の還元プロセスを担う重要な微生物

系統であることが示唆された。これまでの窒素固定酵素や脱窒関連酵素遺伝子群の解析結果を併せると、コケ坊主の外層と内層では、それぞれに異なる細菌コミュニティが窒素循環プロセスに関与しており、これら複数の細菌群によって窒素ガス→(窒素固定)→有機態窒素→(腐敗)→アンモニア→(硝化)→硝酸→(脱窒)→窒素ガスという窒素サイクルが回転しているモデルが想定された(下図)。

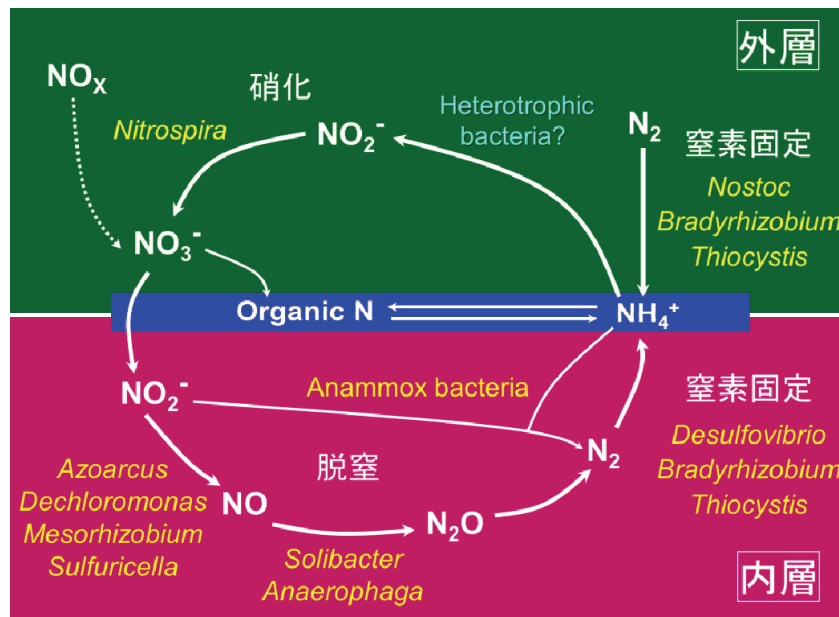


図. 遺伝子解析から推察されたコケ坊主内の窒素循環モデル

サブテーマ3 「極限生物の環境適応メカニズムと進化」

I) 南極コケ坊主生態系を構成する微生物のゲノムおよびメタゲノム解析

I - i) 南極コケ坊主の窒素固定細菌のゲノム解析

南極 Skarvsnes の池で採取されたコケ坊主試料より分離した *Rhizobium sp.* MP2 株のゲノム概要配列 (6.6 Mb) を決定した。16S rRNA 配列から *Rhizobium sp.* MP2 株は *Rhizobium* 属細菌の新種であることが示唆され (図1)、これまでに 15°C以下の低温で良好な生育を示す *Rhizobium* 属細菌の報告

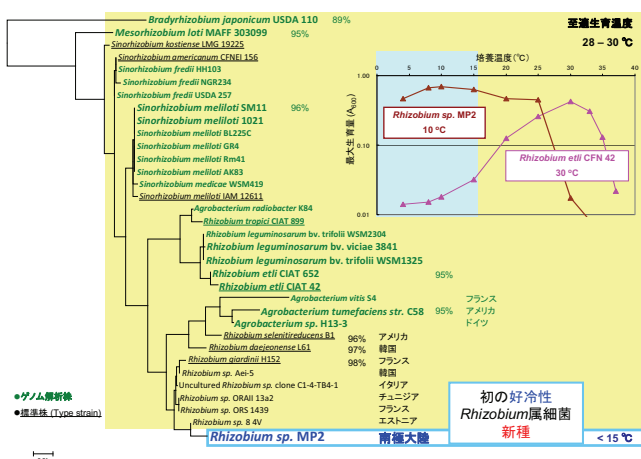


図1 窒素固定菌Rhizobium属細菌の16S rRNA系統樹

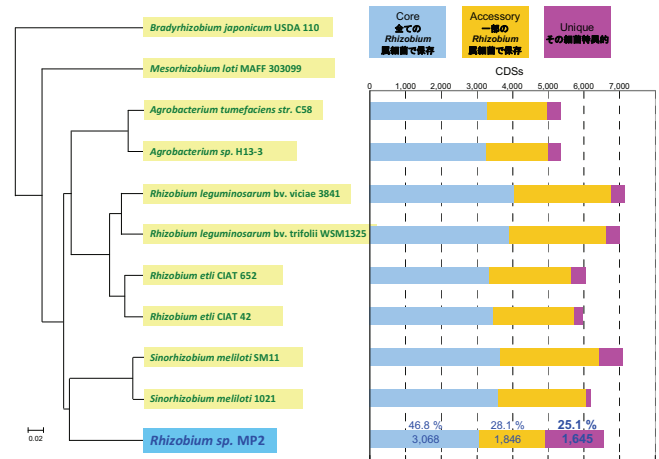


図2 Rhizobium属細菌ゲノム間での遺伝子(CDSs)の保存性比較

例が無いことから、*Rhizobium sp.* MP2 株は好冷性を示す極めて新規性の高い *Rhizobium* 属細菌の新種であることが明らかとなった。*Rhizobium sp.* MP2 株の比較ゲノム解析の結果、南極起源の好冷性 *Rhizobium* 属細菌の MP2 株は他の大陸起源の *Rhizobium* 属細菌とは異なるユニークな遺伝子群で構成された特異的なゲノム構造であることが明らかとなった (図2)。

I - ii) 南極コケ坊主細菌の低温適応機構の解明

南極の大陸起源の細菌では最初となるゲノム完全配列の決定に成功した本研究プロジェクトの *Pseudomonas sp.* MP1 株 (6.44 Mb) と今年度の *Rhizobium sp.* MP2 株の比較ゲノム解析の結果から、南極大陸上でコケ坊主の細菌が低温環境に適応したメカニズムのゲノムレベルでの解明を試みた結果、ゲノム上にコードされているタンパク質のアミノ酸組成、発現遺伝子の mRNA のコドン頻度、mRNA からタンパク質への翻訳に関わる tRNA 遺伝子のコピー数の、それぞれのレベルで共通した特性を見出した (図3)。

