

令和 2 年 6 月 30 日現在

機関番号：82706

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2017～2019

課題番号：17H03956

研究課題名(和文) 数百万年にわたる海底下微生物の進化動態を追う

研究課題名(英文) Evolution process of microbes in subseafloor

研究代表者

星野 辰彦 (HOSHINO, Tatsuhiko)

国立研究開発法人海洋研究開発機構・超先鋭研究開発部門(高知コア研究所)・主任研究員

研究者番号：30386619

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,200,000円

研究成果の概要(和文)：地球表面の7割を占める海底のさらにその下には海洋や土壌といった表層の生命圏とは異なる独自の生態系が存在し、莫大な数の微生物の存在が確認されている。本研究では、海底下という極低エネルギー環境において、どのようにその生態系が構築されたのかを、世界各地の海底下0-600mから得られた堆積物を解析することで明らかにした。海底下の微生物群集構造は、嫌気・富栄養環境と好気・貧栄養環境で大きく異なり、前者におけるアーキア/バクテリア比は後者より有意に高いことがわかった。また、全堆積物中のアーキア細胞の割合は37%程度であると推算され、海洋中の割合と同程度であることを明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

統一された高精度なDNA分析により、全地球レベルで海底下堆積物中の微生物群集の比較解析を世界で初めて行った。我々の研究成果は、海底下の生態系がどのように構築されてきたのか、どの程度多様なのかという基礎的ではあるがこれまでに分かっていなかった問題の答えを与えるものである。また、本研究結果は、地上のエネルギーに満ちた環境とは全く異なる海底下という極限環境でどのように生命が進化・適応してきたのか明らかにするための進化学的研究の礎となるものである。

研究成果の概要(英文)：Below the seafloor, which accounts for 70% of the Earth's surface, there is a unique ecosystem that is different from the surface biosphere, including ocean and soil, and a huge number of microorganisms have been confirmed to exist. In this study, we investigated how the ecosystem was constructed in the low energy subseafloor environment by analyzing sediments from 0-600 m below the seafloor. Microbial community structure in subseafloor differed significantly between anaerobic-eutrophic and aerobic-oligotrophic environments, with the archaea/bacteria ratio in the former being significantly higher than in the latter. The proportion of archaeal cells in the total sediment was estimated to be about 37%, comparable to that in the ocean.

研究分野：環境微生物学

キーワード：海底下堆積物 微生物

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

地球表面の7割を占める海洋の下には膨大な量の海底下堆積物が存在する。1990年代にそれまで無生物環境だと思われていた海底下堆積物に実は広大な生命圏が広がっていることが明らかとなった。それ以来、海底下生命圏に関する研究が進み現在ではその総数は1029細胞程度であり、地球上の全生物量の1-30%であると見積もられている (Parkes et al., Nature, 1994; Kallmeyer et al., PNAS, 2012)。海底下堆積物中の微生物量は深くなる、あるいは堆積物年代が古くなるにしたがって減少し、有機物リッチな沿岸部の堆積物では外洋の貧栄養堆積物より多いことが知られている (D'Hondt et al., Nature Geosci, 2015)。その活性に関しては、細胞数と間隙水の化学プロファイルから平均呼吸速度が 2.8×10^{-18} から 1.1×10^{-14} moles e-/cell/year の範囲で、非常に低いことが示されている (D'Hondt ら, 2004; Hoehler, 2013)。安定同位体ラベル気質を加えた堆積物の培養とナノSIMS分析により、これらの低活性の細胞は深さ2kmを超える堆積物においても多様な炭素および窒素化合物を細胞バイオマスに同化していることが示されており、基質の取り込み速度から推算される細胞の倍加時間は百万年にも及ぶことがわかっている (Morono et al., 2011, Trembath-Reichert et al., 2017)。その膨大な存在量から海底下微生物叢が地球環境にとって非常に重要な役割を地質学的タイムスケールで果たしてきたことは疑いの余地がない。

