

日本微生物系統分類研究会創立25周年記念誌

日本の微生物系統分類学の動向

[平成13年(2001)～平成17年(2005)]

〈その1〉

A Special Publication Commemorating the 25th Anniversary
of the Founding of Japan Society for Microbial Systematics

Trends in Microbial Systematics in Japan (2001-2005)
– Part 1 –

2007

日本微生物系統分類研究会

Japan Society for Microbial Systematics
<http://wwwsoc.nii.ac.jp/jsms/>

日本微生物系統分類研究会創立25周年記念誌

日本の微生物系統分類学の動向

[平成13年(2001)～平成17年(2005)]

〈その1〉

A Special Publication Commemorating the 25th Anniversary
of the Founding of Japan Society for Microbial Systematics

Trends in Microbial Systematics in Japan (2001-2005)
- Part 1 -

2007

日本微生物系統分類研究会

Japan Society for Microbial Systematics
<http://wwwsoc.nii.ac.jp/jsms/>

創立 25 周年記念誌編集委員会

委員長

岡田 早苗 東京農業大学応用生物科学部

委員

辨野 義己 (独) 理化学研究所バイオリソースセンター

中瀬 崇 (独) 製品評価技術基盤機構バイオリソースセンター

渡邊 信 筑波大学大学院生命環境科学研究科

記念誌執筆者一覧 (執筆順)

杉山 純多 (株) テクノスルガ・ラボ 東京事務所

伊藤 隆 (独) 理化学研究所バイオリソースセンター

安 光得 (株) テクノスルガ・ラボ

喜友名朝彦 (株) テクノスルガ・ラボ

鈴木 基文 (独) 理化学研究所バイオリソースセンター

高島 昌子 (独) 理化学研究所バイオリソースセンター

渡邊 信 筑波大学大学院生命環境科学研究科

関 達治 大阪大学バンコク教育研究センター

目 次

I はじめに

- 日本微生物系統分類研究会の最近の活動と成果
～新しい時代に向けての助走～ 杉山純多 1

II 平成 13 [2001] 年から平成 17 [2005] 年の微生物系統分類学の動向

1. 細菌 (バクテリア) 〈その 2 に掲載〉 5
2. 古細菌 (アーキア) 伊藤 隆 6
3. 菌類 安 光得・喜友名朝彦 10
 3.1 接合菌類
 3.2 子囊菌類・担子菌類
 3.3 アナモルフ菌類
4. 酵母
 4.1 子囊菌酵母 鈴木基文 25
 4.2 担子菌酵母 高島昌子 30
5. 真核藻類 渡邊 信 34

III 活動の記録

1. 開催の記録 関 達治 40
2. 第 21 回～第 25 回研究会のプログラム 関 達治 41

IV 資 料

1. 改組・改称の趣意書 51
2. 役員の構成 (改組・改称後の第 1 期～第 3 期) 52
3. 会則 54

I はじめに

日本微生物系統分類研究会の最近の活動と成果

— 新しい時代に向けての助走 —

会長 杉山 純多

東京大学弥生講堂・一条ホール（弥生キャンパス）で2005年11月18日、第25回日本微生物系統分類研究会年次大会（創立25周年記念）を祝ってから早や2年が過ぎた。正に「光陰矢の如し」である。本記念誌の主目的は当研究会と微生物系統分類学を巡る2001年～2005年までの5年間の足跡と進歩を記録することにある。諸般の事情から出版の遅延を余儀無くされたが、当初計画の内容を2分冊してここに第1部を出版する運びとなった。この小文ではその間の当研究会の活動状況等を要約してお示しすることにする。

微生物の化学分類の勉強会：1980年～1983年、化学分類研究会：1985年10月、微生物化学分類研究会：1985年10月～1994年、微生物分類研究会：（1995年～）を経て、第22回研究会（2002年9月、東京農業大学厚木キャンパス）に於いて、現在の「日本微生物系統分類研究会（英名：Japan Society for Microbial Systematics、略称 JSMS）」へ改組・改称し、会費・役員制を導入して必要最小限の組織化をはかった（巻末の「改組・改称趣意書」参照）。会則を平成14年9月27日づけで制定し、新役員も決まり、当研究会の新たなページが切り拓かれた（巻末の「役員一覧」、「会則」参照）。翌平成15年、平石明ホームページ担当幹事のもとで当研究会のホームページを立ち上げ（<http://wwwsoc.nii.ac.jp/jsms/>）、各種情報を国内外に向けて発信を開始した。また、

ニュースレター編集委員会（高島委員長、河地委員、内野委員）を設置して、念願のニュースレターの創刊号（A4版、13頁）を昨年（平成18年）12月25日づけで発行に漕ぎ付けた。そして、さる8月末 Vol. 2, No. 1（2007）、7頁を出版した。当研究会のホームページならびにニュースレターはいずれも情報発信基地として必要不可欠の媒体であり、この後さらに拡充、発展させていく必要がある。

年次大会も参加者数に多少の変動はあるものの、毎回新たな参加者も散見され、微生物系統分類学に関する「自由、闊達な議論の場」・「勉強の場」・「情報交換、交流の場」の旗印のもとで、それなりに定着した感がある。平成13年10月開催の第23回年次大会では、英国のPeter Green博士（Curator, NCIMB Ltd.）の特別講演（“Thirty years in the life of a culture collection curator: the winds of change”）があり、シンポジウム“Current topics on phylogenetic identification and characterization of microbial strains and consortia”（Organizer: A. Hiraishi, Toyohashi University of Technology）も含め、有意義な研究会となった。なお、Green博士の特別講演（JSMS Special Lecture）の内容（英文）はニュースレター創刊号（Vol. 1, No. 1）のコアーとして収載されている。

翌平成14年10月10日～15日には国際会議場エポカルつくばで第10回世界微生物株保存会議（ICCC-10）が開催され、当研究会

は ICCC-10 実行委員会との共催でシンポジウム S-1 “Current advances in the species concept problems of microorganisms: Definitions, methodologies and practical applications” を企画、実行した。このシンポジウムに関する以下の拙文は *Microbiol. Cult. Coll.* 第 20 巻 第 2 号 76-77 頁に掲載された内容を同誌発行の日本微生物資源学会の転載許諾を得て再録する。

「微生物の種の問題における最近の進歩：定義、方法、そして実際」シンポジウム所感

種を巡る問題は時代的背景と場面の設定は異なっても、古典ギリシャ哲学者から現代の分類学者／系統分類学者によって幾度となく議論されてきた。しかしながら今日でも「種とは何か？」との命題に普遍的な回答を見出せないでいる。ゲノム生物学と生物多様性研究の大展開が期待される 21 世紀の初頭に、微生物における種ならびに種概念の今日の問題を、「第 10 回世界微生物瀬株保存会議」のシンポジウムで取り上げることの意義とインパクトは大であると考えた。高等動植物から微生物まで、事実上「種」は生物多様性の単位として機能している。そこで、このシンポジウムでは日本微生物系統分類研究会との共催下、Erko Stackebrandt 教授（ドイツ DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen 所長）と杉山（NCIMB Japan 学術顧問）によってテーマ “Current advances in the species concept problems of microorganisms: Definitions, methodologies and practical applications” の傘の中で企画し、原核微生物から真核微生物の菌類・微細藻類の領域において直面している「種概念問題」について様々な切り口から

概観してもらうことにした。シンポジウム当日は、共同コンビーナーの杉山の挨拶（シンポジウムの趣旨説明）の後、以下のような司会者、演者・所属、演題で 5 題の講演が行なわれた。

ICCC-10 Symposium:

DAY 2 PM: 11 October (Monday)
Convention Hall 200

S-1. Current advances in the species concept problems of microorganisms:

Definitions, methodologies and practical applications

Co-organized with Japan Society for Microbial Systematics

Conveners: Junta Sugiyama (NCIMB Japan, Japan)

Erko Stackebrandt (DSMZ, Germany)

1 司 会 : Erko Stackebrandt (DSMZ, Germany)

演 者 : Ramon Rossello-Mora (Institut Mediterrani d' Estudis Avancats, Spain)

演題 : "Theory and practice of the species concept"

2 司会 : Tatsuji Seki (Osaka Univ., Japan)

演者 : Erko Stackebrandt (DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Germany)

演題 : A molecular glimpse into the taxon "Species"

(なお、"Proceedings" 収載の論文タイトル は、"Still a mystery: the prokaryotic species")

3 司 会 : Erko Stackebrandt (DSMZ, Germany)

演 者 : Akira Hiraishi (Department of

Ecological Engineering, Toyohashi University of Technology, Japan)

演 題: "A new alternative to genomic DNA-DNA relatedness for species identification of bacteria"

4 司 会: Junta Sugiyama (NCIMB Japn, Japan)

演 者: David M. Geiser (Department of Plant Pathology, The Pennsylvania State University, USA)

演題: "Practical fungal species recognition using molecular phylogenetics"

5 司 会: Junta Sugiyama (NCIMB Japan, Japan)

演 者: Fumie Kasai (Environmental Biology Division, National Institute for Environmental Studies, Japan)

演 題: "Delineating "species" in eukaryotic microalgae"

最 後 に、Erko Stackebrandt (DSMZ, Germany) の総括と結語でシンポジウムを無事終了した。

このシンポジウム (S-1) は会議プログラムの中でも好位置にあったこともあり、また斯界の世界的リーダーを含む新進気鋭の第一線研究者による講演とあって、立ち見がでるほどの盛況であった。終了直後、出席者(外国人)の数名から好評を頂戴した。総論(「種」の概念の学説・定義)から各論(実際の適用実例)まで、それぞれの微生物群で分子系統学的・分子進化的アプローチの有用性が紹介され、菌類の隠蔽種 (cryptic species) の存在など微生物種の正体の一部を垣間見ることができた。しかし、結論としては、Stackebrandt 教授の「種」は未だ不可解という結語に同感。「種とは何か」の問題解決には、現在劇的に

蓄積しつつあるゲノム解析データを如何に生かすかに掛かっている。若い諸君のチャレンジに期待したい。

最後に、末筆ながら、本シンポジウムの実行面でご支援、ご協力いただいた諸氏/機関のお名前(順不同)を下記に明記して、謝意を表する。

ICCC-10 実行委員会、日本微生物系統分類研究会、大阪大学生物工学国際交流センター、関 達治教授(大阪大学)、岡田 元専任研究員(独立行政法人理化学研究所、バイオリソースセンター)、喜友名朝彦研究員(NCIMB Japan)

(追記は、省略する)

なお、各スピーカーの講演内容は "Innovative Roles of Biological Resource Centers" (Proceedings of the Tenth International Congress for Culture Collections, Tsukuba, Japan, 10-15 October 2004), edited by M. M. Watanabe, K.-i. Suzuki and T. Seki, pp. 70-96, Japan Society for Culture Collections & World Federation for Culture Collections, 2004 に収録されている。

以上が創立 20 周年 (2000 年) 後の 2001 年から 2005 年まで当研究会の活動状況の概要である。いろいろな分野で世代交代が起きている。当研究会も例外ではない。昨年設置した将来計画委員会(関達治委員長、江崎孝行、岡田早苗、高島昌子、川崎浩子の各委員)が提出した「答申書」には当研究会のあり方や方向性が明示されている。その全文は、近着のニューズレター Vol. 2 No. 1 (2007 年 8 月 31 日発行) に収録されている。創立以来四半世紀に亘る諸先輩の努力と構築された知的基

盤が雲散霧消することのないよう、「答申書」に描かれた指針の下で当研究会が十分その機能を発揮し、斯界の発展のために寄与することを切望する。

最後に、本記念誌に寄稿された執筆者各位ならびに岡田早苗編集委員長をはじめ編集委員諸氏に謝意を表す。

(2007年9月10日記す)

Ⅱ 平成 13[2001] 年から平成 17[2005] 年の 微生物系統分類学の動向

平成 13 年から平成 17 年の 5 年間の微生物系統分類学に関する動向を、細菌（バクテリア）、古細菌（アーキア）、菌類（酵母を除く）、酵母、真核藻類に区分けし、それぞれを専門分野とする方々にお願ひし執筆いただいた。

1. 細菌（バクテリア）

1.1 グラム陽性細菌

1.2 グラム陰性細菌

1.3 放線菌

〈その 2〉で収載します。

2. 古細菌 (アーキア)

伊藤 隆

古細菌の系統分類学において2001年から2005年の5年間はいわば変革時期であったと言えるのではないだろうか。その契機の一つとなったのはBergey's Manual of Systematic Bacteriology, 2nd ed. vol. 1 (2001年)の発刊であろう(以下マニュアル)。本マニュアルでは16S rRNA塩基配列に基づいた階層的分類階級が導入されているが、もとより古細菌の分類学的体系には早い時期から16S rRNAによる系統関係が反映されており、本マニュアルの発行はこのことを広く信任させる結果となった。このマニュアルでは多くの高次ランクの学名が提案されているが、その後 validation lists に掲載されて正式なものとして認められている。2001年以降も古細菌の承認種の数は順調に増え続けており、微生物分類研究会20周年記念誌発行時(2000年)には65属185種であったのが2005年までには83属257種が承認されるに至った。このような新たな古細菌種の提唱には日本人研究者も大いに貢献していることは言うまでもない。一方、2002年に報告された絶対寄生性好熱性古細菌である *Nanoarchaeota* の発表もインパクトがあった(Huber *et al.*, 2002)。本菌は超好熱性古細菌である *Ignicoccus* 属菌株に絶対的に寄生して生存しており、その細胞は大きさ直径400nm程度の球菌でゲノムの大きさも49万塩基程しかない。系統学的に既知の古細菌とは異なるとされているが、ゲノム解析からは既知の古細菌門から派生したとする考えもあり、その起源は未だ不明である。

古細菌株のゲノムシーケンスも2001年以降に続いて発表されてきており、古細菌の系統進化が16S rRNAだけでなく他の遺伝子からも論じられるようになってきた。このような系統解析のいくつかは16S rRNAでの結果と大きな差はないようであるが、例えばメタン生成古細菌の単一系統性、先述の *Nanoarchaeota* の系統学的位置関係などに相違が見られている(Ciccarelli *et al.*, 2006; Forterre *et al.*, 2002; Yang *et al.*, 2005)。今後ゲノム情報の蓄積や解析方法の発展によって古細菌の系統関係に新たな見解が得られることも期待できよう。

近年では16S rRNA遺伝子等を指標とした分子生態学的手法が盛んに用いられるようになり‘難培養性’を含む古細菌の多様性が見直されることとなった(Schleper *et al.*, 2005)。こうした解析は古細菌が単に高温、高塩濃度、絶対嫌気など特殊な環境だけ限られるのではなく土壌や海洋などさまざまな環境にも幅広く生息していることを示し、さらにこれまでに培養されている古細菌は系統学的にもごく一部でしかないことを明確にした。生態学的に見てもこうした難培養性の古細菌は決してマイナーな存在ではなく、代謝的にも嫌氣的メタン酸化(Hinrichs *et al.*, 1999)やアンモニア酸化(Nicol & Schleper, 2006)などに関与しており自然界の物質循環で重要な役割を担っている。これまで難培養性の古細菌だけからなるクラスターでも、近年になって単離に成功したという例がいくつか報告されており、このような古細菌については

より詳細な系統分類学的研究が必要であろう。

以下に2001年から2005年の間における、日本人を含む研究者グループによって発表された古細菌種を紹介する。

メタン生成古細菌

2001年～2005年において提唱されたメタン生成古細菌の新属新種は5属・32種（新組合せを含む）にのぼっているが、このうち3種が日本人研究者グループによる発表である。九州の水田土壌から分離された球菌状のメタン生成古細菌は *Methanoculleus chikugoensis* と提唱された。またこの研究過程で *Methanoculleus olentangyi* と *Methanoculleus oldenburgensis* は *Methanoculleus bourgensis* のシノニムであることが見いだされている。また沖縄海溝の海底熱水孔、インド洋中央海嶺のブラックスモーカーからは好熱性メタン生成古細菌である *Methanothermococcus okinawensis*、*Methanotorris formicicus* が分離されている。一方、まだ誌上発表はされていないが、水素産生細菌との共生培養を適用することによって *Methanomicrobiales* 目に新科と思われる新規メタン菌、あるいは Rice Cluster I とよばれるクローンのみしか見いだされていないクラスターに属するメタン生成古細菌が分離されており、今後の分類学的研究が望まれている。

高度好塩性古細菌

近年、中国をはじめとするアジア地域由来の新属・新種の好塩性古細菌が立て続けに発表されている。2001年～2005年には5新属・24新種（新組合せを含む）が発表され

ているが、そのうち2属12種は中国から分離された菌株に対してである。中国には内モンゴル自治区、新疆ウイグル自治区、チベットなどに多くの塩湖・ソーダ湖が存在し、こうした高度好塩性古細菌の幅広い多様性を生み出している。一方、この期間に日本由来の新規好塩性古細菌の報告はないが、日本人研究者によって発表されたものには中国・内モンゴル自治区の塩湖から分離された新属新種 *Natronolimnobius baerhuensis* 及び *Natronolimnobius innermongolicus*、エジプトの天日塩田からは新種 *Haloferax alexandrinus* が提唱されている。さらに *Haloferax lucentense*、*Halorubrum terrestre*、*Halosimplex simplex* の提唱にも日本人研究者が関わっている。また Ihara らによって提唱されていた *Haloarcula mukohataei* は新属 *Halomicrobium* 属に移された。

好熱性古細菌

2001年～2005年における新属新種の提唱は4属・22種（新組合せを含む）である。日本人研究者によって発表された好熱性古細菌のうち、日本各地の温泉から分離された新属新種 *Vulcanisaeta distributa* は分離源ごとに16S rRNA 遺伝子に相違が見られ地理的隔離と遺伝子変化の関心に興味を持たれている。さらに箱根・早雲山温泉からは別種である *V. souniana* が分離されている。一方、熊本の杖立温泉からは好気性の *Pyrobaculum ognuniense* が分離されている。伊豆・小笠原弧の水曜海山からは好気性好熱性古細菌の新種 *Aeropyrum camini*、細胞融合するという特徴の見いだされた *Thermococcus coalescens* が分離されている。またフィリピンの温泉からは *Desulfurococcales* 目と関連

のある *Caldisphaera lagunensis* が分離された。これまで生化学・遺伝学分野でよく研究されてきた *Thermococcus kodakarensis*・*Sulfolobus tokodaii* も新種として承認されて

いる。一方、箱根大涌谷から分離されている *Sulfolobus hakonensis* はその系統学的性状が再吟味されて *Metallosphaera* 属に移されている。

日本人を含む研究者グループによって発表された新属・新種（新組合せを含む）

メタン生成古細菌

Methanoculleus chikugoensis Dianou *et al.* 2001, sp. nov.

Methanothermococcus okinawensis Takai *et al.* 2002, sp. nov.

Methanotorris formicicus Takai *et al.* 2004, sp. nov.

好塩性古細菌

Haloferax alexandrius Asker and Ohta 2002, sp. nov.

Halomicrobium mukohataei (Ihara *et al.* 1997) Oren *et al.* 2002, gen. nov., comb. nov.

Halosimplex simplex Vreeland *et al.*, 2003, gen. nov., sp. nov.

Haloferax lucentense Gutiérrez *et al.*, 2004, sp. nov.

Halorubrum terrestre Ventosa *et al.*, 2004, sp. nov.

Natronolimnobius baerhuensis Itoh *et al.* 2005, gen. nov., sp. nov.

Natronolimnobius innermongolicus Itoh *et al.* 2005, sp. nov.

好熱性古細菌

Pyrobaculum oguniense Sako *et al.* 2001, sp. nov.

Vulcanisaeta distributa Itoh *et al.* 2002, gen. nov., sp. nov.

Vulcanisaeta souniana Itoh *et al.* 2002, sp. nov.

Sulfolobus tokodaii Suzuki *et al.* 2002, sp. nov.

Caldisphaera lagunensis Itoh *et al.* 2003, sp. nov.

Metallosphaera hakonensis (Takayanagi *et al.* 1996) Kurosawa *et al.* 2003, comb. nov.

Aeropyrum camini Sako *et al.*, 2004, sp. nov.

