関西自然保護機構会報 *20*（*2*）：*99－108, 1998*

分子生物学的手法は保全生物学研究になぜどのように有用か

福井県立大学生物資源学部　西　田　　睦

WHY AND HOW USEFUL ARE MOLECULAR TECHNIQUES FOR CONSERVATION BIOLOOGY RESEARCHES ?

Mutsumi NISHIDA *Department of Marine Bioscience, Faculty of Biotechnology, Fukui Prefectural University*

はじめに

いわゆる分子生物学的研究手法の発展は，とどまるところを知らないかのように続いており，細胞や個体の生命機能の分子メカニズムに関する研究は目覚しい勢いで進展している。ヒトゲノムの塩基配列情報をすべて解読しようというプロジェクトも，その達成目標を上方修正しつつ，つまりより早く完了する方向で推し進められている。ヒト以外の生物に関するゲノムプロジェクトも，次々に提案され，動き始めている。

ところで，自然保護，そしてそれに関わる保全生物学が相手にしているのは，主としてマクロな自然である。つまり，複数の血縁・非血縁個体であり，種個体群であり，さらにはそれらが相互に関係し合って形成する地域生物群集である。場合によっては，それにさらに物理化学的環境要素を含めた生態系である。こうしたマクロな自然を相手にしている保全生物学には，上記のような分子生物学的研究手法の発展やミクロな生命機能の研究の進展は無縁なのであろうか。

ここでは，“いや，無縁ではない”ということを論じたい。ミクロな生命機能に関する知見の深まりが保全生物学に間接的に影響するのは当然である。それらがいずれも全体として広い生物学・生命科学の枠組みの中に位置するからである。しかし，ここで述べようとするのはそうした間接的関係ではない。むしろ直接的な関係である。もっと具体的に言えば，分子生物学的研究手法の発展は，マクロな自然の理解を深める上できわめて有用な，最近まで全く考えられもしなかった研究の手がかりを与えてくれる，という点を取り上げてみたいのである。以下では，まず，1）分子生物学的研究手法とはどのようなもので，どのように発展してきているのかを見た上で，2）それは保全生物学のどの側面に，どのように有用であるかを，私たちの研究室の経験に立脚しながら論じてみたい。

分子生物学的手法とその発展

まず，分子生物学的手法とはどういうもので，なぜ重要なのか，そしてそれはどのように発展してきているのかについて概観してみよう。

遺伝子の発現・伝達システムとしての生命

近年の生命科学，とくに分子レベルの研究の発展は，この地球上の生物体がどのようなものであるかについての基本的な認識を提供した。それによれば，すべての生物は，いわば生命の設計図と

でも呼べる情報を，DNA という物質に遺伝子として格納している。そして，その情報をもとに個体を作り上げ，また，日常的な生命活動を担う種々のタンパク質や RNA を作り出すことによって，刻々を生きているわけである。したがって，さまざまな個体レベル・細胞レベルの生命現象のメカニズムを明らかにするためには，種々の遺伝子の発現がどのような仕方でコントロールされているのかを，分子のレベルで探求しようとする分子生物学的研究が盛んに行なわれることになる。

ところで，1 個の個体をつくり上げる大もとの DNA はどこから来たのだろうか。動物や植物などわれわれの目に留まる有性生殖生物においては，それは卵子と精子を通じて両親からである。両親のそれはというと祖父母からである。── という具合に考えると，いま生きている生命というものは，一回も途切れずに延々と DNA を伝達してきたものであるということが了解できよう。生物はすべて数十億年前の共通の祖先から派生してきたものであり，現在その減少が心配されている生物多様性とは，遺伝子の伝達経路の分岐と，伝達の過程での遺伝情報の変化とによって，歴史的にもたらされたものであることも了解されるのである。

遺伝学的視点の重要性

したがって，生物界を深く理解しようとするなら，その系統的成り立ちを究明する必要があるということも明らかになる。系統というのは遺伝子の伝達経路のことであるから，それの探求は遺伝子に残された変化を調べることによってもっとも有効に行なえるということも，容易に理解できよう。

