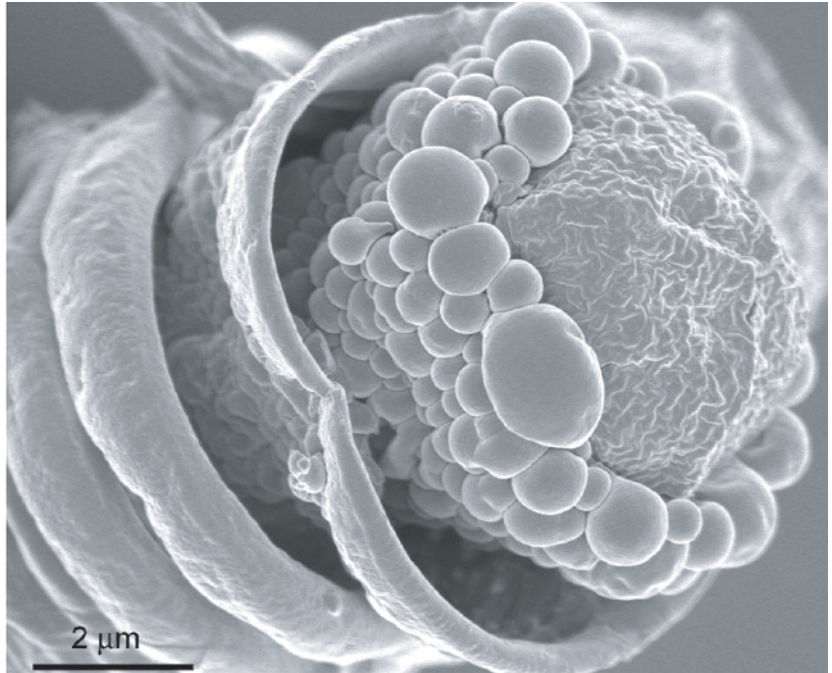
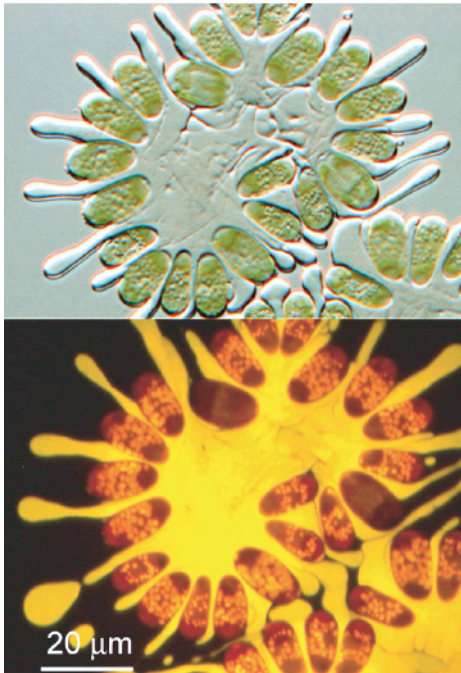


# 日本微生物系統分類研究会

## ニューズレター



### *Botryococcus braunii* (Trebouxiophyceae, Chlorophyta)

緑色植物のトレボキシア藻綱の一種。湖沼に生息し、葡萄の房状のコロニーを形成する。光合成で重油相当の長鎖炭化水素を生産し、細胞内外に蓄積することから、バイオエネルギーとしての利用が期待されている。写真左上は光学顕微鏡像。左下は炭化水素を Nile Red で染色した蛍光像。細胞内の顆粒と細胞外基質に炭化水素が蓄積されており、細胞外の炭化水素はカバーガラスの圧力でコロニー周辺へ押し出されている。写真右はコロニーを構成する細胞の走査型電子顕微鏡像。細胞周囲に炭化水素と考えられる顆粒が付着する様子が観察される。

写真・説明文：田野井孝子，河地正伸（独）国立環境研究所，NIES

巻頭言 次期会長を引き受けさせていただくにあたって

巻頭言 会長退任にあたって

特別寄稿 アイルランドのジャガイモ飢饉

研究技術紹介 製品評価技術基盤機構(NITE)における微生物ゲノムアノテーション

海外研究事情紹介 菌類DNAバーコード化の動向

書棚 『酵母のすべて 系統，細胞から分子まで』

書棚 "Introduction to Fungi, Third Edition"

書棚 『藻類30億年の自然史 藻類から見る生物進化・地球・環境 第2版』

平成19年度 日本微生物系統分類研究会総会議事録，新役員構成(第4期)，会則

第28回日本微生物系統分類研究会年次大会のご案内，会員情報，投稿のご案内

## 巻頭言

### 次期会長を引き受けさせていただくに

あたって

江崎 孝行

岐阜大学大学院医学系研究科病原体制御分野 教授

平成20-21年の期間の日本微生物系統分類系統研究会の会長をおおせつかったのを機会に、ご挨拶をさせていただきます。第27回の年次大会が富士桜荘で開催され、思いを新たにしております。富士桜荘での第3回の年次大会に私は初めて参加いたしました。以来、24年間、この会を通じて、微生物の系統分類学を学んでまいりました。今回、会長をひきうけさせていただくにあたり、駒形先生、杉山先生、および会員の方への長年のご指導に報いるために、今後は若手会員の将来をサポートする情報を発信するサービスに徹する決意であります。もともと病原細菌しか知らない私には、会長の任は責任が重いのですが、幸いこの会には原核生物、真核生物の両方の分類学を研究しておられる先生方が多数会員として参加しておられますので、ご助言をいただきながら運営してゆきたいと考えています。



原核生物と真核生物の研究者が同時に集い、議論し合う場所は少なくなりました。その意味でこの会は貴重な情報交換の場として機能させたいと考えております。新しい幹事の構成はこれまでの路線を引き継ぎ、さらに若手への移行を考えて数名の方に新幹事への就任をお願いいたしました。

新幹事には系統分類の新しい情報を発信する任務を中心に担っていただきたいと考えて学術情報委員としてご活躍いただきたいと考えています。しかし、幹事全員に専門分野の情報を収集し、newsletterとしてネット上に公開し、本学会のホームページに情報発信の場と機能したいと考えています。

ドイツで開催されたICCC11に参加し、系統分類に新しい時代が雪崩れ込んできていることを痛感しました。1980年代に16S rDNAの配列情報が爆発的な勢いで蓄積しました。さらに1990年代には全ゲノム情報が蓄積され、2000年になってメタゲノム時代が到来しました。分離培地で培養できない菌も含めて一気に16S rDNA配列をクローン化し、集団解析をおこなう手法が登場し、2005年に10万件以下であった細菌のリボゾーム配列情報が2006年には25万件、2007年には約50万件に達したとの報告がありました。分類学的に正式に記載された菌種が6000菌種しかない現状で、この数は驚異的なデータベースの膨張です。これらのリボゾームRNA配列解析の先陣を走っているミシガン大学のテイジエールは種の定義の見直しを示唆する考え方を紹介しました。もし、細菌の定義を機能を持った株として再定義すると大幅に種の数が増加する。あるいは16S rDNA配列で98.5%以上を種とみなすと別の展開があるとの考え方を披露していました。医学細菌学領域にいるものにとって後半の定義はとても受け入れられないと考えています。これまで確立した種概念を大幅に変更しなければならなくなるからです。腸内細菌科を例に取ればひとつの属の中の菌種のリボゾームRNAのSNPは2-3%程度しかなく、多くの確立された菌種は1-2%の違いしかないので、この考え方で種の定義の再構築をすれば、混乱が起きるのは明らかです。

上位分類に関しては現状の菌種が70%の共通の遺伝子を共有する集団から構成されており、属Genusを構成する菌種は

20-40%の共通の遺伝子を共有する集団として分類されているという見解を紹介していました。科Familyになると現状では共通の意味を持たせるのは無駄な努力になると言い切っていました。私はこれは若い研究者にとってチャンスだという気がします。属や科の分類に16S rDNA配列以外の分類指標を設ける有望な機会です。全ゲノム配列が蓄積してきた時代にこそ頑張りたい目標だと考えます。16S rDNA配列の違いだけで属や科の分類を論じると分類学が、生物学者にとっては味気ない数学の世界になってしまいます。一方、機能を中心に分類を論じると、選択した機能に、突然変異がおきたり、欠損がおきた菌群の分類が曖昧になります。例えば私の研究領域である病原微生物では現在の菌種の定義よりもう少し細かい分類方法が必要とされています。病原性の因子はしばしば血清型や病原型と称される菌種以下の細分類指標が必要です。コレラ菌と呼ばれる菌種には200以上の血清型がありますがコレラという病気を発症させるのは表面抗原であるO抗原の1型と139型で殆どのその他の株は軽い下痢性の食中毒をおこすか、病気を起こさない血清型で占められます。一方、O抗原の1型でもコレラ症の主因であるコレラ毒素を生産しない株であれば典型的なコレラは発症しないのです。また、応用微生物の立場で、光合成細菌というひとつの重要な機能を持つ遺伝子集団の研究をしている人にとっては、この機能を持たない菌種を同じ属に分類するのは納得がいかないことかもしれません。特定の機能遺伝子は進化の過程で欠損と水平伝播を繰り返していることがわかっています。16S rDNAと機能遺伝子分類の両方を抱合した新しい分類概念の提案が切望されています。

