

日本分類学会連合ニュースレター

*News Letter published by the Union of
Japanese Societies for Systematic Biology*

No. 19 [2011年6月6日]

日本分類学会連合第10回シンポジウム

日本分類学会連合第10回シンポジウム「分類学，そして生物多様性科学の将来を考える」が以下の要領で開催されました。プログラムと講演要旨を掲載いたします。

日時：2011年1月8日～9日
場所：国立科学博物館新宿分館
主催：日本分類学連合
共催：国立科学博物館
協賛：全国農村教育協会，地方都市コンベンション関連団体事務局，東海大学出版会

プログラム

シンポジウム1

「日本の分類学の現状と展望」

日時：2011年1月8日
13:30～13:35 伊藤元己（東京大学）
「連合代表挨拶」
13:35～13:40 伊藤元己（東京大学）
「はじめに（趣旨説明）」
13:40～14:15 中山剛（筑波大学）
「原生生物分類学の現状と展望」
14:15～14:50 細矢 剛（国立科学博物館）
「日本の菌類分類学の歴史・現状・展望」
14:50～15:10 休憩
15:10～15:45 加藤雅啓（国立科学博物館）
「植物分類学に対する期待」
15:45～16:20 矢部 衛（北海道大学）
「日本の魚類分類学：現状と展望」
16:20～17:00 総合討論

シンポジウム2

「遺伝子で記述する生活史形質の多様性」

日時：2011年1月9日
10:00～10:10 奥山雄大（国立科学博物館）
「はじめに（趣旨説明）」
10:10～10:50 吉田健太郎
（岩手生物工学研究センター）
「ゲノム情報から生物間相互作用に関与する
遺伝子に迫る 一植物・微生物間相互作用を例に」
10:50～11:30 森長真一（東京大学）
「植物の分布と適応：ゲノムが語る低地と高地の形質
分化」
11:30～12:10 奥山雄大（国立科学博物館）
「多様な生活史形質を決定する遺伝子の探索：
非モデル生物で行う多種間比較オミクス」
12:10～13:20 昼休み
13:20～14:00 大島一正（基礎生物学研究所）
「絵かき虫の遺伝学：餌とする植物はどのように
決まっているか」

14:00～14:40 細川貴弘（産業総合研究所）
「共生微生物が引き起こす昆虫類の多様化：
その分子機構にせまる」
14:40～15:00 総合討論

シンポジウム1 「日本の分類学の現状と展望」

はじめに

伊藤元己
(東京大学大学院総合文化研究科)

日本分類学会連合は、分類群間の垣根を越え、大規模な生物多様性研究を可能にして社会的要請に応え、さらに分類学の発展と普及を目指す全生物群を網羅する分類学者の組織として2002年に設立された。設立記念シンポジウムでは、関連分野の方々による日本分類学会連合への期待を込めた講演とともに、「これからの分類学」という題名で分類学をどのように発展させていくかについて議論を行った。

本年で日本分類学会連合シンポジウムは第10回を数えることになった。また、地球環境問題における生物多様性の重要性の認識の拡大や、生物の根本的な情報であるゲノム情報にアクセス可能になるなど、この10年間で分類学を取り巻く環境も大きく変化を遂げている。そこで、この機会に連合設立時に議論した「未来の分類学」についてどのようなことが実現されてきたのかを検証し、またこの先に分類学はどこに向かうのかについて再び議論をする場を設けたいと思い、「日本の分類学の現状と展望」という題でのシンポジウムを企画した次第である。

本シンポジウムでは多様な分類群を代表する5名の演者にお話し、扱っている生物群の分類学の現状と展望について話題を提供していただく。

(過去9回のシンポジウムの内容については、連合ホームページ内の<http://wwwsoc.nii.ac.jp/Ujssb/sympo/index.html>をご参照ください)

原生生物分類学の現状と展望

中山剛
(筑波大学大学院生命環境科学研究科)

真核生物から多細胞動物、菌類、陸上植物を除いたものが原生生物であり、これには原生動物や下等菌類、藻類（シアノバクテリアを除く）として扱われていた生物が含まれている。これらはそれぞれ多細胞動物、

日本の菌類分類学の歴史・現状・展望

細矢剛

(国立科学博物館植物研究部)

菌類、陸上植物につながる原始的な生物群と考えられていたが、分子系統学的手法の発展からその分類体系は大きく書き換えられ、旧来の動物、菌類、植物といった区分は系統的には意味を失ってしまった。現在では、真核生物の中には8つほどの大きな系統群(ただし全ての単系統性が確実視されているわけではない)が存在し、多細胞生物はそれら系統群のごく一部に過ぎないことが明らかとなりつつある。このような研究の過程で、多細胞動物と菌類はいくつかの原生生物(襟鞭毛虫や *Nuclearia*) とともに大きな系統群(オピストコンタ)を形成していること、繊毛虫、マラリア原虫、渦鞭毛藻という全く異なる生き方をとる生物が互いに近縁であること(アルベオラータ)、ネコブカビや放散虫、クロララクニオン藻などからなる表現型では規定できないような大きな系統群(リザリア)が存在することなどが明らかとなってきた。このような真核生物全体に関する系統分類学的な“革新”は、真核生物の進化を研究する際の重要な基盤となり、例えば襟鞭毛虫やシャジクモはそれぞれ多細胞動物や陸上植物の進化を探るための重要な研究対象となっている。またこのように真核生物の系統的な大枠が明らかになってくることによって、どのような形質がどの時点で生じたのか、という推定が可能になってくる。現在さまざまな原生生物におけるゲノム情報が蓄積されつつあり、さまざまな形質の進化や起源が解き明かされていくだろう。

