

# *Candida* 属とは何か？

—命名法改訂がもたらす酵母学名の再編—

遠藤力也

独立行政法人理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室 (JCM)  
〒305-0074 茨城県つくば市高野台 3-1-1

## What is the genus *Candida*?

—Name change of yeasts required in accordance with the revision  
of the international code of nomenclature—

Rikiya Endoh

Microbe Division/Japan Collection of Microorganisms, RIKEN BioResource Center  
Koyadai 3-1-1, Tsukuba, Ibaraki 305-0074, Japan

### 1. はじめに

2011年7月、オーストラリア・メルボルンで開催された第18回国際植物学会議において、菌類が従う国際命名規約が改正された。旧来の国際植物命名規約 International Code of Botanical Nomenclature (ICBN) は国際藻類・菌類・植物命名規約 International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (ICN, メルボルン規約) に改称され、多くの重要な変更を含む歴史的な転換点を迎えた。

規約の変更点の詳細については優れた総説(矢口, 2014)があるので割愛するが、特に大きな影響を及ぼしたのが、多型的生活環を有する菌類に認められていた二重命名法が廃止され、統一命名法が採用されたことである(第59条の改訂)。高等菌類の多型的生活環については本誌に既出の解説(岡田, 2009)で詳述されているのでこちらを参照されたい。有性世代と無性世代の双方が知られる菌類は、従来二重命名法 dual nomenclature によって記載されてきたが、菌類の一種である酵母の学名も2013年1月1日以降はICNに則って統一命名法 unified nomenclature (unitary nomenclature) のもとに発表されねばならなくなった。これにより既知種の酵母の学名も変更が必要になり、研究コミュニティで議論と再分類等の誌上発表が進んでいる。

本稿では、命名規約の改正に伴って生じている酵母の学名を巡る問題点と現状を概説する。特に、酵母の

学名を巡る問題の具体例として子囊菌系酵母の一属である *Candida* 属に関する最新の動向を踏まえ、この歴史的な転換点に臨んでカルチャーコレクションとして実務上どのように対処していくべきかを議論したい。

### 2. *Candida* 属とは何か？

#### 1) ICN 発効時点での *Candida* 属の現状

カンジダと聞けばヒトのカンジダ症 candidiasis を想起し、病原医真菌としての *Candida* 属酵母を思い浮かべる研究者は多いことだろう。しかし、実際に病原菌としての側面をもつ *Candida* 属菌は、*Candida albicans* をはじめとするごく一部の種に過ぎない。2011年に上梓された酵母分類学の標準書 The Yeasts, A Taxonomic Study 第5版(Kurtzman *et al.*, 2011)(以下、The Yeasts 第5版)に収載されている *Candida* 属菌は実に314種、本書の編集作業中に発表されたために詳述にはいたらなかった種として他に51種が付記されている。全子囊菌系酵母の種数が当時930ほどであったことから、実に全種数の約40%の酵母が *Candida* 属に“属していた”ことになる。ICNの発効により学名変更が必要になる最たるものが、この膨大な種数を擁する *Candida* 属菌である。この理由を述べるため、まずは *Candida* 属の実体がどういったものなのかを紹介したい。

*Candida* 属は1923年にBerkhoutの学位論文中で提唱された(Berkhout, 1923)。属の基準種として *Candida vulgaris* (*Candida tropicalis* のシノニムとさ

れる)が指定され、このときの再分類によって *C. albicans* も本属に帰属された。これ以降膨大な数の *Candida* 属菌が新種提唱され、幾多の再分類が繰り返された結果、今日の (ICN のもと統一命名法が適用される時点での) *Candida* 属という集合は分子系統学的には子囊菌門 Ascomycota, サッカロミケス亜門 Saccharomycotina という非常に広大な範囲に及ぶ多系統群になってしまった。このため、*Candida* という属を合理的に定義する共通の表現型が事実上存在せず、The Yeasts 第5版 *Candida* 属のチャプター冒頭の Diagnosis of the genus には以下のように記述されている。

Asexual reproduction: Cells are globose, ellipsoidal, cylindrical or elongate, occasionally ogival, triangular or lunate. (中略) Pseudohyphae and septate hyphae may be formed. (中略) Sexual reproduction: Absent. (中略) Phylogenetic placement: Saccharomycetales. The genus is highly polyphyletic as it comprises mitosporic species that are devoid of special distinguishing features. (後略)