この研究会を新しい分類学にチャレンジを行う研究者の議論と情報を交換する場所として、大いに活用していただきたいと願っています。

### 会長退任にあたって

前会長 杉山 純多

会長退任に当り、お別れのことばと若干の個人的な所感を述べさせていただきます。

当研究会は昭和 55 (1980) 年 10 月 9 日を出発点として、毎年研究集会(設立当初は「勉強会」、その後「研究会」を経て、第 23 回以降は「年次大会」とよぶ)を開催し、さる 11 月 16, 17 日山梨県富士河口湖町船津「富士桜荘」において第 27 回年次大会を盛會裡に終えることができました。当日会場受付けで、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> を参加した会員に無料で配布しました。

研究会の四半世紀を超える歴史を振り返るとき、わたくし自身の人生ともかかわりをもってきましたので、本年末をもっての会長退任は実に感慨深いものがあります。とくに第 22 回研究会(平成 14 年 9 月東京農業大学厚木キャンパスで開催)のとき、研究会の運営形態をそれまでの世話人 3 名による「トロイカ方式」から会の名称変更(「微生物分類研究会」から「日本微生物系統分類研究会 Japan Society for Microbial Systematics」)を伴う「役員・会員制」の導入と「会則」制定を実行したことは大きな決断でした。私が初代会長に推挙され、関連達教授(大阪大学生物工学国際交流センター)に幹事長職をお願いし、このコンビで 3 期 6 年務めさせていただきました。この間、平成 15 年に研究会のホームページ<<http://wwwsoc.nii.ac.jp>> を情報・システム研究機構国際情報学研究所内のサーバー内に立ち上げ、また編集委員会を組織して昨年末には念願の「日本微生物系統分類研究会ニュースレター」の創刊号を発刊することができました。

これにより内外に向けて本会の情報発信の環境が整備されたこととなります。

第25回年次大会(創立25周年を記念として、東京大学弥生講堂・一条ホールで開催)総会の折、会長統投の条件として「再任なし」と「将来計画委員会」の設置を表明しました。昨年11月、第26回年次大会・総会(岐阜市長良川畔、ホテルパーク・コンベンションホールで開催)でその設置が了承され、関幹事長(委員長)以下4委員(江崎幹事、岡田監事、川崎幹事、高島幹事)に、(1)次期会長候補の人選、(2)研究会の方向性とあり方、(3)研究会の運営、(4)会則の検討の4項目を諮問し、さる7月19日づけで「答申書」が会長宛に提出されました。その「答申書」の全文はすでにニュースレター Vol. 2, No. 1(平成19年8月31日発行)に掲載されています。その中に新たな航海へ向けて指針・規範が示されています。

最後に、駒形和男先生(東京大学名誉教授)をはじめとする先輩の先生方、関幹事長ならびにすべての役員、年次大会(旧研究会を含む)の世話人の方々、編集委員会ならびに創立25周年記念誌編集委員会のメンバー各位のご協力に対し、厚く御礼申し上げます。今期をもって関幹事長と私は隊列の先頭から後方支援に回り、引き続き監事として、微力ながら本会の発展に寄与したいと思います。江崎孝行新会長の下、日本微生物系統分類研究会が新たな発展に向けて着実なステップを刻み続けることを祈念してここに会長退任のご挨拶といたします。長い間どうもありがとうございました。

## 特別寄稿

### アイルランドのジャガイモ飢饉

#### Irish Potato Famine

駒形和男

東京大学 名誉教授

#### 1. はじめに

アイルランド島は、ヨーロッパ大陸の北西部に位置し、アイリッシュ海を隔てて東のグレートブリテン島に接し、西、北および南は大西洋に面している。北サハリンに相当する緯度にあるが、メキシコ暖流の影響で、気候は温暖といわれている。島の面積はわが国の北海道ほどの広さである。1854年から1859年にわたりこの島を襲ったジャガイモの病気が、100万人を超える死者と100万とも150万人ともいわれる海外移住者を生み、微生物学に植物病理学という新しい分野を誕生させた。このことについて述べたい。

#### 2. アイルランド小史(1)

アイルランドのジャガイモ飢饉の被害を大きくした背景に、当時の政治的な事情があるので、アイルランドの歴史を簡単に述べることにする[1-4]。アイルランド島に人が住み着くようになったのは、約7,000年前のことで、その後、様々な民族の襲撃や侵略をへて、これらの民族と伝統が入り交じった文化が生まれた。最初の定住者はブリテン島から来た狩猟民族で、その後、紀元前3,000年頃に農耕民族が移り住むようになり、紀元前6世紀になるとケルト人が波のように侵入した。5世紀以前にキリスト教徒が島にいたといわれているが、聖パトリックによるキリスト教の布教は5世紀頃からである。

9世紀から10世紀にかけ、バイキングの襲来をたびたび受けたが、1014年にアイルランド上王(High King)ブライアン・ボール(Brian Boru)がバイキングを打ち破った後



アイルランドの位置

は、アイルランドに対する脅威は弱まった。12世紀になると、すでにイングランドやウエールズに定住していたノルマン人が侵入し、彼らはアイルランド島の広い地域を支配下に置いたが、その後は、イングランド王のヘンリー・2世(Henry)の政治権力が取

って代わった(イングランドあるいはブリテンの呼称は時代、時代で異なるが、本稿ではイングランドあるいはイギリスとした)。

16世紀初頭までに、イングランドはゲール人の襲来やノルマン人定住者のゲール化が進み、イングランドの権勢が衰えるという不安が広がった。この時期、イングランドでは宗教改革が行われ、アイルランドに住み着いたノルマン人の子孫は、オールド・イングリッシュと呼ばれ、プロテスタントの宗教改革に反対であった。宗教対立による反乱や、イングランドから新たな移民を導入しようとするイングランド国王に対する反乱などゲール人による反乱が続いたが、1603年北部アイルランドのアルスターがイングランドに陥落した。その後、アルスターは植民地となり、多くのイングランド人やスコットランド人が移住してくるようになる。1652年オリバー・クロムウェル(Oliver Cromwell)がアイルランドを平定した。彼は、カトリックを弾圧し、アイルランドは、事実上イングランドの植民地になった。このことが、後々までもアイルランドの宗教闘争に影響をあたえているといわれている。

#### 3. アイルランド小史(2)

17世紀のアイルランドは様々な政治的闘争が続いた。カトリックのオールド・イングリッシュとゲール系アイリッシュの連合側はプロテスタントのニュー・イングリッシュに制圧され、イングランド国教会のプロテスタント勢力は政治的権力や土地所有権を独占し、カトリックを差別するようになった。

18世紀になると経済がめざましい発展をとげ、プロテスタント優位の支配体制は自らをアイルランド国家と名乗るようになった。一方、イギリスと北米植民地の間で1760年代から対立が激化し、それにともない急進的な愛国主義が芽生え、ユナイテッド・アイリッシュメンが結成された。1798年ユナイテッド・アイリッシュメンは、信教の自由を保障する独立したアイルランド共和国を目指し、アイルランドで反乱を起こした。この反乱は鎮圧され、1800年の連合法によってイギリスとアイルランドの完全な連合議会が発足し、1801年グレートブリテン王国(イギリス)とアイルランド王国が合併することになるが、実質的には、アイルランドがイギリスに併合された。しかし、この時期までにイギリスは工業化と都市化が進み、その影響でアイルランドはアルスターを除いて工業が衰退した。また、アイルランドでは急増した人口の多くは、以前にも増して食糧をジャガイモに頼るようになった。1840年代の後半にジャガイモの不作が続いたが、1845年にジャガイモの大飢饉が発生した。その結果、1846-1856年の間に、アイルランドの人口は800万人から600万人へと減少した。政治面では、カトリックを差別していた刑法が徐々にゆるめられ、1829年にはカトリック教徒が議会で参政権を獲得することになった。しかし、ジャガイモの大飢饉は政治的にも大きな影響を与え、20世紀の初頭、大地主は小作人に土地を売り渡すよう促す法律が制定され、小作人に対しても土地を買い求めることができる融資制度が設けられた。

#### 4. アイルランド小史(3)

アイルランド大飢饉のあとアイルランド自治の問題はまだ解決されていなかった。1840年から1870年代に自治獲得の動きがあったが、いずれも成功しなかった。1880年代にチャールズ・スチュワート・バーネル率いるアイルランド議会党がアイルランド問題をイギリス政治の表舞台に立たせ、1886年W.E.グラットストーン率いるイギリスの自由党が、制限付きながらアイルランド自治に支持を示した。1916年復活祭にダブリンで共和国樹立が宣言され、武装蜂起が起こったが鎮圧された。しかし、反乱指導者の処刑によって一般市民に反イギリス感情が高まり、第一次大戦中アイルランドに導入された徴兵制への反対も起こり、反乱支持層は1918年の総選挙でアイルランド議会党を退け、圧倒的勝利を収めた。

選挙に大勝したシン・フェン党は、最初の議会を開き、独立戦争が起きた。1921年にイギリス・アイルランド条約が結ばれ、南部の26州は独立し、アイルランド自由国を建国し、イギリスの自治領となったが、アルスター北東部の6州は英国領となった。しかし、実効性のある自治政府が可能であるという条約受け入れ派と完全な独立を主張する共和国樹立派との間に内戦が起こった。内戦は短期間であったにもかかわらず、深刻な影響を与え、その後何十年にもわたり人々の政治的立場を規定した。1938年イギリスがアイルランドの独立を承認し、イギリス連邦の共和国となるが、1949年イギリス連邦を脱退し、アイルランド共和国として独立した。

1955年には国際連合に加盟し、1973年には欧州経済共同体(現在の欧州連合, European Union)に加盟し、現在にいたっている。ちなみに、わが国の外務省はイギリスの正式国名を英国(グレートブリテン及び北アイルランド連合王国, United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland)としている。なお、英名の略記はUnited Kingdomであり、UKである。

