

BAO01-01

会場:105

時間:5月27日 15:15-15:30

地球生命の普遍性 Understanding the generality of terrestrial life

山岸 明彦^{1*}
YAMAGISHI, Akihiko^{1*}

¹ 東京薬科大学生命科学部

¹Tokyo Univ. Pharm. Life Scie., Dep. Applied Life Scie.

We only know the life on the Earth. In this presentation I am going to evaluate the system especially genetic system of terrestrial life. Water is needed for life to solubilize the molecules and especially important to maintain the structure of protein. Protein is needed to almost all activity of life, especially catalytic activity that is carried by the protein called enzyme. All terrestrial living organism consists of (a) cell(s), surrounded by membrane. Membrane is maintained by the hydrophobic interaction driven by the hydrogen-bonding network between water molecules. Genetic information is used to form the structure of enzymes to induce catalytic activity, forming the arrangement of amino acid residues. What are the necessities and what are the coincidences? I will present some clues to the questions. These can be useful for searching for life in the Universe.

キーワード: 細胞, 有機化合物, 細胞膜, 遺伝物質

Keywords: Cell, Organic compounds, Cell membrane, Genetic material

Extremophiles under pressure: Integrating experimental and field studies at deep-sea hydrothermal vent sites

FOUSTOUKOS, Dionysis^{1*}; PEREZ-RODRIGUEZ, Ileana¹; SIEVERT, Stefan M.²; SEEWALD, Jeffrey S.³; SYLVA, Sean P.³; RAWLS, Matthew¹; MCNICHOL, Jesse²; THOMAS, Francois²
FOUSTOUKOS, Dionysis^{1*}; PEREZ-RODRIGUEZ, Ileana¹; SIEVERT, Stefan M.²; SEEWALD, Jeffrey S.³; SYLVA, Sean P.³; RAWLS, Matthew¹; MCNICHOL, Jesse²; THOMAS, Francois²

¹Geophysical Laboratory, Carnegie Institution of Washington, USA, ²Biology, Woods Hole Oceanographic Institution, USA,

³Marine Chemistry & Geochemistry, Woods Hole Oceanographic Institution, USA

¹Geophysical Laboratory, Carnegie Institution of Washington, USA, ²Biology, Woods Hole Oceanographic Institution, USA,

³Marine Chemistry & Geochemistry, Woods Hole Oceanographic Institution, USA

In the great depths of the Earth's interior, forces capable of moving continents sculpt the seafloor and form volcanoes transferring materials and energy to the ocean. Seawater circulation within these magmatic provinces results in the development of deep-sea hydrothermal vents that are often considered to resemble the conditions on early Earth. It is under these extreme conditions that, by a synergy of chemistry and biology, life thrives in the absence of light and sparse nutrients. Notably, anaerobic chemolithoautotrophic bacteria that inhabit these extreme environments tend to branch deeply in the tree of life, probably retaining relics of early metabolic pathways.

Here, we present data from shipboard continuous-culturing incubations of hydrothermal vent fluids conducted during an R/V Atlantis-ROV Jason/Medea expedition to the deep-sea vents sites (2500 m) at 9°50'N East Pacific Rise (January of 2014). This was accomplished through a multi-disciplinary and multi-institutional collaborative effort to collect; transfer and culture vent fluids from the diffuse flow sites, onboard the vessel under seafloor pressure conditions (250 atm). Experiments were designed to study the cycling of N through the metabolic processes of denitrification and dissimilatory nitrate reduction to ammonia (DNRA) under *in-situ* deep-sea vent temperature and pressure conditions.

In detail, we studied the growth/metabolism of nitrate-reducing microorganisms at mesophilic (30 °C) and thermophilic (60 °C) conditions at pressures ranging from 5 to 250 atm. A high pressure bioreactor was employed onboard the ship to allow direct study of the biological functions of microorganisms collected from diffuse-flow vent fluids (Fig. 1). This experimental approach facilitates continuous culture of microorganisms at temperatures ranging from 25 to 120 °C and pressures up to 680 atm. The system allows incubating microbial communities in medium enriched with dissolved gases, under aerobic or anaerobic conditions, while permitting periodic sampling of the incubated organisms with minimal physical/chemical disturbance inside the reactor.

Experiments conducted simulate the subsurface biosphere environment and the continuous mixing of seawater and hydrothermal fluids in the oceanic crust. Vent fluids were delivered to the bioreactor under high pressure and homogeneously mixed with aqueous media solution enriched in dissolved nitrate, hydrogen, and ¹³C-labeled bicarbonate to facilitate the growth of nitrate-reducing chemolithoautotrophic bacteria. Two distinct sets of experiments were carried out for 356 and 100 hours. During the course of the experiments we monitored the growth of deep-sea microbial communities by measuring cell density and the concentrations of dissolved aqueous species directly involved in nitrate based metabolism, such as NO₃⁻, NH₄⁺, H_{2(aq)} and H_{2S(aq)}. Subsamples were also collected for a number of shore based analyses to determine: i) the ¹⁵N/¹⁴N isotope composition of NO₃⁻/NH₄⁺ and constrain kinetic isotope effects associated with denitrification/DNRA; ii) to study the rates of autotrophic carbon fixation by NanoSIMS; iii) to perform single cell genomics on the microbial populations grown in the bioreactor and (iv) to isolate and characterize novel microorganisms from the communities established in these experiments. In short, experimental results constrain the function and metabolic rates of the native denitrifying microbial communities residing at moderate temperature conditions (30 °C), while DNRA metabolic pathways were identified for the populations residing at higher temperature diffuse flow fluids (60 °C).

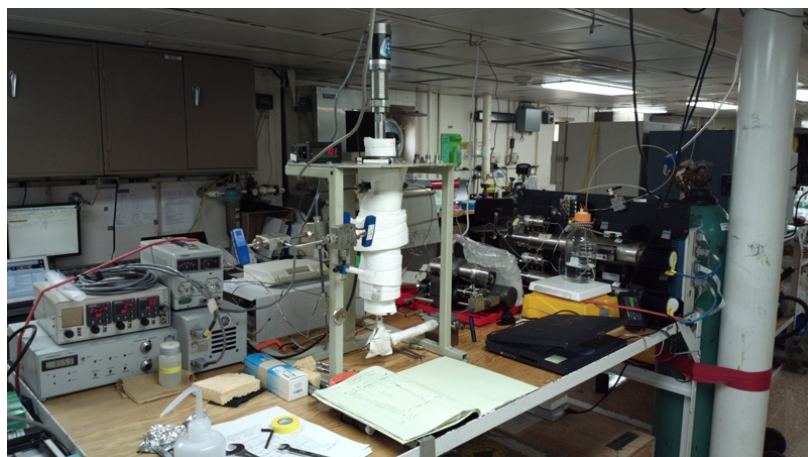
キーワード: extremophiles, deep-sea hydrothermal vents, chemolithoautotrophic bacteria, high pressure, continuous culture, nitrate-based metabolism

Keywords: extremophiles, deep-sea hydrothermal vents, chemolithoautotrophic bacteria, high pressure, continuous culture, nitrate-based metabolism

BAO01-02

会場:105

時間:5月27日 15:30-16:00



祖先生物超好熱菌説の確実さの検証 Robustness of the thermophilicity of ancient organisms

別所 瑞萌^{1*}; 赤沼 哲史¹; 横堀 伸一¹; 山岸 明彦¹
BESSHO, Mizumo^{1*}; AKANUMA, Satoshi¹; YOKOBORI, Shin-ichi¹; YAMAGISHI, Akihiko¹

¹ 東京薬科大学・生命科学部・応用生命生命科学科

¹Dept. Applied Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.

All of the modern organisms are thought to have evolved from a single common ancestor named Commonote (1). In order to investigate the environmental temperatures of the ancient organisms, we resurrected amino acid sequences of ancestral nucleoside diphosphate kinases (NDKs) that might be hosted by the last common ancestors of Archaea and of Bacteria. The enzyme catalyzes the transfer of a phosphate from a nucleoside triphosphate to a nucleoside diphosphate. The ancestor of NDK family is thought to have been possessed by the ancient organisms because most extant cells, from bacteria to human, contain the gene(s) that encode a member of this family of proteins. More importantly, the denaturation temperature of a NDK correlates well with the optimal growth temperature of its host. Therefore, we can estimate the environmental temperature of the ancient organisms by reconstruction ancestral NDK's amino acid sequences and characterizing their thermal stabilities. In our previous study (2), the ancestral amino acid sequences of NDK were inferred from two phylogenetic trees with different topologies using a maximum likelihood program. The sequences were then reconstructed and characterized. From thermal denaturation experiments of the reconstructed enzymes, we estimated that the common ancestors of Archaea and of Bacteria lived at 81-97 °C and 80-94 °C, respectively. The Commonote was also likely to be a (hyper)thermophile that lived at a temperature above 75 °C. However, a criticism for our conclusion is that the ancestral sequences have been inferred with an assumption that the amino acid composition has been constant through evolutionary time. Gouy and coworkers (3) predicted the amino acid sequences of ancestral proteins using a Bayesian method that does not assume the constant evolutionary process through time. They estimated the optimal environmental temperature of the ancestral organisms from the amino acid composition of seven amino acid types: leucine, isoleucine, valine, tyrosine, tryptophan, arginine, and glutamate. Based on the analysis, they suggested that the archaeal and bacterial ancestors were thermophilic but the Commonote was not a thermophilic organism. In this study, we re-inferred ancestral NDK sequences using the same Bayesian program. The ancestral NDK sequences were inferred from two phylogenetic trees. One tree was built without constraints and the other with the constraint that Archaea and Bacteria each represent a monophyletic group. The gene encoding the ancestral NDK sequences were synthesized, expressed in *Escherichia coli*, and then the ancestral NDKs were purified. Thermal denaturation measurements showed that the newly inferred ancestral NDK sequences are also extremely thermally stable. Therefore, our conclusion of the (hyper)thermophilic ancestry is robust even if the ancestral amino acid sequences were inferred without the assumption that the amino acid composition has been constant over evolution.

(1) Yamagishi et al. In Thermophiles: the keys to molecular evolution and the origin of life? (1998), pp287-295.

(2) Akanuma et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (2013)110, 11067-11072

(3) Boussau et al. Nature (2008)456, 942-947

キーワード: 祖先タンパク質復元, コモノート, ヌクレオシド二リン酸キナーゼ, 超好熱菌

Keywords: resurrection of ancestral proteins, Commonote, nucleoside diphosphate kinase, hyperthermophile

アミノアシル tRNA 合成酵素の分子系統樹から見た真核生物の起源 Origin of Eukarya based on phylogenetic trees of aminoacyl-tRNA synthetase

古川 龍太郎^{1*}; 横堀 伸一²; 山岸 明彦²

FURUKAWA, Ryutaro^{1*}; YOKOBORI, Shin-ichi²; YAMAGISHI, Akihiko²

¹ 東京薬科大学大学院生命科学研究科, ² 東京薬科大学生命科学部

¹Grad. sch. life sci., Tokyo Univ. of Pharm. life sci., ²Sch. life sci., Tokyo Univ. of Pharm. life sci.

