

シダゲノムの解読

～陸上植物遺伝子の予想外の多様性を発見：遺伝子資源として有用～

大学共同利用機関である基礎生物学研究所の長谷部光泰 教授、金沢大学学際科学実験センター遺伝子研究施設の西山智明 助教らは、国内5大学および国外9ヵ国による国際共同研究チームと共同で、シダ植物^{注1)}の一種であるイヌカタヒバ^{注2)}(図1)のゲノム解読に成功しました。

従来、陸上植物の中で最も複雑な形を持った被子植物^{注3)}と最も単純な形を持ったコケ植物^{注4)}のゲノムは解読されていました。しかし、両者の中間に位置するシダ植物はゲノムの大きさが大きく、ゲノム解読が難しかったことから、どのような遺伝子のどのような進化によって陸上植物が進化してきたのかは謎でした。

今回、ゲノムの大きさが極めて小さいイヌカタヒバを用いることで、シダ植物のゲノム解読に初めて成功し、シダ植物とコケ植物、被子植物のゲノムを比較解析した結果、陸上植物が共通に持つ遺伝子が明らかになりました。また、花の咲く植物(被子植物)と花の咲かない植物(シダ植物)との間で、遺伝子の発現を制御する遺伝子(転写因子^{注5)})の数が増えており、これが単純な形を持った植物から複雑な形を持った植物への進化を引き起こした可能性が高いことも分かりました。これまで、植物は動物と比べると互いに形が似ていることから、動物よりも遺伝子の進化の程度がずっと少ないだろうと思われてきましたが、今回の研究結果より、陸上植物のゲノムは動物よりも大きく変化していることが明らかになりました。さらに、病気や害虫に食べられないようにしたり花粉を運ぶ昆虫を引き寄せたりする働きを持つ二次代謝産物^{注6)}や植物の生育に必要な植物ホルモンの合成酵素遺伝子などは、被子植物・シダ植物・コケ植物でそれぞれ独自に数を増やしたり減らしたりして多様性を産み出していることも分かりました。今後、シダ植物やコケ植物特有の“有用な性質を産み出す遺伝子”を見つけ出し、作物などの改良に利用することによって、製薬やバイオマス生産を含む農林業への応用が進むものと期待されます。

本研究成果は、2011年5月5日(米国東部時間)に米国科学雑誌「Science」のオンライン速報版で公開され、同誌の2011年5月6日号に掲載されます。

【研究の背景と経緯】

生物は、祖先が持っていたゲノムが変化することによって進化します。近年、いろいろな動物のゲノム解析から、人間でも動物でも基本的な体作りには同じような遺伝子が用いられていることが分かってきました。どのような遺伝子が同じで、どのような遺伝子が異なっているかを知ることによって、ヒトの疾患モデルとして動物を使って実験することが可能になりました。また、ヒトだけにあり、ヒトを特徴づけている遺伝子が何かも分かってきました。

一方、作物をはじめとして、地球環境に欠くことのできない陸上植物については、作物を含む被子植物以外、ほとんどゲノム解読がされてこなかったため、陸上植物全体に共通な遺伝子、陸上植物の代表的なグループに特徴的な遺伝子が何なのかが分かりませんでした。また、被子植物以外の植物の遺伝子を用いて作物を品種改良することが困難でした。

本研究チームは、2007年に被子植物と最も遠縁のコケ植物ヒメツリガネゴケゲノムを解読し、植物の陸上化に重要だった遺伝子候補を提唱しました。しかし、被子植物とコケ植物の間に位置するシダ植物のゲノム情報がなかったため、陸上植物全体に共通な遺伝子、各グループに固有な遺伝子を特定することができませんでした。しかし、シダ植物はゲノムの大きさが大きく（被子植物やコケ植物の100倍以上）、ゲノム解読が困難で研究が難航していました。

[研究の内容]

今回、シダ植物イヌカタヒバのゲノムの大きさが極めて小さい（1億600万塩基対）ことが分かり、日本・2名（長谷部教授、西山助教）、米国・4名、オーストラリア・1名の運営委員会を組織し、日本の5大学（北海道大学、名古屋大学、総合研究大学院大学、金沢大学、大阪大学）を含む、10カ国の共同研究として、世界で初めてシダ植物のゲノム解読を行い、これに成功しました。日本グループは主に情報解析（特に幹細胞化、発生に関わる遺伝子）を担当しました。

ゲノム解読から、イヌカタヒバはこれまでゲノムが解読された被子植物（約26,000遺伝子）やコケ植物（約28,000遺伝子）よりやや少ない約22,000の遺伝子を持っていること、また遺伝子間の長さが短いためにゲノムの大きさが小さいことが明らかになりました。

次に、被子植物・シダ植物・コケ植物に共通に存在する「発生に関わる遺伝子のリスト」を作りました。その中には細胞分裂、細胞の形、遺伝様式に関わる遺伝子があり、これらの機能は植物全体に共通であるらしいということが分かりました。

