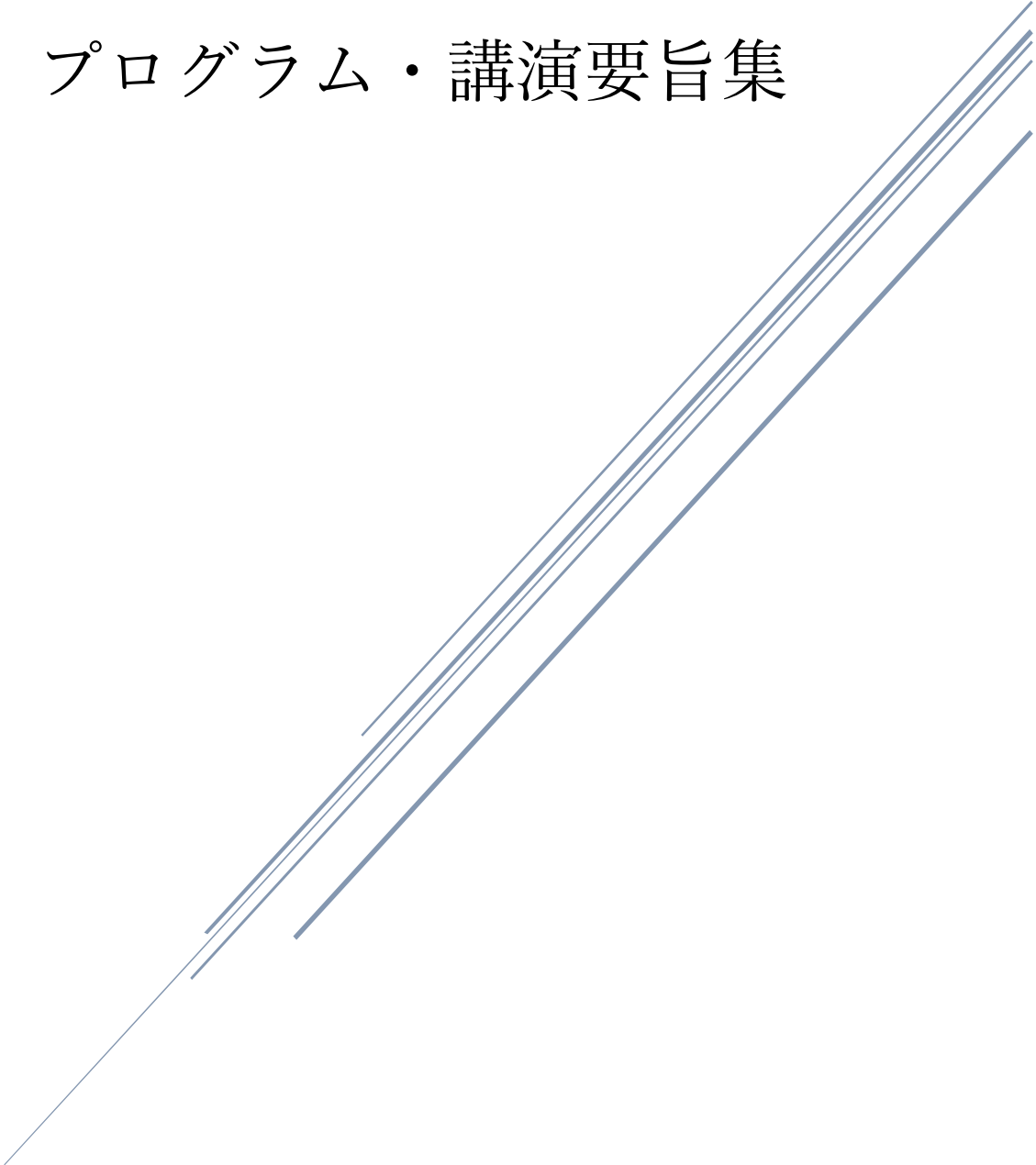


公益財団法人発酵研究所
学会・研究部会助成 公開シンポジウム

「持続可能な微生物の利用と分類」

東京理科大学共催

プログラム・講演要旨集



プログラム・講演要旨集目次

- | | |
|-----------------------------|----|
| 1. シンポジウム・年会参加者、講演者、発表者の皆様へ | p2 |
| 2. 会場等案内図 | p3 |
| 3. プログラム. | p4 |
| 4. シンポジウム講演要旨 | p5 |

