

植物防疫基礎講座

分子系統学：最近の進歩と今後の展望

農業環境技術研究所 ^み三 ^{なか}中 ^{のぶ}信 ^{ひろ}宏

はじめに

近代進化学の礎を築いた Charles Darwin (1809 ~ 82) は、今年 2009 年に生誕 200 年を迎える。同時に、彼の主著『種の起源』(1859) が出版されて 150 年目でもある。記念すべきこの年を祝祭する行事は、国内外にわたっていくつも企画されている。地球上の生物の系統類縁関係の究明は、現代進化学の中で中心的な意義を担っている。とりわけ、十分に信頼できる系統樹をデータに基づいて、いかにして推定するかは進化学者が長年にわたって取り組んできた課題である。DNA やアミノ酸の配列データや構造データが多くの系統学的情報をもつという認識が、昨今の分子系統学の隆盛につながっていることはもちろんである。

しかし、データがありさえすれば真の系統樹が導けるわけではない。我々系統樹ユーザーは、どのような方法論が系統推定の背後にあり、いかなる推論様式が系統樹の構築を可能にしているのかについての理解を深める必要があるだろう。系統樹を復元するとは、過去の地球において生じた進化的事象の連なりを、現時点で入手できるデータに基づいて推論することにほかならない。しかし、進化学や系統学では、研究対象を直接的に観察したり、反復して実験するという、典型的な自然科学のプロトコルが実行できない。これは実験系科学にはない特徴である。

Darwin はその生涯をかけて、生物の進化史がまっとうな科学的研究の対象であることを主張し続けた。祝祭年に当たって、現代に生きる我々はこの点をいまいちど肝に銘じたい。つまり、進化系統学とは歴史科学的な性格を有する特殊な自然科学であるということだ。19 世紀イングランドの思想家 William Whewell の学問分類に従えば、系統推定論はまちがいに歴史的因果を研究する古因科学 (palaeontological sciences) の一つに含まれるだろう。また、現代の歴史哲学では、歴史言語学や比較文献学とともに、進化生物学は歴史叙述的科学 (his-

toriographic sciences) と総称されることもある。人文科学と自然科学の壁を越えて「歴史科学」は連携しはじめている。

かつては、狭い意味での分類学者か一部の形態学者しか系統樹を扱わなかった。しかし、分子データが広範に利用できる今では、系統樹ユーザーの裾野はどんどん広がっていて、進化生態学・発生生物学・生物地理学・集団遺伝学等生物科学のほとんどの研究領域の雑誌に系統樹が登場するようになった。とりわけ、安価で高性能なコンピュータが広く普及し、系統推定のための使いやすいソフトウェアを誰もが利用できるようになった現在、賢明なるユーザーとして系統樹を読み書きするためのリテラシーをきちんと身につける必要がますます高まっている。

2005 年に本誌では高松進が「分子系統学の基礎」と題する総説記事を書き (高松, 2005), 系統推定論の新しい手法群についてのレビューをした。本稿ではそれ以降の分子系統学の方法論的進展を視野に置きながら、今後の展開について論じたい。なお、末尾の参考文献リストには、主として過去数年間に公刊された文献のうち、分子系統樹の推定法を解説したもの、あるいは生物体系学全般にわたる方法論や哲学を論じたものを挙げたので参考にしていただきたい。

I ことばとしての系統樹

系統樹は、系統関係を表現するためのことばである。そこで、まず初めに、どのような構造をもつことばであるかを知ることが、系統樹リテラシーを身につける第一歩だろう。図-1 に示したのは、典型的な系統樹の二型

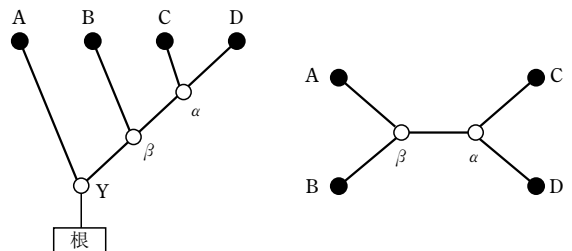


図-1 有根系統樹と無根系統樹

Recent Advances in Molecular Phylogenetics. By Nobuhiro MINAKA

(キーワード: 分子進化, 系統樹, アブダクション, 統計学, 計算機科学)