しかしながら、海底下生命圏における微生物の多様性や、微生物叢の形成を規定する因子については殆どわかっていない。それは、海底下からの微生物学的サンプリングの機会が限られていることや、異なる海底下掘削プロジェクト間でサンプルの品質管理や分析プロトコルが統一されていないことで、統合的な知識が得られないことに起因している。これまでに行われてきた16S rRNA 遺伝子配列に基づく微生物群集構造解析では海底下堆積物には多様なかつ、地球表層の他の生命圏(土壌や海洋)とは異なる独自の微生物叢が形作られていることや堆積物の間隙水組成や堆積学的特性が微生物群集構造に影響を及ぼしていることが示されている (Inagaki et al., 2015; Parkes et al., 2005)。

近年のシーケンシング技術のハイスループット化、計算科学的アプローチの進展により、海水中の微生物叢の解析が地球規模で行われておりその多様性は 3.75×10^4 であると推定されている (Sunagawa et al., 2015)。一方、海底下生命圏については上述のような理由で全地球的な解析は行われておらず、微生物多様性、それを支配する環境因子、あるいは進化プロセスに関しては未知な部分が非常に多い。地球表層のエネルギー豊富な生命圏とは、全く異なる海底下生命圏における微生物生態、進化適応プロセスを解き明かすことは、生命に関する新たな知見を生み出すことに繋がると思われる。

2. 研究の目的

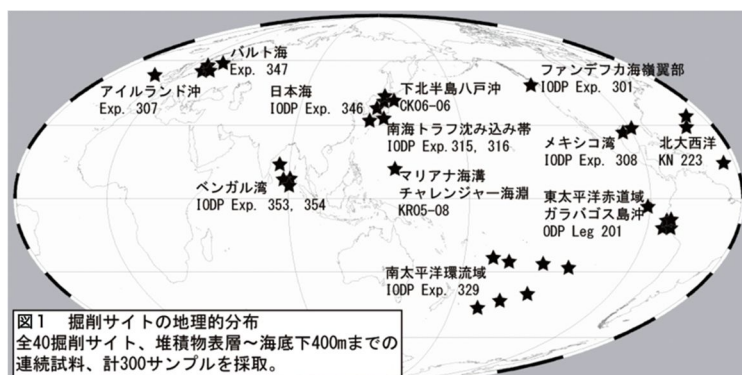
表層環境から隔離された海底下堆積物中の微生物について、下記のことを明らかにすることを目的とする

- (1) 地球上の全海洋堆積物中に存在する微生物の多様性。
 - (2) 堆積物のどのような環境因子がその特殊な微生物群集を形作ってきたのか。
 - (3) エネルギーが枯渇する堆積物深部環境にどのように微生物(群集)が適応していったのか。
- これらの目的を達成するため、世界各地から採取された微生物学的研究用に凍結保存されていた堆積物試料を分析し、海底下微生物叢について全地球的な解析を行う。

3. 研究の方法

(1) サンプル

図1に示されている世界40地点の堆積物から統一されたプロトコルで抽出されたDNAを本研究に用いた。全てのサンプルは、分析手法の違いによるバイアスを避けるため採取直後に-80で凍結され、同じプロトコルによるDNA抽出・精製に供試された。



(2) dPCR

バクテリアおよびアーキアの16S rRNA 遺伝子を digital PCR で定量した。バクテリア特異的なプライマー (B27F-B357R) およびバクテリア特異的 (A806F-A958R) なプライマーセットを用いた。digital PCR には、BioMark Real-time System およびマイクロ流体型チップ 48.770 Digital Array (どちらもフリューダイン社製) を使用した。

(3) シーケンシング

16S rRNA 遺伝子の **V3-V4** 領域をユニバーサルプライマーである **U515F-U806R** で **PCR** 増幅した。それに加えて、**V4-V5** 領域をドメインスペシフィックなプライマーである **518F-926R**、**517F-958R** で増幅した。過剰に増幅を行わないよう **PCR** のサイクル数はテンプレート **DNA** 量に応じて **25-40** サイクルの間で適度に調整した。得られた **PCR** 産物を精製後、**index** を付加し **MiSeq** および **MiSeq Reagent Kit** (イルミナ社製) を用いてシーケンシングを行なった。

(4) データ解析

シーケンスデータのクオリティトリミング、プライマー配列除去等の前処理、**Amplicon Sequence Variants (ASVs)** の生成、系統学的な同定は **Usearch** および **Mothur** を用いて行なった。それぞれのサンプルの多様性、サンプル間の類似度の解析は、シーケンシングにより得られた各サンプルにおける **ASVs** 構成を用いて **R** の **vegan** パッケージを使用して行った。