また，個々の個体が孤立していては有性生殖生物は存続しえない。実際，通常は，同種個体は常に複数存在している。それらの各個体のもっている遺伝情報は少しずつ異なっている。それは，祖先遺伝子が複製されて子孫に伝えられる過程で，多少のコピーミス（突然変異）が起るからである。自然選択は生物個体群の内部に遺伝的変異が存在して始めて働き得るものである。したがって，個体群内部の遺伝的変異なしには，適応的変化を含めた進化は起こり得ないことになる。したがって，保全生物学にとって，生物個体群の遺伝的構造や遺伝的変異性を知ることはきわめて重要な事柄となる。

分子分析の意味

このように理解するならば，分子分析（とくに DNA ならびにその直接産物であるタンパク質の分析）が，なぜそんなに重要かは自ずと明らかであろう。それらが重要なのは，それらが遺伝的なものだからである。DNA は遺伝子そのものであり，その情報の直接産物がタンパク質であるから，これらの分析が遺伝的データをもっとも正確に入手する手段となるからである。以下にはこれに加えて，なお 3 点ばかりを述べておきたい。

第 1 に，分子分析手法は，どんな生物からも遺伝的データを得ることを可能にしたという点である。30 年ばかり前に分子分析手法が自然界の生物の研究に導入される前までは，遺伝的研究というのは，マウス，ショウジョウバエ，大腸菌などごく一部の実験生物以外では，ほとんど行ない得なかった。しかし今日では，われわれは分子的手法を用いることによって，実質上いかなる生物からも遺伝的データを入手することができるようになったのである。このことの保全生物学にとっての意義は大きいと言わざるを得ない。

第 2 に，分子的手法を用いることによって，われわれは個々の生物個体から莫大な遺伝的データを汲み取ることができるという点である。遺伝子である DNA の情報の構成単位は 4 種類の塩基（単位物質名の頭文字で表せば G, A, T, C）で，こ

れらが遺伝子のいわば文字である。多くの動物や植物の場合，数億から数十億もの塩基対がゲノムを構成している。ゲノムとは，1個の卵子ないし精子に含まれている1セットのDNAのことである。それには種々のタンパク質やRNAをコードする遺伝子が何万種類も存在している上に，直接には遺伝子をコードしていない部分もたくさんある。つまり，個々の個体はゲノムに莫大な遺伝情報を抱えている。分子的手法を用いることによって，必要とあらば，そして労力さえ厭わなければ，こうした莫大な情報の宝庫から，いくらでも情報を引き出すことができるのである。

第3に，分子データは，異なった生物間の比較において，個体群間の遺伝的分化程度や系統類縁関係，あるいは進化時間などに関する共通の尺度を提供することができる。これは，分子的変異の大部分は自然選択に対して有利でも不利でもない中立的なものであるためにもたらされる利点である。この進化的中立性のために，分子進化は比較的ランダムに進行することになる。ランダムである状態がある程度長く続くなら，遺伝的変異の蓄積は時間にほぼ比例することになり，遺伝的な差異の程度から個体群間あるいは生物間の分化してからの時間を推定することも可能となる（分子時計）。さらに，この自然選択における中立性は，集団構造解析などにとっても重要である。遺伝子頻度の機会的浮動は，数多くの集団遺伝学的モデルの前提の一つとなっているからである。

分子分析の方法

ここで，遺伝的情報を入手するための分子分析はどのようにして行うのかについて，少し述べておこう。さらに詳しく知りたい向きには，Hoy (1994), Ferraris and Palumbi (1996), Hillis et al. (1996), Hoelzel (1998)などの参照をお勧めする。また，保全生物学に関わる場合であっても，分子分析手法の基本は通常のミクロ生物学のそれと何ら違わないので，分析手法そのものについて詳しく知りたいという方は，最近では種々の分子生物学実験の手引書が出ているので，それらを参照なさるといいだろう。

