

平成 30 年 6 月 14 日現在

機関番号：82706

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26251041

研究課題名(和文) 海底下生命のセンサス：地球内部における生命活動の地理的空間分布と規定要因の解明

研究課題名(英文) Census of Deep Subseafloor Life: Biogeographical distribution of microbial life in Earth's interior

研究代表者

稲垣 史生 (INAGAKI, Fumio)

国立研究開発法人海洋研究開発機構・海洋掘削科学研究開発センター・研究開発センター長代理

研究者番号：50360748

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 32,200,000円

研究成果の概要(和文)：地球表層の約7割を占める海洋堆積物環境に生息する膨大な微生物群の地理的空間分布を明らかにするため、過去10年間の科学海洋掘削により採取された凍結コアサンプルを用いて環境ゲノムDNAを抽出し、16S rRNA遺伝子の定量と塩基配列の網羅的な解読を実施した。その結果、地球全体の海洋堆積物に生息するアーキア(古細菌)の割合は約37%であり、海水中に生息する微生物群のアーキアの割合とほぼ一致することが明らかとなった。さらに、微生物群集構造や系統分類の解析結果から、海底下生命圏は外洋の好氣的微生物生態系と沿岸部の嫌氣的微生物生態系の二つに大別可能であり、深部にまで鉛直的に存続していることが示唆された。

研究成果の概要(英文)：To elucidate biogeographical distribution of deep microbial life in the global subseafloor sedimentary environment which accounts for ~70% of the Earth's surface, we extracted environmental genomic DNA from frozen core samples obtained by multiple scientific ocean drilling expeditions in the past decade and performed the comprehensive quantification and sequence analysis of 16S rRNA genes. Consequently, the proportion of Archaea in the global subseafloor sedimentary biosphere was estimated at ~37%, which is nearly consistent with archaeal abundance in the overlying marine environment. In addition, analysis of microbial community structure and taxonomic composition demonstrated that the deep subseafloor biosphere can be categorized into two types: the aerobic microbial ecosystem in the open ocean and the anaerobic microbial ecosystem in the marginal ocean, which populations are persisting vertically into deeper sedimentary habitats.

研究分野：地球微生物学 生物地球化学

キーワード：海底下生命圏 アーキア 微生物群集構造 デジタルPCR

### 1. 研究開始当初の背景

地球表層の約7割を占める海洋地殻の堆積物は、推定  $2.9 \times 10^{29}$  細胞もの微生物単細胞が生息する莫大な生命圏である。2002年、南太平洋赤道域とペルー沖の7カ所の地点にて、史上初の海底下生命圏の解明を科学目標に掲げた国際深海掘削計画 (ODP: Ocean Drilling Program) Leg 201 が行われ、微生物群集が海底下数百メートルの深さにまで生息し、海底堆積物内で起こる様々な元素・物質循環に生命活動が寄与していることを明らかにした (D'Hondt *et al.*, *Science*, 2004)。さらに、世界各地の様々な海洋学的・地質学的立地条件から採取された海底堆積物試料を用いて、極性脂質および遺伝子の定量・定性によってバクテリアとアーキアの量比を評価した結果、海底堆積物中に高い濃度でアーキアが存在することを見出した (Lipp *et al.*, *Nature*, 2008)。また、下北半島八戸沖から採取された海底下約200mの46万年前の地層に含まれる微生物の代謝活性を、 $^{13}\text{C}$ および $^{15}\text{N}$ の安定同位体で標識された栄養基質をトレーサーとして添加し、超高空分解能二次イオン質量分析器によって分析したところ、70%以上の微生物細胞が基質同化活性を有する生細胞であり、その一日当りの基質同化速度は約1京分の一の炭素量 (大腸菌などの地表微生物の約10万分の一以下) であることが明らかになった (Morono *et al.*, *PNAS*, 2011)。