4. 研究成果

(1) 海底下堆積物中のアーキアの割合

海底下深部堆積物中におけるバクテリア/アーキア比は大きな関心事の一つであり、アーキアの持つ生理学的特徴が海底下深部の極低エネルギー環境で有利であり、アーキアがバクテリアよりも多く存在すると思われる (Hoehler and Jørgensen, 2013)。本研究で用いたマイクロ流体型の **digital PCR** による定量は、**PCR** 阻害物質の影響を受けることなく **16S rRNA** 遺伝子の絶対定量を行うことができるため (Hoshino and Inagaki, 2012)、世界の海底下堆積物中のバクテリア/アーキア比を正確に決定することができる。その結果、各掘削サイトにおけるアーキアの **16S rRNA** 遺伝子の割合はサイトによって大きく異なり、沿岸部のサイトにおいてアーキアの割合が軒並み高くなっていることがわかった (図 2 a)。沿岸部の堆積物におけるアーキアの割合は平均すると **22.6%** であり、一方、外洋では **5.9%** となった。ゲノム上の **16S rRNA** 遺伝子の平均コピー数がバクテリアは **4.7** コピー、アーキアは **1.7** コピー (**rrnDB version 5.2**) であると仮定すると、アーキアの細胞数の全微生物細胞に対する割合は沿岸堆積物で **40.0%**、外洋堆積物で **12.8%** と有意に異なることがわかった (図 2 b)。このことは、沿岸堆積物において豊富な有機物の分解にアーキアが重要な役割を果たしていることを示している。地球上の堆積物中の全微生物数のおよそ **10%** が外洋に生息している (Kallmeyer et al., 2012) とすると、全海底下堆積物中においてアーキアが微生物数に占める割合は **37.3%** であると推算された。重要なのは、サンプリングサイトによるばらつきはかなり大きいものの、推算値が全海洋中のアーキアの割合である **41.9%** (Karner et al., 2001) と同等であることである。この結果は、海洋表層から海底下深部に及ぶまで、アーキアのバイオマスはバクテリアと同等程度であることを示唆している。

アーキア割合の深度プロファイルでは、いくつかのサイトにおいて深くなるにしたがってアーキアの割合が増大する傾向が見られた一方、そのほかのサイトでは逆に減少する傾向も見られた。この結果は、これまで言われてきたようにエネルギーフラックスが極めて小さい海底下深部環境ではアーキアの生理学特性が有利に働くという仮説が一部の堆積物では支持されたが、そのほかの堆積物ではその説明が当てはまらないことを示唆している。

興味深いことに、水深が大きくなるとアーキアの割合が減少する傾向が見出された (図 2 c)。我々は一般的に用いられている水深のカテゴリー: **epi-mesopelagic (0-1000 m)**; **bathy-pelagic (1000-4000 m)**; **abyss-pelagic depths (>4000 m)** にサンプルを分類した。その結果、アーキアの割合は **0-1000m** の水深でもっとも大きく **24.7%** にも及んだ。それより大きい水深では有意にアーキアの割合は減少し、**1000-4000m** で **17.8%**、**4000m** 以深で **8.2%** となった。水深が海底下堆

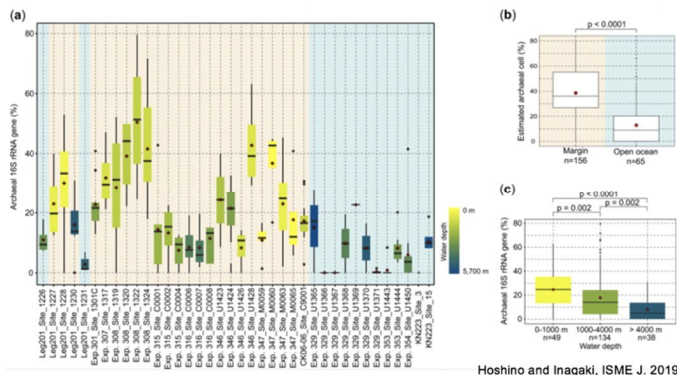


図 2 digital PCRにより定量されたアーキアの16S rRNA遺伝子の割合

(a)各サイトにおける割合。ボックスの色は各サイトの水深を表す。青背景: 沿岸サイト 薄青背景: 外洋サイト。(b) 沿岸及び外洋サイトのアーキア細胞の割合。細胞の割合はゲノム上の16S rRNAコピー数の平均値から概算したもの。(c)掘削サイトの水深カテゴリー別のアーキア16S rRNA遺伝子の割合。

