国立科学博物館
National Museum of Nature and Science

プレスリリース

平成 24 年 5 月 17 日
独立行政法人国立科学博物館

菌類の DNA バーコーディング領域の決定に貢献

～国際共同研究により、種の判別に最も適しているリボソーム領域内の部位を特定～

独立行政法人国立科学博物館（館長：近藤信司）の研究員、保坂健太郎（植物研究部、研究員）が参加した国際共同研究において、このたび種の判別に最も適しているリボソーム領域内の部位を特定することができ、陸上生態系で最も多様なグループの一つである菌類の正式なDNAバーコーディング領域の決定に貢献しました。

国際共同研究グループ（代表：Conrad Schoch (NCBI, USA)他）は、核ゲノム中の 6 領域を詳しく解析し、リボソーム領域のInternal Transcribed Spacer（ITS領域：転写領域内部のスペーサー）と呼ばれる部位が、種の判別に最も適しているという結論に達しました。当館保坂研究員はこのうち、担子菌類の一部データ取得と解析について貢献いたしました。
この研究成果は、米国科学アカデミー紀要（Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America）のオンライン版に 2012 年 4 月 17 日付で掲載されています。今後は、この成果に基づき、菌類に関わる世界中の研究者がITS領域の塩基配列を、種同定の基準の一つとして利用していくことになるものと考えられます。

菌類は地球上に 150 万種以上いると推定されていますが、実際に名前が付いているのは 10 万種程度です。それだけ未知種の数が膨大であるということです。それだけではなく、菌類のほとんどはカビ・酵母など人間の目につきにくい微生物であるため、発見すること自体が困難です。きのこも菌類ですが、人間の目に見えるのはほんのわずかな時間であり、一生のほとんどを目立たない菌糸や胞子の状態で過ごします。そのため、DNA 情報だけで種を判定するための DNA バーコーディング領域を世界共通で決める必要があり、研究を進めた結果、今回の成果に至りました。

本件についての問合せ
独立行政法人 国立科学博物館
筑波研究施設　研究活動広報担当：内尾　優子
担当研究員：保坂　健太郎（植物研究部菌類・藻類研究グループ）
〒305-0005　茨城県つくば市天久保 4-1-1
TEL:029-853-8903　FAX:029-853-8998
E-mail:outreach@kahaku.go.jp
国立科学博物館 筑波研究施設ＨＰ
http://www.kahaku.go.jp/institution/shinjyuku/index.html

研究成果の詳細について

DNA の塩基配列を基に種を同定する手法は「DNA バーコーディング」と呼ばれます。動物（脊椎動物だけでなく昆虫などの無脊椎動物も含む）では、ミトコンドリアのチトクロム C 酸化酵素サブユニット I （COI）遺伝子が、バーコード領域として使われてきました。また、植物では葉緑体ゲノムの rbcL と matK という領域が使われています。それに対して菌類では、研究者が共通して認識しているバーコード領域が存在しませんでした。

Conrad Schoch (NCBI, USA)を中心とする国際共同研究グループ（当館研究員を含む）は、核ゲノム中の 6 領域を詳しく解析し、リボソーム領域のInternal Transcribed Spacer（ITS領域：転写領域内部のスペーサー）と呼ばれる部位が、種の判別に最も適しているという結論に達しました。当館保坂研究員はこのうち、担子菌類ハラタケ目に属する菌類のデータ取得および解析を担当しました。

なお本研究成果は、米国科学アカデミー紀要（Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America）のオンライン版に 2012 年 4 月 17 日付で掲載されました。http://www.pnas.org/content/109/16/6241

今後は、菌類に関わる世界中の研究者が ITS 領域の塩基配列を、種同定の基準の一つとして利用していくと考えられます。

研究の背景

菌類はカビ・酵母・きのこ等を含む巨大なグループです。既知種（＝名前の付いている種）は世界中で約 10 万あり、そのほとんどが人間の目につきにくい微小なカビとして存在します。きのこも一見大きいようですが、一生のほとんどを目に見えない胞子や菌糸として過ごします。そのため、世界中に未知種（＝名前の付いていない種）の菌類が多数残されていると考えられています。

それを裏付けるように、菌類の世界では新種が続々と報告されています。そのペースは衰えることなく、毎年 1000 種程度の新種が発表されています。ところが、菌類の本当の種数は控えめに見積もっても 150 万種と推定されています。さらには 500 万種以上存在する、という推定値もあります。これが本当だとすると、現在のペースで新種を発表し続けていても、全菌類に名前が付くまでには 1000 年以上かかってしまうことになります。