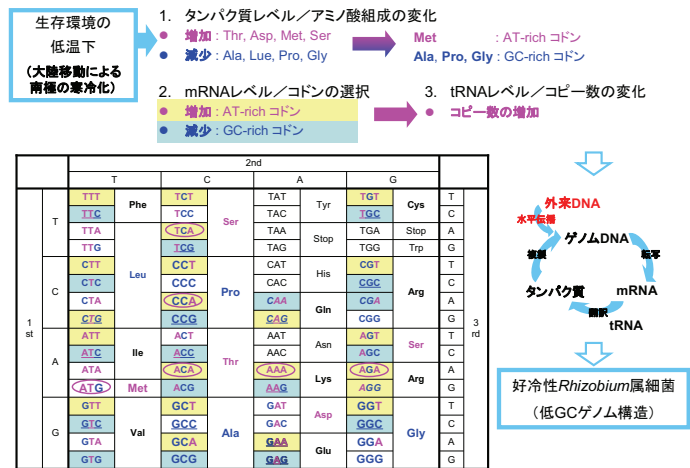


図3 南極 *Rhizobium sp.* MP2のゲノムレベルでの低温環境適応

II) 南極線虫を用いた比較ゲノム解析—乾燥・凍結耐性遺伝子の探索—

本研究は、体内の水分の完全な喪失や細胞内の凍結に耐性を持つ南極線虫、クマムシの持つ乾燥・凍結耐性遺伝子の同定を目的とする。平成23年度は以下の知見を得ることが出来、一部は論文化し発表を行った。

(i) 南極線虫 *Plectus murrayi* の長期冷凍保存

南極、宗谷海岸、Langhovde で1983年に採取され、その後、25.5年間凍結(−20度)保存された線虫 *Plectus murrayi* の回復・増殖に成功した。この凍結保存期間は生物として世界最長の記録である。本結果については国際的な科学雑誌 *CryoLetters* で発表を行った。

(ii) 南極クマムシ *Acutuncus antarcticus* の飼育法の確立、および形態学的・分子系統学的解析

南極、宗谷海岸、Langhovde, Skarvsnes のコケから、南極クマムシを単離し、飼育法を確立することに成功した。また形態学的・分子系統学的解析の両面から、この種が *Acutuncus antarcticus* であることを明らかにした。本結果については国際的な科学雑誌 *Journal of Limnology* で発表した。

(iii) 南極線虫 *Panagrolaimus davidi* の乾燥耐性を担う候補遺伝子、LEA 遺伝子の解析

南極線虫 *Panagrolaimus davidi* の cDNA、2万5千クローンの配列解析を行い、複数の環境耐性遺伝子候補を得た。この中から、LEA(Late Embryo Abundant) 遺伝子族(6種類) 遺伝子を選び出し、大腸菌でのこれらのタンパク質の大量合成を試みた。予備実験として行った小型の LEA7.2 タンパク質は大量に産生でき、タンパク質の精製に成功した。このタンパク質は予想された通り、強力な熱安定性を持っていた。

III) 微量試料(氷床コア、地殻コアなど)における遺伝子解析技術の開発

コケ坊主を構成するコケは、極めて貧栄養の南極湖沼に生育することから、生育に必要な栄養塩(リン酸塩や硝酸塩など)を共生微生物から得ているのではないかと考えられる。このコケの生育には、必ずしもコケ坊主という形態を必要としないことから、生育に必要な共生微生物はコケの内部あるいはすぐ近傍に存在することが考えられる。そこで、長池および仏池のコケ坊主を材料に用いて、コケと共生関係にある微生物の同定を目標に、コケ細胞近傍の微生物群落の解析を行った。具体的には、コケ細胞近傍をレーザーマイクロダイセクション顕微鏡で分離し、そこに含まれる細菌及び真菌類の 16S/ 18S rDNA を解析した。その結果、コケ類の葉緑体の他、窒素固定菌や他のコケ種と共生関係にあることが示唆されている外

生菌根菌に高い相同性を持つ真菌が見出された。この真菌は顕微鏡下でコケのすぐ近傍によく観察され、洗浄したコケから真菌類の ITS 領域を PCR で増幅するところの真菌のみが検出された。また、表面を殺菌したコケを切断し培地上に播種すると、コケの切断面からこの真菌が生育することが分かった。以上のことから、この真菌はコケの内部に侵入する菌根菌であることが示唆された。さらに、コケ坊主の内生細菌の培養を試み、両池のコケに共通して見られる細菌を複数種分離した。

[5] 研究成果物

① 知見・成果物・知的財産権等
特になし

② 成果発表等
<論文発表>

[学術論文]

