

ミヤコグサから先端的遺伝子科学研究へ

財団法人 岩手生物工学研究センター 小岩弘之
 農林水産省農業生物資源研究所生理機能部 今泉（安楽）温子
 東京大学大学院総合文化研究科生命環境科学系 川口正代司
 小岩E-mail: hiroiwa@sv02.ibrc.pref.iwate.jp

ある著名な植物図鑑には、日本のミヤコグサ (*Lotus japonicus*) の説明が「マメ科の植物で道端の草地に生える多年草。茎はそう生して地に這い長さ15-35cm、葉と共に無毛。托葉は小葉と同大で卵状楕円形で長さ6-13mm、幅3-8mm。花は4-10月頃長い柄の先に1-3個ずつ鮮黄色で長さ葉15mm。がくは5深裂し、裂片は筒部より長い。果実は線形長さ2-3.5cm、染色体数は $2n=12$ 。分布は温帯から亜熱帯まで広い。北海道、本州、四国、九州、沖縄、台湾、朝鮮半島、中国、ヒマラヤ、ヒンズークシのシバール峠まで」とある。ごくありふれた、何の変哲も無い黄色い花咲く愛らしい植物である（写真1-2）。

これまで特別に注目されなかったこのミヤグサが、先端的遺伝子科学研究という分野で面白い活躍を始めた。ミヤコグサ研究に関わっている者として、それについての最近の話題・活躍振りを植物保護、自然保護関係者に紹介したい。

日本で最初にミヤコグサの研究を始めたのは50年以上前の京都大学平吉先生とされ、世界で一番ミヤコグサ研究が進んでいるのはJens Stougaard（デンマークの大学）研究室である。国内では、1993年から川口正代司（東京大学）が独自にミュータントを用いた発生・分子遺伝学的解析でミヤコグサ研究を推進展開している。国内の大学、研究所などの20以上の研究室において、*Agrobacterium*による形質転換及びその再分化能を有しているため、基礎植物学研究から形態学、細胞学、生理学、分子遺伝学、分子生物学からゲノム解析研究まで積極的に行われるようになってきている。

川口を中心にしたミヤコグサの研究会活動も活発に行なわれ、最近では若い学生・研究者を含めた関心を持つ多数の方が参加し、熱心な討議がおこなわれているのが現状である。私自身も今泉、川口、庄野らとミヤコグサ変異体を用いた根粒菌と宿主との共生機構に関する共同研究を行っている。それは、ミヤコグサ変異体を用いた世界最初の研究報告となり、雑誌の表紙をミヤコグサの根粒写真で飾った（PCP, vol.38,871, 1997）。

マメ科植物は、世界には2万種程が報告され知られていて、大豆などは世界の主要穀類の一つでもある。しかしながら、一般的に分子遺伝学的な解析は困難とされ、その有用形質を制御するような因子の解析研究では殆ど進展していない。マメ科植物の根粒菌による

共生窒素固定能力は、自然環境における窒素循環で大きな役割を果たしている。現在、窒素肥料の大量使用による周辺環境の水質では、動態性窒素汚染問題が表面化している。環境保全機能を探る環境バイオテクノロジー分野ではマメ科植物は有望な植物でもあろう。

欧米では別のミヤコグサ (*Lotus corniculatus*) は知られており、牧草としての飼料植物で有名であるが、日本のミヤコグサ (*Lotus japonicus*) は飼料としての価値は無いとされる。また、「種の起源」で有名なチャールズダーウインの名著「植物の運動力」の中にミヤコグサ (*Lotus gebelii*) が紹介され、ダーウインもそれに注目をしていたという事実は興味深い。

植物分野では、分子生物学研究モデルとしてアラビドプシス (*Arabidopsis*) が盛んに用いられており、その分子生物学成果情報は膨大である。アラビドプシスのゲノムサイズは120-130Mbであり非常に小さく、扱いやすいことも研究の利点である。現在、世界の研究機関が連係してアラビドプシスの全塩基配列の決定を急ぎ解析しているのは周知の事実である。ミヤコグサでも研究成果情報が増えれば、アラビドプシスでの分子生物学成果情報で、植物の分子生物学情報として普遍性があるもの、一方ではアラビドプシス固有の現象で普遍性は無いものでなどと興味ある判断がつくかもしれない。アラビドプシスのゲノム解析は、千葉県にある「かずさDNA研究所」が世界と分担してその解析を進めている。イネゲノム解析は、農水省イネゲノム研究プロジェクトで推進している。イネ (*Oryza sativa*) のゲノムサイズは430Mb、ミヤコグサでは450Mbであるとされている。最近、ミヤコグサの全ゲノム解析も「かずさDNA研究所」で開始されようとしている。更に、農水省農業生物資源研究所でも有用なミヤコグサの生理機能解析研究を開始しているという程の注目植物に今日に至っているのである。