シンポジウム参加者・講演者の皆様へ

会 期：2022年7月1日（金）
会 場：東京理科大学 野田キャンパス 7号館6階

大会事務局：〒278-8510千葉県野田市山崎2641
東京理科大学薬学部薬学科生命情報科学研究室
Tel：04-7121-3630 e-mail：28jsmrs@rs.tus.ac.jp

参加費： 正会員：5,000円 非会員：7,000円 学生：1,000円
※ 事前の銀行振込領収限定です。会場でのお支払いは対応いたしかねます。

会場案内：https://www.tus.ac.jp/access/noda_campus/
千葉県野田市山崎2641 東武野田線（アーバンパークライン）運河駅より徒歩5分

受付：受付は期間中毎日開始時間の30分前から7号館6階講堂ホワイエにて行います。ネームプレート、領収書、お弁当引き換え券をお受け取りください。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。

会場内 Wi-Fi 接続：Wi-fi 接続用の ID とパスワードを用意します。

昼食：キャンパス内にセブンイレブン1店、大学生協店1点、ならびに金曜日のみ昼食提供のキッチンカーが出店します、お時間に余裕を持ってご利用ください。事前にお弁当を予約された方は、当日に引換券をお渡しします。講堂内は飲食不可です。会場内の休憩室をご利用ください。なお、本学の感染症対策のため、外部の方の学生食堂、1階のカフェテリアの利用はできません。

発表要領：

講演者は、以下の方法で発表できます。

1) 会場にご出席の場合

ご自身のPCを用いる場合は、会場で、Zoom アクセスしていただき、発表資料を共有できます。

ご自身のPCで発表される場合で、会場でのZoomアクセスをされない場合は、会場のスクリーンに表示される発表資料を会場のカメラで撮りながらのライブ中継となります。スライド等の発表資料をUSBで持参された場合は、演台に設置している事務局のPCを経由して発表ください。

なお、会場でのPCの接続には、HDMI及びVGAの接続端子が利用できます。

2) リモートでご出席の場合

当日のZoomアドレスにログインして発表していただきます。

オンラインでの聴講：

7月1日のシンポジウムは無料のため、事前登録無しに、以下のURLからZoomにてオンライン聴講が可能です。

<https://tus-ac-jp.zoom.us/j/98562161762?pwd=b044NURxdmxrNVVmYkhuL05eU5aZz09>
meeting ID: 985 6216 1762 passcord: 811736

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
「持続可能な微生物の利用と分類」
プログラム

I. 持続可能な微生物分類を目指して (9:30 開会)

- S-1. 鈴木健一郎先生(東京農業大学) 9:40～ 座長：高島昌子・鈴木 誠
多相分類学(polyphasic taxonomy) ゲノム分類学と表現性状の調和 p6
- S-2. Diego Libkind 先生 (Biological and Geo-Environmental Technology Institute of Andean Patagonia)
10:10～ 座長：高島昌子・鈴木 誠
Bioprospection of *Saccharomyces* native yeasts from andean Patagonia and taxonomical implications. p7
- S-3. 布浦拓郎先生 (海洋研究開発機構) 10:40～ 座長：飯野隆夫
アーキアの発見から SeqCode に至るまで p8
- S-4. 渡辺京子先生 (玉川大学) 11:10～ 座長：乙黒美彩
どのように菌類の分類学を学んだか？ p9
- 総合討論 11:40～12:00
お昼休み (12:00～13:30)

II. SDGs 達成のための微生物の役割 (13:30 開会)

- S-5. 福田真嗣先生 (慶應大学、順天堂大学、神奈川県立産業技術総合研究所、筑波大学、メタジェン)
13:30～ 座長：乙黒美彩
腸内細菌叢を活用した新たな医療・ヘルスケア産業の創出 p10
- S-6. 西田武弘先生 (帯広畜産大学) 14:00～ 座長：石田達也
ウシのゲップのメタンを減らして地球温暖化を防ぐ p11
- S-7. 升屋勇人先生 (森林総合研究所) 14:30～ 座長：矢口貴志
気候変動と樹木の衰退枯死に関わる菌類 p12
- S-8. 竹下 毅先生 ((株)アルガルバイオ) 15:00～ 座長：河地正伸
『藻類の研究開発』で、人々と地球の未来に貢献する。－「微細藻類」の社会実装における現状と今後の展望－ p13
- 総合討論 15:30～15:50
終わりの挨拶 大熊盛也会長 15:50～

シンポジウム講演要旨

S-1 多相分類学 (polyphasic taxonomy) ゲノム分類学と表現性状の調和

○鈴木健一郎

東京農大応用生物科学部醸造科学科

Polyphasic taxonomy – harmonization of genome-based systematics and phenotypic characterization

