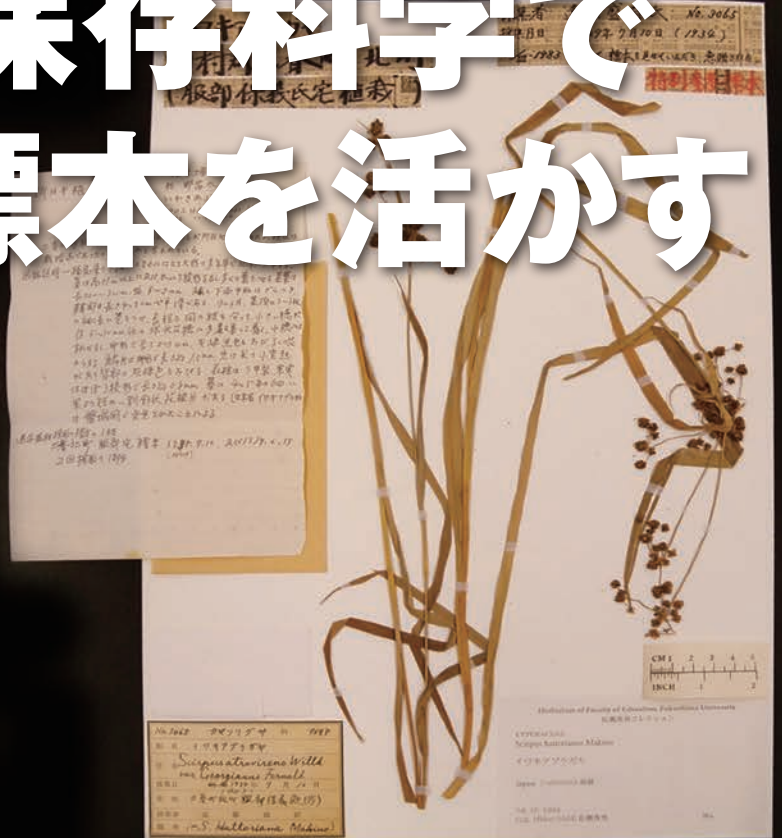




特集

DNAと保存科学で 生物標本を活かす



新連載

真実を見抜く技術!

知っていることを暴く!? ポリグラフ検査でわかること



「milsil(ミルシル)」について
「milsil(ミルシル)」の「mil(ミル)」は「見てみる」「聞いてみる」「やってみる」の「ミル」。そのような「ミル」から、新たな、そして豊かな「sil(シル=知る)」が得られるでしょう。この雑誌とともに、皆様が楽しい「ミルシル」体験をされることを願っています。

C O N T E N T S

3 【特集】DNAと保存科学で生物標本を活かす

3 博物館の生物標本の意義とさらなる活用

長太 伸章 (国立科学博物館標本資料センター特定研究員)

細矢 剛 (国立科学博物館植物研究部菌類・藻類研究グループ長 / 標本資料センター副コレクションディレクター)

6 標本のDNA解析と保存科学

長太 伸章 (国立科学博物館標本資料センター特定研究員)

8 絶滅種ニホンカワウソの系統関係

— 博物館標本から調べられること

和久 大介 (東京農業大学農学部野生動物学研究室嘱託助教)

11 絶滅種？ 外来種？ 80年前の標本から
イワキアブラガヤの由来を探る

兼子 伸吾 (福島大学共生システム理工学類准教授)

14 標本から見えた草地性チョウ類の盛衰

中濱 直之 (東京大学大学院総合文化研究科 日本学術振興会特別研究員PD)

17 Focus 科学者の探究心にせまる

短い年月の間に起こる生き物の進化を検証！

基礎学問の研究成果を農業の現場で役立てる

深野 祐也 (東京大学大学院農学生命科学研究科附属生態調和農学機構助教)

20 標本の世界

小さな化石が語る地球の気候変動

久保田 好美 (国立科学博物館地学研究部環境変動史研究グループ研究員)