ゲノムサイズが小さいマメ科のミヤコグサの全ゲノム解析を推進するという意義は、次の点にある。例えば、ダイズのような有用性が非常に高いが、そのゲノムサイズが大きすぎて解読は困難である場合、ゲノムサイズの小さなミヤコグサで解読し、その遺伝子情報や遺伝子座 (位置) 情報から、大豆など他マメ科植物における遺伝配列上での目的遺伝子の位置を予測し、効率よく目的遺伝子を探ることができる可能性が考えられるからである (シンテニー: synteny)。これは農業バイオテクノロジーに大きな貢献をするであろうと期待されている。既に、イネ科とアブラナ科におけるゲノム配列比較からこのシンテニーを予測するゲノム記事はサイエンスのゲノム特集に出ている [Science, vol, 282, 1999] ほどである。以上のように、現在ミヤコグサを材料とした分子遺伝学的解析が猛烈な勢いで進められている (化学と生物 vol. 36, No.12, 1998)。

ところで、マメ科における共生根粒菌の窒素固定は、植物と根粒菌（リゾビウム）との相互作用からなっている。その機構はまだ不明な部分が多い。これまで、Nod因子という根粒形成（写真3）シグナルの発見などの根粒菌（写真4-6）の側の関連遺伝子機能や発現機構はかなり明らかにされている。しかし、宿主側である植物体側の分子遺伝学的解析研究では多くの課題が残されたままである。

現在、多くの研究者達が根粒菌側はもちろん、宿主側植物からも共生現象のメカニズムを解明しようとし、様々なアプローチをしている。それから生まれる様々な知見報告は、いずれ環境科学や先端農業バイオテクノロジー分野で利用され、私達の生活の中でやがて活かされてゆくものとなるろう。

道端にみられる、何でも無い植物が、何時の間にか華々しい先端基礎生物科学研究世界に貢献をしているという事実を、私達は心に留め、見つけたら手に取ってよく観察して頂きたい程の価値ある植物である。今回、そんなありふれた小さな植物ミヤコグサにも目を向け、その別の顔を私は紹介したかったのである。それは名も無い人物が、本人の意識とは別に大きく展開して行く人生の歩みのようにさえ感じるというのは私だけであろうか？



