

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. 15-16 [2009年11月30日]

日本分類学会連合第8回シンポジウム

日本分類学会連合第8回シンポジウム「分類学におけるDNA情報の活用」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：2009年1月10日(土) 13:30~17:30

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

- 13:30~13:35 松井正文 (京都大学)
「連合代表挨拶」
- 13:35~13:45 伊藤元己 (東京大学)
「はじめに (趣旨説明)」
- 13:45~14:30 宮 正樹 (千葉県立中央博物館)
「ミトコンドリアゲノム全長配列を用いた魚類の大系統解析と分類への応用」
- 14:30~15:15 村上哲明 (首都大学東京)
「DNA塩基配列情報を活用した生物学的種の認識〜シダとキノコを例にあげて」
- 15:15~15:30 休憩
- 15:30~16:15 吉武 啓 (農業環境技術研究所)
「分類学におけるDNAバーコードの利用法」
- 16:15~17:00 神保宇嗣 (東京大学大学院総合文化研究科)
「分類学における情報基盤システム」
- 17:00~17:30 総合討論

はじめに

伊藤元己 (東京大学大学院総合文化研究科)

20世紀後半に飛躍的に進んだ分子生物学の成果は、生物学に大きな影響を与え、今では全生物学分野で不可欠な技術となってきている。分類学においても、以前は形態か分子かというような不毛な議論がなされたことがあるが、現在では両者ともに重要であるという共通認識を持つに至ったと思われる。そもそも分類学は、生物に関するあらゆる情報を取り入れてきたのであり、分子情報も何ら特別な存在ではなく、有用な情報源の1つとして積極的に活用すればよいと思う。

本シンポジウムでは、分類学においてDNA情報がどのように活用可能かについて、さまざまな利用例を通して考えて行くことを目的としている。

ミトコンドリアゲノム全長配列を用いた魚類の大系統解析と分類への応用

宮 正樹 (千葉県立中央博物館動物学研究科)

我々が進めてきたミトコンドリアゲノム (ミトゲノム) 分析に基づく一連の研究により、魚類系統学はパラダイムの変換を迎えた。脊椎動物の過半数を占め、魚類の中でも最大の分類群である条鰭類 (42目431科4070属約23,680種) の大系統を4つに分けて解析し、新たな系統像を世界に先駆けて発表したののである (Inoue *et al.* 2003; Ishiguro *et al.* 2003; Miya *et al.* 2003; Saitoh *et al.* 2003)。これらの研究はレビュー誌 *TREE* 2003年12月号で特集され、進化学の世界からも大きな注目を集めることになった。また、その後発表された関連論文40数篇は、これまでに1300件以上も引用され、魚類分子系統学において国際的イニシアチブを確立するに至った。

こうした中で、米国 National Science Foundation の支援を受けた Assembling Tree of Life (AToL) と All Species Inventory (ASI) という、それぞれ特定生物群の系統と分類を一気に解明することを目的とした大規模なプロジェクトが2004年に立ち上がった。魚類においてはコイ目が AToL に、ナマズ目が ASI に採択され、いずれも昨年度一杯で5カ年のプロジェクトが終了した。私はコイ目魚類の大系統解明プロジェクト (Cypriniformes Tree of Life: CToL) の PI である Prof. R. Mayden の強い要請により本プロジェクトの主要メンバーとなり、ミトゲノム全長配列による問題解決に大きな貢献を果たした (Miya *et al.* 2006; Saitoh *et al.* 2006 ほか)。

上記二つの大規模プロジェクトの対象となったコイ目とナマズ目は、いずれも骨鰈類 (こっぴょうるい) と呼ばれる、およそ8200種を含む巨大クレードの一員である。骨鰈類の大半は淡水域に分布し、コイ目はローラシア型の分布を、カラシン類 (ナマズ目+デンキウナギ目+カラシン目) は Gondwana 型の分布をもつという生物地理学的にも興味深い特性をもっている。ところが、その莫大な種多様性ゆえに、これまでまとまった系統進化的解析は行われてこなかった。