栄養細胞の形態は上述のように極めて多様で、形態を示す形容詞が列挙されている。また may be … という、diagnosis として記すには心許ない表現が上記を含めて4ヶ所ある。さらに、下線を付した箇所では「識別に用いる際立った特徴を欠いた、無性世代のみ知られる種で構成されている」といい切り、際立った特徴がないことが属の特徴であるかのような紹介がなされており、本項の表現に苦心した様子が垣間見える。

すなわち、*Candida* 属とは子囊菌系の酵母でテレオモルフが見つかっていなく、特筆すべき表現型が何ら見つからないものの、いわば“仮置き場”的な集合といえよう。

## 2) *Candida* 属が多系統になってしまった背景

*Candida* 属が上述のような状況に陥ってしまった背景には次の (1)~(4) の理由があると考えられる。

### (1) 微生物にしては歴史が古い

パン、ビールやワインに代表される発酵食品の生産に不可欠で、古くから人類の生産活動に身近な存在であった酵母は、肉眼では見えない生物であるにも関わらずその科学的研究の歴史は古い。例えば酵母の代表といえるパン酵母 *Saccharomyces cerevisiae* は1883年に早くも記載されている。また、*S. cerevisiae* と並びモデル生物として細胞生物学等の分野で極めて重要な研究材料となってきた分裂酵母 *Schizosaccharo-*

*myces pombe* は1893年に記載されており、19世紀には出芽酵母との違いが明確に把握されていた。これらに比べれば後発にはなるが先述の通り *Candida* 属は1923年に提唱された。1960年以前に記載された *Candida* 属菌で現在も valid な種は *C. albicans*, *C. tropicalis*, *C. maltosa* など16種にのぼる。これらは半世紀以上前に既に存在が確かめられ、当時の判断基準でも別種と考えられていたことになる。後述の理由 (2)~(4) 全てに共通する背景としても、酵母分類学の歴史の古さは *Candida* 属の現況を論じるうえで言及する必要があるだろう。

### (2) 形態的な特徴に乏しい

そもそも「酵母」とは、生活環に単細胞の世代をもち、出芽または分裂によって増殖する真菌の総称である。単細胞であるがゆえに酵母の形態的特徴は乏しい。しかしながら上述のように研究の歴史は古く、形態的な特徴の乏しさを補う識別手段として、当時でも利用可能だった生理生化学的性状による分類が酵母種の記載に用いられてきた。しかし、生理学的な性状のみから分子系統的にかけてはなれていることを断定するのは現在においても容易ではない。もともと形態的な特徴が乏しいゆえ“他人の空似”が起こりやすいという難点は、実験室で酵母を扱ったことのある研究者であれば誰しも理解していただけたところだろう。

### (3) 酷似しているも分子系統学的には多様な酵母が存在

酵母の場合、形態の特徴が乏しく、有性生殖も知られず、一見して際立った違いはないと思われる種同士であっても分子系統学的にかけはなれていることはよくある。タンパクを構成するアミノ酸置換率をもとに遺伝的多様度を比べると、Saccharomycotina の多様性はヒトからホヤよりも高い (Dujon, 2006)。しかし形態的な特徴が乏しく且つ有性生殖も確認されていない Saccharomycotina の酵母を形態的特徴・生理学的性状・有性生殖の有無といった表現型のみからそれほどの多様性を類推することは困難である。ましてや DNA の二重螺旋構造も確かめられていない時代において、それらの酵母を1属として一括りにしたのは、致し方なかったと考えられる。

### (4) シーケンス技術の普及後も分類体系が整備されなかった

1990年代に入ってキャピラリーレイ電気泳動方式によるオートシーケンサーが普及すると塩基配列の決定が格段に容易になった。これとともに分子系統解析も普及し、配列データが蓄積されて生物種の分子系統

関係の推定方法も急速に普及していった。その結果、一見して際立った違いはないと思われる酵母も実は分子系統学的に極めて多様であることがわかってきた。塩基配列解読技術の発達とそれに付随した分子系統学的アプローチが、分類学的な集合としての *Candida* 属の不備を浮き彫りにしたといえよう。

