

随縁 随意

微生物の学名と分類学が 基盤となるもの



鈴木健一郎

微生物分類学といえば、以前は分類学者だけの専門分野であった。しかし、今では細菌/アーキアの場合、16S rRNA 遺伝子の塩基配列（以下 16S rRNA と略す）を決定することにより、誰でも自分の分離した菌株の同定が客観的な基準でできるようになり、微生物学者に身近なものになった。16S rRNA が共通の物差しで分類体系が構築されているため、塩基配列に基づいて菌株を地図上にプロットすれば、その株の学名がわかるとともに、比較の対照にすべき近縁な菌も的確に選定できる。これには国際的なデータベースの利用環境と微生物株保存機関の整備が大いに貢献している。しかし、異なる株を同一種と決定するハードルはまだ高い。解像度が低い 16S rRNA だけで種は決定できないため、1960年代から使われている染色体 DNA 交雑による類似度（DNA-DNA ハイブリダイゼーション、DDH）が必要である。DDH で 70% を種の境界とするという「コンセンサス」がいまだ基準になっている。そうすると、16S rRNA でどのくらい離れていたら DDH をせずに別種にできるかの基準も重要である。これは経験的に 16S rRNA の類似度で 97% 以下とか 98.7% 以下とか言われている。DDH は、比較する菌株双方から DNA を抽出し、交雑反応を行うウェットな実験として行われてきたが、最近では、全ゲノム塩基配列（ドラフトゲノム）（WGS）の決定が安価で行えるようになり、それをを用いて DDH をパソコン上（*in silico*）で行う方法も普及してきた。そこで、2018 年から国際原核生物分類委員会（ICSP）は、細菌とアーキアの新種の発表の際にはその基準株の WGS の決定をほぼ義務化した。すべての種の基準株の WGS がデータベース化されれば、分離株の WGS を決定するだけで種レベルの同定が可能となり、さらに機能性遺伝子の情報も利用できるようになるため、分類学だけでなく、応用微生物学にも大きく寄与することが期待される。分類学は学問であると同時に、コミュニケーションツールであることから、新技術の導入と命名のルールの調和がますます重要になってくる。

「国際原核生物命名規約」の改訂版が 2019 年 1 月に発行された¹⁾。前の改訂が 1990 年なので、29 年ぶりとなる。命名規約では国際微生物学会連合（IUMS）の公式誌『International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)』への掲載のみを学名の正式発表としているので、そこでそのすべてが把握できる（2017 年現在で約 3000 属 17,000 種）。命名規約では新種発表に際し、「生きた菌株」のみを種の分類学的基準（基準株 = type strain）として指定し、微生物系統保存機関（カルチャーコレクション）へ寄託・公開することが規定されたため、標本、スケッチは不可となった。さらに 2000 年からは、基準株の寄託は異なる国の複数の保存機関に行うように厳格化された。これは生物多様性条約（CBD）による生物資源の国際移転が厳しくなっている現状への対応を見直す良い機会である。分類学は適切な生物資源の管理にとってもっとも基盤となるべき知識と技術のひとつであり、CBD にとっても重要な科学である。そのために、生物遺伝資源への適切なアクセスは研究成果を担保し、発展的に利用できる国際的に公平な学術環境の維持に必要である。分類学は世界共通であり、新種の発表には既知種との比較が不可欠である。生きた基準株へのアクセスの重要性はますます高まっている。

最近では MALDI-TOF MS が微生物の迅速同定に利用され、そのためのデータベースも市販、あるいは公開されている。マイクロバイオームの解析もゲノムベースで体系化された分類学があるから可能となったと言うことができよう。これらの新しい技術が新しい知見を蓄積し、相互評価することで微生物の分類学がますます意味のあるものになっていくことに期待したい。

1) Parker, C. T. *et al.* (Eds.): *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **69**, S1 (2019).

著者紹介 東京農業大学応用生物科学部醸造科学科