

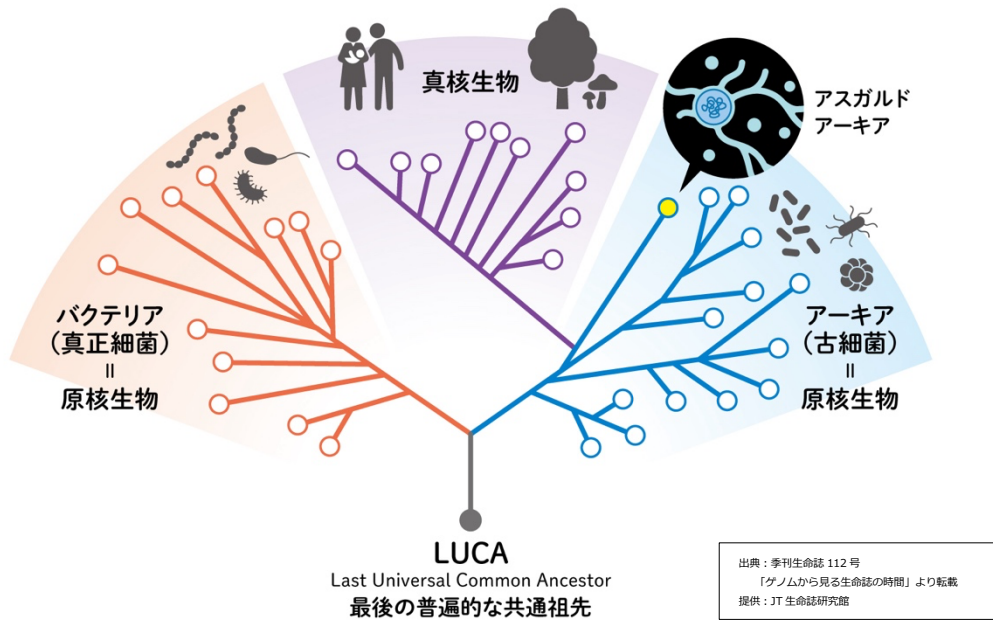
日本微生物資源学会  
公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成

公開シンポジウム  
「ゲノム時代の微生物分類学を考える」

要旨集

日時：2025年3月10日（月）10:00-17:00

開催場所：東京国際フォーラム ホールD5



主催：日本微生物資源学会  
後援：東京農業大学総合研究所研究会 応用微生物部会



## シンポジウム参加者・講演者の皆様へ

日時：2025年3月10日（月）10:00-17:00

会場：東京国際フォーラム ホールD5

〒100-0005 東京都千代田区丸の内3丁目5番1号

(<https://www.t-i-forum.co.jp/>)