である有根系統樹 (rooted tree: 左側) と無根系統樹 (unrooted tree: 右側) である。有根系統樹の枝の末端に位置する黒丸 (●) で示された端点 (terminal node) は実在する生物個体を表し、そこには観察された形質情報 (例えば分子配列データ) が付与される。一方、枝の分岐点に位置する白丸 (○) で示される内点 (internal node) は仮想共通祖先を表し、その形質状態は端点の観察された形質状態から推定される。

有根系統樹の枝は仮想祖先と実在子孫とを結び付ける由来関係を表すと考えてもよいが、祖先はあくまでも仮想的にすぎないので、むしろ、ある共通祖先に由来する複数の実在子孫が互いに姉妹関係 (単系統群) にあることを表示しているとみなしたほうがよい。というのも、系統推定の結果によってはある枝の長さがゼロとなり、見かけ上、端点どうしが枝で結ばれることがある。しかし、それはあくまでも与えられたデータのもとでは、その枝の上で形質変化がないなどの理由により枝長がゼロになったのであり、一方の端点が他方の端点と直接的な祖先子孫関係で結ばれているわけではないからだ。

有根系統樹の根 (root) は、外群 (outgroup) によって設定されることがほとんどである。この根を除去すると、有根系統樹は無根系統樹に変換される。ある有根系統樹はただ一つの無根系統樹に変換されるが、ある無根系統樹のどの枝に根を付けるかによって複数の有根系統樹が派生する。無根系統樹の内部枝は端点集合の分割 (partition) を表示している。すなわち、ある内部枝を除去することにより、端点集合は2分割される。

最近の系統推定ソフトウェアは、例えば MacClade, TreeView, FigTree のように、様々なスタイルの系統樹を描画することができる。しかし、描き方を変更したからといって、系統樹がことばとして伝える情報が変わるわけではない。むしろ、系統推定法ごとに系統樹の点や枝のもつ意味が異なることがあるということを知るべきだろう。

II アブダクションとしての系統推定

DARWIN の『種の起源』は、その出版の翌年 1860 年には早くもドイツ語訳が出版された。その翻訳者である Heinrich G. BRONN (1800 ~ 62) は、当時のドイツでは有名な古生物学者だった。彼の死後、この国の進化学を推進したのは Ernst HAECKEL (1834 ~ 1919) だった。彼の最初の著作『生物の一般形態学 (Generelle Morphologie der Organismen)』(1865) は、当時のダーウィン進化論に依拠しつつ、地球上の動植物すべてにわたる壮大な系統樹が折込み図版としてはさみ込まれてい

た。しかし、生物多様性とその進化に関する当時の知見は現在とは比べものにならないほど乏しかったので、HAECKEL の系統樹は想像と憶測の産物であるとのちに避難されるようになった。

しかし、系統推定とはそもそも「真実」の系統樹を発見することを目的とはしていない。我々は、データから結論にいたる論証様式といえば、演繹 (deduction) かあるいは帰納 (induction) しか思い浮かばないことが多い。いずれも、特定の仮説の真偽の証明を目指す論証様式である。しかし、系統推定における論証は演繹でも帰納でもない。それは、19 世紀アメリカの哲学者 Charles S. PEIRCE (1839 ~ 1914) が提唱したアブダクション (abduction) が最もふさわしいだろう。

アブダクションとは「最良の説明への推論」と呼ばれることもあるように、与えられたデータのもとで対立仮説群の間で説明のよしあしを比較したうえで、ベストの仮説を選ぶという論証様式である。アブダクションによる推論では、選ばれた仮説の真偽は問題ではない。あくまでもその時点で得られたデータのもとで、いずれの仮説が最良であるかだけを論じる。第三の推論様式としてのこのアブダクションは、データがもつ証拠としての意味を重視し、データが対立仮説それぞれに対して相対的に与える支持の程度を比較検討する。

端点が n 個あるとき異なる樹形の二分岐的有根系統樹の総数は、奇数の積 $1 \times 3 \times \dots \times (2n - 3)$ に等しい。系統推定をアブダクションの観点から見ると、得られたデータ (例えば分子配列) のもとで、これらの系統樹からなる探索空間の中からベストの系統樹を探し出すことが目的となる。

III 系統推定のための諸基準

系統樹を推定する作業をアブダクションに基づく推論であるとみなしたとき、我々はベストの系統樹をどのような判断基準 (目的関数) のもとに選択すればよいのかという第一の問題に直面する。現在、様々なソフトウェアが、系統推定のためのツールとして広く利用されているが、ユーザーはまず初めにどのような基準のもとに系統樹を推定するのかを各自が決定しなければならない。以下では、代表的な系統推定法を紹介する。