分子系統の観点からいえば *Candida* 属という枠組みに問題があることは、酵母分類学に携わるほとんどの研究者が 1990 年代半ばには既に気づいていたことだろう。しかし、分類体系やそれを作る大元のルールである命名規約の大幅な改訂はなされないまま 20 年ほどが経ってしまった。この間に酵母の新種は次々と発見され、従来のルールに則って新たな *Candida* 属菌が産み出される時代が暫く続いたこととなる。

筆者が推察するに、命名規約再考の必要性は早くから多くの研究者が気づいていたものの、分子系統学に対する信頼性が定まっていなかったことや、二重命名法を存続すべきという立場の研究者との主張の対立、もし二重命名法を廃止するのであれば分類体系の抜本的な再編が必要になるという事態のあまりの深刻さゆえ、対応が後手に回り続けたのではないだろうか。加えて、特徴のない酵母の新種記載を行うのに *Candida* 属という“仮置き場”がある意味で非常に使い勝手の良い、先人の“遺産”だったという向きもあったのではないか。反省の念を込めていえば、本稿の筆者も半ば疑問を抱きながらも *Candida* 属を冠した種を記載した、産みの親の一人である。

以上に述べたように、酵母は研究の歴史が比較的古いものの、形態的な特徴に乏しいという生物としての“特徴”ゆえに、当時は妥当と考えられた *Candida* 属という分類学的枠組みの中に一括りにされた。実際には分子系統的に極めて多様なものが含まれることがわかってきたが、対応が後手に回り続けてきたという背景から、“仮置き場”的な集合の要素が増加していったのだろう。

表 1 に The Yeasts 第 3 版から第 5 版までの *Candida* 属菌と全子囊菌系酵母の収載種数の変遷を示す。第 3 版では *Taphrina* 属菌が本書に含まれていないなど編

集上の相違点が多々あるため厳密な比較はできないが、第 3 版刊行の時点で *Candida* 属菌が実に約 50% と、大きな割合を占めていたことは間違いない。その後、第 4 版刊行の時点で *Candida* 属菌の種数はむしろ減っている。これは、DNA-DNA ハイブリダイゼーション法や塩基配列の比較によって、シノニムと判定された種が多くあったためと見られる。第 4 版以後の 15 年弱で *Candida* 属菌は 2 倍以上に増え、2011 年に出版された第 5 版では 365 種、2014 年 2 月の時点で 434 種と報告されている (Daniel *et al.*, 2014)。近年、DNA バーコード領域の塩基配列は新種記載時に必ず解読されるようになってきているため、シノニムと判定されて種数が 434 から減ることはほぼ皆無だろう。後に詳述するように、統一命名法の採用によってこれら *Candida* 属菌の大半が学名変更の必要にさらされることとなった。

### 3) *Candida* 属以外の多系統群

先の (1)~(4) に記した事情は当然 *Candida* 属に限ったものではなく、担子菌系酵母でも同様に多系統の属が存在する。*Cryptococcus* 属菌はハラタケ亜門 Agaricomycotina に属するが分子系統樹上のいたるところに約 70 種が散在している。*Rhodotorula* 属にいたっては、サビキン亜門 Pucciniomycotina とクロボキン亜門 Ustilaginomycotina にまたがって約 50 種が散在している。

*Candida* 属、*Cryptococcus* 属、*Rhodotorula* 属はいずれもアナモルフ属だったが、テレオモルフ属でも多系統となっているものがある。その代表が子囊菌系の *Pichia* 属である。これまでに述べてきたように、酵母は形態的な特徴に乏しい。では、形態的な特徴の乏しさゆえに *Candida* 属に帰属していた種で有性世代が見つかったらどうなるのだろうか？ 見つかった有性世代さえも際立った特徴がない場合、分類学的にどのような処遇になるのだろうか？ 答えは、「そのような“仮置き場”的な枠組みが用意されている」であり、それが *Pichia* 属であった。すなわち、子囊菌系の酵母でテレオモルフが見つかったが、特筆すべき表

表 1 Number of *Candida*/total yeast species included in each edition of *The Yeasts, A Taxonomic Study*