Kenichiro Suzuki¹

Department of Fermentation Sciences, Faculty of Applied Bioscience, Tokyo University of Agriculture

生物の学名を特定する過程である同定(identification)ではできる限り簡便で迅速に学名に到達することが望まれる。しかし、その基盤となる分類体系の構築においては生物学的に本質的な情報に基づき、かつ客観的であることが期待される。現在では遺伝子を用いた手法と情報の充実が著しく、生物の本質は遺伝子にあるという前提で分類体系が議論されている。そのような「本質的な」指標に頼れなかった時代には多くの表現性状から生物の本質に基づいた客観的な分類体系を構築しようと模索が繰り返された。そのひとつが数値分類学である。数値分類学では、少しでも多くの指標を集積し、それに主観を入れずに統計的に処理することで客観性を求めた。このとき、形態学的性状に乏しい細菌のような微生物では生理学的性状に重点が置かれ、その中でも分類群ごとに異なる試験法を用いるなどは避けられないことであった。その結果によって構築された分類体系から識別に有効な指標を抽出し、二分法 (dichotomy)による同定のためのチャートに帰着させ、同定との整合性が図られた。また、化学分類学は細胞成分の分析に基づく分類指標として、生理試験のような生物の活性に依存せず、分析によることで信頼性を高めるとともにその生物学的意味が説明できることで有効な指標となった。また、MALDI-TOF/MS を用いた分析では考え方としては数値分類学と化学分類学が融合した手法とすることができる。Polyphasic taxonomy とは多相分類学と訳され、多くの分類学的性状を集めて総合的に分類学的考察を行うこと解釈され、分類学では重要な概念とされている。最近、International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)誌では、新分類群の発表においてその考察の最初に“polyphasic taxonomy にもとづいて”、と書かれていることが多い。しかし、その実際は 16S rRNA 遺伝子の塩基配列に基づく系統解析と最近では義務となっているドラフトゲノムに基づく DNA-DNA 交雑試験の結果がまずあり、その結果を裏付けるために表現性状の比較を行い、記載している。系統分類に基づくことで分類群のサイズや距離が普遍的なものとなったことは大いに歓迎されることである。それによって分類階級も決定される。しかし、分類群をまとめ、区別する分類指標としての表現性状に対する考察がもっとなされてもよいと考える。それによって個々の性状間の相関や分類階級としての表現性状を評価できるのではないだろうか。

S-2 Bioprospection of *Saccharomyces* native yeasts from andean Patagonia and taxonomical implications

○Diego Libkind¹⁻³

¹Director of the Biological and Geo-Environmental Technology Institute of Andean Patagonia (IPATEC), Av. Pioneros 2350, Bariloche, 8400. www.ipatec.conicet.gob.ar

²Principal Researcher in National Council of Technical and Scientific Research of Argentina (CONICET)

³Microbiology Professor in Comahue's National University, Quintral 1250, Bariloche, Argentina
libkindfd@comahue-conicet.gob.ar

Yeasts of the genus *Saccharomyces* are intimately involved in the production of fermented beverages and food as well as many other biotechnological processes. However, only in recent years, an increased number of studies related to its geographical distribution and population structure have appeared. Besides *Saccharomyces cerevisiae*, seven other biological species have been recognized from the same genus and have been less thoroughly studied. Only a few of these species contribute to the hybrid genomes of industrial yeasts (i.e. *S. bayanus* and *S. pastorianus*) important for the wine, beer and cider industry. Here I review results obtained through bioprospection studies in north-western Patagonia natural forests which detected yeasts species of great scientific and fundamental relevance, including the cryotolerant species *Saccharomyces eubayanus* and novel populations of *Saccharomyces uvarum*. The use of NGS technologies and phylogeographic approaches allowed to better determine the boundaries that delimit very closed species in this genus and helped to propose new criteria for novel species assignments.

S-3 アーキアの発見から SeqCode に至るまで

○布浦拓郎

海洋研究開発機構生命理工学センター

From the discovery of Archaea to SeqCode

Takuro Nunoura

Research Center for Bioscience and Nanoscience (CeBN), Japan Agency for Marine-Earth Science & Technology (JAMSTEC)

ゲノム情報が微生物記載の必須条件となった現在において、分類体系全体の基準をゲノム情報とする、さらに、未培養系統群にまで拡張する提案が生じることは、極めて自然な事象である。本発表では、1977年のウーズによるアーキアの発見以降の、これまでの分子生物学の発展と微生物分類を振り返り、現在の状況の整理を試みる。