Thermococcus kodakarensis Atomi *et al.* 2005, sp. nov.

Thermococcus coalescens Kuwabara *et al.*, 2005, sp. nov.

引用文献

1. Ciccarelli, F. D., Doerks, T., von Mering, C., Creevey, C. J., Snel, B. & Bork, P. (2006). Toward automatic reconstruction of a highly resolved tree of life. *Science*, **311**: 1283-1287.
2. Forterre, P., Brochier, C. & Philippe, H., (2002). Evolution of the Archaea, *Theor. Pop. Biol.*,

- 61: 409-422.
3. Hinrichs, K.-U., Hayes, J. M., Sylva, S. P., Brewer, P. G. & DeLong, E. F. (1999). Methane-consuming archaeobacteria in marine sediments., *Nature*, **398**: 802-805.
 4. Huber, H., Hohn, M. J., Rachel, R., Fuchs, T., Wlummer, V. C. & Stetter, K. O. (2002). A new phylum of Archaea represented by a nanosized hyperthermophilic symbiont. *Nature*, **417**: 63-67
 5. Nicol, G. W. & Schleper, C. (2006). Ammonia-oxidising Crenarchaeota: important players in the nitrogen cycle? *Trends Microbiol.*, **14**: 207-212.
 6. Schleper, C., Jurgens, G. & Jonuscheit, M. (2005). Genomic studies of uncultivated Archaea. *Nature Rev. Microbiol.*, **3**: 479-488.
 7. Yang, S., Doolittle, R. F. & Bourne, P., (2005). Phylogeny determined by protein domain content. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **102**: 373-378.

(平成 19 年 8 月 5 日受領)

3. 菌類（酵母を除く）

安 光得・喜友名朝彦

菌類の分類体系は、1990年代の中頃まで Whittaker の5界説に基づいた Ainsworth 体系 (Ainsworth, 1973) が世界的に広く用いられてきた。Ainsworth 体系は菌類を動物・植物と対等の“界”に位置付けた。菌類界は変形菌門と真菌門の2門により構成され、真菌門には鞭毛菌亜門、接合菌亜門、子囊菌亜門、担子菌亜門、不完全菌亜門の5亜門を設けている。1990年代に入り、分子系統分類学の登場により、菌類の分類体系には大きな変動が見られるようになった。この分子系統分類学の影響を受けた形で Hawksworth ら (1995)、Alexopoulos ら (1996) 等の分類体系が発表される中、Ainsworth 体系は大幅な改訂がなされ、2001年に出版された“Dictionary of the Fungi 第9版” (Kirk *et al.*, 2001) と“The Mycota vol. 7 Part A & B” (McLaughlin *et al.*, 2001) にそれまでの菌類分子系統分類学の成果が凝縮された形でまとめられ、現在の菌類分類体系の基礎となっている。現在の菌類分類体系において、菌類は“真の”菌類 (true fungi = 菌類界 Kingdom Fungi)、すなわち「真菌類」と“偽の”菌類 (pseudofungi)、すなわち「偽菌類」に大別される。真菌類はツボカビ門、接合菌門、子囊菌門、担子菌門の4大系統群で構成される。一方、偽菌類にはクロミスタ界 (Kingdom Chromista) に移された変形菌門のラビリンツラ綱と鞭毛菌亜門の卵菌綱とサカゲツボカビ綱の菌群で構成される。また、Ainsworth 体系において菌類に含められていた変形菌門のアクラシス菌綱、変形菌綱、ネコブカビ綱

の菌群は、原生動物界 (Kingdom Protozoa) に移されている。

現在、真菌類と偽菌類を含めた広義の菌類として、8232属、80060種が知られており (Kirk *et al.*, 2001)、毎年かなりの菌種が新種として報告され、特に、近年の分子系統分類学の進展に伴い、種の細分化、隠蔽種の発見など、菌種は年々増加する傾向にある。Hawksworth (2001) は未記載種を含めると広義の菌類種の総数は約150万種と推定している。

菌類分類体系の変遷は杉山の総説 (杉山, 2004) および編著書 (杉山, 2005) に詳しくまとめられているため参考にしていただきたい。なお、後者では多様性と系統・進化を切り口に、菌類多様性を8つの章に分けて分担執筆されている。

近年の菌類分子遺伝学において、世界的な話題となったトピックの一つとして、菌類の全ゲノム解析が挙げられる。2005年、アメリカ、ヨーロッパ、日本の研究者が中心になり、*Aspergillus* 属の *A. fumigatus* (Nierman *et al.*, 2005)、*A. nidulans* (Galagan *et al.*, 2005)、*A. oryzae* (Machida *et al.*, 2005) の全ゲノム配列が決定された。これにより、菌類の多様性の理解がさらに深まることが期待される。特に、日本の伝統的発酵産業に用いられ、「国菌」と呼ばれている麹菌 *A. oryzae* に関しては、醸造食品などに利用されてきたことから安全性が保証されており、酵素生産など様々な分野での応用利用に期待が寄せら

れている (一島, 2006)。

一方、視野を世界の菌類分子系統分類学に転じると、全米科学財団 (NFS) の研究補助金による “Assembling the Fungal Tree of Life” (AFTOL) <<http://aftol.org/>> および “Deep Hypha” <<http://ocid.nacse.org/research/deephyphae/index.php>> と呼ばれる国際共同研究プロジェクトが互いに関係を持ちながら進行している。AFTOL、Deep Hypha の両プロジェクトには日本人研究者も携わり活躍している。AFTOL は分子データ (複数の遺伝子塩基配列) と表現形質 (形態学的データなど) を用いて菌類の網羅的な系統解析を行ない、菌類の「生命の樹」の構築を目指している。2004 年に AFTOL の研究成果の一部が Lutzoni ら (2004) および Taylor ら (2004) により発表され、また、当プロジェクトの成果が逐次、Web 上で公開されている。一方で Deep Hypha プロジェクトは菌類の系統仮説を強く発展させることを目的とし、近い将来、プロジェクトの成果が発表されることとなっている。

一方、本研究会においても、遺伝情報からみた菌類の多様性および系統進化についての報告がなされている。西田 (2002, 2005) と安ら (2003) は、リジン生合成に関与するアミノアジピン酸還元酵素遺伝子 (*lys2*) が菌類のみに存在し、ゲノムに単一の遺伝子であることと、菌類の系統解析に強力なツールの一つであることを主張している。

下記に、2001 年から 2005 年までの日本国内の研究の動向を中心に、偽菌類、菌類界のツボカビ門、接合菌門、子囊菌門、担子菌門、アナモルフ菌類の分類群ごとにまとめる。

3-1 偽菌類

偽菌類の中でクロミスタ界に分類されてい

るラビリンツラ門と卵菌門の菌群では、日本人研究者による研究報告がされている。ラビリンツラ門に関しては、本多らのグループによる研究が挙げられる。1999 年に本研究会においても本多らは、18S rDNA 遺伝子に基づく分子系統解析の結果、構成する属は多くの場合、単系統性を示さないことを明らかにした (本多ら, 1999; Honda *et al.*, 1999)。本多らはそれ以降、新たに分離株を収集し、形態・化学分類・分子系統解析を行ない、ラビリンツラ科の単系統性の妥当性を示したが、もう一つのヤブレッツボカビ科は少なくとも 2 つの系統群で分かれ、現在の科の分類について再考が必要であることを示唆するとともに、ラビリンツラ門の多様性がこれまでの認識よりも大きいものとしている (本多・横山, 2003)。

一方、卵菌門の菌群に関しては、中桐らの研究が挙げられる。中桐らは海生卵菌類の *Halophytophthora* 属の形態および生態学的見地から属内の種多様性を明らかにし (Nakagiri *et al.*, 2001; Nakagiri, 2002)、最近では 28S rDNA-D1/D2 および ITS 領域塩基配列に基づく分子系統解析から *Halophytophthora* 属内の種間あるいは種内の分類学的再検討が試られている (中桐ら, 2003; Nakagiri and Okane, 2005)。

3-2 ツボカビ門および接合菌門

ツボカビ門には 123 属 914 種が知られている (Kirk *et al.*, 2001)。ツボカビ門に関しては米国の Powell らのグループによる研究があるが (Chytrid Fungi Online <<http://bama.ua.edu/~nsfpeet/index.html>>; Letcher *et al.*, 2005)、日本国内においては当菌群を専門に研究している研究者はほとんどいないのが現状である。

一方、接合菌門には181属1090種が知られている (Kirk *et al.*, 2001)。接合菌類の日本国内における分類学的研究として、近年、出川および栗原らによる研究が挙げられる。出川 (2005) は自然界の菌類の生態に着目した独自の観察法により、特に接合菌門の中では、約100種を含む最大の門内菌群であるクサレケカビ科の分類学的研究に取り組んでいる (2005)。出川の研究はクサレケカビ科に留まらず、接合菌門トリコミケス綱まで及び、その卓越した詳細な観察に基づく研究は国内外の研究者から高い評価を受けている (Degawa and Gams, 2004; Degawa and Sato, 2005)。一方、栗原らは接合菌門の中では、約30種ほどしか知られていない比較的小さい菌群であるキクセラ目菌群の分類学的研究を行っている。キクセラ目菌群のほとんどが稀産種であり、栗原らは近年、2新属3新種を報告している (Kurihara *et al.*, 2001, 2004)。更に、Kuriharaら (2005) および小川ら (2005) は、キクセラ目菌群の形態観察、18S rDNA および 28S rDNA-D1/D2 の分子系統解析の結果から、キクセラ目が *Coemansia* グループ、*Spiromyces* グループ、*Ramicandelaber* グループからなる3つの目に細分化されることを提案している。また、本研究会では、岡田ら (2005) が台湾産の接合菌類について、アジアからの分離は初めてと考えられる *Cokeromyces recurvatus* とアジアでは稀産種とされる *Modicella malleola* の2種を報告している。

近年、菌類の系統解析には、18S rDNA などの遺伝子塩基配列に基づく分子系統解析により新たな菌類系統関係が明らかにされつつある。本研究会では、長濱らにより、いわゆる下等菌類と呼ばれるツボカビ門と接合菌門

がそれぞれ単系統を形成せず、水生のツボカビ門が多様化した中で、鞭毛が消失して陸上に適応した系統が接合菌門へと進化したことを示唆した (長濱ら, 1995; Nagahama *et al.*, 1995)。また、安ら (2003) はアミノアジピン酸還元酵素遺伝子 (*lys2*) をもちいた分子系統解析で、ツボカビ門と接合菌門がいずれも菌類共通祖先の初期より多様化していることを示し、菌類の系統進化とともに当該遺伝子の垂直移動してきたことを明らかにした。一方、田辺らは、ツボカビ門と接合菌門の進化について nSSU rDNA、全ミトコンドリアゲノム解析、RPB1、EF-1 α など複数の遺伝子解析から、系統推定を行ない、1) ツボカビ門と接合菌門はそれぞれ多系統を形成し、鞭毛の消失が複数の系統で起こった、2) ジマルガリス目・ハルペラ目・キクセラ目は単系統を形成し、隔膜孔超微構造が系統的に有益な形質である、3) ハエカビ目の *Basidiobolus* 属は、他のハエカビ目とは遠縁関係にある、4) メソミケトゾア綱のアモエビジウム目・エクリナ目は、菌類とは異なる進化をしてきた、5) 微孢子虫類 Microsporidia は“真の”菌類内から派生していないが、菌類の姉妹群であることを提示している (田辺, 2005; Tanabe *et al.*, 2002, 2004, 2005)。

3-3 子囊菌門

子囊菌門は3409属32,739種を擁する菌類界最大の門として知られる (Kirk *et al.*, 2001)。18S rDNA 系統樹は高等菌類 (子囊菌類や担子菌類) の単系統性を示すとともに、子囊菌門と担子菌門の分岐を約5.5億年前と推定している (Bruns *et al.*, 1992; Gargas *et al.*, 1995; Sugiyama, 1998; Berbee and Taylor, 2001)。すなわち、子囊菌門と担子菌門両者は姉妹関係にあって、子囊菌門から担

子菌門が進化したのではないことを示唆している。

菌類分子系統分類学の進展に伴い、Ainsworth 体系 (Ainsworth, 1973) 以降の子菌門の分類体系は非常に複雑化し、現在もなお流動的である。その中で、Eriksson らは最新の研究成果を取り入れた子菌門の分類体系を毎年、更新して Web 上で公開しているので参照したい <MYCONET: <http://www.fieldmuseum.org/myconet/index.html>>。Sugiyama (1998)・杉山 (2005)・An ら (2002; 図-1) は分子系統学的知見を取り入れた上で、子菌門を“古生子菌系統群”、半子菌系統群、真正子菌系統群の3大系統群に分けている。この Sugiyama (1998)・杉山 (2005) による三大系統群の分類は分かりやすく、扱いやすいと言える。そのため、本稿では杉山 (2005) の体系に基づき、話を進めていく。なお、半子菌系統群はいわゆる子菌酵母の一群であり、本誌の鈴木による概説 (4.1 章) を参照いただきたい。

3-3-1 古生子菌系統群

子菌門の中で共通祖先から最初に分岐し、多様化したのが古生子菌類とされる。古生子菌類の中で近年、本研究会においてサクラやモモの天狗巣病菌として知られる *Taphrina* 属の1菌種に関して喜友名らにより発表が行われた (喜友名ら, 2004; Kiyuna *et al.*, 2005)。Sjamsuridzal ら (1997) および小川ら (2003) は菌株保存機関に保存されている '*Taphrina*' *farlowii* CBS 376.39 株が *Taphrina* 属ではなく、全く別の菌 *Pichia guilliermondii* であることを明らかにした。彼らの研究報告を受け、喜友名らは真の *T. farlowii* のアイデンティティを探るべく、野外から新鮮なシウリザクラ囊果病菌を採集し、形態観察および宿主との関係から、*T. farlowii* と考えられる菌株を分離した。更に、当菌株の 18S rDNA および ITS-5.8S rDNA の分子系統解析の結果より、*T. farlowii* との類縁性が指摘されている菌種の系統に含まれることから、真の *T. farlowii* の菌株を得るこ

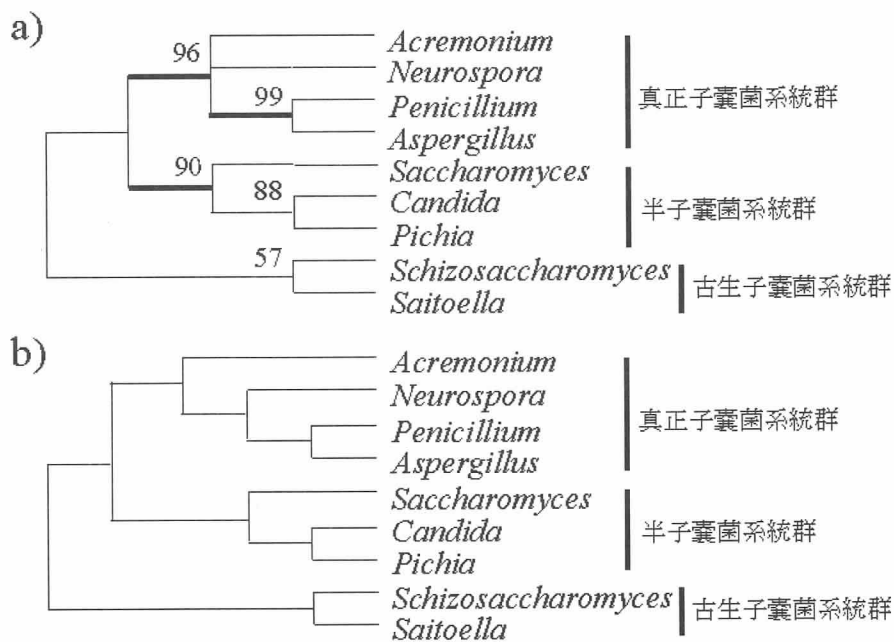


図-1 アミノアジピン酸還元酵素遺伝子 (*lys2*) のアミノ酸配列に基づく子菌門の分子系統樹。a) 最節約法 b) 最尤法 (An *et al.*, 2002 を改変)

とに成功した（喜友名ら，2004；Kiyuna *et al.*, 2005）。

一方、18S rDNA の分子系統からは単系統か多系統か明らかにできなかった古生子囊菌類は、安ら（2003）によって、*lys2* の分子系統から多系統であることが示された。これは古生子囊菌類の進化・多様性研究にとって重要な結果であり、今後さらなるデータの蓄積が必要であろう。

3-3-2 真正子囊菌系統群

本系統群は亜綱レベルに相当する5菌群、すなわち、不整子囊菌類・核菌類・ラブルベニア菌類・盤菌類・小房子囊菌類に分けられる（Ainsworth, 1973；杉山，2005）。

不整子囊菌類に関して、2003年に分子系統分類学の成果を取り入れた杉山・小川による総説（Sugiyama and Ogawa, 2003）が発表され、当菌群を知る上で参考になる。

近年、日本国内では日本菌学会を中心に菌類のインベントリ（目録作成）事業の機運が高まっている。それに伴い、菌学を職業としない、いわゆるアマチュア研究者（菌類愛好家）の存在の重要性が増してきている。その一例として、アマチュア研究者である浅井らのコウボウフデに関する研究が挙げられる（Asai *et al.*, 2004；Masuya and Asai, 2004）。これまで、多くの研究者により担子菌門として広く認識され、各種図鑑にも長い間、担子菌門ケンボウズタケ目として扱われてきたコウボウフデ *Battarrea japonicum* と呼ばれるキノコが、実は担子菌類ではなく、子囊菌類の仲間（エウロチウム目の *Pseudotulostoma* 属）であることを明らかにした。浅井らは、発見が難しい若い子実体の観察から消失性の子囊および子嚢胞子を観察し、更に、分子系統解析によりこの事実を明らかにしている

（Asai *et al.*, 2004；Masuya and Asai, 2004）。

核菌類に関しては、升屋らが木材の変色（青変）を引き起こす経済的に重要な菌種を多く含む日本産オフィオストマ様菌類の特に *Ophiostoma* 属やそのアナモルフ *Leptographium* 属に関する分類学的研究を行ない、数多くの新種を報告している（e.g. Masuya *et al.*, 2003, 2004）。

小房子囊菌類に関して、近年、田中らはプレオスポラ目菌群に対して精力的な分類学的研究・報告を行っている（e.g. Tanaka and Harada, 2003, 2004；田中，2006）。現在、プレオスポラ目菌群には20科200属1870種の菌種が含まれているが、日本国内ではこれまで主に植物病理学的見地からの研究で220種程度しか報告されていない（田中，2006）。田中（2006）は寄生菌のみのこだわらない広範囲の生態群を対象にプレオスポラ目菌群の研究を行った結果、7新属28新種を含む計12科・50属・約200種の日本産菌群を確認・報告している。近年の分子系統学的研究からもプレオスポラ目は多系統性が示されており、従来のテレオモルフの形態形質を重視した当菌群の分類体系に対し、田中らはテレオモルフ-アナモルフ関係を分類体系へ組み込み、より自然な分類体系の確立を目指しており、今後の研究に期待したい。

3-4 担子菌門

担子菌門は1353属29914種を擁し、子囊菌門に次いで多くの種が含まれる（Kirk *et al.*, 2001）。本門は単系統を示すとともにクロボキン綱、サビキン綱、菌草綱の3大系統群に分けられる。

本研究会において、安ら（2003）の *lys2* の分子系統からは、担子菌門が3大系統群から成り立つことは明確には支持されなかつ

た。今後、適切なタクソンサンプルを選ぶことにより、担子菌門がどのような系統関係にあるかを明らかにできると考えられる。

菌草綱（系統群，類）、いわゆるキノコを形成する菌群に関しては、形態学的見地に基づき、数多くの新種記載が為されている。例えば、Kobayashi (2002) は分類が非常に難しいとされているハラタケ目のアセタケ属の全世界種を網羅したモノグラフ研究を發表している。