Woese ら (1990; PNAS 87:4576-4579) は、16S/18S rRNA に基づいた分子系統樹を作成し、全生物を3つのドメイン (真正細菌、古細菌、真核生物) に分類した。この3ドメイン間の系統関係、特に真核生物の系統学的位置については、真核生物が古細菌とは独立に進化したとする3ドメイン説と、古細菌から進化したとする2分岐説の間で議論されているが、結論は出てない。近年ではゲノムデータの増加に伴い、多くの遺伝子を同時に用いた全生物の系統解析が報告され、2分岐説を示す結果が多く得られている (Guy & Ettema 2011; Trends Microbiol. 19:580-587, Williams et al. 2012; Proc. Biol. Sci. 279:4870-4879, Williams et al. 2013; Nature 504:231-236, Williams & Martin Embley 2014; Genome Biol. Evol. 6:474-481)。しかしながら、真核生物と最も近縁な生物種については複数の可能性が示されている (Thiergart et al. 2012; Genome Biol. Evol. 4:466-485, Rochette et al. 2014; Mol. Biol. Evol. 31:832-845)。これらの結果から、真核生物起源の成立過程は複数提案されており、未だに議論が続いている。

本研究では、23種のアミノアシル tRNA 合成酵素 (ARS) の遺伝子の分子系統樹を作成し、それを比較することで全生物の系統関係を議論した。現存する生物は全て翻訳系をもっており、少なくとも全生物共通祖先以前にこのシステムが成立したと考えられることから、ARSの進化を調べる事は生命の初期進化の本質的理解に繋がる。真核生物は、細胞質で使用するARSとミトコンドリアや葉緑体で使用するARSを別々の遺伝子として持ち、それぞれが別の進化経路を辿っていることが知られている。今回は、真核生物の起源が持っていたと考えられる細胞質型のARSの系統的位置と近縁な生物種に注目した。

まず、BLAST検索を用いて23種のARSのアミノ酸配列データ (118種:真正細菌 57:古細菌 23:真核生物 38) を収集し、23種のデータセットを構築した。それぞれのデータセットについてアライメントを行い、最尤法 (RAxML) とベイズ法 (PhyloBayes) を用いてそれぞれの遺伝子系統樹を作成した。また、近縁なARS同士を用いて複合系統樹を作成し、それぞれの遺伝子系統樹の根の位置を推定した。

解析の結果、23種の系統樹の内、13種の系統樹では真核生物の細胞質型ARSが単系統であり、7種の系統樹では多系統であった。残り3種の系統樹のうち、2種は真核生物の細胞質型ARSが存在せず、1種は細胞質型ARSが真正細菌群と姉妹群であったため、考察から除外した。真核生物の細胞質型ARSが単系統であった13種の系統樹の内、真核生物の系統学的位置は9種の系統樹で古細菌の内群となり、4種の系統樹で真正細菌の内群となった。多系統となった7種の系統樹でも、細胞質型ARSは古細菌もしくは真正細菌の内群となった。これら20種の系統樹から2分岐説が支持された。

9種の系統樹の内3種では、細胞質型ARSはTACK superphylumに属する古細菌と最も近縁であったが、別の3種ではEuryarchaeotaと近縁であった。これらの結果は、真核生物がTACK superphylumとEuryarchaeotaの双方に由来することを示し、両者の起源が融合した生物が真核生物の起源であったのではないかとすることを提案する。また、真正細菌の内群となった4種の細胞質型ARSは、全て別々の真正細菌と最も近縁だった。このことは、別々の真正細菌のゲノムから真核生物起源の核ゲノムへ独立した遺伝子水平伝播が起こり、伝播された遺伝子が真核生物起源の細胞質型に置き換わったことを示す。さらに、細胞質型ARSが多系統になった7種の系統樹は、真核生物の進化の過程において古細菌もしくは真正細菌由来の独立した遺伝子水平伝播が細胞質型ARSの置き換わりを起こしたということを示す。

以上を総括すると、真核生物の祖先はTACK superphylumの起源とEuryarchaeotaの起源が融合した後に、様々な真正細菌由来の遺伝子水平伝播の影響を受け進化した生物であったと考えられる。

キーワード: 分子系統解析, アミノアシル tRNA 合成酵素, 初期進化, 真核生物の起源

Keywords: phylogenetic analysis, aminoacyl tRNA synthetase, early evolution, origin of Eukarya

たんぽぽ計画における国際宇宙ステーションへの打ち上げ後初の報告 The First Report of the Tanpopo Mission after Its Arrival to the International Space Station

河口 優子^{1*}; 矢野 創¹; 橋本 博文¹; 横堀 伸一²; 今井 栄一³; 三田 肇⁴; 河合 秀幸⁵; 藪田 ひかる⁶; 富田一横谷 香⁷; 中川 和道⁸; 小林 憲正⁹; 奥平 恭子¹⁰; 田端 誠⁵; 東出 真澄¹; 林 宣宏¹¹; 佐々木 聡¹²; 癸生川 陽子⁹; 石橋 之宏¹³; 山岸 明彦²

KAWAGUCHI, Yuko^{1*}; YANO, Hajime¹; HASHIMOTO, Hirofumi¹; YOKOBORI, Shin-ichi²; IMAI, Eiichi³; MITA, Hajime⁴; KAWAI, Hideyuko⁵; YABUTA, Hikaru⁶; TOMITA-YOKOTANI, Kaori⁷; NAKAGAWA, Kazumichi⁸; KOBAYASHI, Kensei⁹; OKUDAIRA, Kyoko¹⁰; TABATA, Makoto⁵; HIGASHIDE, Masumi¹; HAYASHI, Hironobu¹¹; SASAKI, Satoshi¹²; KEBUKAWA, Yoko⁹; ISHIBASHI, Yukihiko¹³; YAMAGISHI, Akihiko²

¹ISAS/JAXA, ²東京薬科大学, ³長岡技術科学大学, ⁴福岡工業大学, ⁵千葉大学, ⁶大阪大学, ⁷筑波大学, ⁸神戸大学, ⁹横浜国立大学, ¹⁰会津大学, ¹¹東京工業大学, ¹²東京工科大学, ¹³九州大学

¹ISAS/JAXA, ²Sch. Life Sci., Tokyo Univ., Pharm., Life Sci., ³Nagaoka Univ. of Tech., ⁴Fukuoka Inst. of Tech., ⁵Chiba Univ., ⁶Osaka Univ., ⁷Univ. of Tsukuba, ⁸Kobe Univ., ⁹Yokohama Natl. Univ., ¹⁰Univ. Aizu, ¹¹Tokyo Univ. Tech., ¹²Tokyo Inst. Tech., ¹³Kyushu Univ.,

To investigate the panspermia hypothesis and chemical evolution, The Tanpopo mission has been developed as Japan's first astrobiology-driven space experiments since 2007 (Yamagishi et al., 2009). This "Tanpopo" mission is launched this spring and it will be likely to start its first-year exposure on the ExHAM pallet onboard the Kibo Exposed Facility of International Space Station (ISS) by the time conference will be held.

The Tanpopo mission is composed of two main experimental apparatus: capture panels and exposure panels. Both will be prepared inside the Kibo module and exposed via airlock with its robot arm up to the maximum of 4 years. The capture panels are to intact capture micrometeoroids, space debris and possible terrestrial aerosols uplifted to the ISS orbit by the world's lowest density silica aerogels exposed to space. If the Tanpopo succeeds to capture terrestrial microbes embedded in the aerosol particles in the aerogel capture panels, it will push the upper limit of existing altitude for terrestrial microbes from the current record of 77 km to 400 km from the ground.

We also test both the survivability of some terrestrial microbes and the chemical alteration of astronomical analog organic compounds in the near Earth space environment. For the former, we emphasize on the importance of cell-aggregates, whose concept is known as "masapanspermia" (Kawaguchi et al., 2013), as the ark for interplanetary transfer of microbes

It is planned that the first samples of both panels will be retrieved back to the Earth in mid-2016, for post-flight analysis initially at ISAS and then at laboratories nationwide by the Tanpopo Team members.

References

- Yamagishi et al., 2009, Trans. JSASS Space Tech. Japan, 7, ists26 (2009), pp. Tk 49-55.
Kawaguchi et al., 2013, Origins of Life and Evolution in Biospheres, 43, 411-428.

Keywords: space experiment, ISS, panspermia hypothesis, chemical evolution

部分循環湖貝池の嫌気的水塊下でのリンと鉄の初期続成作用 Phosphorus and iron cycles during early diagenesis of sediments under anoxic water mass in a meromictic Lake Kai-ike

飯田 始^{1*}; 山口 耕²; 小栗 一将³

IIDA, Hajime^{1*}; YAMAGUCHI, Kosei E.²; OGURI, Kazumasa³

¹ 東邦大学, ² 東邦大学& 無紗 明日吐露倍汚路地 院素手中途, ³ 独立行政法人海洋研究開発機構

¹Toho University, ²Toho University& NASA Astrobiology Institute, ³JAMSTEC

鹿児島県上甕島貝池は、海洋と砂州で隔てられた部分循環湖である。砂州深部から浸入する海水と、低塩分の表層水との密度差によって湖水の経年的な成層が生じている。このため湖の深部は有機物分解により嫌気的な環境を呈する。水深4~5mに存在する湖水の酸化還元境界には、嫌気的な光合成を行う紅色硫黄細菌が生息している。堆積物表層には、主に緑色硫黄細菌によって構成されているマット状構造が見られる(Nakajima et al., 2003)。このような環境は、大気中の酸素濃度の急上昇前で還元的な環境が卓越していたとされる約24億年以前や、白亜紀OAEのモデルと見なすことができ、過去に存在した海洋環境を理解する手がかりとなりうる(Oguri et al., 2003)。

本研究で着目したリンは生体必須元素であり、生物の一次生産の制限栄養元素(limiting nutrient)でもある。また鉄はredox-sensitive elementであり、溶存態のFe(II)が酸化されると鉄酸化物が沈殿するが、その際にリンを吸着する。そのためリンも初期続成作用の過程で酸化還元状態の変化に敏感に影響を受け、海洋の還元化が進むと負のフィードバックを働かせる。すなわちリンの堆積物への埋没は大気中の酸素濃度と関連している可能性がある(Van Cappellen et al., 1996)。リンの初期続成作用に関する研究は、現代の酸化的海洋で多くなされており、本研究では嫌気的水塊下の貝池堆積物(KAI4コア; Yamaguchi et al., 2010)に着目した。リン及び鉄の存在形態別分析を行い、酸化的水塊下での地球化学的挙動との比較、OAEなど過去の無酸素環境の復元への応用を目的とした。

堆積物試料中のリンはSEDEX法(Ruttenberg, 1992)を参考に、 P_{abs} (吸着)、 P_{Fe} (鉄結合態)、 P_{auth} (自生)、 P_{det} (碎屑性)、 P_{org} (有機態)の5形態に、鉄についてはPoulton et al. (2005)を参考に、 Fe_{HCl} (HCl可溶)、 Fe_{carb} (炭酸塩)、 Fe_{ox} (酸化物)、 Fe_{mag} (磁鉄鉱)、 Fe_{resi} (残渣)の5形態にそれぞれ分画、定量した。

貝池最深部の11.5mから採取されたKAI4堆積物の表層において、全リン中の割合が最も多かったのは P_{org} であり、深さ約5cmで急激な減少が見られた。二番目に割合が多かった形態は P_{Fe} であったが、 P_{Fe} 、 Fe_{ox} はいずれも堆積物表層でピークは見られなかった。これは、鉄酸化物の自生の沈殿は生じていないことを示唆する。また、 Fe_{py} は堆積物最表層では検出されず、深度を増すごとに存在量が増加した。