積物中の微生物群集組成に影響を与える理由の一つとして考えられるのは、海洋表層で生産された有機物が沈降する間に分解されるため、海底面に届く有機物の量と質が水深により大きく異なっていることである (Lutz et al., 2007)。この有機物組成の違いは、堆積物中における酸素の消費量すなわち酸素濃度に大きな違いを生み出す可能性もある。水深の違いにより生み出されるどの環境因子が堆積物中の微生物叢と関わっているのか明らかにするには今後のさらなる研究が必要である。

(2) 海底下堆積物における微生物多様性

世界各地の海底下堆積物中の **16S rRNA** 遺伝子を網羅的に解析しアーキアについては **12.5M**、バクテリアについては **16.0M** のシーケンスを取得した。得られたシーケンスから各堆積物中の微生物群集構造を明らかにした (図 3)。

アーキアの微生物群集構造は、嫌気性の堆積物と好気性の堆積物において明瞭に異なった (図 3 A)。嫌気性の堆積物では、**Bathyarchaeia** を含む **Crenarchaeota** や **Euryarchaeota**、**Asgardaeota** が優占化していた。また、日本海 (Exp. 346)、ペルー沿岸 (Leg 201) や下北半島沖 (Exp. 902) のいくつかのサンプルにおいては、**Hadesarchaeaeota** がアーキアの **70%** を占め、深さとともに増加した。一方、好気的な堆積物では **Thaumarchaeota** が卓越することが示された。海洋性のアンモニア酸化古細菌 **Nitrososphaera** を含む **Thaumarchaeota** の卓越は、海洋中から堆積物へインプットされた微生物が堆積物中で生き長らえていることを示唆している。バクテリアの微生物群集構造についても、嫌気的および好気的な堆積物において明瞭に異なっていた。好気的な堆積物では、ほとんどのサンプルにおいて **Proteobacteria** が **80%** 程度と非常に多く割合を占めた。一方、既往の研究で報告されているように嫌気的な堆積物では **Atribacteria**、**Chloroflexi**、そして **Planctomycetes** が多く存在した。

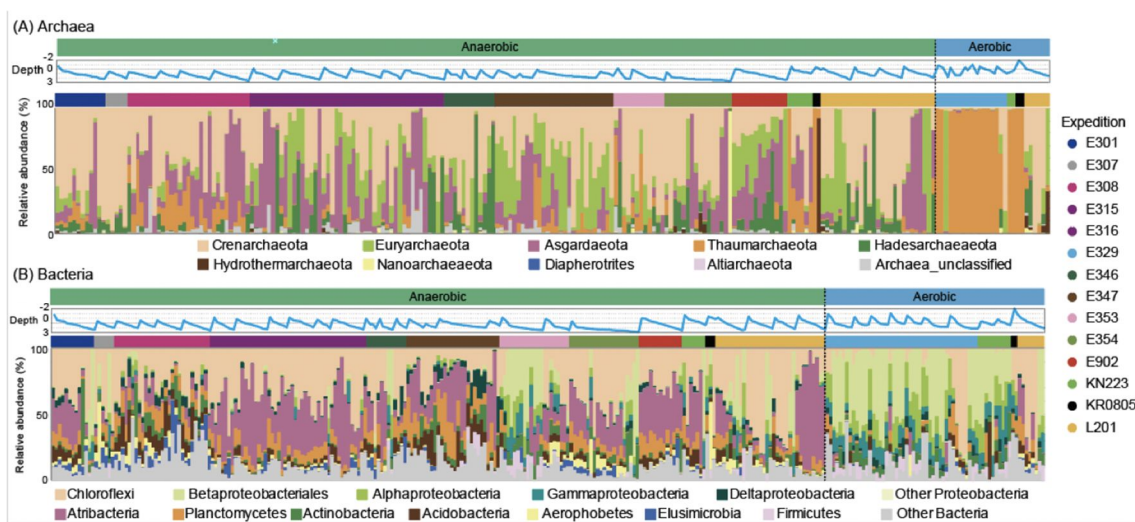


図 3 海底下堆積物中の微生物群集構造 (A) アーキア (B)バクテリア 上部の水色の線は堆積物深度を示す。棒グラフ直上のカラーバーは、対応する掘削航海を表す (右の凡例)。

