

伊藤 希 (Nozomi Ytow) 生物科学系 講師

Tel:  
 Fax:  
 E-mail: nozomi AT biol.tsukuba.ac.jp  
 URL: http://www.nomencurator.org/

研究室: 生物農林学系棟 B811  
 実験室: 遺伝子実験センター  
 訪問についての注意等: 海外渡航等により不在がちなので  
 必ず事前連絡の事

生物学類担当授業科目 基礎生物学実験、生物学特講 XV  
 研究領域 生命基礎論としての生物物理学、生物多様性  
 情報学、生物情報学一般

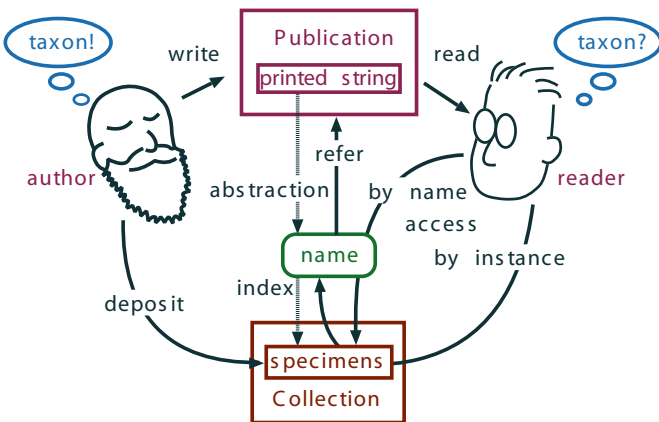
研究テーマ

分類体系非依存な分類情報構造の研究 / 天然環境からの核酸抽出に基づく微生物群集構造解析

研究概要

分類体系非依存な分類情報構造の研究

「生物多様性」という語は既にマスコミにすら登場する様になっているが、その具体的意味は文脈によりさまざまである。そこに共通しているのは、「いろいろないきものがある」という事である（おそらく同時存在的という条件が含意されていよう）。ここには「いきものとは何か、いろいろな、という区別にもかかわらず共通して生物と括るのはなぜか」という生物学にとって本質的な問いが含まれている。生物は内包的にも外延的にも定義され得るが、内包的定義は多様性の前にいささか力不足である。一方、外延的定義は生物種（あるいは個体）の列挙によって行なわれるが、1 ないし 10% という未知種の推定値に対する既知種の割合を考えると、我々の知識はまだ不十分であるといわざるを得ない。しかし、不十分とはいえ、その背後に生物を生物として認識するある共通構造が示されている筈である。



一方、絶滅危惧種、移入種、遺伝子組換え生物に対する危惧を主たる動機づけとして、生物多様性にかかわる社会的要請と学術的要請の交点として生物多様性データベースの必要性が高まってきている。こうしたデータベースの構築に向けた具体的な活動も始まっており、たとえば GBIF (Global Biodiversity Informatics Facility、地球規模生物多様性情報機構 <http://www.gbif.org/>) はそのひとつである。「どんないきものがどこにいる/いたのか」というデータが生物多様性データベースの基本的なデータとなる。生物学的なデータベースというゲノムプロジェクトなどについて目を奪

われがちであるが、これらのプロジェクトが対象としているのは我々にとって有用な、ヒトを含めたごく限られた生物種だけである。リボゾーム遺伝子などの特定の遺伝子についてはさまざまな生物個体から得られた塩基配列データが蓄積されつつあるが、その基礎となる生物種の同定については必ずしも適切に行われているとは言えない。これは、主として分類学的知見が参照しやすい形で得られないことに起因する。

生物多様性データベースの重要な構成要素のひとつに学名データベースがあるが、この実現はみかけ程単純ではない。特に大きな問題となるのが、複数の分類体系が存在するという事である。複数分類体系の存在は、上記したように生物分類学が発展しつつある学問分野である以上不可避のことである。仮に現時点で最も広く受け入れられているであろう分類体系を採用したとしても、データと新知見の蓄積に伴って別の分類体系が採用される可能性が大いにあるので、複数の分類体系を許容する、それ自体は分類体系に依存しないデータベースシステムが必要である。その上で、データベース内に蓄積されているデータを、さまざまな分類体系に投射して表現する必要がある。このようなシステムの実現には、複数分類体系の取扱に習熟した分類学者がどの様に体系を把握しているかを理解した上でデータ構造を定義する必要があり、また分類学者を支援するシステムが構築できるかどうかでその理解が適切であるかどうかを検証できる。そこで、分類学支援システムとして実用可能な分類体系非依存な分類データベースおよび複数分類体系の比較表示システムの実装による検証を行ないつつ、分類体系非依存なデータベース構造の設計を行なっている。こうして得られる知見は、生物の分類のみならず分類一般に応用可能であり、またコンピュータサイエンスで言われる「オントロジー」の生成にも有用であろう。