1. Buizert, C., Martinerie, P., Petrenko, V. V., Severinghaus, J. P., Trudinger, C. M., Witrant, E., Rosen, J. L., Orsi, A. J., Rubino, M., Etheridge, D. M., Steele, L. P., Hogan, C., Laube, J. C., Sturges, W. T., Levchenko, V. A., Smith, A. M., Levin, I., Conway, T. J., Dlugokencky, E. J., Lang, P. M., Kawamura, K., Jenk, T. M., White, J. W. C., Sowers, T., Schwander, J. and Blunier, T., Gas transport in firn: multiple-tracer characterisation and model intercomparison for NEEM, Northern Greenland, 12, 4259-4277, 2012.
2. Deschamps, P., Durand, N., Bard, E., Hamelin, B., Camoin, G., Thomas, A.L., Henderson, C.M., Okuno, J., Yokoyama, Y., Ice-sheet collapse and sea-level rise at the Bølling warming 14,600 years ago, *Nature*, 483, 559-564, 2012.
3. Fujita, S., Enomoto, H., Fukui, K., Iizuka, Y., Motoyama, H., Nakazawa, F., Sugiyama, S. and Surdyk, S., (2012), Formation and metamorphism of stratified firn at sites located under spatial variations of accumulation rate and wind speed on the East Antarctic ice divide near Dome Fuji, *The Cryosphere Discuss*, 6, 1-63, doi:10.5194/tcd-6-1-2012.
4. Fujita, S., Holmlund, P., Matsuoka, K., Enomoto, H., Fukui, K., Nakazawa, F., Sugiyama, S., and Surdyk, S., Radar diagnosis of the subglacial conditions in Dronning Maud Land, East Antarctica, *The Cryosphere*, 6, 1203-1219. www.the-cryosphere.net/6/1203/2012/, doi:10.5194/tc-6-1203-2012, 2012
5. Iizuka, Y., Tsuchimoto, A., Hoshina, Y., Sakurai, T., Hansson, M., Karlin, T., Fujita, K., Nakazawa, F., Motoyama, H. and Fujita, S., (2012), The rates of sea salt sulfatization in the atmosphere and surface snow of inland Antarctica, *J. Geophys. Res.*, 117, D04308, doi:10.1029/2011JD016378.
6. Iizuka, Y., Uemura, R., Motoyama, H., Suzuki, T., Miyake, T., Hirabayashi, M., Hondo, T., Sulphate-climate coupling over the past 300,000 years in inland Antarctica, *Nature*, 490, doi:10.1038/nature11359, 2012
7. Ishii, S., Segawa, T. and Okabe, S., Simultaneous Quantification of Multiple Food and Waterborne Pathogens by Use of Microfluidic Quantitative PCR, *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, doi:10.1128/AEM.00205-13
8. Jadoon, W.A., Nakai, R., Naganuma, T., Biogeographical note on Antarctic microflorae: endemism and cosmopolitanism. *Geoscience Frontiers*, Published online before print (<http://dx.doi.org/10.1016/j.gsf.2012.11.002>) (in press)
9. Kagoshima, H., Imura, S., Suzuki, A.C., Molecular and morphological analysis of an Antarctic tardigrade, *Acutuncus antarcticus*. *Journal of Limnology*. 72(s1):15-23, 2013

10. Kagoshima, H., Cassata, G., Tong, Y.G., Pujol, N., Niklaus, G., Bürglin, TR., The LIM homeobox gene *ceh-14* regulates neurite outgrowth in select neurons. *Dev Biol.* 2013 Aug 15; 380(2):314-23. doi: 10.1016/j.ydbio.2013.04.009. Epub 2013 Apr 19.
11. Kagoshima, H., Kito, K., Aizu, T., Shin-i, T., Kanda, H., Kobayashi, S., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kohara, Y., Convey, P., Niki, H., Multi-decadal survival of an Antarctic nematode, *Plectus murrayi*, in a -20° C stored moss sample. *Cryo Letters.* 2012 Jul-Aug; 33(4):280-8.
12. Kang, J.-H., Son, M.-H., Hur, S.D., Hong, S., Motoyama, H., Fukui, K., Chang, Y.-S., Deposition of organochlorine pesticides into the surface snow of East Antarctica, *Science of the Total Environment*, 433, 290-295, 2012
13. Kobashi, T., Kawamura, K., Goto-Azuma, K., Box, J. E., Gao, C.-C. and Nakaegawa, T., Causes of Greenland temperature variability over the past 4000 yr: implications for northern hemispheric temperature change, *Clim. Past Discuss.*, 8, 4817-4883, 2012
14. Kobashi, T., Shindell, D. T., Kodera, K., Box, J. E., Nakaegawa, T. and Kawamura, K., On the origin of multi-decadal to centennial Greenland temperature anomalies over the past 800 yr. *Clim. Past Discuss.*, 8, 5455-5492, 2012
15. Matsuoka, K., Power, D., Fujita, S., Raymond, C. F.,: Rapid development of anisotropic ice-crystal-alignment fabrics inferred from englacial radar polarimetry, central West Antarctica, *Journal of Geophysical Research*, 117, F03029, DOI: 10.1029/2012JF002440, 2012
16. Nakai, R., Abe, T., Baba, T., Imura, S., Kagoshima, H., Kanda, H., Kanekiyo, A., Kohara, Y., Koi, A., Nakamura, K., Narita, T., Niki, H., Yanagihara, K. and Naganuma, T., Microflorae of aquatic moss pillars in a freshwater lake, East Antarctica, based on fatty acid and 16S rRNA gene analyses. *Polar Biology*, 35(3): 425-433, 2012.
17. Nakai, R., Abe, T., Baba, T., Imura, S., Kagoshima, H., Kanda, H., Kohara, Y., Koi, A., Niki, H., Yanagihara, K. and Naganuma, T., Diversity of RuBisCO gene responsible for CO₂ fixation in an Antarctic moss pillar. *Polar Biology* (published on line) (DOI 10.1007/s00300-012-1204-5)
18. Nakai, R., Abe, T., Baba, T., Imura, S., Kagoshima, H., Kanda, H., Kohara, Y., Koi, A., Niki, H., Yanagihara, K. and Naganuma, T., Eukaryotic phylotypes in aquatic moss pillars inhabiting a freshwater lake in East Antarctica, based on 18S rRNA gene analysis. *Polar Biology*, 35(10): 1495-1504, 2012.
19. Nakazawa, F., Konya, K., Kadota, T., And Ohata, T., (2012), Reconstruction of the depositional environment upstream of Potanin Glacier, Mongolian Altai, from pollen analysis, *Environ. Res. Lett.*, 7, 035402, doi:10.1088/1748-9326/7/3/035402.
20. Nakazawa, F., Uetake, J., Suyama, Y., Kaneko, R., Takeuchi, N., Fujita, K., Motoyama, H., Imura, S. and Kanda, H., (2013), DNA analysis for section identification of individual Pinus pollen grains from Belukha glacier, Altai Mountains, Russia, *Environ. Res. Lett.*, 8, 014032, doi:10.1088/1748-9326/8/1/014032.
21. NEEM community members, Eemian interglacial reconstructed from a Greenland folded ice core. *Nature* 493, 489-494 (24 January 2013) doi:10.1038/nature11789
22. Ohkouchi, N., Takano, Y., (2013) Organic nitrogen: sources, fates, and chemistry. *Treatise on Geochemistry* (10: Organic Geochemistry: Eds. Birrer, B., Falkowski, P., Freeman, K.), in press.
23. Okuno, J., Miura H., Last deglacial relative sea level variations in Antarctica derived from glacial isostatic adjustment modelling., *Geoscience Frontiers*, in press.
24. Sato, H., Suzuki, T., Hirabayashi, M., Sato, H., Motoyama, H., Iizuka, Y., Fujii, Y., (2013):