(1) タンパク質分析

分子分析による遺伝的データは，主としてDNAおよびタンパク質から得られる。タンパク質は上述のように，DNA上にコードされている遺伝子の情報に基づいて合成される物質であり，そのアミノ酸配列に当該遺伝子の遺伝情報が直接反映している。したがって，その分析結果から，元の遺伝情報についてかなり正確に推測することが可能となる。タンパク質によっては生物体内にかなり多量に含まれているものものもあり，また酵素として触媒作用を有するものも多いが，これらの特質はこれらを検出・分析するのに有用である。このため，分子分析を用いて自然界の生物の集団や系統の研究を行なってきた初期の段階では，DNAよりもタンパク質が分析対象になった。

(2) DNA分析

一方，DNAはタンパク質に比べて生物体内における存在量は少ないが，タンパク質にはない重要な特徴を備えている。それは，遺伝物質としての安定性であり，さらに自己複製分子であるため，人為的に複製が可能であるということである。このことは，たとえ生物体内における存在量が少なくとも，DNAを含む試料が入手できれば，人為的な増幅後，その詳細をていねいに研究することが可能であるということを意味している。

1970年代には組み換えDNA手法が確立してDNAの人為的増幅を可能にしたが，それを自然界の生物の遺伝的分析（とくに保全生物学が必要とする多数の個体や種類の分析）に活用するのは実際的ではなく，そうした研究はほとんどなされることはなかった。なぜならば，この研究手法で

はあまりにも手間がかかり過ぎたからである。

1980年代後半に確立したポリメラーゼ連鎖反応（PCR）法は，こうした状況をいわば革命的に一新した。PCR法というのは，DNAの任意の領域を増幅する方法で，数時間のうちにその領域を何百万倍にも増幅する。これだけのDNAのクローン（コピー）があれば，その塩基配列を調べたり，より簡易な方法でその内部の変異を分析したりすることができる。また，必要とされる試料DNAは様々な状態の生物体試料から得ることができる。生鮮標本・冷凍標本はもとより，アルコール固定標本からでも，さらには乾燥標本からでもDNAを増幅可能である（残念ながら，フォルマリン固定標本からのDNA増幅については，これまでのところあまり思わしい結果が得られていないが）。さらに，その試料はごく微量でよい。たとえば，ヒトのDNAを調べるには，髪の毛1本があれば十分で，その毛根に付いている細胞から十分にその個体のDNAが増幅できるのである。

こうしたPCR法の特徴を聞けば，保全生物学研究にとって注目すべき種々の活用法が思い浮かぶであろう。たとえば，試料はごくわずかでいいのであるから，この手法を用いることによって生物個体を殺さずにDNA分析が可能となる。哺乳類や鳥類の抜け毛，爬虫類や両生類のマーキングのためにクリップした指，魚類のマーキングのためにカットした鰭や鱗，あるいはこれらの動物から得た少量の血液，などなどが十分試料となり得るのである。また，博物館標本など過去の標本試料も利用できる可能性がある。

(3) 種々の分子分析法

保全生物学研究に関連するような遺伝的情報を入手するために利用可能な分子分析法には種々のものがある。表1に，保全生物学研究に現在よく使用される方法，あるいは使用され得る方法をまとめた。

まずは，タンパク質レベルのものとしてアロザイム分析法がある。他にも免疫学的な手法やアミノ酸配列分析などタンパク質レベルの分析手法がいろいろと存在はするが，そのコストパフォーマンスの高さにおいてアロザイム分析法に匹敵する手法は見出しにくい。　酵素の多分子型をアイソザイムと呼ぶが，そのうちでとくに一つの遺伝子座内に異なった対立遺伝子が存在することよって生じる多分子型をアロザイムと呼ぶ。このアロザイムの分析による遺伝的解析が，1960年代末より盛んに自然集団の研究に用いられてきた。その結果，貴重な大量の情報データベースが蓄積されている。PCR法の普及によるDNAレベルの手法の広がりによって，最近ではやや影が薄くなったように見えるアロザイム分析法であるが，核ゲノムにおける遺伝的変異の概要を知る上での有用性は，いまだに決して低くはなっていないことに留意すべきである。