一方で、陸上植物の転写因子の数は、種類によって大きく異なることが分かりました（図2）。生物の発生に関わる遺伝子は、それぞれ会社のように役割分担しています。転写制御因子は部長や課長にあたるような統括遺伝子で、多くの部下遺伝子に命令を出して体作りをしています。動物の場合には、異なった種類（例えば人間とハエ）でも転写因子の種類や数はあまり変わらず、部下遺伝子が変わることによって多様な形を作っています。しかし陸上植物は、転写因子の数が大きく異なっていました。例えば、被子植物の花作りなどで働く課長にあたる転写因子「MADS-box遺伝子」は、被子植物のゲノムでは約40個ありますが、イヌカタヒバは3個、ヒメツリガネゴケは6個しかありません。また、被子植物の茎や葉を作るのに必要なオーキシンという植物ホルモンを働かせる転写制御因子「AUX/IAA遺伝子」は、被子植物のゲノムでは約30個あるのに対して、イヌカタヒバやヒメツリガネゴケでは3個しかありません。このように、転写因子は被子植物の祖先の段階で数を増やすことによって、陸上植物は複雑な体を進化させてきたらしいことが分かりました。

さらに、被子植物・シダ植物・コケ植物で、それぞれに特有の遺伝子があることも分かりました（図3）。エチレンは、果実成熟や植物の老化促進、病傷害応答など、サイトカイニンは植物の老化抑制や細胞分裂促進などに関わるホルモンですが、イヌカタヒバやヒメツリガネゴケはこれらのホルモンを異なる合成遺伝子を用いて作っていました。加えて病気や害虫に食べられないようにしたり花粉を運ぶ昆虫を引き寄せたりする働きを持つ二次代謝産物を作る遺伝子は、どのグループでも独自にその遺伝子の数を増やし、それぞれの生育環境に適応していることも分かりました。

[今後の展開]

シダ植物・コケ植物は作物などの被子植物の持っていないたくさんの有用な性質を持っています。例えば、乾燥耐性能力や再生能力、耐病虫害性は被子植物よりもずっと優れています。今回の研究で遺伝子のリストができたことから、今後、これらの働きを司る遺伝子を解析することが容易になります。将来的には、作物に有用な性質を付与し品種改良することに役立つものと期待されます。



