細菌の分類・同定に関する考え方（例）

参考資料２
添加物部会
令和8年10月30日

16S rDNA (16S rRNA遺伝子) 塩基配列解析
・相同性検索、近縁既知種基準株との分子系統解析

相同率 98.7%以上 [1)]

全ゲノム/ドラフトゲノムの塩基配列決定

(16S rDNAによる予測近縁既知種の基準株ゲノム配列が公開されていない場合は併せて取得)

予測される近縁既知種の基準株との比較解析
・Average Nucleotide Identity (ANI)解析 [2)] 又は
Digital DNA-DNA Hybridization (dDDH) 解析 [3)]

ANI: 95% 以上 [1), 2)]
dDDH: 70% 以上 [3), 4)]

既知種に同定

相同率 98.7%未満 [1)]

ANI: 95％ 未満 [1), 2)]
dDDH: 70% 未満 [3), 4)]

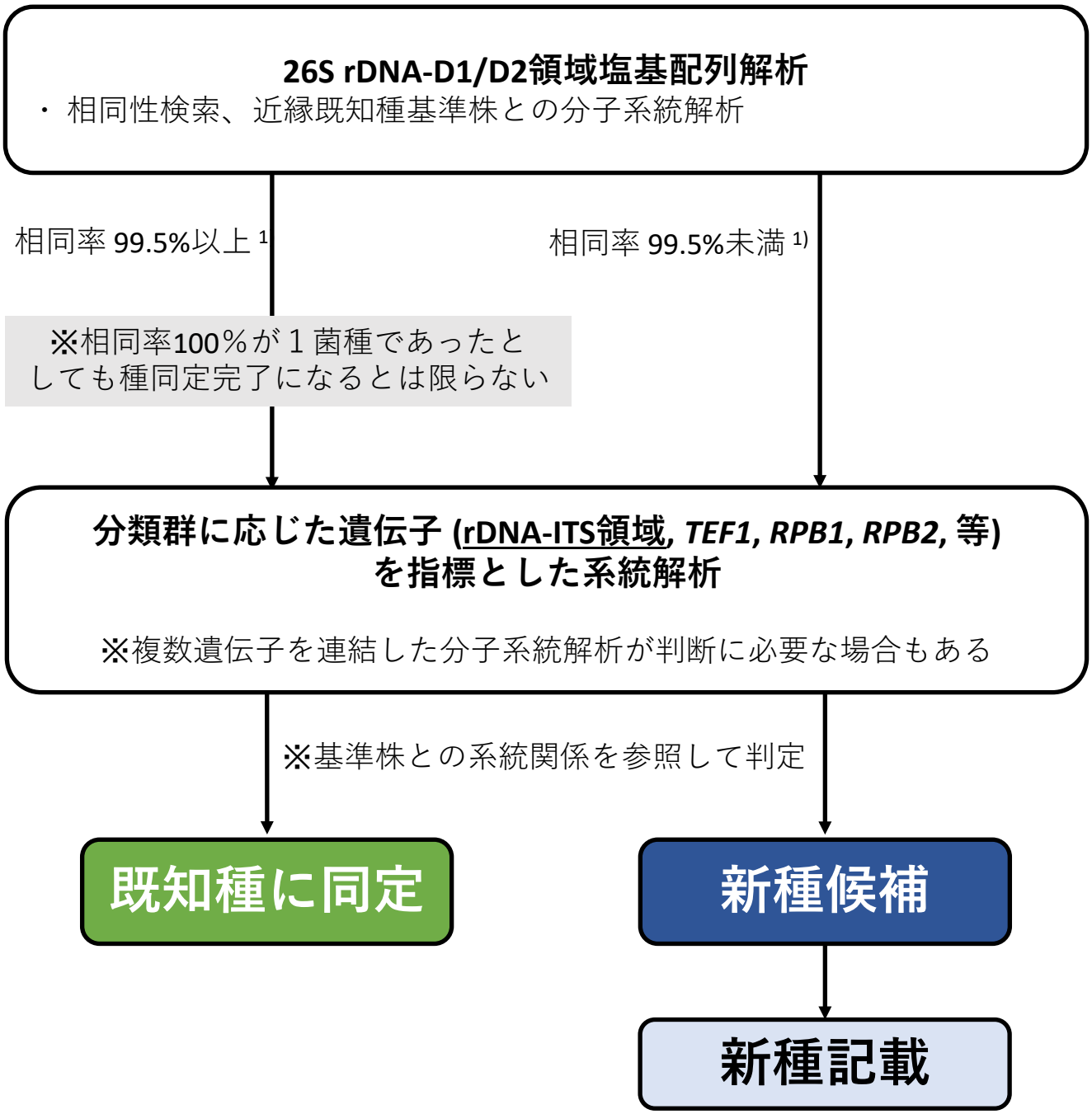
新種候補

新種記載

国際原核生物命名規約の下で、
新学名の発表 [5)]

主要参考文献
1) Chun *et al.* (2018) IJSEM 68:461–466
2) Goris *et al.* (2007) IJSEM 57:81–91
3) Auch *et al.* (2010) Stand Genomic Sci 2: 142–148
4) Meier-Kolthoff *et al.* (2013) BMC Bioinformatics 14:60
5) Oren *et al.* (2026) IJSEM 76:006979

酵母の分類・同定に関する考え方（例）



主要参考文献
1) Vu D, *et al.* (2016) Stud Mycol 85: 91–105

糸状菌 (カビ・キノコ含む) の分類・同定に関する考え方（例）

形態観察（胞子形態、胞子形成構造、コロニー性状等）

※形態の類似性が高くても同種/異種の判断は困難
※胞子形成がない場合はDNA解析のみで判断

↓

rDNA-ITS領域塩基配列解析

・相同性検索、近縁既知種基準株との分子系統解析

※相同率100％が１菌種であったとしても種同定完了になるとは限らない

↓

分類群に応じた遺伝子（*β*-tubulin, calmodulin, *TEF1*, *RPB1*, *RPB2*, 等)を指標とした系統解析

※複数遺伝子を連結した分子系統解析が判断に必要な場合もある

※基準株との系統関係を参照して判定

既知種に同定

新種候補

↓

新種記載