(1) 距離法 (distance methods): 端点間の距離を定義し、互いに近い距離にあるものをグループ化することにより系統樹を推定する。ここでいう距離とは、特定の分子進化モデルのもとで計算された進化的距離を意味する。分子進化学では、塩基配列やアミノ酸配列の間の距離がいくつも提唱されている (例えば、JUKES-CANTOR

の1パラメーターモデル, KIMURAの2パラメーターモデル等)。分子系統樹の推定法として広く用いられている距離法は近隣結合法 (neighbor-joining method) である。この手法はもともとクラスター分析の一手法である群平均法 (UPGMA) のアルゴリズムを改変したものであった。近年, 近隣結合法は系統樹全体にわたる一般化 Pauplin 計量という距離を最小化することが証明された。距離法はもともと目的関数をもたないと考えられてきたが, 近隣結合法には当てはまらない。距離法のソフトウェアとしては MEGA が挙げられる。

(2) 最節約法 (maximum parsimony methods): 分子あるいは形態のデータが与えられたとき, 系統樹全体にわたる形質状態の変化総数 (塩基配列データならば塩基置換総数) を目的関数として, その値が最小となる系統樹を選択する。このとき, 非相同な類似性 (ホモプラジー) は最も少なく, 系統樹の樹長は最短となる。最節約法は形態データから分子データまで利用可能な方法である。分子配列データの場合, 各サイトが互いに独立に変化するという仮定 (「no-common-mechanism」と呼ぶ) を置くと, 選ばれるベストの樹形に関して最節約法は後述の最尤法と一致することが証明されている。最節約法のソフトウェアとしては PAUP*, TNT, POY 等がよく用いられている。

(3) 最尤法 (maximum likelihood estimation): 塩基配列あるいはアミノ酸配列の置換に関する確率モデルのもとで, 観察されたデータ値の生じる確率の積 (「尤度」likelihood) を目的関数として, その値を最大化するように未知のパラメーターを推定する方法を最尤推定という。DNA 塩基配列やアミノ酸配列の分子進化に関する確率モデルに含まれる樹形と枝長などを未知のパラメーターとして最尤推定をし, 尤度が最大になる系統樹を探索する。もともと計算量の負担が大きい手法だが, コンピュータのハードウェア的な性能向上とソフトウェアの改良によって使いやすくなってきた。PAUP*, Treefinder, RAxML が最尤法のソフトウェアとして広く用いられている。

(4) バイズ法 (Bayesian methods): 最尤法では, 尤度のみを目的関数としてアブダクションを実行する。これに対し, 最近になって, パラメーターの事前確率分布 (prior distribution) を仮定し, バイズの定理のもとで尤度を通してデータの情報を加味した事後確率分布 (posterior distribution) を目的関数とするバイズ推定の方法論が急速に普及してきた。計算アルゴリズムとしてのマルコフ連鎖モンテカルロ (MCMC) により, 事後確率分布のかたちをうまく推定することにより, その期

待値としてベストの樹形を選び出すとする。ベイジアン MCMC は, 複雑なモデルのもとでも, 計算時間が比較的短くてすむという利点はある。その一方で, バイズ法の利用そのものに対する疑念も根強くある。MrBayes がバイズ系統推定のソフトウェアとして最も広く使われている。

端点数が少ないデータに対しては, 最適系統樹の探索時間は比較的短くてすむ。しかし, その場合, 端点のサンプリングが粗いために, 長枝誘引 (long-branch attraction) のような弊害があることがシミュレーション研究で示されている。データのサイズが大きくなるほど, このような問題はなくなるが, 他方, 系統樹探索のための計算量は一般に莫大になる。各配列の長さよりも, 端点数の増大の方が, 系統樹探索空間を組み合わせ論的に爆発させるので計算時間の負担がより大きい。

計算機科学の上では, 最適系統樹の探索は, NP 完全と呼ばれる最難度の問題に属することが証明されている。しかし, コンピュータのハードウェアとソフトウェアの両面での進歩, さらには超並列計算システムという最先端の計算機技術が系統樹作成の領域でも浸透しつつあり, より巨大なデータであっても許容し得る計算時間内に系統樹を構築することが可能になってきた。