上記のように大きなレベルでの原生生物の系統的多様性は次第に明らかになってきたが、一方で原生生物における種レベルでの多様性の解明は未だ端緒についたばかりである。原生生物はもともと形の情報に乏しく、また実際に自然界で「どのように生きているのか?」が把握しがたい生物であるため、分子情報の急速な蓄積に伴ってその種の認識は大きく揺らいでいる。これまで異なる生物群とされていたものが、同じ生物の異なる世代などであることが明らかとなった例もあるし、またこれまで同種とされていたものの中に極めて大きな(種レベルを遥かに超える)遺伝的多様性があることが明らかとなった例も多い。しかし原生生物において、これまで認識されていた種の検証がなされた例はごくわずかであり、これから明らかにされていくべき大きな課題である。このような基礎的分類基盤を解明していくと同時に、原生生物におけるそれぞれの種における生き様(種生態)はどのようなものなのか? どのように種分化しているのか? 多細胞生物とどのような類似・相違点があるのか? など解明すべき手付かずの課題も多い。また原生生物の分類学においては、このように「今見えている多様性」の理解だけではなく、「今見えていない多様性」の解明も極めて重要である。原生生物については、「どこにどのような原生生物がいるのか?」という基礎的な情報すら不十分な段階にあり、身近な環境から新たな系統群の生物が見つかるのが現状である。さらに近年の環境 DNA の解析は、自然界には実態が不明な原生生物の大きな系統群がまだまだ多数存在することを示している。このように原生生物の分類学は解明すべき課題の宝庫であり、さまざまなレベルの分類学における一大フロンティアであると思われる。

菌類は非常に高い生物多様性をもつ。その一部は肉眼でも観察できる大型の子実体(きのこ)を形成するが、ルーペでしか観察できないような子実体を形成するものもある。大部分は顕微鏡でしか観察できないようなカビであるが、カビのきのこの両者の形を行き来するものすらある。現在知られている菌類の種数は9万7千種、しかし実際には150万種もの存在するとされ、昆虫に次いで2番目に生物多様性が高い生物群である。本講演では、日本における菌類の分類学の現状と展望について概括する。

日本の菌類分類学の歴史

南北に細長く、暖流・寒流の両方の海流に囲まれている日本列島は、年間を通じてさまざまな気団の影響も受ける。このような地理的位置のため、日本は様々な気候が存在し、はっきりした四季もある。気候的な多様性は、植生の多様性をもたらし、そのことも菌類の多様性に影響を与えている。菌類の多くは植物病原菌となり、農作物に被害を与える。そのため、本邦における梨明期の菌類分類学は、植物病理学の一分野として、実用上の必要性から発達した。

分類学は、その対象(材料)に大きく依存する。日本における菌類の分類学にとって、まず日本の菌相を明らかにすることは、その目的の一つであった。この流れには、大雑把に二つある。その一つは、チェックリストの作成である。1905年、東京帝国大学(現在の東京大学)教授の白井光太郎は日本産菌類目録を著し、この中に1,200種をリストした。これが日本で最初の菌類の目録である。この本は、1917年、三宅勉により改訂され、3,500種が収載された。その後さらに、1927年に原撰祐によって編集された。1954年、原は自身の目録を改訂・自費出版し、ここには7,300種が含まれた。これらのチェックリストには、現在の学名、シノニム、文献(情報、ホスト、基質、日本および世界での分布などが記されている。一方、日本における生物多様性と絶滅危惧種への興味から、1995年、基本となるリストが作成された。この中には、日本における16,500種の菌類がリストされた。しかし、このリストには、シノニム(同物異名)が含まれていたり、アナモルフが別の菌として二重にカウントされるなど、問題もあった。このような問題を解決し、2010年、勝本謙によって、ついに「日本産菌類集覧」が完成された。この本には、上記のような問題を解決し、過去の文献をもとにした日本産の菌類がリストアップされている。現在日本で知られる菌類の数は、約12,000種、約4,000属である。

いま一つの流れは、「日本菌類誌」に代表される、記載の集積である。本書の出版は、北海道大学教授の伊藤誠哉によって、第二次世界大戦前に始められ、第一巻は、1936年に出版された。その後、続く巻が連続して出版されたが、戦争のために出版は中断され、その後の巻が出版されたのは戦後ずいぶんたって、著者が亡くなる直前であった。その結果、菌類最大のグループである子囊菌類の大部分が残された。この遠大なプロジェクトは大谷吉雄によって引き継がれ、1980年代から90年代にかけて、子囊菌類のいくつかのグループについては出版がなされた。しかしながら、分類学的に大きな変革期にあるグループの取り扱いの後回しと

植物分類学に対する期待

加藤雅啓

(国立科学博物館植物研究部)

なり、1997年、大谷は亡くなったが、その後このプロジェクトは継続されていない。日本の菌類分類学の現状と問題点 1980年代から興隆してきた分子系統学は、国内外の菌類の分類学・分類体系にも大きな影響を与えた。分子系統学的手法が広く受け入れられ、新しい体系が広がるとともに、種の認識やアナモルフに学名を与えることの意義などについての活発な議論がなされている。形態的情報があまり多くない菌類を分類する上では、分子系統学的情報は極めて重要であり、今後さらにその重要性は増すであろう。本邦における菌類分類学は、大学、国公立の研究機関によって担われている。応用的な側面からは一部の民間企業がその担い手になっているともいえる。とはいえ、植物病理学の一分野としての起源に由来してか、研究室の大部分は農学系が多く、理学的な視点からの純粋な分類学の研究室は数えるほどもない。国公立の研究機関についても同様であり、多くの場合は応用を指向した分類学が求められている。また、植物病理学も生理・生態的なテーマ研究にシフトしており、分類学を行う研究室はどんどん減少している。分類学研究室の減少に伴い、分類学を志向する学生も減少し、次世代が養成されないという悪循環が生じている。