どのような環境因子が微生物群集の組成を規定しているかを理解するために、**ASVs** に基づく群集構造の非計量多次元スケーリング分析 (**NMDS**) を実施し、環境メタデータ (水深、堆積物深さ、硫酸塩濃度、全有機炭素 [**TOC**] 濃度、溶存酸素の有無など) に適合させた (図 4A-C)。全地球規模の海底下堆積物のアーキア、およびバクテリアの微生物群集は好気的と嫌気的の大きく二つのコミュニティに分けることができる。これら 2 つのコミュニティは、(i) 溶存酸素の存在と少有機物量、(ii) 溶存酸素の不在と多有機物量と相関があり、これらの環境要因が海底微生物群集の分類学的構成、ひいては好気性と嫌気性の海底微生物生態系の生態学的機能に大きく寄与していることが示唆された。ユニバーサルプライマー (細菌と古細菌の **16S rRNA** 遺伝子配列) の **NMDS** 配列は、バクテリア特異的プライマー (図 4B および 4C) の配置と類似していた。調査した環境要因の中で堆積物の深さのベクトルは、**NMDS** 分析にかかわらず、他の要因のベクトルに垂直方向であり、堆積物の深さ (すなわち、埋没年代) が群集構造と独立して相関している可能性を示唆している。例えば、堆積物の深さが深い堆積物では、難分解性の有機物がより多く含まれている可能性があり、それが微生物群集構造と分子機能に影響を与える可能性がある (Oni et al., 2015)。