現在, 系統樹ユーザーが利用できるソフトウェアの数は大変多い。例えば, Joseph FELSENSTEIN が開設している PHYLIP Website の中にある系統推定ソフトウェアのポータルサイト (<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html>) を見ると, いま実に 350 を超える数のソフトウェアが公開されていて, そのほとんどすべてが無料でダウンロードできる。利用ユーザーとしては, 開発者に感謝の意を表しつつ自らの研究目的に応じてこれらのリソースを利用すると同時に, バグや改善点を積極的に通知することで, 系統推定論の研究者コミュニティに貢献することもできるだろう。

IV 統計学的問題: モデル選択と信頼性評価

ベストの系統樹を発見するアブダクションの作業と並んで重要なのは, 系統推定の際に置かれた仮定やモデルがどれほど妥当なのかというモデル選択の問題と, 得られた系統樹がどのくらい信用できるのかという信頼性評価の問題であろう。

モデル選択については, コンピュータ・シミュレーションを用いた相互比較研究が既に蓄積されている。例えば, 系統推定法のアブダクション基準については, 形質ごとの進化速度の不均一性が系統推定の結果に及ぼす影響などが既に調べられている。その結果, 正しいモデル

系統樹が導かれるパラメーター条件が系統樹作成法ごとに異なっていることが判明している。また、分子進化モデルをどのように設定すれば妥当な系統推定が実行できるのかという研究も進められている。さらにいえば、そもそも分岐的なツリー（樹状図）という系統発生モデルを置くべきなのか、それとも組換えや雑種形成などの可能性を考えたネットワーク（網状図）を前提とすべきなのかもモデル選択問題と呼べるだろう。

信頼性評価については、様々なコンピュータ集約型の統計手法（ノンパラメトリックなブーツストラップ、ジャックナイフ、無作為化検定、あるいはパラメトリック・ブーツストラップ等）が系統樹の統計学的な信頼性評価のために適用されている。統計学の視点から見たとき、系統樹作成法は、確率分布における平均や分散と同じく、データから系統樹を計算するための推定量（estimator）を与える。そして実際に得られた系統樹は、ある系統樹作成法のもとでそのデータから計算された推定値（estimate）である。したがって、ある系統樹がもつ信頼度は、推定量の統計学的な挙動と推定値のばらつきの評価に依存している。

V 高次系統樹へのさらなる推論

ある生物群に関する系統関係をある形質データによって推定できたとき、場合によってはさらなる高次の系統関係を推定する必要が生じることがある。例えば、①複数の遺伝子に関する遺伝子系統樹（gene tree）が得られたとき、それらから集団の系統樹（「種系統樹 species tree」と呼ばれることがある）をどうやって推論するのか、②寄生者と宿主の系統樹がそれぞれ推定されたとき、両者の間の系統関係の対応づけや共進化についてどのように推論するのか、③ある地域の生物相を構成するそれぞれの生物群について系統関係が得られたとき、地域そのものの歴史をいかにして推論するのか、などの諸問題があり得る。

上述の問題群に共通するのは、系統樹間の対応関係をつけることにより、より高次の進化シナリオを推論するという推論の方向性である。その際、複数の系統樹の端点どうしの対応づけのよしあしを判定するアブダクションの基準が必要になる。例えば、寄生者-宿主の系統関係の対応づけを考えると、ある寄生者が特定の宿主に存在するという情報を、共種分化（cospeciation）・系統ソーティング（lineage sorting）・宿主転換（host switch）・系統内重複（duplication）等の進化プロセスを想定して、説明モデルを立てることになる。個々の系統樹に比べて、さらに複雑な推定が要求される。

TreeMap, TreeFitter, CopyCatなどのソフトウェアが利用できる。

上で言及した系統ネットワークについても再度ここで取り上げたい。最節約法や距離法によって構築された複数のツリーを組み合わせて、単一のネットワークとして表示するソフトウェアがいくつか既に公開されている。複雑なネットワークは解読がほぼ困難だろうが、うまく枝を刈り込んで可視化できれば、形質進化のある側面を見る上でおそらくは役に立つだろう。

さらに、近年、個々の分類群ごとに推定された系統樹を組み合わせて、より大きな系統樹（スーパーツリー）を構築することを目指す研究が進められている。スーパーツリー構築は、HAECKELが思い描いた全生物の系統樹を構築するという大目標を実現する一つの研究プログラムといえる。しかし、ネットワーク構築と同様に、スーパーツリーの推定もまた計算上とても負担が大きく、今後さらに研究を進める必要があるだろう。