- Mineral and sea-salt aerosol fluxes over the last 340 kyr reconstructed from the total concentration of Al and Na in the Dome Fuji. *Journal Atmospheric and Climate Sciences (ACS)*, 3 (2), in print.
25. Segawa, T., Takeuchi, N., Rivera, A., Yamada, A., Yoshimura, Y., Barcaza, G., Shinbori, K., Motoyama, H., Kohshima, S., and Ushida, K., Distribution of antibiotic resistance genes in glacier environments. *Environmental Microbiology Report*, 5 (1), 127-134, 2013.
 26. Soh, T., Inoue, K., Baba, T., Takada, T., Shiroishi, T., (2012) Evaluation of the Prediction of Gene Knockout Effects by Minimal Pathway Enumeration, *International Journal on Advances in Life Sciences*, 4, 154-165
 27. Suganuma, Y., Miura, H., Okuno, J., A new sampling technique for surface exposure dating using a portable electric rock cutter, *Antarctic Record*, 56, 2, 85-90, 2012.
 28. Sugisaki, S., Buylaert, J.P., Murray, A.S., Harada, N., Kimoto, K., Okazaki, Y., Sakamoto, T., Iijima, K., Tsukamoto, S., Miura, H., Nogi Y., High Resolution Optically Stimulated Luminescence Dating of a Sediment Core from the South-western Sea of Okhotsk, *Geochemistry, Geophysics, Geosystems*, 13, doi:10.1029/2011GC004029, 2012.
 29. Svensson, A., Bigler, M., Blunier, T., Clausen, H. B., Dahl-Jensen, D., Fischer, H., Fujita, S., Goto-Azuma, K., Johnsen, S. J., Kawamura, K., Kipfstuhl, M., Kohno, S., Parrenin, F., Popp, T., Rasmussen, S. O., Schwander, J., Seierstad, I., Severi, M., Steffensen, J. P., Udisti, R., Uemura, R., Vallelonga, P., Vinther, B. M., Wegner, A., Wilhelms, F. and Winstrup, M., Direct linking of Greenland and Antarctic ice cores at the Toba eruption (74 kyr BP). *Clim. Past Discuss.*, 8, 5389-5427, 2012
 30. Takano, Y., Kaneko, M., Kahnt, J., Imachi, H., Shima, S., Ohkouchi, N., (2013) Detection of coenzyme factor 430 in deep-sea sediments: A key molecule for biological methanogenesis. *Organic Geochemistry*, in press. doi: 10.1016/j.orggeochem.2013.01.012.
 31. Takano, Y., Tyler, J.J., Kojima, H., Yokoyama, Y., Tanabe, Y., Sato, T., Ogawa, O.N., Ohkouchi, N., Fukui, M., (2012) Holocene lake development and glacial-isostatic uplift at Lake Skallen and Lake Oyako, Lützow-Holm Bay, East Antarctica: based on biogeochemical facies and molecular signatures. *Applied Geochemistry*, 27, 2546-2559. doi: org/10.1016/j.apgeochem.2012.08.009.
 32. Uemura, R., Masson-Delmotte, V., Jouzel, J., Landais, A., Motoyama, H., Stenni, B., Ranges of moisture-source temperature estimated from Antarctic ice cores stable isotope records over glacial-interglacial cycles, *Climate of the Past*, 8 (3), 1109-1125., 2012
 33. Uetake, J., Yoshimura, Y., Nagatsuka, N., Kanda, H., Isolation of oligotrophic yeasts from supra-glacial environments of different altitude on the Gulkana Glacier (Alaska). *FEMS Microbiology Ecology*, vol.82(2), 279-286, 2012.
 34. Witrant, E., Martinerie, P., Hogan, C., Laube, J. C., Kawamura, K., Capron, E., et al., A new multi-gas constrained model of trace gas non-homogeneous transport in firn: evaluation and behaviour at eleven polar sites. *Atmos. Chem. Phys.*, 4, 2012.
 35. Yokoyama, Y., Okuno, J., Miyairi, Y., Obrochta, S., Demboya, N., Makino, Y., Kawahata, H., Holocene sea-level change and Antarctic melting history derived from geological observations and geophysical modeling along the Shimokita Peninsula, northern Japan, *Geophysical Research Letter*, 39, L13502, doi:10.1029/2012GL051983. 2012.
 36. 宮内崇裕, 奥野淳一, インダス期海湾都市の盛衰に影響した海岸線環境の変化とハイドロアイソスタシー, 長田俊樹編 地球研叢書「南アジア基層世界を探る」, 総合地球環境学研究所, 印刷中.
 37. 高野 淑識, 力石 嘉人, 大河内 直彦 (2012) 分子内同位体比で観る海底下のアーキアの生態: エーテル脂質

分子内のサルベージ経路と新生経路を例にして. 地球化学(Geochemistry), 46, 113-128.