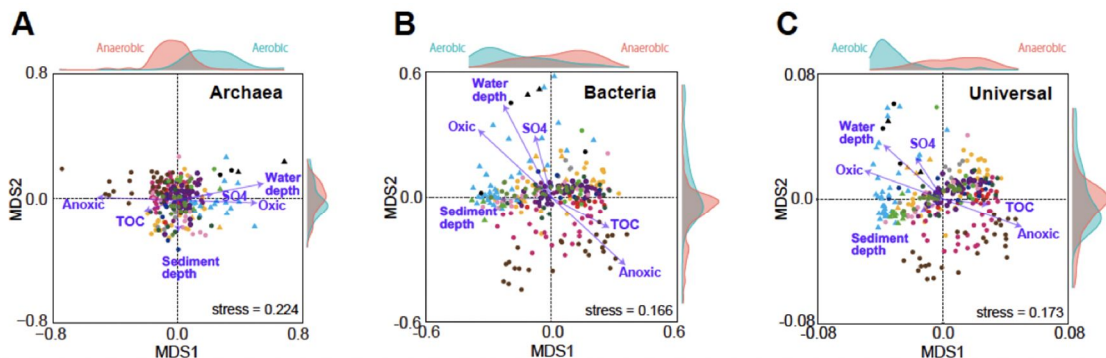


図 4 ASVsに基づく微生物群集構造のNMDS (A) アーキア特異的プライマー (B)バクテリア特異的プライマー (C)ユニバーサルプライマー

ドメイン特異的プライマーとユニバーサルプライマーを用いて得られた 3 つの 16S rRNA 遺伝子配列ライブラリー (Archaea, Bacteria, Universal) を用いて、海底堆積物中の ASV の総数を全球規模で推定した。生態学的研究において種数を推定するために一般的に使用されている 5 つの種-面積関係 (SAR) モデルを我々のデータに適合させた。これら 5 つのモデル (Arrhenius, Gleason, asymptotic, logistic, and Gitay) のうち、Akaike Information Criterion (AIC) のスコアは、asymptotic モデルが最もよくフィットし、Gitay モデル 2 番目によくフィットした。この二つのモデルを用いて、全世界の海底堆積物総量に外挿した場合、古細菌と細菌の ASV の総数は 7.85×10^3 (asymptotic) - 6.10×10^5 (Gitay) と 3.28×10^4 (漸近) - 2.46×10^6 (Gitay) に外挿された。細菌の ASVs の数の推定値はモデルによって異なるが、細菌の推定値は古細菌の約 4 倍となっていた。全てのモデル外挿の範囲は、古細菌の ASV では $6.18 \times 10^3 \sim 7.90 \times 10^{15}$ 、細菌の ASV では $2.88 \times 10^4 \sim 1.32 \times 10^{15}$ である。海底下堆積物の細菌・古細菌の全世界的な種数 (ASVs 数) を他の主要な生命圏と比較するために、表層土壌と海水から以前に生成された 16S rRNA 遺伝子配列のリードをコンパイルした (表層土壌: 190 サイト、234 サンプル、海水: 20 サイト、352 サンプル)。このデータセットを用いることで、16S rRNA 遺伝子の全く同じ領域を、環境的に異なる 3 つの生命圏 (海底下堆積物、海洋、表層土壌) 間での比較分析に利用することができる。表層土壌と海洋生命圏のデータに上述の 5 つの SAR モデルをフィッティングした結果、AIC スコアは、海底下堆積物と同様に、両バイオームとも asymptotic と Gitay モデルが優れていることを示した。表土、海水の全球での ASV 数は、asymptotic モデルでは 7.88×10^4 、 3.00×10^4 、 1.09×10^5 、Gitay モデルでは 1.69×10^7 、 1.69×10^6 、 1.86×10^7 と推算された。

参考文献

- Parkes, R. John, et al. "A review of prokaryotic populations and processes in sub-seafloor sediments, including biosphere: geosphere interactions." *Marine Geology* 352 (2014): 409-425.
- Kallmeyer, Jens, et al. "Global distribution of microbial abundance and biomass in subseafloor sediment." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109.40 (2012): 16213-16216.
- D'Hondt, Steven, et al. "Presence of oxygen and aerobic communities from sea floor to basement in deep-sea sediments." *Nature Geoscience* 8.4 (2015): 299-304.
- D'Hondt, Steven, et al. "Distributions of microbial activities in deep subseafloor sediments." *Science* 306.5705 (2004): 2216-2221.
- Hoehler, Tori M., and Bo Barker Jørgensen. "Microbial life under extreme energy limitation." *Nature Reviews Microbiology* 11.2 (2013): 83-94.
- Inagaki, Fumio, et al. "Exploring deep microbial life in coal-bearing sediment down to ~ 2.5 km below the ocean floor." *Science* 349.6246 (2015): 420-424.
- Parkes, R. John, et al. "Deep sub-seafloor prokaryotes stimulated at interfaces over geological time." *Nature* 436.7049 (2005): 390-394.
- Sunagawa, Shinichi, et al. "Structure and function of the global ocean microbiome." *Science* 348.6237 (2015): 1261359.
- Hoehler, Tori M., and Bo Barker Jørgensen. "Microbial life under extreme energy limitation." *Nature Reviews Microbiology* 11.2 (2013): 83-94.
- Hoshino, Tatsuhiko, and Fumio Inagaki. "Molecular quantification of environmental DNA using microfluidics and digital PCR." *Systematic and Applied Microbiology* 35.6 (2012): 390-395.
- Karner, Markus B., Edward F. DeLong, and David M. Karl. "Archaeal dominance in the mesopelagic zone of the Pacific Ocean." *Nature* 409.6819 (2001): 507-510.
- Lutz, Michael J., et al. "Seasonal rhythms of net primary production and particulate organic carbon flux to depth describe the efficiency of biological pump in the global ocean." *Journal of Geophysical Research: Oceans* 112.C10 (2007).
- Oni, Oluwatobi E., et al. "Microbial communities and organic matter composition in surface and subsurface sediments of the Helgoland mud area, North Sea." *Frontiers in microbiology* 6 (2015): 1290.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計10件（うち査読付論文 10件／うち国際共著 8件／うちオープンアクセス 8件）