また、肉眼で容易に判別できる大型の子実体を形成する担子菌類（キノコ）と異なり、大きさが数 mm 以下と微小な子実体を形成する担子菌類に関する分類学的研究は非常に少ない。田中 (2003) はこれまで有用生理活性物質の探索源として用いられてこなかった微小担子菌類に関して、日本国内から採集・分離を行った結果、様々な新規生理活性物質を見出すとともに日本産の微小担子菌類に関して分類学的研究を行っている。

一方で、海外に比べ、日本国内において形態・分子（遺伝子）両レベルによる担子菌門の系統分類学的研究は少なく、小田ら、津田・田中によるテングタケ属 (Oda *et al.*, 2004; 津田・田中, 2005)、下野らによるベニタケ科 (Shimono *et al.*, 2004)、そして、保坂ら (2006) の研究が挙げられる。小田らは分子系統を基に日本産テングタケ属 *Amanita* に関して系統分類学的研究を行ない、得られた知見から、世界的に分布する *Amanita* 属 2 種に関して生物地理学的変化および進化過程に関して仮説を提示している (Oda *et al.*, 2004)。また、Shimono ら (2004) はベニタケ科のベニタケ属およびチチタケ属の 28S rDNA 部分塩基配列に基づく分子系統解析を行ない、ベニタケ属は 5 グループからなり、

チチタケ属は単系統群であることを明らかにした上で、28S rDNA 部分塩基配列が当菌群の種の識別に有用であることを示唆している。保坂ら (2006) は前述の AFTOL プロジェクトの一環として、ラッパタケスツポインタケ類の系統関係を明らかにするために、5 つの遺伝子を用いた分子系統解析を行なった。その結果、これらの菌群の単系統性を支持し、新亜綱としてスツポインタケ亜綱、新目としてヒステランギウム目とヒメツチグリ目を提唱・記載するに至っている。

3-5 アナモルフ菌類

アナモルフ菌類とは無性生殖器官・無性繁殖体によって特徴づけられ、有性生殖器官が発見されない、つまりテレオモルフが不明な菌群を一括してまとめた一群である。Ainsworth 体系において、不完全菌亜門として正式の高次分類群に位置付けられていたが、分子系統分類学の進展に伴い、その分類学的地位を失い、現在では子囊菌門あるいは担子菌門へと組み込まれている。テレオモルフが判明している場合、通常はテレオモルフの学名が優先されるが、従来から産業的に重要な菌群も多く、実用的な観点からもアナモルフの学名（属・種レベル）が今でも常用されている。

アナモルフ菌類の中で、日本人研究者による優れた研究が *Fusarium* 属菌で認められる。青木らは海外の研究者と共同で農作物等の病原菌類として著名な *Fusarium* 属菌に関して形態および分子系統の両側面から詳細な系統分類学的研究を行っている (Aoki *et al.*, 2005; O' Donnell *et al.*, 2000, 2004)。特に、青木らのグループは従来、1 種と考えられてきたムギ類赤カビ病の主要な原因菌として知られる *F. graminearum* が 11 遺伝子の

多遺伝子塩基配列に基づいた総合的な分子系統解析の結果から9つの系統で構成されることが明らかにし、8つの新しい種名を提唱した (O' Donnell *et al.*, 2004)。これらの菌種は形態的特徴のみでの識別はできず、DNA塩基配列比較を組み合わせた上でのみ同定可能となるため、種の記載文に分子情報を組み込んだものとなっている。世界的に見ても菌類の種の記載文に分子情報を合わせた例は少なく、今後の菌類の記載分類学 (α -分類学) 研究の方向性を示唆するものと言える。なお、分子情報を記載 (文) に組み込む試案が Sugiyama ら (1993) によって既に提示されている。

3-6 おわりに

Kirk ら (2001) 以後、分子系統解析の研究技術の発展に伴い、今日の菌類の分類体系は、形態と分子系統解析との相補的な研究により急速な変貌を遂げつつある。まさしく発展進行中の状況とも言える。しかし、未記載種が多いとされる菌類の形態および分子データの蓄積はまだ不十分であり、AFTOL や Deep Hypha の様な国際プロジェクトの成果に期待が持てる。

2005年夏、日本菌学会 (MSJ) とアメリカ菌学会 (MSA) の合同年次大会 (MSA/MSJ Joint Meeting 2005) が米国ハワイ州ハワイ島で開催された (日米菌学会合同大会実行委員会, 2006)。日米両国の菌学者による菌類の分類学、生態学、遺伝学 (ゲノム解析)、応用菌学、系統地理学等と多岐に渡るテーマで研究発表・議論が活発に行われ、歴史的かつ刺激的な合同大会となった。この合同大会を通じて数多くの交流が生まれ、今後の日本の菌類分類学に多大なる影響をもたらしていくものと思われる。

一方、本研究会は2004年に開催された第10回世界微生物株保存会議 (10th International Congress for Culture Collections: ICC-10) において、共催でシンポジウム「Current advances in the species concept problems of microorganisms: Definitions, methodologies and practical applications (微生物の種の問題における最近の進歩: 定義、方法、そして実際)」を開催し、微生物における「種」ならびに「種」の概念の今日の問題を原核微生物から真核微生物の菌類・微細藻類の各分類群の専門家による講演が行なわれた (杉山, 2004; 杉山ら, 2005)。菌類の分野においては、従来の形態的特徴に基づく分類から生じる種分類の不具合の複数遺伝子系統解析手法 (Genealogical Concordance Phylogenetic Species Recognition / GCPSR; Taylor *et al.*, 2000) による解決および隠蔽種 (cryptic species) の検出等について発表が行なわれた (Geiser, 2004)。

最後に、2001年から2005年の5年間の間、本研究会において菌類 (酵母を除く) に関する研究発表は下記の7題しかなく、細菌類に比べ非常に少ないのが現状である。今後、菌類に関する研究成果の発表が活発に行われることを期待する。

- 1) 西田洋己 (2002). アミノアジピン酸還元酵素大サブユニット遺伝子 (*lys2*) について (第22回大会) p. 18-19
- 2) 安光得・西田洋己・横田明 (2002). アミノアジピン酸還元酵素大サブユニット遺伝子 (*lys2*) をつかった系統学および生態学的アプローチ (第22回大会) p. 20
- 3) 安光得・西田洋己・三浦義治・三川隆・横田明 (2003). アミノアジピン酸還元

- 酵素遺伝子 (*lys2*) に基づく菌類の系統進化の解析 (第 23 回大会) p. 36
- 4) 小川裕由・鈴木基文・杉山純多 (2003). Mix によって分離された '*Taphrina*' 属 3 株の分子系統解析に基づく再同定 (第 23 回大会) p. 42
- 5) 喜友名朝彦・安光得・原田幸雄・杉山純多 (2004). *Taphrina farlowii* Sadebeck (古生子囊菌類) のアイデンティティ: 形態および分子系統解析から探る (第 24 回大会) p. 31-32
- 6) 岡田元・出川洋介・黄振文・張和喜・柿 篤真 (2005). 台湾産菌類: 接合菌類 1 (*Cokeromyces recurvatus* & *Modicella malleoa*) . (第 25 回大会) p. 15
- 7) Xiaosong, S., Shah, M.M., Iihara, H., Koyama, T., Hayashi, M., Makiko, Y.-N., Hong, N.P., Ohkusu, K., Kawamura, Y. and Ezaki, T. (2005) . 18S rDNA and 28S rDNA sequencing assay for plant pathogenic fungal species stocked in MAFF Collection. (第 25 回大会) p. 19

謝辞

今回、本文をまとめるにあたり、杉山純多先生 (株式会社テクノスルガ・ラボ 学術顧問) には有益なご助言を賜りました。この場をかりて深く御礼申し上げます。

引用文献

1. Ainsworth, G.C. (1973). Introduction and keys to higher taxa, *In* Ainsworth, G.C., Sparrow, F.K. and Sussman, A.S. (eds.), *The Fungi, An advanced treatise* vol. 4A, p. 1-7, Academic Press, New York, USA.
2. Alexopoulos, C.J., Mims, C.W. and Blackwell, M. (1996). *Introductory Mycology* 4th ed., John Wiley and Sons, New York, USA.
3. An, K.-D., Nishida, H., Miura, Y. and Yokota, A. (2002). Amino adipate reductase gene: a new fungal-specific gene for comparative evolutionary analyses. *BMC Evolutionary Biology* 2: 6.
4. 安光得, 西田洋己, 三浦義治, 三川隆, 横田明 (2003). アミノアジピン酸還元酵素遺伝子 (*lys2*) に基づく菌類の系統進化の解析. 第 23 回日本微生物系統分類研究会年次大会 講演要旨集, p. 36.
5. Aoki, T., O' Donnell, K. and Scandiani, M.M. (2005). Sudden death syndrome of soybean in South America is caused by four species of *Fusarium*: *Fusarium brasiliense* sp. nov., *F. cuneirostrum* sp. nov., *F. tucumaniae*, and *F. virguliforme*. *Mycoscience* 46: 162-183.
6. Asai, I., Sato, H. and Nara, T (2004). *Pseudotulostoma japonicum* comb. nov. (= *Battarrea japonica*), a species of the Eurotiales Ascomycota. *Bull. Natn. Sci. Mus., Tokyo Ser. B* 30: 1-7.
7. Berbee, M.L. and Taylor, J.W. (2001). Fungal molecular evolution: Gene trees and geologic time. *In* McLaughlin, D.J., McLaughlin, E.G. and Lemke, P.A. (vol. eds.), *The Mycota - A comprehensive treatise on fungi as experimental systems for basic and applied research*,

- vol. VII: Systematics and Evolution Part B, p. 229-245, Springer-Verlag, Berlin.
8. Bruns, T.D., Vilgalys, R., Barns, S. M., Gonzalez, D., Hibbett, D. S., Lane, D. J., Simon, L., Stickel, S., Szaro, T. M., Weisburg, W. G., et al. (1992). Evolutionary relationships within the fungi: analyses of nuclear small subunit rRNA sequences. *Mol. Phylogenet. Evol.* **1**: 231-241.
 9. 出川洋介 (2005). *Mortierella* 科の分類学的研究 - 接合菌類の自然史解明に向けて - (日本菌学会奨励賞受賞講演), 日米菌学会合同大会 (ハワイ大会) プログラム・講演要旨集, p.ix.
 10. Degawa, Y. and Gams, W. (2004). A new species of *Mortierella*, and an associated sporangiiferous mycoparasite in a new genus, *Nothadeiphia*. *Studies in Mycology* **50**: 567-572.
 11. Degawa, Y. and Sato, H. (2005). How to clarify the true status of anamorphic Trichomycetees? -an approach based on the observation of its host animal behavior. 日米菌学会合同大会 (ハワイ大会) プログラム・講演要旨集, p. 102-103.
 12. Galagan, J.E., Calvo, S.E., Cuomo, C., Ma, L.-J., Wortman, J.R., Batzoglou, S., Lee, S.-I., Bastürkmen, M., Spevak, C.C., Clutterbuck, J., Kapitonov, V., Jurka, J., Scazzocchio, C., Farman, M., Butler, J., Purcell, S., Harris, S., Braus, G.H., Draht, O., Busch, S., D'Enfert, C., Bouchier, C., Goldman, G.H., Bell-Pedersen, D., Griffiths-Jones, S., Doonan, J.H., Yu, J., Vienken, K., Pain, A., Freitag, M., Selker, E.U., Archer, D.B., Peñalva, M.A., Oakley, B.R., Momany, M., Tanaka, T., Kumagai, T., Asai, K., Machida, M., Nierman, W.C., Denning, D.W., Caddick, M., Hynes, M., Paoletti, M., Fischer, R., Miller, B., Dyer, P., Sachs, M.S., Osmani, S.A. and Birren, B.W. (2005). Sequencing of *Aspergillus nidulans* and comparative analysis with *A. fumigatus* and *A. oryzae*. *Nature* **438**: 1105-1115.
 13. Gargas, A., DePriest, P. T., Grube, M. and Tehler, A. (1995). Multiple origins of lichen symbioses in fungi suggested by SSU rDNA phylogeny. *Science* **268**: 1492-1495.
 14. Geiser, D.M. (2004). Practical fungal species recognition using molecular phylogenetics. *In* Watanabe, M.M., Suzuki, K. and Seki, T. (eds.), *Innovative roles of biological resource centers*, p. 89-92, Japn Society for Culture Collections & World Federation for Culture Collections.
 15. Hawksworth, D.L. (2001). The magnitude of fungal diversity: the 1.5 million species estimate revisited. *Mycological Research* **105**: 1422-1432.
 16. Hawksworth, D.L., Kirk, P.M., Sutton, B.C. and Pegler, D.N. (1995). *Ainsworth and Bisby's Dictionary of the fungi* 8th ed., CAB International, Wallingford, UK.
 17. 本多大輔, 横地俊弘, 中原東郎, Seshagiri, R., 中桐昭, Karsten, S., 東原孝規 (1999). ラビリンチュラ類とスラウストキトリウム類の 18S rRNA 遺伝子による分子系統解析. 第 19 回微生物分類研究会 講演要旨集, p. 35-36.
 18. Honda, D., Yokochi, T., Nakahara, T., Raghukumar, S., Nakagiri, A., Schaumann, K. and Higashihara, T. (1999). Molecular phylogeny of labyrinthulids and thraustochytrids based

- on the sequencing of 18S Ribosomal RNA gene. *J. Eukaryot. Microbiol.* **46**: 637-647.
19. 本多大輔, 横山林香 (2003). ラビリンチュラ類の系統分類. 日本菌学会第 47 回大会講演要旨集, p. 36.
 20. 保坂健太郎, Bates, S., Beever, R., Castellano, M., Colgan, W., Dominguez, L., Geml, J., Giachini, A., Kenny, R., Nouhra, E., Simpsom N. and Trappe, J. (2006). Gomphoid-phalloid fungi の分子系統. 日本菌学会 50 周年記念大会 講演要旨集 p. 57.
 21. 一島栄治 (2006). 国産・麴菌. 糸状菌遺伝子研究会 (主催), 麴菌ゲノムシンポジウム 要旨集 - 国菌としての麴菌、その故きを温ねて新しきを知る, p. 1-14.
 22. Kirk, P.M., Cannon, P.F., David, J.C. and Stalpers, J.A. (2001). Dictionary of the fungi 9th edition. CAB International, Wallingford, UK.
 23. 喜友名朝彦, 安光得, 原田幸雄, 杉山純多 (2004). *Taphrina farlowii* Sadebeck (古生子囊菌類) のアイデンティティ: 形態および分子系統解析から探る. 第 24 回日本微生物系統分類研究会年次大会 講演要旨集 p. 31-32.
 24. Kiyuna, T., An K.-D., Harada, Y. and Sugiyama J. (2005). Identity of *Taphrina farlowii* Sadebeck ('Archiascomycetes') based on a new collection: searching from morphological and molecular characters. 日米菌学会合同大会 (ハワイ大会) プログラム・講演要旨集, p. 142-143.
 25. Kobayashi, T. (2002). The taxonomic studies of the genus *Inocybe*. Nova Hedwigia Beihefte, Beiheft **124**., J.Cramer, Stuttgart.
 26. Kurihara, Y., Degawa, Y. and Tokumasu, S. (2001). A new genus *Myconymphaea* (Kickxellales). with peculiar septal plugs. *Mycol. Res.* **105**: 1397-1402.
 27. Kurihara, Y., Degawa, Y. and Tokumasu, S. (2004). Two novel kickxellalean fungi, *Mycoëmilía scoparia* gen. sp. nov. and *Ramicandelaber brevisporus* sp. nov. *Mycol. Res.* **108**: 1143-1152.
 28. Kurihara Y., Ogawa Y., Degawa Y. and Tokumasu, S. (2005). A proposal for the division of the order Kickxellales based on the comparison with its related orders. 日米菌学会合同大会 (ハワイ大会) プログラム・講演要旨集, p. 146.
 29. Letcher, P. M., Powell, M.J., Chambers, J.G., Longcore, J.E. Churchill, P.F. and Harris, P.M. (2005). Ultrastructural and molecular delineation of the Chytridiaceae (Chytridiales). *Can. J. Bot.* **83**: 1561-1573.
 30. Lutzoni, F., Kauff, F., Cox, C.J., McLaughlin, D., Celio, G., Dentinger, B., Padamsee, M., Hibbett, D., James, T.Y., Baloch, E., Grube, M., Reeb, V., Hofstetter, V., Schoch, C., Arnold, A.E., Miadlikowska, J., Spatafora, J., Johnson, D., Hambleton, S., Crockett, M., Shoemaker, R., Sung, G.-H., Lücking, R., Lumbsch, T., O' Donnell, K., Binder, M., Diederich, P., Ertz, D., Gueidan, C., Hansen, K., Harris, R.C., Hosaka, K., Lim, Y.-W., Matheny, B., Nishida, H., Pfister, D., Rogers, J., Rossman, A., Schmitt, I., Sipman, H., Stone, J., Sugiyama, J., Yahr, R. and Vilgalys, R. (2004). Assembling the fungal tree of life: Progress, classification, and

- evolution of subcellular traits. *Am. J. Bot.* **91**: 1446-1480.
31. Machida, M., Asai, K., Sano, M., Tanaka, T., Kumagai, T., Terai, G., Kusumoto, K., Arima, T., Akita, O., Kashiwagi, Y., Abe, K., Gomi, K., Horiuchi, H., Kitamoto, K., Kobayashi, T., Takeuchi, M., Denning, D.W., Galagan, J.E., Nierman, W.C., Yu, J., Archer, D.B., Bennett, J.W., Bhatnagar, D., Cleveland, T.E., Fedorova, N.D., Gotoh, O., Horikawa, H., Hosoyama, A., Ichinomiya, M., Igarashi, R., Iwashita, K., Juvvadi, P.R., Kato, M., Kato, Y., Kin, T., Kokubun, A., Maeda, H., Maeyama, N., Maruyama, J., Nagasaki, H., Nakajima, T., Oda, K., Okada, K., Paulsen, I., Sakamoto, K., Sawano, T., Takahashi, M., Takase, K., Terabayashi, Y., Wortman, J.R., Yamada, O., Yamagata, Y., Anazawa, H. and Hata, Y., Koide, Y., Komori, T., Koyama, Y., Minetoki, T., Suharnan, S., Tanaka, A., Isono, K., Kuhara, S., Ogasawara, N. and Kikuchi, H. (2005). Genome sequencing and analysis of *Aspergillus oryzae*. *Nature* **438**: 1157-1161.
 32. Masuya, H. and Asai, I. (2004). Phylogenetic position of *Battarrea japonica* (Kawam.). *Otani Bull. Natn. Sci. Mus., Tokyo Ser. B*, **30**: 9-13.
 33. Masuya, H., Kaneko, S. and Yamaoka Y. (2003). Three new *Ohiostoma* species isolated from Japanese red pine. *Mycoscience*, **44**: 301-310.
 34. Masuya, H., Wingfield, M. J., Kubono T. and Ichihara, Y. (2004). *Leptographium pruni*, sp. nov. from bark beetle-infested *Prunus jamasakura* in Japan. *Mycologia*, **96**: 548-557.
 35. McLaughlin, D.J., McLaughlin, E.G. and Lemke, P.A. volume editors. (2001). The Mycota – A comprehensive treatise on fungi as experimental systems for basic and applied research, vol. 7A and 7B Systematics and Evolution. Springer-Verlag, Berlin.
 36. 長濱統一, 杉山純多 (1995). 接合菌類 *Basidiobolus* 属菌種の分子系統. 微生物分類研究会 第15回研究集会 講演要旨集, p. 22-24.
 37. Nagahama, T., Sato, H., Shimazu, M. and Sugiyama, J. (1995). Phylogenetic divergence of the entomophthoralean fungi: Evidence from nuclear 18S ribosomal RNA gene sequences. *Mycologia*, **87**: 203-209.
 38. Nakagiri, A., Ito T., Manoch, L. and Tanticharoen, M. (2001). A new *Halophytophthora* species, *H. porrigovesica*, from subtropical and tropical mangroves. *Mycoscience*, **42**: 33-41.
 39. Nakagiri, A. (2002). *Halophytophthora* species from tropical and subtropical mangroves: A review of their characteristics. In Hyde, K.D. (ed.), *Fungi in Marine Environments*, Fungal Diversity Research Series **7** 1-14.
 40. 中桐昭, 岡根泉, 伊藤忠義 (2003). 海生卵菌 *Halophytophthora vesicular* complex の分類. 日本菌学会第47回大会講演要旨集 p. 37.
 41. Nakagiri, A. and Okane, I. (2005). Phylogeny, taxonomy and ecology of *Halophytophthora spinosa* (marine Oomycetes). 日米菌学会合同大会 (ハワイ大会) プログラム・講演要旨集, p.169.
 42. Nierman, W., Pain, A., Anderson, M.J., Wortman, J.R., Kim, H.S., Arroyo, J., Berriman, M.,