参加費：無料（参加登録が必要です）

主催：日本微生物資源学会

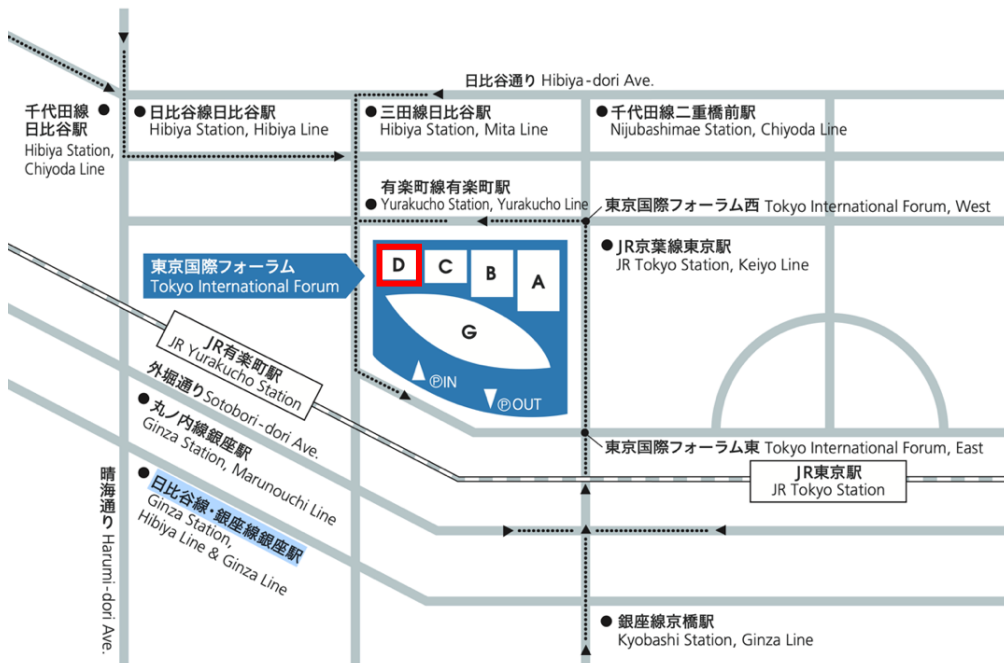
後援：東京農業大学総合研究所研究会 応用微生物部会

【受付】受付はロビーにて行います。名札およびクロークの準備はございません。会場内での貴重品などの保管に各自ご留意をお願いします。

【フリーWi-Fi】D5 ロビーには「tif-free-wifi」のSSIDでWi-Fiが通じております。こちらはパスワードがかかっておりませんので、このSSIDを選択いただければどなたさまでも接続いただけます。ただし、ロックがかかっておらずセキュリティの脆弱性があるため、秘匿性の高い通信を行う場合は個別にテザリングやポケットWi-Fi等の通信機器をご使用いただくことをお勧めします。

【昼食】会場内での飲食は可能です。東京国際フォーラム 地下1階、1階にはレストランがあります。

## アクセスマップ



日本微生物資源学会  
公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成 公開シンポジウム  
「ゲノム時代の微生物分類学を考える」

**概要：**

国際原核生物命名規約（2008年改訂）が14年ぶりに改訂され、新たな規約（2022年改訂）が発行されてから早くも1年が経ちました。この間にも、培養に基づく従来の分類体系、培養が困難で正式な発表ができない原核生物に対する候補名 *Candidatus* という概念の取り扱い、また規約とは別に未培養系統群を含むゲノム情報に基づいて命名するための SeqCode を取り巻く状況など、微生物分類の分野で日々熱い議論が交わされています。ゲノム情報が蓄積することによって Genome Taxonomy Database (GTDB) のようなデータベース構築が加速化しています。このことは細菌やアーキアを含む原核生物のみならず、糸状菌や酵母などに代表される真核生物においても同様なことと思われます。今回、それぞれの研究分野を牽引する先生方に最新の情報をご紹介いただき、今後の微生物分類を見つめ直すきっかけになればと思い、本シンポジウムを企画いたしました。

日本微生物資源学会 微生物系統分類部会・公開シンポジウム実行委員会一同

日本微生物資源学会  
公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成 公開シンポジウム  
「ゲノム時代の微生物分類学を考える」  
プログラム

10:00～10:05

公開シンポジウムを開催するにあたって  
坂本光央（理化学研究所）

10:05～10:40

坂本光央（理化学研究所）  
「ICSP と分類学」

座長：石田達也

10:40～11:15

遠藤明仁（東京農業大学）

「フルクトフィリック乳酸菌 *Apilactobacillus kunkeei* の分類学的研究から見えた現在の細菌分類が抱える課題」

座長：坂本光央

11:15～11:25 休憩

11:25～12:00

瀬戸健介（横浜国立大学）

「シングルセルゲノム解析で探る真菌類の新規系統群」

座長：宮下美香

12:00～13:30 昼休み

13:30～14:05

谷澤靖洋（国立遺伝学研究所）

「微生物分類における公共塩基配列データベースの役割」

座長：飯田哲也

14:05～14:40

布浦拓郎（海洋研究開発機構）

「ゲノムを基準とする新たな分類体系 SeqCode の発足とその影響」

座長：青木敬太

14:40～14:55 休憩

14:55～15:30

田辺雄彦（国立環境研究所）

ゲノム時代の藻類分類～現状と展望

座長：村松由貴

15:30～16:05

高島昌子（東京農業大学）

「真菌の分類体系構築における現在地」

座長：矢口貴志

16:05～16:25 総合討論

16:25～

公開シンポジウムを閉会するにあたって  
矢口貴志（千葉大学）

16:30～ 情報交換会（17:00 まで、飲食なし）

## ICSP と分類学

坂本光央

理化学研究所バイオリソース研究センター・微生物材料開発室 (JCM)

