生物系

植物進化の謎を解くコケゲノムの解読に成功

自然科学研究機構基礎生物学研究所教授　**長谷部　光泰**

【研究の背景】

現在、植物が作り出す森や林といった環境が動物の生命を育んでいます。しかし、約5億年前、最初の植物が上陸するまでは、地上は荒涼とし、ほとんどの動物は生活できませんでした。水中で暮らしていた藻類の中に、陸上の苛酷な環境に適応する能力を獲得したものが現れ、陸上は植物で被われるようになりました。では、どのような遺伝子の進化によってこれが可能になったのでしょうか。陸上植物の祖先は絶滅してしまっているので、その遺伝子を直接研究することは困難です。しかし、現在生きている陸上植物が共通に持っている遺伝子を調べれば、陸上生活に必要な遺伝子が明らかになるはずです。

これまでに陸上植物ではいくつかの被子植物（花の咲く植物）のゲノム配列が解読されていますが、これらは約2億年以内に進化した種類で、約5億年進化をした陸上植物全体の共通性を知ることができませんでした。そこで、我々は陸上植物の中で被子植物と最も離れた系統に属するコケ植物のゲノム解析を開始しました。

【研究の成果】

コケ植物の中でも特にヒメツリガネゴケは、遺伝子改変が容易なことから実験生物として注目されています。2000年からは文部省科学研究費補助金の援助によってゲノム解読が開始され、約1万5千の遺伝子をカタログ化することに成功しました。これらの遺伝子は、理化学研究所バイオリソースセンターから世界中の研究者に頒布されています。

日本におけるヒメツリガネゴケゲノム研究の進展が呼び水となり、国際コンソーシアムが結成され、日本、米国、ドイツ、イギリスの共同研究によって、今回の研究ではコケゲノムのほぼ全体に当たる約5億の塩基配列を決定しました。日本のグループは私の研究室と金沢大学西山智明助教が中核となり、国立情報学研究所、理化学研究所、国立遺伝学研究所、東京大学などの支援の下、完全長cDNA（働いている遺伝子）の配列決定を分担し、約3万6千の遺伝子の発見に貢献するとともに、遺伝子進化の解析と解釈を行いました。

その結果、陸上植物の進化の過程で、植物の形作りや環境応答に必要な植物ホルモン、放射線などによってダメージを受けた遺伝子の効率的な修復機構に関わる遺伝子などが進化してきたことがわかりました。

【今後の展望】

今後、これらの遺伝子の詳細な機能解析を行うことによって、陸上植物特有の能力を生み出す機構の解明、更にその農林業的応用や地球環境対策への応用が進むことが期待できます。

図1　ヒメツリガネゴケ

図2　シャーレによる培養

【交付した科研費】

平成12－13、15－16年度　特定領域研究「生命システムの解明に向けた統合的ゲノム研究」
平成17－19年度　特定領域研究「比較ゲノム分析による進化・多様性のゲノム基盤の解明」