- Abe, K., Archer, D.B., Bermejo, C., Bennett, J., Bowyer, P., Chen, D., Collins, M., Coulsen, R., Davis, R., Dyer, P.S., Farman, M., Fedorova, N., Fedorova, N., Feldblyum, T.V., Fischer, R., Fosker, N., Fraser, A., García, J.L., García, M.J., Goble, A., Goldman, G.H., Gomi, K., Griffith-Jones, S., Gwilliam, R., Haas, B., Haas, H., Harris, D., Horiuchi, H., Huang, J., Humphray, S., Jiménez, J., Keller, N., Khouri, H., Kitamoto, K., Kobayashi, T., Konzack, S., Kulkarni, R., Kumagai, T., Lafton, A., Latgé, J.-P., Li, W., Lord, A., Lu, C., Majoros, W.H., May, G.S., Miller, B.L., Mohamoud, Y., Molina, M., Monod, M., Mouyna, I., Mulligan, S., Murphy, L., O' Nell, S., Paulsen, I., Peñalva, M.A., Pertea, M., Price, C., Pritchard, B.L., Quail, M.A., Rabinowitsch, E., Rawlins, N., Rajandream, M.-A., Reichard, U., Renauld, H., Robson, G.D., de Córdoba, S.R., Rodríguez-Peña, J.M., Ronning, C.M., Rutter, S., Salzberg, S.L., Sanchez, M., Sánchez-Ferrero, J.C., Saunders, D., Seeger, K., Squares, R., Squares, S., Takeuchi, M., Tekaiia, F., Turner, G., de Aldana, C.R.V., Weidman, J., White, O., Woodward, J., Yu, J.-H., Fraser, C., Galagan, J.E., Asai, K., Machida, M., Hall, N., Barrell, B. and Denning, D.W. (2005). Genome sequence of pathogenic and allergenic filamentous fungus *Aspergillus fumigatus*. *Nature*, **438**: 1151-1155.
43. 日米菌学会合同大会実行委員会 . (2006). 2005 年日米菌学会合同大会 (ハワイ大会) 報告 . 日本菌学会ニュースレター 2006-1 (2 月) :1-24.
44. 西田洋己 (2002). アミノアジピン酸還元酵素大サブユニット遺伝子 (*lys2*) について . 第 22 回微生物分類研究会 講演要旨集 , p.18-19.
45. 西田洋己 (2005). 遺伝情報からみた多様性と系統進化 . 杉山純多 (編), 菌類・細菌・ウイルスの多様性と系統 , p. 121-133, 裳華房, 東京 .
46. Nishida, H. and Sugiyama, J. (1994). Archiascomycetes: Detection of a major new lineage within the Ascomycota. *Mycoscience*, **35**: 361-366.
47. Oda, T., Tanaka, C. and Tsuda, M. (2004). Molecular phylogeny and biogeography of the widely distributed *Amanita* species, *A. muscaria* and *A. pantherina*. *Mycol. Res.*, **108**: 885-896.
48. O'Donnell, K., Nirenberg, H., Aoki, T. and Cigelnik, E. (2000). A multigene phylogeny of the *Gibberella fujikuroi* species complex: Detection of additional phylogenetically distinct species. *Mycoscience*, **41**: 61-78.
49. O' Donnell, K., Ward, T.J., Geiser, D.M., Corby Kistler, H. and Aoki, T. (2004). Genealogical concordance between the mating type locus and seven other nuclear genes supports formal recognition of nine phylogenetically distinct species within the *Fusarium graminearum* clade. *Fungal Gen. Biol.*, **41**: 600-623.
50. 小川裕由, 鈴木基文, 杉山純多 (2003). Mix によって分離された 'Taphrina' 属 3 株の分子系統解析に基づく再同定 . 第 23 回日本微生物系統分類研究会年次大会 講演要旨集 , p. 42.
51. 小川吉夫, 栗原祐子, 須田篤博, 草間 (江口) 國子, 渡辺和子, 徳増征二 (2005). 18S rDNA 塩基配列解析に基づく *Ramicandelaber* 属の分類学的位置の検討 . 日本菌学会会報 **46**: 13-17.

52. 岡田元, 出川洋介, 黄振文, 張和喜, 柿寫眞 (2005). 台湾産菌類: 接合菌類 1 (*Cokeromyces recurvatus* and *Modicella malleoa*). 第 25 回日本微生物系統分類研究会年次大会 (創立 25 周年記念大会) 講演要旨集, p. 15.
53. Shimono, Y., Kato, M. and Takamatsu, S. (2004). Molecular phylogeny of Russulaceae (Basidiomycetes; Russulales). inferred from the nucleotide sequences of nuclear large subunit rDNA. *Mycoscience*, **45**: 303-316.
54. Sjamsuridzal, W., Tajiri, Y., Nishida, H., Thuan T.B., Kawasaki, H., Hirata, A., Yokota, A. and Sugiyama, J. (1997). Evolutionary relationships of members of the genera *Taphrina*, *Protomyces*, *Schizosaccharomyces*, and related taxa within the archiascomycetes: integrated analysis of genotypic and phenotypic characters. *Mycoscience*, **38**: 267-280.
55. Sugiyama, J. (1998). Relatedness, phylogeny, and evolution of the fungi. *Mycoscience*, **39**: 487-511.
56. 杉山純多 (2004). 「微生物の種の概念の問題における最近の進歩: 定義、方法、そして実際」シンポジウム所感 日本微生物資源学会誌 **20**: 76-77.
57. 杉山純多 (2004). 菌類の系統分類と同定, 全国清涼飲料工業会 (編集), ソフトドリンク技術資料/別冊 清涼飲料水の微生物管理, p.161-210, 全国清涼飲料工業会, 東京.
58. 杉山純多 編集 (2005). 菌類・細菌・ウイルスの多様性と系統. 裳華房, 東京.
59. Sugiyama, J. and Ogawa, H. (2003). Plectomycetes: Biotechnological importance and systematics. In Arora, D.K. (ed.), Handbook of Fungal Biotechnology, p. 429-440, Marcel Dekker, Inc., New York, USA.
60. Sugiyama, J., Nishida, H. and Suh, S.-O. (1993). The paradigm of fungal diagnoses and descriptions in the era of molecular systematics: *Saitoella complicata* as an example. In Reynolds, D.R. and Taylor, J.W. (eds.), The Fungal Holomorph: Mitotic, meiotic and pleomorphic speciation in fungal systematics, p. 261-269, CAB International, Wallingford, UK.
61. 杉山純多・岡田元・田中千尋・佐藤大樹 (編集) (2005). 日米菌学会合同大会 (ハワイ大会) プログラム・講演要旨集, 日本菌学会, 奈良.
62. 田辺雄彦 (2005). 微孢子虫類 (Microsporidia) は果たして“真の”菌類か? (コラム 2), 杉山純多 (編), 菌類・細菌・ウイルスの多様性と系統, p. 56, 裳華房, 東京.
63. Tanabe, Y., Watanabe, M.M. and Sugiyama, J. (2002). Are Microsporidia really related to Fungi?: a reappraisal based on additional gene sequences from basal fungi. *Mycol. Res.* **106**: 1380-1391.
64. Tanabe, Y., Saikawa, M., Watanabe, M.M. and Sugiyama, J. (2004). Molecular phylogeny of Zygomycota based on EF-1 α and RPB1 sequences: limitations and utility of alternative markers to rDNA. *Mol. Phylogenet. Evol.*, **30**: 438-449.
65. Tanabe, Y., Watanabe, M.M. and Sugiyama, J. (2005). Evolutionary relationships among basal fungi (Chytridiomycota and Zygomycota): insights from molecular phylogenetics. *J.*

Gen. Appl. Microbiol., 51: 267-276.

66. 田中一新 (2003). 日本産担子菌類からの有用生理活性物質の探索研究, 及び微小担子菌類に関する分類学的研究. 日本菌学会会報 44: 59-65.
67. Tanaka, K. and Harada, Y. (2003). Pleosporales in Japan (1): the genus *Lophiostoma*. *Mycoscience*, 44: 85-96.
68. Tanaka, K. and Harada, Y. (2004). Bambusicolous fungi in Japan (1): four *Phaeosphaeria* species *Mycoscience*, 45: 377-382.
69. 田中和明 (2006). 日本産プレオスポラ目菌の分類学的研究 (日本菌学会奨励賞受賞講演). 日本菌学会 50 周年記念大会 講演要旨集, p. 32.
70. Taylor, J.W., Jacobson, D.J., Kroken, S., Kasuga, T., Geiser, D.M., Hibbett, D.S. and Fisher, M.C. (2000) Phylogenetic species recognition and species concepts in fungi. *Fungal Genet. Biol.*, 31: 21-32.
71. Taylor, J.W., Spatafora, J., O' Donnell, K., Lutzoni, F., James, T., Hibbett, D.S., Geiser, D., Bruns, T.D., Blackwell, M. (2004). The fungi. In Cracraft, J. and Donoghue, M.J. (eds.), *Assembling the tree of life*, p. 171-194, Oxford University Press, Oxford, UK.
72. 津田盛也・田中千尋 (2005). 菌蕈類テングタケ属の形態進化と分子進化 (コラム 10), 杉山純多 (編), 菌類・細菌・ウイルスの多様性と系統, p. 293-294, 裳華房, 東京.

(平成 18 年 8 月 30 日受領)

追記

本稿入稿後、菌類の国際プロジェクト AFTOL および Deep Hypha の成果が続々と発表された。James ら (2006) に始まり、米国菌学会 (MSA) の学会誌 *Mycologia* の 98 巻 6 号 (2006 年 11/12 月号; 2007 年出版) 1 冊全体が菌類の国際研究プロジェクト「Deep Hypha」特集号 (A phylogeny for kingdom Fungi; Deep Hypha issue) として出版され (詳細は本研究会ニュースレター vol. 2 (No.1) 掲載の書棚: 安・喜友名 (2007) を参照願いたい)、更に、AFTOL の成果が Hibbett ら (2007) によって発表された。今後も継続されるこれらの国際プロジェクトの成果は今後の菌類の分類体系の基盤となりうるものであり、その動向には興味を持たれる。

引用文献 (追記)

1. 安光得・喜友名朝彦 (2007). 書棚 A phylogeny for kingdom Fungi - *Deep Hypha* issue. 日本微生物系統分類研究会ニュースレター, 2: 5-6.
2. James, T. Y., Kauff, F., Schoch, C. L., Matheny, P. B., Hofstetter, V., Cox, C. J., Celio, G., Gueidan, C., Fraker, E., Miadlikowska, J., Lumbsch, H. T., Rauhut, A., Reeb, V., Arnold, A. E., Amtoft, A., Stajich, J. E., Hosaka, K., Sung, G. H., Johnson, D., O'Rourke, B., Crockett, M., Binder, M., Curtis, J. M., Slot, J. C., Wang, Z., Wilson, A. W., Schüssler, A., Longcore, J. E., O'Donnell, K., Mozley-Standridge, S., Porter, D., Letcher, P. M., Powell, M. J., Taylor, J. W., White, M. M., Griffith, G. W., Davies, D. R., Humber, R. A., Morton, J. B., Sugiyama,

- J., Rossman, A. Y., Rogers, J. D., Pfister, D. H., Hewitt, D., Hansen, K., Hambleton, S., Shoemaker, R. A., Kohlmeyer, J., Volkmann-Kohlmeyer, B., Spotts, R. A., Serdani, M., Crous, P. W., Hughes, K. W., Matsuura, K., Langer, E., Langer, G., Untereiner, W. A., Lücking, R., Büdel, B., Geiser, D. M., Aptroot, A., Diederich, P., Schmitt, I., Schultz, M., Yahr, R., Hibbett, D. S., Lutzoni, F., McLaughlin, D. J., Spatafora, J. W., Vilgalys, R. (2006). Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny. *Nature*, **443**: 758-761.
3. Hibbett, D. S., Binder, M., Bischoff, J. F., Blackwell, M., Cannon, P. F., Eriksson, O. E., Huhndorf, S., James, T., Kirk, P. M., Lücking, R., Thorsten Lumbsch, H., Lutzoni, F., Matheny, P. B., McLaughlin, D. J., Powell, M. J., Redhead, S., Schoch, C. L., Spatafora, J. W., Stalpers, J. A., Vilgalys, R., Aime, M. C., Aptroot, A., Bauer, R., Begerow, D., Benny, G. L., Castlebury, L. A., Crous, P. W., Dai, Y. C., Gams, W., Geiser, D. M., Griffith, G. W., Gueidan, C., Hawksworth, D. L., Hestmark, G., Hosaka, K., Humber, R. A., Hyde, K. D., Ironside, J. E., Koljalg, U., Kurtzman, C. P., Larsson, K. H., Lichtwardt, R., Longcore, J., Miadlikowska, J., Miller, A., Moncalvo, J. M., Mozley-Standridge, S., Oberwinkler, F., Parmasto, E., Reeb, V., Rogers, J. D., Roux, C., Ryvarden, L., Sampaio, J. P., Schussler, A., Sugiyama, J., Thorn, R. G., Tibell, L., Untereiner, W. A., Walker, C., Wang, Z., Weir, A., Weiss, M., White, M. M., Winka, K., Yao, Y. J., Zhang, N. (2007). A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. *Mycological Research*, **111**: 509-547.
4. Spatafora, J. W., Hughes, K. W. and Blackwell, M. eds. (2007['2006']). A phylogeny for kingdom Fungi - *Deep Hypha* issue. *Mycologia* **98**: 829-1106 (24 論文が収載されている).

(追記、平成 19 年 10 月 26 日受領)

4. 酵母

4.1 子囊菌酵母

鈴木基文

2000年から現在まで子囊菌酵母の分類体系が分子系統解析に基づいて急速に再構築されてきている。本研究会の25周年記念にあたり、このような状況を踏まえて、子囊菌酵母の系統分類の現状について述べる。

先ず、高次分類に関しては、特に属および科レベルの系統分類の現状について述べる。1998年に出版された酵母分類学の標準書である *The Yeasts, A Taxonomic Study* 第4版 (Kurtzman & Fell, 1998) では、それまでのリボソーム RNA (rRNA) およびリボソーム RNA 遺伝子 (rDNA) の塩基配列を用いた分子系統解析に基づいて、ほとんどの子囊菌系酵母は半子囊菌類 (*Hemiascomycetes*) に位置づけられたが、*Schizosaccharomyces* 属、*Protomyces* 属、*Taphrina* 属および *Saitoella* 属は古生子囊菌類 ("*Archiascomycetes*") (Nishida & Sugiyama, 1994) に、*Endomyces scopularum* と *Oosporidium* 属は真正子囊菌綱 (*Euascomycetes*) に位置づけられた (Kurtzman & Fell, 1998; Kurtzman & Sugiyama, 2001)。しかし、第4版における属および科は、種間の系統関係が十分に解明されていなかったため、系統を反映した分類体系ではなかった。そこで、第4版の出版直後から属および科レベルの分子系統学的研究が重点的に進められてきている。当初は26S rDNA の D1/D2 領域または18S rDNA を用いた単一遺伝子系統解析によって研究されたが、単一遺伝子系統解析では各系統群 (クレード (clade)) の信頼度が低いことが多い

ので、多遺伝子系統解析が行われるようになった。多遺伝子の例としては、26S rDNA の D1/D2 領域、18S rDNA、5.8S rDNA を含む internal transcribed spacers (ITS1 and ITS2)、translation elongation factor 1 α (EF-1 α) 遺伝子、cytochrome oxidase II (COX II) 遺伝子、RNA polymerase II 遺伝子 (RPB1 および RPB2)、ミトコンドリアの小サブユニット rDNA などが用いられている (Kurtzman, 2003; Suh et al., 2006)。このような多遺伝子を用いた分子系統解析に基づいた属および科レベルの体系の全貌はまだ明らかにされていないが、多遺伝子解析に基づいた属の再分類の最初の例を紹介する。すなわち、Kurtzman (2003) は、サッカロミセス科の *Saccharomyces* 属、*Kluyveromyces* 属、*Torulaspota* 属および *Zygosaccharomyces* 属の各種が信頼度の高い11系統群に分かれ、多くの系統群には複数の属の種が混在していることを明らかにした。そして、Kurtzman (2003) は、それぞれの系統群を系統的に限界が定められた属 (phylogenetically circumscribed genus) とし、上記4属を *Saccharomyces* 属 (*S. cerevisiae* などの狭義の *Saccharomyces* に限定)、*Kluyveromyces* 属 (*K. marxianus* を基準種とする保存名)、*Torulaspota* 属、*Zygosaccharomyces* 属 (*Z. rouxii* を新基準種に選定)、*Kazachstania* 属、*Tetrapisispora* 属 (*Kluyveromyces blattae* を含め、属概念を修正)、および5つの新属 (*Naumovia* 属、*Nakaseomyces* 属、

Vanderwaltozyma 属、*Zygorulasporea* 属、および *Lachancea* 属) に再編した。

また、*Pichia* 属および関連酵母属の再分類についても、Kurtzman が中心になって行われているが、本研究会で活躍した山田および共同研究者が 18S および 26S rRNA の部分塩基配列に基づいた分子系統学的解析によって提唱した *Pichia* 属関連の新属 (Yamada, 1994)、例えば、*Ogataea* 属、*Kodamaea* 属、*Komagataea* 属、*Komagataella* 属および *Kuraishia* 属はそれぞれ認められつつある (Kurtzman, 2005; Péter *et al.*, 2005; Suh *et al.*, 2006)。

Saccharomyces cerevisiae (1996 年にゲノム解読終了) およ *Schizosaccharomyces pombe* (2002 年にゲノム解読終了) の他に十数種の子囊菌酵母のゲノム解読も進んでいる。各種のゲノムシーケンスを比較することができるようになったことから、今後、ゲノムシーケンスに基づく系統解析が系統分類学に与えるインパクトは大きいものになることが予想される。その中で、多遺伝子解析において、どのくらいの数の遺伝子の配列を用いると妥当な系統解析ができるのかという疑問に対する一つの解答を Rokas *et al.* (2003) が示したことは注目できる。彼らは、*Saccharomyces cerevisiae*、*S. paradoxus*、*S. mikatae*、*S. kudriavzevii*、*S. bayanus*、*S. castellii*、*S. kluyveri* および *Candida albicans* (外群として) の 106 個の遺伝子の塩基配列に基づいて系統解析を行った結果、すべての系統枝が高い信頼度 (ブートストラップ値 100%) で支持される唯一の系統樹を得ることができ、また、この系統樹と同様な系統樹を得るには少なくとも 20 個の遺伝子の塩基配列が必要であることを示したのである。

次に種分類の現状について述べる。分類においては、種分類群 (species taxon) の限界 (the delimitation of species taxon) をどのように決めるかが重要な問題の一つである。酵母の種を区別する方法としては、形態および生理学的性状の相違に基づいて種 (形態種や生理種) を区別する伝統的な方法から、交配性または DNA 相同性に基づいて種を区別する遺伝的な方法に変わって久しいが、さらに 26S rDNA の D1/D2 領域の塩基配列が種特異的であることから、この D1/D2 領域の塩基配列に基づいて種を区別することが一般的になってきている。子囊菌酵母の全種のその領域の塩基配列が DNA データバンクにデータベースとして完備されているので、簡単に検索できる仕組み (例えば、BLAST search) が整っていること、また、その塩基配列を用いて株間の類似度や種間の系統関係を類推するための系統樹を容易に作成できるソフトが開発されていることが利点となっている。この方法を用いると精度の高い種同定が可能となったことから、種の多様性に関する研究が進んでいる。特にアジア地域の酵母種の多様性に関する研究が進展し、新種の発表が加速されている。2001 年から 2005 年までの 5 年間でタイ、カンボジアおよびミャンマーから分離され、記載された子囊菌酵母の新種の例 (本研究会の会員が関わったものに限定した) を挙げてみると以下のとおりである (Jindamorakot *et al.*, 2004; Limtong *et al.*, 2004; Limtong *et al.*, 2005; Nagatsuka *et al.*, 2002; Nagatsuka *et al.*, 2005a; 2005b; Nakase *et al.*, 2005; Sumpradit *et al.*, 2005)。