38. 三浦英樹, 書評「氷河地形学」, 地学雑誌, 121, 3, N57-61, 2012.
39. 三浦英樹, 人類が経験した地球環境—文明成立の背景と人類の未来—, 地理科学, 67, 3, 97-108, 2012.
40. 三浦英樹, 第13章 土壌学と土壌地理学の基礎、第14章 土壌学と土壌地理学の応用、松山 洋, 川瀬久美子, 辻村真貴, 高岡貞夫, 三浦英樹編著「自然地理学」(分担執筆), pp. 243-257、pp. 300-301, ミネルヴァ書房, 印刷中.
41. 三浦英樹, 氷河変動と地形—世界と日本の氷期と間氷期の地形—小池一之, 山下脩二, 岩田修二, 漆原和子, 小泉武栄, 田瀬則雄, 松倉公憲, 松本 淳, 山川修治編集 (2012): 「自然地理学事典」(分担執筆), 朝倉書店, 印刷中.
42. 山岸 明彦, 吉村 義隆, 長沼 毅, 宮川 厚夫, 出村 裕英, 豊田 岐聡, 本多 元, 小林 憲正, 三田 肇, 大野 宗祐, 石丸 亮, 小林 喬郎, 戸野倉 賢一, 石上 玄也, 佐々木 晶, 宮本 英昭. 火星生命探査機器群提案: 細胞, アミノ酸, メタン検出を目的とした(<特集>月惑星探査の来たる 10 年:第二段階のまとめ). 遊・星・人: 日本惑星科学会誌, vol.21(3), 276-282, 2012.
43. 植竹淳・東久美子・本山秀明, アイスコアサンプルを対象とした蛍光顕微鏡による微生物定量方法の検討, 南極資料, 56(1), 57-67, 2012
44. 菅沼悠介, Brunhes-Matuyama 境界年代値の再検討, 第四紀研究, 51, 297-311, 2012.
45. 池原実, 三浦英樹, 中井睦美, 中澤努, 佐野修, 小出仁, 小特集「南極寒冷圏の古環境学 —南大洋から地球環境変動を探る—」序論, 地学雑誌, 121, 3, 471-477, 2012.

[データベース]

特になし

[著書等]

1. 長沼 毅 (2012) 「極限生物に見る地球外生命の可能性」、『地球外生命 9 の論点』(立花隆・佐藤勝彦・長沼 毅・皆川純・菅裕明・山岸明彦・重信秀治・小林憲正・大石雅寿著、自然科学研究機構編)、p.32-50、講談社ブルーバックス、ISBN 978-4-06-257775-5.
2. 長沼 毅 (2012) 『宇宙でいちばん面白い 脳がしびれる科学の時間』、河出書房新社、200pp.、ISBN-10: 4309252745.
3. 長沼 毅 (2012) 『時空の旅人 辺境の地をゆく』、MOKU 出版、208pp.、ISBN 978-4900682849.
4. 長沼 毅 (2012) 『長沼先生、エイリアンって地球にもいるんですか?』、新潮文庫、235pp.、ISBN-10: 4101367914.
5. 長沼 毅 (2013) 『生命とは何だろうか?』、集英社インターナショナル、168pp.、ISBN-10: 4797672439.

[解説・総説]

1. 中井亮佑 (2013) 南極湖沼生態系から紐解く微生物の系統地理、日本微生物生態学会誌、28(1)、6.
2. 長沼 毅 (2012) 「生命とは何か?」を宇宙に問う、kotoba (コトバ)、2012 年夏号 (第 8 号)、152-155.
3. 長沼 毅、伊村 智 (2012) 南極科学の新時代—氷床下ボストーク湖への到達、科学、82(4)、357-359.
4. 長沼 毅 (2012) 火星に生きものはいるか?、科学、82(12)、1323-1327.

[その他]

1. 馬場知哉 (2012) 『南極大陸のコケ坊主生物圏』、日本ゲノム微生物学会ニューズレター、6, pp1
2. 牛田一成, 朝日新聞 2013 年 1 月 30 日 9 面環境欄 「氷河や雪溪にも耐性菌」

<会議発表等>

[招待講演]

<国 際>

1. Goto-Azuma, K., Past climate change recorded in polar ice cores , UPV&BC3 seminar, Bilbao, Spain, 2012

<国 内>

1. 東久美子, 極域アイスコアにおける化学成分の変動と気候・環境復元, 大気化学討論会, 2012
2. 東久美子, 両極の氷床コアから復元された過去数十万年のエアロゾル変動, 日本第四紀学会公開シンポジウム「氷床コアから得られる第四紀環境変動」, 2012

[一般講演]

<国 際>

1. Bodington, D., Segawa, T., Takeuchi, N., Hongoh, Y., Kohshima, S., Elevational patterns of bacterial diversity on glaciers, ISME 14 conference 2012年7月
2. Fujita, S., Holmlund, P., Andersson, I., Brown, I., Enomoto, H., Fujii, Y., Fujita, K., Fukui, K., Furukawa, T., Hansson, M., Hara, K., Hoshina, Y., Igarashi, M., Iizuka, Y., Imura, S., Ingvander, S., Karlin, T., Motoyama, H., Nakazawa, F., Oerter, H., Sjoberg, L. E., Sugiyama, S., Surdyk, S., Strom, J., Uemura, R. and Wilhelms, F.: Spatial and Temporal Variability of Snow Accumulation on East Antarctic Ice Divide between Dome Fuji and EPICA DML. The International Polar Year (IPY) 2012 Conference, 22-27 April 2012, Montreal, Canada From Knowledge to Action
3. Goto-Azuma, K., Wegner, A., Hansson, M., Hirabayashi, M., Twarloh, B., Kuramoto, T., Miyake, T., Motoyama, H., NEEM Aerosol Consortium members, Variations of ion concentrations in the deep ice core and surface snow at NEEM, Greenland, European Geosciences Union General Assembly, 2012
4. Hirabayashi, M., Goto-Azuma, K., Motoyama, H., Dorthe Dahl-Jensen, Jørgen Peder Steffensen, Concentration of trace inorganic species in surface snow at NEEM, Greenland. Third International Symposium on the Arctic Research (ISAR-3), Japan Consortium for Arctic Environmental Research, Tokyo, 2013年1月
5. Hirabayashi, M., Motoyama, H., Concentration of trace inorganic species in surface snow near Dome Fuji, Antarctica, AGU Fall Meeting, AGU, San Francisco, 2012年12月
6. Motoyama, H., Dome Fuji Ice Core Project members: Characteristics of correlation between climate and environmental elements from past 700,000 years in Dome Fuji ice core, Antarctica. European Geosciences Union General Assembly 2012, Vienna, Austria, 23-27 April, 2012.
7. Motoyama, H., Suzuki, K., Yamanouchi, T., Kawamura, K.: Spatial and temporal variability of snow accumulation rate at East Antarctic ice sheet in 1993-2010. European Geosciences Union General Assembly 2012, Vienna, Austria, 23-27 April, 2012.
8. Motoyama, H., Dome Fuji Ice Core Project members: Characteristics of correlation between climate and environmental signals with the various time scales from past 720,000 years in Dome Fuji ice core, Antarctica. SCAR-OSC, Portland, Oregon, USA, 23-26 July, 2012.
9. Segawa, T., Ishii, S., Bodington, D., Hongoh, Y., Maruyama, F., Takeuchi, N., Impact of microbial communities on nitrogen cycles on Urumqi Glacier No.1 in China, AGU 2012 Fall Meeting, 2012年12月
10. Soh, T., Inoue, K., Baba, T., Takada, T., Shiroishi, T., Predicting Gene Knockout Effects by Minimal