一方，DNAレベルの分析手法としては種々のものがある（表1）。遺伝情報の基本は塩基の並び方なので，塩基配列決定が事実上もっとも詳細なDNA分析法ということになる。当然それは常に特定のDNA領域が対象ということになる。塩基配列決定には，微量なDNA断片を検出するために，それに標識を付けることが不可欠である。以前は，その標識を主として放射性同位元素（RI）を用いて行っていたが，RIの使用には厳しい規則があるため，塩基配列決定実験にはこの制約があった。しかし，近年，蛍光物質などによる非RI標識法が普及し，さらにその読み取りを自動化した装置（DNAシーケンサー）も次々と開発されており，普通の実験室で塩基配列決定が行えるようになった。もっとも，こうした装置やそれに必要な試薬はまだまだ高価な点が困りものであるが。

あるDNA断片の内部に存在する塩基配列の変異を検出するより簡易な方法がいろいろと工夫さ

表1　保全生物学研究に用いられる主な分子分析手法.

分析手法	分析手法の通称の基となった英文表記
タンパク質レベル	
アロザイム分析	Allozyme analysis
DNA レベル	
非特定 DNA 領域の分析	
DNA フィンガープリント分析*1	DNA fingerprinting (Minisatellite DNA analysis)
RAPD 分析*2	Random amplified polymorphic DNA analysis
AFLP 分析*2	Amplified fragment length polymorphism analysis
特定 DNA 領域の分析	
RFLP 分析	Restriction fragment length polymorphism analysis
SSCP 分析	Single strand conformation polymorphism analysis
DGGE 分析	Denaturing gradient gel electrophoresis
TGGE 分析	Temperature gradient gel electrophoresis
SSOP-PCR 分析*2	PCR with a site specific oligonucleotide primer
塩基配列決定	Nucleotide sequencing
SINE 分析*2	Short interspersed element analysis
マイクロサテライト DNA 分析*2	Microsatellite DNA analysis

*1「DNA フィンガープリント分析」とは，広義には，多数のバンドパタンを同時に比較する RAPD 分析や AFLP 分析をも含み得るが，ここでは狭い意味で，最初にこう呼ばれたミニサテライト DNA 分析を指すものとして使用した.

*2　これらは PCR 法の利用が不可欠. これら以外でも DNA レベルの手法のほとんどは，PCR 法を活用すると便利である.

れている（表 1）。それらを用いて，存在するすべての変異を検出し特定することはできないが，場合によってはかなりの高感度で分析を進めることができる。問題とする DNA 領域の異同を検討することや，特定の変異の検出などが必要な場合，なにも塩基配列をすべて決定する必要はない。とくに，大量の試料について分析が必要な場合，これらの手法を適切に活用することとなる。

また，ゲノム全体の似かより具合をざっと比較するためには，いわゆる DNA 指紋法（DNA フィンガープリンティング）が用いられることも多い。この目的のためだけにでも，既にずいぶんと多様なアプローチが現在では可能となっている（表 1）。

(4) 2 タイプのゲノム

ところで，通常の真核生物には 2 タイプのゲノムが存在する。一つは核ゲノムであり，もう一つは細胞質ゲノムである。後者にはミトコンドリアゲノム（mtDNA）ならびに植物に固有の葉緑体ゲノムがある。