2012年には、大陸縁辺の海底下生命圏における生命圏の限界と規定要因の謎の解明や、海底下の炭素循環に関わる生命活動および物理・化学的反応の素過程を明らかにすべく、地球深部探査船「ちきゅう」を用いた統合国際深海掘削計画 (IODP: Integrated Ocean Drilling Program) Expedition 329 「下北八戸沖石炭層生命圏調査」が実施された。分析の結果、海底下に埋没した約2000万年以上前の地層に、陸性の微生物生態系に類似する固有の微生物群集が存在することを発見した。これらの微生物群集は、堆積物  $1\text{cm}^3$  あたり100細胞以下と極めて微量であり、海洋科学掘削により、世界で初めて海底下深部の生命圏の限界域に到達したと考えられた (Inagaki *et al.*, *Science*, 2015)。

上記のように、大陸沿岸の海底堆積物に生息する微生物の実態解明が進む一方で、海洋の約50%を占める外洋還流域の海底下環境は未解明であった。2010年に行われた IODP Expedition 329 では、地球上で最も海水中の光合成基礎生産量が低い、南太平洋還流域の超低栄養環境における掘削プロジェクトが実施された。その結果、海水から供給される酸化物質が、還流域全体にわたって玄武岩基盤まで到達していると同時に、極めて少量の微生物細胞が存在することを発見した (D'Hondt *et al.*, *Nature Geoscience*, 2015)。

### 2. 研究の目的

本研究によって世界で初めて「海底下生命

圏のセンサス」を実施することを目的とした。現在、研究代表の所属する海洋研究開発機構高知コア研究所には、2002年のペルー沖 ODP Leg 201 を皮切りに、科学海洋掘削 (ODP・IODP) により世界各地で採取された約300以上の凍結コア試料が保管・管理されている。本研究は、過去10年間の科学海洋掘削により蓄積された世界各地の掘削コア試料を用いて、最適化された最新の環境ゲノムの抽出・分析手法および統計学的評価法を適用し、海底下生命圏の量・多様性の空間分布を全球規模で明らかにすることを目的とした。本研究により得られたデータを、堆積物の間隙水化学成分等の地球化学的データや、物理化学・古環境学・地質学などのデータベースと比較することで、海底下生命を規定する因子等について考察することとした。

### 3. 研究の方法

#### (1) 分析用コア試料の採取

本研究で用いる試料は、過去約10年間に ODP や IODP 等の科学海洋掘削によって世界各地の海洋底から採取された300以上の堆積物コアである (図1参照)。これらの試料は、高知コアセンターおよび申請者の研究室に保管・管理され、各科学掘削プロジェクトにより地球化学・堆積学・年代・物理特性・地質特性などが明らかにされたものである。まず、これらの凍結されたコア試料から、外来微生物による汚染 (コンタミネーション) のない中心部のみ、本研究の分析用試料として分取する。本試料分取作業は、クリーンブース内のダイヤモンドバンドソーを用いて、無菌的かつ融解をせずに凍結したままの状態で行った (Masui *et al.*, *Scientific Drilling*, 2009)。

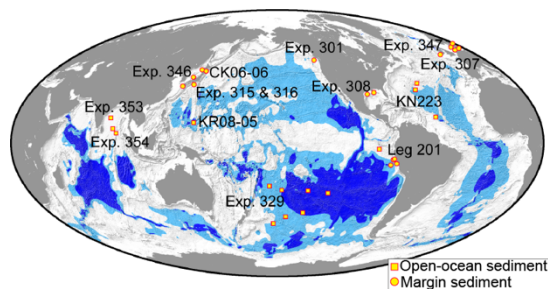


図1 サンプリング地点 全40のサンプリング地点の海底下表層から678mに至るまで300を超える堆積物試料を採取した。

#### (2) ゲノムライブラリーの構築

無菌的に分取した堆積物試料から環境ゲノムを抽出する。様々な物理化学的特性を持つ堆積物試料を比較するためにはサンプル間のバイアスを極力排除する必要がある。そのため、本研究では画一的にDNAを抽出でき、且つPCR阻害物質を効率的に除去可能である PowerMAX Soil DNA Isolation Kit (Qiagen) を使用することとした。抽出したDNAはエタノール沈殿でさらに濃縮し、 $-80^\circ\text{C}$  に保存した。