The ICSP and taxonomy

Mitsuo Sakamoto

Japan Collection of Microorganisms (JCM), RIKEN BioResource Research Center

国際原核生物分類命名委員会 (International Committee on Systematics of Prokaryotes; ICSP) は、原核生物の命名を規定する国際機関であり、新規微生物分類群を発表するための学術雑誌 *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM) を発行している。国際原核生物命名規約 (International Code of Nomenclature of Prokaryotes; ICNP) は ICSP の主要な成果物の一つであり、どの原核生物の名称が ICNP の下で承認されるかを規定している。ICNP は検証リスト (Validation List) とともに IJSEM に掲載されている。ICSP は ICNP を発行しており、ICNP は命名を規定しているが、分類や同定は規定していない。分類は生物をグループ化することに関係し、命名はグループ化された生物に名前を付けることに関係する。ICSP の小委員会は、新しい原核生物分類群の記載に関する最小限の基準 (minimal standards) を発表することがあるが、これは拘束力のない勧告である。命名に影響する ICSP の決定のほとんどは、ICNP の修正に関する決定である。最近の大きな修正は、ICNP に 42 の門名を含めたことである。現在、未培養分類群を *Candidatus* 分類群として、ICNP の規則へ組み込むことが提案されている。原核生物の命名のための基準となる材料として、遺伝子配列データの使用を許可するという提案は、2020 年に ICSP によって却下されているが、最近になって同様の提案が発表された背景には SeqCode による影響が大きい。

2024 年初頭、ICSP は原核生物の命名の変更を緩和するための特別委員会 (Ad hoc Committee for Mitigating Changes in Prokaryotic Nomenclature) を設立している。特別委員会は、医学微生物学に特化した学術雑誌の編集者およびデータベースのキュレーターに対して、ある原核生物分類群のいくつかの同型同義語の中で、最後に有効かつ正当に発表された名称が、自動的に正しい名称として扱われる必要はないことを明確にするための措置を講じるように依頼している。

近年では新種提案において系統解析の結果やゲノム情報が重視され、表現性状の記載が不十分な事例が多く見られる。ゲノム情報などから種の分類学的、機能的、生態学的特徴を自動的に抽出し、種の記載 (description) をするオールインワンツール Protologger が腸内細菌の新種提案をする際に活用されているが、その種が利用すると予測される炭素源や代謝経路などがいくつか記述されているのみで、種の description としては従来の方法と比較して見劣りがする。

本講演では、微生物分類における ICSP の役割などについて紹介するとともに、ゲノム時代の腸内細菌の分類に関して、その現状と問題点などについて議論したい。

## フルクトフィリック乳酸菌 *Apilactobacillus kunkeei* の分類学的研究から見えた

### 現在の細菌分類が抱える課題

遠藤 明仁

東京農業大学 応用生物科学部 食品安全健康学科

Potential concerns in microbial taxonomy revealed by a taxonomic study of

fructophilic lactic acid bacterium *Apilactobacillus kunkeei*

Akihito Endo

Department of Nutritional Science and Food Safety, Faculty of Applied Bioscience,

Tokyo University of Agriculture

*Apilactobacillus kunkeei* は花、果物、果物発酵物、ミツバチ消化管などのフルクトースが豊富な環境に特異的に生息する乳酸菌である。本菌およびその類縁菌は生育基質としてグルコースではなくフルクトースを好むことから、フルクトフィリック乳酸菌と呼ばれている。この特徴は他の乳酸菌が通常有するたった1つの遺伝子 (*adhE* 遺伝子) を欠落させていることに起因しており、生理学的、生化学的、進化学的な面から興味深い研究材料となることから、世界的に幅広い研究が行われている。