もちろん，真核生物個体の持つ遺伝情報の大部分は核ゲノムに存在する。したがって，それは遺伝情報の巨大な宝庫である。核ゲノムは通常，各個体に 2 セットずつ存在し，それには，上述のように何万という遺伝子が含まれている。それらの遺伝子以外にも，種々の発現調節部位や反復配列，偽遺伝子，転移要素などが，スペーサーと呼ばれるそれら以外の塩基配列の中に点在している。その上，タンパク質や RNA をコードする遺伝子の中にも，さまざまなレベルに重複したものがある。そして，これらは毎世代，減数分裂のたびに大幅に組み換えられる。核ゲノムはこのように著しく複雑である。

一方，細胞質ゲノム，とくに動物のミトコンドリア DNA（mtDNA）は，サイズ的にも核ゲノム

に比べて非常にコンパクトで，しかも1個体内に1セットが備わっているだけである。mtDNAには少数の限られた遺伝子が重複や余分なスペースなしに並んでいる。こうした単純明解さゆえに，mtDNAは保全生物学に関連する種々の事柄に関する研究のための遺伝標識源として活用されることが多い。通常の場合，mtDNAは卵の細胞質を通じて組み換えなしに母系遺伝するので，母系系統を追跡するのに好適な分析対象となる。

特別なことがない限り，母系系統は個体群全体ないし種全体の系統を代表していると見てよい。交雑によって個体群間・異種間でmtDNAが移動した場合，組み換えがないため，移動したmtDNAがそのまま移動先の個体群や種に残る可能性がある。このようなことが起こり得る可能性に留意する必要はあるが，このことは必ずしもmtDNA分析の弱点というわけではない。むしろ，交雑すると混合される核ゲノムの分析と併用することにより，核ゲノム分析だけからでは難しい過去に起こった交雑の検討ができる長所と見るのが至当であろう。

細胞内に存在するコピー数が核DNAに比べて著しく多い（2コピーに対し，数千ないし数万コピー）という点も，mtDNAの遺伝マーカー源としての重要な特徴である。このことは，ごく微量な試料や保存状態の悪い標本からもポリメラーゼ連鎖反応（PCR）法などを利用してDNAを復元しやすいということを意味している。したがってmtDNAをマーカーとすることによって，卵や仔稚魚を対象とした研究，鱗や鰭の断片を試料に個体を殺さずに行う研究，あるいは博物館資料や化石など過去の試料を用いる研究など，幅広い研究の展開を図りやすい。

分子分析の保全生物学への活用

DNAやタンパク質などの分子分析が，保全生物学のどのようなところに有用であるのかを次にみてみよう。ただし，ここで種々の研究例を整理・紹介する余裕はない。具体的な研究の現状を知りたい読者は，Avise (1994)，Avise and Hamrick (1995)，Smith and Wayne (1996) などを参照なさるとよいだろう。ここでは，残されたスペースで，できるだけ基本的・原理的なところを説明しようと思う。

個体識別・血縁分析

保全生物学研究においては，個体群内の特定の動物個体を識別できると好都合なことがある。また，特定の個体の親あるいは子どもを判定したいということもある。しかし，物理的な標識を付けにくい動物の場合，前者はふつう不可能に近い。また，交配，誕生，生育の全過程の継続的な観察ができない限り後者も知り得ないが，そうした継続的な観察自体がほとんど不可能な業である。ところが，上に述べたような分子生物学的分析手法によって，個体の持つ遺伝的な情報を読み取ることによって，これらを知ることが可能となる。

それは，同種の各個体間で，同じ遺伝子（もう少し一般的に言うと，ゲノムの相同部位）といえども必ずしも完全に同じであるとは限らず，むしろ少しずつ異なっていることに基づく。脊椎動物のゲノムでは，種内における塩基配列差はおおよそ0.5-2.0%であると推定されている。つまり塩基配列は50－200塩基に一つの割合で個体間で異なっている。このことはまた，同種内の平均的ゲノム間で，数百万箇所から数千万箇所もの塩基サイトに塩基の違いがあるということを意味する。有性生殖を行う真核生物の場合，ゲノムは配偶子をつくる際に毎回組み換えられるので，種々の変