ウーズによるアーキアの発見とは、単離・分類された複数の微生物から精製した rRNA を対象とした配列構造の比較であり、その結果に基づいてアーキアのバクテリア（原核生物）からの独立が提案された (Woese & Fox 1977)。当初においては、懐疑的な見方も強かったが、その後、サンガーシーケンス法や PCR 法の開発・発展・普及による SSU rRNA 遺伝子配列やその他の保存性の高い機能遺伝子配列の情報が蓄積するに伴い、1990年代には 3 ドメイン説は広く受け入れられることとなった (Woese et al. 1990)。一方、微生物分類においても、従来の DNA-DNA ハイブリダイゼーションとの対応関係を基盤に、16S rRNA 遺伝子配列における 97%の相同性が種レベルの簡易的な識別の指標として活用されている。その後、サンガーシーケンスによるゲノム解析、次世代シーケンサーの登場、第三世代シーケンサーの登場や次世代シーケンサーによるシーケンス価格の著しい下落、情報解析技術の普遍化を経て、微生物新種記載におけるゲノム情報が必須となる時代が到来した。また、それにより DNA-DNA ハイブリダイゼーションとの対応は、デジタルなハイブリダイゼーションや、average nucleotide identity 等の情報解析に取って代わられている。

一方、培養を経ずに微生物群集やその機能を明らかにする試みは、1990年前後より、PCR 増幅した環境中の rRNA 遺伝子配列を対象とした解析やメタゲノム解析が開始され、今や普遍的な解析技術として微生物生態研究に留まらない広範な研究領域に不可欠な解析技術として認識されている。メタゲノム解析による未培養系統群のゲノム再構築が報告されるようになったのは、2000年以降であり、以降、シーケンスコストの低下や情報解析技術の進展・普及に対応し、現在では無数の再構築ゲノム (metagenome assembled genome [MAG]) や 1 細胞ゲノム (single amplified genome [SAG]) が報告・登録され、また、それに伴い、未培養系統群に関する "candidatus" な高次分類の提案も相次ぐ。データベース毎に記載が異なることも日常茶飯事であり、もはや普通の微生物生態研究者には、情報の整理も困難な状況が生じている。更に、中には一度に約 50,000 MAG を報告する事例も生じており、このような状況下では candidatus 名の記載すら、もはや追いついていない (Nishimura & Yoshizawa 2022)。

このような状況を整理すべく、比較ゲノム解析を種から門までの各分類段階の指標とする提案が、様々な次元においてなされている。これらの提案は、培養の可否に関わらない包括的なものもあれば (Rinke et al. 2021, Hugenholtz et al. 2021; Parks et al., 2020)、未培養系統群の分類に関わるルールの整備 (Murray et al. 2020)、培養系統群の再分類 (Waite et al, 2020)、更には病原菌の再分類 (Parkes et al. 2021) に至るまで多岐に渡る。とは言え、こういった提案も、大多数の微生物研究者にとっては、対岸の火が移ってきたようなもので、何がどうなっているのかサッパリ分からないのではないかと想像する。技術の発展によって生じた混乱は、これまでの事象と同様、技術の普及と研究者間の対話、そして混乱の受容に掛かる時間が解決するしかない。これまでの分子生物学進歩と微生物分類の関係を振り返ることが、その一助となれば幸いである。

S-4 どのように菌類の分類学を学んだか？

○渡辺京子

玉川大学農学部

How we obtained knowledges regarding fungal taxonomy at a university

Kyoko Watanabe

Faculty of Agriculture, Tamagawa University

微生物は生物学ではほとんど扱われない目にみえないぐらい小さい生物を指し、動物・植物のように科学的根拠に基づいたグループではない。このことは我々微生物を扱う者にとってはいわずもがなであるが、学生にとっては、細菌と真菌が共に“菌”と呼ばれ混乱しているところを生物学で真核生物と原核生物として違いを学び、今度は微生物学としてせっかく学んだ両者の違いを再びひとつにまとめた概念としてスタートする。つまり、微生物学の限られた15回の講義の中で、アーキア、細菌、真核生物にわけることからはじまる。たとえば細菌・菌類の分類は、国際原核生物命名規約、国際藻類・菌類・植物命名規約に従うため、それぞれの分類指標や種の考え方の違う“微生物”を理解しなければならないことになる。それにも拘わらず、それぞれの分類については1回ずつの講義程度で概説される。たとえ細菌学や菌学の講義があったとしても、分類の項目で教える内容は、門やそれ以下の分類群の形態的特徴と生活環を解説するに留まり、植物分類学や動物分類学と同様に細菌分類学や菌類分類学のような講義が用意されている大学は殆どない。現在の分類は、種概念の理解と分子系統解析で行われているので、これを正しく読み取り理解するために分子系統学、分子系統進化学の知識も必須となる。農学や発酵学のような応用分野の学部は、理学部とは異なり、これらの学問分野が講義科目となっている大学は少なく、多くの大学生が分類学として各生物群を学べる内容は、現在の分類体系に従った同定に役立つ知識に留まっているともいえる。つまり、「種とは何か？」という分類学上もっとも重要な命題に触れる機会が用意されていないように思える。

