

植物防疫基礎講座：植物病原菌の分子系統樹—そのシステムと見方—細菌編(1)

総論：細菌における系統分類の発展と植物病原細菌

静岡大学農学部植物病理学研究室 瀧 川 雄 一

はじめに

昨年(2005年)の植物防疫において、植物病原菌類の系統分類に関する総説がシリーズとして企画掲載され、本年度にその続編として細菌編が企画された。本稿はその総論となるものである。当然、系統分類とは何か、類縁関係の計算方法、系統樹の作成方法、確からしさの検証方法などについて、コンピュータプログラムも含めて解説すべきなのであるが、そのようなことは既に昨年のシリーズの初回で高松先生によって詳しい解説がなされており、あえて重複して述べるようなことでもない。また、個別の、主に属・種レベルを中心とした具体的な系統分類関係については、気鋭の筆者の皆さんが本編に続いて詳細に解説をしていただく予定である。そこで、ここでは細菌における系統分類というものが真核生物におけるものと異なる点や、細菌全体の系統進化の様相とその中での植物病原細菌の位置付け、さらにその応用、注意点などについて述べたい。

なお、2005年に細菌学者待望の *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology 2nd ed. Vol. Two, Part A, B, C* (GARRITY et al., 2005) が出版された。Vol. Two はプロテオバクテリアについての巻で3分冊であり、最新の情報が網羅されている。十分に読み込んだわけではないが、植物病原細菌についての個別の記述には不完全な項目も散見されるので、一概に本書をいわゆる細菌学のバイブルとして扱うには躊躇するものである。しかし、今後の学界をリードするものであることは間違いない。特にPart A は分類についての総論集になっており、本稿の執筆に際しても多く参考にした。専門の方には特に原本を参照していただきたい。

I 細菌分類の歴史の中での系統分類の位置付け

アリストテレスの昔から、生物の分類は外見が異なるものを区別することから始まるが、細菌の場合にはもとより球菌と桿菌、鞭毛が極毛か周毛か、コロニーの色は

なにかといった程度の区別しかつけようがなかった。そのため、早くから形態以外の表現形質、いわゆる細菌学的性状や化学組成の分析、さらには遺伝的な情報に基づいた分類が取り入れられてきた。真核生物の進化学の分野での系統学あるいは系統分類は、初め形態などの表現形質の類似性に基づいて発展してきたものであるが、細菌の場合には系統進化の概念が明らかになってきたのは遺伝子の情報が蓄積するようになってからのことである。そのため系統分類 (Systematics)、系統学 (Phylogeny)、分子系統分類学 (Molecular systematics or Molecular phylogeny) といった真核生物の進化生物学においては、微妙に使用法が異なる用語がしばしば混用されている。いずれにせよ、細菌分類で系統的といえは遺伝子あるいはタンパクの情報に基づいた分類を指すと考えてよい。

II 系統樹の作成

遺伝情報を比較して生物間の類縁関係を明らかにするには大きく分けて三つのステップがあり、まず、比べる2種類の相互の情報間の類似度を求めること、次により類似しているものから順に並べるということになる。前者は相同性あるいは類似性を求めるということであり、そこから遺伝的距離をある仮定に基づいて計算する。次により類似するものを結合していくのだが、それにも近隣結合法やUPGMA法、最大節約法など複数の考え方があり、三つ目の段階として、その結果を系統樹として表現する。系統樹は類縁関係を視覚的に表す表現方法の一つで、2次元平面上に類似した生物同士を線で結んだ図形で表現する。さらに、そのもっともらしさについての検定を Bootstrap Value などの形で表して評価を行う。これらステップの個々の特徴などについてはここで解説するのは避け、高松(2005)の総説などを参照願いたい。

よく用いられる DDBJ のオンラインシステムなどで利用可能なプログラム CLUSTAL W では、アライメントから距離の計算、類似しているものの結合まで簡単に実行できる。さらに、TreeViewなどのソフトを使えば系統樹を簡単に作成することができ、理論などを全く知らなくても系統樹を得ることができるが、それぞれの計算の段階では特定の手法が選択されて計算が実行されて