#### 5. アイルランドとジャガイモ

世界の大文明の設立は、主要作物の栽培に成功した人々によってなされている。東南アジアでは、それは米であり、ヨーロッパでは小麦とライ麦であり、中央アメリカとメキシコはトウモロコシである。南アメリカのインカは、アンデス山脈の4000メートル以上の谷や寒冷地に生育する植物を育てていた。この植物は地上・地下に茎をもち、地下茎は塊茎といわれ、栄養値の高いものである。インカはこれをPapasといい、われわれがいうジャガイモである。彼らはこれを食糧としてインカ文明を作り上げた。今日でも、ジャガイモは、米、トウモロコシ、小麦につぐ世界第4の主要作物で、世界の人口の1/5はジャガイモを主要食糧としている[4-6]。

ジャガイモは16世紀の中頃スペイン人によりヨーロッパにもたらされ、16世紀後半イギリスに入り、その後、アイルランドに普及した。当初ジャガイモは有毒植物とみなされ、食糧にはされなかった。むしろ、異国の植物として珍重され、マーリ・アントワネットはジャガイモの花を髪飾りにしたといわれている。また、ジャガイモを食べるとガスで胃腸が張り、鼓腸になると信じられたが、家畜の餌としたところ無害であることがわかり、人に適した食物として受け入れられるようになった。なお、わが国には1600年頃、現在のインドネシアのジャカルタ港より運ばれたので、当初ジャガタライモといわれたが、これが変化してジャガイモとなった。

ジャガイモがアイルランドの低温・多湿の環境に適していることがわかり、普及した。10人家族の一家は、1ヶ月に1トンのジャガイモを必要とし、成人1人がバターミルク

を補い、1日9ポンド(約4.1キログラム)から14ポンド(約6.4キログラム)のジャガイモを食べたといわれている。フィンセント・ファン・ゴッホは、1885年“馬鈴薯を食べる人々”を画いている。この絵は、彼の初期のもので、かなり暗い印象を与える。後年、彼が日本の浮世絵に影響され、奔放ともいえるタッチで強烈な色彩の絵を画いたとは思えない。ランプの下でジャガイモを食べている一家の姿から、当時の農家が想像される。18世紀ごろ、アイルランド人が食べていたジャガイモの量を、現在われわれがスーパー・マーケットで買ってくるジャガイモと比較してみた。小ぶりのジャガイモ1ヶは約80グラムであるから、当時のアイルランドの成人男子は、これを1日当たり52個から80個、1食当たり17個から27個食べていたこととなる。ジャガイモは、澱粉、蛋白質、食物繊維にとみ、特にビタミンCは熱に安定で、優れた食物である。それにしても、これだけに頼っていたということは他の理由を考えなくてはならない。

アイルランドは、その歴史が示すように、常に隣国の侵略に対抗し、戦ってきた。アイルランドは伝統的にカトリックの国であったが、隣国イングランドでプロテスタントの勢力が強まると、カトリック勢力のアイルランドとプロテスタントの勢力としてのイングランドとの対立が決定的なものとなる。そして、17世紀オリバー・クロムウェルはカトリックの支配するアイルランドを武力で平定した。この際、大虐殺が行われ、カトリックが所有していたほとんどの土地が没収された。さらに、カトリックの権利を大幅に制限するカトリック刑罰法(Penal Laws)が発令され、カトリックは軍事、商業、就学、公職に就くことが禁じられ、投票権も奪われ、土地の購入も制限された。一方、クロムウェルは、配下の一部の将校たちに給与の代わりに土地を与えた。イングランドによるアイルランドの植民地化はプロテスタントの地主に土地の95%を支配する権利を与えた。実際は、彼らはアイルランドには定住せず、「不在地主」であった。彼らは、土地を5エーカーごとに分割し、不動産業者に貸し、小さく分割された土地はさらに高い利息で転借することができた。このような社会制度の下、アイルランド人は小作人となり、狭い土地を耕し、床も窓もなく、ただドアと煙抜きのついた(煙突はない)泥塗りの家に住んでいたという。わずかな現金収入は、ジャガイモを餌とする豚の売り上げくらいのものであった。資料を調べれば、調べるほど、彼らの生活の悲惨さに胸をうたれ、当時の地主階級の搾取は、まさに苛斂誅求(かれんちゅうきゅう。人民の側の事情を無視して、一方的に無理やり税金と取り立てること:新明解国語辞典 三省堂)そのものと思える。一方、不在地主はアイルランド人から地代をとりあげ、贅沢の生活を送ることになった。当時、アイルランドは小麦の生産も行われていたが、すべてがイギリスの不在地主に送られていた。ジャガイモは、低温・多湿のアイルランドの痩せた土地でも収穫があり、冬を越せる作物であった。しかも、イングランドの不在地主に送らなくともよい農作物であった。このことが、最悪の土地にしがみついたアイルランドの貧農がジャガイモ頼らざるを得なかった理由の一つである[4]。

#### 6. おかしな霧(もや) queer mist

1845年の9月、おかしな霧がアイリッシュ海を渡ってアイルランドにやってきた。そして、ジャガイモの茎が急に煤(すす)のように黒変し、葉がカールし、悪臭を発生しながら腐り始めた。その悪臭は数マイルにわたり拡がり、約40%のジャガイモが全滅した。被害の最も大きかったところの小作とその家族は、ジャガイモを求めて狂気のようにボッグ(アイルランドの湿原)を走り回った。彼らは、腐った

ジャガイモを洗い、残った部分をすり下ろして粉にした。子供たちは、森に入りナッツとベリーを求め、シダやタンポポの根を探し、土を掘り、木の皮や葉を食べた。小川でウナギやマスをとって、貧農はとぼとぼと海岸まで歩き、その岩から貝や海藻をはがしとった。目の前の海から魚を獲るうにも漁具も舟もなかった。多くの人たちが毒のある植物を食べて死んだ。それでも、この大飢饉は彼らに食べられるものは何でも食べよと強いたのである。イングランドの政府もこの惨状を見逃すことができず、調査委員会を発足させたが、この原因を見いだすことはできなかった(4)。

この不作はジャガイモに限られ、以後3年におよぶ大凶作が続いた。1845年は、小麦は例年のように収穫できたが、この小麦は不在地主のところに送られた。当時、イングランドの小麦の値段は、1815年に制定された穀物法(Corn Law)によって高値が安定するよう決められ、海外からの小麦には高い関税がかけられていた。従って、アイルランドに広い土地を持つ不在地主にとって、小麦は高収入を得る格好の商品作物であった。これも、アイルランドの小作農や貧農が塗炭の苦しみを味わわねばならなかった理由の一つである[7]

### 7. 浮かぶ棺桶船 (coffin ships)

1660年のアイルランドの人口は50万人であったが、1688年には2倍となり、125万になった。さらに、1760年から1840年の間に800万人となった。当時のアイルランドのジャガイモの収量は約1500万トンで、そのうち700万トンが人間の食糧で、500万トンが家畜の餌に使われていた。残りの20万トンは種イモ、25万トンが輸出されていた(7)。これだけのジャガイモが全滅したのであるから、その影響は計り知れない。その惨状はすでに述べたが、餓死するもの、コレラ、チフス、回帰熱などで死亡するものが100万人といわれている。イングランド政府は、この飢饉に対して米国よりトウモロコシを輸入し、アイルランド人に支給したが、アイルランドの人たちは、トウモロコシを調理することを知らず、効果はなかった。余談であるが、ヨーロッパではチフスといえばコロモジラミをベクターとする *Rickettsia prowazekii* による発疹チフスのことである。一方、わが国では *Salmonella* によるチフスが主である。発疹チフスは、死亡率が高く、10~40%である。1812年ナポレオンは大軍を率いてロシア遠征を行ったが、モスクワに到着する前に全軍の三分の一が発疹チフスに斃れた。その退却に際し、3万人の捕虜のうち2万5千人が発疹チフスで死亡した。また、第一次、第二次世界大戦においてヨーロッパで大流行を起こし、数百万人にのぼる死傷者をだした。わが国でも、第二次大戦直後、発疹チフスが流行した。そのさい、DDTがコロモジラミの駆除に用いられ、多くの人々がその散布で衣服を白くしたことは当時の写真に残されている。しかし、1955年以降発生していない。

このような状況のもと、アイルランドの人々が生き延びる途は、海外へ移住することであった。極貧の者たちはイングランドへ、少し余裕のあるものは大西洋を越えて米国、カナダに移住した。しかし、大西洋を渡る船は、客船ではなく、通常は木材や家畜の運搬船で、調理場もなく、病人を収容する船室もなく、正常なトイレもなかった。不潔さと悪臭はいいようもなかった。通常の客船が45日かかる航海を2ヶ月もかかった船があったといわれている。旅客の多くはシラミを持っていたため、チフスが蔓延し、渡航者のわずか1/5が生き残ったに過ぎなかった。高い死亡率からこれらの船は棺桶船 (coffin ships) といわれ、約100万から150万にもおよぶアイルランド人が海外に移住し、二度と帰ることはなかった。その結果、アイルランドの人口は800万人から600万人に減少し、現在でも、北アイルラ

ンドとアイルランドの人口を併せて、約550万人である。いかに、このジャガイモ飢饉の被害が大きかったか想像できよう[4, 8-9]。

米国に移住した移民は、ボストンやニューヨークに住み、辛酸をなめたが、実直な性格のため警官などの職につくものも多かった。現在の米国民の10人に1人はアイルランド系といわれている。米国大統領であったJ. F. Kennedyの曾祖父もアイルランド移民の一人である。