おわりに

分子系統学は1990年代以降に急速に普及し、核酸やアミノ酸の配列データが系統推定のための重要な情報源であることは論をまたない。しかし、系統推定を従来から支えてきた形態形質などのデータの価値が、それによって損なわれるわけではけっしてない。むしろ、分子データと形態データとの併用の道が拓かれるならば、これまで長年にわたって蓄積されてきた標本や化石の情報源を再利用できるという点で、新たな局面が広がるのではないかと期待される。例えば、形態データの定量的計測は、近年の幾何学的形態測定学の発展により新たなデータが集まりつつある。TNTやPOYのように、分子データと形態データを併用できるソフトウェアもいくつかある。しかし、形態形質については現実的な進化モデルをなかなか構築できないという難関があり、最尤法やベイズ法の適用にまではまだ至っていないのが現状である。

生物系統学の学的伝統をふりかえると、1960年代以降およそ20年間の長きにわたって方法論をめぐる論争が繰り返された。その過程で、生物の分類体系の構築基準ではなく、むしろ系統関係を解明する方法に論議の軸足が移行していった。分類学と系統学では、その根底を流れるロジックを語る「ことば」がもともと異なっている。分類群どうしの相互関係を論じる分類学の骨格は、「数理理論学」によって記述することができる。しかし、祖先と子孫の間の由来関係を論じる系統学は、むしろ「離散数学」をよりどころとするだろう。

残念なことに、日本では分類学や系統学の数理的側面

の研究はあまり進んでいるとはいえない(科学哲学的考察が皆無だったことに比べればかもしれませんが)。系統推定論は、進化生物学と数理統計学そして計算機科学の境界領域に花開きつつある学際的分野であると筆者は理解している。系統樹はそれだけ研究のしがいがあがる対象なのだろう。最近では日本でも「生物情報学(バイオインフォマティクス)」を看板とする大学の学科が現われてきた。できるならば、その中から系統樹の解析に伴う様々な難問に取り組む「系統情報学(ファイロインフォマティクス)」の若手の研究者が育ってくれることを期待したい。