異の新しい組み合せをもつゲノムが次々つくられることになる。こうした二つのゲノムによって形成される二倍体個体の有する遺伝的情報は，したがって同じ親の子どもであってもいずれもユニークなものとなっている。このため，個体やその血縁者の識別ができることになる。

上述のことより，個体識別や血縁分析のために用いられる分子分析手法としては，遺伝的変異をゲノム全体にわたって幅広く探れるものが有用であることが分かる。マルチローカス・プローブを用いたいわゆるDNAフィンガープリント法や，RAPD分析法，AFLP分析法など（表1）がそうした手法に当たり，これらは実際にこの目的に活用されている。また，数多くの多型的遺伝子座が利用できるなら，マイクロサテライト分析はこの目的にもたいへん有用な方法である。アロザイム分析も同様であるが，実際には，数多くの多型的遺伝子座が利用可能という条件をクリアしにくいことが多い。

個体群構造の解析

種がどのような空間的広がりの中でどのような個体群構造をもっているかを把握することは，言うまでもなく保全生物学における重要なポイントの一つである。

個々の個体群は，上述のようなさまざまなゲノムを有した個体から構成されているわけで，遺伝的視点から見れば，遺伝子プールということになる。それぞれの種の好適な生息場所は必ずしも連続しておらず，分布域の内部に複数の地域個体群としてパッチ状に生息していることが多い。その場合，地域個体群間の遺伝的な交流は大なり小なり制限されることになる。したがって，種というものは，遺伝的に見れば，いくつもの地理的な遺伝子プールによって構成されているわけである。こうした各個体群の遺伝子組成は，自然選択や遺伝的浮動によって，時間の経過とともに異なってくる。そして，個々の生物種の移動分散特性などと関連して，さまざまなレベルの個体群間分化，個体群構造が存在することになる。地域個体群の遺伝的組成は，その地域の環境特性に対応して歴史的に形成された適応的なものである面もあり，何を保護・保全の単位とするかなどについて考える際にたいへん重要なポイントとなる。

また，個体群の内部に保有される遺伝的変異量の推定も，保全生物学にとって看過できない事柄である。ひとつには上で述べたように，遺伝的変異なしには適応的進化は起こり得ないので，それは個体群の存続，少なくとも長期的な存続にとって重要であると一般に考えられている。もっとも，遺伝的変異性の高低が個体群の存続可能性に直接的に関係するかどうかは，今のところまだよく分かっていない。しかしながら，生息環境の悪化や過度の捕獲などによって個体数が急に少なくなった個体群では，必然的に近親交配の度が急速に高まり，近交弱勢によって構成員の適応度が低くなる，そうすると個体数はさらに減り……という悪循環の結果，その個体群が絶滅するという連鎖は，必ずしも杞憂とは言えない。したがって，近親交配が急速に進んでいるのかどうかなどを，遺伝的変異性の変化の面から個体群をモニタリングすることは，保全生物学にとって重要な課題であることは間違いないであろう。

個体群の構造の解析や遺伝的変異性の検討には，種々の分子分析法が適用可能であり，実際，さまざまな研究が推進されている。われわれの限られた研究経験（たとえば，Nishida, 1986; Nishida and Lucas, 1988; Katoh and Nishida, 1994; Miya and Nishida, 1997など）から言っても，こうした問題の研究において分子分析を用いなければ分からなかったであろうことがいかに数多くあったかが痛感される。

種識別

自然界には，形態的にたいへんよく似ていて，簡単には相互の区別が困難な種グループがある。また，成体では種の区別がつくが，幼体は区別がつかないというものも多い。あるいは，成体も幼体もある程度の区別はできるが，どの幼体がどの成体と同じ種なのかの対応がまだついていないということもある。自然保護を考えるには，こうした場合でも，種の正確な把握が不可欠である。