しかしながら、分類学は命名規約（お作法）による種の定義と分類学で提案されている種概念を基準にした種の定義には差があるという学名の命名上の複雑さに加えて、1つの分類群をとっても複数の解釈があるという複雑な構造の学問となっている。

それにも関わらず、講義科目が充実する大学出身者だけでなく、少ないながらも一定の数の分類学の専門家が誕生するのは、学生が教員を選び、いわば弟子入りのようにして知識を得ているからではないだろうか。あるいは学会で知り合った研究者や論文著者に直接尋ね指導を仰ぐからではないか。さらに、様々な団体による分類に関する勉強会などの開催も理由として挙げられるかもしれない。もちろん、日本微生物資源学会誌の特集や連載は、専門家による最近の分類を学ぶことができる。菌類に限ると、日本菌学会や日本菌学会関東支部、さらに日本植物病理学会植物病原菌類談会で菌類の分類に関する知識が得られる講座が開催されてきた。かつてほどではないが、現在もなお継続して開催されている。恐らく、微生物に関係者はこれら提供される情報から知識を得た経験をお持ちと思う。

私自身はウイルスを専門とする教員のもと、「採集した菌を図鑑で絵合わせして種を決めなさい」と指導されたのが菌類研究のスタートである。結果、大学の講義を通して得た知識よりも、先の勉強会や多くの研究者のご指導のもと現在に至っている。

意外とおざなりになっている分類学は、生物多様性の理解と保存にとって基盤となる知識である。また、生物多様性条約（CBD）における生物遺伝資源への適切なアクセスや研究成果の普遍性にも貢献する学問である。

どの学問においても共通するが、大学の講義（実習を含めて）で学べることには限界があり、大学が提供できるのは、必要な知識の目次のようなものかもしれない。その目次を手掛かりに興味をもち後輩達が深い知識を得て新たに展開できるような体制を大学以外で整えられるかが、研究者の質を上げることに繋がるかもしれない。

S-5 腸内細菌叢を活用した新たな医療・ヘルスケア産業の創出

○福田真嗣¹⁻⁵

¹慶應義塾大学先端生命科学研究所, ²順天堂大学医学部,

³神奈川県立産業技術総合研究所, ⁴筑波大学医学医療系, ⁵メタジェン

Development of a new medical and healthcare industry based on gut microbiota

Shinji Fukuda¹⁻⁵

¹ Institute for Advanced Biosciences, Keio University, ² Juntendo University School of Medicine,

³ Kanagawa Institute of Industrial Science and Technology, ⁴ Faculty of Medicine, University of Tsukuba, ⁵ Metagen, Inc.

ヒトの消化管内にはおよそ 1,000 種類で 38 兆個にもおよぶとされる細菌群が生息しており、これらの集団（細菌叢と呼ぶ）は宿主細胞と密接に相互作用することで、複雑な微生物生態系を形成している。特に腸内には多種多様な細菌が生息しており、宿主が摂取した食品などを更に代謝することでさまざまな栄養素や代謝物質を産生し、さらには細菌自体の構成成分を介してヒトの健康維持に寄与することが知られている。一方、薬剤摂取やストレス、あるいは食習慣の変化など、様々な環境要因により腸内細菌叢のバランスが崩れると、大腸がんや炎症性腸疾患といった腸そのものの疾患に加えて、自己免疫疾患や代謝疾患といった全身性疾患に繋がることも報告されている。従ってその重要性から、腸内細菌叢は異種生物で構成される体内における「もう一つの臓器」とも捉えられるが、個々の腸内細菌がどのように振る舞うことで腸内環境の恒常性維持に寄与しているのか、すなわち宿主-腸内細菌叢間相互作用の分子機構の詳細は不明な点が多い。われわれはこれまでに、腸内細菌叢の遺伝子情報と代謝物質情報を網羅的に解析し、時系列情報に基づいて数理科学的に統合解析するメタボロゲノミクスを独自に構築し、腸内細菌叢から産生される代謝物質である酢酸や酪酸などの短鎖脂肪酸が、腸管上皮層のバリア機能の向上や、免疫系に作用して大腸炎抑制に寄与することを明らかにした。また特定の腸内細菌やその代謝物質が感染症予防に寄与することや、腎疾患における尿毒症物質産生に関与すること、大腸がんにおいて口腔内細菌の関与や二次胆汁酸産生が増悪因子となり得ることを明らかにした。このように、メタボロゲノミクスアプローチを適用することで、腸内環境を介した全身性の恒常性維持には、腸内細菌叢から産生される代謝物質が重要であることを明らかにした。これらの研究成果を社会実装する目的で、慶應義塾大学と東京工業大学とのジョイントベンチャーとして株式会社メタジェンを設立した。本講演では、腸内環境に基づく層別化医療・ヘルスケアをキーワードに、腸内細菌による薬剤代謝や便微生物叢移植療法と薬効との関係、マイクロバイオーーム創薬開発に関する最新知見を共有すると共に、腸内環境の適切な制御による新たな健康維持、疾患予防・治療基盤技術の創出に向けたわれわれの取り組みについて紹介する。