Pathway Enumeration, The 4th International Conference on Bioinformatics, Biocomputational Systems and Biotechnologies (BIOTECHNO 2012), Netherlands Antilles, 3/28, 2012

11. Suzuki, AC., Kagoshima, H., Imura, S., Antarctic tardigrade culture from moss samples near Syowa Station, East Antarctica. The 12th International Congress on Tardigrada, 23–26 July 2012, Vila Nova de Gaia, Portugal.
12. Takano, Y., Chikaraishi, Y., Ogawa, N. O., Ohkouchi, N.,: Microbial food web and energetic linkage between planktonic archaea and deep-sea benthic archaea: insight from ^{13}C -signatures in membrane lipids. ASLO Aquatic Science meeting, Ohtsu, July, 2012.
13. Takano. Y., Deep-sea benthic archaea: unseen major prokaryote and biogeochemical process. 13th Japanese-American Kavli Frontiers of Science Symposium, Irvine, December, 2012.
14. Yamagishi, A., Miyamoto, H., Satoh, T., Sasaki, Sho., Yoshimura, Y., Miyakawa, A., Honda, H., Naganuma, T., MELOS LIFE SEARCH PROPOSAL: SEARCH FOR MICROBES ON THE MARS SURFACE WITH SPECIAL INTEREST IN METHANE-OXIDIZING BACTERIA. 39th COSPAR Scientific Assembly 2012, Mysore, India, 15 July 2012.
15. Yamagishi, A., Yoshimura, Y., Honda, H., Miyakawa, A., Utsumi, Y., Itoh, T., Naganuma, T., Ohno, S., Ishimaru, R., Sasaki, S., Kubota, T., Satoh, T., Tonokura, K., Miyamoto, H., MELOS Plan B. Life Search Proposal: Search for Microbes on the Mars Surface. AOGS - AGU (WPGM) Joint Assembly, Resorts World Convention Centre, Singapore, 16 August, 2012.
16. Yoshimura, Y., Shcherbakova, V., Rivkina, E., Taguchi, Y., Segawa, T., Gilichinsky, D., Methanogenic archaea diversity and distribution in the Arctic permafrost samples of different age. 39th COSPAR Scientific Assembly 2012, Mysore, India, 19 July 2012.

<国 内>

1. Baba, T., Abe, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Imura, S., Kanda, H., Motoyama, H., Niki, H., Genome-wide Environmental Adaptation of an Antarctic Bacterium, 第34回極域生物シンポジウム、東京、11/27, 2012
2. Fujita, S., Holmlund, P., Matsuoka, K., Enomoto, H., Fukui, K., Nakazawa, F., (NIPR), Sugiyama, S., Surdy, S., Radar diagnosis of the subglacial conditions in Dronning Maud Land, East Antarctica - a site survey for drilling the oldest ice -, 第3回極域科学シンポジウム 横断セッション「海・陸・氷床から探る後期新生代の南極寒冷圏環境変動」2012
3. Goto-Azuma, K., Tatenuma, T., Hirabayashi, M., Miyake, T., Kuramoto, T., Uemura, R., Motoyama, H., Kawamura, K., Fujita, S., Ice Core Records of Antarctic Warming Events in the Last Glacial Period, 第3回極域科学シンポジウム, 2012
4. Ikehara, M., Nogi, Y., Suganuma, Y., Dumber, R., Khim, B-K., Naish, T., Levy, R., Crosta, X., Santis, L.D., Miura, H., Oiwane, H., Katsuki, K., Itaki, T., Nakamura, Y., Kawagata, S., Iwai, M., Sato, H., Antarctic Cryosphere Evolution Project (AnCEP): New IODP proposal for transect drilling in the Southern Ocean. 第3回極域科学シンポジウム横断セッション「海・陸・氷床から探る後期新生代の南極寒冷圏環境変動」, 国立極地研究所, 東京, 2012年11月.
5. Kagoshima, H. and Kohara, Y., The homeobox transcription factors, CEH-14 and TTX-1, regulate AFD thermosensory neuron-specific expression of *gcy-8* and *gcy-18* in *C. elegans*. 日本分子生物学会第35回年会 2012年12月12日、福岡国際会議場
6. Kagoshima, H. And Kunieda, T., Functional analysis of anti-desiccation proteins from Antarctic nematode, *Panagrolaimus davidi*, and Japanese anhydrobiotic tardigrade, *Ramazzottius varieornatus*.

