

遺伝子から植物のルーツを探る

総合情報学部 生物地球システム学科 星野卓二、正木智美（星野研究室）

Keywords: 植物の起源、遺伝子の塩基配列、葉緑体遺伝子、系統解析、植物地理学

1. 目的

分子生物学のめざましい発展によりさまざまな遺伝子の塩基配列が決定されてきた。近年、DNA をマーカー（指標）とした系統学的、集団遺伝学的解析技術が著しく発達し、植物地理学の分野でもその情報を取り入れた研究が盛んに行われるようになった。DNA 情報による解析は、形態情報に比べ、多量の形質データを扱えること、統計処理による信頼度の計算が容易なこと、環境の影響を受けないことなど多くの利点がある。さらに、PCR 法による DNA 増幅技術の開発により、葉の小断片や微量の花粉からでも DNA の抽出は可能であり、植物化石からの DNA 解析の例も報告されている。

本研究では、北海道と瀬戸内地方に隔離分布するアカザ科植物アッケシソウの起源を葉緑体 DNA を用いて明らかにすることを目的とした。

2. 瀬戸内地方に分布するアッケシソウの起源

アッケシソウ *Salicornia europaea* L. はアカザ科アッケシソウ属の一年生草本で、北半球の海岸や内陸の塩湿地に広く分布している。日本では北海道厚岸町の厚岸湖、網走市の能取湖やサロマ湖、根室市の風蓮湖など、北海道東部に分布している。また、北海道から遠く離れた瀬戸内地方の香川県や愛媛県の塩田跡地などにも分布がみられる（図 1）。アッケシソウがなぜ北海道と瀬戸内地方に隔離分布しているのかについては、北海道と瀬戸内地方を交易のために往復していた北前船により北海道から瀬戸内地方に持ち込まれたという「北前船説」がある。

本研究では、北海道と瀬戸内地方および韓国産のアッケシソウの遺伝子を解析し、瀬戸内地方に隔離分布するアッケシソウの由来を明ら

かにすることを目的とした。解析には、核リボソーム遺伝子 ITS 領域、葉緑体 *trnL-trnF* 遺伝子間領域、および葉緑体 *atpB-rbcL* 遺伝子間領域の塩基配列を用いた。その結果、瀬戸内地方のアッケシソウは北前船によって北海道から運ばれたのではなく、朝鮮半島から人為的に瀬戸内地方に導入された可能性が高いことが明らかになった。



図 1. 日本と韓国におけるアッケシソウの分布

3. 応用の可能性

河川の修復、道路工事の法面の修復のため植物が植栽されるが、遺伝子の攪乱を防ぐためにも植物の系統を明らかにする必要がある。植栽された植物の系統を判定するために、核や葉緑体の遺伝子の塩基配列が利用される。また、野菜や果樹などの栽培植物は人類が長い時間をかけて野生植物から品種改良し味覚、収量の改良を行ってきた。植物の遺伝子を利用し、それら栽培植物の起源を明らかにすることができる。