(1) *Candida easanensis* Jindamorakot, Thuy & Nakase 2004

(2) *Candida khmerensis* Nagatsuka,

Kawasaki, Mikata & Seki 2005

(3) *Candida krabiensis* Limtong, Srisuk, Yongmanitchai, Kawasaki, Yurimoto, Nakase & Kato 2004

(4) *Candida nakhonratchasimensis* Jindamorakot & Nakase 2004

(5) *Candida pattaniensis* Jindamorakot, Duy & Nakase 2004

(6) *Candida sithepensis* Limtong, Srisuk, Yongmanitchai, Kawasaki, Yurimoto, Nakase & Kato 2004

(7) *Citeromyces siamensis* Nagatsuka, Kawasaki, Limtong, Mikata & Seki 2002

(8) *Pichia myanmarensis* Nagatsuka, Kawasaki & Seki 2005

(9) *Pichia nongkratonensis* Nakase & Jindamorakot 2005

(10) *Pichia siamensis* Limtong, Srisuk, Yongmanitchai, Kawasaki, Yurimoto, Nakase & Kato 2004

(11) *Pichia thermomethanolica* Limtong, Srisuk, Yongmanitchai, Yurimoto, Nakase & Kato 2005

(12) *Tetrapisispora namnaonensis* Sumpradit, Limtong, Yongmanitchai, Kawasaki & Seki 2005

最後に、化学分類学的形質と系統との相関性に関する話題を提供したい。酵母の細胞表層構造（莢膜（あるいは粘液層）および細胞壁）の主構成成分である多糖類（以下、糖鎖とする）は、酵母の分類における化学分類学的形質として重要な生体高分子の一つである。酵母のリボソーム RNA およびその遺伝子の塩基配列に基づく分子系統学的研究の発展にともなって、菌体および細胞壁の糖組成が系統を反映した形質であることが再認識されている。しかし、その基礎となる細

胞表層糖鎖構造については十分に解析されていないため、酵母の細胞表層糖鎖構造と系統との関連性は未解決のままである。そこで、ユビキノン Q7 をもつ *Candida* 属酵母および関連酵母は 18S rDNA 全塩基配列に基づいて大きく 3 つの系統に分かれたので (Suzuki & Nakase, 1998; 2002)、著者は、Q7 をもつ *Candida* 属酵母および関連する子囊菌酵母に焦点をあて、これらの糖鎖構造と系統との関連性について本研究会で報告した。第一系統の *Pichia anomala*-*Williopsis-Pichia holstii* 群 (*Candida* 属 18 種含む) において、*P. anomala*-*Williopsis* 系統群の酵母は抗原 11 をもたなかったが、その多くの種の WGA 反応性は陽性であり、細胞表層に *N*-アセチル-D-グルコサミンが存在することが示され、*P. holstii* 系統群の酵母は抗原 11 をもたず、系統群特異的に抗原 13 および抗原 13b をもち、それらの WGA 反応性は陰性であった。第二系統 *Pichia methanolica*-*Candida boidinii* 群 (*Candida* 属 18 種含む) の酵母は一種を除いて抗原 11 をもち、WGA 反応性は陰性であった。第三系統 *Pichia membranifaciens*-*Candida krusei*-*Saturnispora* 群 (*Candida* 属 14 種含む) の酵母はすべて抗原 11 をもち、それらの WGA 反応性は陰性であった。以上のことから、第一系統の酵母の細胞表層糖鎖構造は他の二系統とは明確に異なる化学構造をもつと考えられ、互いに姉妹関係にある第二および第三系統の酵母は抗原 11 に対応する化学構造を共有するものと考えられる。

以上、子囊菌酵母における高次分類での属レベルの系統分類の動向、種分類の動向および酵母細胞表層糖鎖構造と系統との関連性についてまとめてみた。1988 年にイタリアのペルージャで行われた第 7 回国際酵母シンポジウムに参加した時、リボソーム RNA の部

分塩基配列に基づく酵母の系統関係に関する初めての発表が2題、Dr. Kurtzman と共同研究者によって行われた。それから20年も経たずに酵母分類学は表現形質に基づく伝統

的な分類学から分子系統分類学へ変貌してきている。—より自然な分類体系の確立をめざして—

引用文献

1. Jindamorakot, J., Am-in, S., Thuy, T.T., Duy, N.D., Kawasaki, H., Potacharoen, W., Limtong, S., Tanticharoen, M. & Nakase, T. (2004). *Candida easanensis* sp. nov., *Candida pattaniensis* sp. nov., and *Candida nakhonratchasimensis* sp. nov., three new species of yeasts isolated from insect frass in Thailand. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **50**, 261-269.
2. Kurtzman, C.P. & Fell, J.W. (1998). *The Yeasts, A Taxonomic Study*, 4th ed., Elsevier, Amsterdam, pp. 1-1055.
3. Kurtzman, C.P. & Robnett, C.J. (1998). Identification and phylogeny of ascomycetous yeasts from analysis of nuclear large subunit (26S) ribosomal DNA partial sequences. *Antonie van Leeuwenhoek*, **73**, 331-371.
4. Kurtzman, C.P. & Sugiyama, J. (2001). Ascomycetous yeasts and yeastlike taxa. In Esser, K. & Lemke, P.A. (eds.) *The Mycota, VII Systematics and Evolution Part A*. p. 179-200, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg.
5. Kurtzman, C.P. (2003). Phylogenetic circumscription of *Saccharomyces*, *Kluyveromyces* and other members of the Saccharomycetaceae, and the proposal of the new genera *Lachancea*, *Nakaseomyces*, *Naumovia*, *Vanderwaltozyma* and *Zygorulasporea*. *FEMS Yeast Res.*, **4**, 233-245.
6. Kurtzman, C.P. (2005). Description of *Komagataella phaffii* sp. nov. and the transfer of *Pichia pseudopastoris* to the methylotrophic yeast genus *Komagataella*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **55**, 973-976.
7. Limtong, S., Srisuk, N., Yongmanitchai, W., Kawasaki, H., Yurimoto H., Nakase, T. & Kato, N. (2004). Three new thermotolerant methylotrophic yeasts, *Candida krabiensis* sp. nov., *Candida sithepensis* sp. nov., and *Pichia siamensis* sp. nov., isolated in Thailand. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **50**, 119-127.
8. Limtong, S., Srisuk, N., Yongmanitchai, W., Yurimoto, H., Nakase, T. & Kato, N. (2005). *Pichia thermomethanolica* sp. nov., a novel thermotolerant, methylotrophic yeast isolated in Thailand. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **55**, 2225-2229.
9. Nagatsuka, Y., Kawasaki, H., Limtong, S., Mikata, K. & Seki, T. (2002). *Citeromyces siamensis* sp. nov., a novel halotolerant yeast isolated in Thailand. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **52**, 2315-2319.
10. Nagatsuka, Y., Kawasaki, H. & Seki, T. (2005a). *Pichia myanmarensis* sp. nov., a novel

cation-tolerant yeast isolated from palm sugar in Myanmar. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **55**, 1379-1382.

11. Nagatsuka, Y., Kawasaki, H., Mikata, K. & Seki, T. (2005b). *Candida khmerensis* sp. nov., a novel cation-tolerant yeast isolated from dry salted shrimp and sewage in Cambodia. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **51**, 235-243.
12. Nakase, T., Jindamorakot, S., Am-in, S., Kawasaki, H., Potacharoen, W. & Tanticharoen, M. (2005). *Pichia nongkratonensis* sp. nov., a new species of ascomycetous yeast isolated from insect frass collected in Thailand. *Mycoscience*, **45**, 192-195.
13. Nishida, H. & Sugiyama, J. (1994). *Archiascomycetes*: detection of a major new lineage within the Ascomycota. *Mycoscience*, **35**, 361-366.
14. Péter, G., Dlačny, D., Tornai-Lehoczki & Kurtzman, C.P. (2005). *Kuraishia molischiana* sp. nov., the teleomorphs of *Candida molischiana*. *Antonie van Leeuwenhoek*, **88**, 241-247.
15. Rokas, A., Williams, B.L., King, N. & Carrol, S.B. (2003). Genome-scale approaches to resolving incongruence in molecular phylogenies. *Nature*, **425**, 798-804.
16. Suh, S.-O., Blackwell, M., Kurtzman, C.P. & Lachance, M.-A. (2006). Phylogenetics of Saccharomycetales, the ascomycete yeasts. *Mycologia*, **98**, 1006-1017.
17. Sumpradit, T., Limtong, S., Yongmanitchai, W., Kawasaki, H. & Seki, T. (2005). *Tetrapisispora namnaonensis* sp. nov., a novel ascomycetous yeast species isolated from forest soil of Nam Nao National Park, Thailand. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **55**, 1735-1738.
18. Suzuki, M. & Nakase, T. (1998). Cellular neutral sugar compositions and ubiquinone systems of the genus *Candida*. *Microbiol. Cult. Coll.*, **14**, 49-62.
19. Suzuki, M. & Nakase, T. (2002). A phylogenetic study of ubiquinone-7 species of the genus *Candida* based on 18S ribosomal DNA sequence divergence. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **48**, 55-65.
20. Yamada, Y. (1994). The 18S and 26S rRNA partial base sequencings of yeasts and yeast-like fungi from the phylogenetic and taxonomic point of view. *Nippon Kingakukai Kaiho*, **35**, 239-252 (in Japanese).

(平成 19 年 10 月 20 日受領)

4.2 担子菌酵母

高島昌子

分子生物学と系統解析方法の発達により、この5年間に酵母の分類・同定に関わる手法は大きく変わった。担子菌酵母においてもそれは同様であった。特に、リボゾーム遺伝子のうち、D1/D2領域とよばれる26S rRNA遺伝子の5'末端付近約600塩基、およびInternal Transcribed Spacer (ITS)領域と呼ばれる小サブユニットと大サブユニットの間の領域(5.8S rRNA遺伝子を含む、菌群によって塩基長は異なるがITS1とITS2を併せて約350 - 800塩基)の塩基配列データを用いて、基準株のこれらと比較することにより、簡易な同定が行われるようになった。

新分類群

上記塩基配列の類似度と交配実験やDNA相同値との比較から、D1/D2領域では比較する株間で約600塩基中2-3塩基の差がある場合、同種もしくは姉妹種(Kurtzman & Robnett, 1998)と、またITS領域ではITS1とITS2の両方を併せた配列の類似度が99%以上ならば同種(Sugita, 1999)という指標が与えられた。一部例外はあるものの、ほとんどの場合これらの数字が適用されるようである。D1/D2領域で2-3塩基の差という数字は微妙で単純な判断が難しいことから、現在では、D1/D2領域およびITS領域の塩基差の両方を比較、指標とする、という流れのなかにある。担子菌系酵母においてもこれに基づき5年間に多くの新種が提唱された。属以上の分類群においては、従来の形態学的性質を重視する傾向に変わりはないが、それに加え

て系統的解析は欠かせないものとなり、これに基づきいくつかの属が提唱された(表-1)。また、従来は属の指標とされていたものの、本研究会のデータ等多くの研究に基づき系統関係を反映していないことが明らかとなった射出胞子形成能に関しては、形態より系統関係を重視する立場で、Sampaioら(1999)により*Kurtzmanomyces*属の、また高島ら(2001)により*Dioszegia*属の属の定義の変更が行われた。しかし、他の属に関してはまだ系統的な整理は行われておらず、同じ属名(たとえば*Rhodotorula*属)が複数の高次分類群(目や綱)にわたって使用されているのが現実である。

表現形質

発見・記載された種の中で、特に系統的に非常に近縁な場合、シーケンスでは区別できるがそれらを識別する表現形を探すのが難しい、というケースが多く見られる。この解決のため各種の試みが行われており、その一つとして資化性試験の化合物の数を増やすというアプローチも行われている。表-2は我々が再分類をおこなった*Cryptococcus humicola*および*C. albidus*について、本研究会のメンバーを中心に報告されていたアイソザイムのデータを併せたものである。当時、種内が多様と思われていた種はアイソザイムデータも多様であったが、再分類の結果、それらはすべて別の種であることが示された。アイソザイムデータは種の識別指標として極めて有用なデータであると推定される。現在

表 1. The Yeasts, A Taxonomic Study 第 4 版以降に提唱された担子菌系酵母

亜門	綱	目	属	Teleomorph/Anamorph
			Agaricomycotina	
			Tremellomycetes	
			Tremellales	
			<i>Auriculibuller</i> Sampaio	T
			<i>Bulleribasidium</i> Sampaio, Weiss & Bauer	T
			<i>Cuniculitrema</i> Sampaio & Kirschner	T
			Cystofilobasidiales	
			<i>Guehomyces</i> Fell & Scortzetti	A
			<i>Tausonia</i> Bab'eva	A
			Pucciniomycotina	
			Microbotryomycetes	
			Microbotryales	
			<i>Curvibasidium</i> Sampaio & Golubev	T
			Leucosporidiales	
			<i>Mastigobasidium</i> Golubev	T
			<i>Leucosporidiella</i> Sampaio	A
			Cystobasidiomycetes	
			Erithrobasidiales	
			<i>Bannoa</i> Hamamoto	T

では従来型のアイソザイムの実験はあまりおこなわれていないが、形を変え、Multilocus Sequence Typing (MLST) という手法でタイピングや疫学調査に取り入られている。ゲノムデータの乏しい担子菌系酵母においては、このような取り組みも先になると思われるが、種内、種間、さらには高次分類群の多様性を反映する遺伝子も得られるのでは、と期待できる。

分類体系の再構築

Rokas ら (2003) は、*Saccharomyces* 属 6 種および *Candida albicans* のゲノムデータから 106 のオーソログ遺伝子を選びこれらを用いて系統解析を行ったところ、約 20 近くの

複数の遺伝子を用いて系統樹を作成すると、106 の遺伝子を用いた場合と同様の結果が得られると報告した。Kurtzman (2003) は同様に複数の遺伝子を用いて *Saccharomyces* 属および近縁酵母の系統樹を作成し、属レベルの再分類を行った。担子菌系酵母に関してはこのような多遺伝子解析はまだ発表されていないが、高次分類群の再構築に関しては、サビキン綱に位置する酵母を含めた菌類に対して、菌糸隔壁孔の形態等主に微細構造データと小サブユニットと大サブユニットリボゾーム遺伝子の解析に基づき、再分類が発表された (Bauer et al. 2006)。今後、他の綱についても同様なことが行われるであろうし、是非、日本からそれを発信したいと思っている。

表2. *Cryptococcus albidus* complex および *C. laurentii* complex のアインザイムデータの比較

現在の学名	当時の学名	Source	FA	6PGDH	Fumarase	MDH	G6PDH	HK	P _{Gm}	GDH
<i>C. albidus</i>	<i>C. albidus</i> var. <i>albidus</i>	IFO 0378 = CBS 142 = JCM 2334	0.53	0.38	0.32	0.29	0.32	0.42	0.52	0.14
<i>C. albidus</i>	<i>C. albidus</i> var. <i>albidus</i>	IFO 1320	0.53	0.38	0.32	0.29	0.32	0.42	0.54	0.14
<i>C. albidus</i>	<i>C. albidus</i> var. <i>diffluens</i>	IFO 0940 = CBS 987	0.53	0.38	0.26	0.29	0.35	0.41	0.54	0.14
<i>C. albidus</i> var. <i>kuetzingii</i>	<i>C. kuetsingii</i>	CBS 17-11-1 = CBS 1926 = JCM 903	0.53	0.38	0.33	0.3	0.35	0.43	0.52	0.15
<i>C. albidus</i> var. <i>ovalis</i>	<i>C. kuetsingii</i>	CBS 4234	0.53	0.38	0.33	0.3	0.35	0.46	0.52	0.15
	<i>C. albidus</i> var. <i>albidus</i>	IFO 1419 = CSB 5810	0.51	0.38	0.28	0.20, 0.29	0.34	0.43	0.52	0.19
<i>C. aerius</i>	<i>C. albidus</i> var. <i>aerius</i>	IAM 4317 = CBS 155 = JCM 10481	0.46	0.34	0.25	0.19	0.21	0.36	0.43	0.17
	<i>C. albidus</i> var. <i>aerius</i>	CCY 26-48-1 = CBS 4792	0.46	0.32	0.25	0.27	0.21	0.36	0.43	0.17
<i>C. diffluens</i>	<i>C. albidus</i> var. <i>diffluens</i>	IAM 12205 = CBS 160 = JCM 3688	0.57	-	0.26, 0.29	0.20, 0.29	0.33	0.4	0.5	0.13
<i>C. diffluens</i> var. <i>uruguayensis</i>	<i>C. diffluens</i> var. <i>uruguayensis</i>	CBS 6436	0.57	0.32	0.31	0.20, 0.26	0.30, 0.35	0.43	0.49	0.13
<i>C. dimennae</i>	<i>C. dimennae</i>	CCY 17-10-1 = CBS 5770 = JCM 897	0.35	-	0.29	0.3	0.32	0.36	0.55	-
<i>C. saitoi</i>	<i>C. albidus</i> var. <i>albidus</i>	IFO 1436 = CBS 5106 = JCM 11694	0.46	0.36	0.26	0.20, 0.29	0.35	0.42	0.54	0.16
<i>C. terricola</i>	<i>C. albidus</i> var. <i>albidus</i>	IFO 1322 = CBS 4517	0.39	0.25	0.3	0.16	0.28	-	0.54	0.13
<i>C. terreus</i>	<i>C. terreus</i>	CCY 17-8-1	0.49	0.38	0.31	0.26	0.24, 0.26	0.61	0.41, 0.43	0.15
	<i>C. terreus</i>	IFO 0727 = CBS 1895 = JCM 10453	0.49	0.38	0.31	0.26	0.24, 0.26	0.61	0.41, 0.43	0.15
<i>C. laurentii</i>	<i>C. laurentii</i> var. <i>laurentii</i>	IFO 0609 = CBS 139	0.46	0.27	0.28	0.25	0.29	0.33	0.57	0.16
	<i>C. laurentii</i> var. <i>laurentii</i>	IAM 12264	0.46	0.27	0.28	0.25	0.29	0.32	0.57	0.16
<i>C. flavescens</i>	<i>C. laurentii</i> var. <i>flavescens</i>	IFO 0384 = CBS 942	0.56	0.3	0.3	0.38	0.32, 0.34	0.47	0.61	0.16
<i>C. flavescens</i>	<i>C. laurentii</i> var. <i>laurentii</i>	CBS 6473 = JCM 9909	0.58	0.31	0.32	0.30, 0.39	-	0.39, 0.48	0.59	0.19
<i>C. flavescens</i>	<i>C. laurentii</i> var. <i>laurentii</i>	CBS 6475 = JCM 9910	-	0.31	0.32	0.39	0.23	0.43	0.59	0.17
<i>C. aureus</i>	<i>C. laurentii</i> var. <i>flavescens</i>	IFO 0372 = CBS 318	0.52	0.3	0.29	0.3	0.34	0.42	0.54	0.16
<i>C. magnus</i>	<i>C. laurentii</i> var. <i>magnus</i>	IFO 0698 = CBS 140 = JCM 9038	-	0.36	0.33	0.26, 0.30	0.30, 0.32	0.35, 0.44	0.5	-
<i>C. heveanensis</i>	<i>C. laurentii</i> var. <i>magnus</i>	CBS 569 = JCM 3693	0.39	0.42	0.31, 0.35	0.30, 0.39	0.28	0.39	0.53	0.13

FA, fructose-1,6-bisphosphate aldolase; 6PGDH, 6-phosphogluconate dehydrogenase; MDH, malate dehydrogenase; G6PDH, glucose-6-phosphate dehydrogenase; HK, hexokinase; P_{Gm}, phosphoglucomutase; GDH, glutamate dehydrogenase.