我々はこの *A. kunkeei* の研究を行っている際、データベースに *A. kunkeei* としてゲノム登録されている菌株が、基準株に対して 90.5~98.1% と幅広い average nucleotide identity (ANI) 値を示すことを過去に報告していた (1)。そこで、解析当時 NCBI に登録されていた全ての *Apilactobacillus* 属菌株のゲノムデータを用い (11 菌種 71 菌株), ANIb, GGDC, GTDB-Tk で菌種レベルでの同定について評価を行った。その結果、*Apilactobacillus* 属細菌のほとんどの菌種 (菌株) ではいずれの方法においても適切な同定が行われ、その同定結果は上述の 3 つのいずれのツールを用いても同様であった。一方で、*A. kunkeei* およびその類縁菌 (合計 32 菌株) においては、1) 複数の菌種 (または菌種相当の分類群) に対して閾値以上の相同性を示す菌株が多くみられる、2) 用いた 3 つのツールで得られる同定結果が異なるなどの問題があり、明確な同定を行うことが出来なかった。今回の我々の研究で見出された分類・同定上の問題が他の細菌でどの程度見られるのかは現時点では定かではないが、比較的好くある事例のように感じられる。この問題の解決法は現在の細菌分類ではルール化されていない事項であることから、ゲノムベースでの細菌同定ルールのさらなる確立が必要であると考えている。本講演では我々の研究で見出された *A. kunkeei* およびその類縁菌の分類に関する様々な問題点および我々が考えているその解決策の一案について紹介したいと考えている。

#### Reference

Maeno S, Tanizawa Y, Kanesaki Y, Kubota E, Kumar H, Dicks L, Salminen S, Nakagawa J, Arita M, Endo A. Genomic characterization of a bee symbiont fructophilic *Lactobacillus kunkeei* reveals its niche-specific adaptation. *Syst Appl Microbiol.* 2016, 39:516-526.

## シングルセルゲノム解析で探る真菌類の新規系統群

瀬戸 健介

横浜国立大学 総合学術高等研究院

Single-cell genomic analyses on novel lineages of fungi

Kensuke Seto

Institute for Multidisciplinary Sciences, Yokohama National University

真菌類は、推定種数 220–380 万種を擁し、地球上で最も多様化した真核生物のグループの一つである。真菌類の分類、系統の全体像は、分子系統解析の台頭、進展によりここ 20 年ほどで大きく塗り替えられた。真菌類はかつて大きく子嚢菌門、担子菌門、接合菌門、ツボカビ門の 4 門に分類されてきた。基部系統群として認識されてきた接合菌門およびツボカビ門は、2010 年ごろまでの分子系統解析により単系統群としてまとまらないことが示され、複数の門あるいは亜門に分割されるなど大きな影響を受けてきた。また、2010 年以降、細胞内寄生性生物であるアフエリディウム門、ロゼラ門、微孢子虫門の 3 門が原始的な真菌類あるいは真菌類の外群として徐々に認識され始めた。このように真菌類基部系統群が多様な系統群からなることが明らかになった一方で、当時の数領域の遺伝子配列のみの系統解析では高次分類群の系統関係を正確に推定することができず、分類学的措置が保留された系統群もあった。近年では、ゲノムデータから得た数 100 から 1,000 以上の遺伝子配列を用いた大規模系統解析が盛んに行われ、真菌類基部系統群の系統関係の全体像が明らかになりつつある。