Edition of <i>The Yeasts, A Taxonomic Study</i> (year published)	Number of <i>Candida</i> species	Total number of ascomycetous yeast species
3rd edn (1984)	196 (+ 4 subspecies), 49.2%	398 (+ 25 subspecies)
4th edn (1998)	163 (+ 4 subspecies), 32.4%	503 (+ 23 subspecies)
5th edn (2011)	365, 39.4%	927 (+ 7 subspecies)

現型が他に何ら見つかっていないものの、いわば“仮置き場”的な集合が、かつての *Pichia* 属である。The Yeasts 第4版では *Pichia* 属として実に91種・5亜種が記載されていたが、現在では分子系統に基づく再分類がかなり進んでおり、所属する酵母の種数は少なくなっている (The Yeasts 第5版では僅か20種)。

### 3. 酵母における二重命名の実際

ICBN における二重命名法および第59条の設立と改正の経緯については岡田 (2009) による解説があるのでこちらを参照されたい。本稿では酵母における二重命名がどのように行われていたかを具体例を挙げながら紹介したい。

糸状菌の場合、形態的に似ていないアナモルフとテレオモルフが独立に記載され、後に塩基配列の一致等により同種性が確認されたということがよくある。酵母の場合、ある種がアナモルフで記載され、後に子嚢胞子あるいは担子胞子が見つかった場合にテレオモルフが新種記載されるという二重命名が行われてきた。

例えば、Lachance & Starmer (2008) では *Candida cleridarum* を100株以上収集し、交配実験によりテレオモルフの誘導に成功した。分子系統的に最も近傍なテレオモルフ属は *Debaryomyces* 属だったが、系統的に明らかにかけ離れていることと、ヘテロタリック株の接合により2胞子が対になった帽子型子嚢胞子 (pairs of hat-shaped ascospores) を生じる種が *Debaryomyces* 属菌で知られていないことを根拠に新属 *Kurtzmaniella* 属を提唱した。そのうえで同論文で *Candida cleridarum* のテレオモルフとして新種 *Kurtzmaniella cleridarum* も提唱した。仮に新たに発見されたテレオモルフが既知のテレオモルフ属の特徴と一致していればその属で新種が提唱される。あるいは、既知属と些細な差異が認められるのみといった場合は、属の定義を適宜修正したうえでそのテレオモルフ属名を冠した新種の提唱も二重命名法のもとでは可能だった。

先の Lachance & Starmer (2008) の中で著者らは *Candida cleridarum* のハビタットが極めて特異的だったことから100株以上の収集が可能であり、それがテレオモルフの発見と株の交配型 mating type の決定につながったことに言及している。子嚢菌系酵母全体を見渡すと、交配実験によってテレオモルフが発見されるのはどちらかといえば運が良い事例といえる。交配実験をしようにも、そのアナモルフ種で多くの株が手に入らないことが多いからである。それゆえ、テ

レオモルフが発見されず (テレオモルフ発見のための研究努力がなされず) *Candida* 属菌の種数は概して増え続けてきた。

最初からテレオモルフが新種として提唱されるにしてもテレオモルフが後から発見されるにしても、アナモルフしか知られていない種が多いことは事実である。二重命名法のもとで種の記載が繰り返されると、分子系統樹上ではテレオモルフ属名を冠した種が混在することになる。図1の分子系統樹は2008年8月頃に当時の知見に基づいて *Ambrosiozyma* 属とその近縁種について描画したものであり、学名は当時のもので表記している。一見して明らかのように、*Ambrosiozyma* 属 (テレオモルフ)、*Pichia* 属 (テレオモルフ)、*Candida* 属 (アナモルフ) が混在している。テレオモルフ属菌とアナモルフ属菌の混在は図1で示した範囲に特徴的なことではなく、Saccharomycotina 全体で同様の状態であった。

では、ICN における統一命名法では、新種記載のプロセスはどうなるのだろうか? 統一命名法では1菌類1学名 one fungus : one name が絶対的なルールであり、(生物として) 同一の種に対して学名は1つしか認められない。「テレオモルフの発見」→「テレオモルフ属名を冠した新種の提唱」というプロセスは非合法となる。二重命名法のもとで複数の学名をもっていた菌類は、先取権 priority の原則に則って何らかの one name が正式な学名となり、従来認められてい

