

最近の植物系統分類学の研究手法

千葉大学 園芸学部

國 分 尚

学名・分類・進化、これらはすべて関係があることは何となくお分かりのことと思います。ここではそれらの関係を説明し、最近大きく変わりつつある植物の分類とその研究手法について書いていきたいと思います。

分類学と命名法

分類学 (taxonomy) と命名法 (nomenclature) はどちらも名前を決めることに深く関わっていますが、同じものではありません。「新種の植物に名前をつけた」ことに対しその植物を「分類した」などと一般の会話ではあまり区別せずに使っていますし、普段は特に問題もありません。しかし、この二つは全く違う行為だということをおまじ頭に入れてください。

一般に分類学とは生物をいろいろなデータを使って共通した性質をもつグループに寄せ集め、ある秩序を作ることです。グループに分けること自体には名前を付けることは含まれません。しかし、他人にそのことを伝えようとするためにはどうしても名前が必要になります。そこで登場するのが命名法です。

命名法は分類学によって作られたグループにある規則に従って名前を付けることです。ところが困ったことに規則がない場合があります。例えば、植物の「(標準)和名」がそうできて、極端なことを言えば付けた者勝ちという状態になっています。実際には多くの人に受け入れられないと広がることはないのですが、規則がないことは事実です。学名の方は「国際植物命名規約 (International Code of Botanical Nomenclature)」というものがあって、万国共通の規則に従って付けることになっています。動物は動物で別の規約がありますので、ときには同じ名前が別の生物につくことがあります。最も有名で身近な例として植物ではアセビ属、動物ではシロチョウ属の *Pieris* があります。分野間の交流が進むに従いこれでは不便なことがあるために、これらを統一しようという動きがあるようですが、なかなかうまく行っていません。

系統分類学とは

さて、ここで話題にする系統分類学 (系譜分類) とは簡単に言うと生物の進化の道筋を考慮した分類学で、系統樹の枝分かれをもとにして分類するために分岐分類学とも呼ばれます。系統分類学の本質は生物が進化してきた系統樹を現存する生物や化石のデータを使って再構築することであるとも言えます (中尾、2005、p. 219)。かつて、植物の分類は純粋に形をもとにしたもの (類型分類) でした。リンネ (1753) の24綱といえば、近代的な植物分類法の草分けとして有名です。確かに、雄ずいと雌ずいの数をもとにしていますので客観的ではあるのですが、数だけに頼っていますので、やはり人為的であることには変わりありません。雄ずいの数という形質を選ぶという行為に人間の主観が入ってしまった訳です。このように、植物の分類は多かれ少なかれ人間の主観が入り込む余地がありました。

一つ付け加えると、もともとリンネの時代には進化という考え方は存在しなかったので、分類とは神様が作った秩序を人間が解読するという行為だった訳です。また、分類の元になる指標は形態 (と、強いていえば薬用や食用などの実用性) しか選択肢はありませんでした。

ところが近年、植物のDNAを調べることが容易になり、形態以外の多くのデータが集まるようになりました。DNAには中立進化説と言われるものがあり、DNAの塩基配列は環境に左右されることなくランダムに変化するという考え方が支持されています。従って、DNAの塩基配列の変化を追っていけば人間の主観を排除した類縁関係の構築ができると考えられます。

ただ、系統分類は必ずDNAを使わなければいけないということはありません。形態や含有成分などの形質を使って系統分類を行うことも十分可能ですし、実際に行われています。問題は、形態などの場合は一度に比較できる形質の数が多くても数十であり、1塩基

を形質と見なすことができ、数千の形質を比較できるDNAの塩基配列などを使った方がより客観性の高い結果が得られるということです。DNAのデータを使った系統分類は分子系統分類と言うことがあります。

