

氏 名	佐々木 剛
学位(専攻分野)	博 士 (理 学)
学 位 記 番 号	論 理 博 第 1494 号
学位授与の日付	平 成 19 年 11 月 26 日
学位授与の要件	学 位 規 則 第 4 条 第 2 項 該 当
学位論文題目	コケ植物とシャジクモ類に存在する多数の受容体型キナーゼ遺伝子とそれらの古い多様化時期

論文調査委員 (主 査) 教 授 七 田 芳 則 教 授 阿 形 清 和 教 授 岡 穆 宏

論 文 内 容 の 要 旨

多細胞特有の遺伝子の多様化は、多細胞動物の形態的多様化とは直接関連せずに、時期的にはるか以前に完了していたことが明らかにされ、形態的多様化は新たな遺伝子を作ることによってではなく、既存の遺伝子を利用することによって達成されたと考える「ソフトモデル」が提唱されている。申請者は、ソフトモデルを一般化することを目的として、植物の多様化と遺伝子の多様化との関連を追求してきた。

このような研究を行うための基礎として、関連する生物の系統関係が明らかになっている必要がある。申請者はまず陸上植物の起源に関する分子系統解析を行った。陸上植物に近縁なグループであるシャジクモ類の藻類とコケ植物のゼニゴケから、核にコードされた複数のタンパク遺伝子を単離・配列決定し、最尤法によって分子系統解析を行った。その結果、シャジクモ類のなかでも単細胞の接合藻類が多細胞陸上植物と近縁であり、多細胞のシャジクモ目やコレオケーテ目はそれよりも遠縁の関係にあるという予想外の結果を得た。

次に、申請者はこの系統関係を基礎に、特に多細胞植物に多数存在する、細胞間情報伝達や発生制御に関与する、受容体型キナーゼ (receptor-like kinase; RLK) 遺伝子族の多様化パターンを分子系統進化学的に解析した。植物の進化のどの段階で RLK 遺伝子の多様化が起きていたのかについて調べるために、コケ植物のゼニゴケ、接合藻類のミカヅキモ、シャジクモ目のジュズフラスコモから、RLK 遺伝子を単離することを試みた。PCR 法を用いて RLK 遺伝子を探索した結果、ゼニゴケから 29 個、ミカヅキモから 14 個、ジュズフラスコモから 13 個の RLK 遺伝子を単離することに成功した。さらに、これらの遺伝子について、cDNA の全配列決定を行った。ゼニゴケの配列データを加えて RLK 遺伝子族の分子系統樹を推定した結果、機能・構造の異なるサブファミリーの多様化はゼニゴケと維管束植物の分岐以前にほぼ完了していたことが明らかとなった。同じサブファミリーに属する遺伝子の重複は、コケ植物と維管束植物の分岐前にも後にも起きていた。さらに、ミカヅキモおよびジュズフラスコモの RLK 遺伝子も加えた解析により、サブファミリーの多様化をもたらした遺伝子重複の多くは陸上植物と接合藻類との分岐やシャジクモ目との分岐より以前にまでさかのぼることも明らかになった。また、単細胞であるミカヅキモに多細胞の植物にとって重要であると考えられる RLK 遺伝子が存在するという事実は、今後、植物の多細胞化の分子機構を考える上で重要な手がかりになるとと思われる。以上の結果から、ソフトモデルは、動物だけでなく植物にも当てはまる可能性が示唆された。今後、他の遺伝子族においても同様の解析を行い、同じ多様化パターンが見られるかどうかを確認することで、ソフトモデルの一般化を行っていく。

論 文 審 査 の 結 果 の 要 旨

動物の形態的多様化と遺伝子の多様化との関連については多くの研究がなされ、多細胞動物に特有の遺伝子の多様化は、形態的多様化が起きるはるか以前に完了しており、むしろ単細胞の時代に遺伝子多様化が起きていたことが明らかにされている。このことから、形態的多様化は新たな遺伝子を作ることによってではなく、既存の遺伝子を利用することによって達

成されたと考える「ソフトモデル」が提唱されている。しかし動物以外の多細胞生物についてはこのような研究はなく、ソフトモデルが一般化出来るかどうかは明らかでない。

申請者は、緑色植物の系統関係を明らかにした上で、陸上植物で多様化したと考えられている受容体型キナーゼ (receptor-like kinase; RLK) 遺伝子族を用いて、植物の形態的多様化と遺伝子の多様化の関連を調べた。申請者はまず、陸上植物の起源に関する分子系統解析を行った。陸上植物に近縁なグループであるシャジクモ類の藻類11種とコケ植物のゼニゴケから、核にコードされた複数のタンパク遺伝子を単離・配列決定し、最尤法によって分子系統解析を行った。その結果、陸上植物に最も近縁な藻類は従来考えられていた多細胞性の藻類ではなく、単細胞の接合藻類であることを統計的に有意に示した。これまで多数の研究によっても解明できなかった重要な系統関係を高い確度で解決するとともに、信頼性の高い解析法の開発は、今後の研究に大きな影響を与えるものと期待され、高く評価できる。

次に、申請者は、コケ植物のゼニゴケ、接合藻類のミカヅキモ、シャジクモ目のジュズフラスコモから、PCR法によりRLK遺伝子を単離することを試み、それぞれ多数のRLK遺伝子のcDNA配列を決定した。ゼニゴケの配列データを加えてRLK遺伝子族の分子系統樹を推定した結果、異なる機能・構造を持つ遺伝子の多様化は、ゼニゴケと維管束植物の分岐以前にはほぼ完了していたことが明らかとなった。さらに、ミカヅキモおよびジュズフラスコモのRLK遺伝子も加えた解析により、これらの多様化は陸上植物と接合藻類及びシャジクモ目の分岐以前にさかのぼることも明らかになった。また、単細胞であるミカヅキモから多細胞の植物にとって重要であると考えられるRLK遺伝子が単離できたという結果は、植物の多細胞化の分子機構を解明する上で重要な意義を持つと考えられる。以上の結果は、形態的多様化に先立って遺伝子の多様化が完了していたという遺伝子の多様化パターンが、動物だけでなく植物にも当てはまる可能性を示唆しており、形態レベルの進化と遺伝子レベルの進化との関連を探る上で重要な知見が得られたと考えられる。今後、他の遺伝子族でも多様化のパターンを調べる必要はあるが、動物以外の生物で、形態的多様化が新しい遺伝子を作ることによってではなく、既存の遺伝子を利用することによって達成されたというソフトモデルをより一般化できる可能性を示した本論文の意義は大きいものと考えられる。

よって、本論文は博士（理学）の学位論文として価値あるものと認める。また、論文内容とそれに関連した事項について試問を行った結果、合格と認めた。