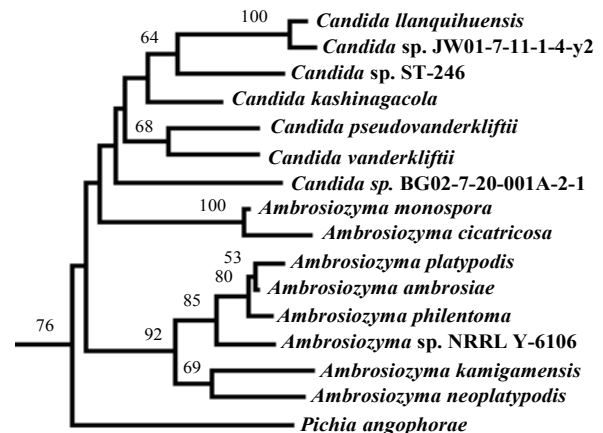


図1 2008年8月頃における *Ambrosiozyma* クレードの分子系統樹。Large subunit rRNA 遺伝子 D1/D2 領域の塩基配列をもとに近隣結合法により作成。分岐点における数値はブートストラップ値を示す。*Ambrosiozyma* 属菌 (テレオモルフ)、*Pichia* 属菌 (テレオモルフ)、*Candida* 属菌 (アナモルフ) が混在している。

たその他の学名は全て異名 basionym という扱いになる。属名と種小名の先取権は別個に検討され、医療や産業分野になるべく混乱を来さないよう入念な議論を経て one name が決定される。目下、one name をどうするか、子囊菌・担子菌全体で各論的に論戦が繰り返され、一部で議論が紛糾している。例えば、*Ustilago* 属（属名として先取権、且つ *Ustilago maydis* がモデル生物）と *Pseudozyma* 属（多数の特許に関与し産業上重要）については筆者の知る限り 2014 年 10 月現在で議論の方向性も定まっておらず、今後の動向が注視される。

one name を決定していくのも極めて大事な作業だが、採用名が決定したうえで分子系統関係に矛盾がないよう属の範囲を検討することも重要な作業である。平たくいえば、分子系統樹上のどこからどこまでの範囲に、どの属名を割り振るか、先取権の原則に反することなく決定していく作業である。

#### 4. *Candida* 属の再編

では、430 余種を擁する *Candida* 属はどのような扱いになるのだろうか？

目下の動向として、*Candida* 属では属の基準種 *C. tropicalis* (*C. vulgaris*) の系統的な周辺のみが *Candida* 属菌として保存される可能性が高い。幸いにして、カンジダ症の主要な原因菌である *C. albicans* が *Candida* 属基準種 *C. tropicalis* と近縁であるために、*C. albicans* の学名は保存される見込みで、医学・医療分野に及ぼす影響は大きくないと考えられる。ただし、カンジダ症の原因菌の 1 つである *Candida glabrata* は *Nakaseomyces* 属を割り振られる可能性があり、この点については混乱を来すおそれがある。*Nakaseomyces* 属の範囲がどうなるにせよ、*Candida* 属は大規模な再編を余儀なくされることになる。再編の暁には 17 ~ 30 種程度のみが *Candida* 属菌として残り、その他は全て学名の変更が必要になる見込みである。

分子系統関係をもとに既存の *Candida* 属菌を含めた子囊菌系のアナモルフ属をどのように再編するかについて、2014 年に総説論文の形で一案が提示された (Daniel *et al.*, 2014)。この中では clade ごとに既存の *Candida* 属菌がリストされており、概ねこの案に沿う形で近傍のテレオモルフ属を冠する新組み合わせ comb. nov. による学名変更が行われていくと考えられる。このような再編は、*Alloascoidea* 属 (Kurtzman & Robnett, 2013a)、*Ambrosiozyma* 属 (Kurtzman &