S-6 ウシのゲップのメタンを減らして地球温暖化を防ぐ

○西田武弘, Ashagrie Aemiro, Eslam Ahmed

帯広畜産大学畜産学部

Reducing methane belched by the cows to prevent global warming

Takehiro Nishida, Ashagrie Aemiro, Eslam Ahmed

School of Agriculture and Animal Science, Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine

地球温暖化と家畜

2019年度の日本の温室効果ガス排出量は、二酸化炭素換算で12.1億トンであり、このうち、農林水産分野は約4,747万トン(総排出量の約3.9%)である。内訳としては家畜の消化管内発酵が756万トン(農林水産分野の16%)、家畜排せつ物管理等で233万トン(5%)のメタンの排出があり、農用地の土壌や家畜排せつ物管理等による369万トン(8%)の亜酸化窒素の排出がある。

反芻家畜の反芻胃(ルーメン)では、飼料の発酵分解過程においてメタンが生成されている。メタンは890 kJ/molのエネルギーを持つため、飼料エネルギーの2~12%を損失しているといわれている。さらにメタンは、二酸化炭素の約25倍の温室効果能を持つため、近年の地球温暖化に関与している。つまり、反芻家畜のルーメンメタン生成を抑制することは、反芻家畜の飼料利用効率の改善と地球温暖化の緩和に貢献するといえる。

家畜用飼料としてのユーグレナについて

ユーグレナ(*Euglena gracilis*)を反芻家畜用飼料として利用することを考えると、(1)BSE(ウシ海綿状脳症)の心配は無い、(2)淡水で光合成によって増殖する、(3)脂肪含量の高いものを培養し、燃料を抽出した後の粕も飼料資源として有望である、(4)(3)の場合、抽出した燃料を別途販売できるので、その絞り粕は安価になる可能性が高い、(5)栄養素は豊富に含有しており、動物性の細胞壁なので消化性も高い、等のメリットがあげられる。

まず *in vitro* 試験でユーグレナ給与量とメタン抑制効果について、種々の投与量で検討を行った。この結果から、メタン生成抑制効果は5%添加から観察され、40%以上でより大きくなることが確認された。さらに、ヒツジの飼料中乾物当たり15%の濃厚飼料とユーグレナを置換すると、無添加区では1日当たりのヒツジからのメタン発生量は31.83Lであったのに比べて、添加区では23.95Lと有意に低下した。

天然素材を活用した飼料添加物について

Mootral®は、ニンニクと柑橘類の抽出物であり、スイスのMootral社によって開発されたメタン抑制剤として有望な飼料添加物である。そこで我々は *in vitro* および *in vivo* 実験を通じて総合的な評価を行った。ウシから採取したルーメン液を用いて、5種類の実験飼料(100:0, 80:20, 60:40, 40:60, 20:80, 粗飼料:濃厚飼料)にMootralをそれぞれ200g/kg添加した培養実験を行った。本試験の結果、すべての実験飼料において、Mootralがメタン生成量を有意に削減できることが確認された。削減量は、濃厚飼料の比率が高くなるに従って増加し、高濃厚飼料区(20:80)では最大69%に達した。Mootralは栄養成分の消化率に悪影響を及ぼさなかった。

また、ヒツジを用いて、Mootralを投与した給与試験を行った。すべての投与量で、飼料摂取量、健康状態、成長成績、胃内発酵、栄養成分消化率に悪影響はなかった。Mootralは、可消化乾物摂取量あたりのメタン産生量を、最大で12.8%減少させた。したがって、Mootralは、反芻動物の健康に悪影響を及ぼすことなく、メタン排出量を削減できる可能性があるといえる。