分子分析によって遺伝的解析を行うことにより，こうした問題の多くに解決の手がかりが得られる。いくら形態が似ていても，分化してからある程度の時間が経った種間であれば，検出可能な遺伝的分化が認められるのがふつうである。したがって，前もって，当該種と近縁種や同時に出現する他種についての遺伝的分析を行っておき，それらの特徴に関する遺伝情報のデータベースを作成しておけば，分子，とくにDNA分析によって，種の識別は比較的簡易に且つ正確に行える。また，小さな幼生であっても，そのゲノムには親と同様の，その種がもつ遺伝情報の一通りのセットが保有されている。それゆえ，遺伝的分析で容易に種の判定ができることになる。

こうした原理は，生物遺骸やその他の残存物の種識別という面でも威力を発揮する。たとえば，ワシントン条約に抵触するべっ甲の種識別，あるいは乾燥品や加工品となっている鯨肉の種判別などという試みが，PCR法を活用したDNA分析によってなされている。

系統解析

生物の系統関係を明らかにすることは，生物的自然界の歴史的成り立ちを理解する上で，根本的に重要である。それは生物分類体系を整備する上にも不可欠である。さらに，保全生物学において，系統の理解がとくに重要になる局面もあろう。たとえば，残せるものに限りがあるという厳しい状況下で自然保護方策を考えねばならない場合などである。

ともあれ，生物界全体から近縁種間，さらには種内まで，系統関係の推定に分子分析はきわめて有用である。その理由はすでに述べたところであるが，改めてポイントを要約すれば，次のように言えるであろう。現生する各系統は，過去から一度も途絶えずにその遺伝子の伝達を維持してきたものである。各生物に担われている遺伝情報は，その系統にのみ伝達され続けてきており，近縁生物と分かれて以来，独自の変異を蓄積しているはずのものである。したがって，そうした変異は，系統関係や系統が分化してからの進化的時間の推定に直接的に寄与する情報源となる。そうした遺伝情報の変異が，DNAなどの分子の分析によって解析できるというわけである。

従来，主として形態的形質を手がかりにして系統解析が行われてきた。そこで行なわれてきたことは，直接には形態的形質を扱ってはいたが，それによって遺伝子の異同あるいは差異の程度を推測していたのである。これを個々の研究者がはっきりと意識していたか否かは別問題である。いまだに，ときおり「分子も形態と同じく系統を推定するための形質の一つに過ぎない」という論を聞くことがある。もし，こうした意見が，実際の系統解析を進める際にはいずれの形質も同じような扱いをするという表面的なことを言っているのではないとするなら，それは誤っていると言わざるを得ない。それは，系統の中で実際に伝達されているものが何か，そして，遺伝情報－タンパク質－形態的表現型へという個体内での情報の流れなどに関するこの半世紀の生物学の成果を全く無視したものである。

もちろん，形態的形質の系統解析にとっての有効性が分子的形質に劣る（化石のようなものもあ

るので常にというわけではないが）からといって，形態分析の価値が低くなるということはない。たとえば，分類にとっては，形態形質の重要性は簡単には薄れないであろう。分子系統解析を有効に行なうためにも，まずは形態形質などによって正確な分類がなされていることが不可欠である。また，分子分析によって確からしい系統関係が明らかになってきたときに，それに立脚してはじめて諸形質の進化が検討できるようになるのであるから，そうした段階で，形態形質の分析は改めてたいへん重要になるであろうと考えられる。分子分析による系統解析が進んで，はじめて形態や生態，行動などの進化パタンが本格的に検討できる面白さを，われわれもつとに経験している（たとえば，Miya and Nishida, 1996; Nishida, 1997; Kitaura et al., 1998）。