Robnett, 2013b)、*Diddensiella* 属 (Péter *et al.*, 2012)、*Scheffersomyces* 属 (Urbina & Blackwell, 2012a, b) など既にいくつもの誌上発表において進められている。具体的に *Ambrosiozyma* 属の事例では、*Ambrosiozyma* クレードに位置していた *Candida* 属菌 5 種 (*Candida kashinagacola*, *C. llaunquihuensis*, *C. maleae*, *C. pseudovanderkluftii*, *C. vanderkluftii*) が *Ambrosiozyma* 属に転属された。また、*Candida* 属とは直接関係ないが、*Ascobotryozyma* 属 (テレオモルフ属として記載) 菌が、*Botryozyma* 属 (アナモルフ属として記載) に新組み合わせにより転属された事例もある (Lachance & Kurtzman, 2013)。ここにおいては *Botryozyma* 属に先取権があり、テレオモルフの発見のため *Ascobotryozyma* 属菌として二重命名されていた種が *Botryozyma* 属菌として統一された。

*Candida* 属の再編において、その種の分子系統的近傍にテレオモルフ属菌が存在していれば、転属すべき属の選定は比較的容易である。いうまでもなく、多遺伝子の塩基配列データをもとに分子系統解析を行い、信頼性の高いまとまり (系統群) が確認できた限りにおいて転属先は決定されなければならない。一方で、分子系統的近傍にテレオモルフ属菌が存在せず、*Candida* 属菌ばかりが密集しているクレードがいくつかある。その代表例が *Candida tanzawaensis* クレードであり、Daniel *et al.* (2014) によれば 23 種もの *Candida* 属菌がここに位置している。先述の通り *Candida* 属の基準種は *C. tropicalis* (*C. vulgaris*) であり、*C. tropicalis* とは系統的にかけ離れている *C. tanzawaensis* ら 23 種を *Candida* 属菌として残せば多系統性が解消されない。ゆえに、分子系統関係を根拠として新属を提唱し、新組み合わせによって *C. tanzawaensis* ら 23 種をその新属に転属させるという措置がいずれとられるものと考えられる。実際、このような措置がとられた事例が既に存在する。すなわち Kurtzman & Robnett (2014) では、5 遺伝子の塩基配列データを用いて分子系統解析を行い、単系統性が指示されたクレードに位置する *Candida* 属菌 6 種に対し、3 新属 *Danielozyma* 属、*Deakozyma* 属、*Middelhovenomyces* 属を提唱してそれぞれに新組み合わせによって転属させた (いずれの属にも 2 種が転属)。

これまでに述べた同様のプロセスを繰り返せば、*Candida* 属の再編は着実に進むだろう。しかし、「分子系統的近傍にテレオモルフ属菌が存在しない場合」のさらに特殊な事例として、そもそも「分子系統的近傍に既知種が存在しない場合」という厄介なパターン

がある。先述の総説 Daniel *et al.* (2014) ではこの点についても言及しており、*Candida anutae*, *C. argentea*, *C. entomophila*, *C. insectalens*, *C. silvanorum*, *C. sorboxylosa* の6種が既存のいずれの属・グループからもかけ離れており、分子系統的な位置が定かではないとし、広義の *Candida* 属菌 (*Candida sensu lato species*) として暫くは現状のまま留めておくことを提案している。こういった菌種に対しては、分子系統をより詳細に行って (半ば強引に) 既存の属に帰属させる、Monotypic の新属を設立して単独で転属させる、のいずれかしか再編の策はないと考えられる。

## 5. カルチャーコレクションにおける実務上の課題

多型的生活環をもつ子囊菌類および担子菌類に対して、命名規約の中では例外的に認められていた二重命名法が廃止され、統一命名法が採用されるという分類学上の歴史的転換点に臨み、菌類のカルチャーコレクションが取り組むべき課題は何だろうか。本稿でこれまでに述べてきたことから容易に推察していただけるように、*Candida* 属の再編だけをとりまいても多数の論文発表が必要となる。これに付随して、菌類のカルチャーコレクションで実務上対応しなければいけない課題として以下のような点が挙げられる。