1. 著者名 Ijiri Akira, Inagaki Fumio, Kubo Yusuke, Adhikari Rishi R., Hattori Shohei, Hoshino Tatsuhiko, et.al.	4. 巻 4
2. 論文標題 Deep-biosphere methane production stimulated by geofluids in the Nankai accretionary complex	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1126/sciadv.aao4631	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Morono Yuki, Hoshino Tatsuhiko, Terada Takeshi, Suzuki Taketo, Sato Takahiro, Yuasa Hisashi, Kubota Yuji, Inagaki Fumio	4. 巻 33
2. 論文標題 Assessment of Capacity to Capture DNA Aerosols by Clean Filters for Molecular Biology Experiments	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	6. 最初と最後の頁 222 ~ 226
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1264/jsme2.ME18012	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Hoshino Tatsuhiko, Inagaki Fumio	4. 巻 13
2. 論文標題 Abundance and distribution of Archaea in the subseafloor sedimentary biosphere	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 The ISME Journal	6. 最初と最後の頁 227 ~ 231
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41396-018-0253-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Hamada Yohei, Hirose Takehiro, Ijiri Akira, Yamada Yasuhiro, Sanada Yoshinori, Saito Saneatsu, Sakurai Noriaki, Sugihara Takamitsu, Yokoyama Takahiro, Saruhashi Tomokazu, Hoshino Tatsuhiko, et.al.	4. 巻 5
2. 論文標題 In-situ mechanical weakness of subducting sediments beneath a plate boundary décollement in the Nankai Trough	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Progress in Earth and Planetary Science	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s40645-018-0228-z	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 Sobol Morgan S., Hoshino Tatsuhiko, Futagami Taiki, Inagaki Fumio, Kiel Reese Brandi	4. 巻 8
2. 論文標題 Draft Genome Sequences of Penicillium spp. from Deeply Buried Oligotrophic Marine Sediments	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/MRA.01613-18	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Imachi Hiroyuki, Tasumi Eiji, Takaki Yoshihiro, Hoshino Tatsuhiko, Schubotz Florence, Gan Shuchai, Tu Tzu-Hsuan, Saito Yumi, Yamanaka Yuko, Ijiri Akira, Matsui Yohei, Miyazaki Masayuki, Morono Yuki, Takai Ken, Hinrichs Kai-Uwe, Inagaki Fumio	4. 巻 9
2. 論文標題 Cultivable microbial community in 2-km-deep, 20-million-year-old seafloor coalbeds through ~1000 days anaerobic bioreactor cultivation	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-019-38754-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Woermer Lars, Hoshino Tatsuhiko, Bowles Marshall W., Viehweger Bernhard, Adhikari Rishi R., Xiao Nan, Uramoto Go-ichiro, K?nneke Martin, Lazar Cassandre S., Morono Yuki, Inagaki Fumio, Hinrichs Kai-Uwe	4. 巻 5
2. 論文標題 Microbial dormancy in the marine subsurface: Global endospore abundance and response to burial	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/sciadv.aav1024	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Morono Yuki, Wishart Jessie R., Ito Motoo, Ijiri Akira, Hoshino Tatsuhiko, Torres Marta, Verba Circe, Terada Takeshi, Inagaki Fumio, Colwell Frederick S.	4. 巻 10
2. 論文標題 Microbial Metabolism and Community Dynamics in Hydraulic Fracturing Fluids Recovered From Deep Hydrocarbon-Rich Shale	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fmicb.2019.00376	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Trembath-Reichert Elizabeth, Morono Yuki, Ijiri Akira, Hoshino Tatsuhiko, Dawson Katherine S., Inagaki Fumio, Orphan Victoria J.	4. 巻 114
2. 論文標題 Methyl-compound use and slow growth characterize microbial life in 2-km-deep seafloor coal and shale beds	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 E9206 ~ E9215
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1073/pnas.1707525114	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Hoshino Tatsuhiko, Toki Tomohiro, Ijiri Akira, Morono Yuki, Machiyama Hideaki, Ashi Juichiro, Okamura Kei, Inagaki Fumio	4. 巻 8
2. 論文標題 Atribacteria from the Subseafloor Sedimentary Biosphere Disperse to the Hydrosphere through Submarine Mud Volcanoes	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	6. 最初と最後の頁 e1135
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fmicb.2017.01135	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

[学会発表] 計12件(うち招待講演 0件/うち国際学会 7件)