酸素が溶存する現在の海洋では、堆積物表層で生じるリンの鉄酸化物への吸着・埋没と、堆積物内部で生じる鉄酸化物の還元に伴うリンの間隙水への再放出、というリン-鉄サイクルにより、間隙水中のリン酸濃度は高く保たれ、自生アパタイトの沈殿が促進される(Slomp et al., 1996)。しかし、湖底に酸素が溶存しない貝池では堆積物表層の鉄酸化物の存在量が少ないため、間隙水中のリン濃度は自生アパタイトを形成する程高くなく、堆積物深度が増しても P_{auth} はほとんど増加しない。さらに、 P_{Fe}/P_{org} 比と P_{auth} の形成の度合いが正の相関を持つことから、 P_{Fe} と P_{org} の量比がリンの埋没に深く関連していることが推測される。主に有機物分解から生じたリンは間隙水中に留まることなく水塊中に放出されていると考えられる。また、堆積物表層における鉄酸化物の沈殿は生じていないが、 Fe_{py} の沈殿も見られなかった。その代わり、 Fe_{carb} の小さなピークが見られたことから、堆積物表層付近では Fe_{py} を生成するほどの H_2S は存在しないことが示唆される。 Fe_{py} の存在量は深度を増すごとに増加し、それにしたがって過去の酸化還元状態を示す指標のDOP(degree of pyritization; $Fe_{py}/(Fe_{py}+Fe_{HCl})$)や Fe_{HR}/Fe_{tot} の値も増加する。

貝池同様、過去の嫌気的環境で堆積したリンも大部分が水塊に戻り、結果として嫌気的水塊中に蓄積したリンは微生物活動や一次生産の強化、さらに酸化還元状態の変化のトリガーとなっていたことが示唆される。

キーワード: リン, 鉄, 初期続成作用, 嫌気的有光層, 嫌気的水塊

Keywords: phosphorus, iron, early diagenesis, photic zone anoxia, anoxic water mass

系外惑星探査によるアストロバイオロジーの展開 Development of Astrobiology with Exoplanet Explorations

田村 元秀^{1*}
TAMURA, Motohide^{1*}

¹ 東京大学
¹University of Tokyo

近年の系外惑星の研究の進展は目覚ましい。有力候補も入ると 5000 個以上の系外惑星候補が報告されている。すばる望遠鏡などでは木星型惑星の直接撮像観測も可能な時代になった。その結果、さまざまなタイプの主星のまわりに多様な惑星が存在することが明らかになった。とりわけ、NASA のケプラー衛星によるスペーストランジット観測や長期にわたる地上視線速度法観測により、スーパーアースや地球型惑星は恒星の型によらず多数存在することが明らかになった。しかし、ケプラー衛星で発見された惑星はいずれも遠方に位置し、数 10 光年以内の近傍の恒星のまわりのこれらの軽いハビタブル惑星は未開拓である。我々は、多様な環境における生命の普遍性に迫るべく、(1) 近傍の赤色矮星 (M 型星) のまわりの様々な惑星を検出するための専用施設を長期観測に向けた海外に建設し、多数のハビタブル惑星を検出すること、および、(2) とりわけ地球型惑星については、開発中のすばる望遠鏡用高精度分光器 IRD を用いた大規模サーベイを行う事を検討している。発見される惑星は、2022 年にファーストライトを迎える TMT30m 望遠鏡などによる、非地球型環境 (低光度・高活動性をもつ主星まわり) における生命のなりたちを研究する最適な対象となるだろう。

キーワード: 系外惑星, 赤外線, ハビタブル惑星, 赤色矮星
Keywords: exoplanet, infrared, habitable planet, red dwarf

BAO01-08

会場:105

時間:5月28日 14:45-15:00

低質量星周りのハビタブル地球型惑星探索

Search for extrasolar Earth-like planets in the habitable zone using InfraRed Doppler and the Subaru

大宮 正士^{1*}

OMIYA, Masashi^{1*}

¹ 国立天文台

¹ National Astronomical Observatory of Japan

Planetary systems around low-mass stars are attractive targets to search for Earth-mass planets in the habitable zone because Doppler signals caused by the planets are relatively large and the habitable zone of the low-mass stars is located at close-in orbits. For the advantages, we have a plan to conduct a planet search program of low-mass stars by the Doppler method using a new InfraRed Doppler (IRD) instrument to search for Earth-like planets. IRD to be mounted on the Subaru telescope in 2015 is composed of a very stable near-infrared high dispersion echelle spectrograph and a laser-frequency comb as a wavelength calibrator of the radial velocity measurements. The main goals of the program are to detect Earth-mass planets in the habitable zone and to understand statistical properties, formation and habitability of extrasolar Earth-mass planets around low-mass stars.

We performed a survey simulation of our planet search program using IRD and the Subaru telescope and estimate expected numbers of detectable planets around low-mass stars based on the results of theoretical population synthesis. In this simulation, we expect more than 50 planets including the more than 30 Earth-mass planets and 10 Earth-mass planets in the habitable zone on a suitable survey plan. And we would detect some transiting planets in the habitable zone, which can characterize planetary atmosphere and may discuss the habitability of the planets by making follow-up observations.

Keywords: Earth-mass planets, low-mass stars, habitable zone

太陽系外惑星の輻射環境にさらされた光捕集複合体の吸収効率 Absorption efficiencies of light-harvesting complexes exposed to the photoenvironment of extrasolar planets

小松 勇^{1*}; 梅村 雅之¹; 庄司 光男¹; 栢沼 愛¹; 重田 育照¹

KOMATSU, Yu^{1*}; UMEMURA, Masayuki¹; SHOJI, Mitsuo¹; MEGUMI, Kayanuma¹; SHIGETA, Yasuteru¹

¹ 筑波大学

¹ University of Tsukuba

The detectable size of extrasolar planets, which are planets outside our solar system, is getting smaller. Recently, an Earth-size planet has already been discovered in the habitable zone, the region where a planet can hold liquid water on the surface. By obtaining spectra of exoplanets, a lot of information is derived. For instance, the surface type affects the spectral shape. If we detect the signal of vegetation on exoplanets, it will be a direct evidence of trace of life.

However, trace of vegetation on exoplanets is uncertain when the primal star is different from the Sun. As the first step before detecting trace of vegetation on the planets, it should be examined what kinds of photoenvironments are acceptable for photosynthetic organisms on the earth. Significant processes of photosynthesis, light absorption and excitation energy transfer (EET) processes, occur in light-harvesting complexes (LHCs) that contain photosynthetic pigments. Particularly, we modeled the two processes in the LHC in purple bacteria (LH2), which absorb longer radiation than that in plants, since planets around M dwarfs or M stars (cooler than the Sun) will be the observational targets. We investigated how efficiently the LH2 system absorbs light energies depending on stellar radiation using the quantum chemical calculations.

To begin with photosynthetic pigments, the absorption spectra are calculated to evaluate absorption efficiencies under seven stellar radiation spectra at the top of atmosphere (TOA) of the planets. The pigments and LHC have three main absorption bands: Soret, the Q_x and the Q_y in order of the wavelength. We found that, among the six major pigments, the efficiencies around higher temperature stars, the F, G and K type stars, vary depending on whether Soret bands are placed blueward or redward of 4000 Å break, which is a steep change due to the absorption by some metals in stars below 400 nm. Around the M stars, Soret bands do not contribute the efficiency anymore. Alternatively, Q_y bands affect the efficiencies crucially.

Moreover, the EET process in the aggregation system of LH2 is investigated. The EET velocity becomes double when two pigments in the central antenna are exchanged to the pigments with low excitation energies (from 850 to 890 nm). We also found that the efficiencies using estimated spectrum of the 19 LH2 system are maximized offset from the solar effective temperature (5778 K). The Soret band still has a contribution to the efficiency because the band is just around 4000 Å break.

In order to estimate the efficiencies on planetary surfaces where the organisms inhabit, the planetary atmospheric effects are considered using simple radiation transfer calculations. The contribution of Q_y region is affected due to absorption bands by water vapor. Atmospheric conditions, i.e. oxidizing earth-like or reducing, vary the efficiencies around M stars significantly than those around the Sun. This is particularly because of the spectral overlapping in the Q_y region.

In order to examine conditions which would lead to effective light absorption around M stars, we evaluate the efficiencies with different conformations of the pigments and the LH2 and the solvent. The wavelength of absorption shifts about 120 nm longer in the 19 LH2 system whose central metals of the pigments are exchanged to Pd, compared to that without the metals.

In any conditions as considered the planetary atmospheres, Soret bands contribute the efficiencies due to being enough redward of 4000 Å break. Therefore, in the history of the Earth, there is a possibility for the organisms to have evolved the Soret band to absorb light energies effectively.

低地球周回軌道環境を利用した生体有機物の無生物的生成の検証 Verification of abiotic formation of bioorganic compounds by utilizing Low Earth orbital environment

小林 憲正^{1*}; 癸生川 陽子²; 金子 竹男²; 三田 肇³; 別所 義隆⁴; 中川 和道⁵; 柴田 裕実⁶;
今井 栄一⁷; 高橋 淳一⁶; 石橋 之宏⁸; 奥平 恭子⁹; 矢野 創¹⁰; 橋本 博文¹⁰; 横堀 伸一¹¹;
山岸 明彦¹²

KOBAYASHI, Kensei^{1*}; KEBUKAWA, Yoko²; KANEKO, Takeo²; MITA, Hajime³; BESSHO, Yoshitaka⁴;
NAKAGAWA, Kazumichi⁵; SHIBATA, Hiromi⁶; IMAI, Eiichi⁷; TAKAHASHI, Jun-ichi⁶;
ISHIBASHI, Yukihiro⁸; OKUDAIRA, Kyoko⁹; YANO, Hajime¹⁰; HASHIMOTO, Hirofumi¹⁰;
YOKOBORI, Shin-ichi¹¹; YAMAGISHI, Akihiko¹²

¹ 横浜国立大学/自然科学研究機構, ² 横浜国立大学, ³ 福岡工業大学, ⁴ 理研 SPring8, ⁵ 神戸大学, ⁶ 大阪大学, ⁷ 長岡技術科学大学, ⁸ 九州大学, ⁹ 会津大学, ¹⁰ JAXA 宇宙科学研究所, ¹¹ 東京薬科大学, ¹² 東京薬科大学/自然科学研究機構

¹Yokohama National University / Natl. Inst. Natural Sciences, ²Yokohama National University, ³Fukuoka Institute of Technology, ⁴RIKEN SPring8, ⁵Kobe University, ⁶Osaka University, ⁷Nagaoka University of Technology, ⁸Kyushu University, ⁹University of Aizu, ¹⁰JAXA/ISAS, ¹¹Tokyo University of Pharmacy and Life Science, ¹²Tokyou University of Pharmacy and Life Science / NINS

原始天体上での生命誕生に先立ち、アミノ酸、核酸などの生体関連分子が無生物的に生成したはずである。原始天体上での化学進化において、宇宙からの寄与（宇宙線や太陽紫外線など）の寄与が重要であったと考えられる。これまで、室内模擬実験においてそれぞれのエネルギーの寄与についての研究はあったが、実際の宇宙からのこれらのエネルギーフラックスにより有機物進化が可能かどうかは確認されていなかった。われわれは、国際宇宙ステーション曝露部環境を利用してその検証かどうかの検討を行った。その結果、たとえば、タイタン大気をモデルとしたメタン（5%）・窒素（95%）の混合気体を約 30 mL の金属容器に封入したものを、国際宇宙ステーションのきぼう曝露部に 1 年以上曝露することによりアミノ酸前駆体の生成が期待できることがわかった。

キーワード: 惑星大気, 宇宙線, タイタン, 太陽紫外線, アミノ酸, 国際宇宙ステーション

Keywords: planetary atmospheres, cosmic rays, Titan, solar ultraviolet light, amino acids, international space station

初期地球における隕石衝突による核酸塩基とアミノ酸の生成 Formation of nucleobases and amino acids by meteorite impacts on early Earth