### (3) digital PCR による遺伝子定量

得られた DNA 中のバクテリアおよびアーキア由来の 16S rRNA 遺伝子断片をマイクロ流体デバイスを用いた digital PCR (Fluidigm 社製 BioMark) で定量した。Digital PCR は、PCR 阻害の影響を受けにくい、異なる化学的特性を持つ堆積物試料間の比較を正しく行うことができる (Hoshino & Inagaki, *Syst. Appl. Microbiol.*, 2012)。

### (4) シーケンシング

16S rRNA 遺伝子の V4 領域をユニバーサルプライマー (U515F-U806R) で増幅した。得られた PCR 産物を精製後、8 サイクルの index PCR を行なった。シーケンスは MiSeq Reagent Kit v3(600 サイクル)を使用して行なった。

## 4. 研究成果

### (1) 海底下堆積物におけるバクテリア/アーキア比

海底下における 16S rRNA 遺伝子コピー数は CK06-06 (下北半島沖) あるいは IODP Expedition 347 (バルト海) などの、富栄養の沿岸堆積物においては表層では堆積物 1 グラム当たり  $10^9$  コピーに達した。一方で、IODP Expedition 329 (南太平洋還流) などの貧栄養の外洋堆積物では、表層付近でも  $10^4$ - $10^6$  コピー程度であった (図 2)。

沿岸、外洋に関わらず堆積物の深度が増すに従って 16S rRNA 遺伝子コピー数は対数的に減少し、海底下 100m では表層の 1/100 程度となった。減少の傾向はこれまでに報告されている細胞数の減少傾向と同様であり、海底下深部におけるエネルギーフラックスの減少がバイオマスの減少に繋がっていることが確認された。

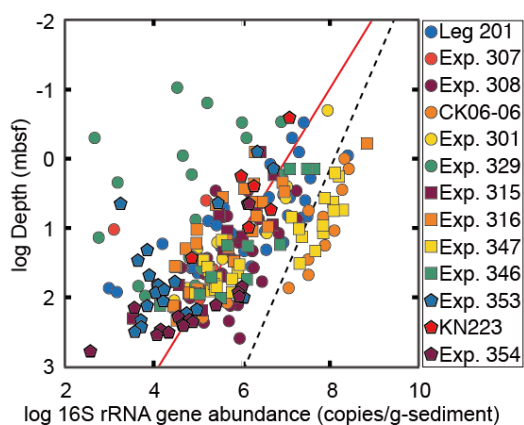


図 2 digital PCR で定量した 16S rRNA 遺伝子コピー数の深度分布 赤線: 16S rRNA コピー数の回帰直線 点線: セル数の回帰直線 (Parkes et al., 2004)

### (2) 海底下のバクテリア/アーキア比の分布

それぞれの掘削サイトにおけるバクテリア/アーキア比は大きく異なり、バクテリアおよびアーキアが堆積物環境に対し異なる応答をしていることが示唆された (図 3)。

また、外洋の堆積物と沿岸の堆積物ではバクテリア/アーキア比は有意に異なり、平均すると外洋ではアーキアの 16S rRNA 遺伝子コピー数は全体 (バクテリア+アーキア) のおおよそ 5.9%に留まったのに対し、沿岸の堆積物では 22.6%に及んだ (図 3)。16S rRNA 遺伝子の平均コピー数を、バクテリアでは 4.7 コピー/ゲノム、アーキアでは 1.7 コピー/ゲノムであると仮定すると (rrnDB ver 5.2: <https://rrndb.umms.med.umich.edu>)、外洋の全微生物細胞数の 12.8%、沿岸の 40.0%がアーキアであると推算された。外洋には全海洋の堆積物の微生物細胞のおおよそ 10%が存在している (Kallmeyer et al., 2012) ことを考慮に入れると、全球の海底下に生息するアーキアの割合は 37.3%であると推定でき、全海水中に生息するアーキアの割合 (41.9%) とほぼ同じであることがわかった。これらの結果は、海洋の表層から海底下深部に至るエコシステムにおいてアーキアはバクテリアと同等の数存在していることを示している (Hoshino & Inagaki, submitted)。