日本の菌類分類学において重要な役割を果たしてきた学会は日本菌学会である。日本菌学会は1956年に設立され、分類ばかりでなく、生理・生態・遺伝学から応用を含む様々な分野の研究者・団体約1000名が所属しているが、会員数は近年減少の一途をたどっている。応用面から分類学に取り組んできたのは植物病理学会である。ここには、地方農業試験場など、現場での菌の同定に関わる会員も所属している。しかし、近年は菌の同定に通じた人が減少し、菌類の分類・同定についての集会が継続的に行われ、好評を博している。

一方、きのこについての一般の関心が高まっており、玄人はだしのアマチュア菌学者が育っている。これらのアマチュアの菌学者の中には、単純に「食べるかどうか」という視点ではなく、純粋にきのこの分類についての興味を持ち、海外の文献まで読んだり、研究成果を学会で発表するなど、極めてハイレベルな活動を行っている方も多数いる。しかし、カビなどの微小菌類については培養などの方法が必要なため、アマチュアからは取りつき難しく、今後も劇的な発展は望めそうにない。

全体として、菌相調査や、分類によって普遍的な新しいパラダイムが構築されるという可能性は高いとはいえず、そのことが個別の菌群の分類学に注力されない一因となっているようにも思える。しかし、基礎としての分類学の重要性は認識されている。米NSFには「Partnerships for Enhancing Expertise In Taxonomy (PEET)」というプログラムもある。これは、よく研究されていない分類群を中心にモノグラフ的な研究を行い、次世代のエキスパートを養成し、電子的なデータベースを構築していくことを目的としたものである。生物相について枚挙レベルが終わっていない本邦でも必要ではないだろうか。いったん消えた知識は取り戻せない。数少なくとも「分類屋」あるいは「分類職人」を生かす工夫が必要と思われる。

分類体系を使わない分類学はありうるか—分類体系は分類学には必須に見える表記法である。分類体系は、下位分類階級を上位階級に入れ子状に含める階層構造によって類縁関係を示す。これを用いて生物種を網羅してきた。一方、系統学は、分類群を線で結ぶ系統樹として図示する。最近では「Tree of Life」プロジェクトにより、全生物を1つの大系統樹で表そうとするヘッケルばりの試みも強まっている。さらに、分岐年代を示すTimetree of Lifeも盛んになってきた。

分類学は進化論を取り入れて「系統分類学」と称するようになり、系統関係を反映した分類体系をつくりたいとする。しかし、分類体系と系統図は共存あるいは相互に補完可能か。分類体系は記載する文字情報であり、異名リストや同定と識別のための検索表をつくり、分類群の形質を記載し、分類ノートも付記する。系統図は図情報であり、線と分岐によって表す系統関係が重要であり、分類群はOTUとして線の末端に置かれる。被子植物のように、分岐点の数がきわめて多い分類群では、補助的な分類階級を総動員しても階級を重視した体系の中に系統関係を細かく表すことは困難である。側系統種や網状進化なども系統図に表現しにくい。

分類学はどのように発展するか—役に立つ立たない、似る異なる、神による創造など異なる背景から生物を分類するようになった分類学は近代化を遂げ、系統学、進化学、生物地理学、形態学、生態学など関連分野とつながりを深めた。今では、分子系統など分子生物学的手法が普通になっているが、この傾向はさらに強まるであろう。形態など形質進化を遺伝子進化という観点から理解することも盛んになると期待したい。解釈から理解の段階に進むのに遺伝子研究は欠かせない。

分類学の発展は生物多様性そのものをどうとらえるかと不可分である。種など分類群だけでなく、系統やそれ以外の種間の関係をも捉えることによって、結節点にある種とその間を結ぶ関係という網目構造をした生物多様性像が浮かんでくる。生物多様性は、進化で得られた共生網などの種間関係と系統樹および種の特徴によって十分とらえることができるだろうか。

分類学は役に立つのか—分類学の研究成果は分類学のためだけのものであってはならない。人々の福利にとって価値があり、他の研究分野からも活用できる汎用性を追求すべきである。分類体系は生物多様性を総まとめとして、他の生物学の分野にとって情報の宝庫であってほしい。Encyclopedia of Life はどのように改良したらよいか。e-植物誌、e-検索システムなどを含む専門性を脱却した e-分類学に対する社会の要望は強くなっている、それに応えられるかどうか。

日本の魚類分類学：現状と展望

矢部衛

(北大・院水産科学・魚類体系学)

日本の海は、サンゴ礁の発達する亜熱帯海域から流水南限のオホーツク海までの南北3,000km、447万km²(排他的経済水域)にわたり、魚類をはじめとする海産生物にとって多彩な生息環境をもたらしている。こ

の日本の海や湖沼・河川に生息する魚類は 4,124 種・亜種にのぼる(日本魚類学会 HP;2010 年 11 月末現在)。最近の 10 年間では日本産魚類として 261 種・亜種が新たに報告され、そのうち 110 タクサが新種・亜種として、また 51 タクサが日本初記録種として発表された。この新種・亜種のうち 54 タクサは国立科学博物館が実施した新種プロジェクトの成果である。

この間に新種記載された魚類は暖海性種が多く、その約 75%は琉球列島、小笠原、高知などの南日本の主にサンゴ礁海域から発見されている。その中で特記すべき点は、ハゼ科 Gobiidae の新種が 38 種と圧倒的に多いことである。ハゼ科魚類は主に温・熱帯の浅海域に生息する底生性魚類で、体長 10cm に満たない小型種が多く、世界的に見ても海産魚類としては最も種多様性に富む分類群であるが、日本からも以前から多くの未記載種の存在が知られてきた (e.g. 林・白鳥, 2003; 瀬能ほか, 2004)。一方、北日本から報告された新種はカジカ科 Cottidae が 5 種、ゲンゲ科 Zoarcidae が 4 種など合計 14 種にとどまっている。しかし、知床半島の浅海域において 2006 年から継続されたスクーバ潜水を用いた調査では、カジカ科、タウエガジ科 Stichaeidae などに属する 4 未記載種が確認されており(知床財団, 2010)、今後、寒冷海域でも潜水調査を網羅的に実施することにより、さらに多くの新知見が得られることが期待される。また、温暖化のモニタリング体制を整備する意味からも、特に寒冷水域での魚類をはじめとする水生生物の種多様性の実態把握を急ぐ必要がある。

