

形質による古典分類学を批准したゲノムによる分類学

西垣 功一¹、小森 学¹、辻 幸香¹、幸塚 麻里子^{1,2}、
シャミム アーメッド¹、小作 明則³、宮本 潔³

¹埼玉大学大学院理工学研究科、埼玉県さいたま市桜区下大久保 2 5 5

²産業技術総合研究所地圏資源環境研究部門、茨城県つくば市東 1 - 1 - 1

³獨協医科大学医学部総合研究所、栃木県下都賀郡壬生町北小林 8 8 0

Classical Phenotype-Based Taxonomy Was Ratified by Genome-Based One.

Koichi Nishigaki¹, Manabu Komori¹, Sachika Tsuji¹, Mariko Kouduka^{1,2},
Shamim Ahmed¹, Akinori Kosaku³, and Kiyoshi Miyamoto³,

¹Graduate School of Science and Engineering, Saitama University, Saitama, Japan

²Institute for Geo-Resource and Environment, AIST, Tsukuba, Ibaraki, Japan

³Institute of Medical Science, Dokkyo Medical University, Tochigi, Japan

Koichi Nishigaki: koichi@fms.saitama-u.ac.jp

Abstract: Classical phenotype-based taxonomy was ratified by the other objective way, genome-based classification. This may be the first occasion demonstrated by such a way.

Keywords: Genome-based taxonomy, classical taxonomy, genome profiling, phenotype, genotype

1. はじめに

アリストテレス以来、分類学は生物学の基礎をなしている。中でも、進化論、生態学、生物多様性の科学は分類学なしには論じられない。これまでの分類学体系は表現型により構築されてきたが、その体系を客観的に評価することはなかった。一方、遺伝子型による系統樹作成は試みられてきており、古くはヘモグロビンやチトクローム C などのタンパク質を用いた比較解析や最近では 16S/18S rRNA の塩基配列解析から進化系統樹が作成され、系統分類されてきた。しかしこの場合、用いる遺伝子の種類によって、異なる系統樹が作成されることが知られており、‘遺伝子の進化系統学’ という概念が確立している。従って、生物の遺伝子全体、すなわち ‘ゲノム’ による分類学が大きな関心となっている。折しも、現在、800 種 (2008 年 9 月時点) を越す生物のゲノム塩基配列解析が完了し、また、数日でギガ (10⁹) ベース単位の塩基配列決定が現実化している状況から、ゲノムによる生物分類は十分に可能な状況である。

2. ゲノムによる生物分類法

ゲノムシーケンシング時代を迎え、1 遺伝子からゲノム全体へと情報量が増えれば、直ちに信頼性の高い解析ができるかといえば、皮肉なことだが、必ずしもそうはならない。何を基準に比較すべきかという論争がこれから始まる。対応する遺伝子の数やそれらの並び順を問題にすることも考えられるし、配列類似性をできるだけ多くの遺伝子に関して調べあげることも考えられる。予めわかっていることは、絶対的基準は存在しないであろうということである。それは、生物間には、共通する遺伝子と共通しない遺伝子があり、生物の比較においてそれらの遺伝子をどのように重み付けて扱うかは、論理的・一義的には定まらないからである。この状況で、筆者らは所

定の定義の下に機械的・一義的にゲノムを比較する標準技法すなわち、ゲノムプロファイリング (GP)法を開発した¹⁾。ゲノム DNA に対して特定のオリゴヌクレオチドを用いてランダム PCR を行い、得られた DNA 断片の配列情報をシーケンシングせずに、二本鎖 DNA の融解転移温度・移動度情報として取得し解析する方法である。実験的定義により、すべての生物に対して、ゲノム距離を測定することができ、それに基づき生物を分類・同定することができる。現在のところ、すべての生物 (少なくとも試みたすべての生物: ウイルス、細菌、酵母、菌類、原生動物、植物、昆虫、魚類、哺乳動物) に対してゲノムを用い、同一の方式で種を同定分類可能な唯一の方式である。