1. 発表者名 YUKI MORONO, TAKESHI TERADA, MOTOO ITO, STEVEN D'HONDT, TATSUHIKO HOSHINO, FUMIO INAGAKI
2. 発表標題 Distribution of aerobic microbial activities in ultra-oligotrophic sediments of the South Pacific Gyre
3. 学会等名 日本地球惑星科学連合2018年大会(国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 星野辰彦、土岐知弘、井尻 暁、諸野祐樹、芦寿一郎、稲垣史生
2. 発表標題 海底下深部生命圏から海水中への泥火山を通じた微生物の拡散
3. 学会等名 日本微生物生態学会第32回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 諸野祐樹、星野辰彦、寺田武志、鈴木剛人、佐藤卓広、湯浅久史、久保田裕仁、稲垣史生
2. 発表標題 クリーンフィルターはDNAエアロゾルを止められるのか？汚染除去効果の検証
3. 学会等名 極限環境生物学会2018年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 星野辰彦、肖楠、浦本豪一郎、諸野祐樹、Rishi Adhikari、稲垣史生
2. 発表標題 海底下堆積物中に残存する真核生物由来DNAの分布：古代生態系復元への応用の可能性を探る
3. 学会等名 日本地球惑星科学連合2018年大会（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 諸野祐樹、浦本豪一郎、上杉健太郎、竹内晃久、上相真之、久保田健吾、星野辰彦、稲垣史生
2. 発表標題 微小生命活動の現場を視る - X線マイクロ/ナノCTによる微生物細胞可視化の試み
3. 学会等名 微小生命活動の現場を視る - X線マイクロ/ナノCTによる微生物細胞可視化の試み
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 星野辰彦、伊達康博、肖楠、浦本豪一郎、諸野祐樹、稲垣史生
2. 発表標題 海底下深部堆積物中の真核生物環境DNAによる古代生態系の復元
3. 学会等名 第1回 環境DNA学会 東京大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名	Hoshino Tatsuhiko, Doi Hideyuki, Wormer Lars, Morono Yuki, D'Hondt Steven, Hinrichs Kai-Uwe, Inagaki Fumio
2. 発表標題	Global diversity of subseafloor microbial community
3. 学会等名	AGU fall meeting 2018 (国際学会)
4. 発表年	2018年

1. 発表者名	Adhikari Rishi, Heuer Verena, Elvert Marcus, Hoshino Tatsuhiko, Inagaki Fumio, Kallmeyer Jens, Morono Yuki, Wormer Lars, Hinrichs Kai-Uwe
2. 発表標題	Exploration of the sedimentary biosphere in Bengal Fan (IODP Exp. 354)
3. 学会等名	AGU fall meeting 2018 (国際学会)
4. 発表年	2018年

1. 発表者名	猪又 健太郎, 北橋 倫, 西島 美由紀, 星野 辰彦, 下田代 雅文, 山本 啓之
2. 発表標題	次世代シーケンシングを用いた核酸定量法の環境影響評価への適用
3. 学会等名	ブルーアースサイエンス・テク2019
4. 発表年	2019年

1. 発表者名	TATSUHIKO HOSHINO, HIDEYUKI DOI, LARS WORMER, YUKI MORONO, STEVEN D' HONDT, KAI-UWE HINRICHS, FUMIO INAGAKI
2. 発表標題	The global survey of subseafloor sedimentary microbiomes
3. 学会等名	Goldschmidt 2017 (国際学会)
4. 発表年	2017年

1. 発表者名 Tatsuhiko Hoshino, Hideyuki Doi, Lars Wormer, Yuki Morono, Kai-Uwe Hinrichs, Fumio Inagaki
2. 発表標題 Global microbial diversity in subseafloor sediment
3. 学会等名 The international society for subsurface microbiology 2017 conference (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 R.R. ADHIKARI, V.B. HEUER, M. ELVERT, T. HOSHINO, F. INAGAKI, J. KALLMEYER, A. KITTE, L. WOERMER, K.-U. HINRICHS
2. 発表標題 The deep biosphere in Bengal Fan sediments (IODP Exp. 354)
3. 学会等名 Goldschmidt2017 (国際学会)
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担者	浦本 豪一郎 (Uramoto Go-ichiro) (70612901)	高知大学・海洋コア総合研究センター・特任助教 (16401)	