Yamazaki and Komagata (1982) を改変

引用文献

1. Bauer, R., Begerow, W., Sampaio, J.P., Weiß, M. & Oberwinkler, F. (2006). The simple-septate basidiomycetes: a synopsis. *Mycol. Prog.*, **5**: 41-66.
2. Kurtzman, C.P. (2003). Phylogenetic circumscription of *Saccharomyces*, *Kluyveromyces* and other members of *Saccharomycetaceae*, and the proposal of the new genera *Lachancea*, *Nakaseomyces*, *Naumovia*, *Vanderwaltoozya* and *Zygorulasporea*. *FEMS Yeast Res.*, **4**: 233-245.
3. Kurtzman, C.P. & Robnett, C.J. (1998). Identification and phylogeny of ascomycetous yeasts from analysis of nuclear large subunit (26S) ribosomal DNA partial sequences. *Antonie van Leeuwenhoek*, **73**: 331-371.
4. Rokas, A., Williams, B.L., King, N. & Carrol, S.B. (2003). Genome-scale approaches to resolving incongruence in molecular phylogenies. *Nature*, **425**: 798-804.
5. Sampaio, J.P., Fell, J.W., Gadanho, M. & Bauer, R. (1999). *Kurtzmanomyces insolitus* sp. nov., a new anamorphic heterobasidiomycetous yeast species. *Syst. Appl. Microbiol.*, **22**: 619-625.
6. Sugita, T., Nishikawa, A., Ikeda, R. & Shinoda, T. (1999). Identification of medically relevant *Trichosporon* species based on sequences of internal transcribed spacer regions and construction of a database for *Trichosporon* identification. *J. Clin. Microbiol.*, **37**: 1985-1993.
7. Takashima, M., Deak, T & Nakase, T. (2001). Emendation of *Dioszegia* with redescription of *Dioszegia hungarica* and two new combinations, *Dioszegia aurantiaca* and *Dioszegia crocea*. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **47**: 75-84.

(平成 19 年 7 月 29 日受領)

5. 真核藻類

渡邊 信

分子系統学的研究により、真核藻類の系統に関する知見が急速に蓄積されつつあり、真核生物全体の系統の見直しへと波及している。ここで、その全貌の詳細を述べることは不可能であるので、基本的に重要なところをまとめておく。

真核藻類の系統

真核藻類が系統的に異質な生物の集団であることは、電子顕微鏡による微細構造の観察から示唆されていたことであるが、18S rRNA等の核遺伝子の系統樹が、真核生物の中で、真核藻類が複数の異なる系統として位置づけられることが示された。微細構造に基づき分類された真核微細藻類は、それぞれが真核生物の系統樹の中で、分散して出現する(図-1)。すなわち、微細構造と分子情報は互いにその結果を補完していることがわかり、このことから、真核藻類には大きく9つの系統群が存在することが改めて認識されるようになった。

葉緑体の系統

真核藻類を含め、植物の葉緑体は酸素発生型光合成を行う原核生物であるシアノバクテリアの共生に起源を持ち、その起源が1つしかなかったことが明らかになってきている(図-2)。シアノバクテリアの共生による葉緑体の成立は一度しかなく、最初に共生して葉緑体になったものから、すべての真核藻類のもつ葉緑体が生まれたといえる。さらに、この葉緑体の系統樹から、真核藻類は、紅色植

物(紅藻)の系統と緑色植物(緑藻)の系統にわかれていることがわかる。この分子系統樹と電子顕微鏡による葉緑体構造(表-1参照)から、真核従属栄養生物がシアノバクテリアを捕獲し、共生化することで真核藻類共通の祖先が誕生し(一次共生)、それが進化して紅藻及び緑藻となり、さらにそれぞれが真核従属栄養生物にとりこまれ、緑藻起源としてクロララクニオン植物とユーグレナ植物が、紅藻起源としてクリプト植物、黄色植物(不等毛植物)、ハプト植物、渦鞭毛植物が誕生した(二次共生)と考えられている(図-3)。ただし、渦鞭毛植物はかなり異質であり、緑藻をとりこみ、葉緑体としたものがまれながらも存在しており、さらにクリプト植物、黄色植物、ハプト植物をとりこんで葉緑体としたものも存在している(三次共生)。また、灰色植物については、その葉緑体がシアノバクテリアを取り込んだ一次共生のものであることは確かであるが、ペプチドグルカン層というシアノバクテリアの細胞壁の痕跡を残していることや、分裂装置が未完成であったことから、二次共生にはかかわっていない。

最近、岡本・井上ら(Okamoto and Inouye 2005)により発見されたカタブレファリス類という鞭毛虫のグループに属するハテナ(*Hatena arenicola*)という生物は、緑色植物の仲間のプラシノ藻を共生体としてもつ。この共生している藻体では、核は残っているものの、他の大部分の細胞内構造は退化的で、ミトコンドリアの構造がくずれ、ゴルジ体も貧弱で、基底小体や細胞骨格、細胞内

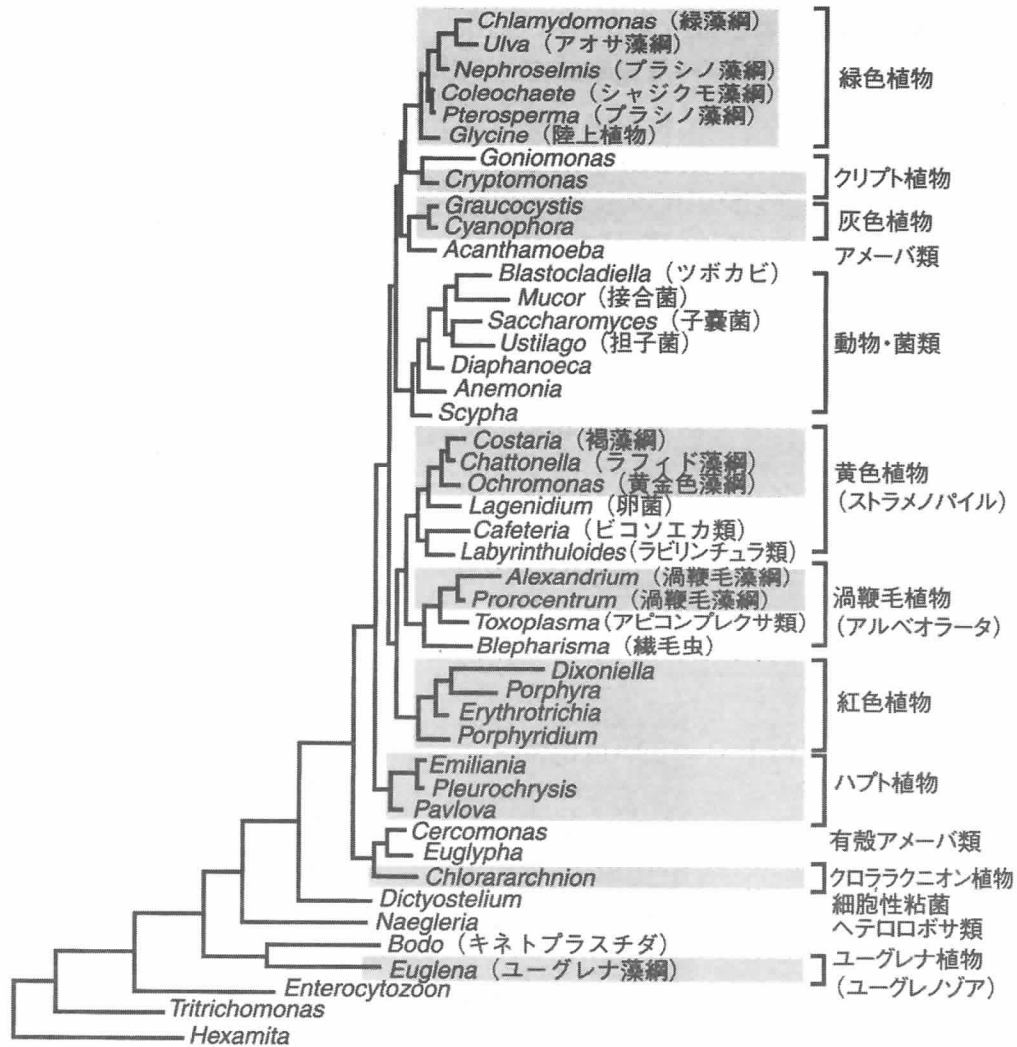


図-1 18S rDNA による真核生物の系統:植物としていところが真核藻類 (井上 2006 より)

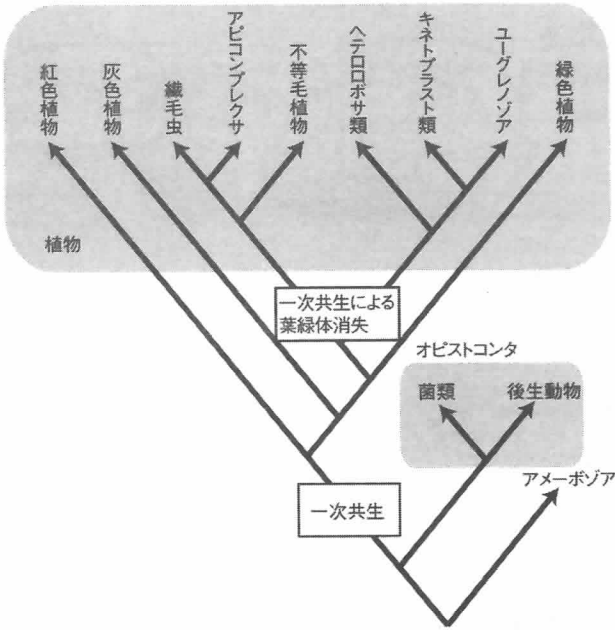


図-2 シアノバクテリアと葉緑体の関係を示す 16S rDNA の分子系統樹 (井上 2006 より)
葉緑体は単系統でシアノバクテリアと姉妹群の関係にある

表-1 藻類の色素及び葉緑体構造

分類群 形質	シアノバクテ リア (原核)	紅色植物門	灰色植物門	綠色植物門	クリプト植物 門
光反応中心	クロロフィル a				
主要アンテナ色 素	フィコビルン (フィコビリゾームに統合)			クロロフィル b、βカロチン	フィコビルン (フィコビリ ゾームなし)
葉緑体包膜	なし	2枚	2枚	2枚	4枚
ヌクレオモルフ	なし	なし	なし		あり
チラコイド	1重	1重	1重	多重	2重

分類群 形質	不等毛植物門	ハプト植物門	渦鞭毛植物 門	クロララクニ オン植物門	ユーグレナ植 物門
光反応中心	クロロフィル a				
主要アンテナ色 素	フコキサンチ ン	19' ヘキサノ イロキシフコ キサンチン	ペリディニ ン	クロロフィル b、βカロチン	
葉緑体包膜	4枚	4枚	3枚	4枚	3枚
ヌクレオモルフ	なし	なし		あり	あり
チラコイド	3重	3重	3重	3重	3重

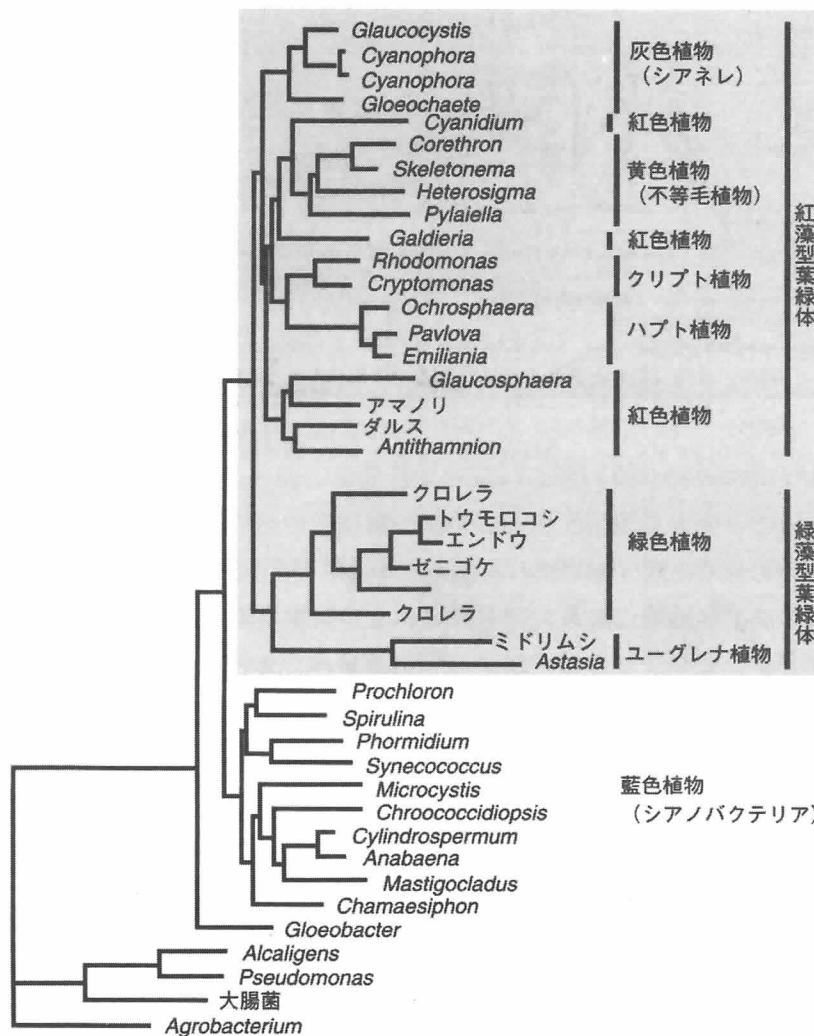


図-3 一次共生と二次共生 (井上 2006 より)

膜系は完全に失われている。ただし、葉緑体は巨大で多数のピレノイドをもっている。また、細胞分裂時には、ハテナの細胞は共生体を常に一方の娘細胞に受け渡し、他の娘細胞は共生体をもたない無色の細胞に戻るということがわかった。半藻半獣の生物として注目される。共生による葉緑体の進化的動態は、種レベルの分化においても重要な役割を果たしているように思われる。

真核生物の系統への波及

真核藻類には性質の異なる多様な分類群が存在しており、それらが真核生物全体の中に分散して存在していることが明らかになってきた(図-1)。このような真核藻類の姿は、葉緑体が真核生物の間をさまよってきたことを示している。5界説では、原核生物をモノエラ界として、真核生物の祖先的なものを原生生物界として位置づけ、さらに真核生物をエネルギー獲得様式によって、菌類界(分解・吸収)、植物界(独立栄養)及び動物界(捕食)にわけているが、このようなエネルギー獲得様式の違いは、原生生物界に位置づけら

れた多くの系統のそれぞれに見られる違いである。たとえば、図-1に示したストラメノパイルには、独立栄養(不等毛植物)、捕食(ピコソエカ、プラシデア)、分解吸収(卵菌類、ラビリンチュラ類、サカサツボカビ類)、寄生(プラストキステイス類)などの多様な生活様式の分化が見られる。このような姿は、一斉を風靡した5界説ではとらえきれないのであり、教科書レベルで見直さねばならない時期になってきている。

Simpson(2003)は、分子系統解析から、真核生物をオピストコント、アメーボゾアとバイコントにまとめている(図-4)。野崎ら(Nozaki *et al.*, 2002, 2004)は、オピストコントとアメーボゾアを除くすべての真核生物は単系統であり、その根元で一次共生による葉緑体の獲得がおこったとし、これらを「植物(Plantae)」と定義した(図-5)。「植物」には図-1で示したストラメノパイル、アルベオラータ、ユーグレノゾア等バイコントに相当する系統がふくまれている。「植物」とする主張の根拠として、紅藻がバイコントの根元に位置すること、シアノバクテリア由来の

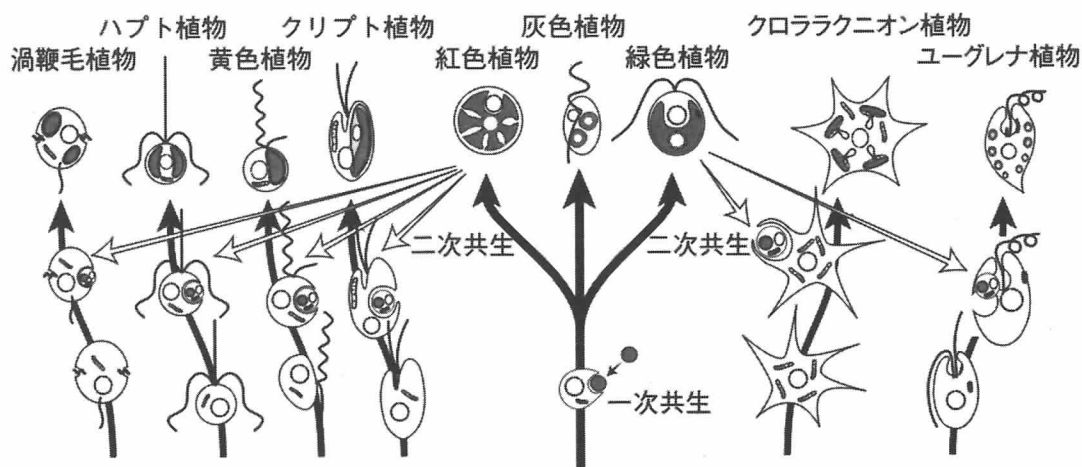


図-4 真核生物の系統樹 (Simpson 2003 の改変図: 井上 2006 より)

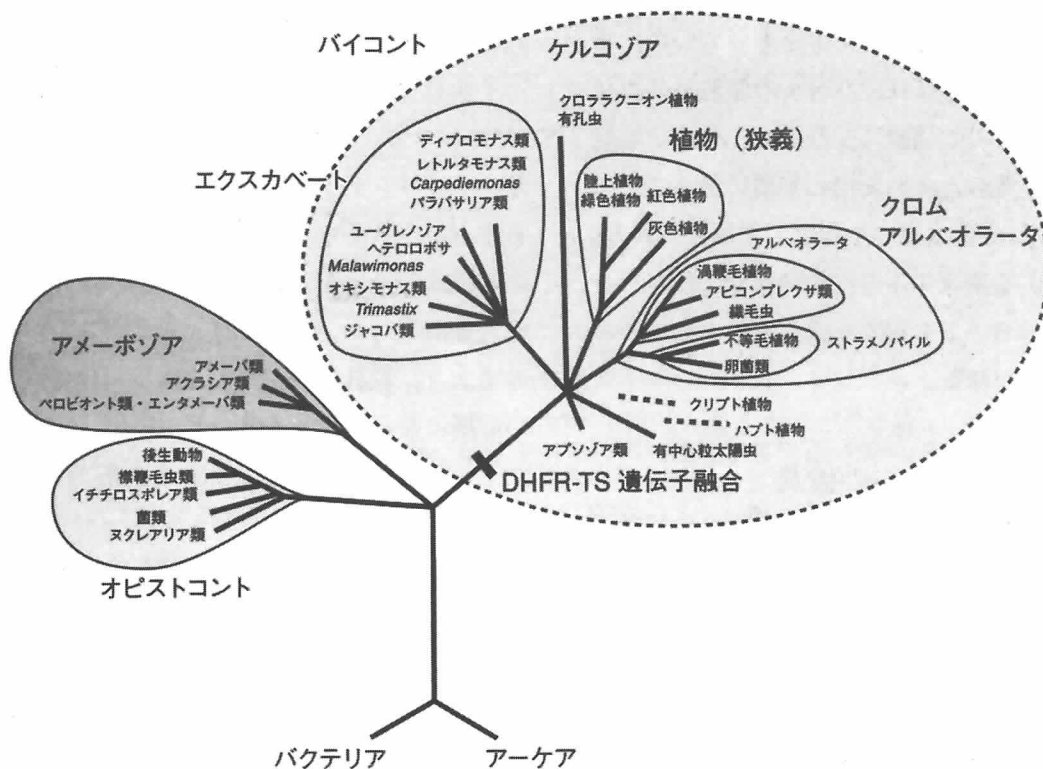


図-5 野崎らが提唱した植物界の構成 (井上 2006 より)