22 真実を見抜く技術！ 第1回

知っていることを暴く!? ポリグラフ検査でわかること

小川 時洋 (科学警察研究所法科学第四部情報科学第一研究室長) 取材協力

松田 いづみ (科学警察研究所法科学第四部情報科学第一研究室主任研究官) 取材協力

26 親子で遊ぼう！ 科学冒険隊

#67 バランス ～重心って何だろう？～

小島 俊介 (ワークショッププロデューサー) 監修

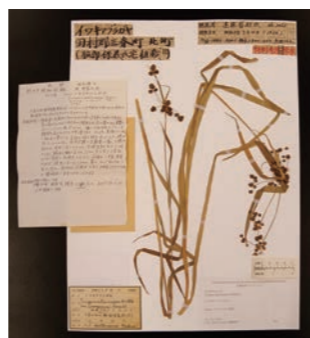
30 DNAを知る 最終回

DNAの変化と生物の進化 ～DNAと生き物の進化、そして環境とのかかわり～

32 NEWS & TOPICS

世界の科学ニュース & おもしろニュースを10分で

34 milsilカフェ / 編集後記 / 定期購読のお知らせ / 次号予告



イワキアブラガヤの発見者である服部保義が、1934年に栽培していた個体から作成した標本(福島大学附属図書館貴重資料保管室所蔵)。1925年に採取され、1939年に降に絶滅。80年前の標本のDNAから、北米からの移入種であったこと、なかでも近縁種と交雑した系統であったことなどがわかりました。

写真提供: 黒沢高秀



表紙写真

DNAなどさまざまな情報の活用が進んでいる収蔵標本群。左上: タダマイマイ (国立科学博物館収蔵標本)。右上: オガサワラヨシノボリ (国立科学博物館収蔵標本)。中央左: コヒョウモンモドキ成虫 (写真提供: 中濱直之)。中央右: イワキアブラガヤ (上部参照)。下: ニホンカワウソ (高知県のいち動物公園所蔵)。

次号より milsil の誌面をリニューアル！

- 文字サイズを見直して読みやすくします。
- イラストや写真などを効果的に活用し、さまざまな科学情報をよりわかりやすく紹介します。
- 特集の冒頭には、特集テーマの概説や基礎知識の解説を盛り込みます。

特集

DNAと保存科学で 生物標本を活かす

博物館には膨大な生物標本が収蔵されています。近年、この生物標本のDNA解析が行われるようになり、さまざまな研究が進んでいます。この特集では、標本のDNA解析に対する標本の安定的な保管や、さらなる活用をめざす保存科学の役割と、標本のDNA解析によって何がわかるのかについて紹介します。

博物館の生物標本の意義とさらなる活用

博物館に収蔵されている生物の標本はその生物の存在の物的証拠となるだけでなく、従来と違う観点で再利用することによって、新たな情報を引き出すことができます。したがって、標本の情報を維持したままいつまでも保管していくことが博物館の重要な役割の一つです。さらに、最近の技術の発達に伴ってより多くの情報が利用できるようになってきました。

標本がもっている価値

国立科学博物館の収蔵品の多くは生物の標本が占めています。ではその標本がもっている価値とは何でしょうか？ まず、標本からは生物の形という情報がわかります。植物や動物などの生物標本だけではなく化石や岩石などの標本でも、多くの場合、形がわかることによってその標本が何の種か、あるいはどの部位であるかを知ることができます。なかにはこれまで知られている標本とは特徴が一致せず、新種であることがわかることもあります。形といっても肉眼で見えるものだけではありません。光学顕微鏡や電子顕微鏡を使うことでやっと見えるような微細な構造や、切片をつくって解析する結晶構造なども重要な形質情報です。

次に、標本がもつ重要な情報として標本のラベルがあります。ラベルにはその標本が得られた場所や日時、採集者などが書かれています。これによって、ある地域にどんな生物が分布している、どのような地質であるかといったことを知ることができます。また、なかなか調査することができない場所でもどんな生物がいたかを知ることができますし(図1)、恐竜やニホンオオカミのような絶滅した生物がどこにいつまでいたのかも知ることができます。これらの標本は新たに得ることが難しいため、すでに存在する標本がもっている情報は特に貴重なものです。