このような巨大な系統学的問題 (数千種) の解決を可能にしたのが、ドイツの若手数理生物学者 Dr. Alexandros Stamatakis が開発した最尤法の新たなソフトウェア RAxML の登場である (Stamatakis 2006; *Bioinformatics* 22:2688-2690)。私はコイ目の大系統解明に本ソフトウェアを利用し、300種を超えるミトゲノム全長配列 (約16,500塩基対) でも余裕をもって解析できることを確認した。

一方、DNAデータベースにはコイ目だけでもミトゲノムのさまざまな遺伝子から得られた数千件の部分配列 (300~1500 bp) が蓄積されている。多数のミトゲノム

全長配列（約 16,500 bp）によって頑健な系統関係を推定できれば、それを制約樹（backbone tree）として系統解析を行うことにより、全長配列と部分配列を利用した網羅的な解析が可能になるのではないかと考えた。

今回の発表では、自ら決定する数百のミトゲノム全長配列と、データベースに蓄積されてきた数千の部分配列を組み合わせた「ミトゲノム超行列」（mitogenomic supermatrix）により、Assembling Tree of Life と All Species Inventory を包括するような大規模解析ができるかどうか、その可能性と展望について話す。

DNA 塩基配列情報を活用した生物学的種の認識 ～シダとキノコを例にあげて

村上哲明（首都大学東京 牧野標本館）

これまで永らく高等生物の種（species）はその形態の違いによって認識されてきた。それでは、このようにして分類学者が認識した生物の種は生物学的実態と一致していることが期待できるものなのであろうか。視覚を使って交配相手を捜し、それが生殖可能な交配相手かどうかも視覚で判断しているような動物では、交雑しても継続的に子孫を残せない近縁種をその生物種自身が識別できるように外部形態が異なっていることが期待できるかも知れない。しかし、視覚が生殖のどの段階にも関係しないような生物、例えば、精子が水の中を泳いでいって受精するだけのシダ植物やコケ植物、菌糸が接合するだけのキノコやカビなどの菌類では、異なる生物学的種が異なる形態をしている必然性は全くないことになる。しかも、これらの生物の方が外部形態が非常に単純で、種の分類に使える識別形質が少ないのが一般的である。したがって、例えばシダやキノコなどは、一緒に共存していても一切交雑が起こらず、生態学的特性の上でも分化していて、明らかに別の生物学的実体として自然界に存在しているものでも、それらが形態で識別できないことが十分起こり得るはずである。このように生物学的には別の種であるが、互いに形態で識別するのが困難であり、これまで分類学的に同種とされてきたものは互いに隠蔽種（cryptic species）とよばれている。

一方、DNA の塩基配列の進化的変化は、大部分、中立的進化によって起こると現在では考えられている。ということは、生きて化石と呼ばれるように何億年も形態をほとんど変化させていない生物の間でも、それらが種分化してから経過した時間に対応するだけの塩基配列の違いがみられるはずである。実際に、形態が単純で広域分布するとされてきたシマオオタニワタリなどのシダ植物種やオニグチなどのキノコ類の DNA の塩基配列を我々が詳しく調べてみたところ、これらの種内には非常に大きな塩基配列の多型が見出された。さらに塩基配列が大きく異なるもの間には生殖的隔離が確立していることが明らかとなった。すなわち、これらの形態種には多数の隠蔽種が含まれていることが明らかになったのである。さらに、一度これらの隠蔽種が識別できてみると、隠蔽種間で生育環境や宿主植物（キノコ場合）も明瞭に分化している場合が少なくないことが明らかになった。隠蔽種を識別することは、これら形態が単純な野生生物の生物学的実態についての理解を深める上でも非常に重要である。

分類学における DNA バーコードの利用法

吉武 啓

（農業環境技術研究所・農業環境
インベントリーセンター）

DNA バーコーディングとは、特定の遺伝子領域の短い塩基配列（DNA バーコード）を用いた生物の同定法である。標準化された方法で得られた同質のデータによって多様な分類群の同定が可能になることがその最も大きな特徴であり、形態差に乏しい種や顕著な性的二型を示す種、未成熟個体など、これまで同定困難だった生物の識別に非常に有用である。