第34回極域生物シンポジウム 2012年11月27日、国立極地研究所

7. Kashihara, K., Imura, S., Kobayashi, S., Naganuma, T., Phylogenetic analysis of lichen-associated bacteria from Antarctica, 第34回極域生物シンポジウム、東京、ポスター発表 27-B-21、2012年11月
8. Kawachi, K., Suda, K., Yoshizaki, M., Nakamura, H., Yamada, A., Yoshino, K., Nishiyama, E., Segawa, T., Maruyama, F., Ueno, Y., Maruyama, S., Kurokawa, K., Omori, S., Hongoh, Y. Comparisons of prokaryotic microbiota in hot springs from different geological environments、日本微生物生態学会 2012年9月
9. Miura, H., The recent study of the Quaternary East Antarctic ice-sheet history by Japanese Antarctic Research Expedition., 第3回極域科学シンポジウム横断セッション「海・陸・氷床から探る後期新生代の南極寒冷圏環境変動」,東京、2012年11月
10. Murakami, T., Segawa, T., Yamada, A., Bodington, D., Takeuchi, N., Kohshima, S., and Hongoh, Y., Census of bacteria associated with glacier ice worms in Alaska、日本微生物生態学会 2012年9月
11. Nakai, R., Abe, T., Baba, T., Imura, S., Kagoshima, H., Kanda, H., Kohara, Y., Koi, A., Niki, H., Yanagihara, K., Naganuma, T., Microfloral association for nitrogen cycling in an Antarctic moss pillar inferred from phylogenetic analyses, 第34回極域生物シンポジウム、東京、ポスター発表 27-B-07、2012年11月
12. Nakazawa, F., Suyama, Y., Takeuchi, N., Fujita, K., Imura, S., Kanda, H. and Motoyama, H., DNA analysis for identification of a Pinus pollen grain at subsection level from the Belukha glacier, Altai Mountains, Russia, 13th International Palynological Congress and 9th International Organisation of Palaeobotany Conference-IPC/IOPC 2012, Chuo University, Bunkyo-ku, Tokyo, 2012年8月28日
13. Nakazawa, F., J. Uetake, Y. Suyama, R. Kaneko, N. Takeuchi, K. Fujita, H. Motoyama, S. Imura and H. Kanda, DNA analysis for section identification of a pine pollen grain from the Belukha glacier, Altai Mountains, Russia, Third International Symposium on the Arctic Research, National Museum of Emerging Science and Innovation (Miraikan), Koto-ku, Tokyo, 2013年1月17日
14. Oiwane, H., Ikehara, M., Sukanuma, Y., Miura, H., Nakamura, Y., Sato, T., Nogi, Y., Antarctic Circumpolar Current Fluctuation in the Late Neogene: constraint from sediment waave on the Conrad Rise, Indian Sector of the Southern Ocean. 第3回極域科学シンポジウム横断セッション「海・陸・氷床から探る後期新生代の南極寒冷圏環境変動」,国立極地研究所, 東京, 2012年11月.
15. Okuno J., Miura H., Marine Isotope Stage 3 and Holocene relative sea level variations in East Antarctica derived from glacial isostatic adjustment modeling, 第3回極域科学シンポジウム横断セッション「海・陸・氷床から探る後期新生代の南極寒冷圏環境変動」,国立極地研究所, 東京, 2012年11月.
16. Segawa, T., Ishii, S., Bodington, D., Hongoh, Y., Maruyama, F., and Takeuchi, N., Impact of microbial communities on nitrogen cycles on Urumqi Glacier No.1 in China、日本微生物生態学会 2012年9月
17. Segawa, T., Distribution of cyanobacteria in glacier environment, International Workshop on Glacial Ecology, 2012年4月
18. Sukanuma, Y., Geomagnetic intensity as a tool for high resolution stratigraphy for marine sediments and ice cores, 第3回極域科学シンポジウム横断セッション「海・陸・氷床から探る後期新生代の南極寒冷圏環境変動」, 東京、2012年11月.
19. Sukanuma, Y., Miura, H., Albert Zondervan, Glacial history of Sør Rondane Mountains in Dronning Maud Land, East Antarctica introduced by geomorphology and surface exposure ages, 第3回極域科学シンポジウム横断セッション「海・陸・氷床から探る後期新生代の南極寒冷圏環境変動」, 東京、2012年11月.
20. Suzuki, AC., Kagoshima, H., Imura, S., On the Antarctic tardigrade *Acutuncus antarcticus* found near

Syowa Station. The 3rd Symposium on Polar Science/ The 34th Symposium on Polar Biology, 27 Nov 2012, Tachikawa, Tokyo.