古川 善博^{1*}; 中沢 弘基¹; 関根 利守³; 小林 敬道²; 掛川 武¹
FURUKAWA, Yoshihiro^{1*}; NAKAZAWA, Hiromoto¹; SEKINE, Toshimori³; KOBAYASHI, Takamichi²; KAKEGAWA, Takeshi¹

¹ 東北大学地学専攻, ² 物質・材料研究機構, ³ 広島大学理学研究科地球惑星システム学専攻

¹Department of Earth Science, Tohoku University, ²NIMS, ³Department of Earth and Planetary System Science, Hiroshima University

Emergence of biologically important molecules on the prebiotic Earth was a critical step for the origins of life. Miller-Urey type synthesis was once demonstrated the formation of these molecules, such as amino acids and nucleobases. However, reduced atmospheres replicated in those experiments are not realistic considering hot accretion of primitive Earth and hence, this raised questions about how such biologically important molecules were formed. Impact-induced reaction is a potential process that provides these molecules on the early Earth. Formation of a few simple amino acids, amines, and carboxylic acids has been demonstrated in experimental simulation of impacts [1-3]. In this presentation, we report the formation of biologically important organic molecules in experiments simulating reactions induced by extraterrestrial objects impacting on the early oceans. The products contained cytosine and uracil, which are nucleobases found in both DNA and RNA. Proteinogenic amino acids, glycine, alanine, serine, aspartic acid, glutamic acid, valine, leucine, isoleucine, and proline, were also formed as well as non-proteinogenic of β -alanine, sarcosine, α -amino-n-butyric acid, and β -aminoisobutyric acid. Furthermore, methylamine, ethylamine, propylamine, and butylamine were found in products. These organic molecules were formed from impact-induced reactions from iron, nickel, forsterite, water, and ammonium bicarbonate. The yields of produced organics were dependent on the amounts of both metallic iron and ammonium bicarbonate in the starting materials. Estimates based on the experimental results suggest that the formation rate of biologically relevant organics by impacts exceeded the rate supplied by carbonaceous chondrites and was comparable to the flux of interplanetary dust particles (IDPs), although the concentrations of such organics in IDPs remains unclear. These results significantly expand the availability of building blocks of life on the prebiotic Earth.

[1] Furukawa, Y., T. Sekine, M. Oba, T. Kakegawa, and H. Nakazawa (2009), Biomolecule formation by oceanic impacts on early Earth, *Nat. Geosci.*, 2, 62?66. [2] Goldman, N., E. J. Reed, L. E. Fried, I. F. W. Kuo, and A. Maiti (2010), Synthesis of glycine-containing complexes in impacts of comets on early Earth, *Nat. Chem.*, 2, 949?954. [3] Martins, Z., M. C. Price, N. Goldman, M. A. Sephton, and M. J. Burchell (2013), Shock synthesis of amino acids from impacting cometary and icy planet surface analogues, *Nat. Geosci.*, 6, 1045?1049.

キーワード: 生命の起源, アストロバイオロジー, アミノ酸, 隕石, 衝突, 有機物

Keywords: Origins of life, Astrobiology, Amino acid, Meteorite, Impact, Organic compounds

初期地球における有機物ヘイズの衝突成長と内部構造進化 Collisional growth and the evolution of the internal structure of Archean organic haze particles

古川 ひかる^{1*}; 奥住 聡²

FURUKAWA, Hikaru^{1*}; OKUZUMI, Satoshi²

¹ 東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻, ² 東京工業大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻

¹Department of Earth and Planetary Science, Graduate School of Science, University of Tokyo, ²Department of Earth and Planetary Science, Graduate School of Science, Tokyo Institute of Technology

初期地球における暗い太陽のパラドックスに関して、様々な議論がなされてきた。恒星モデルによって太陽の光度が今より低いことが示されている一方、地質学的証拠によって水や原始生命の存在が示唆されており、この矛盾の解明が必要である。地球の表面温度に影響を与え得る様々な要因が存在するなか、アンモニアやメタンなどの温室効果ガスは大きく注目されてきた。温室効果ガスが温暖化にどの程度寄与していたかを知るには、当時の地球を覆っていたヘイズの遮蔽効果や冷却効果を調べる必要がある不可欠である。

初期地球のヘイズはタイタンのヘイズと類似性がある。ヘイズを構成している粒子は、粒子の最小単位であるモノマーから始まり、大気中を落下しながら衝突成長し、内部に空隙があるフラクタルな粒子になる。しかし従来のシミュレーションではこの構造が無視され、内部がぎっしり詰まったコンパクトな粒子として単純化された仮定が用いられてきた。その後 Wolf and Toon (2010) がフラクタルな粒子を仮定した研究を行ったが、彼らの研究では粒子の圧縮過程が正確に考慮されていない。Wolf and Toon (2010) では圧縮の原因として Onischuk (2003) の実験結果を用いており、燃焼してつくられた煤アグリゲイトが帯電することを理由にしているが、初期地球のヘイズにこの実験結果を適用するのは不適切であると考えられる。

このような流れの中で、本研究では、初期地球を覆っていた有機物ヘイズの性質を力学過程にもとづいて正確に調べることを目的としている。本研究では、ヘイズが生成されてから地面に落下するまでの衝突成長過程と圧縮過程を力学計算をもとに再現し、粒子の内部構造進化を正確に考慮してシミュレーションを行った。圧縮過程としては、衝突合体時の衝撃によるもの（衝突圧縮）と、大気から受ける摩擦抵抗によるもの（静的圧縮）を考える。

その結果、初期地球ヘイズでは静的圧縮過程も衝突圧縮過程も起こり得ず、粒子がフラクタルな構造を保ったまま落下することがわかった。この結果を反映してシミュレーションを行った結果、この内部構造の違いによって各高度におけるヘイズの質量分布も変化することが明らかにされた。初期地球の有機物ヘイズ分布は、ヘイズの生成層付近の高い高度では光学的に薄く、生成層より下の高度で、光学的に厚いヘイズの滞留層が形成される。さらに、初期地球のヘイズは紫外線の光学的厚みが Wolf and Toon (2010) の仮定で出した値よりも高く、ヘイズがより紫外線をカットしていた可能性が高いことが示された。

効果的に紫外線がカットされることで、有機物の破壊がおさえられ、当時の大気がより還元的に保たれ原始生命にとって好ましい環境だったと考えられる。また、Wolf and Toon (2010) の研究結果により、可視光線に対しては光学的に薄く、光を通すことがわかっているため、効果的に地表面を温めながら紫外線をカットできるヘイズであった可能性が高い。また、ヘイズの生成層と滞留層が別の高度に分布していることが鍵となって、こうしたヘイズが持続的に生成され続け地球を温めていたシナリオも考えられる。メタンやアンモニアなどを暗い太陽のパラドックスの解決策として断定するには、まだ他にも解明が必要な点が存在するが、ヘイズが UV 遮蔽効果を持つこと、さらには冷却効果を持たないことは、温室効果ガスを候補として考える上で特に重要な役割を持つため、本研究結果は Wolf and Toon (2010) の議論を補強し、温室効果ガスの議論を前進させるという点で大きな意義を持っていると言える。

キーワード: 初期地球, ヘイズ, フラクタル粒子, 暗い太陽のパラドックス, 内部構造進化, 始生代

Keywords: the early Earth, haze, fractal particle, the faint young Sun paradox, the internal structure change, the Archean

BAO01-13

会場:105

時間:5月28日 16:30-16:45

オリゴペプチドからのポリペプチドの生成 Polypeptide formation from oligopeptides

胸組 虎胤^{1*}

MUNEGUMI, Toratane^{1*}

¹ 鳴門教育大学大学院自然系コース (理科)

¹Department of Science Education, Naruto University of Education

ペプチドの非生物的生成については多くのシナリオが提案されてきたが、それらの研究結果はアミノから高分子量および多様性のあるポリペプチドの生成が困難であることを示してきた。水溶液中でアスパラギン、乾燥条件でのアスパラギン酸は加熱によりポリペプチドを生成するが、他のアミノ酸残基がペプチドの主鎖を占めることは困難であった。その理由は鎖状のジペプチドが容易に環化してジケトピペラジン (DKP) を生じることが挙げられる。本研究は特異な性質であるアスパラギンの残基をもつオリゴペプチドに焦点を当てている。ジペプチド (Gly-Asn, Ala-Asn) の水溶液を加熱して平均分子量が 3000 から 5000 程度のポリペプチドが生成した。アスパラギン残基をもつオリゴペプチドが原始地球環境下で生成したとすると、このオリゴペプチドはポリペプチドを生じたことが考えられる。

キーワード: オリゴペプチド, ポリペプチド, アスパラギン, 加熱

Keywords: oligopeptides, polypeptides, asparagine, heating

A reinvestigation of ALH84001 magnetite using SQUID microscopy A reinvestigation of ALH84001 magnetite using SQUID microscopy

BUZ, Jennifer¹ ; KIRSCHVINK, Joseph^{1*} ; KOBAYASHI, Atsuko² ; THOMAS-KEPRTA, Kathie³ ;
CLEMETT, Simon³
BUZ, Jennifer¹ ; KIRSCHVINK, Joseph^{1*} ; KOBAYASHI, Atsuko² ; THOMAS-KEPRTA, Kathie³ ;
CLEMETT, Simon³

¹California Institute of Technology, Pasadena USA, ²Earth/Life Science Institute, Tokyo Institute of Technology, Meguro, Japan,
³ESCG at NASA/Johnson Space Center, Houston TX, USA, ⁴Earth/Life Science Institute, Tokyo Institute of Technology, Meguro, Japan

¹California Institute of Technology, Pasadena USA, ²Earth/Life Science Institute, Tokyo Institute of Technology, Meguro, Japan,
³ESCG at NASA/Johnson Space Center, Houston TX, USA, ⁴Earth/Life Science Institute, Tokyo Institute of Technology, Meguro, Japan

The ~4 Ga Martian meteorite ALH84001 has fine grained magnetite crystals embedded in carbonate blebs along its fracture surfaces (McKay, 1996). Some of these magnetites are strikingly similar (in grain size, morphology, and composition) to those made by magnetotactic bacteria on Earth (Thomas-Keprta et al. 2009). Great debate has raged concerning the origin of the putative biological magnetites. Until recently careful magnetic examination of the magnetite in the carbonate blebs was not possible due to a lack of instrument sensitivity. The ultra-high resolution scanning SQUID microscope (UHRSS) now allows us to study the magnetization of individual carbonate blebs that have been extracted from the meteorite. We are also able to visualize magnetization along fracture surfaces and within the bulk rock by scanning thin slices of the meteorite with the UHRSS.

Two leading hypotheses exist to explain the magnetites found within the carbonate blebs: high-temperature shock deformation leading to the decomposition of iron-bearing carbonate minerals to form magnetite (Treiman and Essene, 2011), and the sedimentary deposition of previously-formed, mature magnetite in an aqueous micro-environment as would be the case for a biogenic origin (Thomas-Keprta, 2009). A well-established paleomagnetic technique which can distinguish between these two hypotheses is the Fuller test of natural remanent magnetization (NRM) (Fuller et al. 1988) which probes the efficiency of the magnetization. If the magnetites grew in a solid state process inside the carbonates (like is suggested by Treiman and Essene (2011) they would be unable to physically rotate as they become stably magnetized and would have a highly efficient magnetization. If the magnetites were detrital (as would be expected from a biological origin scenario) the magnetization would be three orders of magnitude less efficient because the particles would be subject to Brownian motion as they are deposited. Additionally, the susceptibility of Anhysteretic Remanent Magnetization (ARM susceptibility) can be measured for the carbonate blebs. The ARM susceptibility measures the inverse of the effective r.m.s. field strength between magnetic particles (Cisowski 1981). We expect high ARM susceptibility for magnetites formed in situ because they would be evenly spaced as they form and therefore not highly interacting. However, magnetite particles falling through a water column will clump together as they fall (Kobayashi et al. 2006) and will have a low ARM susceptibility.