魚類の系統分類学の最近の動向として、Wiley and Johnson(2010)が提唱した真骨魚類の単系統群に基づく新分類体系に触れる必要があろう。この研究で著者らは最近までの真骨魚類に関する形態学を中心とした分岐分類学的研究を総括し、確実な単系統群とみなした高位分類群に下綱から亜目までの 12 の分類階級を与え、それらの共有派生形質とともに提示した。この新分類体系が Nelson (2006)などの従来の体系と大きく異なる点のひとつは、Greenwood et al. (1966)が提唱して以来踏襲されてきた側棘鱗上目 Paracanthopterygii を多系統群とみなし、その構成分類群に対してサケスズキ区 Division Percopsacea、タラ区 Division Gadacea、スズキ区 Division Percomorphacea 内のガマアンコウ目 Batrachoidiformes、アンコウ目 Lophiiformes、アシロ目 Ophidiiformes などの新たなカテゴリーを設定したことである。これらの分類群の設定には Miya et al. (2005)などの分子系統学の成果も反映されている。また、従来、スズキ目 Perciformes 内の亜目とされてきた多くの分類群を、フグ目 Tetraodontiformes、カレイ目 Pleuronectiformes などともにスズキ区内の *incertae sedis* を付された目ランクとしている点などでも異なる。この新分類体系では日本の研究者が提唱した単系統群の枠組みとして、Endo (2002)が提唱したタラ目 Gadiformes と、Imamura and Yabe (2002)が提唱したカジカ目 Cottiformes およびカサゴ目 Scorpaeniformes が採用されている。

[引用]

- Endo, H. (2002) Phylogeny of the order Gadiformes (Teleostei, Paracanthopterygii). Mem. Grad. Sch. Fish. Sci. Hokkaido Univ., 48:75-149.
- Greenwood, P. H., D. E. Rose, S. H. Weitzman and G. S. Myers (1966). Phyletic studies of teleostean fishes, with a provisional classification of living forms. Bull. Amer. Mus. Natur. Hist., 131: 339-456.

- 林公義・白鳥岳朋 (2003). ハゼガイドブック. TBS ブリタニカ, 東京, 223pp
- Imamura, H. and M. Yabe (2002). Demise of the Scorpaeniformes (Acanthopterygii: Percomorpha): an alternative phylogenetic hypothesis. Bull. Fish. Sci. Hokkaido Univ., 53:107-128.
- Miya, M., T. P. Satoh and M. Nishida (2005). The phylogenetic position of toadfishes (order Batrachoidiformes) in the higher ray-finned fish as inferred from partitioned Bayesian analysis of 102 whole mitochondrial genome sequences. Biol. J. Linn. Soc., 85:289-306.
- Nelson, J. S. (2006). Fishes of the world, 4th edition. John Wiley & Sons. Inc., NewYork, xix+601pp.
- 知床財団 (2010). 平成 21 (2009)年度知床世界自然遺産地域生態系モニタリング調査業務報告書. 695 pp.
- 瀬能宏・鈴木寿之・渋川浩一・矢野維幾 (2004). 決定版日本のハゼ. 平凡社, 東京, 536 pp.
- Wiley E. O. and G. D. Johnson (2010). A teleost classification based on monophyletic groups, Pages 123-182, in Origin and phylogenetic interrelationships of teleosts (Nelson, J. S., H-P. Schultze & M. V. H. Wilson, eds.). Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München, Germany.

ゲノムベースの分子系統学に向けたささやかな試みと系統に基づく分類体系改訂の問題：ショウジョウバエ科の場合

戸田正憲
(北海道大学低温科学研究所)

次世代シーケンサーの実用化が進み、ゲノムベースの分子系統解析が現実のものとなりつつある。ショウジョウバエ類については、2007 年に、Drosophila 12 Genomes Project によりキイロショウジョウバエを含む 12 種の全ゲノム配列が解読・公表され、それに基づく分子系統樹が発表された (Drosophila 12 Genomes Consortium, 2007)。そのような巨大な DNA 配列データを使って分子系統解析を行う場合、含まれる多くの遺伝子の進化パターンの違いをどのように扱うかが問題となる。既に、最尤法やベイズ法で、進化パターンの違う配列部位に対して異なる塩基置換モデルを適用する分節解析法が開発されているが、ゲノム配列のような巨大なデータを解析するためには、莫大な計算量が必要となる。そこで、比較的計算量が少なくすむ(それによるデメリットもあるが)近隣接合法に分節的解析法を導入するために行ったささやかな試みを紹介する。

現在、Tree of Life Web Project (<http://tolweb.org/tree/phylogeny.html>)では、各分類群の専門家が編集した系統樹とそれに付随する情報を、全生物の系統樹に沿ってリンクした電子生物系統樹図鑑をウェブ上に公開している。しかし、そのような二次情報ではなく、GenBank などの国際塩基配列データベースに蓄積されている一次情報を使った、全生物界の分子系統樹を日々更新しながら、インターネット上に公開することができるのではないだろうか。そのためには、巨大なデータセットから効率的に系統樹を

