

モデルと非モデルの境界が消える 2050 年

京都大学大学院理学研究科 浜地 貴志

自分のスタートラインの 2005 年には、サンガーシーケンシング・モデル生物ゲノム・ライブイメージング等といったことが、既に揃っていた。これらは今も現役の手法だが、その後の 15 年間にも大きな動きが確かにあって、「次世代」シーケンサー（超並列大規模配列解読技術群）やゲノム編集という技術が現在進行系で根付いていっている。その流れをフリーハンドで外挿し 2020 年からの 30 年を自分なりに描き出してみたい。

1. ライヴセルゲノムシーケンス

現在の遺伝暗号 DNA 配列の解読技術はすべて、いったん細胞を殺して破壊し、DNA 分子を取り出す必要があった。最新の「1 分子配列解読」技術群においても例外はない。細胞は必ず死ぬ。しかし極限環境サンプルなどで発見される培養不能微生物は存在そのものが希少であるばかりか、単離培養系を確立することができない。こうした微生物の種数は現在知られている培養可能生物のそれを遥かに凌駕すると考えられる。そして、この微生物多様性の中から、完全に未知の機能性化合物を産生する種が隠れている可能性がある。本技術はそうした細胞を殺さずにゲノム配列を解読して微生物の持つ全代謝経路を最初に同定することで、未知の有用機能化合物と、その生存・増殖のために欠けている要求分子の双方の生化学像をあぶり出すことが可能になる。

……やりたいことはおわかりいただける、と思う。「ライヴセル+ゲノムシーケンス」という方向性に気がついたのはかれこれ 5 年ほど前のことだ。しかし、正直どうやればいいのかは私にも未だにわからない。上に掲げた「目的」も仮のもので、実現すれば応用は無限に出てくるかもしれない（逆に何も出ないかもしれない）。

おそらく 1 分子イメージングをすることになるだろう、とは思う。しかし、細胞内で複雑に入り組んだ DNA 分子を、変性を介さずに標識する方法はあるのだろうか。標識シグナルも、おそらくかなりの種類が必要になる。色（波長）だけでどうにかなる範囲なのかどうか、この方面の現場経験に乏しい自分にはわからない。

ただひとつ言えるのは「どうすればいいのか、誰に聞いても何もわからない」という 2019 年時点の現状だけである。しかし、もしそれが（植物学に限らず）どこかの誰かに必要とされるなら、2050 年にはきっと何らかのかたちで技術的に確立されていてほしい、と思う。なぜなら、「ライヴセル」こそ配列解読における最大にして最後の障壁だからだ。生きたままゲノム配列を読む、ということはモデル生物と非モデル生物の間に聳え立つ高い壁をブチ破る突破口となってくれることを期待している。

2. モデル裸子植物の確立

「これからは、裸子（植物）が来る」

数年前、筆者の大学院の指導教員であった野崎久義准教授は、あるフランクな懇親の席で仰った。折しも、コケ植物やシャジクモ藻類のような、陸上植物の起源の鍵となるような生物のゲノムが矢継ぎ早に公開されている時期であり、私は真意を重ねて問うた。そうした生物学史を分類学・分子系統学の目つぶさに観察して来られた先生の意識は、しかし、その夜の時点ですでに遥か高みにあり、深遠なアイデアを即座に理解することは私には困難だった。しかし、植物学の数ある問題群の中でも常に中心であり続けている「花」・「種子」、いや「重複受精」の基部の状態を反映しているであろう裸子植物に焦点をあわせることは、進化生物学的な直観としては寧ろ当然、と、いささか長い年月をかけて思うようになり、いつもながら先生の洞察に敬服した。

たとえば漢方薬などの原料となるマオウはついこの間ゲノムが読まれた。ゲノムが読まれると、次は、遺伝子組換えは？と考えてしまうのは仕方がない。「トランスジェニック・マオウ」……ファンタジー小説から出てきたような魅力的な響きだが、きっとこの系統群は 30 年後の植物科学において今よりもずっとホットな魅力を研究者にあらわにしてくれるに違いない、と期待している。