
特集：植物の進化

葉緑体DNAとシダ植物の系統進化

——ちょっと過激な分子系統学紹介——

長谷部 光泰

系統分類学の大きな変革

系統分類学の大学理学部における地位は非常に低い、といったら語弊があるかもしれないが理学部で授業を受ける学生のほとんどが分子生物学や生化学の理路整然とした、仮説検証的な部分に興味を引かれ、曖昧模糊とし、科学の本流からはずれて重箱の隅をつつくような系統分類学の授業はあまり人気がないのは事実である。物好きに系統分類学を専攻しようと思って学会などに出席してみれば「系統進化の道筋は再現することが出来ない」という金科玉条の下、理路整然としていない小説まがいの発表の何と多いことか。しかし、なにも系統分類学者が全面的に悪いわけではなく系統分類学という学問の持つ宿命的な面もなきにしもあらずである。ところが、この数年系統分類学に大きな変革が生じてきた。その1つは系統推定における理論的基礎の充実である。この点について興味のある方は大場(1985)

などを参照していただきたい。もう1つは本稿の主眼である分子系統学的发展である。

分子系統学って？

すべての生物の遺伝子はデオキシリボ核酸 (DNA) という物質からできている。DNAは4つの文字 (塩基という) A (アデニン), C (シトシン), G (グアニン), T (チミン) の組合せによってできており、この文字の配列が遺伝情報、たとえば、トンビはトンビしか生まないし、タカはタカしか生まないという情報を記録しているのである。細長いリボンの上にA, C, G, Tの文字がAAAA CCGTCGTTTGACといったように1列に並んでいる (塩基配列という) とイメージすればよい。このリボンの束が僕らの細胞1つ1つの中に大切にしまわれているのである。このA, C, G, Tの組合せによって特定のタンパク質が

作られる。そして、このタンパク質のはたらきによって生物のかたちが作り上げられていく。つまり、DNA-タンパク質-形態という図式である。

これまで植物の類縁、系統を推定する際には形態の特徴を指標としてきた。同じ形態をもっている生物同志は近縁だと考えられる。しかし、たとえばシダ植物の場合指標となる形態の特徴は被子植物に較べて少なく、科や属の系統関係についての定説はない。また、被子植物の形態の特徴がシダより多いとはいっても、たとえば1000個の特徴を比較するのはちょっと大変であろう。

ところが、DNAの塩基配列を1000個決めて比較することはたやすい。従って、DNAを調べることによってわれわれは非常にたくさんの情報を得ることができるのである。情報量が多くなれば統計学の手法を用いて推定した系統関係がどのくらいの確率で正しいか、2つの対立する見解があったときにはどちらのほうがよりおこりやすいか、ということが評価できるのである。これによりこれまで「俺はこう思う」、「私はああ思う」というだけで平行線しかたどれなかった系統推定が「あなたの意見より私の意見の方が95%の確率で正しい」とか「あなたの意見が私の推定よりも正しいと認められるためにはさらにこれこれの情報が必要です」

といったように、お互いの意見を客観的に評価できるようになったのである。これ以外にも分子系統学にはいくつかの利点があるので興味のある方は長谷部(1990)を参照していただきたい。

ここで、とくに注意しなければいけないのは分子系統学の手法を用いることができるようになったからといって形態学的な研究の価値が減ったわけではないということである。DNAは肉眼では見えないし、分子系統学的方法が間違っているときだってある。系統分類学者は形態学的手法から分子系統学的手法へ乗り換えたのではなく、形態学的手法に加え分子系統学的手法も利用できるようになったのである。両者の釣合のとれた発展こそ系統分類学の解釈学から科学への第一歩なのである。

葉緑体DNA

DNAは細胞内の3つのオルガネラ、すなわち核、葉緑体、ミトコンドリアに分散している。核は細胞の情報センターで大部分の遺伝情報はここに保管されている。葉緑体には光合成、ミトコンドリアには呼吸に関係した情報が保管されている。この中で葉緑体のDNAが取り扱いきやすいことからこれまでもっともよく研究されている。他のDNAについても研究が進行中であるので、今後、系統

推定に役立つだろう。(核DNAの研究の現状は村上氏の論説に詳しい。)

DNAを構成しているA, C, G, T(塩基)の配列のすべてが遺伝情報をもっているわけではない。DNA上で遺伝情報をもっている部分を「遺伝子」と呼んでいる。遺伝子は無数の塩基の海の中に島のようにポツポツと浮いているのである。遺伝子は必ずATGという文字から始まるので塩基の海の中から区別することができる。葉緑体DNAにはこのような遺伝子が約120個存在している。

ホウライシダの葉緑体DNA上の遺伝子配列はヘン!