3. GP 法による生物分類

植物、昆虫、魚に関してそれぞれ任意に選んだ 10 数種の生物の分類を行った結果が図 1 に示してある。図において、左側には古典的な形質による分類を右側には GP 法による分類結果が示されている。生物のクラスタリングパターンとして両者は位相的に完全に一致していることがわかる。この結果はある意味で驚きであった。この解析を表現型に富む昆虫に関して数を 50 種に増して分類したときも実験誤差の範囲で両者は一致した。興味深いことに同じ集団に対して 18SrRNA の塩基配列解析に基づき分類を行なったものは古典分類との一致率が 60~70%に過ぎないことが示された。

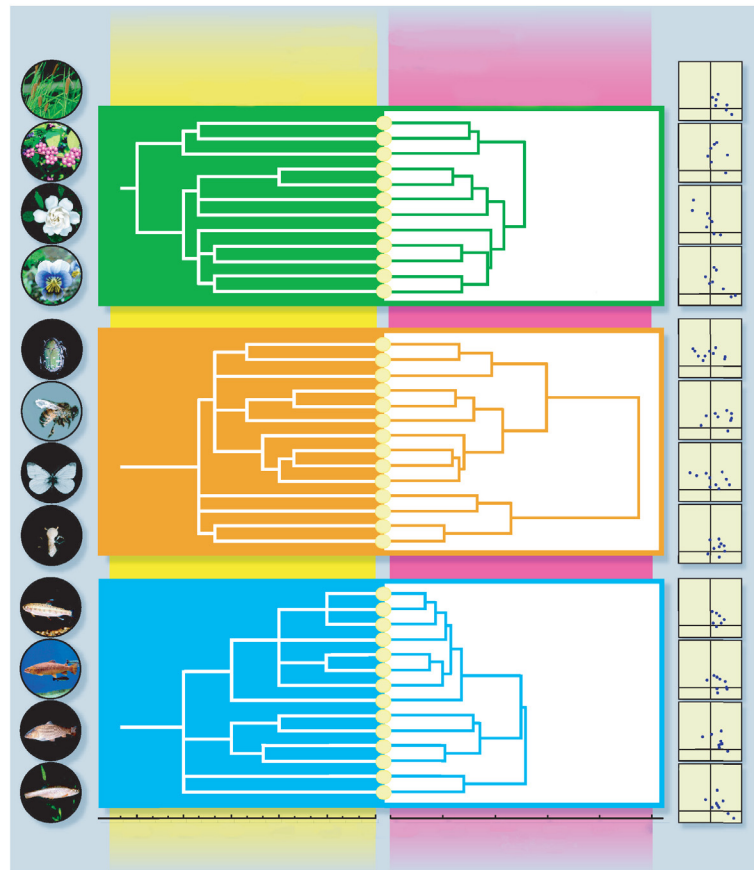


図 1. 古典的分類とゲノムによる分類の一致

ゲノムによる分類は GP 法であり、ゲノム配列情報を抽出し右端に示されるようなパターンへ還元する方法である。生物どうしの距離はこのパタンの類似性から求められる。(文献 2 より許諾の下に再掲)

4. 「古典」と「先端」の一致

18SrRNA などの単一遺伝子に基づく分類では、「古典」との一致は難しいが、ゲノム全体からその特徴を取り出す GP 法では、ゲノム情報に裏付けられて発現している表現型群の幾つかを任意に取り出し分類に用いている「古典」法と結果的に対応性が良いということになる。表現型に基づき構築されてきた生物分類体系が、全く手法の異なる遺伝子型ゲノムに基づいて構築される分類体系 (「先端」) との対応性の高さから、その正当性が支持(批准)されたことになる。

文献:

- 1) Naimuddin M, Kurazono T, Zhang Y, Watanabe T, Yamaguchi M, Nishigaki K., Species-identification dots: a potent tool for developing genome microbiology, *Gene*, **261**(2), 243-250 (2000)
- 2) Kouduka M, Sato D, Komori M, Kikuchi M, Miyamoto K, Kosaku A, Naimuddin M, Matsuoka A, Nishigaki K., A solution for universal classification of species based on genomic DNA, *Int J Plant Genomics*, web- 27894 (2007)