さて、従来の分類（類型分類）と系統分類の具体的な違いを挙げてみましょう。従来の分類では花と果実の形態を重視します。花や果実は子孫を残すための重要な器官であるので、その形態が突然大きく変化することはなく、植物の進化してきた道筋を比較的好く残していると考えられていました。一例として、花の形を重視した離弁花／合弁花という分類が植物の大きなグループ（分類で亜綱という単位です）とされていました。今でもほとんどの植物図鑑はこの分け方をしています。ところが、DNAを用いた研究でこの分類はきわめて人為的であることがわかりました。たとえば、合弁花の代表ともいえるキク目と離弁花で最も進化していると考えられていたセリ目が実は近縁であったりします。合弁花／離弁花という形質はたった一つ（多くても数個）の遺伝子の変異で制御されているようで、進化の道筋の中で何度も独立に起きてきたようなのです。

また、生物には平行進化というものがあり、環境が似ていると形態もその制約に従って似てしまうという事実があります。よく知られているのは南北アメリカ大陸の乾燥地のサボテン科（*Cactaceae*）やギボウシ（リュウゼツラン）科（*Agavaceae*）の植物とアフリカ大陸乾燥地のトウダイグサ科（*Euphorbiaceae*）やツルボラン科（*Asphodelaceae*）の多肉植物の平行進化で、別の系統の植物がお互いによく似ています（ギボウシ科とツルボラン科はかなり近縁ですが）。花や実の形も花粉媒介者や種子散布者に合わせて比較的簡単に変化するようで、この点でも形だけに重点を置く分類は適当ではないことがわかります。

このように、系統分類は植物学の中でもいま大変注目されている分野です。新しいデータが毎月のように出てきており、目から鱗が落ちるような発見もされています。そのため、分子データを考慮した分類が定着するにはあと20年ぐらいいはかかると考えられます。

系統分類に利用するデータの変遷

先に書いた通り、系統分類はDNAのデータに限らず、形態を用いて行われることもあります。初期の系統分類は1950年代にドイツ人の動物学者、W. Hennigによって主に形態データをもとに始められました。植物系統分類については1960年代に Cronquist や Takhtajan がやはり形態データによって先鞭をつけましたが、広く研究されるようになったのは1980年代になってからです（Soltisら、2005、p. 22）。

この頃になると植物体内の含有成分やアイソザイムと呼ばれる、酵素の多型を分類に利用することも一般的になりました。Takhtajan (1997)の体系は植物全体の分類としては最も新しい研究の一つですが、やはりアルカロイド等の含有成分を積極的に利用しています。しかし、含有成分の場合はすべての植物に普遍的に利用できるものが少ない、またアイソザイムも利用できる酵素に限られる等の理由により系統分類研究の中心にはなり得ませんでした。ただし、現在でも種内個体群の多様性の研究等には用いられています。

1990年代になるとDNAを用いた様々な手法が一般化してきました。最初に使われたのがサザンハイブリダイゼーション法を用いたRFLP（制限断片長多型）です。これは、目的の植物のDNAを抽出後、制限酵素と呼ばれる特定の塩基配列を切断する酵素で切断し、その断片の長さによって系統を解析する手法です。塩基配列が制限酵素の認識する部分で変化した場合に得られる断片の長さが変わることを利用しています。この方法は再現性はよいのですが、操作が複雑であり、塩基配列のごく一部（制限酵素の認識配列は4から6塩基にすぎない）しか調べることができないため、塩基配列を直接読むことが簡単になった現在ではあまり用いられることはなくなりました。

K. Mullisによって1983年に発明され、1993年にはノーベル化学賞を受賞したPCR法（ポリメラーゼ連鎖反応）によりDNA研究は大きな変貌を遂げました。それまで、大腸菌等を利用して複雑な操作でしかできなかったDNAの分析が簡単な機械によって素早く分析できるようになったのです。それ以降、PCRを使った様々な実験手法が開発され続けています。特に注目すべきはDNAの塩基配列を読むためのコストが下がったことで、現在では花卉園芸学研究室でも塩基配列の分析ができるまでに普及しています。

さて、DNAの塩基配列が比較的簡単に分析できるようになると、これを分類に利用することが始まりました。ここで問題となるのが、数千万もある塩基配列のどこを比較すればいいのか、という点です。植物の場合、細胞の中の核、葉緑体、ミトコンドリアにDNAがそれぞれ存在していて、遺伝の仕方が違います。核DNAは両親から遺伝し、葉緑体とミトコンドリアは被子植物では一部の例外を除いて母親（胚珠親）から遺伝します。