構築する新たなアルゴリズムの開発が必要であろう。そして、骨格となる系統群についてのゲノム配列を蓄積する必要もあるであろう。そうすれば、現在とびとび（異なる遺伝子）の情報が蓄積されている現在の配列データベースの情報もつなげて、全生物界の分子系統樹構築に使えるようになるであろう。そのようなシステムが構築されれば、生物の分岐関係はもはや研究の対象ではなく一種の情報になるとともに、塩基配列データベース中の誤同定などによる間違い情報のチェックや、DNA バーコーディングの適用範囲を、決められた遺伝子断片だけでなく、ゲノムのどの部位にも広げることが可能になるのではなかろうか。

分子系統解析による信頼性の高い系統推定が可能になったことにより、従来の分類体系が必ずしも系統関係をよく反映しているとは限らないケースが、いろいろな分類群で次々に明らかにされてきている。必ずしも、分類体系は常にかつ正確に系統関係を反映する必要はないと考えるが、それでもできるだけ反映した体系の方がよいことは確かであろう。分類体系を改訂する際に生ずるさまざまな問題を、ショウジョウバエ科を例にして解説する。キイロショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) のようなモデル生物の学名（属名）が変わる可能性がある問題はしばらくおくとしても（それによる混乱が起こらないようにする提案を動物命名法国際審議会に対して行ったが、却下された）、分類群（特に、潜在的有効名を含む属階級群名を担う全てのタイプ種）を網羅した巨大系統樹解析の必要性とその方法論、および高次分類群を規定する共有派生「形態」形質推定の必要性を指摘したい。

シンポジウム 2

「遺伝子で記述する生活史形質の多様性」

はじめに

奥山雄大

(国立科学博物館植物研究部・筑波実験植物園)

分類学は生物学の中でも最も多様な生物種を取り扱う分野であり、地球上に存在するあらゆる生物の形質を記述してきた。対照的に、分子遺伝学では極めて限られた生物種（モデル生物種）について形質を掘り下げ、原因遺伝子に還元することでその成り立ちを解明してきた。しかし近年のいわゆる第二世代 DNA シーケンサーの開発と普及をはじめとする技術革新は、従来対極にあると考えられてきたこれらの分野の垣根を取り払いつつある。これはすなわち、あらゆる生物種の形質の成り立ちを分子レベルで理解し、その機能や起源、はたまた応用について考える土壌が整いつつあることを意味する。本シンポジウムではこのような分子遺伝学と分類学の両者の視点でなされている分野横断型の研究について紹介し、これからの分類学が生物学全体にどのように貢献できるかについて議論を深める。

ゲノム情報から生物間相互作用に關与する遺伝子に迫る

—植物・微生物間相互作用を例に—

吉田健太郎

(財団法人岩手生物学研究センター)

第二世代 DNA シーケンサーによって、未知のゲノム配列を比較的容易に得ることができるようになった。本講演では、この未知のゲノム配列から生物間相互作用に關与する遺伝子を同定する試みについて紹介する。その試みの主役となっているのが、連関解析（アソシエーション解析）、De novo シーケンシングである。これらについて、私たちが研究対象としているイネ (*Oryza sativa*) といもち病菌 (*Magnaporthe oryzae*)、黒穂病菌 (*Ustilago esculenta*) とマコモ (*Zizania latifolia*) の例をあげながら説明する。そして、本講演を通じて、ゲノムサイズが小さい生物種であれば、非モデル生物でもゲノム配列の決定が現実的なアプローチであることを実感していただければ幸いである。

連関解析—イネいもち病菌とイネ—

イネいもち病菌によって引き起こされるいもち病は、冷害年に発生し、米の収量と質に大きな被害をもたらす。イネいもち病菌は、古くから研究されている植物病原菌で、農業生物資源ジーンバンク等の研究機関に多数の菌株が収集され、保管・維持されている。これら維持されている菌株の多くは、どのイネ品種に感染でき、できないのかといった病原性の表現型がわかっている。そして、この感染の有無の多くは、エフェクターと呼ばれるタンパク質をコードする遺伝子によって決まっていることが遺伝学的に明らかにされている。しかし、その多くは、存在することは分かっているが、遺伝子そのものが単離されていない。そこで、私たちは、ゲノム配列情報を利用して、いもち病菌のエフェクター遺伝子を単離する試みをした。イネいもち病菌のゲノム配列は、2005年に米国の研究者等によって決定されている。決定された菌株は、70-15 菌系という実験室で交配してつくられたものである。私たちは、日本で採集された自然菌 Ina168 菌株のゲノム配列を決定し、70-15 菌系のゲノム配列と比較し、Ina168 菌株にしかない未知のゲノム配列を同定した。その未知のゲノム配列からエフェクター候補遺伝子を予測し、病原性の表現型が判明しているいもち病菌 23 菌株のエフェクター候補遺伝子の保有状況を調べた。そして、病原性の表現型と遺伝子の保有状況との連関を調べ、エフェクター遺伝子を単離することに成功した。

Denovo シーケンシング —黒穂病菌とマコモ—

岩手県では、休耕田を利用して、「まこもたけ」の栽培がおこなわれている。「まこもたけ」は、中華料理の食材として使われ、たけのこに似た食感がある。この「まこもたけ」は、糸状菌である黒穂病菌が、まこもに感染することによって、茎が肥大化してできたものである。私たちは、この黒穂病菌のゲノム配列をイルミナ社の第二世代 DNA シーケンサー「イルミナゲノムアナライザー」によって決定した。イルミナゲノムアナライザーは、36 bp から 150 bp の大量の短い塩基配列を出力するが、この状態のままでは、その後の研究に有効活用できない。まずは、これら短い塩基配列からゲノムを再構築する必要がある。私たちは、Velvet というソフトを用いて、平均して、20kb 以上のゲノム断片 (コンティグ) を得ることができた。完成したコン

テイグの長さの合計は、23Mb であり、黒穂病菌の推定ゲノム長 20Mb に近い値になった。このゲノム断片から遺伝子を予測し、更に網羅的な遺伝子発現解析によって、「まこもたけ」で発現している遺伝子を同定することができた。また、私たちは、シイタケ (*Lentinula edodes*)、オツネンダケモドキ (*Polyporellus brumalis*) のきのこのゲノム配列を決定し、いずれも平均して、20kb 以上のコンテイングを得ることに成功している。