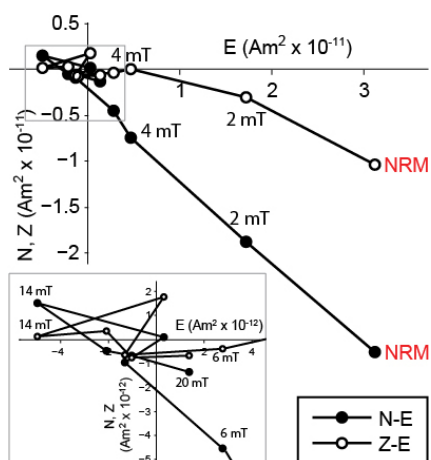
In order to conduct these paleomagnetic tests on the magnetites found within the carbonates and avoid interaction from other magnetic particles in the bulk rock, we extracted the carbonate blebs by carefully flaking them from the fracture surfaces using a non-magnetic needle. We then glued these blebs to magnetically clean microscope slides. We scanned the microscope slides with the UHRSS and were able to observe quantifiable magnetization from the individual blebs. The Fuller test of NRM requires demagnetization of the sample followed by application of an isothermal remanent magnetization (IRM). We have begun demagnetization of the sample. Thus far we observe a clear single magnetic component from NRM to 8 mT followed by chaotic changes in magnetic direction and approximately uniform strength (Figure 1). At this stage it is unclear whether multiple magnetization components will be recovered, our demagnetization is ongoing. Separately, we have measured slices of the ALH84001 bulk rock and observed heterogeneous magnetization, consistent with the work done by Weiss et al. (2000). We have also observed clustering of dipoles within the bulk rock, especially along fracture surfaces. Clustering of dipoles may indicate that multiple deposition or alteration events occurred or that portions of the meteorite have been fractured after emplacement/formation of the carbonates.

キーワード: Martian Life, ALH84001, Rock Magnetism, Paleomagnetism, Biogenic Magnetite, Meteorites
Keywords: Martian Life, ALH84001, Rock Magnetism, Paleomagnetism, Biogenic Magnetite, Meteorites

BAO01-14

会場:105

時間:5月28日16:45-17:15



太古代枕状溶岩に微生物は住んでいたか？ Were Archean volcanic glasses habitats for microbial organisms?

掛川 武^{1*}
KAKEGAWA, Takeshi^{1*}

¹ 東北大学院理学研究科

¹ Tohoku Univ., Graduate School of Science

Submicron-tube structures have been found in quenched glasses of pillow lavas from Barberton (ca.3.4 Ga) and Abitibi (ca.2.7 Ga) Greenstone belts. These tubes are interpreted as products of bio-alteration (Furnes et al., 2003). However, abiotic processes could form the same structure, and some researchers are questioning biogenic origin of the tube structure (Grosch et al., 2014). Further examination of Archean volcanic glasses is important to constrain habitats of early life.

Here I examined pillow lavas from 2.7 Ga Abitibi Greenstone Belt in Canada. Pillow lavas have clear reaction rims, which were quenched and altered glasses before metamorphism. Typical mineral assemblages in reaction rims are paragonite, chlorite, actinolite, titanite, quartz, calcite, pyrite and epidote. Low metamorphic grade (lower greenschist facies) is suggested by those mineral assemblage. Mineral chemistries suggest that alkaline solutions was responsible for formation of primary minerals, implying alkaline 2.7 Ga ocean.

Titanite occurs in aggregates of fine crystals in chlorite matrix, and often accompanied by unclear “tubes.” Occurrence of titanite aggregates is identical to bio-alteration features found in other Archean pillow lavas. However, the length and density of “tubes” are much less compared to others. The examined samples in the present study were less metamorphosed compared to others (upper greenschist facies). Absence of clear “tubes” in less metamorphosed rocks suggest that “tubes” in Archean pillow lavas were not products of bio-alteration, but products of metamorphism.

キーワード: Archean, Pillow lava, microbes, Abitibi
Keywords: Archean, pillow lava, microbes, Abitibi

約32億年前の縞状鉄鉱層中の希土類元素と酸素同位体組成から制約される海洋環境 Mesoarchean pO_2 and pCO_2 based on REE and oxygen isotope geochemistry of BIF from Barberton, South Africa

山口 耕生^{1*}; 矢作 智隆¹; 清川 昌一³

YAMAGUCHI, Kosei E.^{1*}; YAHAGI, Tomotaka R.¹; KIYOKAWA, Shoichi³

¹ 東邦大学、NASA Astrobiology Institute, ² 東邦大学, ³ 九州大学

¹Toho University and NASA Astrobiology Institute, ²Toho University, ³Kyushu University

A popular mechanism for BIF (Banded Iron Formation) deposition is that Fe-oxides were precipitated in deep-water setting by oxidation of dissolved Fe^{2+} supplied from submarine hydrothermal activity, by dissolved oxygen supplied from oxygenic photosynthesis in the surface ocean. When Fe-oxides precipitated, rare earth elements (REEs) were adsorbed on their surface. REE compositions of seawater have been recognized to reflect redox state of seawater and the extent of input from hydrothermal activity. In this study, we aimed to estimate Mesoarchean seawater chemistry and temperature based on REE signatures of 3.2 Ga old BIFs. These are directly related to pO_2 and pCO_2 in the Mesoarchean atmosphere.

Samples were collected from outcrops of the Mapepe Fm at the bottom of the Fig Tree Group and Msauli Member in the Onverwacht Group, both belonging to the Swaziland Supergroup. Powdered rock samples were analyzed for their major element, REE, and oxygen isotope compositions. Samples with <0.5 wt.% Al_2O_3 are considered to be pure chemical precipitates and thus used for further discussion.

Chondrite-normalized REE patterns of the Mapepe samples show positive Eu anomaly, elevated Y/Ho ratios, and $LREE > HREE$. Furthermore, there exist positive correlations among the extent of positive Eu anomaly, $\sum Fe_2O_3$ contents, and Y/Ho ratios. The maximum Y/Ho ratios are surprisingly comparable to those of the modern ocean. These characteristics suggest a coherent story for BIF deposition; Fe^{2+} emanated from submarine hydrothermal activity was oxidized to Fe^{3+} , which, with enhanced particle reactivity, absorbed dissolved REEs and Y in the 3.2 Ga ocean, producing elevated near-modern Y/Ho ratios. The Msauli samples are mostly enriched in Al_2O_3 and have clastics-dominated REE patterns, suggesting deposition at shallower, more proximal setting.

We also estimate temperature of seawater 3.2 Ga ago from which the BIF precipitated to be around 60-70 °C, based on their oxygen isotope compositions of silicate- and Fe-oxide phases and their binary mixing model. Although crustal heat flux at that time was most likely higher than today, the pCO_2 in the Mesoarchean atmosphere should have been high enough to warm up the seawater under faint young Sun. The pO_2 in the Mesoarchean atmosphere should have been high enough to oxidize dissolved Fe^{2+} supplied from submarine hydrothermal activity.

キーワード: 太古代, 縞状鉄鉱層, 希土類元素, 酸素同位体, 南アフリカ

Keywords: Archean, BIF, REE, Oxygen isotope, South Africa

冥王代における生命誕生場：間欠泉モデル Birth place of life on Hadean Earth: Geyser model

丸山 茂徳^{1*}; 戎崎 俊一²

MARUYAMA, Shigenori^{1*}; EBISUZAKI, Toshikazu²

¹ 東京工業大学地球生命研究所, ² 理化学研究所

¹Earth-Life Science Institute, Tokyo Institute of Technology, ²RIKEN

Including us human being, life cannot survive with water only. The presence of water itself does not mean the emergence of life automatically. So what is life? Life is composed of three major big molecules, which is (1) carbon (sugar), big monster molecules, (2) metabolism which is the key to get energy. It does not work without P + K which is given from only landmass (provider of nutrients), and (3) self-replication, based on base pair. These 3 molecules are enclosed by membrane. That is life.

So where such molecules for life body are made on Hadean Earth. The most possible place for this process is geyser which locates below the ground. The reason why geyser is thought to be the most suitable site to synthesize building blocks for life body is (1) the ceiling of geyser located below the ground enable gases to be concentrated, such as CO, NH₃, CH₄, HCN, PO₄³⁻ and so on. (2) Amino acid or peptide is possible to be synthesized as necessary material can be provided within cavity of geyser. (3) Periodicity is maintained due to the nature of geyser. (4) Heat source is secured due to the presence of uranium ore deposit which is the alternative heat source instead of solar energy.

Phosphorus adsorption dynamics and retention capacity in agriculture drainage ditch sediments

Phosphorus adsorption dynamics and retention capacity in agriculture drainage ditch sediments

NGUYEN, Van Huy^{1*} ; MAEDA, Morihiro¹
NGUYEN, Van Huy^{1*} ; MAEDA, Morihiro¹

¹Graduate School of Environmental and Life Science, Okayama University, 3-1-1, Tsushima-Naka, Kita-Ku

¹Graduate School of Environmental and Life Science, Okayama University, 3-1-1, Tsushima-Naka, Kita-Ku

A number of interactions occur between ditch sediment and overlaying water, in which P adsorption is a major process in controlling soluble P concentration in water. Drainage ditches in Kasaoka reclaimed land, Japan is under alkaline conditions (pH >8), because drainage water is diluted with seawater. Our surveys have also demonstrated that ditches were contaminated with high concentration of phosphorus (P). Sediment has a vital role in removing P from discharge water by adsorption. Previous studies have reported sediment P retention capacity under acidic conditions, but little information on phosphorus retention capacity under alkaline conditions was reported. This study aims to evaluate P equilibrium between ditch sediment and overlaying water, and P retention capacity of sediment by determining adsorption parameters under alkaline conditions. Three sub-experiments were carried out in order: (1) adsorption kinetic measurement; (2) adsorption at ambient water P for zero equilibrium P concentration (EPC₀) and P buffering capacity estimation; and (3) sediment P retention capacity determination by using the Langmuir model. Surface sediment (0-10 cm) and overlaying water were collected in three drainage ditches, which receive drainage water from livestock-horticulture area (LHA), livestock area (LA) and grassland area (GLA). In addition, sediment core layers (0-2, 2-4, 4-6, 6-8, 8-10 cm) were taken for evaluation of pore water P concentrations. Results showed that pore-water P of LA and LHA increased with increasing the depth layers, whilst GLA sediment decreased. Sediment particle sizes showed a two-third proportion of silt contents. The kinetic adsorption of sediments consisted of two stages that were quick and slow stages regardless of sites. The quick stage was within the first hour of incubation, and slow stage afterward. The LA drainage ditch, which was more contaminated with P, was the highest the sediment EPC₀, followed by LHA, and GLA ditches. The sediment EPC₀ indicated that three ditch sediments act as a sink for P across sediment surface. The Langmuir models were fitted well with experimental data and adequately describe adsorption isotherms of sediments in this study ($r^2 > 0.95$). Phosphorus retention capacity of sediments by maximum adsorption calculations ranged from 384.2-416.7 mg kg⁻¹, binding energy (K) (0.195-0.263 L mg⁻¹). Our results indicate the importance of ditch sediment in controlling P dynamics discharged from agricultural farms.