2003年、ゲルフ大学のポール・エベールらは、イギリスの国際雑誌に掲載された論文の中で、動物界の全グループを対象に、DNA バーコードに基づいた同定システムを構築すべきであると主張した。「バーコードで商品を判別するように、DNA バーコードを用いて全動物を機械的に同定できるようにする」というセンセーショナルな発想は一挙に衆目を集め、これがきっかけとなって国際的な DNA バーコーディングプロジェクトが展開されることとなった。

その後、DNA バーコーディングのコンセプトや実用性等に関して、様々な立場から幅広い議論が交わされて来た。当初こそ、DNA バーコードがあたかも従来の分類情報に代わる「万能薬」であるかのように誤解する向きもあったが、その実用限界を示す研究例が次々に発表され始めるに至り、「既知種の同定や隠蔽種の発見を促進する一手法」としての位置づけが定着しつつある。

近年、我が国でも DNA バーコーディングに対する関心が急速に高まっているが、未だこの手法自体が十分に認知され、普及しているとは言いがたい。とくに、DNA バーコーディングと不可分な関わりを持つ分類学コミュニティ内でこの新たな手法に対する理解を深め、その実践面で分類学者が果たすべき役割について何らかのコンセンサスを得ることは大変重要である。本講演では、分類学における DNA バーコードの利用法や関連研究・プロジェクトを紹介した上で、今後、分類学者がどのように DNA バーコーディングと関わってゆくべきか議論したい。

分類学における情報基盤システム

神保宇嗣

（東京大学大学院総合文化研究科／
GBIF 日本ナショナルノード）

分類学の主要な目的は、地球上の膨大な生物多様性を認識・整理・命名し記述することであり、分類学的情報が生物学をはじめ生物にかかわる活動に不可欠なことは周知の通りである。近年、これまで蓄積されてきた莫大な知識の利用に、情報技術を活用する手法の研究開発が行われてきた。分類学における情報技術の活用方法には、ソフトウェアによる日常の機械的作業の自動化、データベースによる多量の情報の保存、インターネットによる情報の共有化・再利用などがあるが、ここではまとめて「分類学における情報基盤システム」と呼ぶ。情報基盤システムの整備は、分類学的研究の効率化を促進するだけでなく、様々な活動への貢献を通じて分類学自身の発展に寄与することも期待

される。生物多様性情報に対する情報技術の活用方法は、生物多様性情報学 (Biodiversity Informatics) として体系化されているが、日本におけるこの分野の発展は著しく遅れているのが現状である。このような背景の下、発表者は、世界規模生物多様性情報機構 (GBIF) 日本ナショナルノードの活動の一環として、日本において誰もが利用可能な情報基盤システムの整備を進めている。本発表では、情報基盤システムの概要を示した上で、以下の 3 つのプロジェクトを、特に DNA バーコードをはじめとした DNA 情報との関連性に触れつつ紹介する。

1) 標本情報データベースシステム: 様々な用途で利用できる標本データベースシステム Ru::Ga を開発している。特徴としては、各研究者が自分のデータを自ら管理できること、データを誰にどこまで公開するかを設定できること、画像に加えて DNA 情報や文献情報なども保存できること、標本目録の自動作成ツールや同定支援システムなどを利用できること、外部システムとの情報共有機能を持つことがあげられる。このシステムを使って、i) 日本 DNA バーコードオプライフ・イニシアティブの研究支援システム (JBOLI-DS), ii) 証拠標本データベース (VSPECIMENS, 分類学会連合のタイプ標本データベース JTYPES の拡張), iii) 鱗翅類コレクション画像データベース (LepImages) の構築を進めている。

2) 日本産生物名辞書システム: 日本産生物の学名と和名を網羅した生物名辞書の構築をシステム・内容の両面で進めている。このシステムが提供する和名一学名変換機能を使うことで、GBIF や Barcode of Life Data systems (BOLD) などの海外のデータベースを和名で検索し、和名で結果が得られるシステムを作成できるようになる。

