



第14回先導科学研究科 学術講演会

「DNAの配列が語る進化～遺伝情報をデジタルに扱う～」

生命共生体進化学専攻 助教 五條堀 淳

地球上の生息している生物は非常に多様である。これはそれぞれの生物が長い時間をかけて、それぞれの環境に適応するかたちで進化をした結果である事が考えられる。このような概念はダーウィンによって提唱されたが、それ以後生物の系統関係を表すのに進化学的背景を考慮し、実際に生物が経験して来た進化の歴史を反映させた系統樹を作成する事を生物学者が考えられるようになった。現在の生物学者の究極の目標の1つとして、全ての生物の系統関係を1つの系統樹で表す事があると言えよう。

生物の系統関係を考える時、直接的な証拠として化石が存在する。しかし全ての生物の祖先について、あるいは生命誕生の時から現在までのタイムスケールを広くカバーする形で化石が発見されている訳でない。したがって、多くの場合は現存する生物の特徴を比較し、どの生物とどの生物が系統的に近く、あるいは系統的に遠いのかを推定する必要がある。比較すべき特徴には、骨格や臓器の形等の形態学的特徴や、代謝できる毒物や生息に最適な温度などの生理学的特徴がある。これらの特徴は近縁な生物間では比較が可能であるが、そうでない場合に比較がほとんどできない場合がある。また本質的な問題として、形態学的特徴や生理学的特徴は進化のペースが一定ではなく、大きな形質の違いが短時間のうちに進化する事があり、平行進化や収斂進化で起こった形質に関して、同一起源のものと誤って推定される事もある。

これを解決するものとして、遺伝情報の比較という概念が誕生した。ここで言う遺伝情報とはDNAの塩基配列の事である。塩基配列とは単なる文字情報なので、塩基配列の違いは、塩基がいくつ違っているかという数字で（すなわちデジタルに）評価することが出来る。さらには塩基の違いと時間が比例する「分子時計」という概念を仮定する事で、生物が共通祖先より分岐した年代の推定も可能になる。

近年、全ゲノム塩基配列解読プロジェクトが多く存在するように、生物の遺伝情報の蓄積は非常に早いペースで行われているが、その成果は上記のように進化学に還元できる。本講演会では脊椎動物の進化を例にとり、遺伝情報を使った系統解析により得られた新たな知見を紹介する。