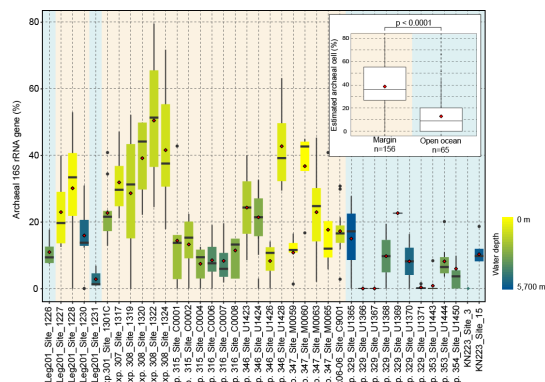


図 3 各掘削サイトのバクテリア/アーキア比。ボックスの色は掘削サイトの水深を表す。背景が青色は外洋サイト、背景が黄色は沿岸の掘削サイト。(右上) 沿岸サイトと外洋サイトのバクテリア/アーキア比。

### (3) 海底下堆積物における微生物多様性

全堆積物試料からおおよそ 2000 万配列からなるシーケンスライブラリを獲得した。得られた 16S rRNA 遺伝子断片の配列を元に微生物群集構造の類似度を解析した。

その結果、海底下の微生物群集構造は好氣的な堆積物環境と嫌氣的な堆積物環境でクラスタリングされ、地球上の海底下生命圏は大きく二つに分けることができることが示された (図 4)。

### (4) まとめ

海底下におけるバクテリア/アーキア比をマイクロ流体デバイスを用いた digital PCR で正確に定量、比較し全球の海底堆積物に生息するアーキアの割合がおおよそ 37%であり海洋中と同等であることを見出した。

また、網羅的な微生物群集構造解析から海底下生命圏は、好氣的および嫌氣的環境の二つに大別可能であり、それぞれの生命圏で異なる微生物群集が深部に至るまで綿々と存在していることが示唆された。



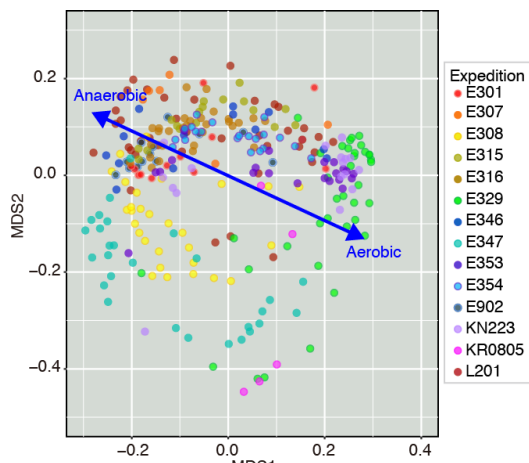


図4 各サイトにおける微生物群集構造の類似度 (nMDSによるプロット)。

<引用文献>

- ① D'Hondt, S., Jørgensen, B. B., Miller, D. J., Batzke, A., Blake, R., Cragg, B. A., *et al.* (2004) Distributions of metabolic activities in deep subseafloor sediments. *Science*, **306**, 2216-2200.
- ② Lipp, J. S., Morono, Y., Inagaki, F., and Hinrichs, K.-U. (2008) Significant contribution of Archaea to extant biomass in marine subsurface sediments. *Nature*, **454**, 991-994.
- ③ Masui, N., Morono, Y., and Inagaki, F. (2009) Bio-archive core storage and subsampling procedure for subseafloor molecular biological research. *Scientific Drilling*, **8**, 35-37.
- ④ Morono, Y., Terada, T., Nishizawa, M., Hillion, F., Ito, M., Takahata, N., Sano, Y., and Inagaki, F. (2011) Carbon and nitrogen assimilation of deep subseafloor microbial cells. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, **108**, 18295-18300.
- ⑤ Hoshino, T., and Inagaki, F. (2012) Molecular quantification of environmental DNA using microfluidics and digital PCR. *Syst. Appl. Microbiol.*, **35**, 390-395.
- ⑥ Kallmeyer, J., Pockalny, R., Adhikari, R. R., Smith, D. C., and D'Hondt, S. (2012) Global distribution of microbial abundance and biomass in subseafloor sediment. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, **109**, 16213-16216.
- ⑦ Parkes, R. J., Cragg, B., Roussel, E., Webster, G., Weightman, A., and Sass, H. (2014) A review of prokaryotic populations and processes in sub-seafloor sediments, including biosphere:geosphere interactions. *Mar. Geol.*, **352**, 409-425.