植物の分布と適応：ゲノムが語る低地と高地の形質分化

森長真一

(東京大学大学院総合文化研究科)

生物は、それぞれが分布する環境に適応し、巧みに生きている。しかしながら、生物を取り巻く環境は常に変化しており、それに合わせて分布を拡大縮小させながら適応していると考えられる。近年のゲノム解析技術の発展は、このような生物の分布と適応の理解に新たな視点をもたらした。つまり、生物間でのゲノム比較を通じて適応形質を支配する遺伝子-適応遺伝子-を探索し、その時空間動態を明らかにすることにより、今まさに生じている分布と適応の変遷を描き出すことを可能にしたのである。

ハクサンハタザオは東アジアに分布するアブラナ科の多年生草本で、モデル植物シロイヌナズナに最も近縁な植物の一つである。それ故に、これまでのシロイヌナズナを用いた研究で蓄積されてきた膨大な生理学的・分子生物学的・ゲノム学的知見を最大限に利用することができる。また低地から高地、乾燥地から湿潤地などの様々な環境に生育しており、なかでも日本の伊吹山と藤原岳では、森林が成立している低標高域にはハクサンハタザオが、風衝草原となっている高標高域にはハクサンハタザオから派生したイブキハタザオが生育している。イブキハタザオはハクサンハタザオに比べ、厚くて小さな葉と太くて短い茎を持ち、植物体全体が毛に覆われており、乾燥や強光そして強風などに対する適応であると考えられている。また、二つの植物は形態的に異なっているため別の和名が付けられているが、掛け合わせが可能であり、野外集団においてもある程度交雑を行っている。

ハクサンハタザオとイブキハタザオの分布の違いは、形態形質の違いだけでなく生理学的あるいは生化学的な形質の違いにも裏打ちされているはずである。しかしながら、これらの形質の全てを解析するのは容易なことではない。そこで、生物の全形質を支配していると考えられるゲノムに着目して、網羅的な遺伝子解析手法であるマイクロアレイを用いたゲノムレベルの多型解析を行った。その結果、ハクサンハタザオとイブキハタザオでは、呼吸量・低温耐性・乾燥耐性・病原菌耐性などの形質に関与する遺伝子に違いがみられることが分かった。これらの遺伝子はすなわち、二つの植物の分布域の違いに関わる様々な形質を支配する適応遺伝子である。

現在、地球上の至るところで大域的かつ局所的な環境変動が問題となっているが、これらの環境変動は生物の分布や適応にも影響を与えているはずである。つまり、現生のハクサンハタザオとイブキハタザオで明らかとなった適応遺伝子が、過去においても適応遺伝

子であったかは自明ではない。ハクサンハタザオとイブキハタザオは、100年以上も前から多くの研究者らによって採取され、その標本が全国の大学や博物館などに多数収蔵されている。そこで、現生個体と過去約100年の間に採取された標本個体を用いて、適応遺伝子を含む複数の遺伝子の時空間動態を解析した。その結果、多くの遺伝子において、数十年というごく短期間の間に遺伝子頻度が変化していることが明らかとなった。このことはつまり、私たちの目の前で、今まさに遺伝子レベルでの分布の拡大と縮小が起きていることを示している。今後は更なる解析を進め、これらの変化が自然選択と遺伝的浮動のどちらによるのかを峻別していく必要があると考えている。

多様な生活史形質を決定する遺伝子の探索：非モデル生物で行う多種間比較オミクス

奥山雄大

(国立科学博物館植物研究部・筑波実験植物園)

近年の進化生物学では、生物の多様な形質が生じている原因を、生物種間の比較によって統計的に明らかにする手法を発展させてきた。生物種は相互に系統関係によって結ばれており統計的に独立な点ではないが、分子系統樹を用いた比較法 (phylogenetic comparative method; Martins, 2000) はこの問題を解消することができる。この手法はこれまでおもに、生物の多様な形質が生じた生態的要因を解析するために発展してきたが、原理的には種間で比較可能なあらゆる定量データに応用することができる。

本発表では、オミクスのデータに分子系統樹を用いた比較法を応用し、従来形質と遺伝子型をつなぐことが極めて困難であった非モデル生物であるユキノシタ科チャルメルソウの仲間において、天然物生合成の原因遺伝子の有力な候補を絞り込んだ研究例を紹介する。また本研究アプローチを拡張して、分類学が蓄積してきた生物の多様な形質情報を、それを支配する原因遺伝子配列に帰する研究アプローチの展望について議論したい。

チャルメルソウ属はほぼ全ての種が数種のキノコバエ類と特異的な送粉共生の関係にある (Okuyama et al., 2004; 2008)。この系では同所的に生育する種間で花粉を運ぶキノコバエ科昆虫 (送粉者) の種が異なっており、それによって雑種形成が妨げられている。これまでの研究から送粉者の違いを決定づけているのは花から放出される揮発性成分 (匂い) の違いであることが明らかになっている。すなわちこの系は、天然物 (花の匂い) の生合成能の進化が直接種分化 (種形成) に関わったと強く示唆される貴重な例である。台湾及び日本列島に固有の単系統群であるチャルメルソウ節全種の匂い成分プロファイルを作成し、系統学的独立比較 (Felsenstein, 1985) の手法によりキノコバエの特異的誘引に関与している候補物質を10種類程度に絞り込んだ。これらのうち花香中に占める割合が多いものについて、実際に送粉者となるキノコバエを用いたパイオアッセイを行った結果、ライラックアルデヒド (以下 LALs) など数種類の物質が送粉者の特異的誘引に関わっていることを明らかにした。