ゲノムデータを用いた真菌類の分類、系統に関する研究が進展する一方で、環境 DNA の解析により土壌、水圏環境における真菌類の膨大な多様性が明らかにされ、その中で **Dark Matter Fungi (DMF)** と称される正体不明の真菌類が多数見いだされてきた。DMF の中には門レベルで未知の系統も存在し、真菌類全体の系統進化を考える上で重要であると考えられる。DMF の配列が相次いで発見される原因の一つとして、寄生性菌類の塩基配列データの不足が考えられる。実際に、演者らは藻類寄生性ツボカビの分類学的研究の中で、寄生性菌類が環境 DNA 配列のみで認識されていたクレードに属することを明らかにした。こうした難培養性真菌類の解析をさらに進めていく方法の一つに、観察した細胞を単離し直接 DNA 解析を行うシングルセル解析が挙げられる。演者らは、微細藻類、原生生物、微小無脊椎動物などに付着あるいは内生する真菌類を対象としたシングルセルバーコーディング解析を行うことで、新門相当の系統群を含む多数の新規系統群を見出してきた。現在、これらの新規系統群のシングルセルゲノム解析を行うことで、未知系統群の詳細な系統的位相や生物学的特性の解明を目指している。本発表では特に、1) 接合藻類およびワムシに寄生する *Olpidium* 属菌、2) シアノバクテリアに寄生する *Rhizosiphon* 属菌についての解析結果を紹介する。

## 演微生物分類における公共塩基配列データベースの役割

谷澤靖洋

国立遺伝学研究所 情報研究系

The role of public sequence database in taxonomy

Yasuhiro Tanizawa

Department of Informatics, National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所・生命情報 DDBJ (DNA Data Bank of Japan) センターは国際塩基配列データベース (International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC) の一員として、様々な研究活動を通して決定された塩基配列データの収集および共有を使命としている。現在では多くの学術雑誌が INSDC に塩基配列データを登録することを論文掲載の条件としており、研究成果の透明性や再現性を担保することに役立っている。また、データベースに格納された塩基配列データは誰でも自由に再利用や再配布することが認められている。そのため、登録されたデータが他者の研究において参照・引用されることで研究成果を波及させることや、公開されているデータが再解析されることで新たな知見を生み出すことにも貢献している。

登録された塩基配列データに紐づけられる生物種情報は米国の NCBI (National Center for Biotechnology Information) が運用する Taxonomy DB によって各生物種に割り当てられた Taxonomy ID (taxid) を通して管理されている。Taxonomy DB は生物分類における 'primary source' ではないが、新たに提唱された分類群や改名の情報が反映されるよう整備が続けられており、INSDC 傘下のデータベース間での一貫性や相互運用性の基盤となっている。特に、微生物分類学において重要となる基準株の塩基配列情報は Taxonomy DB チームの検証によって正確性が維持されるよう努められている。現在では 21,000 件 16,000 種を超す原核生物ゲノムが登録されており、全ゲノム配列に基づく分類法が普及した現在においては重要な研究リソースとなっている。

本発表では DDBJ をはじめとする公共塩基配列データベースの微生物分類における役割と意義ならびに課題点について議論したい。また、DDBJ では微生物ゲノム登録を支援するサービスとしてゲノムアノテーションパイプライン DFAST を公開しており、その関連ツールとしてゲノムのクオリティをチェックする DFAST\_QC を開発している。DFAST\_QC はゲノム塩基配列の完成度の評価に加え、原核生物の基準株ゲノムに対して検索することで生物種名を同定する機能を持ち、データベースに登録されるゲノム情報の品質・正確性向上を目的としている。公共塩基配列データを活用した微生物分類におけるいくつかの研究事例についても紹介したい。



## ゲノムを基準とする新たな分類体系 SeqCode の発足とその影響

布浦 拓郎

国立研究開発法人海洋研究開発機構・生命理工学センター

Launching of the SeqCode and its impacts on Microbiology

Takuro Nunoura

Research Center for Bioscience and Nanoscience (CeBN),

Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology (JAMSTEC)

SeqCode の発足により、従来の分類体系とゲノム配列に基づく Bacteria, Archaea の分類体系が並列する事態となった。一方、従来の分類体系にも様々な変革・提案がなされており、多くの微生物研究者にとって理解が難しい状況が生じている。本講演では、微生物分類におけるゲノム情報・遺伝子配列活用の歴史を振り返りつつ、現在、何が起きているのか、その概観を紹介したい。