- ⑧ D'Hondt, S., Inagaki, F., Zarikian, C. A., Abrams, L. J., Dubois, N., Engelhardt, T., *et al.* (2015) Presence of oxygen and aerobic communities from seafloor to basement in deep-sea sediment. *Nature Geoscience*, **8**, 299-304.
- ⑨ Inagaki, F., Hinrichs, K.-U., Kubo, Y., Bowles, M. W., Heuer, V. B., Hong, W.-L., Hoshino, T., *et al.* (2015) Exploring deep microbial life down to ~2.5 km below the ocean floor. *Science*, **349**, 420-424.
- ⑩ Hoshino, T., and Inagaki, F. Abundance and distribution of Archaea in the subseafloor sedimentary biosphere. *ISME J.*, submitted.

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 34 件)

1. Ijiri, A., Inagaki, F., Kubo, Y., Adhikari, R. R., Hattori, S., Hoshino, T., *et al.* (2018) Deep-biosphere methane production stimulated by geofluids in the Nankai accretionary complex. *Science Advances*, **4**, eaao4631. doi:10.1126/sciadv.aao4631 (査読有り)
2. 稲垣史生, 諸野祐樹, 星野辰彦, 井尻暁, 肖楠, 鈴木志野, 石井俊一, 浦本豪一郎, 寺田武志, 井町寛之, 久保雄介. (2018) 海底下深部生命圏フロンティアの探究と将来展望. *地質学雑誌*, 124 巻, 1 号, pp. 77-92. (査読有り)
3. Trembath-Reichert, E., Morono, Y., Ijiri, A., Hoshino, T., Dawson, K. S., Inagaki, F., and Orphan, V. J. (2017) Methyl-compound use and slow growth characterize microbial life in 2 km-deep subseafloor coal and shale beds. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, **114**, E9206-E9215. doi: 10.1073/pnas.17052114 (査読有り)
4. Hoshino, T., and Hamada, Y. (2017) Estimation of the influence of sequencing errors and distribution of random-sequence tags on quantitative sequencing. *J. Biosci. Bioengineer.*, **124**, 359-364. doi:0.1016/j.jbiosc.2017.04.003 (査読有り)
5. Suzuki, S., Ishii, S., Hoshino, T., Rietze, A., Tenney, A., Morrill, P., Inagaki, F., Kuenen, J. G., and Nealson, K. H. (2017) Unusual metabolic diversity of hyperalkaliphilic microbial communities associated with subterranean serpentinization at The Cedars. *ISME J.*, **11**, 2584-2598. doi:10.1038/ismej.2017.111 (査読有り)

