

開 催 趣 旨

猿 渡 敏 郎

東京大学海洋研究所

1998年10月15, 16日に、標記タイトルの共同利用研究集会を開催した。タイトルにある異時性 (Heterochrony) は、個体発生のズレに焦点を当てて種間比較を行うことにより生物の進化、特に形態の進化を研究する上で近年注目を集めている生物現象である。しかし異時性に関する研究は日本国内ではほとんど行われていない。その最大の要因は異時性に対する認識の欠如ならびに語彙の整理が不十分である点があげられる。本研究集会では、現在水生生物の異時性に関心を寄せている研究者間の交流をはかり、異時性研究の現状と問題点の把握ならびに今後の研究の展望を探ることを目的とする。私の専門が魚類学である関係から、共同利用研究集会を申し込んだ時

点では、魚類学関係者のみによる研究集会となるのではないかと不安であった。しかしいざ開催してみると無脊椎動物から大型脊椎動物に至るまで、各分類群で第一線の研究を行っておられる方たちに話題を提供していただいた。コンビーナーとして胸をなで下ろした次第である。また大槌臨海研究センターの皆様には、大きな国際シンポジウムを控えた多忙を極めた時期にこのようなシンポジウムを開催し、ご迷惑をおかけしたのではないかと反省している次第である。この場をお借りしてお世話になった大槌臨海研究センター、特に竹内一郎氏に厚く御礼申し上げる。

方法論の現状

分子系統分析データの作成法とその問題点

小 林 敬 典

水産庁養殖研究所

近年の分子生物学的手法の発展により、遺伝子上の塩基配列データを簡単に迅速に得ることができるようになった。この塩基配列の決定は自動化され分子生物学以外の種々の分野の研究者がDNA配列を扱えるようになり、水生生物の系統関係を分析することが試みられている。

系統解析に用いられる塩基配列の読み取り精度は、100%を要求される。現在市販されているDNAシーケンサーの配列読みとり精度は、機種によって異なるが、約98~99%であり、100塩基中には少なくとも1塩基または2塩基の読み取り間違いが生じている。しかしながら、研究者の多くはDNAシーケンサーで決定された塩基配列データを100%の精度として信頼し、そのまま系統解析に用いている。配列データ自体は、単純に簡単に手に

入れられるようになったが、その取得法は機械任せであり全くのブラックボックスになっているため間違っただけで系統解析を行ってしまうケースが生じる可能性も出てきた。

ここでは、広く用いられるようになった塩基配列の取得法を解説し、様々な分野で活躍している種々のDNAシーケンサーの特徴とその問題点を解説し、得られたデータの信頼性を高めるにはどのようなことをすればよいかを解説したい。単色と4色蛍光シーケンサーのピークの違い、用いたテンプレートによるピークの出現状況、読みにくい配列、Dye-primer法とDye-terminator法のピークの違いなどを示し、蛍光シーケンサーを用いる場合の補正と注意点について報告する。

分子系統樹の作成方法に関する考察

大 原 一 郎

水産庁養殖研究所

水生生物の異時性など、個体発生にかかわる形質の進化を論ずる上で、中立的と思われる分子進化のデータから系統樹を作成し、そのうえに異時性に関わる諸形質をプロットすれば、異時性の進化に関する有益な知見が得られるものと期待される。この意味において、分子進化系統樹の作成は単に系統への興味ばかりでなく、表現型の進化を調べる際の前提として重要であろう。

分子系統樹作成法の全局面について短時間で要約することは演者の能力を超えるので、概論や各論は優れた成書(1~6, 8)に譲り、ここではそれらに記されていない事柄について若干の考察を述べ、ご批判を仰ぎたい。

a) 最節約法における形質状態遷移に対する重み付けに関わる問題について(文献3), 4)に述べられているように、形質状態遷移確率を p とするとき、 $w = -\ln(p)$ で