### 8. 元凶は誰か

アイルランドのジャガイモ飢饉は、当時、稼働し始めた蒸気機関車のだす静電気のせいであるとか、地球の中心から生じる邪気 (mortiferous vapors) が火山をとおしてでてくるせいであるという荒唐無稽の説が噂された。また、カトリックは、悪い地主や仲介人に対する裁きが下ったと考え、イングランドでは、ジャガイモに間違った依存をしている貧困を断ち切り、アイルランドを立て直すために天から送られた祝福のメッセージとさえいわれた。

1846年 Miles J. Berkeley は、罹病したジャガイモの葉の表面に白いフェルト状のもの (カビの生えたパンに似ている) を顕微鏡により観察し、これがジャガイモを腐らせる原因であると主張した。彼の報告に先立つこと1年前、1845年フランスの退役陸軍軍医の J. F. C. Montagne は、ジャガイモの疫病菌を *Botrytis infestans* と命名した。カビによる植物の病気説 ("fungalist theory") は、Edouard Prévost (1807年、*Tilletia* による小麦の黒穂病)、von Martius (1842年、*Fusarium coeruleum* によるジャガイモの乾腐「dry-rot」) らによって主張されたが、当時の学会の体制派に認められなかった。



Rev. Miles Joseph Berkeley

Ainworth, G. C. Introduction of the History of Mycology (1976)

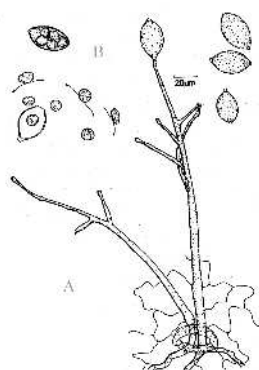
1861年ドイツの菌学者、Heinrich Anton de Bary は、ジャガイモの腐敗がカビによることを明らかにし、これを *Phytophthora infestans* - 植物の破壊者 - と命名した。彼は、このカビの働きを明らかにするために、簡単な実験をおこなった。ポットに健全なジャガイモを植え、これを2つのグループに分けた。1つのグループは、カビの胞子をジャガイモの葉に振りかけ、もう一つのグループは胞子がつかないようにそのままにしておいた。この二つのグループは、冷えた、湿度の高い環境におかれた。数日後、カビを接種したジャガイモの葉に疫病の徴候である斑点が見られたが、対照のジャガイモには病徴は現れなかった。de Bary は、雨が胞子をはねたとき、顕微鏡的な小さな胞子が風に運ばれ疫病がおきることを示唆した。このようにして、感染が植物から植物へ、畑から畑に、国から国へと拡がるのである。このカビこそ、アイルランドのジャガイモ飢饉の元凶であったのである[4]。

当時アイルランドの農民は、lumper というジャガイモの品種を栽培していた。それは、なにより収穫がよかったためである。不幸なことに、この品種は新興の微生物 -

*Phytophthora* - に抵抗性がなかった。抵抗性のない同一品種の単作がアイルランド農民をどん底の生活に陥れたのである。アンデスの原住民でさえ、一つの畑にいろいろの品種のジャガイモを混栽するとう伝統があったというのに、アイルランドの農民は単一の品種しか栽培していなかったのである。この事実は、種多様性の重要性を物語るなにもでもないのである[10]。

de Bary の正確な実験は、植物の病気がカビという微生物によって発生するという新しい理解に至り、植物病理学が誕生した。今日、de Bary と Berkeley の先駆的な研究はまれにしか引用されない。彼らの実験が L. Pasteur の胚種説 (germ theory) に先立って行われたことが理解されるようになったのは、この四半世紀のことである。de Bary は近代菌学の創始者といわれている[4]。Berkeley は、その後充実した生涯を送り、英国菌学の父といわれている[4, 10]。

現在、このジャガイモの病気は late blight と名付けられている。blight は 胴枯病を訳されているが、ジャガイモの late blight は、植物病理学の成書で“ジャガイモの疫病”と記載されているので、本稿ではこの言葉を用いることとする[11]。



*Phytophthora infestans*:  
A. ジャガイモの葉の気孔から生じた孢子嚢。B. 孢子嚢の内容物の分割と遊走子の離脱。

椿啓介他訳 ウェブスター菌類概論 (1985)

このカビが、どのようにしてジャガイモに侵入するか、I.W. Sherman の記述にしたがって述べることにする[4]。ジャガイモの疫病の徴候は、最初葉に黒褐色の斑点として現れる。湿った条件では、この斑点は速やかに拡大し、刺激性のある異臭を発する。肉眼ではなかなか見えない白いもやもやしたものがこの斑点となる。これは、最初 Berkeley が観察した長い繊維状のものとなる。さらに網状に拡がり、植物組織に侵入し、カビはジャガイモの栄養に富む樹液を取り込み、文字通り葉と茎が乾くまで吸い取る。これには、3-5 日かかる。繊維の先端では、膨らみが生じ、その中に顕微鏡的な大きさの孢子が現れる。その結果、何百万の孢子が葉の上の生ずる。孢子は発芽し、菌糸は気孔をとおして葉の中に侵入するか、葉の組織はカビの生産する消化酵素で分解される。湿った、冷たい条件は孢子の形成に有利に働く。どうして、葉上の疫病菌が土の中のジャガイモを腐らせるのか? de Bary は健全なジャガイモを土に埋め、土の表面に孢子が落ちるように葉を振り、さらにそのうえに雨が降るように静かに水を撒いた。そして、土から掘り出されたジャガイモはやはり腐っていた。明らかに、収穫時何百万の孢子は、葉から洗い流され、そして塊茎に感染する。その皮は打ち身のように褐紫色に変色し、顕微鏡的な大きさのカビの菌糸は塊茎に侵入し、塊茎は腐り始める。*Phytophthora* による乾燥した腐敗は、続いて土の中の微生物によるじくじくした腐敗に変わる。

ジャガイモの疫病菌にもう一つ理解できないことは、どうしてこのカビが寒い冬を越せるかということである。土の中で越冬するのか、塊茎のなかで越冬するのか? 凍結した条件では菌糸は低温にたいして脆弱であることが知られ

ている。塊茎のなかではカビは低温から守られ、生き残ることができる。塊茎のみが冬をこすので、疫病菌に感染したジャガイモは種イモとして翌年の感染源となる。事実、1ヶの感染したジャガイモが 2.5 エーカーの感染源となるという。*Phytophthora infestans* は複雑な生活環を持っているので、いろいろな生き残り戦略をもっていると考えられる。

*Phytophthora infestans* は、鞭毛を有し、水中を泳ぐ卵孢子 (oospores) をつくる。しかし、有性孢子卵孢子が発見されたのはかなり遅く、1911 年 G. P. Clinton がメキシコより分離した菌株を用いて発見した。*Phytophthora infestans* は、かつては藻菌類 (Phycomycetes) あるいは鞭毛菌類 (zoosporic fungi) といわれていたが、近年の系統学的研究により、現在では菌類 (Fungi) とは異なるストロミニピラ界 (Straminipila) の卵菌門 (Oomycota) に含まれている (12, 13)。

## 9. *Phytophthora infestans* のヨーロッパへの渡来

*Phytophthora infestans* によるジャガイモの疫病は、どこからヨーロッパへ渡来したであろうか。それには、3 つの説があるようである。一つは、19 世紀の中頃、メキシコから米国に渡り、それからヨーロッパに渡ったという説。二つ目は、ペルーの近くのアンデスから米国とヨーロッパに渡ったという説。最後の説は、メキシコからペルーに渡り、それから米国とヨーロッパに渡ったという説である。ジャガイモの疫病は、1843 年米国の東海岸で確認されている。そして、1845 年 5 月にベルギーで発見され、次第にヨーロッパ全土に拡がり、7 月にはアイルランドに及んでいる。いずれにせよ、北米が南米からジャガイモの塊茎についてきたというのがおおかたの意見である。*Phytophthora infestans* は、ヘテロタロリックで A1 と A2 の交配型があり、A1 だけがヨーロッパに渡り、そこで無性生殖により増殖してたと考えられていた。

1970 年代の後半、ヨーロッパの国々は、干ばつによりメキシコを含む海外からジャガイモを輸入せざるをえなくなった。そして、再びメキシコから *Phytophthora infestans* が渡ってきた。その後の 20 年の間に、A2 交配型が見いだされ、多くの論文が出版されるようになった。二つの交配型の存在は、性的交雑の可能性を開き、病原体の集団のなかの old genotypes が次第に多様な new genotypes に置き換えられる結果となった。1845 年から 1970 代の間に、*Phytophthora infestans* がヨーロッパに渡ってきたという証拠がないので、このカビの渡来についての話がもつてきた。

2004 年、K. J. May と J. R. Ristaino は、世界 35 ケ国のハーバリウムから、ジャガイモ疫病菌に感染したジャガイモとトマトの葉、186 点の試料を蒐集し、*Phytophthora infestans* に特異的な rDNA の断片を増幅し、試料の 90% が *Phytophthora infestans* に感染していたことを認めた[14]。また、ミトコンドリア DNA のハプロタイプ (mt DNA haplotype) がクローンの子孫を調べるのに適していることに注目し、これらの試料を解析した。そして、歴史的な大流行のあった試料の 86% は Ia mtDNA haplotype に感染しており、これが 19 世紀、英国、ヨーロッパ、米国でおきたジャガイモ疫病にかかわっていると述べている。一方、Ib mtDNA haplotype は、ポピリアとエクアドルの試料より見いだされた。この haplotype は、Ia mtDNA haplotype より生じ、20 世紀のはじめに拡がったと述べている、1940 年代から 1960 年代に、メキシコ以外の地域に複数の haplotype が存在し、*Phytophthora infestans* の多様性は、いままで考えられているより大きいと結んでいる。驚いたことに、イギリスの The Royal Botanic Gardens Kew Mycological Herbarium に保存されていた試料の中に、1845 年フランス