さらにこれらの送粉者誘引に関わっている花香物質生合成の遺伝的基盤を明らかにするため、チャルメルソウ属 11 種において、Illumina 社の次世代シーケンサ

一Solexa システムを用いた SuperSAGE 法 (Matsumura et al. 2003; 2010) により今まさに匂いを放出している花についてゲノムワイドな比較トランスクリプトーム解析を行った。

その結果、遺伝子発現解析でより一般的に用いられるマイクロアレイではある 1 種の生物の配列情報を鋳型とするため、ゲノムそのものが異なる生物間で遺伝子発現パターンを比較するのには不向きであるが、SuperSAGE 法を用いることで近縁な生物種間では十分に比較に耐えるゲノムワイドな遺伝子発現プロファイルが得られることが明らかとなった。また SuperSAGE 法の特徴として、遺伝子が 26bp の配列タグとして代表されることがある。このため、ゲノム情報が皆無の生物であっても即座に遺伝子発現プロファイルのデータが得られ、さらにこの短い配列情報をもとに、周辺の未知配列を決定できることも示された。

この結果と、対応する匂い成分プロファイルのデータとの間で相関解析を行い、それぞれの花香成分の放出パターンと強く相関する発現パターンを示す遺伝子を物質ごとにそれぞれ 2-46 遺伝子特定した。これらのうち、モノテルペンである LALs の放出パターンと相関していた 13 遺伝子について、その周辺配列を決定し、遺伝子アノテーションを行ったところ、この中にはチトクロム P450 遺伝子やテルペノイド生合成 MEP 経路の起点となる遺伝子 DXS など、明らかに LALs の生合成に関与すると考えられる遺伝子群が含まれていた。このことは、本手法が種間の花の匂いの違いを決定づけている遺伝因子について解明するために極めて有用であることを示している。

絵かき虫の遺伝学：

餌とする植物はどのように決まっているか

大島一正

(基礎生物学研究所生物進化研究部門)

絵かき虫とは、幼虫の期間に葉の内部に潜って生活する昆虫類のことである。卵は一般に葉の表面か内部に産みつけられ、孵化した幼虫は産みつけられた葉の内部へと潜り込み、葉肉組織やしみ出した細胞内容物を摂食して成長する。このため、幼虫は自身が食べる植物種を選ぶことができず、メス親にしてみても、幼虫に適した餌植物に産卵しないと自身の子孫を残せない。幼虫の餌植物への耐性とメス親の産卵選好性は大変厳密に決まっており、どの植物でも食べられて、どの植物にも卵を産むわけではない。つまり、幼虫と親の形質が同じ植物に適応して初めてその植物を餌とすることができるのである。しかし、リーフマイナーに限らず植物を食べる昆虫類はその進化のなかで何度も餌植物を変えてきた。では、どのようにして「幼虫と親の形質」という複合的な進化が起こるのだろうか？

これを解明するには、そもそも昆虫類の餌植物がどのように決まっているかを調べる必要がある。例えば、メス親の産卵する植物が自身の幼虫時代の餌植物で決まっているのなら寄主転換は容易に起こるかもしれない。しかしほとんどの昆虫類で、メス親の産卵選好性と幼虫の餌植物への耐性は異なる遺伝基盤を持つことが示されている。では何個の遺伝子が関与し、それらの遺伝子はゲノム中のどこにあるのだろうか？

また、絵かき虫に限らず植食性昆虫には、形態的に

は同種であるが餌としている植物のみが異なる「品種」の存在が古くから知られており、その分類学的扱いは多くの研究者を悩ませてきた。もし、品種間の雑種がどちらの親の寄主植物にもうまく適応できないのなら、寄主植物の違いが隔離機構として働いているかもしれない。雑種がどの程度両親の寄主植物に適応できるかは、メス親の産卵選好性と幼虫の耐性の遺伝様式にかかっており、種分化という観点からも寄主適応の遺伝基盤は重要な意味を持つ。

今回の講演では、まず絵かき虫の自然史について簡単に話し、次に一つの種類の中にクルミ科とツツジ科という系統的にかけ離れた植物をそれぞれ餌とする品種(ホストレース)が存在する絵かき虫、クルミホソガ *Acrocercops transecta* (鱗翅目：ホソガ科) を用いた研究を紹介する。さらに、クルミホソガにおけるメス親の産卵選好性と幼虫の耐性の遺伝基盤から、寄主転換に伴う種分化の可能性と複合適応形質の進化を議論したい。

共生微生物が引き起こす昆虫類の多様化： その分子機構にせまる

細川貴弘

(産業技術総合研究所・

生物共生進化機構研究グループ)

昆虫類は地球上でもっとも繁栄し、多様化してきた生物の一つである。多くの昆虫類は体内や体表に共生微生物を保持している。これらの共生微生物は宿主昆虫を苦しめる寄生者となっている場合もあるが、宿主昆虫に利益をもたらす相利共生者となっている場合も多い。後者の場合、宿主昆虫が受ける利益とはさまざまであり、たとえば栄養分を受け取ったり、物質代謝を助けてもらったり、捕食者や病気から守ってもらったりである。その結果として宿主昆虫は厳しい環境にも適応することができるので、共生微生物は昆虫類の多様化を引き起こす要因の一つであると考えられる。本講演の前半では最近の国内外の研究をレビューし、昆虫類の多様化に共生微生物がいかに貢献してきたかについて示す。

