



令和 2 年 1 1 月 9 日

新しい「門」ブデロビブリオノータなどの提案
—細菌の類縁関係の全面的見直しによる新発見—

【本研究成果のポイント】

- 細菌の類縁関係を大規模に解析し、4つの新しい「門（※1）」を提案した。
- 細菌の分類において最上位の階級「門」の提案は、世界的に極めて重要である。
- 今後、関連微生物を同定する際に、この新「門」が比較・照合する新基準となる。

【概要】

広島大学大学院統合生命科学研究科の長沼毅教授は、国立研究開発法人産業技術総合研究所生物プロセス研究部門の中井亮佑研究員（平成 24 年 3 月 広島大学大学院生物圏科学研究科 博士課程後期を修了）、オークランド大学の David W. Waite 研究員、クイーンズランド大学の Philip Hugenholtz 教授らを含む国際共同研究グループと共同で、細菌の中で巨大なプロテオバクテリア門内の微生物などを大規模に解析して再編成し、4つの新しい「門」（新門）の分類群を提案した。「門」の階級は、細菌の分類体系において最も上位の階級にあたる。

長沼教授と中井研究員は、2014 年にサハラ砂漠の調査で新種の微生物を発見した。その微生物はプロテオバクテリア「門」に属するものの、既存の分類群にまったくあてはまらなかったため、「綱」レベルで新しい分類群（オリゴフレキシア綱）を提案した（参考資料 1 および 2014 年 10 月 2 日広島大学プレス発表）。その後、細菌の DNA 情報などが拡充してきたことと、オリゴフレキシア綱やその関連分類群（デルタプロテオバクテリア綱やサーモデスルフォバクテリア門）の類縁関係が度々議論されてきたことなどから、国際チームで全面的な検討が行われ、ブデロビブリオノータ新門を含む複数の分類階級を提案するに至った。

今回の研究成果は、2020 年 1 1 月 5 日（木）午後 10 時（日本時間）、英国の科学雑誌「International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)」のオンライン版に掲載された。現在、細菌の学名がまとめられているデータベース（List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature; LPSN）にはおよそ 35 の門（暫定の門を除く）が載っており、ここへ新たに 4 つの門が加わる。新しい学名を記載する IJSEM において、今回のような 4 つの新門の同時提案が受理されることは極めて珍しい。

（論文情報）

著者：David W. Waite, Maria Chuvochina, Claus Pelikan, Donovan H. Parks, Pelin Yilmaz, Michael Wagner, Alexander Loy, Takeshi Naganuma, Ryosuke Nakai, William B. Whitman, Martin W. Hahn, Jan Kuever, Philip Hugenholtz

論文題目：Proposal to reclassify the proteobacterial classes *Deltaproteobacteria* and *Oligoflexia*, and the phylum *Thermodesulfobacteria* into four phyla reflecting major functional capabilities

掲載雑誌：International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)

DOI 10.1099/ijsem.0.004213

【背景】

細菌のうち、最も多種多様な種を含むプロテオバクテリア「門」の中には、大腸菌を含むガンマプロテオバクテリア綱のほかに、デルタプロテオバクテリア綱があり、この中には、酸素の代わりに硫酸を利用して呼吸する「硫酸還元菌」や、細菌が細菌を食べる「捕食性細菌」など、ユニークな細菌が多く含まれる。特に、捕食性細菌の代表であるブデロビブリオ属 (*Bdellovibrio*) の細菌は、病原菌のアウトブレイクを抑え込む研究にも活用されている。一方で2017年、これらの捕食性細菌の一群は、広範なDNA情報にもとづく類縁性の解析から、2014年に広島大学などが創設したオリゴフレキシア綱へ編入された。つまり、デルタプロテオバクテリア綱から独立した。この他にも、デルタプロテオバクテリア綱と他の分類群との間に多くの問題があり、プロテオバクテリア門からの分離独立を含む大幅な再編が必要とされていた。

近年、遺伝子解析技術の進歩に伴い、DNA情報の一部ではなく、その全体(ゲノム)の情報を活用できるようになった。ゲノム情報は、見た目だけでは判別できない微生物、特に細菌など原核生物に有効であり、これまでよりも高解像度で類縁関係を解明することができる。また同時に、環境中にあるDNA(環境DNA)の“まるごと”解読によって、まだ培養されていない細菌のゲノム情報も多数得られるようになり、さまざまな細菌の情報が蓄積されてきた。自然界から未知なる細菌(未知種)が発見されたら、新種判定や分類の基盤となる正確で確固たる分類体系が必要である。そのため、巨大な分類群であるプロテオバクテリア門のうち、デルタプロテオバクテリア綱とオリゴフレキシア綱および他の門に含まれる細菌種の類縁関係を整理し、関係する分類群を解体して、プロテオバクテリア門から分離独立させることになった。