### 1) オンラインカタログ上の学名・関連情報の更新

(1) 命名規約改訂に伴って変更された学名をどう表示するか、(2) 旧テレオモルフ属名を冠しているが有性世代が見つからない種をどう表示するか、といった問題がある。(1) に関して、統一された学名を表示するようデータを日々更新することは勿論である。そのうえで basionym や synonym を列挙するといった案が考えられるが、ユーザーにとってわかりにくい表示になってしまうおそれもあり、検討を要する。(2) についても、菌類の分類学に造詣のある研究者であれば、テレオモルフ属名を見れば“有性世代が見つからない種と判断する癖”がついてしまっているのではないかと。統一命名法の採用に伴って、属名から有性世代が発見されているかどうかを判断することはできなくなる。酵母分類の学術論文上ではこの点に配慮し、旧テレオモルフ属名を冠する新種記載や新組み合わせを行った際に、有性世代が見つからないものについては学名に f.a. (*forma asexualis*) を付記することが提案されている (Lachance, 2012)。例えば、先に図1で紹介した *Candida kashinagacola* が *Ambrosiozyma* 属に転属された事例では、論文中で

*Ambrosiozyma kashinagacola* f.a., comb. nov. と表記されている。筆者が所属する理研 BRC-JCM では、菌株カタログデータのデータ構造が二重命名法を想定したのになっており、f.a. を付記するような学名表示に対応しておらず、今後の対応を検討中である。

また、カルチャーコレクションごとに学名等の表示がバラバラではユーザーに誤解を与えるおそれもある。カルチャーコレクションの実務者同士が連絡を取り合い、オンラインカタログでの表示法について意見交換をしつつ策を練っていくということも必要かもしれない。

### 2) 命名規約改訂・学名変更の情報発信

邪推かもしれないが、カルチャーコレクションのユーザーの大多数は、命名規約改訂やそれに伴う菌類の学名変更の詳細に疎いのではないだろうか。こういったユーザーに対してわかりやすく情報発信をするのも重要なアウトリーチ活動の一部であり、カルチャーコレクションに勤める者の責務であろう。最新の動向に注意しつつ、研究所の一般公開、メールニュース、HP 上でのアナウンス、学会でのブース展示、学会懇親会での雑談など、あらゆる手段を総動員して地道な広報活動を継続していかねばならない。命名規約改訂やそれに伴う菌類の学名変更について、本稿が僅かでも情報源として貢献することを願って止まない。

### 3) 分類学研究コミュニティへの貢献

カルチャーコレクションにおける実務者 (菌株担当者) は、多かれ少なかれ分類学の研究コミュニティに関与しているだろう。筆者もその一人として菌類分類学上の歴史的転換点に臨むからには、当然分類体系再編への学術的貢献が求められていると考えている。本稿で紹介した通り、*Candida* 属の再編には膨大な学術的労力を要する。これを成し遂げるために全世界の研究者が適宜分担して研究を進める必要があるだろう。カルチャーコレクションが保存している菌株の中に分類学的再編へ大きく寄与する可能性のある株が存在するならば、研究コミュニティにその情報を発信して協力を呼びかけるといったことも一案かもしれない。あるいは、自らの研究活動で獲得した手持ちの菌株にそのようなものがあれば、学術論文を執筆することで研究コミュニティへ直接的な貢献ができるだろう。

## 6. おわりに

上述のように、酵母研究の歴史的背景・形態の特徴

が乏しいという生物としての“特徴”・後手に回った命名規約の改訂といった理由が相まって、*Candida* 属は子囊菌系酵母の分類学上の“仮置き場”的な集合になってしまった。2013年1月1日より、二重命名法は廃止され統一命名法を採用するICNが発効した。これによって、*Candida* 属を始めとする酵母の多数の属で大規模な学名変更を余儀なくされることとなった。菌株の収集と保存に携わる者として、酵母を研究対象とする1研究者として、ICNの発効という分類学上の歴史的転換点に臨みカルチャーコレクションの実務者は多角的な貢献が求められる。

カルチャーコレクションの実務者は単に研究職というわけではなく、研究基盤たる微生物菌株を正確且つ安定的に保存して利用可能な状態を維持し、研究コミュニティに貢献することが使命である。実務者の担う仕事内容は増える一方だが、それを担えるエキスパートが少ないのも事実である。その稀少性と研究コミュニティへの貢献を誇りとし、ときに困難に直面するであろう職務に邁進していきたい。