花の咲く被子植物の葉緑体DNAは多くの種類で研究が進んでおり、ほとんどの種類で遺伝子の並び方が一定であることがわかってきた。シダ植物の葉緑体DNAの研究はほとんど手つかずであったが、ヤマドリゼンマイはふつうの被子植物と同じ遺伝子配列をもっていたので、他のシダ植物も被子植物と同じ遺伝子配列をもっているのではないかと思われていた。

ところが、ホウライシダの葉緑体DNAを調べてみると、なんと、遺伝子の配列が被子植物と大きく変わっている部分があったのだ。このことを早速論文として投稿するとともに、合衆国で同じホウ

ライシダ属のクジャクシダを研究している友人に知らせたところ、1990年の3月に彼女の友人であり、かつ、シダ植物の葉緑体DNA研究のパイオニアであるスタイン博士から、いきなり“私は感激している”で始まるファックスが届いたのだ。文面を見て私も彼女と同じ様に感動してしまったのだが、なんと、彼女が研究しているイノデの1種もホウライシダと同じと考えられる遺伝子配列をもっているというのである。また、彼女の友人であるオーストラリアのトムソンが調べたワラビ、合衆国のコナントが調べたヘゴの仲間でも、まだ十分に研究が進んでいないが多分ホウライシダと同じ配列がみられるであろうとのことであった。さらに、8月には合衆国のラウベソンが裸子植物の遺伝子配列を研究している過程でカニクサの仲間の遺伝子配列はホウライシダのものと一部分が異なっているがよく似ていることを発見した、という手紙がきた。

シダ植物の中にゼンマイのように被子植物と同じ遺伝子配列をもったものとホウライシダのように異なった遺伝子配列をもったものがある、ということはいろいろなシダで遺伝子配列を調べてみればシダ植物の系統に関するかなり重要な情報が得られそうだということである。現在、スタイン博士らとシダ植物の系統を

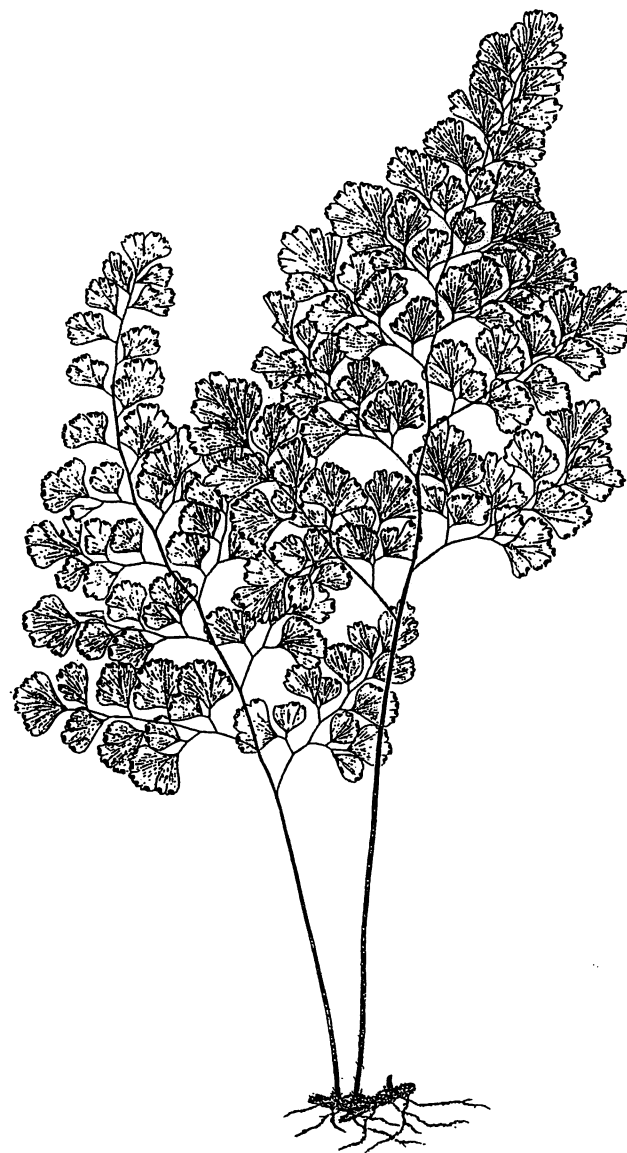


図1 ホウライシダ *Adiantum capillus-veneris* L (緒方 1928より)

知る上で重要な種について葉緑体DNAの遺伝子配列を調べる共同研究が進行中であり、いったいどんな結果ができるのか楽しみである。

もっと情報を!!