写真1 ミヤコグサ群落

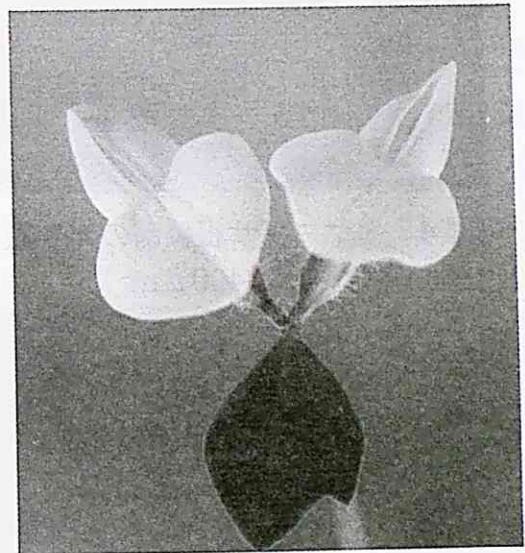


写真2 ミヤコグサ花卉

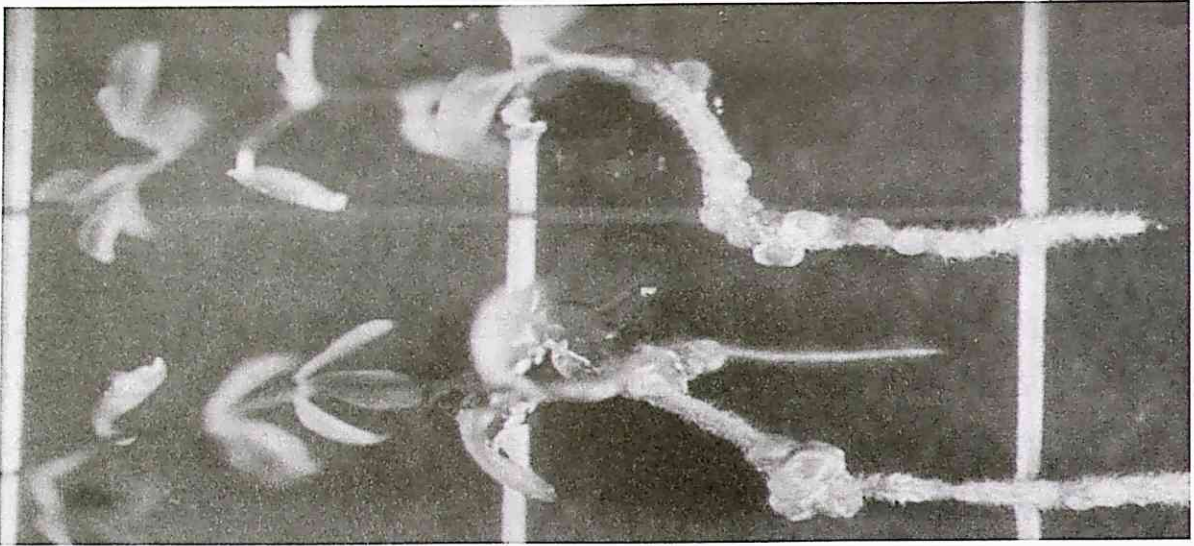


写真3 ミヤコグサの根粒

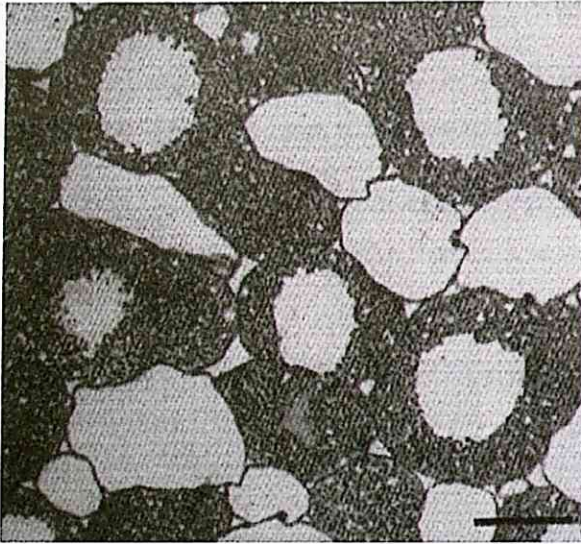


写真4 ミヤコグサ根粒菌の光学顕微鏡写真
スケールは400 μm

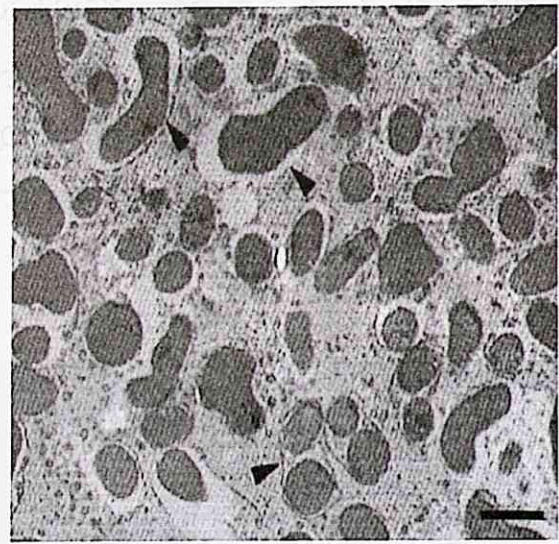


写真5 根粒菌の電顕写真
スケールは1 μm

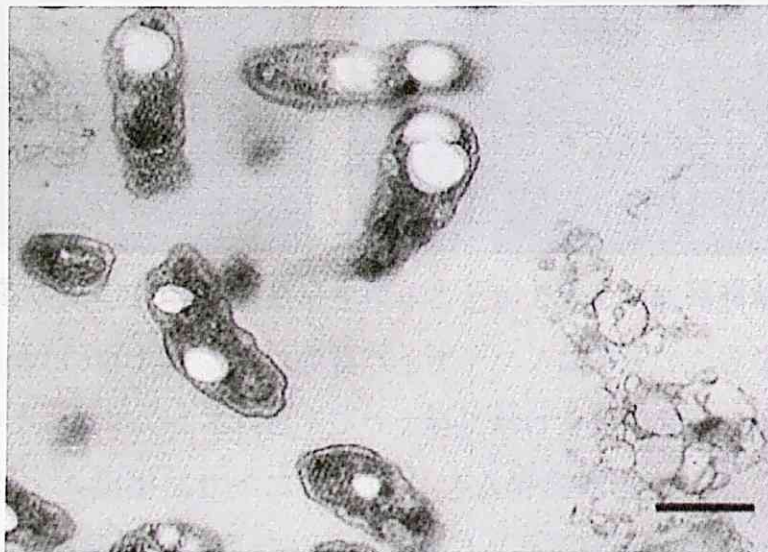


写真6 ある突然変異体の根粒菌 スケールは1 μm