【研究成果の内容】

公共の国際塩基配列データベースから約16,000種の細菌のゲノム情報(環境DNAのデータから再構築した「未培養細菌」のゲノムを含む)を集めた。この中には、約6000種のプロテオバクテリア門の細菌が含まれる。それぞれの細菌ゲノムによく保存されている120箇所の遺伝子領域を比べ、類縁性を大規模に解析した結果、デルタプロテオバクテリア綱、オリゴフレキシア綱およびサーモデスルフォバクテリア門に含まれる微生物などは、既存のプロテオバクテリア門から分離独立して、ブデロビブリオータ門を含む4つの新しい門に分けられることを発見した(図1)。

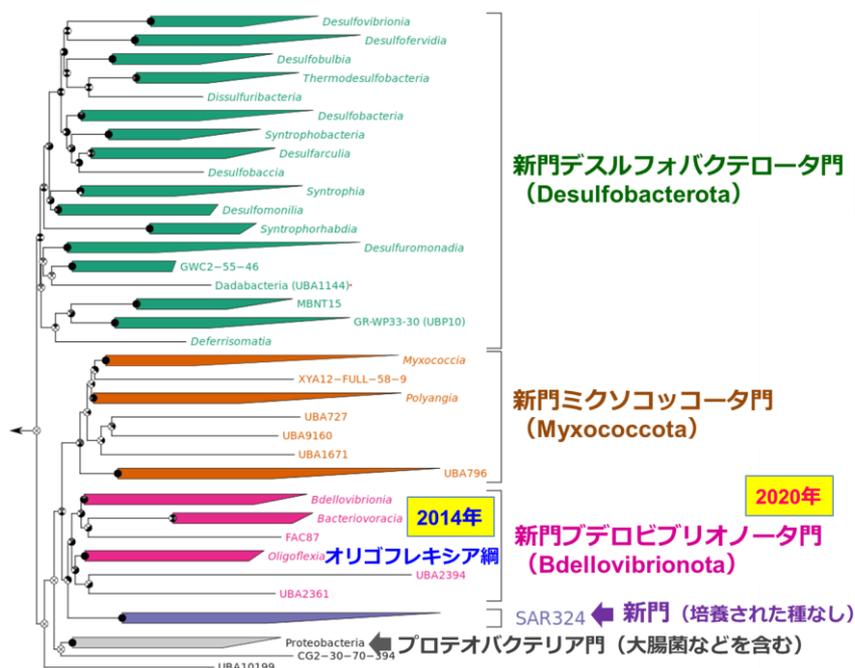


図1. 今回の全面的な分類再編で構築した系統樹(家系図のようなもの)。

4つの新しい門（「門」は細菌における最上位の分類階級）を提案した。

2014年の「新綱」提案と2020年の「新門」独立を強調している。
（論文の共著者であるDavid Waite博士の許可を得て、長沼・中井が改変）

一般に、細菌に新しい学名を付ける際は、細菌の分類を統括する国際原核生物命名規約 International Code of Nomenclature of Prokaryotes（ICNP）に沿って、細菌学的な特徴を記載した新名の提案が複数の専門家により精査され、IJSEM誌に受理・掲載されること、または、同誌上の承認リストに掲載されることが必須である。最上位の分類階級である「新門」の場合、その認定ハードルはより一層高くなる。

【今後の展開】

デルタプロテオバクテリア綱は、分類の再編や議論が度々行われてきた分類群である。今回、この「分類が極めて難しい」細菌の一群を体系的に整理できたことから、今後、これらに関連する未知種を同定する際、比較・照合すべき細菌（あるいは分類群）を的確に選定できるようになる。また、4つの新門にはそれぞれユニークな能力をもつ微生物が含まれる（前述した「細菌を食べる能力」など）。それら細菌同士の類縁関係が明確化したことから、今後は、その能力をいつ、どこで獲得することになったかが解明され、微生物の優れた機能が有効活用されることが期待される。

【用語の解説】

（※1）門

生物の分類階級は、上位より界、門、綱、目、科、属、種などに分けられる。例えば、ヒトの分類は、動物界、脊索動物門（セキツイ動物亜門）、哺乳綱、サル目、ヒト科、ヒト属、ヒトとなり、綱の階級は脊索動物門の高いレベルである。細菌では界がないため、門が最上位の階級である（現時点でおよそ35の門がある）。

【参考資料】



参考 1. 2014年にサハラ砂漠から発見された細菌の顕微鏡写真。この細菌（オリゴフレクスス・チュニジエンシス）の発見を機に、この基準株を代表とする新しい分類群（オリゴフレキシア綱）が提案された。左下の黒い線の長さは0.01ミリメートルである。

【お問い合わせ先】

広島大学大学院統合生命科学研究科

教授 長沼 毅

Tel：090-1187-4587

E-mail：takn@hiroshima-u.ac.jp

国立研究開発法人 産業技術総合研究所

生物プロセス研究部門

中井亮佑

E-mail：nakai-ryosuke@aist.go.jp

発信枚数：A4版 3枚（本票含む）