図1 シダ植物小葉類イヌカタヒバの自生写真（沖縄県西表島）

統括遺伝子の数を増やすことによる進化

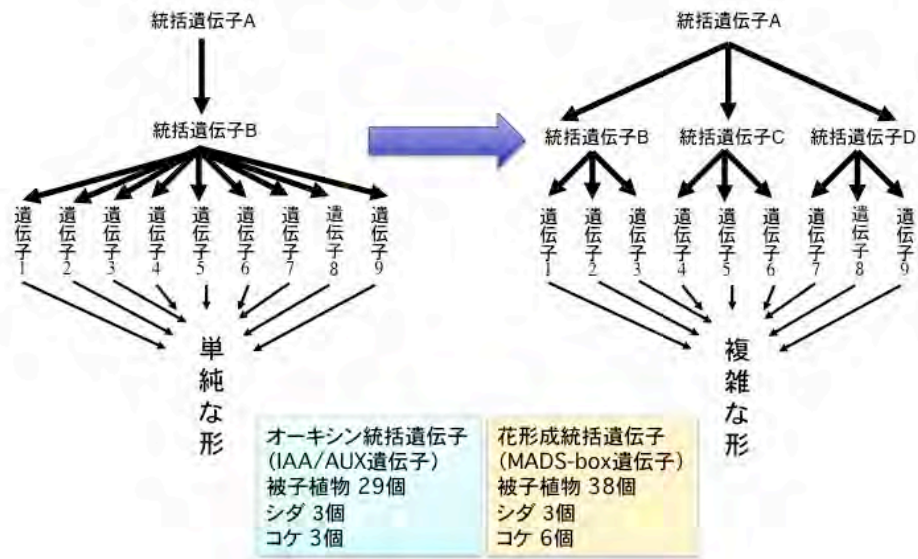


図2 今回の研究から分かった遺伝子の進化と形の進化の関係

陸上植物は統括遺伝子（転写制御遺伝子）の数が増えることによって、単純な形を持った植物から複雑な形を持った植物が進化した。

シダ、コケ、被子植物に特有な遺伝子の発見

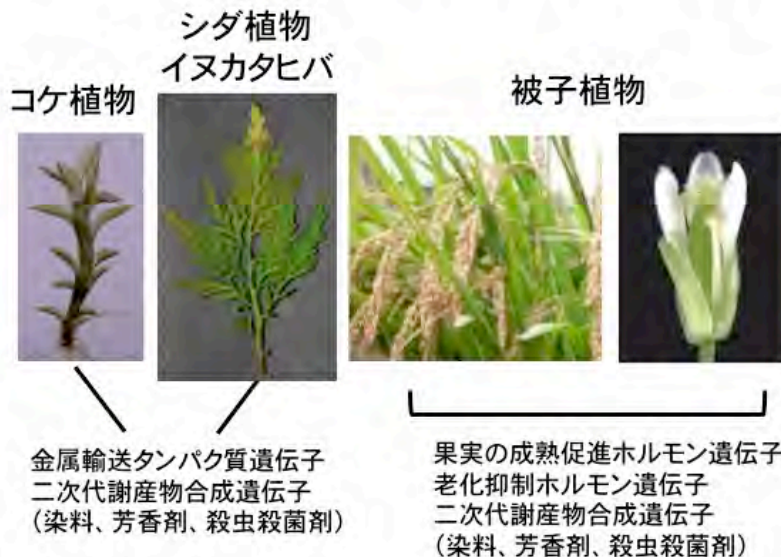


図3 シダ、コケ、被子植物に特有な遺伝子

シダ植物とこれまで調べられた他の植物のゲノム比較解析から、被子植物、シダ植物、コケ植物に特有な遺伝子が明らかになった。

[用語解説]

注1) シダ植物

小葉類とシダ類を含む。イヌカタヒバは小葉類で、ワラビ、ゼンマイなどはシダ類。小葉類は石炭紀に30メートルほどの樹林を形成し、石炭の多くは小葉類の遺骸からできあがったものである。

注2) イヌカタヒバ (犬・片・檜葉)

国内では元来沖縄県を中心に分布するが、全国に移出している。イヌカタヒバに近縁(同じ属)のイワヒバは乾燥すると枯れたように葉が巻かれるが、水分があると元に戻るため「復活草」と呼ばれる。イヌカタヒバも同じような性質がある。

注3) 被子植物

花の咲く植物の総称で、約2億年前に進化した。ほとんどの作物は被子植物である。

注4) コケ植物

被子植物に比べて小さく単純な構造の体を持つ。花・種子を作らず、胞子で繁殖する。ヒメツリガネゴケや寺などで良く用いられるスギゴケの含まれる^{せんらい}蘚類、ゼニゴケなどの^{たいらい}苔類を含む。

注5) 転写因子

遺伝子の発現をオン・オフしたり、発現量を増減したりして、遺伝子の発現を制御する遺伝子。1つの転写因子で複数の遺伝子発現を制御する場合も多い。

注6) 二次代謝産物

生物の代謝によって作られるが、生物の生存などに直接的に関与しない有機化合物。植物の二次代謝産物には染料・芳香剤・殺虫殺菌剤など、人類の生活に役立つものが多数ある。

注7) 維管束植物

水や栄養を通す管である維管束を持つ植物。維管束は植物の体を支える骨のような役割もするので、植物体の大型化に寄与した。被子植物、シダ植物を含み、コケ植物は含まない。

[発表雑誌]

米国科学雑誌「Science (サイエンス)」2011年5月6日号掲載

(米国東部時間5月5日に電子版で速報)

論文タイトル: "The compact Selaginella genome identifies changes in gene content associated with the evolution of vascular plants"

「コンパクトなイヌカタヒバゲノムから明らかになった、維管束植物^{注7)}進化に関係した遺伝子の変化」

[研究グループ]

イヌカタヒバ *Selaginella moellendorffii* ゲノム国際コンソーシアム（日、米、独、英など
10 カ国の共同研究）

主たるコンソーシアムメンバー

◎日本

西山智明 Tomoaki Nishiyama 金沢大学 学際科学実験センター

長谷部光泰 Mitsuyasu Hasebe 基礎生物学研究所／総合研究大学院大学

◎米国

Jo Ann Banks Purdue 大学

Michael Gribskov Purdue 大学

Claude dePamphilis Pennsylvania 州立大学

Igor V. Grigoriev Joint Genome Institute

◎オーストラリア

John L. Bowman Monash 大学

主たる日本人共同研究者（研究を行った時点での所属）

西山智明（金沢大学）

青野直樹（基礎生物学研究所）

青山剛士（総合研究大学院大学）

程朝陽（科学技術振興機構）

藤田知道（北海道大学）

平井正良（科学技術振興機構）

日渡祐二（基礎生物学研究所）

石川雅樹（科学技術振興機構）

則武美根子（科学技術振興機構）

久保稔（科学技術振興機構）

倉田哲也（科学技術振興機構）

三上浩司（北海道大学）

宮崎さおり（基礎生物学研究所）

森長真一（基礎生物学研究所）

小原真理（科学技術振興機構）

小栗康子（科学技術振興機構）

小野寺直子（科学技術振興機構）

村田隆（基礎生物學研究所）

佐藤良勝（科學技術振興機構）

柴垣 奈佳子（大阪大學）

篠原直貴（科學技術振興機構）

杉田護（名古屋大學）

杉本渚（科學技術振興機構）

住川直美（基礎生物學研究所）

若月幸子（科學技術振興機構）

長谷部光泰（基礎生物學研究所、綜合研究大學院大學、科學技術振興機構）