

論文の内容の要旨

論文題目「A study of genome size changing in higher plants」
(高等植物におけるゲノムサイズ変化に関する研究)

学位申請者 Santhita Tungkajiwangkoon

キーワード： モウセンゴケ、ゲノムサイズ、染色体、倍加、抗アレルギー

進化や種分化に伴うゲノムおよび染色体サイズの大きな変化は、いくつかの生物においてみられる興味深いトピックである。真核生物のうち、特に高等植物である被子植物は異例で2000倍もの幅広いゲノムサイズレンジを示すことが知られている。このため、被子植物における染色体とゲノムサイズの多様性は長年にわたって大きな関心を集めてきた。ファミリーレベルでみると、そのほとんどの分類群は比較的小さなゲノムサイズと小型から中型の染色体をもっており、被子植物の大きなサイズレンジに関わる分類群は、キク科、マメ科、ユリ科、イネ科などの数千種から1万種を超える種から構成される巨大ファミリーに限られている。しかしながら、ゲノムの多様性の研究を取り扱うための材料として、このようなファミリーを対象にした場合、非常に多くの種数を取り扱わなければならないという問題が生じる。

これに対し、代表的な食虫植物の1つであるモウセンゴケ科は、コンパクトな分類群であり、約150種からなる。にもかかわらず、巨大ファミリー同様にゲノムサイズバリエーションが豊富であり、染色体の数的変異やサイズ変異も被子植物としての変異幅と同等であることが知られている。このため、このグループは独自の形態進化と大きな染色体変化をともなっている点において、本トピックをあつかうためのよい研究材料である。それにも関わらず、モウセンゴケ科のゲノムサイズデータや核形態学的情報はわずかである。例えば、本科のC値(ゲノムサイズに相当するDNA量)はRothfels and Heimburger (1968)によって初めて報告されて以降、わずか数報のみであり、全種数の1割にも満たない。そこで、モウセンゴケ科の単一タイプであるハエトリソウ属およびムジナモ属を含め、特にモウセンゴケ属の中でも抗アレルギー効果をもつドロセラ節グループを中心にゲノムサイズの推定とプロイディーレベルの決定を行った。

その結果、モウセンゴケ科3属の非常に大きなゲノムの差異からは、属間の進化方向についての新たな知見を得ることはできなかったが、ドロセラ節にみられる非連続的サイズの多様化は、系統学的背景の中に倍加を含めたゲノムと染色体サイズの変化方向についての明らかな知見を得ることができた。また、ドロセラ節の分子系統樹は、祖先に約 0.4 p g (ca. 400 Mbp) の1Cxゲノムサイズをもつことが示された。祖先の1Cxのゲノムサイズ

が0.4 pgと仮定すると、モウセンゴケ属の倍数性グループの放散はゲノムサイズの増加を伴っていることが示唆された。ゲノムサイズの増加には、ゲノム自体の倍加による増加と、倍加を伴わない染色体サイズの変化による増加の2つの異なるタイプがみられた。さらに興味深いことに、雑種起源をもつモウセンゴケ属の種では、明らかなゲノムサイズの減少がみられた。

ゲノムサイズの減少がどのような要因で引き起こされるのかを調べる目的で、雑種起源であるトウカイコモウセンゴケとその両親種であるモウセンゴケとコモウセンゴケの3種を材料に分子遺伝学的研究を行った。RAPDプライマー 1200 個の RAPD プライマーを用いてディファレンシャルディスプレイを行った結果、モウセンゴケのゲノムから増幅したDNA断片は、コモウセンゴケのゲノムから増幅したDNA断片の2倍以上であり、よりゲノムサイズの大きいモウセンゴケから優先的に増幅されたことが強く示唆された。C値の結果において、ゲノムサイズが増加の方向で進化あるいは種分化を伴っていることから、優先して増幅されたDNAは、コモウセンゴケのゲノムから新たに付加されたDNAであると考えられる。

モウセンゴケはヨーロッパの伝統薬として百日咳や喘息の治療に使用するなど、古くから医薬面での利用や研究が行われてきたが、現在本種は、乱獲によって絶滅の危機に瀕している。これまでの研究において、モウセンゴケ、コモウセンゴケおよびトウカイコモウセンゴケを用いて、アレルギー症状の原因となるマスト細胞の活性化に及ぼす影響を調べ、その結果、コモウセンゴケはマスト細胞の活性化を抑制しなかったがモウセンゴケとトウカイコモウセンゴケは活性化を抑制したことをつきとめた。このことは、コモウセンゴケのゲノムからモウセンゴケのゲノムが形成される過程において、付加あるいは変化したDNAに、抗アレルギー効果に有用な配列が新たに生じた可能性を示唆している。今回得られた知見は、今後、アレルギー性炎症を抑制する機能性の高い有用遺伝子の探索を効率よく進めていく上で重要な情報となる。

トウカイコモウセンゴケは、これまでの研究においてモウセンゴケ以上に強いマスト細胞活性化抑制作用を示したことから、トウカイコモウセンゴケと同一のゲノム構成をもつ人工6倍体系統の作出を試みた。作出にはモウセンゴケとコモウセンゴケの人工交雑によって得られた3倍体雑種をコルヒチンによって倍加処理を行い、そこから細胞遺伝学的手法によって選抜し、キメラ細胞が認められない人工6倍体雑種を3系統作出することに成功した。