キーワード: adsorption, Agricultural drainage ditches, sediment, phosphorus, retention capacity
Keywords: adsorption, Agricultural drainage ditches, sediment, phosphorus, retention capacity

宇宙環境下での *Deinococcus* 属細菌の生存可能性?ISS における「たんぽぽ」ミッションの宇宙曝露実験に向けて Survivality of deinococci under space conditions ? Toward the space exposure experiment in "TANPOPO" mission at ISS

村野 由佳^{1*}; 原田 美優¹; 河口 優子²; 橋本 博文²; 小林 憲正³; 中川 和道⁴; 鳴海 一成⁵;
佐藤 勝也⁶; 吉田 聡⁷; 矢野 創²; 横堀 伸一¹; 山岸 明彦¹
MURANO, Yuka^{1*}; HARADA, Miyu¹; KAWAGUCHI, Yuko²; HASHIMOTO, Hirofumi²; KOBAYASHI, Kensei³;
NAKAGAWA, Kazumichi⁴; NARUMI, Issay⁵; SATO, Katsuya⁶; YOSHIDA, Satoshi⁷; YANO, Hajime²;
YOKOBORI, Shin-ichi¹; YAMAGISHI, Akihiko¹

¹ 東京薬科大学・生命科学部・応用生命科学科, ² 宇宙航空研究開発機構・宇宙研, ³ 横浜国立大学・大学院工学研究科, ⁴ 神戸大学・大学院人間発達環境研究科, ⁵ 東洋大学・生命科学部, ⁶ 原子力研究開発機構・量子ビーム応用研究部門, ⁷ 放射線医学総合研究所

¹Dept. Applied Life Sci., Sch. Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci., ²JAXA/ISAS, ³Grad. Sch. Engineer., Yokohama Natl. Univ., ⁴Grad. Sch. Human Develop. Environ., Kobe Univ., ⁵Fac. Life Sci., Toyo Univ., ⁶Quantum Beam Sci. Cen., JAEA, ⁷Natl. Inst. Radiological Sci.

The "panspermia hypothesis" has been proposed as one of the hypotheses on the origin of terrestrial life. In this hypothesis, possible interplanetary migration of microbes has been considered.

To address the question whether interplanetary migration of terrestrial microbes are possible, we have proposed and prepared the space capture and space exposure experiments of terrestrial microbes as two of six sub-themes of "TANPOPO mission" on the Exposure Facility of Japanese Experiment Module "KIBO" of International Space Station (ISS) (Yamagishi et al., 2008). In this mission, we are going to expose microbes in space for one to three (or more) years. There are harsh environmental factors (vacuum, high UV irradiation, ionization radiation, and so on) in space. We have selected the species that show high tolerance to the space conditions.

We are going to use UV- and radiation-resistant deinococcal species: four strains of *Deinococcus radiodurans* (R1, KH311, rec30, and UVS78), *Deinococcus aerius* TR0125, and *Deinococcus aetherius* ST0316. *D. aerius* and *D. aetherius* were isolated from upper troposphere and lower stratosphere, respectively (Yang et al. 2009, 2010). They showed high tolerance to UV and radiation, similar to or higher than *D. radiodurans* R1. In addition, since the DNA repair systems are known to be the keys of high tolerance to UV and radiation in deinococcal species, space survivability of *D. radiodurans* R1 (wild type strain) will be compared with those of the DNA repair deficient mutant strains of *D. radiodurans*, KH311 (deficient mutant strain of *pprA* gene for non-homologous end-joining (NHEJ) repair), rec30 (deficient mutant strain of *recA* gene for homologous recombination), and UVS78 (deficient mutant strain of *uvrE* and *uvrA1* genes for nucleotide excision repair).

In this paper, we summarize survivability of deinococcal species for UV-irradiation, heavy ion-irradiation, high vacuum, and periodical change of temperature. Then, we evaluate survivability of deinococcal species in space after one year.

References

- Yamagishi, A., et al. (2008) *Viva Origino* 36: 72-76
Yang, Y., et al. (2009) *J. Syst. Evol. Microbiol.* 59: 1862-1866
Yang, Y., *Internatl. J. Syst. Evol. Microbiol.* 60: 776-779

キーワード: 国際宇宙ステーション, パンスペルミア, 微生物宇宙曝露実験, 「たんぽぽ」ミッション
Keywords: International Space Station, Panspermia, Microbe space exposure experiment, "Tanpopo" mission

Exposure experiments of amino acids and their precursors at the exposure facility on ISS Exposure experiments of amino acids and their precursors at the exposure facility on ISS

癸生川 陽子^{1*}; 三田 肇²; 小林 憲正¹; 橋本 博文³; 今井 栄一⁴; 伊藤 隆哉¹; 金子 竹男¹;
中川 和道⁵; 矢野 創³; 山岸 明彦⁶; Tanpopo Working Group³
KEBUKAWA, Yoko^{1*}; MITA, Hajime²; KOBAYASHI, Kensei¹; HASHIMOTO, Hirofumi³; IMAI, Eiichi⁴;
ITO, Takaya¹; KANEKO, Takeo¹; NAKAGAWA, Kazumichi⁵; YANO, Hajime³; YAMAGISHI, Akihiko⁶;
TANPOPO, Working group³

¹ 横浜国立大学, ² 福岡工業大学, ³ 宇宙航空研究開発機構・宇宙科学研究所, ⁴ 長岡技術科学大学, ⁵ 神戸大学, ⁶ 東京薬科大学

¹Yokohama National University, ²Fukuoka Institute of Technology, ³ISAS/JAXA, ⁴Nagaoka University of Technology, ⁵Kobe University, ⁶Tokyo University of Pharmacy and Life Science

Since a diverse suite of amino acids is found in carbonaceous chondrites, exogenous delivery of organic matter could have played an important role for the prebiotic chemical evolution on the early Earth. The interplanetary dust particles (IDPs) are considered to be the major carbon source [1]. However, the organic matter in IDPs is susceptible to the cosmic and solar radiation due to their small nature.

The Tanpopo mission consists of capture experiments and exposure experiments of organic matter and microbes at the Exposure Facility of Japan Experimental Module (JEM) "Kibo" on the International Space Station (ISS), which aims to investigate possible interplanetary migrations of organics and microbes. Here we report the exposure experiments of amino acids and their precursor molecules to the space environment to explore their alteration and survivability.

Selected organic compounds are amino acids (glycine and isovaline), their possible precursors (hydantoin and 5-ethyl-5-methyl hydantoin), and a complex amino acid precursor material synthesized from a mixture of carbon monoxide, ammonia and water by proton irradiation (here after called "CAW"). The amino acid water solutions, hydantoin ethanol solutions, and CAW were put into 3 μ L pits on the exposure panels, and dried under a clean booth. The solid samples were left on the pits ca. 75 nmol each for amino acids and hydantoins, and 15 nmol equivalent to glycine for CAW. Then the samples were covered with hexatriacontane (C₃₆H₇₄) in order to prevent the sample lost during the experiments and transportations. The exposure panels will be launched in this year, and will be recovered after one year, two years and three years of exposure.

[1] Chyba C. and Sagan C. (1992) Nature, 355, 125-132.

Keywords: Tanpopo Mission, origins of life

陸棲ラン藻 *Nostoc* sp. HK-01 の重粒子線耐性 Tolerance of heavy ions in a terrestrial cyanobacterium, *Nostoc* sp. HK-01

井上 琴美^{1*}; 木村 駿太¹; 味岡 令子¹; 藤代 華歌¹; 加藤 浩²; 新井 真由美³; 富田-横谷 香織¹;
佐藤 誠吾¹; たんぽぽ ワーキンググループ⁴

INOUE, Kotomi^{1*}; KIMURA, Shunta¹; AJIOKA, Reiko¹; FUJISHIRO, Haruka¹; KATOH, Hiroshi²;
ARAI, Mayumi³; TOMITA-YOKOTANI, Kaori¹; SATO, Seigo¹; TANPOPO, Working group⁴

¹ 筑波大学, ² 三重大学, ³ 日本科学未来館, ⁴ JAXA 宇宙科学研究所

¹ University of Tsukuba, ² Mie University, ³ National Museum of Emerging Science and Innovation, ⁴ JAXA/ISAS

地球上の生物における宇宙環境耐性の検証は、対象生物が他惑星に到達する可能性や環境耐性機能および宇宙利用の可能性を考察する上で不可欠である。現在、国際宇宙ステーション (ISS) で、微生物と生命材料となり得る有機化合物の天体間の移動の可能性の検証を行う実験や、宇宙環境下での微生物の生存の可能性を検討する実験などが候補実験として予定されている (たんぽぽ計画)。これまでに、真空や紫外線などの環境に極めて高い耐性を示す陸棲ラン藻 *Nostoc* sp. HK-01 がたんぽぽ計画の候補生物の1種として準備されている。各種宇宙環境耐性要素の中で、とりわけ重粒子線は生物に対して、DNA 損傷や突然変異、染色体異常をもたらす可能性があり、生物の生死に大きく影響する。当株の重粒子線の耐性について、ここで紹介する。

陸棲ラン藻 *Nostoc* sp. HK-01 を材料として用いた。少量の当株乾燥ラン藻を小チューブに分配し、放射線医学総合研究所の重粒子線がん治療装置 (HIMAC) にて重粒子線 (He, Ar) 曝露を行った。

重粒子線曝露した乾燥ラン藻の蘇生確認は Fluorescein diacetate (FDA) を用いて行った。重粒子線曝露ラン藻を滅菌水で加水した後、2日間培養し、FDA 染色後、光学蛍光顕微鏡で細胞の生死の観察を行った。また、同時に増殖機能について検証した。本発表で、本株の高い重粒子線耐性を報告する。

キーワード: ラン藻, 重粒子線耐性, *Nostoc* sp. HK-01

Keywords: Cyanobacteria, Heavy ions tolerance, *Nostoc* sp. HK-01

たんぽぽ計画におけるエアロゲルの生物的汚染管理 Biological contamination control for silica aerogels in the Tanpopo mission

清永 悠介¹; 今仁 順也¹; 佐々木 聡^{1*}; 河口 優子²; 今井 栄一³; 奥平 恭子⁴; 田端 誠⁵; 山岸 明彦⁶; 矢野 創²

KIYONAGA, Yusuke¹; IMANI, Junya¹; SATOSHI, Sasaki^{1*}; KAWAGUCHI, Yuko²; IMAI, Eiichi³; OKUDAIRA, Kyoko⁴; TABATA, Makoto⁵; YAMAGISHI, Akihiko⁶; YANO, Hajime²

¹ 東京工科大学, ² 宇宙航空研究開発機構, ³ 長岡科学技術大学, ⁴ 会津大学, ⁵ 千葉大学, ⁶ 東京薬科大学

¹Tokyo University of Technology, ²Japan Aerospace Exploration Agency, ³Nagaoka University of Technology, ⁴University of Aizu, ⁵Chiba University, ⁶Tokyo University of Pharmacy and Life Sciences

The capture and exposure panels of the Tanpopo mission, in which the panspermia hypothesis and chemical evolution are investigated, are onboard the Japanese Experimental Module (JEM) of International Space Station at about 400 km altitude since this spring. Micrometeoroid space debris and possible terrestrial aerosols are expected to be captured by ultra low-density silica aerogels that would be exposed in space at least one year. After returning back to the earth, the aerogels with "carrot-shaped" tracks formed by hypervelocity impacts of these microparticles should be documented, dissected and delivered to scientists for detailed analysis as soon as possible. During this process, biological contamination as well as chemical one must be avoided (Kiyonaga et al., 2013). Thus, in this study - (1) fabrication of aerogel processing machine called "Yokan Machine", (2) novel evaluation method for biological contamination, and (3) a procedure for pre-flight aerogel surface observation - will be reported from pre-flight simulation in the Tanpopo clean room at ISAS. Time required for the processing of aerogels was estimated from (1). Microbial contamination possibly from human skin during the period was evaluated using several methods including conventional particle counting and chemiluminescence. A novel method using model microbes was also performed. Methods for biological contamination control will be discussed.