塩基配列の変化の速さも異なり、葉緑体が最も遅く、核、ミトコンドリアの順に速くなります。変化が速いと類縁が遠い植物同士を比較するのが難しくなるため、葉緑体は属や科以上の系統を調べるのに利用され、核やミトコンドリアは属内や種内の個体群の系統の研究に使われます。また、それぞれのDNAの中でも変化の速い部分と遅い部分があり、目的にあった部分を調

べることで効率的な系統解析ができます。例えば、葉緑体のrbcLという遺伝子は変化が遅く、植物全体の系統解析にも利用されますが、trnDとtrnTという2つの遺伝子の間の領域は変化が速いため属内の系統解析に利用できます。

以上をまとめると、植物系統分類の研究にも形態や含有物質など様々なデータが使われますが、現在の主流はDNAの塩基配列であり、研究の目的とする系統樹の部分によって利用するDNAの種類が異なります。

系統樹の推定法

DNAのデータ等の情報が集まると、これをもとにして系統樹を推定します。ある2種の植物で共通な塩基配列があれば、これらの種は同じ植物から進化したものである可能性が高いといえます。原理的にはこれをもとにして、手で書くことも可能です。しかし、数千もの塩基配列ともなるとやはりコンピュータの力を利用することになります。

現在使われている系統樹の推定方法には距離行列法、最大節約法、最尤法の3種類があり、それぞれ利点と欠点があります。

距離行列法は以前から行われてきた多変量解析のクラスタ分析と似た方法です。データ中の2種を取り出し、そのデータの類似度を計算します。これをデータ中の全種の組み合わせで行い、距離行列を作ります。その後、様々な理論に従って近縁のもの同士を順につないでいき、全種の系統樹を計算します。この時使われる理論で最も一般的なものは近隣結合法(NJ法)と非加重結合法(UPGMA法)で、最近ではほとんどNJ法を使っています。距離行列法は計算が速いことが利点ですが、データの変化が少ない時に次の2法に比べて系統樹の詳細がわかりにくいことがあります。

最大節約法(MP法)は最初に仮の系統樹を作り、そこにデータを当てはめて、データの変化が最小になるように系統樹の枝を入れ替えていく方法です。順番に

枝の入れ替えを行いますので、計算に時間がかかるのが欠点です。しかし、コンピュータの能力向上と計算方法の改良によって、現在では系統解析の主流となっています。

最尤法(ML法)は確率分布の理論を元に、データから見て一番もっとうまい系統樹を選択する方法です。この方法を使うには塩基置換の種類ごとに重み付けをしたモデルを作る必要があるため、最大節約法に比べて理解しにくいことが欠点です。実は、私自身この理論は理解しておらず、未だにこの方法で系統解析したことがありません。しかし、この方法が現在のところ最も本当らしい系統樹を計算できるように、将来は最尤法が主流になっていくと思われます。

終りに

植物系統分類は植物学の中でも最もホットな分野の一つであり、今この瞬間にも新しいデータが出ています。新しい系統樹が発表されるたびに科や属が変わってしまい、うとうしいと思われる人もいますが、研究者の立場としてはその度に真理に近づいていく過程であり、知的好奇心が満たされる瞬間なのです。ただし、新しい系統樹が発表されるたびに分類群の名前が変わってしまうことは望ましいことではありませんので、これを是正するための新しい命名法も検討されています。これについてはまた別の場所で述べたいと思います。

【参考文献】

- Linnaeus. 1753. Species Plantarum.
- 中尾佐助. 2005. 中尾佐助著作集第V巻 分類の発想. 北海道大学出版会.
- Soltis, D.E., P.S. Soltis, P.K. Endress, M.W. Chase. 2005. Phylogeny and Evolution of Angiosperms. Sinauer Associates.
- Takhtajan, A. 1997. Diversity and Classification of Flowering Plants. Columbia University Press.