で採集・保存されたもの、1847年イングランド、1851年米国、1855年ドイツ、その他の試料が含まれていたことである。また、米国の The USDA National Fungus Collection には 1874年イタリアで採集された試料も含まれている。

## 10. おわりに

アイルランドの人口を 200 万人、あるいはそれ以上も減少させることになった微生物、*Phytophthora infestans* に興味をもって資料を調べ始めた。しかし、調べれば、調べるほど、数千年にわたる歴史の中で、アイルランドの人たちの被った被害は、征服者と被征服者の関係と宗教による差別が地主と小作人を生み、その政治問題化にあることが生々しく迫ってきた。1649年クロムウェルがアイルランドを侵略し、残虐の限りを尽くした頃、わが国では鎖国が完成していたのである。

微生物によるヒトの疾病が、人間社会に及ぼした影響の著述には枚挙にいとまがない(岡田晴恵:感染症は世界史を動かす。ちくま書房、2006。など)。しかし、微生物による農作物の被害が人間社会に及ぼした影響は“アイルランドのジャガイモ飢饉”ほど大きなものはないであろう。第一次大戦下、ドイツもジャガイモの疫病に見舞われ、その結果、食糧に困窮した。戦線の兵士は故郷の家族のことを憂い、戦意を喪失したといわれている。微生物学の分野に植物病理学という分野を誕生させた背景にこのような悲惨な歴史があったのである。

一方、新しい科学技術の開発は、150年も前の飢饉の微生物の追跡を可能にした。それにもまして、考えさせられることは、150年も前の罹病植物の標本をずっと保存していた国のあることである。文化というものはこのような背景があってこそ生まれるもので、一時の流行によって左右されるのではない。微生物学の基礎ともいえる微生物株の保存もまた同じである。

## 引用文献

1. アイルランドの歴史 アイルランド大使館東京。  
<http://www.irishembassy.jp/ireland/history.html>
2. アイルランドの歴史。  
<http://www.globe.co.jp/information/history/hsitory-1.html>
3. アイルランド-Wikipedia. <http://ja.wikipedia.org/wiki/アイルランド>
4. Sherman, I. W. 2007. The Irish potato blight. p.19-32. In Twelve diseases that changed our world, ASM Press, Washsington, D.C.
5. ジャガイモの遠い旅. <http://www.asahi-net.or.jp/>
6. ジャガイモ-Wikipedia. <http://ja.wikipedia.org/wiki>
7. 有賀 弘 1999. 哀しみの馬鈴薯 アイルランド紀行(2). UP 326号, p.32-37, 東大出版会
8. The history of place, Irish potato famine.  
<http://www.historyplace.com/worldhistory/famine/index.html>
9. Irish potato famine-Wikipedia.  
[http://en.wikipedia.org/wiki/Irish\\_Potato\\_Famine](http://en.wikipedia.org/wiki/Irish_Potato_Famine)
10. Griffith, G. 2007. *Phytophthora*: a blight on Ireland, *Microbiology Today*, **34**: 12-15.
11. 奥田誠一 他 2005. 最新植物病理学. 朝倉書店, 東京, p.186-187.
12. 杉山純多 編 2005. 菌類・細菌・ウイルスの多様性と系統. 裳華房, 東京, p. 397-398.
13. Webster, J. and Weber, R. W. S. (2007) Introduction to Fungi, 3rd edition. Cambridge Univ. Press, Cambridge, p. 37-39.
14. May, K. J. and Ristaino, J. B. 2004. Identity of the mtDNA haplotype(s) *Phytophthora infestans* in historical specimens from the Irish Potato Famine. *Mycol. Res.* **108**: 471-479.

## 研究技術紹介

### 製品評価技術基盤機構 (NITE) における 微生物ゲノムアノテーション

谷河 聡

独立行政法人 製品評価技術基盤機構 バイオテクノロジー  
本部 ゲノム解析部門 ゲノム情報解析課

#### 1. はじめに

製品評価技術基盤機構 (NITE) は応用微生物分野の産業の振興のため、産業有用微生物等の収集・保存・提供を行う生物遺伝資源機関 (NBRC) を整備するとともに、有する微生物株の中からリファレンスとして重要な株のゲノム解析を実施することにより生物遺伝資源の先端的かつ効率的な利活用のための環境整備を進めている。

ゲノム解析は 1995 年に米国のゲノム解析機関 TIGR による *Haemophilus influenzae* Rd (KW20) の全ゲノム塩基配列が世界で初めての成功例となった[1]。遅れること 3 年、1998 年に NITE でも、*Pyrococcus horikoshii* OT3 のゲノム解析に成功し、世界で 15 番目、日本の単独の機関としては 2 例目となる全ゲノム塩基配列を公表した[2]。その後、8 株のゲノム情報を公開したほか、30 数株のゲノム解析を実施しているところである。

(<http://www.bio.nite.go.jp/ngac/project.html>)

今回は NITE で実施するゲノム解析の方針とゲノム塩基配列決定後のアノテーションについて、概要をご紹介します。

#### 2. ゲノム解析の対象微生物の選定

21 世紀に入り急速にゲノム情報の整備が進み、現在ではバクテリア、アーキアに限っても、700 株近いゲノムの全塩基配列が利用可能となり、1,400 を超える株のゲノム解析が行われている[3]。しかし、これまでの解析対象は病原菌や一部の微生物群に集中しており、微生物の系統や機能の多様性を十分に反映したものではなかった。

このため、NITE では NBRC が収集・保存する微生物株の中から、学術上もしくは産業上のリファレンスとして重要なものについてゲノム解析を実施することとした。

##### A. 系統分類学上の基準となる株

比較ゲノム解析やメタゲノム解析のためのリファレンスを整備するため、系統分類学上の基準となる株であって、我が国の特徴的な資源を中心に解析する。

例) *Gemmatimonas aurantiaca* T-27 株 (NBRC 100505)

*Deferribacter desulfuricans* SSM1 株 (NBRC 101012)

##### B. 潜在的な利用価値の高い微生物群を代表する株

我が国が伝統的な強みを有する醗酵・醸造食品に利用されてきた菌や、多彩な代謝産物を生産する放線菌、糸状菌等、あるいは極限環境、特殊環境に生息し、環境に適應するため特殊な能力を有している微生物群で、産業利用のリファレンスとなりうる株を解析する。

例) *Saccharomyces cerevisiae* きょうかい 7 号株 (NBRC 101557)

*Actinoplanes missouriensis* 431 株 (NBRC 102363)

#### 3. アノテーションの意義・目的

古くから研究されてきた大腸菌や枯草菌のようなモデル生物では、遺伝学的手法をはじめとした様々な手法を用いて、長い年月をかけて、多様な生物機能(物質代謝、エネルギー代謝、輸送、情報伝達等)とそれらに關与する遺伝子・タンパク質、それらの制御機構等が明らかにされてきた。その結果、ゲノム塩基配列から予測されている遺伝子

の総数の6~7割の機能が明らかにされている。しかし、他の多くの生物では、ごく僅かな数の遺伝子が明らかであるか、または、全く遺伝子に関する知見がないというのが実態である。特に、培養が困難な微生物では従来のアプローチではその生物が持つ遺伝子を調べることはほとんど不可能に近い。このため、ゲノム解析により、その生物の遺伝子レベルでの特徴を明らかにすることは、その生物やその生物が含まれる分類群に属する生物の機能の活用を図る上で、極めて有用である。

しかし、ゲノム全塩基配列を解読しただけでは、A, T, G, C が数百万個並んだ文字列が得られるだけである。ゲノム情報を利用するためには、ゲノム上のどこに遺伝子があるか、その遺伝子はどのような機能を持つのかを明らかにする必要がある。配列に対して有用な情報を注釈付けるという意味で「アノテーション」と言われている。

アノテーションにより多くの情報を得ることができ、その結果をまとめてみると図1のような細胞の模式図が得られる。

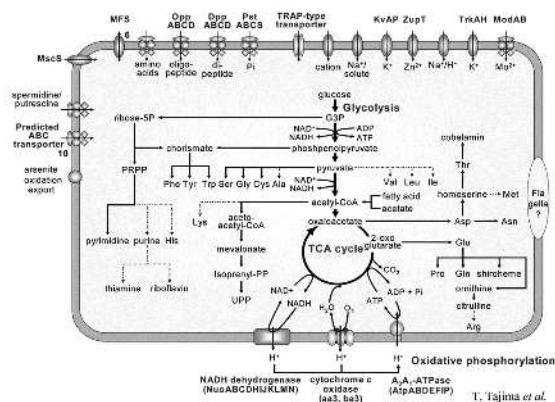


図1 アノテーションから得られた細胞の模式図

**(1) 遺伝子領域予測**

まず、ゲノム上の「どこに遺伝子があるか」を明らかにする必要があります。

rRNA, tRNA 等の RNA 遺伝子は既知遺伝子との配列の類似性によって予測することができる。

次に, GRIMMER 等の ORF 予測ツールを用いてタンパク質をコードしている遺伝子の予測を行う。現状の予測ツールは 90 数%の精度で予測が可能であるが、誤予測が含まれているので、チェックが必要である。また、ツールで ORF の開始位置を正確に予測するのは困難であり、このため、NITE では、複数のツールの予測結果と予測されるアミノ酸配列の既知タンパク質とのホモロジー等を確認しながら、正確な遺伝子領域予測を目指している。