Reference

Y. Kiyonaga et al. (2013) Method for Biological Contamination Monitoring During Aerogel Cutting Process in Tanpopo Project Using Bioluminescent Bacteria *Photobacterium kishitani*. In International Astrobiology Workshop 2013, p. 33. LPI Contribution No. 1766, Lunar and Planetary Institute, Houston.

キーワード: たんぽぽ計画, 国際宇宙ステーション, 生物的汚染

Keywords: Tanpopo mission, ISS, biological contamination

粒子線照射により模擬星間物質から生成するアミノ酸前駆体の分析 Analysis of Amino Acid Precursors Formed by Particles Irradiation of Possible Interstellar Media

松田 知之^{1*}; 榎本 真吾¹; 金子 竹男¹; 癸生川 陽子¹; 吉田 聡²; 福田 一志³; 小栗 慶之³;
小林 憲正⁴

MATSUDA, Tomoyuki^{1*}; ENOMOTO, Shingo¹; KANEKO, Takeo¹; KEBUKAWA, Yoko¹; YOSHIDA, Satoshi²;
FUKUDA, Hitoshi³; OGURI, Yoshiyuki³; KOBAYASHI, Kensei⁴

¹ 横浜国立大学, ² 放射線医学総合研究所, ³ 東京工業大学, ⁴ 横浜国立大学, 自然科学研究機構

¹Yokohama National University, ²National Institute of Radiological Sciences, ³Tokyo Institute of Technology, ⁴Yokohama National University, National Institutes of Natural Sciences

[緒言] 生命の誕生のためにアミノ酸などの有機物は必要不可欠である。1953年にミラーは還元型の原始地球大気を模擬したCH₄, NH₃, H₂, H₂Oの混合ガスに真空放電を行い、アミノ酸が生成することを発見した。しかし、現在では原始地球大気はCO, CO₂, N₂, H₂Oなどからなる弱還元型大気であると考えられており、放電や紫外線によるエネルギーが与えられても生体関連有機物の生成は困難であると考えられている。そこで地球圏外から有機物が導入された可能性が検討されている。現在、隕石や彗星中には多様な有機物の存在が示唆されている。これらの有機物の起源は、分子雲中のH₂O, CO, CH₃OH, CH₄, NH₃などの種々の分子を含む星間塵アイスマントルに宇宙線や紫外線などが作用して生成したと考えられている。我々は模擬星間物質に粒子線を照射した場合、アミノ酸前駆体が生成することを報告している。しかし生成する有機物の生成機構や、構造の詳細は解明されていない。本研究では出発物の組成を変化させたときの生成物やエネルギー収率を調べることでアミノ酸前駆体の生成機構について検討を行った。

[実験] 陽子線照射: 容積約400 mLのPyrex製容器にCOとCH₄の混合ガス(350 Torr, CO:CH₄ = 1:0, 6:1, 2:1, 1:1, 1:2), NH₃ (350 Torr)を入れたものを作製し、超純水5.0 mLをそれぞれ加えた。COのみを用いたものは、そのほかに水を入れないもの、¹³COを原料に用いたものも作製した。これらに対し東工大のタンデム加速器から2.5 MeVの陽子線を2 mC照射した(総吸収エネルギーは3.16 kJ)。生成物は原料にメタンを含まず水を含むものをCAW, 水を含まないものをCA, メタンを含むものをCMAW x:yと呼ぶ。CAWとCMAW 1:1は酸加水分解前後のアミノ酸を、その他は酸加水分解後のアミノ酸を陽イオン交換HPLCで分析した。またCA, CAW, CMAW 1:1に対しては構造解析のためFT-IRを用いた分析を行った。

重粒子線照射: Pyrex製容器にCH₃OH, NH₃, H₂Oをモル比1:1:2.8になるように入れて封管し、放医研のHIMAC重粒子線加速器からの重粒子線を様々な線種(290 MeV/u 炭素線など)、照射線量で照射した。また、CH₃OHの濃度を統一してNH₃の濃度を変化させたもの(C:N = 1:1, 2:1, 4:1, 10:1)を作製し、炭素線を照射した。照射生成物は酸加水分解後、陽イオン交換HPLCでアミノ酸を分析した。

[結果と考察] 陽子線照射: 酸加水分解前のCAW, CMAW 1:1からは微量のアミノ酸しか検出されなかったが、酸加水分解後はどのサンプルにおいても様々なアミノ酸が高収率で検出された。CAW(加水分解後)からはGlyが76 pmolと他のアミノ酸と比較して極めて多く検出された。CMAW(加水分解後)ではどの組成においてもGlyの収量は3.5 ~ 10.9 μmolとCAWの1/10程度となったが、Alaの生成量が8.2 ~ 25.1 μmolとGlyよりも多く生成し、アミノ酪酸類やValなどのより炭素数の多いアミノ酸の収量が増加した。GlyとAlaの生成量はCOの量が多いほど多くなった。一方でCH₄が入っていればCH₄の量が変わってもGlyとAlaの生成量の比は1:2~2.5と大きな差がみられなかった。以上からCOがアミノ酸骨格の生成に大きく寄与したことが分かり、CH₄がアミノ酸側鎖の伸長に寄与したことが考えられる。

FT-IRでの測定の結果、CMAWは炭化水素鎖を持つ化合物ができやすいと考えられる。またCA, CAWにも見られるアミド基のC=Oのピークに加え、CMAWにはカルボン酸、エステルなどのC=Oに対するピークも確認でき、Nを含まない化合物も多く生成していることが推測される。

重粒子線照射: 重粒子線照射試料(加水分解後)からもグリシンを主としたアミノ酸が検出されたが、グリシンのG値は10⁻⁴~10⁻³オーダーで、陽子線照射実験よりも低かった。サンプル中のアンモニアの比が小さくなるほどアミノ酸の収率は低下した。

[今後の展望] 現在、照射条件を実際の星間環境に近づけた照射実験を計画中である。また、LC-MSでのアミノ酸前駆体の構造調査を行う予定である。

アスパラギン酸の重合形態に及ぼす pH の影響 Effects by pH on the peptide-binding site of two aspartic acid molecules

岡田 陽介^{1*}; 掛川 武¹; 古川 善博¹
OKADA, Yosuke^{1*}; KAKEGAWA, Takeshi¹; FURUKAWA, Yoshihiro¹

¹ 東北大学大学院理学研究科地学専攻

¹ Graduate School of Science, Tohoku University

Proteins, which have important roles as enzymes in many biological reactions, are consisted of 20 kinds of L- α -amino acids. These amino acids are connected with peptide bonds that combine N in α -amino group to C in α -carboxyl group. There are several proteinogenic amino acids containing two carboxyl groups or two amino groups. Even these amino acids, natural peptide bond found in proteins connects the α -amino group to the α -carboxyl group. The regioselective peptide bounding might have been formed in early stage of chemical evolution because reactive side chain of these amino acids are important for basic functions of proteins. In such case, geological setting or geological events must lead the regioselective peptide bound. In this study, we tried to constrain geological setting for regionselectivity using aspartic acid (Asp) as a model amino acid. Asp has α - and β -carboxyl group that have slightly different pKa. To evaluate favorable geological settings for peptide formation with α -carboxyl carbon, we investigated the effects by different pH at high temperature and high pressure simulating difference in pH of pore water in deep-sea sediments. Asp solutions with pH ranging from 1.5 to 12.1 were heated and compressed for 1 – 8 days at 100 °C and 100 MPa. After incubation, the products were analyzed by liquid chromatography mass spectrometry. We also investigated the effects by pH on decomposition rate of Asp to evaluated suitable pH conditions for α -peptide formation. The decomposition rates of Asp were greater in higher pH and the peptides formed were different with varying pH. These results suggest that environments suitable for α -peptide formation were limited by pH.

Keywords: Aspartic acid, pH, peptides formation

タイタンにおける生命存在の可能性ーアセチレンを用いた代謝経路を持つ微生物の生存条件

The possibilities for life on Titan - the constraints for methanogenic bacteria with acetylene-based metabolic pathways

池田 さやか^{1*}; 野口 克行¹; 瀬戸 繭美¹; 松尾 玲奈¹

IKEDA, Sayaka^{1*}; NOGUCHI, Katsuyuki¹; SETO, Mayumi¹; MATSUO, Rena¹

¹ 奈良女子大学

¹Nara Women's University

地球では様々な極限環境において微生物が発見されており、これまで考えられていた以上に過酷な環境で微生物が存在し得ることが明らかになってきた。一方、太陽系内の探査の進展や系外惑星の発見に伴い、地球以外の環境における生命の存在について議論がなされている。太陽系内では、火星をはじめとする惑星・衛星において生命が存在する可能性が議論されている。その中でも、土星の衛星であるタイタンは地球と同程度(1.5気圧)の厚さの大気を持ち、大気組成は窒素やメタンをはじめとする様々な有機物である。これらは原始地球の大気組成と似ていると考えられている。また、タイタンではメタンが地球における水と似た役割を担っていると考えられている。例えば、地球大気では水蒸気が温室効果を担っているが、タイタン大気ではメタンがその役割を担っている。また、地球では大気と地表面との間に水循環が存在しているのと同様に、タイタンでは低温のためにメタンが気相だけでなく液相も取り得るおかげで、メタンが大気と地表面を循環していると考えられている。そのため、タイタンではメタンが地球の水の代わりの役割を持つとしてメタンを利用する微生物が存在するのではないかという仮説がある。

タイタン大気には、生命の存在を仮定すると矛盾しない観測事実がいくつかある。まず、タイタン大気に存在するメタンの量は、光化学的寿命を考えると継続的な供給源が必要である。その候補の一つとして、微生物の代謝によるメタンの供給が挙げられている。また、観測されているメタンの炭素同位体比(¹²C/¹³C)はタイタンの形成理論から考えられるよりも軽い。地球においては生命起源のメタンは炭素同位体比が軽いため、この観測事実も生命起源であることと矛盾しない。さらに、水素分子濃度の鉛直勾配が光化学モデルで予想されるよりも2倍ほどずれており、地表面で水素をメタンに変換する生命起源の反応が存在するとすれば観測事実を説明できる。

このような問題意識のもと、タイタンにおいて水素を消費してメタンを放出する代謝反応系をもつ微生物の存在の可能性が過去に議論されてきた。微生物がある化学反応系を生命活動に利用するためには、ギブスの自由エネルギー変化が負である必要がある。このような条件を満たす反応系のうち、本研究では最もギブスの自由エネルギー変化が大きい(つまり、最も効率的にエネルギーを取り出すことができる)と期待される化学反応として、アセチレンを水素付加する反応($C_2H_2 + H_2 \rightarrow 2CH_4$)に着目した。このような化学反応を代謝に利用する微生物が存在すると仮定したときに、タイタンの環境下で実際に取り出すことが可能な自由エネルギーを計算した。さらに、Seto [2014] の手法にならってこのような微生物がタイタン環境下で生存可能かを議論した。具体的には、タイタンでの気温・気圧条件下において、ギブスの自由エネルギーと反応速度を掛けたものをエネルギー収入力とし、それよりも生命維持のために必要なエネルギーが小さいとき、生存可能であると定義する。この計算には微生物の各種パラメータが必要であるが、地球上でアセチレンを代謝に用いている微生物のものを参考にした。このような手法を用いて、タイタンで微生物が生存に必要なアセチレン濃度の議論を行なった。