6. Hoshino, T., Toki, T., Ijiri, A., Morono, Y., Machiyama, H., Ashi, J., Okamura, K., and Inagaki, F. (2017) *Atribacteria* from the subseafloor sedimentary biosphere disperse to the hydrosphere through submarine mud volcanoes. *Front. Microbiol.*, **8**, 1135. doi:10.3389/fmicb.2017.011135 (査読有り)
  7. Hoshino, T., and Inagaki, F. (2017) Distribution of anaerobic carbon monoxide dehydrogenase genes in deep subseafloor sediments. *Lett. Appl. Microbiol.*, **64**, 355-363. doi:10.1111/lam.12727 (査読有り)
  8. Hoshino, T., and Inagaki, F. (2017) Application of stochastic labeling with random-sequence barcodes for simultaneous quantification and sequencing of environmental 16S rRNA genes. *PLoS ONE*, **12**, e0169431. doi:10.1371/journal.pone.0169431 (査読有り)
  9. Hoshino, T., Kuratomi, T., Morono, Y., Hori, T., Oiwane, H., Kiyokawa, S., and Inagaki, F. (2015) Ecophysiology of *Zetaproteobacteria* associated with shallow hydrothermal iron-oxyhydroxide deposits in Nagahama Bay of Satsuma Iwo-jima, Japan. *Front. Microbiol.*, **6**, 1554. doi:10.3389/fmicb.2015.01554 (査読有り)
  10. Inagaki, F., Hinrichs, K.-U., Kubo, Y., Bowles, M. W., Heuer, V. B., Hong, W.-L., Hoshino, T., et al. (2015) Exploring deep microbial life down to ~2.5 km below the ocean floor. *Science*, **349**, 420-424. doi:10.1126/science.aaa6882 (査読有り)
  11. D'Hondt, S., Inagaki, F., Zarikian, C. A., Abrams, L. J., Dubois, N., Engelhardt, T., et al. (2015) Presence of oxygen and aerobic communities from seafloor to basement in deep-sea sediment. *Nature Geoscience*, **8**, 299-304. doi:10.1038/ngeo2387 (査読有り)
- [学会発表] (計 56 件)
1. 稲垣史生 (2017) 海底下深くに潜む微生物, 第 7 回日本微生物学連盟フォーラム「微生物—変わり者たちの素顔—」. (招待講演)
  2. 稲垣史生 (2017) 海底下生命圏における微生物生態系の機能と限界について, ComBio2017 生命科学系合同年次大会. (招待講演)
  3. Fumio Inagaki, and Kai-Uwe Hinrichs. (2017) Deciphering geosphere-biosphere interactions and limits of life through scientific ocean drilling. International Society for Subsurface Microbiology 2017. (招待講演)
  4. Tatsuhiko Hoshino, Hideyuki Doi, Lars Wormer, Yuki Morono, Kai-Uwe Hinrichs, Fumio Inagaki. (2017) Global microbial diversity in subseafloor sediment. International Society for Subsurface Microbiology 2017.
  5. 星野辰彦, 濱田洋平, 稲垣史生 (2017) ランダムシーケンスタグを応用した定量シーケンス (qSeq) 法の開発, 環境微生物系学会合同大会 2017.
  6. Tatsuhiko Hoshino, Hideyuki Doi, Lars Wormer, Yuki Morono, Steven D'Hondt, Kai-Uwe Hinrichs, Fumio Inagaki. (2017) The global survey of subseafloor sedimentary microbiomes. Goldschmidt 2017.
  7. Fumio Inagaki, and Kai-Uwe Hinrichs. (2017) Exploring multi-spheres interactions through scientific ocean drilling: A perspective from the deep biosphere. 日本地球惑星科学連合 2017 年大会. (招待講演)
  8. Fumio Inagaki. (2016) The deep mud-volcano biosphere associated with the Nankai accretionary complex: Implication for geosphere-biosphere interactions. Gordon Research Conference on Gas Hydrates. (招待講演)
  9. Fumio Inagaki. (2015) Exploring Frontiers of the Deep Biosphere through Scientific Ocean Drilling. AGU Fall Meeting. (招待講演)
  10. 稲垣史生 (2015) 地球に残された未知生命圏フロレンシアに挑む—見えてきた生命圏と非生命圏のあいだ—, 「ちきゅう」就航 10 周年記念シンポジウム. (招待講演)
  11. 稲垣史生, Kai-Uwe Hinrichs, and IODP Expedition 337 Scientists. (2015) 海底下深部の非在来型炭化水素資源環境における生物地球化学的炭素循環とその環境規定要因, 日本地球化学会. (招待講演)
  12. 稲垣史生, 井尻暁 (2015) 海底下泥火山深部生命圏の実態解明にむけて, 日本地質学会. (招待講演)
  13. 稲垣史生 (2015) 科学海洋掘削による海底下限界生命圏の追究, 日本地球惑星科学連合 2015 年大会. (招待講演)