6-ホスホグルコン酸デヒドロゲナーゼ遺伝子が二次共生で葉緑体を獲得しなかったはずの生物群にも存在していることをあげた。

5界説に変わる生物全体の分類体系について、オクスフォード大学のカバリエ・スミスによる8界説(1996)及び6界説(1998)がある。8界説では、原核生物と真核生物はエンパイアの階級に位置づけられ、原核生物には真正細菌界と古細菌界、真核生物には動物界、植物界、菌界のほか、5界説の原生物界にあたる生物を原生動物界、アーケゾア界(ミトコンドリアをもたない真核生物)及びクロミスタ界(4枚の葉緑体包膜をもつ真核生物)が提唱されている。6界説では、エンパイアの階級はそのまま残り、原核生物は細菌界にまとめられ、真核生物は、原生動物界、菌界、クロミスタ界、動物界、植物

界にわけられている。古細菌は真核生物とともに、放線菌を祖先として進化したという仮説(ネオムラ仮説とよばれる)に基づき、細菌界の下界として扱われ、ミトコンドリアをもたないアーケゾアは、原生動物の亜界として扱われている。6界説は、遺伝子のほかに、生化学、細胞学、微細構造などの性質の進化をふまえて組み立てられたものであり、内容はかなりユニークで、推理小説を読むような面白さがある。しかし、8界説、6界説とも真核生物が生物の界のほとんどの占めており、もうひとつのエンパイアである原核生物については、35億年以上という長い進化の歴史をもつ生物であるわりには、界が2つあるいは1つというのは過小評価のような印象をあたえる。

引用文献

1. 井上 勲 (2006). 藻類 30 億年の自然史—藻類からみる生物進化, 472 pp., 東海大学出版会
2. Okamoto, N. & Inoue, I. (2005). A secondary symbiosis in progress? *Science*, **310**: 287.
3. Nozaki, H., Matsuzaki, M., Takahara, M., Misumi, O., Kuroiwa, H., Hasegawa, M., Higashiyama, T., Shin, T., Kohara, Y., Ogasawara, N. and Kuroiwa, T. (2002). The phylogenetic position of red algae revealed by multiple nuclear genes from mitochondria-containing eukaryotes and an alternative hypothesis on the origin of plastids. *J. Mol. Evol.*, **56**: 485-497.
4. Nozaki, H., Matsuzaki, M., Misumi, O., Kuroiwa, H., Hasegawa, M., Higashiyama, T., Shin, T., Kohara, Y., Ogasawara, N. and Kuroiwa, T. (2004). Cyanobacterial genes transmitted to the nucleus before divergence of red algae in the Chromista. *J. Mol. Evol.* **59**: 103-113.
5. Simpson, A.G.B. (2003). Cytoskeletal organization, phylogenetic affinities and systematics in the contentious taxon Excavata (Eukaryota). *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **53**:1759-1777.

(平成 18 年 10 月 8 日受領)

Ⅲ 活動の記録

1. 日本微生物系統分類研究会開催の記録〔第21回(2001)～第25回(2005)〕

関 達治 (編集)

	開催年	開催年月日	開催場所	世話人	特別講演
第21回*	平成13年	2001.10.26・27	三田温泉 ホテル明山荘 (愛知県蒲郡市三田町)	岐阜大学 江崎孝行	G. M. Garrity
第22回*	平成14年	2002.09.27・28	東京農業大学厚木キャンパス (神奈川県厚木市船子)	東京農業大学 内村 泰	深津武馬
第23回**	平成15年	2003.10.17・18	東海大学社会教育センター三保研修館 (静岡県静岡市清水折戸)	NCIMB Japan 豊橋技術科学大学 杉山純多 平石 明	Peter N. Green
第24回	平成16年	2004.11.26・27	ヤクルト研修センター (静岡県伊東市)	理化学研究所 辨野義己	Tae-Kwang Oh 倉光成紀
第25回***	平成17年	2005.11.18	東京大学弥生講堂・一条ホール (東京都文京区弥生)	実行委員長： 大阪大学 実行副委員長： 理化学研究所 関 達治 辨野義己	黒川 顕 駒形和男

* 微生物分類研究会の名称で開催した。

** 第23回以降、日本微生物系統分類研究会の名称で開催した。

*** 創立25周年記念として実行委員会を組織し、開催した。

2. 第21回～第25回研究会のプログラム

関 達治 (編集)

第21回 微生物分類研究会 (2001.10.26 - 27)

一般演題

1. *Gluconobacter* 属細菌の再分類
桂 一茂, 山田雄三, 内村 泰, 駒形 和男
(東京農大・応用生物・生物応用化学・微生物)
2. 乳酸菌異性体タイプに基づく *Lactobacillus sakei* の特徴
飯野 隆夫, 岡田 早苗*, 内村 泰, 駒形 和男
(東京農大・応用生物・生物応用化学・微生物, *同菌株保存室)
3. 東南アジア試料より酢酸菌の分離と同定
Puspita Lisdiyanti, 桂 一茂, 川崎 浩子*, 関 達治*, 山田雄三, 内村 泰, 駒形和男
(東京農大・応用生物・化学, *大阪大 IC Biotech)
4. The taxonomy of PHB degrading denitrifying bacteria isolated from activated sludge
Khan Shams Tabrez and Akira Hiraishi
(Toyohasi Univ. of Technology)
5. 鉱山廃水処理系から分離した好酸性好気性従属栄養細菌の分類
河合 明子, 若尾 紀子*, 平石 明
(豊橋技術科学大・エコロジー工学, *岩手大・農学部)
6. 超高温マイクロコスムから分離された土壌細菌の性質と菌種同定の試み
飯田 健一郎, 上田 祐一*, 吉田 真一, 天見 和暢
(九州大院・医・細菌, *沖縄本部野毛病院)
7. *gyrB* daabase の構築とその応用
笠井 宏明 (海洋バイオ・釜石研究所)
8. リジン脱炭酸反応陰性サルモネラの分離状況
山下 和成, 加藤 久登, 青木 勘治, 寺本 忠司*
(ファルコバイオシステムズ総合研究所, *ファルコライフサイエンス)
9. 近畿地区で分離された肺炎球菌の抗菌薬耐性状況について
佐藤 かおり, 相原 雅典*
(近畿大・医・病院・中央検査, *天理よろず相談所病院臨床病理)
10. 血液培養から分離された Ceftazidime 耐性 *Serratia marcescens* の耐性機序に関する解析
中村 竜也, 松尾 信昭*
(関西医大病院・中央検査部, *高度救命救急センター)
11. 近畿地区における *Escherichia coli* および *Klebsiella* spp. 以外の腸内細菌からの ESBL 産生菌の分離調査

小松 方¹, 島川 宏一¹, 相原 雅典¹, 山崎 勝利², 木下 承皓³, 西尾 久明⁴, 浦
敏郎⁵, 佐藤 かおり⁶

(¹天理よろず相談所病院臨床病理, ²和歌山労災病院検査, ³神戸大・医・病院中央検査,
⁴滋賀県成人病センター検査, ⁵国立循環器病センター臨床検査, ⁶近畿大・医・病院中央検査)

12. *Ralstonia* 属の現状とその上位分類階級

小迫 芳正¹, 藪内 英子², 藤原 永年³, 仲 崇³, 小林 和夫³

(¹理研・系統保存, ²岐阜大・医・微生物, ³大阪市大院・医・感染防御)

13. Genus *Sphingomonas* Yabuuchi et al. 1990^{VP} should remain undivided

Eiko Yabuuchi¹, Yoshimasa Kosako², Nagatoshi Fujiwara³, Takashi Naka³, Kazuo
Kobayashi³

(¹Dept. of Microbiol., Gifu Univ. Sch. Of Med., ²JCM, RIKEN, ³Dept. of Host Defence,
Osaka City Univ. Grad. Sch. of Med.)

14. 異なる社会集団における *Clostridium difficile* 保有の分子疫学的解析

中村 信一, 加藤 はる*, 喜多 裕之

(金沢大院・医・細菌感染症制御学, *現、国立感染症研究所)

ポスター討論会

P1 A phylogenetic study on *Macromonas bipunctata* and *Tistrella mobilis* gen. nov., sp.
nov.

Shi Bin Hai and Yokota Akira

(Instit. Of Mol. and Cell. Biosciences, The University of Tokyo)

P2 海産魚類の腸管より分離された *Moritella* 属細菌の分類

須田 文¹, 松下 昌世*, 渡部 和朗², 矢澤 一良³

(*南九大・食工, *相模中研, *湘南予医研)

P3 DNA マクロアレイを用いたグラム陽性菌の同定法の開発

波多 宏幸, 劉 宏生, 黄 新祥, 河村 好章, 江崎 孝行

(極東製薬・研究開発, 岐阜大・医・微生物)

P4 *Micrococcus luteus* の VNC 賦活化因子 (Rpf) を用いた土壌中の細菌の分離の試み

丁 林賢, 横田 明 (東京大・分子細胞生物・バイオリソース研究分野)

P5 *Pseudomonas syringae* 群細菌における pathovar 文化と毒素産生遺伝子の水平移動

澤田 宏之¹, 金谷 重彦², 津田 雅孝³, 鈴木 文彦¹, 土屋 健一¹, 斉藤 成也⁴

(¹農業環境技術研究所, ²奈良先端科学技術大学院大学, ³東北大学, ⁴国立遺伝学研究所)

P6 *Achromobacter* 属筋腫の再分類

福永 幸代^{1, 2}, 横田 明¹

(¹東京大・分子細胞生物・バイオリソース研究分野, ²独立行政法人製品評価技術基盤
機構)

P7 離乳期豚の突然死の原因になった *Escherichia coli* と Porcine Reproductive and

Respiratory Syndrome Virus (PRRSV) について

仲嶺 マチ子¹, 阿部 聡², 星野 千春², 江崎 孝行³

(¹沖縄県家衛試, ²NOSAI 沖縄, ³岐阜大・医・微生物)

P8 ユビキノン Q7 をもつ *Candida* 属および関連子囊菌酵母の細胞表層糖鎖構造と系統との関連性

鈴木 基文 (理研・系統保存)

P9 Proposal of six new bacteria species isolated from the Russian space laboratory Mir

Ying, Li, Y. Kawamura, H. Liu, X. Huang, Z. Li, and T. Ezaki

(dept. Microbiol. Gifu Univ. Sch. Of Med.)

P10 腸管感染者および給食従事者から分離された病原性大腸菌混合血清に凝集を認める大腸菌

の遺伝子学的検索

正木 孝幸, 江崎 孝行* (化学及血清療法研究所, *岐阜大・医・微生物)

P11 *Pseudomonas aeruginosa* 単クローン抗体血清型別キットの評価と課題

為 定誠¹, 永沢 善三², 永沼 智子², 浅野 健治¹, 藪内 英子³

(¹小林製薬・中央研, ²佐賀医大病院・検査部, ³岐阜大・医・微生物)

P12 *Bacillus okuhidaensis* sp. nov. isolated from the Okuhida spa area of Japan

Zhiyu Li¹, Y. Kawamura¹, O. Shida², S. Yamagata³, and T. Ezaki¹

(¹Dept. Microbiol. Gifu Univ. Sch. Of Med., ²Higeta Shoyu Co. Research lab., ³Dept. of Biotech, Facul. Of Agriculture, Gifu Univ.)

P13 The phylogenetic studies on the genera *Lampropedia* and *Derxia*

Xie Cheng-Hui and Yokota Akira

(Instit. Of Mol. and Cell. Biosciences, The University of Tokyo)

特別講演

“Mapping the prokaryotic domains”

Prof. George M. Garrity (Editor-in-Chief Bergey's Manual, Michigan State University)

第 22 回 微生物分類研究会 (2002.09.27 - 28)

一般講演

1. 蛍光性 *Pseudomonas* 属細菌の多相分類学的研究

内野 昌孝¹, 内村 泰², 駒形 和男²

(¹東京農業大学生物応用化学科食料資源理化学研究室, ²東京農業大学生物応用化学科微生物学研究室)

2. 迅速抽出 - TLC 法の改良と植物病原細菌の簡易同定

松山 宣明¹, Md. A. A. Khan², 吉村 恵子¹, 古屋 成人³, 眞鍋 佳世¹, 大小原 眞希子¹, 陶山 一雄¹, 根岸 寛光¹

(¹東京農業大学農学部, ² Bangabandhu Agricultural University, Bangladesh, ³九州大学)

大学院資源生物環境研究科)

3. Aquasirillum 属細菌の再分類
丁 林賢, 中屋 五月, 横田 明 (東京大学分子細胞生物学研究所バイオリソース研究室)
4. 日本沿岸から分離した海洋性粘液細菌の分類学的研究
飯塚 俊¹, 城島 恭子¹, 不動 亮介¹, 平石 明², 山中 茂³
(¹味の素(株)ライフサイエンス研究所微生物研究グループ, ²豊橋技術科学大学エコロジー工学系, ³信州大学繊維学部)
5. Taxonomic study of gram positive bacteria with 2, 4-diaminobutyric acid in cell wall
Lin Yi-Chueh and Yokota Akira
(Lab. of Bioresources, Institute of Molecular and Cellular Biosciences, The University of Tokyo)
6. Cystites 形成能を利用した *Arthrobacter globiformis* group の分離
田中 尚人, 内村 泰, 駒形 和男 (東京農業大学生物応用化学科微生物学研究室)
7. アミノアジピン酸還元酵素大サブユニット遺伝子 (lys2) について
西田 洋巳 (東京大学分子細胞生物学研究所)
8. アミノアジピン酸還元酵素大サブユニット遺伝子 (lys2) をつかった系統学および生態学的アプローチ
安 光得, 西田 洋巳, 横田 明 (東京大学分子細胞生物学研究所)
9. Acidomonas 属細菌の分離と再同定
山下 俊一, 内村 泰, 駒形 和男 (東京農業大学生物応用化学科微生物学研究室)
10. Asaia 属の新種, *Asaia indonesiensis* sp. nov.
桂 一茂¹, Susono Saono², 山田 雄三¹, 内村 泰¹, 駒形 和男¹
(¹東京農業大学生物応用化学科微生物学研究室, ²Research and Development Center for Biotechnology, Indonesian Institute of Sciences (LIPI))
11. e-Workbench (InforBIO) の応用
宮崎 智¹, 田中 尚人², 郡川 幸治³, 菅原 秀明¹
(¹遺伝研生命情報・DDBJ, ²JST・BIRD, ³日立ソフト)
12. 細胞壁溶解酵素 Labiase の溶菌活性および溶菌スペクトルの検討
丹羽 隆^{1,2}, 河村 好章¹, 片桐 義博², 江崎 孝行¹
(¹岐阜大学大学院医学研究科独立専攻系再生医科学再生分子統御学講座微生物・バイオインフォマティクス部門, ²岐阜大学医学部附属病院薬剤部)
13. 沖縄より分離された海洋乳酸菌および乳酸生成細菌の系統分類
石川 森夫, 石崎 志穂美, 山本 泰, 山里 一英 (東京農業大学醸造科学科)
14. 海洋環境における乳酸菌および乳酸生成細菌の多様性
金森 基, 渡邊 亜矢子, 鈴木 絵美, 石川 森夫, 山本 泰, 山里 一英
(東京農業大学醸造科学科)

特別講演

共生微生物による宿主昆虫の生殖操作：進化的相互作用，遺伝子転移，分子機構から応用利用まで
深津 武馬（産業技術総合研究所生物遺伝子資源）

第 23 回 日本微生物系統分類研究会 (2003.10.17-18)

一般講演

1. Molecular eco-systematic and bioinformatic approaches in microorganisms
Y.-H. Park^{1,2}, J.-H. Yoon¹ and H. Kim² (¹KRIBB, Korea, ²proBionic Corp., Korea)
2. Identification of microorganisms using *gyrB* gene sequences
H. Kasai (Marine Biotechnology Institute)
3. Chlorophyll diversity and phylogeny of the Cyanobacteria
H. Miyashita (Kyoto University)
4. ITS-ITS DNA hybridization technique for identification of microbial strains and consortia
K. Okamura¹, T. Hisada^{1,2} and A. Hiraishi¹
(¹Toyohashi University of Technology, ²NCIMB Japan)
5. The potential of molecular gadgets in the study of environmental microbiology
W.-T. Liu (National University of Singapore)
6. Phylogenetic characterization of microbial consortia using functional and 16S rRNA genes
Y. Kamagata (AIST Institute for Biological Resources and Functions)
7. 淡水性らせん細菌の分離と分類に関する研究
丁林賢，中屋五月，横田 明（東大分生研）
8. カイメン、海藻から分離された Alphaproteobacteria に属する新規通性嫌気性海洋細菌
西島美由紀^{1,3}，田中千絵^{1,4}，足立恭子¹，山里一英²，志津里芳一¹
(¹海洋バイオ研，²東京農大・醸造，³現 NCIMB Japan，⁴現 NITE)
9. 16S rDNA を用いた RFLP 解析による海洋性発光細菌の種同定
塚本久美子，八尾花登美，神谷明子，森田幹晴，和田実，木暮一啓
(東京大学海洋研究所 海洋生態系動態部門)
10. 新規粘液細菌分離株の分類
北嶋千枝¹，飯塚 俊²，不藤亮介²，山中 茂³，平石 明¹
(¹豊橋技科大エコロジー工，²味の素（株）ライフサイエンス研，³信州大学繊維)
11. イソプレノイド系合成酵素からみた根粒菌と植物病原菌の関係
森下康行，大橋正載，川崎浩子，関 達治（大阪大学工学部）
12. アミノアジピン酸還元酵素遺伝子 (Lys2) に基づく菌類の系統進化の解析
安 光得¹，西田洋巳²，三浦義治¹，三川 隆³，横田 明¹
(¹東大分生研，²理研ゲノム科学総合研究センター，³三菱化学ビーシーエル)

13. 熱帯アジアの発酵茶, 下水, 土壌より分離したカビ様酵母の同定, 及び *Galactomyces geotrichum* complex 同胞種の再分類
田村 (永塚) 由佳, 大林あゆみ, 川崎浩子, 関 達治
(大阪大学・生物工学国際交流センター)
14. *Udeniomyces pyricola* の IGS1 領域の塩基配列に基づく集団構造解析
高島昌子¹, 中瀬 崇², Judit Tornai-Lehoczki³, Tibor Deak³, 工藤俊章¹
(¹理研・生物基盤/系統保存, ²タイ・BIOTEC, ³ハンガリー・Szent Istvan Univ.)
15. Mix によって分離された '*Taphrina*' 属 3 株の分子系統解析に基づく再同定
小川裕由¹, 鈴木基文², 杉山純多¹ (¹NCIMB Japan, ²理研・系統保存)

ポスターセッション

1. 地衣類共生シアノバクテリアの分離と同定に関する研究
三浦真一, 横田 明 (東大分生研)
2. 市販納豆から分離した納豆菌の同定
鈴木 玲, 内村 泰, 駒形和男 (東京農業大学 生物応用化学科)
3. Assimilation of methanol by acetic acid bacteria
Puspita Lisdiyanti, Tai Uchimura, and Kazuo Komagata
(Dept. of Applied Biology and Chemistry, Tokyo Univ. of Agriculture)
4. ウシ由来 "*Haemophilus somnus*" 及びヒツジ由来 "*Haemophilus agni*" - "*Histophilus ovis*" の 16S rRNA 及び *rpoB* 遺伝子の比較
田中暁典^{1,2}, 星野尾歌織¹, 田川裕一¹ (¹動衛研・細菌病, ²筑波大院・農)
5. *Streptococcus* 属の種の同定に有用な候補遺伝子の検討
伊藤葉子¹, 河村好章¹, 笠井宏明², 江崎孝行¹
(¹岐阜大学大学院医学研究科再生医科学再生分子統御学講座微生物・バイオインフォマティクス部門, ²海洋バイオテクノロジー研究所)
6. Phylogenetic studies on the free-living bacteria *Azotobacter* and its relatives
C.-H. Xie and A. Yokota (Inst. of Mol. and Cell. Biosci. Univ. of Tokyo)
7. 焼酎もろみに棲息する乳酸菌
遠藤明仁, 岡田早苗 (東京農業大学菌株保存室)
8. 植物性乳酸菌の特性 ~発酵乳乳酸菌との比較~
中村利恵¹, 遠藤明仁², 宮本真理³, 中島 肇³, 内村 泰¹, 岡田早苗²
(¹東京農業大学・農芸化学専攻, ²東京農業大学・菌株保存室, ³雪印乳業株式会社技術研究所)
9. シアノバクテリアサブグループIVは系統的に多型である
和田紀子, 徐必守, 横田 明 (東大分生研)
10. 土壌に生息する有用乳酸菌の分離
陳 奕伸, 柳田藤寿, 篠原 隆 (山梨大学・ワイン科学研究センター)