**(2) 遺伝子機能予測**

タンパク質をコードする遺伝子については、遺伝子領域予測を行った後に、予測される遺伝子産物のアミノ酸配列を用いて、次に示すような種々のデータベースに対する検索やツール解析を行い、これらの結果を用いて、機能予測を行うことになる。

- ・ UniProt 等の網羅的なタンパク質データベース
- ・ MEROPS 等の機能ごとに作成されたタンパク質データベース
- ・ InterPro 等のタンパク質ファミリー等データベース
- ・ SignalP 等のタンパク質局在予測ツール

機能予測は、ある程度、機械的に予測すること(オートアノテーション)は可能である。しかし、オートアノテーションでは、タンパク質データベースなどに対する検索結果に画一的なクライテリアを設定することになるため、誤

予測を多く含む結果となる。また、どのデータベースにも誤予測の結果や更新されていない古い情報が含まれているため、これらも予測の信頼性に影響を与えることとなる。

このため、高品質なアノテーションを付与するためには、専門家(アノテータ)がコンピュータ処理の結果を検証する作業が不可欠となっている。NITE では、アノテータが一つ一つの遺伝子に対して、それらが既知の遺伝子なのか、新規の遺伝子なのか、既知の遺伝子とはどのような類似性を有するのかなどの機能情報を付与するマニュアルアノテーションを行っている。

更に、複合タンパク質であれば、サブユニット構成がどうなっているのか、代謝関係の遺伝子であれば、代謝経路はどうなっているのか等まで踏み込んで検討している。また、近縁種のゲノム解析が終了している場合には、近縁種のゲノムとの比較により、そのゲノムの特徴を抽出することにも取り組んでいる。

NITE では、十数名のアノテータによりマニュアルアノテーションを実施しているが、共同研究によりその微生物や遺伝子を専門とする研究者の知見を取り入れることとし、既知見が十分に反映されたアノテーションを目指している。

**4. アノテーション支援システム**

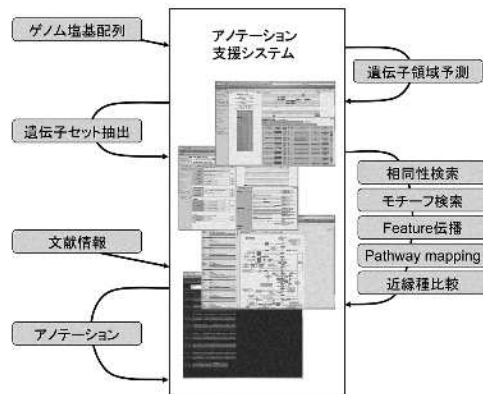


図2 NITE アノテーション支援システムの概要

表1 NITE アノテーション支援システムのデータ項目

ツールによる予測・検索結果	アノテーション情報
遺伝子領域予測結果 GLIMMER, GenMark,...	Product
相同性検索結果 UniProt, MEROPS, 近縁種DB,...	Gene name
モチーフ検索結果 InterPro	EC number
Feature情報 タンパク質局在予測,...	Functional category
参照エントリのアノテーション情報 (文献情報を含む)	Annotator's comment
Pathway mapping KEGG PATHWAY	Evidence (accession, Pubmed,...)
近縁種ゲノムとのシンター KEGG GENES, NCBI RefSeq,...	Pathway mapping
	Sequence feature (Active site,...)

など

アノテーションは、上述のように既知タンパク質との配列の類似性、モチーフ情報などの多様な情報をアノテータが検証する作業が不可欠である。アノテーションを効率化するために、各種の情報を図や表を用いて見やすく表示することやアノテーションを決まったフォームに入力し、情報を一括管理することでアノテータが過去のアノテーションの過程や結果を共有・参照することが必要であるため、NITE では、高品質なアノテーションを決定するための支援システム(図2, 表1)を開発した。



## 5. 得られる成果と情報の公開

ゲノム解析により、数千から1万数千の遺伝子が見出され、このうちの半数程度の遺伝子は機能の予測が可能である。一方で、そのゲノムに特有な遺伝子が1~2割程度は見出せる。

遺伝子機能予測をもとに、系統分類を行う過程で明らかにされた細胞成分や栄養要求性に関連する遺伝子があきらかとなり、代謝経路の予測も得られる。また、それまでに観察されていない新たな機能が示唆されることがある。その微生物が有する特殊な機能についても、関与する遺伝子の候補をリストアップすることも可能である。

これらのアノテーション情報(参考文献を含む)は、NITEで開発したゲノム情報データベース DOGAN(<http://www.bio.nite.go.jp/DOGAN/>)により web 上で公開され、また、日本 DNA データバンク (DDBJ) 中にも登録され、アクセスが可能である。

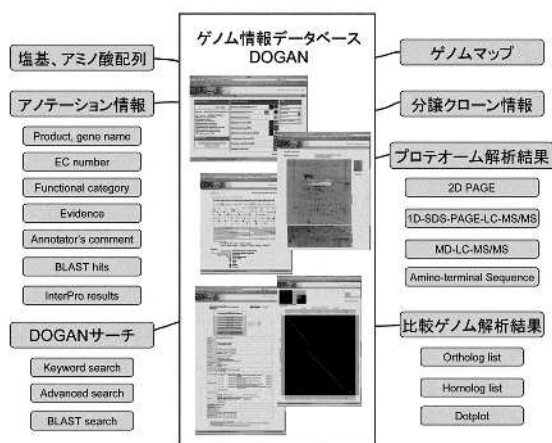


図3 ゲノム情報データベース DOGAN

## 6. おわりに

NITE では、適切な解析対象を選定するために広く意見を求めています。

また、ゲノム解析を効率的に実施し、多くのゲノム情報を整備するためにも共同研究が必要であるため、ゲノム解析に着手する時点で共同研究者の公募を行っています。共同研究者には、培養やアノテーション等の段階でご協力をお願いしています。

## 引用文献

1. Fleischmann RD, *et al.* 1995. Whole-genome random sequencing and assembly of *Haemophilus influenzae* Rd. *Science*. 269(5223): 496-512.
2. Kawarabayashi Y, *et al.* 1998. Complete sequence and gene organization of the genome of a hyper-thermophilic archaeobacterium, *Pyrococcus horikoshii* OT3. *DNA Res.* 5(2): 55-76.
3. <http://www.genomesonline.org/>

## 海外研究事情紹介

### 菌類 DNA バーコード化の動向

- 2nd Workshop on DNA Barcoding of Fungi (17 Sep 2007,

Taipei, Taiwan)に参加して-

安 光得

(株) テクノスルガ・ラボ NCIMB グループ

e-mail : kan@tecsrg.co.jp

菌類 DNA バーコード化とは、短い汎用性のある遺伝子の配列を調べることで、生物の種類を簡単・迅速に識別するようにしようというものである。DNA バーコードの始まりはカナダのゲルフ大学 (University of Guelph) の Paul Hebert 博士らが 2003 年に発表した “Biological identifications through DNA barcodes [1]” と言われている。その後、ワークショップでの議論を重ねてミトコンドリアゲノムにコードされる COI 遺伝子の部分塩基配列 (648bp) が、高等動物における DNA バーコード化の有力なマーカーとして決定された。DNA バーコード化の中心組織は Consortium of the Barcode of Life (CBOL) [2] である。

高等生物につづき菌類研究者からも菌類バーコード化に関心が集まって来ている。菌類バーコード化による効果は様々な方面から考えられる。例えば、有害菌であるかいなかを簡単・迅速に識別することで有害菌の侵入および拡散を防げること、種内の多様性研究および未知の種の検出などが挙げられる。さらに、各国の生物資源としても活用できる。

菌類バーコード化の本格的な動きは今春、米国のバージニアで開催された All Fungi Barcode of Life Planning Workshop (13-15 May 2007, Smithsonian Conservation and Research Center, Front Royal, Virginia) からである。筆者は今年 9 月に台湾で行われた All Fungi Barcoding Second Planning Workshop (18 Sep 2007, Academia Sinica, Taipei, Taiwan) に参加する機会を得た(図 1)。両国際研究集会の要点としてはまず、菌類をバーコード化するために標準遺伝子領域について議論された。DNA バーコード遺伝子は「多コピーであること、強力なプライマーサイトを持つこと、種間の違いを表すことなど」が条件である。菌類 DNA バーコード化の候補としては COI, LSU, ITS などが挙げられ、それぞれの長所・短所が議論されたが最終的には ITS が中心になることに参加者は同意した。もちろん、一つの遺伝子で菌類全般をバーコード化することはできないため、

まだ議論を重ねていく必要はある。筆者は以前から菌類特異的な遺伝子である *lys2* (ジアミノピメリン酸還元遺伝子) 遺伝子について本研究会でも発表してきた。今回の集會でも *Penicillium* および *Aspergillus* を対象に *lys2* 遺伝子を用いたバーコード化の有効性について発表し、参加者と有意義な意見交換ができた。このことは米国菌学会 (MSA) のニュースレターで Amy Rossman 博士から紹介されている「Report of the Planning Workshop for All Fungi DNA Barcoding」