このように標本は非常に多くの情報をもっており、その情報こそが標本の重要な価値の一つです。これらの情報は、生物の種や岩石の種類などを区別し体系的にまとめていく分類



文・写真
長太 伸章 ながた のぶあき

国立科学博物館標本資料センター特定研究員

2008年京都大学大学院理学研究科博士課程修了。博士(理学)。京都大学研究員、東北大学GCOE助教などを経て、2015年より現職。保存科学のうち標本の保管法や標本DNAの解析法などの研究を行っている。



文・写真
細矢 剛 ほそや つよし

国立科学博物館植物研究部菌類・藻類研究グループ長 / 標本資料センター副コレクションディレクター

1988年筑波大学大学院生物科学研究所中退。博士(理学)。製薬会社の研究員を経て2004年より国立科学博物館植物研究部。現在、菌類・藻類研究グループ長、兼標本資料センター副コレクションディレクター。専門は菌類学だが、自然史標本の情報発信に関する活動も行っている。

学だけではなく、進化学や生態学、古生物学や地質学などを含む生物学や地球科学などの多くの科学分野で研究の根幹を支える重要な情報として活用されています。

標本に眠っている情報と標本の保管

標本に眠っている情報をすべて取り出すことができればより多くの研究が進みます。しかし、博物館に収蔵されているあらゆる標本から、必ずしもすべての情報が取り出せるかというところではありません。標本は長期にわたって保管できるよ



図1 タダマイマイ *Satsuma tadaï*
沖縄の尖閣諸島の固有種。尖閣諸島は複雑な事情により40年以上調査がされていないが、この標本によって過去には尖閣諸島にいたという情報が得られる。現在の尖閣諸島は環境が悪化していると考えられており、絶滅のおそれがあるとしてレッドデータブックにも掲載されている。国立科学博物館収蔵標本。



図2 オガサワラヨシノボリ *Rhinogobius ogasawaraensis*
 a: 採集し標本作製後すぐに撮影したもの。b: 70%エタノールに浸けて1年間、25℃の標本庫で保管した後に撮影したもの。軟らかいひれなどを含めて形はしっかり維持されているが、頭部の赤色がまぼろしくなっているなど、色彩に関しては多くの情報が失われている。しかし、aの標本作製後すぐのデジタル画像があるため、実際に近い色彩の情報が維持されている。国立科学博物館収蔵標本。

うにさまざまな処理をしますが、残念ながらその過程で失われていく情報もあるのです。たとえば、生物の標本は形を残していくために乾燥させたりエタノールやホルマリンなどの保存液の中に入れてたりして保管しますが、現在の技術では生きている当時の色彩をそのまま残した標本を作ることは多くの生物で困難です(図2)。さらに、標本を保管している際の温度や湿度、標本を展示する際の照明などが、標本の色彩が失われてしまう原因になる場合もあります。ですから、今後は失われる情報が最小限にとどめられるようにしつつ、標本を将来にわたって維持する工夫が必要です。このように標本や標本のもつ情報がどのような条件で失われていくのか、それを防ぐにはどうしたらよいかを明らかにするのが「保存科学」です。その成果を利用して、たとえば、保存液の成分の変更といった保管方法の改良や、標本の殺菌や殺虫剤の成分や 散布回数 の調整、UVカットガラスなどの活用、標本庫の耐震補強や管理温度の変更などさまざま対策が取られるようになり、より良い状態で標本を保管する努力がなされています。

また、標本のなかには切断や粉碎、解剖といった破壊を伴う解析をしないと取り出せない情報もあります。この場合は標本にダメージを与えることになるため、すべての標本で行えるわけではありません。博物館では標本の貴重性や、得られる情報のメリットと標本を破壊するデメリットを詳細に検討して解析するかどうかを慎重に判断して調査しています。