14. Fumio Inagaki, Kai-Uwe Hinrichs, and Steven D'Hondt. (2015) Limits and habitability of microbial life in the deep seafloor biosphere. International Marine Microbiology Conference. (招待講演)
15. Fumio Inagaki, Kai-Uwe Hinrichs, and IODP Expedition 337 shipboard and shore-based scientists. (2015) Exploring deep life in coal-bearing sediments down to ~2.5 km below the seafloor. MPI Seminar. (招待講演)
16. Fumio Inagaki, Kai-Uwe Hinrichs, and Verena Heuer. (2015) Constraining the temperature limit of the microbial deep biosphere in the Nankai Trough seafloor. International Symposium for Frontiers in Marine Geology: Deep Life and Deep Carbon. (招待講演)
17. Fumio Inagaki, Kai-Uwe Hinrichs, and IODP Expedition 337 shipboard and shore-based scientists. (2015) Exploring deep microbial life in coal-bearing sediments down to ~2.5 km below the seafloor. International Symposium for Frontiers in Marine Geology: Deep Life and Deep Carbon. (招待講演)
18. 稲垣史生 (2014) 地球深部探査船「ちきゅう」による海底下生命圏の探求—海底下の森に生命を探る—, 四国紙パルプ研究協議会設立 40 周年記念講演会. (招待講演)
19. Fumio Inagaki, Kai-Uwe Hinrichs, and IODP Expedition 337 shipboard and shore-based scientists. (2014) Exploring deep life in coal-bearing sediments down to ~2.5 km below the seafloor. Deep Carbon Observatory (DCO) 2<sup>nd</sup> International Science Meeting. (招待講演)
20. Fumio Inagaki, Kai-Uwe Hinrichs, and Yusuke Kubo. (2014) Drilling technology and contamination assessment for deep and low-biomass samples. Deep Carbon Observatory (DCO) Deep Life Directory Meeting. (招待講演)
21. Tatsuhiko Hoshino, Yuki Morono, and Fumio Inagaki. (2014) Global seafloor microbiomes project. International Society for Microbial Ecology (ISME) 2014. (招待講演)
22. Fumio Inagaki, Kai-Uwe Hinrichs, and Steven D'Hondt. (2014) Limits and habitability of seafloor life in the deep sedimentary biosphere. International Society for Microbial Ecology (ISME) 2014. (招待

講演)

23. 稲垣史生 (2014) 日本近海の海底炭化水素資源と炭素循環, 高知市民大学. (招待講演)

[図書] (計 1 件)

1. Stein, R., Blackman, D., Inagaki, F., and Larsen, H. C. (2014) Earth and Life Processes Discovered from Seafloor Environments: A Decade of Science Achieved by the Integrated Ocean Drilling Program (IODP). Developments in Marine Geology, vol.7, pp. 1-829, Elsevier.

[産業財産権]

○申請状況 (計 1 件)

名称: 標的核酸の定量方法及びそのためのキット

発明者: 星野辰彦, 稲垣史生

権利者: 星野辰彦, 稲垣史生

種類: 特許

番号: 特願 JP2015-225671

取得年月日: 2015 年 11 月 18 日

国内外の別: 国内

○取得状況 (計 1 件)

名称: 標的核酸の定量方法及びそのためのキット

発明者: 星野辰彦, 稲垣史生

権利者: 星野辰彦, 稲垣史生

種類: 国際特許

番号: PCT/JP2016/084136, WO2017086394A1

取得年月日: 2017 年 5 月 26 日

国内外の別: 国外

[その他]

ホームページ等

FUMIO INAGAKI: GEOMICROBIOLOGIST

<https://www.fumio-inagaki.com>

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

稲垣 史生 (INAGAKI, Fumio)

国立研究開発法人海洋研究開発機構・海洋掘削科学研究開発センター・研究開発センター長代理

研究者番号: 50360748

### (2) 研究分担者

星野 辰彦 (HOSHINO, Tatsuhiko)

国立研究開発法人海洋研究開発機構・高知コア研究所・主任研究員

研究者番号: 30386619