現在の状況に至るまでも、Bacteria・Archaea の分類には何らかの形でゲノム情報は用いられてきた。それは、1960年代の DNA-DNA ハイブリダイゼーションや G+C 含量の導入提案に始まり、遺伝子配列自体の利用も、rRNA のフィンガープリントによる配列構造の比較に基づく 1977 年のアーキア（当時 archaeobacteria）の発見・提案にまで遡る。また、公式な分類体系においては DNA-DNA ハイブリダイゼーションに基づく分類基準の補助的な役割に留まるが、16S rRNA 遺伝子配列そのものも、研究現場における簡便な分類ツールとして普及した。更に、次世代シーケンサーの普及した現在、ゲノム配列の登録、種間のゲノム配列の比較は新種記載における必須事項である。そして、近年では、一般の研究者がフォローすることが困難な頻度で、ゲノム配列に基づく分類の変更・提案がなされる状況に至っている。

では、何が現在の複雑な状況を招いているのか？それは未培養系統群の取扱である。単離株の 16S rRNA 遺伝子解析が普及するとほぼ同時に、環境試料を対象とした PCR に基づく解析が普及し、無数の未培養系統群の存在が明らかになった。さらに、近年では、次世代シーケンサーの普及に伴い環境試料を対象とするショットガンシーケンス解析（メタゲノム解析）も普通の解析技術となり、未培養系統群に由来するパンゲノム情報（metagenome assembled genome）も容易に獲得可能である。その他、1 細胞ゲノム解析技術も普及し、そのゲノム情報（single amplified genome）も集積しつつある。この状況下において、未培養系統群も含むゲノムに基づく包括的な分類体系の提案がなされた。この提案は、従来の分類規則が培養に基づく性状とゲノム情報を併せ総合的な判断により分類を決定するという枠組みとは異なるモノであり、ICNP の基準としては認められないこととなった。そして、この状況に対応して発足したのが SeqCode Initiative であり、結果的に二つの分類体系が存在することとなった。

現在の状況に至る経緯やそれぞれの主張は、様々な論文として公表されているが、実際にどのような議論がなされ、現在の状況に至っているのか、一連の議論の過程において日本国内の研究者はほぼ参加しておらず、結果的に日本国内の微生物研究者の多くは蚊帳の外に置かれている状況にある。今後も二つの体系がどのように並立していくのか、あるいは統合されるのか等々、今後も国際的な議論が続いていくことが想定される。また、従来の命名規約における一連の規則改定や一部のジャーナルにおける微生物分類に関わる論文投稿規定の改訂も、SeqCode 発足に対応したものであり、その理解にも、一連の議論の流れを知ることが欠かせない。本講演では、SeqCode 発足に至るまでの議論を私の理解する範囲で紹介する。現状に対する皆様の理解に少しでも貢献出来れば幸いである。