キーワード: タイタン, 宇宙生物学, メタン生成菌, アセチレン, 微生物

Keywords: Titan, astrobiology, Methanogens, acetylene, bacteria

極限環境生命活動評価のための土壌中のアミノ酸分析法の検討 Studies on analytical methods for amino acids to evaluate biological activities in extreme environments

石川 優人^{1*}; 宮本 妃菜¹; 金子 竹男¹; 癸生川 陽子¹; 小林 憲正²; 小川 麻里³;
Navarro-Gonzalez Rafael⁴
ISHIKAWA, Yuto^{1*}; MIYAMOTO, Hina¹; KANEKO, Takeo¹; KEBUKAWA, Yoko¹; KOBAYASHI, Kensei²;
OGAWA, Mari³; NAVARRO-GONZALEZ, Rafael⁴

¹ 横浜国立大学, ² 横浜国立大学、自然科学研究機構, ³ 安田女子大学, ⁴ メキシコ国立自治大学

¹Yokohama National University, ²Yokohama National University, National Institutes of Natural Sciences, ³Yasuda Women's University, ⁴National Autonomous University of Mexico

近年、地球上の様々な極限環境(人間のよく知る一般的な動植物、微生物の生育環境から逸脱するような環境)にも生物活動が知られるようになった。アミノ酸は主要な生体分子であり、地球上の生物活動の評価にアミノ酸濃度を使用できる可能性が考えられる。

極限環境土壌試料に含まれるアミノ酸の濃度は一般的な環境中の土壌に含まれるアミノ酸濃度と比較してとても小さいことがわかっている。そこで、極限環境土壌試料のアミノ酸濃度測定を行う際には、より多くのアミノ酸を土壌から抽出できるような操作が求められる。しかし、抽出可能なアミノ酸量が多くても操作過程におけるブランクが大きくては意味がなく、極限環境試料におけるアミノ酸抽出法には抽出量が多いが操作ブランクは小さいものが求められる。

極限環境試料としてアタカマ砂漠土壌と南極土壌を使用した。アタカマ砂漠土壌は2002年10月に、アタカマ砂漠の西経70°付近において南緯24°~28°の間で採取されたものであり、南極土壌は第49次日本南極地域観測隊によって昭和基地付近で採取されたものである。比較のため、一般的な環境試料として横浜国大キャンパス土壌を使用した。また、操作過程におけるコンタミネーションの評価のために、なにも試料を使わずに試料を使用した時と同じように実験操作を行ったものも用意し、これを操作ブランクとした。

抽出法として大きくフッ酸分解抽出法と熱水抽出法、塩酸抽出法を使用した。

フッ酸分解抽出法は、土壌試料約0.1gを洗浄したテフロン密閉容器にいれ、5M HF-0.1M HClを3mL加えて密閉し、110℃で24時間加熱分解した。これを加熱乾固した後、6M HCl 1mLを加えて110℃で24時間酸加水分解を行った。

熱水抽出法は、土壌試料約0.1gを洗浄した試験管に入れ、超純水1.5mLを加えて封緘し、110℃で24時間加熱した。加熱後、12M HCl 1.5mL加えて110℃で24時間酸加水分解を行った。

塩酸抽出法では、土壌試料約0.1gを試験管に入れ、6M HCl 3mL加えて110℃で加熱し、抽出と酸加水分解を同時に行った。

酸加水分解後はどちらの方法でも遠心乾燥によりHClを除去した。ただし、フッ酸分解抽出法では酸加水分解後に溶液を試験管に移して遠心乾燥を行った。HClが除去できたら試験管に0.1M HClを加えて残留物を溶解させ、AG-50W-X8で脱塩・分画し、そのアンモニウム画分を試験管に移し再び遠心乾燥を行った。遠心乾燥によって溶媒が除去できたら、残留物に超純水を加えて溶解させ、メンブレンフィルターでろ過後、陽イオン交換HPLC-ポストカラム誘導体化-蛍光検出法でアミノ酸を同定、定量した。

フッ酸分解抽出法と熱水抽出法、塩酸抽出法の結果を比較すると、一般環境試料のように含まれるアミノ酸量が多い試料についてはどちらもほぼ変わらない量のアミノ酸を検出することができた。しかし、極限環境土壌のように含まれるアミノ酸量が少ない試料については検出できたアミノ酸の量に差が生じた。一見するとフッ酸分解抽出法の方が多くのアミノ酸を検出できているように見えるが、ブランクを比較するとフッ酸分解抽出法の方が圧倒的に大きくなっている。つまり、フッ酸分解抽出法によって処理したサンプルで検出できたアミノ酸の少なくない量は試料由来ではないと考えられる。一方、熱水抽出法と塩酸抽出法の場合はブランクの値は小さく、これらの結果についてはほぼ土壌試料由来のアミノ酸のみを検出できていると考えられる。

以上をまとめると、極限環境試料のように含まれるアミノ酸量が少ない土壌試料のアミノ酸濃度測定を行う際は、試料からのアミノ酸抽出法としてブランクの値が小さい熱水抽出法や塩酸抽出法を用いる方が良いと言える。しかし、これらの抽出法については現在の条件が本当にアミノ酸抽出量の一番高い方法であるとは言い切れないので、さらにより条件を探す必要がある。

今後の方針として、逆相HPLCを用いたアミノ酸のD/L比測定の手法を検討し、実際に土壌試料中に含まれるアミノ酸のD/L比測定を行うことを考えている。

キーワード: 極限環境, アミノ酸, 生物活動, 抽出法, 南極, アタカマ砂漠

Keywords: Extreme environment, Amino acid, Biological activity, Extraction method, Antarctica, Atacama Desert

復元した祖先型タンパク質の耐熱性と触媒活性のpH特性 The pH profiles of the catalytic efficiency and thermal stability of resurrected ancestral proteins

笹本 峻弘^{1*}; 赤沼 哲史¹; 別所 瑞萌¹; 横堀 伸一¹; 山岸 明彦¹
SASAMOTO, Takahiro^{1*}; AKANUMA, Satoshi¹; BESSHO, Mizumo¹; YOKOBORI, Shin-ichi¹;
YAMAGISHI, Akihiko¹

¹ 東京薬科大学・生命科学部・応用生命科学科

¹Dept. of Appl. Life Sci., Tokyo Univ. of Pharm. Life Sci.

Little is known about the geological setting of the early earth. However, the method to estimate the ancient environment with genetic information has been emerging (Akanuma *et al.*, 2013). The genetic information of ancestral life has been inherited to its descendants. We can therefore infer the amino acid sequence of an ancestral protein by comparing a huge number of extant amino acid sequences that have evolved from a single common ancestor. Because the amino acid sequence of a protein is encoded by DNA sequence, an ancestral protein's amino acid sequence has been also inherited in its descendants, i.e. extant proteins' sequences. We can estimate the ancient environment by reconstructing an ancestral protein and analyzing its physicochemical properties. In addition, physicochemical properties of a protein have often related to the environment of its host.

We have previously estimate the environment of early life by resurrecting ancestral nucleoside diphosphate kinases (NDKs). The amino acid sequences of ancestral NDKs that might be possessed by the last common ancestors of Archaea and of Bacteria were inferred by phylogenetic analyses. The inferred amino acid sequences were reconstructed by using the genetic engineering techniques. Because the ancestral amino acid sequences fold into extremely thermally stable proteins, we concluded that both archaeal and bacterial ancestors were hyperthermophilic. This conclusion is robust because significantly similar characteristics were observed for the ancestral proteins predicted by several different methods. We also estimated that the last universal common ancestor, the Commonote, was a thermophile or a hyperthermophile that thrived at a temperature above 75 °C (Akanuma *et al.*, 2013).

In the current study, we have attempted to estimate the surface pH of early earth. We analyzed the pH profiles for catalytic efficiency and thermal stability of the ancestral NDKs that might exist 3.5-4.0 billion years ago. The specific activities at 70 °C were determined at pHs ranging from 5.5 to 10.0. All of the ancestral NDKs showed the highest activity at pH 9.5 or 10. The same was true for several NDKs of extant microorganisms that grow optimally at an acidic or neutral pH. Therefore, the optimum pH for catalytic efficiency of a NDK does not reflect its host's environment.

We also analyzed the pH dependence of thermal stability of the ancestral and extant NDKs. The extant NDKs from *Sulfolobus tolodaii* and *Thermoplasma acidophilum*, which grow optimally at acidic pHs, are stable at both acid and neutral pHs. In contrast, the NDKs of *Thermus thermophilus* and *Archaeoglobus fulgidus*, which grow optimally at neutral pHs, showed the greatest thermal stability at a neutral pH (pH 6.0 or 7.6) and less stability at an acidic pH (pH 4.5). Because most of the ancestral NDKs also showed the greatest thermal stability at pH 6.0 or 7.6 and were less stable at pH 4.5, we concluded that the ancient organisms such as the archaeal ancestor, bacterial ancestor and the Commonote lived at neutral pHs. However, we cannot rule out the possibility that the ancient organisms lived at an acidic pH because a few ancestral NDKs showed the greatest thermal stability at pH 4.5.

Akanuma *et al.*, *PNAS* 110 11067-11072

キーワード: 祖先タンパク質復元, コモノート, ヌクレオシド二リン酸キナーゼ, 超好熱菌

Keywords: ancestral protein resurrection, Commonote, nucleoside diphosphate kinase, hyperthermophile

炭酸水の氷の近傍の水のクラスターの観察 Observations of the cluster of water at vicinity of ice in carbonated water

唐澤 信司^{1*}
KARASAWA, Shinji^{1*}

¹ 宮城高専 名誉教授

¹Miyagi National College of Technology, Professor emeritus

炭酸水で、写真1のように多くの微粒子が観察できます。水のラセン構造は平面の相互接続に基づいて垂直の凝集力があり、それが球状の粒子を形成します。炭酸水の粒子は中心部にある氷の上で観察されますが、ほぼ同じ大きさの水のクラスターが液体の表面で観察されます。そのラセン構造を持つ水のクラスターが化学進化の重要な役割を果たすことができます。海の水の表面は化学進化の初期段階の候補です。

炭酸ガスはより低い温度で水に溶解しました。初期原始大気中の二酸化炭素は初期の海に溶解し、泡が二酸化炭素によって生成されました。浮遊物質は大気からの分子と衝突します。分子間結合物質の近隣原子は熱運動によって入れ換えることができます。そして、電子構造には適応性があります。従って、紫外線などの外の世界から来るエネルギーにより浮遊物質から複雑な分子が合成できます。その分子化合物は生成と破壊を繰り返すことによって進化します。泡など浮遊物質は水の表面に蓄積されます。しかし、浮遊物は海の表面に比べて小さく、海には大量の水があります。液体の水は水の分子のクラスターに分割されます。クラスターの生存期間は短いですが、化学反応に貢献します。

写真は反射光の光の下でデジタルカメラ・ペンタックス Optio-W90 を使用して、1 cm の近い距離で撮影しました。ここで、表示倍率は、最大です。また、背景は光を吸収するために黒くしました。微粒子の形状は、静止画像で認識できます。人間の目に映るちらつきは、粒子の素早い変化によって引き起こされます。粒子の動きは毎秒 30 フレームで映画の写真的フレームで観測されました。

炭酸水の氷の近傍での気泡の挙動に関する website “<https://www.youtube.com/watch?v=rgfwzLy-H6A&feature=youtu.be>” をご覧ください。

[写真 1]

微粒子が中央の氷で観察され、ほぼ同じサイズの多数の水のクラスターが液体の表面で観察されます。

キーワード: 化学進化, 水のクラスター, ラセン構造, 炭酸水, 気泡, 膜

Keywords: chemical evolution, cluster of water, spiral structure, carbonated water, bubble, membrane