([http://msafungi.org/wp-content/uploads/Inoculum/58\(6\).pdf](http://msafungi.org/wp-content/uploads/Inoculum/58(6).pdf)) の中にも書かれている。一方、菌類 DNA バーコード化に伴い分子情報データ管理についても議論された。現在、菌類はおおよそ 8 万 ~ 12 万種が知られているが、それらを網羅する分子情報データベースは存在しない。国際塩基配列データベース (DDBJ/NCBI/EMBL) 以外にも特定の分類群で独自のデータベース (UNITE, ISTH など) が運営されているのが現状である。これからデータ管理の上で必要な形式を決定するため議論する必要がある。現時点では、菌類のバーコード化には Mycobank および CABI Bioscience によって提供される Index Fungorum が中心的役割を果たすと思われる。菌類バーコード化の情報はウェブサイト All-Fungi Barcoding [3] で紹介されている。

菌類の迅速な種レベルの同定だけではなく生物資源にかかわる情報として活用するためにも DNA バーコード計画は重要なプロジェクトであるが、こうしたプロジェクトに菌類系統分類学はどうかかわっていくのか、また将来的に各国がどう対応するのか興味深いところでもある。

最後に、この国際研究集会にメンバーの一員として参加できるように、お取り計らいくださった杉山純多先生（テクノスルガ・ラボ 東京事務所）、Amy Y. Rossman 先生（USDA-ARS, Beltsville, USA）、Jean-Marc Moncalvo 先生（Royal Ontario Museum / Univ. of Toronto, Canada）に、この場をお借りし深く御礼申し上げます。



図 1. All Fungi Barcoding Second Planning Workshop (台湾, 台北) 参加者集合写真  
2 列右 1 番目：本集会のオーガナイザー Amy Y. Rossman 先生, 3 列右 2 番目：本集会のオーガナイザー Jean-Marc Moncalvo 先生, 4 列左 1 番目：筆者

#### 参考文献および関連サイト

1. Hebert, P. D. N. *et al.* 2003. Proc.R. Soc. Lond. B. 270:313-321.
2. Consortium of the Barcode of Life (CBOL): <http://www.barcoding.si.edu/>
3. All-Fungi Barcoding site: <http://www.allfungi.org/>

## 書棚

### 酵母のすべて 系統、細胞から分子まで

大隈良典・下田親 編 (2007)

シュブリンガー・ジャパン株式会社・東京

ISBN 978-4-431-71308-1, 定価 (本体 6,500 円 + 税)



紹介者：永塚由佳<sup>1)</sup>・杉山純多<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup> (株) テクノスルガ・ラボ NCIMB グループ

<sup>2)</sup> (株) テクノスルガ・ラボ 東京事務所

[ynagatsuka@tecsrg.co.jp](mailto:ynagatsuka@tecsrg.co.jp), [jsugiyam@tecsrg.co.jp](mailto:jsugiyam@tecsrg.co.jp)

編者は、自然科学研究機構・基礎生物学研究所・分子細胞生物学研究部門教授の大隈良典先生と大阪市立大学大学院・理学研究科名誉教授の下田親先生である。本書は、編者である大隈先生の「1冊で酵母のあらましが把握できるような書物を出したい」という強い希望からスタートし、企画段階から刊行までわずか2年で出版された(酵母遺伝学フォーラム <http://yeast-forum.org/>)。執筆者は、酵母研究

の第一線で今まさに世界で活躍されている方々ばかりの総勢 51 名にのぼる。体裁は B5 版上製で約 350 頁、大半が一色刷りである。ほぼすべての見開き頁に図表があり、必要に応じてカラー印刷されており、どの領域についても飽きることなく読み進むことができる。本書の特長としては、編者らの希望を体現したと言える下記 3 点が挙げられる。

- 1) 酵母についての基本的な情報が網羅されている。
- 2) 古典的あるいは基礎的な内容から最先端の研究成果までが解説されている。
- 3) 確実な情報を精選し、長い間に渡って利用できることを目的に編纂されている。

内容は、第 1 章「酵母研究の過去、現在、未来」、第 2 章「系統分類・生態・進化」、第 3 章「真核生物としての細胞体制」、第 4 章「ゲノム」、第 5 章「遺伝子発現系」、第 6 章「代謝」、第 7 章「タンパク質分解系」、第 8 章「細胞増殖」、第 9 章「細胞分化」、第 10 章「シグナル伝達とストレス応答」、第 11 章「酵母と応用」、第 12 章「資料編」の全 12 章からなり、62 のテーマについてまとめられている。国内の酵母に関する書籍では、細胞生物学や分子生物学、生化学的内容が充実したものは直近のものは少ないものの、これまでも出版されてきた。その一方で、そのような成書において、系統分類学的内容を含むものは評者が知る限りにおいてはほとんどなかった。しかし、本書の副題は「系統、細胞から分子まで」とされており、系統分類学的内容が盛り込まれている。副題に「系統」という言葉があえて含まれていることは、このような書籍において、このような分野の内容を含むものがいかに少なかったかの裏返しであると言える。また、このような成書に系統分類学的内容が収録されたことは、酵母研究界において、系統分類学や生物多様性の重要性が少しずつ認識されてきたことを示しているのかもしれない。

第 2 章「系統分類・生態・進化」は、理化学研究所パイオリソースセンター・微生物材料開発室 (JCM) の高島昌子博士により執筆されている。本章は「系統分類と進化」および「自然界での酵母」の二部で構成されており、第 1 部では生物多様性、種の定義・概念、分類・同定法の変遷および酵母の高次分類体系について、第 2 部では自然界における酵母のニッチを、特に酵母の生息場所と生理的特性の観点から述べられている。第 1 部に収められている「綱から属レベルまでの高次分類体系の表」ならびに第 2 部に収められている「子囊菌系および担子菌系酵母の代表的な属の分離源情報の一覧」は系統分類学を専門としない研究者にとって大きな助けになると思われる。実際に、ある生理活性に着目し、特定の酵母菌群の分離を試みている研究者から、非常に分かりやすく助かるとの生の声を評者は聞いている。

その他全般に渡って、ポストゲノム研究により飛躍的に蓄積された最新の研究成果が盛り込まれており、今後のゲノム情報およびポストゲノム研究によりさらに何が期待出来るのかが随所で述べられている。また、ポストゲノム研究の成果から、*Saccharomyces cerevisiae* と動物細胞とに共通点が新しく見出された場合には、*S. cerevisiae* の古くからの真核生物のモデル実験生物としての地位を裏打ちするものだとの考えが強調されている。第 1 章では酵母細胞が顕微鏡によって始めて確認された 17 世紀から、生化学的研究、遺伝学的研究、組換え DNA 時代の到来を経て、現在のゲノム生物学の時代に至るまでの酵母研究の歴史がまとめられている。酵母研究の歴史上で著名な研究者のプライベート写真が、大阪大学名誉教授の大嶋泰治先生らにより提供されているのも興味深い。第 4 章「ゲノム」では、これまでに全ゲノム解読が終了した *S. cerevisiae*, *Schizosaccharomyces pombe*, *Candida* 属酵母, ビール酵母に

ついて、ゲノム構成、ポストゲノム研究で得られた成果を、*S. cerevisiae* および *Schizosaccharomyces pombe* と比較しながら解説されている。さらに、ポストゲノム研究の最新情報および今後の展望や課題、その他のゲノム生物学の動向が述べられており、国内の書籍において、これだけ網羅的かつ簡潔にゲノム生物学全般を解説した総説はないだろう。第11章「酵母と応用」では、ゲノムレベルでは *S. cerevisiae* と類似している酒類醸造酵母について、醸造過程で認められる特徴的な形質に関する分子生物学的な研究成果が紹介され、さらにその成果を応用した醸造酵母の育種についても述べられている。また、比較的新しい領域であるコンピューターを利用したシステム生物学についても紹介されている。第12章「資料編」では、分子生物学のツールであるベクター・プラスミド、ゲノム解読により急速に増加したデータベース、菌株保存機関および DNA クローンやライブラリーのリソースセンターが一覧出来る。

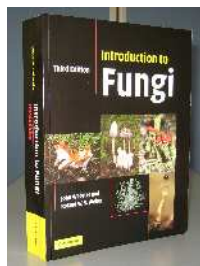
全般に渡り内容の濃い凝縮された印象を受けるものの、他の酵母に関する書物と同様に、本書のタイトルにもなっている「酵母のすべて」が *S. cerevisiae* の研究成果を中心にまとめられていることは止むを得ないこととは言え、酵母研究が未だ「木を見て森を見ず」であることを示しているようにも感じられ、いささか残念ではある。この点に関しては、今後の酵母ゲノム解読やポストゲノム研究の成果により、「酵母とは何か」、「酵母の種とは何か」の本質が少しずつ明らかにされていくことと期待したい。本書は、先に述べたように系統分類学領域を含むさまざまな領域について、基礎的および古典的内容を踏まえながら、現役で活躍する専門家によればこそその最先端の情報までを、図表を多用し、分かりやすく解説されている。今後、酵母の代表的な「読む事典」となり、酵母研究者の方々にとって必携の一冊になると確信する。また、ポストゲノム研究の先駆的存在の *S. cerevisiae* について、ゲノム情報がいかに利用し研究され、どのような成果が得られてきたのか、そしてこれからのポストゲノム研究に何が期待でき、何が課題であるのかを概観することが出来る。このことから、今後ますます発展を遂げるであろうポストゲノムの時代を先見する上でも、酵母に限らず広く微生物研究者の方々にお薦めできる一冊である。

## Introduction to Fungi, Third Edition

John Webster and Roland W. S. Weber. 2007.