## ゲノム時代の藻類分類～現状と展望

田辺雄彦

国立環境研究所

Algal taxonomy in the genomic era: current status and future perspectives

Yuuhiko TANABE

National Institute for Environmental Studies, JAPAN

単一、あるいは複数の遺伝子マーカーによる系統解析が、微生物分類に不可欠となってから 30 年以上が経過した。2000 年代に開発され、第一、二、三世代と現在進行形で技術革新を続ける次世代シーケンサー (NGS) の利用により、生物種の全ゲノムデータが低コストかつ容易に得られるようになった。その結果、例えばバクテリアの新種記載においては、全ゲノムデータの提示、ゲノム系統樹による系統位置推定が、新種記載や分類群の整理に必須となりつつある。ところが現状の藻類分類においては、ゲノムデータやゲノム系統樹の提示は必須となっていない。藻類のうち、原核生物であるシアノバクテリアについては、必須ではないものの、全ゲノムデータの提示が見られる記載論文が増えてきてはいる。これは、シアノバクテリアのゲノムサイズが一般的には大きくても 6Mbp 程度であり、ゲノム解析が非光合成バクテリア同様に容易であることが要因であろう。また、アノテーション (ゲノム配列からの遺伝子領域の予測) の自動化が、新種記載論文におけるゲノムデータ付加を後押ししていると思われる。一方、真核藻類の分野においては、全ゲノムデータは高次分類群間の系統関係の考察に使用されるにとどまり、新種記載にはほとんど見られていない。その主な原因は、真核藻類は繰り返し配列が多いゆえにゲノムサイズが極端に大きいケースが多く、全ゲノム解読そのものが、現在の NGS ロングリード技術をもってしても容易ではないという点である。例えば、渦鞭毛藻類のゲノムサイズは数 Gbp 以上あるが、現在解読された真核藻類のゲノムサイズの最大は渦鞭毛藻類の一種の 6.4 Gbp である。また、全ゲノムデータが得られた場合であっても、イントロンの存在がアノテーションを難しくしており、そのアノテーション作業自体にも高度な *in silico* 解析技術を要するという技術ハードルの高さが、もう一つの原因としてあげられる。実際、GenBank に登録されている真核藻類ゲノムにアノテーションが付与されている割合は 30%に満たず、ゲノム系統樹を構築するためのリファレンス配列の取得すら困難であるという状況である。本講演においては、藻類分類におけるゲノム利用の現状と課題点について、実例をもとに紹介した上で、「ゲノム時代の藻類分類」の今後の展望について論じたい。

## 真菌の分類体系構築における現在地

高島昌子

東京農業大学総合研究所 酵母多様性生物学・分類学研究室

The yeast taxogenomics: progress and current status in this decade

Masako Takashima

Laboratory of Yeast Systematics

Tokyo NODAI Research Institute, Tokyo University of Agriculture

真菌の分類体系は、系統関係、形態、およびその他の表現型性状に基づいて構築されている。ゲノムデータは、信頼性の高い分子系統樹（バックボーンツリー）を築くことができるので、ゲノム情報の増加は、真菌における堅牢な系統樹の作成に大きく貢献しているといえるが、分類に対する貢献はまだ初期段階といわざるを得ないのが現況である。

Takashima et al. (Fungal Genet. Biol. 130:31-42, 2019) は、Trichosporonales 目（ハラタケ亜門、担子菌門）の種のゲノムを用いて、ゲノム中の各遺伝子を形質とみなし、オルソログ遺伝子グループ (OG) の「ある (1)」「なし (0)」情報に基づくマトリックスを作成して解析し、本解析が属間の識別に有用であることを示した。

これにより OG マトリックス解析は、目的とする対象群の中に存在するクレードを他のクレードと区別する表現型ならびにゲノム情報を推定するために有用である、と推し測ることができたことから、今回は対象とする菌群の幅を広げて「ある」「なし」解析を行った（真菌類 259 ゲノムを使用）。OG の「ある」「なし」マトリックスに基づく主成分分析では、真菌の系統関係と良い相関を示した。また、これを用いて子囊菌門および担子菌門のそれぞれが共通に持つ OG、および各亜門が共通に持つまたは持たない OG を得ることができた。

「ある」「なし」マトリックスのデータは、それぞれの分類群に特徴的な OG を探索しその多様性を理解するために有用であり、分類体系の構築に貢献できると推定する。また、本方法を用いることにより、真菌の共通派生形質を反映する表現型を得ることができると考えられる。

今回はこれらを背景に、古典的な分類データと日々アップデートするゲノムデータを融合しながら歩を進めている真菌の分類体系構築の現況を確認したい。

日本微生物資源学会  
公益財団法人発酵研究所 学会・研究部会助成  
公開シンポジウム  
ゲノム時代の微生物分類学を考える

令和7年3月10日

発行 日本微生物資源学会

〒260-8673 千葉県中央区亥鼻 1-8-1

千葉大学真菌医学研究センターバイオリソース管理室

電話：043-226-2788