菌類は種が膨大な数に上るだけではなく、生態系においても重要な役割を果たしています。例えば、きのこの多くは菌根菌として樹木と共生関係にあり、マツ科やブナ科樹木などの健全な成長には欠かせない存在です。また、落ち葉や倒木を分解して土に還す「分解者」としての働きは、理科の教科書にも載っている最も典型的な例です。このように重要な生物であるのにもかかわらず、未知種が非常に多く、また上記の通り目に見えない状態のものも沢山存在します。そのため、形態的特徴だけでなく、DNA データを基にした種同定の手法が求められてきました。

報道用の資料をご用意いたしました（添付書類を参照）。詳細な情報をご希望の方は、メールにて担当研究員の保坂宛にご連絡ください。
担当研究員： 保坂 メールアドレス khosaka@kahaku.go.jp

添付資料

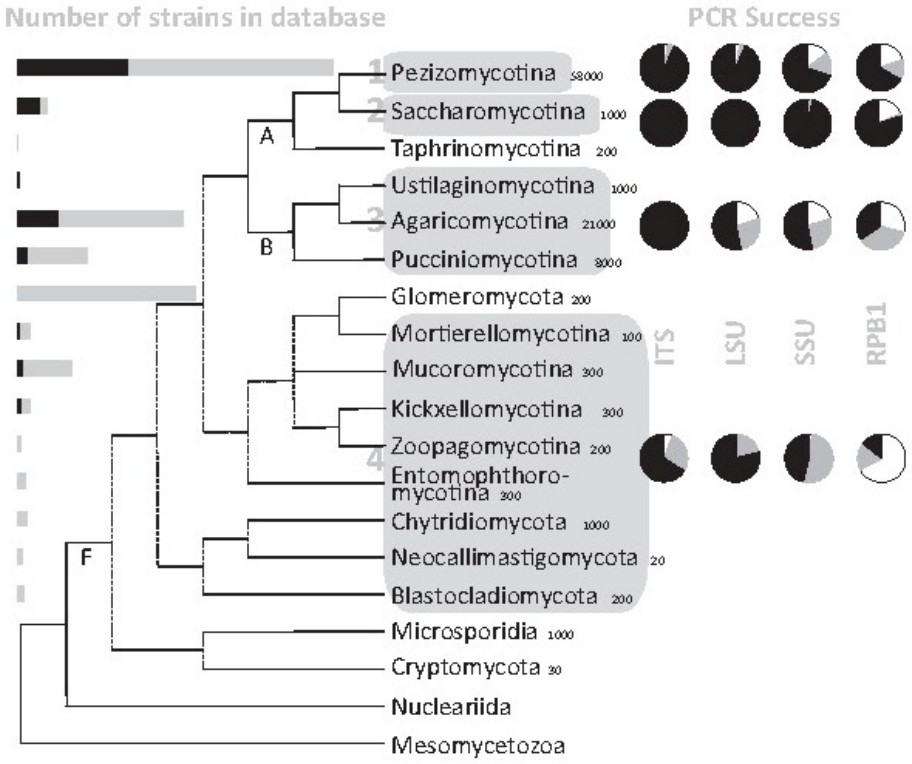

図. 菌類の系統樹と比較した遺伝子領域の PCR 増幅成功率

ここでは 4 領域（ITS, LSU, SSU, RPB1）の結果を示している。各系統群（“Pezizomycotina”など）における PCR 増幅は円グラフにて示した（黒＝PCR・シーケンスとも成功；グレー＝一部不成功；白＝PCR 増幅ができない）。成功率だけ見ると LSU 領域のほうが ITS 領域を上回る場合もあることを示している。

表. 各遺伝子領域の比較結果

領域	サマリー
ITS	PCR・シーケンスの成功率が高く、種同定の成功率も高い
LSU	PCR・シーケンスの成功率は高いが、種同定には変異が少なすぎる（別種を別種として判別できない）
SSU	PCR・シーケンスの成功率は高いが、LSU領域よりもさらに変異が少ない
RPB1	種同定の成功率は最高だったが、PCR・シーケンスの成功率が著しく低い
RPB2	PCR・シーケンスの成功率および種同定の成功率ともに中間的
MCM7	将来的に利用が増える領域であろうが、PCR・シーケンスの成功率が低い