

- 303 Genus Schwanniomyces Klöcker (Saccharomycetaceae) の 18S および 26S リボソームRNAの部分塩基配列に基づく分子系統 (静岡大応生、*財・発酵研) 山田雄三、○前田こうじ郎、長浜統彦、坂野 勲*

1) 目的 Genus Schwanniomyces Klöckerに属する諸菌株は genus Debaryomyces Lodder et Kreger-van Rij に属する諸菌株のように、ascospore は wartyであるが、また、genus Pichia Hansen に属する諸菌株のあるもののよう、equatorial ledgeをもつ。前二者は、ともに、化学分類学的に Q-9で特徴づけられる。本研究は18S および26S rRNAの部分塩基配列を求め、両属の系統関係を明らかにしようとした。

2) 方法および結果 Schwanniomycesに属する6菌株を用い、前報記載の方法(1)にて、rRNAの部分塩基配列を求めた。18S rRNAのposition 1451-1618(S.cerevisiae)の領域では、Schw.occidentalis(Q-9)は D.hansenii(Q-9)とは position 1482(A to G)で相違した。本菌のfinger print segment(1)での塩基配列は AUUAGで、Debaryomyces諸菌株のAUUAA(2)とは異なった。一方、P.membranaefaciens(Q-7)はfinger print segmentの塩基配列ACAAを示し、前二者との塩基の相違数も大であったことより、系統的に大きく異なる。Schw.occidentalis var. occidentalisおよびSchw.occidentalis var. personiiの間での塩基の相違は見いだせなかった。Schw.occidentalis の Debaryomyces hansenii(type species)に対する塩基の相違数は2であり、genus Debaryomyces内の諸菌株での塩基の相違数は1であった。これらの結果は、Schw.occidentalisは genus Debaryomycesにtransferされるのではなく(3)、Schwanniomyces の1種として存在しうことを示唆する。その他、本菌の26SrRNAの部分塩基配列についても言及する。1) Y.Yamada and H.Kawasaki, J.Gen.Appl.Microbiol., 35, 173 (1989). 2) Y.Yamada, T.Nagahama and I.Banno, J.Gen.Appl.Microbiol., 37(1991), in press. 3) C.P.Kurtzman and C.J. Robnett, Yeast, 7, 61(1991).

The Molecular Phylogeny of the Genus Schwanniomyces Klöcker (Saccharomycetaceae) Based on the Partial Sequences of 18S and 26S rRNAs. Yuzo Yamada, *Kojiro Maeda, Takahiko Nagahama and Isao Banno* (Department of Applied Biological Chemistry, Faculty of Agriculture, Shizuoka University, 836 Ohya, Shizuoka 422; *Institute for Fermentation, Osaka, 2-17-85 Juso-honmachi, Yodogawa-ku, Osaka 532)

- 304 Genus Metschnikowia Kamienski (Spermothoraceae) およびそれに関連する子囊酵母の 18SリボソームRNAの部分塩基配列に基づく分子系統 (静岡大応生、*財・発酵研) 山田雄三、○長浜統彦、前田こうじ郎、坂野 勲*

1) 目的 Genus Metschnikowia Kamienski に属する諸菌株は genera Nematospora Peglion and Holleya Yamada に属する諸菌株のように、needle-shaped ascospore を形成するが、また、genus Nematospora (Q-5 or Q-6) とは異なり、genus Holleya に属する諸菌株のように、化学分類学的に Q-9を持つ。演者らは、さきに、それらの菌株の部分塩基配列を報告した(1)。本研究は、genus Metschnikowia、および、それに関連する酵母菌株の 18S rRNAの部分塩基配列を求め、本属の属内、他属との系統関係を明らかにしようとした。

2) 方法および結果 Genus Metschnikowia に属する酵母7株の 18S rRNA の部分塩基配列を求めた(2)。18S rRNA の 1400Rの領域では、M. bicuspidata IFO 1408* (*は基準株を示す)、M.reukaufii IFO 1405、IFO 1679*、M. zobellii IFO 1680*の finger print segmentの塩基配列は UUAであった。一方、M. pulcherrima IFO 1407、IFO 1678*のそれは UUG、M. lunata IFO 1605* のそれは A であった。同種の間での塩基の相違数は 0 であった。M. bicuspidata (基準種)と M. reukaufii、M. zobellii、M. pulcherrima、M. lunata との塩基の相違数は、それぞれ、0、1、2、5 であった。M. australis UCD 71-82 は、他の Metschnikowia species (Q-9) とは異なって、キノン系に Q-7を持ち、塩基の相違数も大きかった(finger print segment は AUUUUAUUGU、塩基の相違数は 14)。以上の結果より、genus Metschnikowia は heterogeneousな菌群であることが判明した。とくに、M. australis は属を別にすべきと考えられた。Ashbya や Eremothecium などの菌株を加え、すべての供試菌株の 26S rRNA の塩基配列についても言及する。1) Y. Yamada and T. Nagahama, J. Gen. Appl. Microbiol., 37, 199 (1991). 2) Y. Yamada and H. Kawasaki, J. Gen. Appl. Microbiol., 35, 173 (1989).

The Molecular Phylogeny of the Genus Metschnikowia Kamienski (Spermothoraceae) Based on the Partial Sequences of 18S rRNA. Yuzo Yamada, *Takahiko Nagahama, Kojiro Maeda and Isao Banno* (Department of Applied Biological Chemistry, Faculty of Agriculture, Shizuoka University, 836 Ohya, Shizuoka 422; *Institute for Fermentation, Osaka, 2-17-85 Juso-honmachi, Yodogawa-ku, Osaka 532)