標本からさらに情報を取り出す

標本から情報を得られるのは標本を作った時や博物館に収

蔵した時だけではありません。古い標本でも、当時は使うことのできなかった技術やその後に発展した技術を使うことによって、新たに多くの情報を得ることができます。そのため、博物館や大学などの研究機関ではさまざまな機械を導入して古い標本からも情報の収集が進められています。また、新しい標本でも最新の技術を取り入れることでより多くの情報を記録することができるようになっています。たとえばデジタルカメラなどのデジタル技術の発達によって、新しい状態の標本を撮影しておくことで標本の色彩をしっかりと記録できるようになりました(図2)。また、顕微鏡の発明と性能向上によって、肉眼では見ることのできなかった微細な形を調べることができるようになりました。より細かく見ていくため、 10^{-6}mm (1nm) 程度の大きさでも調べることのできる電子顕微鏡も標本の調査に使われるようになりました。さらに、標本を破壊せずに標本の内部を調べるため、X線によるレントゲンやCTスキャン(コンピュータ断層撮影)も使われています。これによって化石や骨格標本の内部の構造、岩石に含まれている化石や、その化石の内部構造まで調べることができます。最近では機械の性能が上がり、非常に小さい標本の内部まで解析できるようになりつつあります。また3Dスキャンやこの情報を基にした3Dプリンターによる複製標本などで骨格の機能などの情報を取り出すことも行われています。このように、博物館などでは最新の技術を取り入れつつ標本の保管と標本のもつ情報の利用の両立を図っています。これらで得られた情報のなかには、生物が持っている機能を産業に活かすバイオミメティクス(生物模倣技術)にも利用されているものがあります。

標本のもつ情報を最大限に活かす

これまで説明してきたように標本は一つ一つが多くの情報をもっていますが、複数の標本の情報を集めることでさらに重要な情報を得ることができます。特に生物多様性を考えるうえではそれぞれの標本の情報を大量に統合することで、地球規模の生物多様性や、環境変化などについて研究することが進められています。そのため、博物館に収蔵されている膨大な標本資料をデータベース化することが、国立科学博物館(標本・資料統合データベース、<http://db.kahaku.go.jp/webmuseum/>)だけではなく、日本(サイエンスミュージアム ネット、<http://science-net.kahaku.go.jp/>)や世界中の標本[GBIF(Global Biodiversity Information Facility)、<https://www.gbif.org/>]で進んでいます。集積された標本情報を使うことで、たとえば絶滅した生物がどのように分布が狭くなり最後はどこにいたのか、といったことも明らかにできます。また、近年では地球温暖化などの大規模な環境変化によって生物の分布が急速に変化しています。

これも、標本が得られた時代や場所のデータを積み上げていき、現在と比較することで調べることができます。

さらに、20世紀の後半から生物の遺伝情報であるDNAを調べることが可能になってきました。DNAは非常に多くの情報をもっているため、特徴的な形質をもつ種がどの種に近いのかや、生物の進化過程などについて強力に研究を進めることができます。これまでは採集してきてすぐの新しい標本を使うことがほとんどでしたが、最近では遺跡から出土した標本や博物館などで保管されてきた古い標本のDNAを解析することで、日本人の起源など人類の歴史の解明^{1,2}や、飛べないハト目の1種であるドードーなどの絶滅してしまった種の系統の解明³などが行われています。博物館には日本だけではなく世界中から集められた膨大な標本やさまざまな時代の標本があるため、博物館の標本のDNAを解析することに

よってさらに新しく興味深い情報が得られると期待されています。そして複数の標本がもつ形態や時代、場所、DNAなどの情報に加えて、温度や日照時間、高度などの環境データも統合的に解析し、生命現象そのものをより深く理解しようとする“ミュゼオミクス”という考え方も広がりつつあります。

過去に戻ることはできません。過去から集積された標本は、過去の情報を記録したタイムカプセルとして機能しています。そして、新しい技術がそこから新しい情報を引き出しています。博物館は、過去の生物の壮大な歴史を保存する資源庫でもあるのです。

【参考文献】

1. Kanzawa-Kiriyama, H. *et al.* : Journal of Human Genetics, 62, 213-221 (2017)
2. Prüfer, K. *et al.* : Nature, 505, 43-49 (2014)
3. Soares, A.E.R. *et al.* : BMC Evolutionary Biology, 16, 230 (2016)

