

遺伝子はなんでも調べられる時代からさらに物理化学へ

この30年で、塩基配列決定技術は驚異的な発展を遂げ、多様な生物のゲノム・トランスクリプトーム配列が決定されるようになった。2000年のシロイヌナズナゲノム公開以降、コケ植物を含む多数の陸上植物や陸上植物に近縁な緑色藻類のゲノムが決定されてきた。こうしたデータによって陸上植物の進化の理解は大きく塗り替えられてきた。1980年代から2000年代くらいまで、コケ植物が維管束植物に対して側系統的に順次分岐し、タイ類が最初期に分岐するとして、タイ類の様に葉状体と単純な孢子体を持つような植物が共通祖先であるというように考えられて来た。しかし、我々は、葉緑体にコードされる遺伝子の解析からセン類とタイ類は単系統になることを示し、トランスクリプトームのデータによる核ゲノム遺伝子の解析でもそのことが認められるようになって来た。さらに、ツノゴケ類とセン類+タイ類が姉妹群ですなわちコケ植物が単系統であると考えられる。また、通導組織や孔辺細胞の分化制御にヒメツリガネゴケと被子植物で共通の遺伝子が使われていることが示されてきた。また孔辺細胞の分化に関わる遺伝子のオーソログはツノゴケ類でも見つかっている。こうしたことから、陸上植物の共通祖先がゼニゴケなどタイ類の様に葉状体と単純な孢子体を持つという認識は覆され、現生陸上植物の共通祖先はすでに気孔をもっていたが、ゼニゴケなどでは退化して失ったものと考えられるべきであることが明らかである。

陸上植物に最も近縁な生物が何かという点についても、ホシミドロ類は同形配偶子による有性生殖を行うので、異形配偶子をつくるシャジクモ類やコレオケータ類より遠縁と考えられていたのが、分子データで多数の遺伝子をみてもホシミドロ類の陸上植物方が近いことがわかってきた。すると、ホシミドロ類に見られる鞭毛を作らず同形配偶子をつくるという形質はホシミドロ類の系統で独自に進化したものであると考えられる。現生陸上植物の共通祖先は、気孔を持っていて、配偶体が独立生活し、鞭毛をもって泳ぐ精子と大きい卵細胞を持っていたであろうことはコンセンサスとして良いと考えられる。

これからの30年となると、さらに多様な植物の研究が深く進むことと期待される。すでに、従来のモデルでない、変わった植物でもゲノム解読は大体可能である。遺伝子組み換えの方が個々の植物特有の条件に応じることが必要であり、難しいところである。また、世代時間の長い生物はやはり時間がかかってしまう。そういった困難に対応しつつ、多様な植物について特徴的な性質について分子遺伝学的に解析を進めていく時代になるのであろう。すでに、経済規模の大きな作物から相当進んでいるが、多様化の方向は野生植物はもとより、サボテンその他の比較的マイナーな園芸植物に至るまでいろいろなことを調べられるようになる。バリエーションがあって交配できれば、遺伝子がわかる目処はあるので地道な交配準備がなされよう。

また、もう一つの方向性は形態を実際に作る物理化学的メカニズムの解明が進むはずである。遺伝子を決めることは、実はまだ出発点にいたのであって、遺伝子産物がどのような機能を担っているか、あるいは、細胞壁の硬さを部分的に変えて異方的成長を可能にするメカニズムなどは着実に解析が進められるべきことであらう。