遺伝子配列を調べることは系統推定においておおきな役割を果たすと考えられるが、形態からの情報と同じで情報量はまだまだ多くない。先に述べたように分子系統学の大きなメリットは大量情報が扱えることにある。そこで、葉緑体上の遺伝子の塩基配列、つまりA、C、G、Tの並び方を直接調べてやろうという方向へ話は展開する。これまで、日本の研究者によって、タバコ、イネ、ゼニゴケの葉緑体DNAの全塩基配列が決定されているが、葉緑体DNAは全体で約15万塩基もあり、いろいろな植物についてこれをするのはいくらお金と時間と労働力があつたとしても非常にたいへんである(塩基配列を1つ決めるのに少なく見積もっても100円位はかかる)。

そこで葉緑体DNA上の特定の遺伝子を選んで塩基配列を決めることになる。選択の基準としては、いろいろな植物で塩基配列のデータがすでに蓄積されている、統計学的に十分な長さを持っているなどの点が考えられる。この基準を満たしている第一の候補はリブ羅斯ニリン

酸カルボキシラーゼを作る遺伝子(略して*rbcL*と書く)である。リブ羅斯ニリン酸カルボキシラーゼは光合成で二酸化炭素からブドウ糖を作るのに役立っている大事なタンパク質で、その遺伝子は約1400塩基からなり、植物の中でもっとも多くの種類から塩基配列データが蓄積されている。

*rbcL*の塩基配列を用いた系統推定は、被子植物では合衆国の分子系統学者によって1988年頃から精力的に進められ、1990年のアメリカ植物学会ではシンポジウムが開かれ、研究が順調に進んでいることがうかがわれた。しかし、例によって花が咲かないためかシダ植物における*rbcL*の研究は世界のどこでも手つかずの状態であった。

ここでことわっておくが花が咲かないからというのはまんざら冗談ではない。植物の研究は農作物とその近縁種で一番進んでおり、当然農業上重要な被子植物に多くの研究者の目がそそがれる。また、研究者の研究の原動力は好奇心であることが多いが、カラーテレビが白黒テレビよりいいように、緑一色のシダよりきれいな花の咲く植物に興味を持つ人が多いのは人情として納得できる。しかし、シダ植物はマツバラン、ヒカゲノカズラ、トクサなどのように被子植物よりずっと昔に分化した分類群を含む多様な群であ

る。ハナヤスリにいたってはこれまで化石のみから知られていた原裸子植物の、現存する唯一の生きた化石であるという研究結果もある。陸上植物の系統学という立場からいえばシダ植物は被子植物など問題にならない位重要な分類群なのである。

われわれの研究室でもシダ植物の*rbcL*の塩基配列を決定し、シダ植物の系統解析をすることの重要性はいち早く理解され、文部省の科学研究費補助金などのおかげで、実験器具も買えたので、1990年の3月から研究が開始された。今はまだ研究結果を発表する段ではないが、系統学的情報の他にも、ホウライシダの遺伝子の進化する速さが被子植物の2倍速いなど興味深い結果が出つつある。また、1990年の12月になってアメリカの研究者たちもわれわれと同じプロジェクトを計画しているという手紙が届いたので今後急速に研究が進行することが予想される。

植物系統分類学は過去に多くの優秀な学者を輩出し、彼らは確実に、たった1

つだけ実在した系統関係を求めて研究を進めてきた。しかし、少ない情報からでは自ずと推察を含めねばならない部分も多く、系統分類学は科学ではなくて解釈学であるなどと罵倒されてもなんの反論もすることができなかった。このような状況でよっぽどフラストレーションがたまつたのではないかと思うが、今日まで系統分類学の残っているところを見るとこの分野がよっぽど魅力的なのか系統分類学者が打たれ強かったかのどちらかであろう。しかし、状況は一変した。分子系統学の発展により系統分類学者は真の系統を推定し得るところにきている。いま、系統分類学は最もエキサイティングな時代をむかえている。

(東京大学理学部附属植物園)

参考文献

- 大場秀章：日本植物分類学会会報 Vol.6 : 11-20, 1985.
長谷部光泰：日本植物分類学会会報 Vol.8 : 54-75, 1990.