参考文献

- 1) ALBERT, V. A. (ed.) (2005) : Parsimony, Phylogeny, and Genomics, Oxford University Press, Oxford, 229 pp.
- 2) AVISE, J. C. (西田 睦・武藤文人監訳) (2008) : 生物系統地理学, 東京大学出版会, 東京, 316 pp.
- 3) BININDA-EMONDS, O. R. P. (ed.) (2004) : Phylogenetic Supertrees : Combining Information to Reveal the Tree of Life, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, 550 pp.
- 4) CRACRAFT, J. and M. J. DONOGHUE (eds.) (2004) : Assembling the Tree of Life, Oxford University Press, New York, 576 pp.
- 5) CRISCI, J. V. et al. (2003) : Historical Biogeography : An Introduction, Harvard University Press, Cambridge, 250 pp.
- 6) DESALLE, R. et al. (eds.) (2002 a) : Molecular Systematics and Evolution : Theory and Practice, Birkhäuser Verlag, Basel, 309 pp.
- 7) ——— (2002 b) : Techniques in Molecular Systematics and Evolution, Birkhäuser Verlag, Basel, 407 pp.
- 8) ERESHEVSKY, M. (2001) : The Poverty of the Linnaean Hierarchy : A Philosophical Study of Biological Taxonomy, Cambridge University Press, Cambridge, 316 pp.
- 9) FELSENSTEIN, J. (2004) : Inferring Phylogenies, Sinauer Associates, Sunderland, 664 pp.
- 10) GASCUEL, O. (ed.) (2005) : Mathematics of Evolution and Phylogeny, Oxford University Press, New York, 416 pp.
- 11) ——— and M. STEEL (eds.) (2007) : Reconstructing Evolution : New Mathematical and Computational Advances, Oxford University Press, New York, 318 pp.
- 12) HALL, B. G. (2007) : Phylogenetic Trees Made Easy : A How-to Manual, Third Edition, Sinauer Associates, Sunderland, 233 pp.
- 13) HINE, C. (2008) : Systematics as Cyberscience : Computers, Change, and Continuity in Science, The MIT Press, 320 pp.
- 14) HO, S. (2008) : Confounding Factors in Phylogenetic Analysis : A Simulation Study, VDM Verlag Dr. Müller, Saarbrücken, 87 pp.
- 15) KNOOP, V. and K. MÜLLER (eds.) (2006) : Gene und Stammbäume : Ein Handbuch zur molekularen Phylogenetik, Spektrum Akademischer Verlag, 310 pp.
- 16) 三中信宏 (1997) : 生物系統学, 東京大学出版会, 東京, 458 pp.
- 17) ——— (2006) : 系統樹思考の世界 : すべてはツリーとともに, 講談社現代新書 1849, 東京, 296 pp.
- 18) ——— (2009) : 分類思考の世界 : 「種」よ安らかに眠りたまえ, 講談社現代新書, 東京.
- 19) 根井正利, S・クマー (大田竜也・竹崎直子訳) (2006) : 分子進化と分子系統学, 培風館, 東京, 410 pp.
- 20) OKASHA, S. (廣瀬覚訳) (2008) : 科学哲学, 岩波書店, 東京, 194 pp.
- 21) PAGE, R. D. M. (ed.) (2003) : Tangled Trees : Phylogeny, Cospeciation, and Coevolution, The University of Chicago Press, Chicago, 350 pp.
- 22) PAPAVERO, N. and J. LORENTE BOUSQUETS (eds.) (2008) : Principia Taxonomica : Una Introducción a los Fundamentos Lógicos, Filosóficos y Metodológicos de las Escuelas de Taxonomía Biológica (Volumen I ~ IX), Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México [CD-ROM].
- 23) PARADIS, E. (2006) : Analysis of Phylogenetics and Evolution with R, Springer-Verlag, 211 pp.
- 24) SALEMI, M. and A.-M. VANDAMME (eds.) (2003) : The Phylogenetic Handbook : A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny, Cambridge University Press, Cambridge, 406 pp.
- 25) SEMPLE, C. and M. STEEL (2003) : Phylogenetics, Oxford University Press, Oxford, 239 pp.
- 26) SOBER, E. (三中信宏訳) (1996) : 過去を復元する : 最節約原理・進化論・推論, 蒼樹書房, 東京, 318 pp.
- 27) ——— (2008) : Evidence and Evolution : The Logic Behind the Science, Cambridge University Press, Cambridge, 392 pp.
- 28) SWOFFORD, D. L. et al. (1996) : Phylogenetic inference, p. 407 ~ 514 in : D. M. HILLIS et al. (eds.), Molecular Systematics, Second Edition, Sinauer Associates, Sunderland.
- 29) 高松 進 (2005) : 植物防疫 59 : 116 ~ 121.
- 30) WÄGELE, J.-W. (2005) : Foundations of Phylogenetic Systematics, Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München, 365 pp.
- 31) WHEELER, Q. D. (ed.) (2008) : The New Taxonomy, CRC Press, Boca Raton, 237 pp.
- 32) WHEELER, W. et al. (2006) : Dynamic Homology and Phylogenetic Systematics : A Unified Approach Using POY, American Museum of Natural History, New York, 373 pp.
- 33) WILLIAMS, D. M. and P. L. FOREY (eds.) (2004) : Milestones in Systematics, CRC Press, Boca Raton, 290 pp.
- 34) ——— and M. C. EBACH (2008) : Foundations of Systematics and Biogeography, Springer-Verlag, Berlin, 309 pp.
- 35) YANG, Z. (2006) : Computational Molecular Evolution, Oxford University Press, Oxford, 357 pp.

発生予察情報・特殊報 (21.1.1 ~ 1.31)

各都道府県から発表された病害虫発生予察情報のうち、特殊報のみ紹介。発生作物：発生病害虫(発表都道府県)発表月日。都道府県名の後の「初」は当該都道府県で初発生の病害虫。

※詳しくは各県病害虫防除所のホームページまたはJPP-NET (<http://www.jpnpn.ne.jp/>)でご確認下さい。

- マンゴー : マンゴーハフクレタマバエ (鹿児島県 : 初) 1/5
- イチジク : 株枯病 (福島県 : 初) 1/14
- キク : わい化病 (三重県 : 初) 1/19
- トマト, ミニトマト : 黄化葉巻病 (奈良県 : 初) 1/22
- デンファレ (ランの一種) : ランツボミタマバエ (三重県 : 初) 1/27
- キュウリ : 黄化えそ病 (茨城県 : 初) 1/30