おわりに

世界人口の増加や経済成長によって畜産物の需要はより多くなり、世界全体の家畜からのメタン排出量は増加すると考えられる。今後の課題は、費用対効果が高く、実現可能な方法で飼料に添加でき、畜産物の生産性を低下させず、メタン排出量を削減するような技術を開発することである。

S-7 気候変動と樹木の衰退枯死に関わる菌類

○升屋 勇人

(国研) 森林研究・整備機構森林総合研究所

Climate change and fungi associated with tree mortality

Hayato Masuya

Forestry & Forest Products Research Institute, Forest Research and Management Organization

今年、IPCC は気候変動の直接的原因は人為的活動によるものであり、今すぐにアクションを起こさなければ気候変動を抑えることはできないという、これまでにない強い声明を発表した。緑豊かで生物多様性の高い日本に住む私たちの中にはあまり実感がないかもしれないが、気候変動の影響は確実に身近な存在となりつつある。それを端的に感じられる現象が樹木の衰退、枯死である。樹木の衰退枯死に関しては1980年代後半から、大気汚染、侵入病害など様々な要因が考えられてきたが、最近では気候変動が大きな要因ではないかと考えられる事例が見られるようになってきた。年平均気温の明らかな上昇は様々な生物に影響を及ぼしており、樹木病原菌類も例外ではない。その中で特に直接的、間接的に気候変動の影響を受けた結果、樹木病害の密度や分布、挙動が変化し、結果的に森林衰退、枯死が発生すると考えられる。本発表では、日本国内において菌類が関与する樹木枯損について、様々な状況証拠から気候変動が重要な要因と考えられる事例を紹介する。

気候変動により病原菌の分布が影響する事例として、樹木寄生菌がベクターとともに北上することで、枯死被害が広がるパターンがある。ナラ枯れはカシノナガキクイムシと随伴菌である *Dryadomyces quercivorus* により引き起こされる。現在被害は青森県にまで到達しているが、最近では北海道でカシノナガキクイムシが見つかっており、被害の発生が危惧されている。また年1回の発生であったのが、最近では普通に年2回の発生が確認されており、更なる大発生が危惧される。カシノナガキクイムシも南方系種であるが、東北以北でも生育が可能になったことに加え、感受性の高いミズナラと遭遇する機会が増えたことにより、さらに個体数を増加させるとともに枯死被害を拡大させる結果になった。

温度特性や熱帯起源であることから今後分布が北上する可能性が高い樹木病害も分かっている。樹木疫病菌の *Phytophthora cinnamomi* は多犯性の植物寄生菌であり宿主範囲は5000種以上とも言われる。熱帯起源であり、低温には弱いとされ、その分布は南方に限定されていた。しかし最近の調査で山形県まで北上していることが明らかとなった。ウルシは感受性樹種のため、山形県以南のウルシ産地では適切な管理を行わなければ、その生産は困難になりつつある。西日本においてはウルシ林の育成は困難な状況であるが、逆に岩手県以北では本病原菌による被害は確認されていない。今後の気候変動により本病原菌の分布が北上すれば、国内のウルシ生産は困難になる可能性がある。

チャアナタケモドキはスギをはじめとするヒノキ科樹木の辺材腐朽菌であるが、気候変動による台風増加に伴い、幹折れ被害が増加しているが、その要因の一つと予想されている。この種類は近縁種である *Fomitoporia punctata* と比較すると、分布は温暖な地域に限定されている。両種の温度特性を比較すると、チャアナタケモドキは比較的高温域に生育最適温度がある。一方で *F. punctata* は比較的低温域が生育適温である。種分布モデルに基づく分布予測図では両種は済み分けているように見えるが、今後気候変動によりチャアナタケモドキの北上、近縁種との置き換わりが生じる可能性がある。その結果、スギ人工林において幹折れ被害が広がるリスクがあるかもしれない。

気候変動は、生物の分布変化だけでなく、生物間相互作用へも影響する。その結果もたらされる負の影響として、樹木の衰退、枯死は今後さらに顕著になると予想される。こうした状況の中で、気候変動に対する適応策を講じる必要があるが、その際に関連する微生物の機能解明は急務であり、そこに果たす菌株保存機関や微生物に関する研究機関の果たす役割はこれまで以上に重要になってくると思われる。

S-8 『藻類の研究開発』で、人々と地球の未来に貢献する。－「微細藻類」の社会実装における現状と今後の展望－

○竹下 毅, 吉田昌樹, 田辺雄彦, 安井強, 木村周

株式会社アルガルバイオ

"Research and development of algae" will contribute to the future of people and the earth. —
Current status and future prospects for social implementation of "Microalgae"—
Algal Bio Co., Ltd.