## 文 献

- Berkhout, C.M. 1923. De schimmelgeslachten *Monilia*, *Oidium*, *Oospora* en *Torula*. PhD Thesis, University of Utrecht, The Netherlands.
- Daniel, H.-M., Lachance, M.-A. & Kurtzman, C.P. 2014. On the reclassification of species assigned to *Candida* and other anamorphic ascomycetous yeast genera based on phylogenetic circumscription. *Antonie van Leeuwenhoek* **106**: 67-84.
- Dujon, B. 2006. Yeasts illustrate the molecular mechanisms of eukaryotic genome evolution. *Trends in Genetics* **22**: 375-387.
- Kurtzman, C.P., Fell, J.W. & Boekhout, T. (eds.) 2011. *The Yeasts, A Taxonomic Study*, fifth edition. Elsevier Science Publishers BV, Amsterdam.
- Kurtzman, C.P. & Robnett, C.J. 2013a. *Alloascoidea hylecoeti* gen. nov., comb. nov., *Alloascoide africana* comb. nov., *Ascoidea tarda* sp. nov., and *Nadsonia starkeyi-henricii* comb. nov., new members of the Saccharomycotina (Ascomycota). *FEMS Yeast Res.* **13**: 423-432.
- Kurtzman, C.P. & Robnett, C.J. 2013b. Description of *Ambrosiozyma oregonensis* sp. nov., and reassignment of *Candida* species of the *Ambrosiozyma* clade to *Ambrosiozyma kashinagacola* f.a., comb. nov., *Ambrosiozyma llanquihuensis* f.a., comb. nov., *Ambrosiozyma maleeae* f.a., comb. nov., *Ambrosiozyma pseudovanderkliftii* f.a., comb. nov., and *Ambrosiozyma vanderkliftii* f.a., comb. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **63**: 3877-3883.
- Kurtzman, C.P. & Robnett, C.J. 2014. Three new anascosporic genera of the Saccharomycotina: *Danielozyma* gen. nov., *Deakozyma* gen. nov. and *Middelhovenomyces* gen. nov. *Antonie van Leeuwenhoek* **105**: 933-942.
- Lachance, M.-A. 2012. In defense of yeast sexual life cycles: the forma asexualis —an informal proposal. *Yeast Newsl.* **61**: 24-25.
- Lachance, M.-A. & Kurtzman, C.P. 2013. The yeast genus *Tortispora* gen. nov., description of *Tortispora ganteri* sp. nov., *Tortispora mauiana* f.a., sp. nov., *Tortispora agaves* f.a., sp. nov., *Tortispora sangerardonensis* f.a., sp. nov., *Tortispora cuajiniquilana* f.a., sp. nov., *Tortispora starmeri* f.a., sp. nov. and *Tortispora phaffii* f.a., sp. nov., reassignment of *Candida caseinolytica* to *Tortispora caseinolytica* f.a., comb. nov., emendation of *Botryozyma*, and assignment of *Botryozyma*, *Tortispora* gen. nov. and *Trigonopsis* to the family Trigonopsidaceae fam. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **63**: 3104-3114.
- Lachance, M.-A. & Starmer, W.T. 2008. *Kurtzmaniella* gen. nov. and description of the heterothallic, haplontic yeast species *Kurtzmaniella cleridarum* sp. nov., the teleomorph of *Candida cleridarum*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **58**: 520-524.
- 岡田 元 2009. 多型的生活環をもつ菌類の学名に影響をおよぼす国際植物命名規約（ウィーン規約）2006 第 59 条の改正. 日本微生物資源学会誌 **25**: 105-112.
- Péter, G., Dlačny, D., Price, N.P. & Kurtzman, C.P. 2012. *Diddensiella caesifluorescens* gen. nov., sp. nov., a riboflavin producing yeast species of the family Trichomonascaceae. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **62**: 3081-3087.
- Urbina, H. & Blackwell, M. 2012a. Multilocus phylogenetic study of the *Scheffersomyces* yeast clade and characterization of the N-terminal region of xylose reductase gene. *PLoS ONE* **7**: e39128.
- Urbina, H. & Blackwell, M. 2012b. New combinations in *Scheffersomyces*: *S. amazonensis* and *S. ergatensis*. *Mycotaxon* **123**: 233-234.
- 矢口貴志 2014. 糸状菌の命名法の改訂. 日本医真菌学会雑誌 **55**: J13-J17.