おわりに

分子的手法の導入によって質の高い遺伝的分析が可能となり，保全生物学にたいへん有用なデータが供給できるようになったことは，上述のとおりである。こうした分子レベルの解析はたいへん強力であるし，また，必要とあらば，つぎつぎと詳細な分析をすることが可能である。ただし，そうしたデータが入手できたとしても，明らかにできないことも多々あることにも留意する必要がある。たとえば，ある個体群が近隣の個体群から孤立したものであるのかどうかを知ることが目的である場合，遺伝的分析だけからでは解答が得られない場合があり得る。たとえば，自然選択に中立的であると考えられる遺伝形質に質的な差異が見出されれば，解答はイエスとなるが，差異が見出されなかったとしても，それが直ちに解答がノーであることを意味しない。現在は孤立していても，ごく最近の分布拡大ないし遺伝的交流があったなら，そのような結果になることもあり得るからである。

このように，もちろんそれが有効な局面には眼りがあるが，分子分析が，これまで全く明らかにできなかった事柄に光を当てることによって，保全生物学のいくつかの分野で新たな進展があった。そしてさらに，上では述べなかった種々の側面に新しい展開が期待できることも確かである。ことに，分子分析とくにDNA分析の手法にはまだまだ新たな発展が続いており，それを保全生物学などマクロな生物学の研究に有効に導入することは，ますます大切になってきていると思われる。関心のある関係者は，そうした流れに目配りを怠らないことが必要である。だが，この分野の流れは速く，そのフォローは必ずしも容易ではないかもしれない。そこで，保全生物学分野における分子分析の拠点研究室のようなもの，それも共同利用が可能なものをいくつか構築していくことを考えるといいのかもしれない。それが実現するまでの間，われわれの研究室などがそのようなものとしての機能を多少なりとも果たすことができたらと考えている。

引用文献

Avise, J. C. 1994. Molecular Markers, Natural History and Evolution. Chapman & Hall, New York.

Avise, J. C. and J. L. Hamrick.（eds.）1995. Conservation Genetics: Case Histories from Nature. Chapman & Hall, New York.

Ferraris, J. D. and S. R. Palumbi.（eds.）1996. Molecular Zoology: Advances, Strategies, and Protocols. Wiley-Liss, New York.

Hillis, D. M., C. Moritz, and B. K. Mable.（eds.）1996. Molecular Systematics, 2nd ed.

Sinauer Associates, Sunderland.

Hoelzel, A. R. (ed.) 1998. Molecular Genetic Analysis of Populations: A Practical Approach, 2nd ed. Oxford Univ. Press, New York.

Hoy, M. A. 1994. Insect Molecular Genetics: An Introduction to Principles and Applications. Academic Press, San Diego.

Katoh, M. and M. Nishida. 1994. Biochemical and egg size evolution of freshwater fishes in the *Rhinogobius brunneus* complex (Pisces, Gobiidae) in Okinawa, Japan. Biol. J. Linn. Soc., 51: 325-335.

Kitaura, J., K. Wada, and M. Nishida. 1998. Molecular phylogeny and evolution of unique mud-using territorial behavior in ocypodid crabs (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae). Mol. Biol. Evol., 15: 626-637.

Miya, M. and M. Nishida. 1996. Molecular phylogenetic perspective on the evolution of the deep-sea fish genus *Cyclothone* (Stomiiformes: Gonostomatidae). Ichthyol. Res., 43: 375-389.

———— . ———— . 1997. Speciation in the open ocean. Nature, 389: 803-804.

Nishida, M. 1986. Geographic variation in the molecular, morphological and reproductive characters of the ayu *Plecoglossus altivelis* (Plecoglossidae) in the Japan-Ryukyu Archipelago. Japan. J. Ichthyol., 33: 232-248.

———— . 1997. Phylogenetic relationships and evolution of Tanganyikan cichlids: A molecular perspective. In "Fish Communities in Lake Tanganyika" (eds.) Kawanabe, H., M. Hori, and M. Nagoshi, Kyoto Univ. Press. pp.3-23.

———— . and J. S. Lucas. 1988. Genetic differences between geographic populations of the Crown-of-thorns starfish throughout the Pacific region. Mar. Biol., 98: 359-368.

Smith, T. B. and R. K. Wayne. (eds.) 1996. Molecular Genetic Approaches in Conservation. Oxford Univ. Press. New York.