特別講演

Organizer & Chair: J. Sugiyama (NCIMB Japan)

Thirty years in the life of a culture collection Curator - the winds of change

Dr. Peter N. Green (NCIMB Limited, Aberdeen, UK)

第 24 回 日本微生物系統分類研究会 (2004.11.26 - 27)

一般講演

1. 地衣類共生シアノバクテリアの分離・同定
三浦 真一 (東京大学分子生物学研究所)
2. 海岸動物からの新規細菌の分離
福永 幸代 (製品評価技術基盤機構)
3. *Spirillum* 属及び *Pseudomonas* 属菌種の再同定
福場 一郎 (東京大学分子生物学研究所)
4. ヒト口腔内に棲息する *Prevotella* 属菌種について
坂本 光央 (理研 BRC・JCM)
5. 魚醤製造における *Bacillus* 属細菌の関与について
内野 昌孝 (東京農業大学生物応用化学科)
6. Isolation, enumeration and polyphasic taxonomy of diverse actinomycete genera in marine and mangrove rhizosphere soils of Bangladesh
Ismet Ara (RIKEN BRC・JCM)
7. DNA マイクロアレイとリアルタイム PCR 法を使った環境由来微生物の網羅的検出法の開発
江崎 孝行 (岐阜大学大学院)
8. 国際塩基配列データベース登録微生物 ORF の統一的再評価
田中 尚人 (国立遺伝学研究所)
9. *Enterococcus* 属における機能タンパク質をコードした塩基配列に基づく分類法の開発
佐藤 元 (製品評価技術基盤機構)
10. 腸内細菌科の *dnaJ* 遺伝子を用いた系統解析
三島 徳子 (産業技術総合研究所)
11. 光合成細菌の窒素固定：窒素固定遺伝子群の解析
門田 恭明 (大阪大学工学部)
12. *Taphrina falowii* Sadebeck (古生子囊菌類) のアイデンティティ：形態および分子系統解析から探る
喜友名 朝彦 (NCIMB Japan)

特別講演

1. Applications of Microbial Genomes in Korea

Tae-Kwang Oh

(21st Century Frontier Microbial Genomics and Applications Center Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)

2. 微生物丸ごと一匹タンパク質解析の展開

倉光 成紀 (大阪大学大学院理学研究科)

第 25 回 日本微生物系統分類研究会 (2005.11.18)

一般講演

テーマ別討論 I : 機能性タンパク質遺伝子に基づく系統樹とその評価

佐藤元 (製品評価技術基盤機構バイオテクノロジー本部)

テーマ別討論 II : ゲノム可塑性はバクテリアの分子系統分類にインパクトを及ぼしうるか?

田辺雄彦 (国立環境研究所)

テーマ別討論 III : 細菌及びカビの簡易・迅速同定法の新展開

江崎孝行 (岐阜大学医学部)

ポスターセッション

1. 海洋環境からの新規嫌気性菌の探索

飯野隆夫、原山重明、鈴木健一郎

((独) 製品評価技術基盤機構・NBRC)

2. 沖縄の花から分離した酢酸菌の同定

鈴木玲, 駒形和男, 内村泰

(東京農業大学・応用生物科学部)

3. 長崎の温泉から分離した好熱性古細菌の多様性について

吉川 直人^{1,2}, 高品 知典², 伊藤 隆¹

(¹ 理研・BRC 微生物材料開発室, ² 東洋大院・生命科学)

4. 台湾産菌類：接合菌類 1 (*Cokeromyces recurvatus* & *Modicellamalleola*)

岡田 元¹, 出川洋介², 黄 振文³, 張 和喜⁴, 柿 寫 眞⁵

(¹ 理研 BRC-JCM, ² 神奈川県博, ³ 中興大 植病系病管室, ⁴ 中央研究院 植物研, ⁵ 筑波大 農林)

5. ヒト腸内より分離された *Prevotella* 属の新菌種について

柴田健作^{1,2}, 林 秀謙¹, 坂本光央¹, 富田信一², 辨野義己¹

(¹ 理研 BRC・JCM, ² 玉川大・農・応用生物化)

6. *Bacteroides intestinalis* sp. nov. and *Bacteroides finegoldii* sp. nov., isolated from human feces

Mohammad Abdul Bakir¹, Maki Kitahara¹, Mitsuo Sakamoto¹, Mitsuharu Matsumoto² and Yoshimi Benno¹

(¹ Japan Collection of Microorganisms, RIKEN BioResource Center,

² Laboratory of Dairy Science and Technology, Kyodo Milk Industry Co. Ltd.)

7. ムラサキカイメンから分離された新種の“*Spongiobacter*”属細菌
西島美由紀^{1,3}, 足立恭子¹, 勝田麻津子¹, 山里一英², 志津里芳一¹
(¹ 海洋バイオ研, ² 東京農大・醸造, ³ テクノスルガ)
8. 18S rDNA and 28S rDNA sequencing assay for plant pathogenic fungal species stocked in MAFF Collection
Sun Xiaosong, Mohammad Monir Shah, Hirotoishi Iihara, Takashi Koyama, Masahiro Hayashi, Yamada-Noda Makiko, Nhung Pham Hong, Kiyofumi Ohkusu, Yoshiaki Kawamura and Takayuki Ezaki
(Department of Microbiology, Regeneration and Advanced Medical Science, Gifu University, Graduate School of Medicine)
9. Development of a PCR based *dnaJ* sequencing assay for species identification and generic grouping in the genus *Staphylococcus*
Mohammad Monir Shah, Hirotoishi Iihara, Yamada-Noda Makiko, Xiao Song Sun, Nhung Pham Hong, Kiyofumi Ohkusu, Yoshiaki Kawamura and Takayuki Ezaki
(Department of Microbiology, Regeneration and Advanced Medical science, Gifu University, Graduate School of Medicine)
10. 系統および病原体マイクロアレイを用いた環境細菌の網羅的解析方法
林 将大, 神山 崇, 孫 暁松, Mohammad Monir Shah, 大楠 清文, 河村 好章, 江崎 孝行
(岐阜大学大学院・医学研究科・病原体制御学分野)
11. γ -*Proteobacteria* の新属新種 *Koukoulimonas aurantiaca* について
安善榮, 謝承暉, 横田明 (東京大学・分子細胞生物学研究所)
12. 細胞壁に2,4-ジアミノ酪酸を含むグラム陽性細菌の分類学的位置について
肖 恬, 謝 承暉, 横田 明 (東京大学・分子細胞生物学研究所)
13. フィリッピン産根粒菌の分類に関する研究
ベルナンス V. バウティスタ, 横田 明 (東京大学・分子細胞生物学研究所)
14. 土壌から分離された *Rhodococcus* 属細菌の同定
李冰, 降旗 桂子, 丁 林賢, 横田 明 (東京大学・分子細胞生物学研究所)
15. ミヤコグサに根粒を形成する *Aminobacter* 属細菌について
謝 承暉¹, 横田 明¹, 平林 よしの², 羽生 正樹², 佐伯 和彦²
(¹ 東大・分生研, ² 奈良女子大・理)
16. タイ王国より分離した Free-living 窒素固定細菌の分類学的研究
Piseth Khiev¹, 山根大助², Watanalai Panbangred^{1,3}, 川崎浩子^{1,2}, 関達治^{1,2}
(¹ 大阪大学・東南アジア共同研究拠点, ² 大阪大学・生物学国際交流センター, ³ マヒドン大・理学部)

特別講演

1. 比較ゲノム解析から見えてきたバクテリアの適応戦略
黒川 顕 (奈良先端科学技術大学院大学)
2. Bergey Medal 受賞記念講演：
細菌分類学と Bergey's Manual of Systematic Bacteriology
駒形 和男 (東京大学名誉教授)

IV 資料

1. 改組・改称趣意書

「微生物分類研究会」は昭和55年10月箱根・姥子温泉で産声をあげてから平成12年で創立20周年を迎え、同年10月27,28日の両日、東京大学山上会館においてシンポジウム形式の記念研究会を開催いたしました。また、同時に24名の方々の執筆協力を得て記念誌「日本の微生物分類—この20年」(163頁)を刊行することができました。そして、第21回研究集会(H13年度研究集会)の会務報告の中で、創立20周年を機に本研究会のあり方や運営方法についての検討を、下記4名の世話人に委ねられました。いろいろな角度から討議の結果、本研究会が今後更に発展するためには、これまでの研究会の理念や活動を基盤に、最低限の組織化・体制化を行う必要があるとの結論に達しました。具体的には本研究会を発展的に改称し、新しい名称「日本微生物系統分類研究会 (Japan Society for Microbial Systematics)」のもとで早急に再編し、会則・役員・予算などを整備することです。

「微生物化学分類研究会」・「微生物分類研究会」がこれまで果たしてきた役割とインパクトを考えたとき、今回の改組・改称は今世紀(ゲノム生物学・生物多様性の科学の時代)を生き抜くための、また本研究会が担っている役割を果たす方策の一つと考えます。

つきましては、下記の4名の世話人を含む14名が発起人となり、平成14年9月27、28両日開催予定の第22回研究会(東京農業大学農学部厚木キャンパス、厚木市船子)において、「微生物分類研究会」から「日本微生物系統分類研究会」への改組・改称をお諮りすることになりました。準備しました「会則」(案)をご検討の上このたびの改組・改称の趣旨にご賛同賜わり、一人でも多くの方々に会員としてお加わりいただきたくここにお願い申し上げます。

発起人一同

[平成14年9月28日]

発起人 (アルファベット順)

天野 典英 (サントリー)

辨野 義己 (理化学研究所微生物系統保存施設)

平石 明 (豊橋技術科学大学)

三川 隆 (三菱化学)

中瀬 崇 (東京農業大学、BIOTEC in Thailand)

岡田 早苗 (東京農業大学)

鈴木健一朗 (NITE 生物遺伝資源センター)

渡辺 信 (国立環境研究所)

柳田 藤寿 (山梨大学)

横田 明 (東京大学)

(世話人)

江崎 孝行 (岐阜大学)

関 達治 (大阪大学)

杉山 純多 (東京大学、NCIMB Japan)

内村 泰 (東京農業大学)

2. 役員構成（改組・改称後の第1期～第3期）

平成 18、19 年度役員ならびに事務局（第 3 期）

- 会 長： 杉山純多（テクノスルガ・ラボ 東京事務所）
幹事長： 関 達治（大阪大学、現大阪大学バンコック教育研究センター）
幹 事： 高島 昌子（理化学研究所）（庶務：ニュースレター担当）
川崎 浩子（大阪大学、現製品評価技術基盤機構）（会計担当）
内村 泰（東京農業大学）（集会担当）
江崎孝行（岐阜大学）（企画担当）
平石 明（豊橋技術科学大学）（企画・ホームページ担当）、
辨野義己（理化学研究所）（企画担当）
鈴木健一郎（製品評価技術基盤機構）（企画担当）
監 事： 渡辺 信（国立環境研究所、現筑波大学）
岡田早苗（東京農業大学）

本会の事務局：

日本微生物系統分類研究会 事務局
〒 565-0871 吹田市市山田丘 2-1
大阪大学 生物工学国際交流センター内
Phone: (+81) 06-6879-7453
Fax: (+81) 06-6879-7454
E-mail: sekit2@icb.osaka-u.ac.jp

平成 16、17 年度役員ならびに事務局（第 2 期）

- 会 長： 杉山 純多（NCIMB Japan）
幹事長： 関 達治（大阪大学）（事務局）
幹 事： 天野 典英（サントリー）（庶務）
辨野 義己（理化学研究所）（企画）
江崎 孝行（岐阜大学）（企画）
平石 明（豊橋技術科学大学）（企画・HP）
鈴木 健一郎（NITE）（企画）
内村 泰（東京農業大学）（集会）
横田 明（東京大学）（会計）
監 事： 岡田 早苗（東京農業大学）
渡辺 信（国立環境研究所）

日本微生物系統分類研究会 事務局

〒 565-0871 吹田市市山田丘 2-1

大阪大学 生物工学国際交流センター内

Phone: (+81) 06-6879-7453

Fax: (+81) 06-6879-7454

E-mail: seki@icb.osaka-u.ac.jp

平成 14、15 年度役員ならびに事務局 (第 1 期)

会 長： 杉山 純多 (東京大学、NCIMB Japan)

幹事長： 関 達治 (大阪大学) (事務局)

幹 事： 天野 典英 (サントリー) (庶務)

江崎 孝行 (岐阜大学) (企画)

平石 明 (豊橋技術科学大学) (企画・ホームページ)

内村 泰 (東京農業大学) (集会)

横田 明 (東京大学) (会計)

監 事： 辨野 義己 (理化学研究所)

渡辺 信 (国立環境研究所)

日本微生物系統分類研究会 事務局

〒 565-0871 吹田市市山田丘 2-1

大阪大学 生物工学国際交流センター内

Phone: (+81) 06-6879-7453

Fax: (+81) 06-6879-7454

E-mail: seki@icb.osaka-u.ac.jp

3. 会則

日本微生物系統分類研究会 会則 (平成 14 年 9 月 27 日制定、施行)

(総則)

動を援助する個人または団体。

第 1 条 本会は、日本微生物系統分類研究会（英名 Japan Society for Microbial Systematics）と称する。

第 6 条 会員は、所定の手続きにより入会し、第 8 条に定める会費を納入した者とする。

第 2 条 本会の事務局は、吹田市山田丘 2-1 大阪大学生物工学国際交流センター 内に置く。

第 7 条 会員が退会しようとするときは、本会に通知しなければならない。この場合、会費の滞納があるときは、未納額を納めなければならない。

(目的および事業)

第 8 条 本会の会費は、次の通りとする。

第 3 条 本会は、過去 20 年に及ぶ「微生物化学分類研究会」、「微生物分類研究会」の活動成果を基盤にして、微生物系統分類学 (Microbial Systematics) の発展と普及を推進するとともに、会員相互の交流を図ることを目的とする。

- (1) 通常会員 年 2,000 円
- (2) 賛助会員 年 1 口 20,000 円（1 口以上）

(役員および選出方法)

第 4 条 本会は、前条の目的を達成するために、次の事業を行う。

第 9 条 本会に、次の役員を置く。

- (1) 年次大会 年 1 回。
- (2) 総会 年 1 回 通常年次大会の期間中に開催する。
- (3) その他必要と認める事業。

- (1) 会長 1 名
- (2) 幹事長 1 名
- (3) 幹事 若干名
- (4) 監事 2 名

(会員および会費)

第 5 条 本会の会員は、当面次の 2 種類とする。

第 10 条 本会の会長は、総会において選出する。

- (1) 通常会員 本会の目的に賛同する個人。
- (2) 賛助会員 本会の目的に賛同し、その活

2. 幹事会は会長候補者を推薦することができる。

3. 会長は会員中より第 9 条に定める役員を委嘱し、会務を遂行する。

4. 役員任期は 2 年とし、重任を妨げない。

第 11 条 会長は本会を代表し、会務を総括

する。幹事長は会長を補佐し、会長に支障のある時会務を代行する。幹事は本会の庶務、会計、集会などの会務を分担する。

2. 会長、幹事長、幹事で幹事会を構成し、会長が議長となる。幹事会は、随時会長が招集する。

第 12 条 監事は総会で選出する。幹事会は候補者を推薦することができる。

2. 監事の職務は、主として本会の会計状況の監査とする。通常、監査報告は総会において行う。

(総会)

第 13 条 総会は年次大会のときに開催し、また臨時に総会を開催することができる。

第 14 条 総会は、会長が招集する。その議長は、会長とする。

第 15 条 総会は、通常会員をもって構成する。

第 16 条 総会は、次の事項を議決する。

- (1) 事業計画。
- (2) 事業報告および収支決算。
- (3) 監査報告。
- (4) そのほか幹事会が必要と認めた事項。

第 17 条 総会の議決は、総会出席会員の 2 分の 1 以上の賛成を必要とする。

(会計)

第 18 条 本会の経費は、主として会員の会費で賄うものとする。会費は、第 8 条の通りとする。

第 19 条 本会の会計年度は、毎年 1 月 1 日に始まり 12 月 31 日に終わる。

(会則の改訂)

第 20 条 会則の改定は、総会に諮り、可決には出席会員の 3 分の 2 以上の賛成を必要とする。

編集後記

私の高校時代に習った教科書では生物は、動物界、植物界、原生生物界に分けられ、微生物は原生生物界に包含されていた。大学時代に五界説を経て、現在はバクテリア、古細菌（アーキア）、真核生物の3つのドメインである。ミドリムシを植物に含めて「超植物界」を唱える説も最近の話題である。この大きな変遷が現在もなされている要因に微生物の存在があげられる。微生物は動物や植物と異なり細胞が小さく、生物学的位置づけを明確にする情報が得づらいことがげられる。科学の進歩と共に解明技術も進歩し、これまで見えなかった情報も得られるようになり、微生物を巡る生物全体の位置づけが順次解き明かされ、より正確な位置づけができるよう努力がなされている。

最近の漫画本で「もやしもん（石川雅之著）」（講談社）が有名になっている。舞台は東京にある大学“農大”で、微生物学を専門にする教授とその学生たちが日本をはじめとする世界の珍しい発酵食品を引き合いに出しながら、そこで引き起こる微生物との様々な事態をコミカルに描いたストーリーである。学部学生の一人で、麴屋の息子「沢木直保」は、微生物が見えたり、手でつかめたり、さ

らには微生物とお話ができるなど、特殊な能力を持つことから、このストーリーは通常考えられないことが起こるからおもしろい。現在我々が取り組んでいる微生物分類学も、「もやしもん」のような世界であったら違った道を歩んできたと思える。

さて、今回「日本微生物系統分類研究会創立25周年記念誌」の編集委員長に携われて思うことは、現在の生物全体の系統分類学において混迷の根源である微生物の生物学的位置づけを明らかにする系統分類学の現状を語る著書「日本微生物系統分類の最近の動向」に関われたことは、私にとって千載一遇のことで大変に光栄に思っている。ただ本書の中で「細菌（バクテリア）」が収載できなかったことが残念である。しかし、細菌類は分野が多岐に亘り、また新技術の登場で細菌分類学もめまぐるしく変遷しており、現在においてもフツフツとしている状態で一気にまとめるのも大変な分野であることもご理解いただきたい。細菌（バクテリア）を収載した「同記念誌〈その2〉」を早くまとめられるよう努力したいと思っています。

編集委員長 岡田早苗
平成19年11月3日

日本微生物系統分類研究会創立25周年記念誌 日本の微生物系統分類学の動向〈その1〉

[平成13年(2001)～平成17年(2005)]

2007年(平成19年)11月1日印刷
2007年(平成19年)11月16日発行

編集者 岡田早苗(編集委員長)・中瀬 崇・辨野義己・渡邊 信
発行代表者 杉山純多(会長)

発行所 日本微生物系統分類研究会 事務局
〒565-0871 大阪府吹田市山田丘2-1
大阪大学生物工学国際交流センター内
TEL 06-6879-7453 FAX 06-6879-7454

印刷所 株式会社 サンプリント企画
〒223-0059 神奈川県横浜市港北区北新横浜2-1-12
TEL 045-540-0806 FAX 045-540-0807

