

生物多様性と遺伝的多様性

森脇和郎（理研筑波研究所）

Biodiversity and genetic diversity

Kazuo Moriwaki (RIKEN Tsukuba Institute)

生物多様性の基盤をなすものは生物種であり、個々の種の特徴を識別し種の名前を決めることなしには、生物の多様性を完全に把握することは難しい。自然界の多様な生物を対象とする分類学・系統学の分野では、古くから形態を主体に、行動様式、生息環境、地理的分布等を加えて種を分類してきた。今日でも種の記載は基本的にはこの方法で行われている。

一方、前世紀後半から飛躍的な発展を遂げた分子遺伝学は、生物の構造と機能が遺伝子の支配を受けていることを明らかにした。今世紀に入り、ヒトをはじめ主要な実験生物の全ゲノム塩基配列が解析されるに至った。近年、分子遺伝学や分子進化学の成果を取り入れた分子分類学・分子系統学という分野も発展してきた。しかし、伝統的な手法で決められた種名と、種を特徴付けるDNA塩基配列との間に十分な一致が得られるには至っていない。優れた分類学者は多数の形態的特性を使って種の同定を行っている筈である。それらの特性は基本的には遺伝子支配を受けており、種内では変化しない進化的な安定性をもつが、それらの全てがDNA塩基配列として特定されているわけではない。

最近、分子的な分析手法は大きく発展し、いわゆるハイスループットな解析が可能になってきた。全ゲノムではなくとも、数十の遺伝子DNA塩基配列の分析によって系統分化の系図を描くことも出来るし、適当な数の遺伝子のDNA塩基配列によって特定の種を特徴つけることも原理的には可能であろう。

Hebertらが2003年に提唱したDNA Bar codeによる種の同定もこの流れの上にある。彼らは動物のMitochondria CO1 (Cytochrome oxidase 1) 遺伝子の5'端648塩基に着目し、その変異の中に種の特異性およびそれより上位の分類群の特異性を見出して、多様な動物群の同定・分類を行う研究グループを作った。生物種の的確な同定は、単に学術的な貢献にとどまらず、社会的な有用性にも繋がる場所があるが、この手法は解決すべき問題をいくつか残している。

ここでは、Barcodingにも関わりがあるとおもわれる「遺伝子の歴史から種の歴史をみる」ときに起こる問題点； Mitochondria の遺伝子の母性遺伝、種を超えた遺伝子流入、隠された遺伝子間相互作用等を野生マウスの例について紹介する。

Fig.1 A hybrid subspecies, *M. m. Molossinus* (Yinekawa et al. (1988))



Fig.2 Hbb haplotypes with b1- and b2 genes in each subspecies group (Moriwaki et al, unpublished)

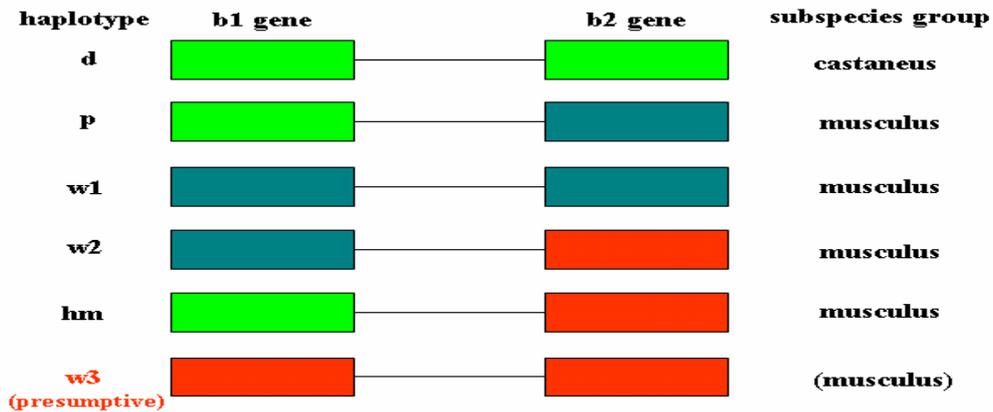


Fig.3 Mechanism of genetic incompatibility in B6-ChrXMSM males (Oka et al (2004))