微細藻類は水圏の一次生産者として淡水域、海水域に広く分布しており、その多様な性質を活用し、様々な産業で利活用できる可能性がある。しかし、微細藻類は推定数十万種とも言われ、記載も約 4 万種にのぼるが、商品化に至っているものは約 30 種に過ぎない。これらわずか 30 種の藻類による、食品、健康食品、化粧品など藻類バイオの市場規模は 5,000 億円を超えると推定されている¹⁾。今後、未利用の微細藻類の活用により、藻類バイオの市場は従来の食品等の市場から、化学品、エネルギー分野まで拡大し、環境負荷の低減を実現しながら新たな“藻類産業”が形成できるものと期待される。

微細藻類を産業利用のメリットとして、陸上植物と比較してバイオマスの生産性が高いことが挙げられる。例えばトウモロコシの 10 トン/ha/年²⁾に対し、食用の微細藻類であるスピルリナは 35 トン/ha/年²⁾、水産飼料として活用されている緑藻テラセルミスは 36 トン/ha/年³⁾と、効率良くバイオマスを生産することができる。更に、微細藻類は生産に農地を必要としないため、既存の農業と競合しにくいという特長を有する。

この特長を活かし、戦後の食糧難の解決策として、1950 年代には東京大学を中心にクロレラの研究がスタートした。微細藻類の食品利用に関する研究は、日本が世界に先行してきた歴史があり、クロレラは健康食品として製造法が確立し、現在も世界各国で普及が進んでいる。その後、スピルリナやユーグレナなどが食品として開発され同様に世界での販売が拡大している。

更に、微細藻類の機能性成分に着目し、健康食品や化粧品などの原料素材としての開発も進んでいる。緑藻ドナリエラによる β-カロテン、オーランチオキトリウムによる DHA (ドコサヘキサエン酸)、緑藻ヘマトコッカスによるアスタキサンチンなど、1 キロ当たり数万円を超える高付加価値な機能性素材として生産が拡大している。

上記研究で、微細藻類のタンパク質含量が高いことが明らかになっている。国連によると地球の人口は 2050 年には約 100 億人になり、人口増加と新興国の経済発展や生活水準の向上により、食生活が向上により世界的なタンパク質不足が起こる (Protein crisis) と予想されており、微細藻類の食品利用の拡大は、この地球規模の課題に対する一つの解決策となるものと期待される。

微細藻類はオイルも産生するため、社会実装に向けた取組が継続されている。藻類バイオ燃料の歴史は古く、1978-1996 年に米国エネルギー省 ASP (Aquatic Species Program) 「藻類バイオディーゼル生産」プロジェクトで、日本でも 1990-1999 年にかけて、当時の通産省のニューサンシャイン計画「細菌・藻類等利用二酸化炭素固定化・有効利用技術研究開発」で 10 年以上の歳月をかけて研究開発が進められてきた。現在でも、バイオ燃料として広く普及できる生産コストの実現と、供給量の確保に向けた課題解決に、様々な取組みが継続されている。

近年、CO₂ 濃度の上昇による地球規模の気候変動は世界的な課題と認識され、CO₂ 削減への取組みが加速している。微細藻類は光合成による CO₂ 固定が可能で、CO₂ がバイオマスに変換されるクリーンな CO₂ 固定方法として注目されている。

株式会社アルガルバイオは、微細藻類の可能性に着目して 2018 年に創業した東大発のベンチャー企業である。東京大学の河野重行教授 (現名誉教授) の 20 年来の研究成果を引き継ぎ、藻類バイオビジネスの拡大と様々な社会課題の解決を目指している。本講演では、微細藻類の分類から、その産業的な活用と広がり、ベンチャー企業として藻類の研究開発を通じて取り組んでいる社会課題など、微細藻類の社会実装

に向けた開発事例や今後の展望について紹介する。

- 1) 竹下毅・細川聡子・河野重行：微細藻類によるバイオ燃料生産の実用化に向けて 新たな株の単離、MDB 技術予測レポート]「微細藻類によるバイオ燃料生産の実用化に向けて新たな株の単離」 株式会社カイト pp1-15、(2019)
- 2) Vonshak and Richmond 1998 Biomass 15, 233-47
- 3) Tredici et al. 2015 Appl Energy 154, 1103