昆虫類の多様化における共生微生物の重要性が明らかになってきている一方で、宿主昆虫と共生微生物の間の遺伝子・物質レベルでの相互作用は、いまだその大部分が謎に包まれている。この謎を解き明かすためのアプローチの一つとして、共生微生物の全ゲノム解析がある。昆虫の共生微生物には真菌類や原生動物などの真核生物も含まれるが、もっとも良く研究されているのは細菌類(原核生物)である。細菌類は真核生物に比べるとゲノムサイズが非常に小さい。中でも昆虫類の共生細菌はとりわけゲノムサイズが小さく、たとえばアブラムシ類の共生細菌ブフネラ (*Buchnera*) では 60 万塩基対、セミ類の共生細菌ホジキニア (*Hodgkinia*) では 14 万塩基対しかない(ちなみにヒトは 31 億塩基対、シロイヌナズナは 1.3 億塩基対、ショウジョウバエは 1.7 億塩基対、大腸菌は 460 万塩基対)。したがって最新の DNA シークエンスの技術を使えば、共生細菌の全ゲノム、すなわちその共生細菌のもつすべての遺伝子をかなり容易に知ることができる時代になっているのである。実際、この数年間で昆虫の共生細菌の全ゲノムは続々と解明されている。本講演の後半では、演者らの研究グループが取り組んでいる

マルカメムシ類の共生細菌イシカワエラ (*Ishikawaella*)、トコジラミの共生細菌ボルバキア (*Wolbachia*)、ゾウムシ類の共生細菌ナルドネラ (*Nardonella*) の全ゲノム解析から明らかになってきた共生の分子機構について紹介する。

会場：奈良女子大学

日本昆虫学会

日本昆虫学会第71回大会
会期：2011年9月16日(金)～9月19日(月)
会場：信州大学松本キャンパス

日本進化学会

日本進化学会第13回大会
会期：2011年7月29日(金)～7月31日(日)
会場：京都大学

日本線虫学会

日本昆虫学会第19回大会
会期：2011年9月14日(水)～9月17日(土)
会場：京都市国際交流会館イベントホール

日本地衣学会

日本地衣学会第10回大会
会期：2011年7月9日(土)～10日(日)
会場：神戸薬科大学

日本蜘蛛学会

日本蜘蛛学会第43回大会
会期：2011年8月26日(金)～28日(日)
会場：鳥取大学

日本分類学会連合の活動報告

2011年1月以降の連合の活動をご報告致します。

2011年1月8日～9日

第10回総会を開催(国立科学博物館新宿分館)。

第10回公開シンポジウム「分類学、そして生物多様性科学の将来を考える」を開催(国立科学博物館新宿分館)。

日本分類学会連合加盟学会の大会・シンポジウム

日本魚類学会

2011年度日本魚類学会年会
会期：2011年9月29日(木)～10月2日(日)
会場：弘前大学文京町キャンパス

日本古生物学会

2011年年会
会期：2011年7月1日(金)～3日(日)
会場：金沢市文化ホール

日本蘚苔類学会

日本蘚苔類学会第40回大会
会期：2011年8月8日(月)～10日(水)
会場：奈良県吉野郡川上村やまぶきホール

日本ダニ学会

日本ダニ学会第20回大会
会期：2011年9月28日(水)～30日(金)
会場：城西館 高知県高知市上町2-5-34

日本哺乳類学会

日本哺乳類学会2011年度大会
会期：2011年9月8日(木)～11日(日)
会場：宮崎市民プラザ&宮崎観光ホテル

地衣類研究会

地衣類研究会第40回大会
会期：2011年7月30日(土)～31日(日)
会場：鳥取

日本菌学会

日本菌学会第55回大会
会期：2011年9月10日(土)～11日(日)
会場：北海道大学農学部

日本原生動物学会

日本原生動物学会第44回大会
会期：2011年11月11日(金)～13日(日)

TAXA —— 生物分類学メーリングリスト

日本分類学会連合が運営するメーリングリスト〈TAXA〉は、生物分類学に関する情報交換や討論をするためのメーリングリストで、生物分類学に関心をもつすべての方に開放されています。〈TAXA〉メーリングリストは下記の趣旨により開設されました：

日本分類学会連合は、「生物の分類学全般にかかわる研究および教育を推進し、我が国におけるこの分野の普及と発展に寄与することを目的(規約第2条)」として、2002年1月12日に設立されました。現在、分類学に関係の深い27の学会が加盟しています。その後、本連合はこの目的に向かって様々な活動を展開してきましたが、このたび新たな事業として「メーリングリスト〈TAXA〉」を開設することになりました。このリストの趣旨は、本連合からの広報のほか、登録会員が互いに分類学に関する情報交換や討論をするための場を提供することにあります。したがって、このリストは本連合の加盟学会の会員ばかりでなく、分類学に関心をもつすべての方に開放されます。なお、リストへの登録など管理、運営は本連合の担当者が行いますが、投稿は登録会員なら誰でも自由に行えます。多くの方が登録くださいますようご案内申し上げます。

2003年12月21日
日本分類学会連合
代表：加藤雅啓

〈TAXA〉は2003年12月13日に開設され、2003年12月24日午後5時に稼働開始しました。2011年4月14日の時点で【952】名の会員が登録されています。入会を希望される方は、

1) メールアドレス

2) 氏名(日本語表記ならびにローマ字表記)

3) 所属

を明記の上, <TAXA> 運営担当の三中信宏(taxa-admin@ml.affrc.go.jp)までご連絡ください.

[編集後記]

分類連合ニュースレターでは随時加盟学会員の皆様から広くご寄稿を募集しております. 原稿は富川宛(tomikawa@hiroshima-u.ac.jp)に電子メールでお送りください. 電子メールが使用できない場合は FAX(082-424-7093)もしくは郵送(〒739-8524 広島県東広島市鏡山 1-1-1 広島大学大学院教育学研究科)でお送りいただいてもかまいません. 皆様からの多数のご寄稿をお待ち申し上げます.

(ニュースレター編集担当: 富川 光)

日本分類学会連合ニュースレター 第19号

2011年6月6日発行

発行者 日本分類学会連合

事務局 〒169-0073 東京都新宿区百人町 3-23-1

国立科学博物館

編集者 富川 光