3) オンライン図鑑システム: 各生物種の様々な情報を収集しまとめて見られるようにするシステムで、学問からレジャーまで多様な分野での利用が期待されるため、分類学の普及やアウトリーチの場としても重要である。海外では Encyclopedia of Life (EOL) をはじめとした大規模プロジェクトが進行中であるが、発表者らは、その日本版を構築する予備的段階として、標本や種名のシステムの情報共有機能を利用し、まとめて公開するシステムを作成している。DNA バーコーディング同定支援システムと本システムとを組み合わせることで、誰もがより多くの情報に基づいた同定を試みられるようになる。

日本分類学会連合第 9 回シンポジウム

日本分類学会連合第 9 回シンポジウム「生物地理学の未来を考える」が以下の要領で開催されます。加盟学会会員の皆様の多数のご参加をお待ちしております。

日時: 2010 年 1 月 9 日 (土) 13:30~17:30
場所: 国立科学博物館新宿分館

プログラム

渡辺勝敏 (京大・理・動物生態)
「淡水魚の分子系統地理の現状と今後の展開」
広瀬 大 (日大・薬)
「樹木と共に生きる菌類の生物地理学—生態学的アプローチによる展開」
田中克彦・藤倉克則・山本啓之・丸山正 (JAMSTEC)
「海洋生物の分布データベース—現状と可能性」

松岡廣繁 (京大・理・地鉱)
「琉球列島の異なる地史と生物地理」
加藤雅啓 (科博・植物)
「植物分類学者から見た生物地理」

日本分類学会連合の活動報告

2009 年 1 月以降の連合の活動をご報告致します。

2009 年 1 月 10 日
第 8 回総会を開催 (国立科学博物館新宿分館)
第 8 回公開シンポジウム「分類学における DNA 情報の活用」を開催 (国立科学博物館新宿分館)

2009 年 4 月 9 日
第 21 回役員会を開催 (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

日本甲虫学会
日本甲虫学会年次大会が以下の日程で開催されます。
会期: 2009 年 12 月 13 日 (日)
会場: 大阪市立自然史博物館

日本古生物学会
日本古生物学会第 159 回例会が以下の日程で開催されます。
会期: 2010 年 1 月 29 日 (金) ~1 月 31 日 (日)
会場: 滋賀県立琵琶湖博物館

日本鞘翅学会第 22 回大会・日本昆虫学会
日本鞘翅学会第 22 回大会・日本昆虫学会関東支部第 46 回大会合同大会が以下の日程で開催されます。
会期: 2009 年 11 月 14 日 (土) ~15 日 (日)
会場: 東京農業大学・厚木キャンパス

日本進化学会
International Symposium Marine Genomics が以下の日程で開催されます。
会期: 2009 年 12 月 15 日 (火) ~18 日 (金)
会場: 沖縄 ホテルサザンプラザ海邦

日本藻類学会
日本藻類学会第 34 回大会が以下の日程で開催されます。
会期: 2010 年 3 月 19 日 (金) ~22 日 (月)
会場: 筑波大学・筑波キャンパス

日本動物分類学会
日本動物分類学会第 46 回大会が以下の日程で開催されます。
会期: 2010 年 6 月 5 日 (土) ~6 日 (日)
会場: 国立科学博物館新宿分館

日本哺乳類学会
日本哺乳類学会 2009 年度大会が以下の日程で開催されます。
会期: 2009 年 11 月 21 日 (土) ~24 日 (火) ~25 日 (水)
エクスカーション
会場: 台湾大学・集思會議中心

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に、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。2009年10月5日の時点で【906】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。原稿は柁原宛(kazi@mail.sci.hokudai.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(011-746-0862)もしくは郵送(〒060-0810 北海道大学大学院理学院自然史科学分野)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: 柁原 宏)

日本分類学会連合ニュースレター 第15-16号

2009年11月30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 柁原 宏