DNAを解析する方法

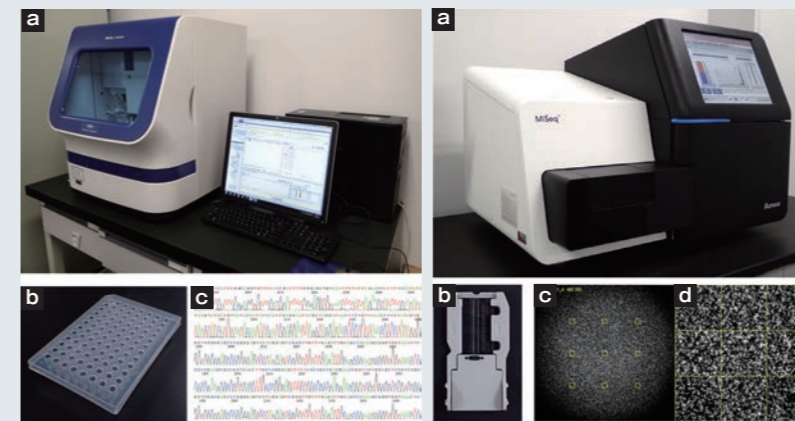


図1 サンガーシーケンサーの例

a: 国立科学博物館にあるサンガーシーケンサー。b: サンプルを入れる96穴の容器。この機械では24サンプルを一度に処理し、96サンプルを4時間程度で解析する。c: 結果の例。ATGCの塩基が色分けされた波形で検出され、これを基に塩基配列を決定する。

図2 次世代シーケンサーの例

a: 国立科学博物館にある次世代シーケンサー。b: 解析に使う部品。ガラス部の中央に流路があり、この中でDNAを解析する。c: 解析画像の一部。d: その拡大。一つ一つの光点がそれぞれ別のDNAになっている。このように無数のDNAを一度に解析することができる。

サンガーシーケンサーが普及したことによって、さまざまな生物のDNAを調べることが可能になりました。この方法では、プライマー(ゲノムの特定の場所を指定する、人工的に合成した短いDNA)と酵素を用いて、2つのプライマーの間のDNAを増幅するPCR(Polymerase Chain Reaction、DNA合成酵素連鎖反応法)という方法と一緒に使われることがほとんどです。一般的な機械ではゲノムのうちの約1000塩基の配列を同時に最大96個決定することができます(図1)。イメージとしてはPCRによって、ゲノムという膨大な文書の中から索引に従って特定のページの文字列を調べる、という感じでしょうか。

ところが1990年代後半から新しい塩基配列決定法の開発が進み、21世紀に入ると次世代シーケンサーとよばれる超並列型のシーケン

生物標本のDNA解析からわかること

DNAは4種類の塩基が非常に多く並んで構成されており(ヒトでは約30億塩基を2セットもっています)、そのなかでは3つの塩基の並び(配列)が1つのアミノ酸を指定し、DNAで指定されたさまざまなアミノ酸がつながることで多様なタンパク質がつくられていきます。そのため、生物のゲノムはいわば4種類の文字で書かれた膨大な文書であるといえます。多くの場合、DNAを調べるということは、この文書の一部またはすべての文字の並び、すなわち塩基配列(シーケンス)を決定することを意味します。塩基配列の決定は1980年のノーベル化学賞の授賞対象となったサンガー法によって大きく進み、この原理を利用した

サーが次々と実用化され普及してきました。2018年現在よく使われている機械(図2)では約150塩基から600塩基の配列を2500万個決定することができ、大きな機械では約300塩基を10億個以上も決定することができます。これらの機械ではDNAを短い断片にし、それを網羅的に解析して高性能パソコンやスーパーコンピュータで長い配列を決定していきます。イメージとしてはゲノムという文書を丸ごとシュレッダーにかけて、その破片を片っ端から調べて元の文章を明らかにするという感じでしょうか。これらのDNAの塩基配列の決定については本誌「milsil」の通巻64号(2018年7月1日発行)の連載「DNAを知る」第4回で詳しく紹介されています。