21. Ushida, K., Distribution of antibiotic-resistant genes in glacier environments (Kyoto Prefectural University)
22. Ushida, K., International Workshop on Glacial Ecology 2012年4月9日 千葉大学
23. 小川麻里, 伊藤洋貴, 吉村義隆, 倉持卓司, 宮川厚夫, 鈴木忠, 三田肇, 伊村智. 南極スカーレン大池に産する扁平な形をした藻類集合体の内部環境について、阿寒湖産の藻類集合体(マリモ)の内部環境との比較から考える. 第34回極域生物シンポジウム. 2012年11月27日. 国立極地研究所.
24. 松浦俊一、千葉真奈美、角田達朗、馬場知哉、ナノ空孔反応場を利用した高効率DNA増幅システムの構築、日本分子生物学会第35回年会、福岡、12/11, 2012
25. 植竹淳, 東久美子, 倉元隆之, 平林幹啓, 三宅隆之、本山秀明. グリーンランド深層氷床コア掘削計画(NEEM計画)におけるバクテリアの季節変動, 雪氷研究大会, 2012
26. 菅沼悠介, Brunhes-Matuyama 境界年代値: 問題点と今後の展望、日本地質学会第119年学術大会, 大阪府立大学, 2012年9月.
27. 菅沼悠介, PDRM lock-in に起因する Brunhes-Matuyama 境界年代値の系統的なズレ, 地磁気・電磁気学会, 北海道大学, 2012年10月.
28. 菅沼悠介, 海底堆積物における堆積残留磁化の獲得機構, 堆積学会, 北海道大学, 2012年6月.
29. 瀬川高弘, 近藤伸二, 本山秀明, 氷床アイスコア中の微生物解析 細菌学会 2012年8月
30. 瀬川高弘, 石井聡, 本山秀明, 本郷裕一, 竹内望, 中国, 天山ウルムチ No.1 氷河における微生物相と硝化・脱窒遺伝子解析, 第3回極域科学シンポジウム, 2012年11月
31. 斉藤香往里, 辻堯, 平田一紘, 吉村義隆, 神崎菜摘. マツノマダラカミキリに対する新しい生育阻害剤(2). 第57回日本応用動物昆虫学会大会. 2013年3月28日. 日本大学生物資源科学部.
32. 前杵英明, 三浦英樹, 奥野淳一, 後氷期グリーンランド氷床融解史と先史グリーンランド文化. 日本地球惑星科学連合2012年大会、幕張メッセ、2012年5月
33. 中井亮佑, サイズ辺境に生息するナノ微生物の探索とゲノム解析、第6回日本ゲノム微生物学会若手の会、静岡、口頭発表演題29、2012年9月
34. 中井亮佑、阿部貴志、馬場知哉、伊村智、鹿児島浩、神田啓史、小原雄治、仁木宏典、柳原克彦、長沼毅、南極湖底に広がる「コケ坊主生物圏」の微生物が窒素サイクルに関与する可能性、第28回日本微生物生態学会大会、豊橋、ポスター発表 PF01、2012年9月
35. 中井亮佑、阿部貴志、馬場知哉、伊村智、鹿児島浩、神田啓史、小原雄治、仁木宏典、柳原克彦、長沼毅、南極湖底のコケ坊主生物圏における微生物の多様性、第13回極限環境生物学会年会、東京、口頭発表 S1-01、2012年12月
36. 中井亮佑、阿部貴志、馬場知哉、柳原克彦、伊村智、鹿児島浩、神田啓史、小原雄治、仁木宏典、長沼毅、南極湖底に広がる「コケ坊主」の共生生物相の網羅的解析、長浜、ポスター発表 2P-18、2013年3月
37. 中井亮佑、辺境微生物の多様性と系統進化、育志賞研究発表会、東京、口頭発表、2012年9月
38. 中澤文男, 紺屋恵子, 門田勤, 大畑哲夫 花粉分析によるモンゴル・アルタイ山脈ポターニン氷河上流部の堆積環境の復元、日本地球惑星科学連合大会、幕張メッセ国際会議場、千葉県千葉市、2012年5月24日
39. 中澤文男, 陶山佳久, 竹内望, 藤田耕史, 伊村智, 神田啓史, 本山秀明 亜節レベルでの同定を目的としたベルーハ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、幕張メッセ国際会議場、千葉県千葉市、2012年5月25日
40. 中澤文男, 陶山佳久, 竹内望, 藤田耕史, 伊村智, 本山秀明 ベルーハ氷河中のマツ属花粉1粒ずつのDNA分析から導き出された花粉長距離輸送の可能性、雪氷研究大会(2012・福山)、福山市立大学、広島県福山市、

2012年9月26日

41. 中澤文男, 陶山佳久, 竹内望, 藤田耕史, 伊村智, 本山秀明、ベルーハ氷河中のマツ属花粉1粒ずつのDNA分析によって明らかになった花粉の長距離輸送、第35回極域気水圏シンポジウム、国立極地研究所、東京都立川市、2012年11月29日
42. 中澤文男、氷河中のマツ属花粉1粒ずつのDNA分析により示された花粉長距離輸送の可能性、第7回大気バイオエアロゾルシンポジウム、滋賀県立大学、彦根市、2013年2月1日
43. 辻堯, 斎藤香往里, 吉村義隆, 神崎菜摘. マツノマダラカミキリに対する新しい生育阻害剤(1). 第57回日本応用動物昆虫学会大会. 2013年3月28日. 日本大学生物資源科学部.
44. 東久美子・平林幹啓・Anna Wegner・Birthe Twarloh・倉元隆之・Margareta Hansson・三宅隆之・本山秀明, グリーンランドNEEM深層氷床コアのイオン濃度変動, 雪氷研究大会, 2012
45. 東久美子, Anna Wegner, Margareta Hansson, 平林幹啓, 倉元隆之, 小端拓郎, 笹公和, 佐藤基之, 瀬川高弘, 高村近子, 中澤高貴, 藤井理行, 藤田秀二, 堀彰, 堀内一穂, 三宅隆之, 宮本淳, 本山秀明, Dorthe Dahl-Jensen, J. P. Steffensen, Sigfus J. Johnsen, グリーンランドNEEM氷床コアにおける最終氷期のイオン変動, 日本地球惑星科学連合2008年大会, 2012
46. 藤澤雄太・竹内望・幸島司郎・瀬川高弘・村上匠* パタゴニア南氷原・チンダル氷河の表面アルベドとクリオコナイトの特性・2012年と1999年の比較・日本雪氷学会 2012年9月
47. 馬場知哉、阿部貴志、豊田敦、藤山秋佐夫、伊村智、神田啓史、本山秀明、仁木宏典、南極の好冷性Rhizobium属細菌のゲノム解析、第7回日本ゲノム微生物学会年会、滋賀、3/10, 2013
48. 氷河・氷床に含まれる花粉を利用した研究について、中澤文男、日本第四紀学会2012年大会(埼玉) 公開シンポジウム「氷床コア等から得られる第四紀環境情報」、立正大学、埼玉県熊谷市、2012年8月22日
49. 本山秀明・ドームふじ氷床コア研究プロジェクトメンバー: 南極ドームふじの降雪、積雪表面、氷床深層コアの気候・環境要素の振幅と相関について. 雪氷研究大会(2012・福山)、福山市、2012.9.23-27.
50. 本山秀明, 南極や北極の氷河・氷床掘削, 2012年第四紀学会公開シンポジウム「氷床コア等から得られる第四紀環境情報」、立正大学熊谷校舎、埼玉県、2012年8月22日, 2012
51. 本山秀明、古崎睦、高橋弘、高田守昌、高橋昭好、宮原盛厚、的場澄人、杉山慎、飯塚芳徳、新堀邦夫: 氷河・氷床掘削孔検層観測の精密温度測定技術に関する研究. 雪氷研究大会(2012・福山)、福山市、2012.9.23-27.
52. 本山秀明、鈴木香寿恵、南極氷床表面質量収支モニタリング観測グループ: 東南極氷床の表面質量収支の年々変動とその雪の成分について. 2012年日本地球惑星科学連合大会、幕張メッセ国際会議場、2012年5月20日~25日.

<受賞>

1. 中井亮佑、第28回日本微生物生態学会大会 優秀ポスター賞、2012年9月

③ その他の成果発表

特になし