Cambridge University Press, Cambridge, 846 pp.

定価 10,287 円 (本体 9,797 円)



紹介者： 杉山 純多  
(株)テクノスルガ・ラボ 東京事務所  
jsugiyam@tecsrg.jp

著者は英国エクセター大学生物科学部・名誉教授の John Webster 博士とドイツ果樹試験所・研究員の Roland Weber

博士。本書の前版は 1980 年に出版され、菌類生物学 (fungal biology) の教科書として世界的に広く用いられ、日本語にも翻訳された (椿啓介・三浦宏一郎・山本昌木訳「ウエブスター菌類概論」講談社、東京、662 pp. 1985 年発行)。

新版は著者の最新の研究成果や教育経験に基づいて 25 年ぶりに全面改訂されたものである。菌類の系統分類学、細胞生物学、分子生物学、生化学、植物病理学、医真菌学、生態学等における最近の進歩が関係する下記 25 の章 (切り口は綱~門レベルで) の中に咀嚼して組み込まれている。

- 第1章 序論
- 第2章 原生動物界：変形菌門 (粘菌類)
- 第3章 原生動物界：ネコバカビ門
- 第4章 ストラミニピラ界：小さな菌類の門
- 第5章 ストラミニピラ界：卵菌門
- 第6章 ツボカビ門
- 第7章 接合菌門
- 第8章 子囊菌門 (子囊菌類)
- 第9章 古生子囊菌綱
- 第10章 半子囊菌綱
- 第11章 不整子囊菌綱
- 第12章 子実層子囊菌綱 (Hymenoascomycetes)：核菌類
- 第13章 子実層子囊菌綱：ウドンコカビ目
- 第14章 子実層子囊菌綱：チャワンタケ目 (有弁盤菌類)
- 第15章 子実層子囊菌綱：ヘラタケ目 (無弁盤菌類)
- 第16章 地衣化菌類 (主に子実層子囊菌綱：レカノラ目)
- 第17章 小房子囊菌綱
- 第18章 担子菌門
- 第19章 同担子菌綱
- 第20章 同担子菌綱：腹菌綱
- 第21章 異担子菌綱
- 第22章 サビキン綱：サビキン目 (サビキン類)
- 第23章 クロボキン綱：黒穂菌類と類縁分類群
- 第24章 担子菌酵母
- 第25章 アナモルフ菌類 (線虫補食型と水生型)
- 文献
- 索引

上記の菌類分類体系の大綱は今年発表された “Deep Hypha” や “AFTOL (Assembling the Fungal Tree of Life)” (前号の書棚参照) の分類体系をほとんど考慮していない。すなわち、本書の体系は “The Mycota Volumes VIIA and VIIB” (D. J. McLaughlin et al., 2001) を基本としている。

2006 年初頭、共著者の一人、Weber 博士から Nishida & Sugiyama. 1995. Mycoscience 35: p.364, Fig. 1 の転載許諾の要望が同誌編集委員長を通してあった。同博士宛に快諾の返事を出したら、折り返し下記の返信が届いた。

Dear Profs. Sugiyama and Nishida,  
thank you so much for your very quick and positive reply! I am delighted to be able to use Fig. 1 from Nishida & Sugiyama (1994) as an illustration for 'Introduction to Fungi' (third edition). John Webster and I will also be discussing your paper in our book, and we have adopted your Archiascomycetes-Hemiascomycetes-Euascomycetes scheme as the taxonomic framework for our book because of its great clarity and because it makes sense also from a biologist's point of view!

Weber 博士の言が示すように、著者の視点は生物としての菌類、すなわち菌類生物学にある。そのため章立ては高次分類群別であっても専門外の読者にも取り付きやすいように敷居を低くして記述されている。「生物学、菌学、微生物学、園芸学、農学、医学、生物工学の分野の学生、研究者向けに執筆されたものである」と裏カバーにも明記されている。前版同様に著者オリジナルの洗練された線画や写真がふんだんに採用されているのも本書の特質である。最新の菌類生物学入門の好著としてお薦めする。

## 藻類 30 億年の自然史

藻類から見る生物進化・地球・環境 第 2 版

井上 勲 著 (2007)

東海大学出版会, 643 頁

ISBN 978-4-486-01777-6, 定価 (本体 3,800 円 + 税)



紹介者: 河地 正伸 (独) 国立環境研究所

本ニューズレター編集の真っ只中に著者から届いた本書を紹介したい。第 1 版から更に厚みを増し (171 頁増), 副題に「地球・環境」が加わって, 表紙のデザインを一新, ハードカバーとして登場した。価格は第 1 版と同じである。藍藻 (+ 天狗の麦飯) や海藻について, 古い文献に基づく歴史的切り口から加筆され, 絶滅危惧種でもあるシャジクモの復元や湖沼の環境保全など, 地球・環境の視点からの内容が追加された。その他にも随所に加筆, 改訂が行われるとともに, 章立ての構成を組み直している。

本書の特徴は, 藻類学の基礎から最新の, 実に興味深い知見を網羅した内容が, 美しく精緻な写真と図で視覚的に, そして著者独特の流れるような文体で紹介されていることだろう。まるで小説でも読むかのように, 複雑で難解で, 見たことも聞いたこともないような現象が頭に入ってくるのは (理解しているかはともかく), 一種の快感である。本書を通じて, 藻類の関わる実に多くの事象が明らかにされてきたことがよく分かるのだが, 最終章で述べられているように, 藻類と藻類の進化に深く関わるプロテオストロジ (原生物研究) ルネサンスは今まさに始まろうとしているのである。本書はその大きな礎となるに違いない。

## 会則

日本微生物系統分類研究会 会則

### (総則)

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 2 条 本会の事務局は, 岐阜市柳戸 1 番 1 岐阜大学大学院医学研究科 病原体制御学分野 内に置く。

### (目的および事業)

第 3 条 本会は, 過去 20 年に及び「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。

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。

(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。

### (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。

(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, その活動を援助する個人または団体。

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 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。

第 8 条 本会の会費は, 次の通りとする。

(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 9 条 本会に, 次の役員を置く。

(1) 会長 1 名

(2) 幹事長 1 名

(3) 幹事 若干名

(4) 監事 2 名

第 10 条 本会の会長は, 総会において選出する。

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. 役員の内任期は 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。

**(会則の変更)**

第20条 会則の変更は、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。

**(付則)**

本会則は平成14年9月27年制定・施行、平成19年11月17日一部改訂。

(編集委員会追記：数字、読点、句読点等は規定にあわせて掲載した。)

なお、開催日時、プログラム等につきましては決定次第、研究会ホームページ (<http://wwwsoc.nii.ac.jp/jsms>) に逐次掲載します。

**投稿のご案内**

本ニュースレターには会員に役立つ基礎的な情報や最新の情報(総説・解説、研究技術紹介、国内海外研究事情、学会・シンポジウム情報、書棚等)を掲載いたします。日本微生物系統分類研究会ホームページ内の以下のアドレスに投稿案内とともにテンプレートのファイル、投稿票、過去のニュースレターをダウンロードできるようにしました。

<http://wwwsoc.nii.ac.jp/jsms/newsletter.html>

原稿を作成する際は、本テンプレートのスタイル、書体、ページ設定に従って、原稿ファイルを作成してください。その他詳細はホームページをご覧ください。皆様の投稿をお待ちしています。

**第28回日本微生物系統分類研究会年次大会のご案内(第1回目)**

主催：日本微生物系統分類研究会

日時：平成20年9月～11月の土曜日、1日の日程で計画しております。

会場：東京農業大学(世田谷キャンパス)

〒156-8502 東京都世田谷区桜丘1-1-1 TEL: 03-5477-2327 (内村) 03-5477-2549 (岡田, 田中) FAX: 03-5477-2537

プログラム：未定

連絡先：東京農業大学(世田谷キャンパス) JSMS-28年次大会事務局

〒156-8502 世田谷区桜丘1-1-1

TEL: 03-5477-2327(内村, 生物応用化学科微生物学研究室) 03-5477-2549 (岡田・田中, 菌株保存室) FAX: 03-5477-2537

年次大会世話人：内村 泰, 岡田早苗

実務担当：田中 尚人

**編集後記**

JSMS ニュースレター編集委員会は発足から2年が経過しました。この間、委員が結束して投稿案内やテンプレートの作成等をおこなってきました。今後、さらに内容の充実をと考えておりますのでどうぞよろしく願いいたします。(高島)

師走の慌ただしさの中での編集作業も委員の連携で何とか乗り切れそうです。今号の表紙はPDF版(カラー)も是非ご覧ください。皆様良いお年を!(河地)

編集委員に新たに加えて頂きました。諸先輩方の編集の手際の良さに圧倒されているうちに出来あがってしまいました。次は戦力になるようがんばります。(鈴木)

お忙しい中、ご執筆の労を賜りました先生方に感謝致します。(内野)

日本微生物系統分類研究会ニュースレター  
Newsletter of the Japan Society for Microbial Systematics  
Vol. 2 No. 2, 2007  
平成19年(2007年)12月26日

編集・発行  
日本微生物系統分類研究会ニュースレター編集委員会  
委員：内野佳仁, 河地正伸, 鈴木誠, 高島昌子(委員長)

印刷  
朝日印刷株式会社

© 2007 Japan Society for Microbial Systematics  
<http://wwwsoc.nii.ac.jp/jsms/>  
Printed in Japan 不許複製