



DNA 解析技術ときのこのこの同定・分類

特用林産研究室 根田 仁

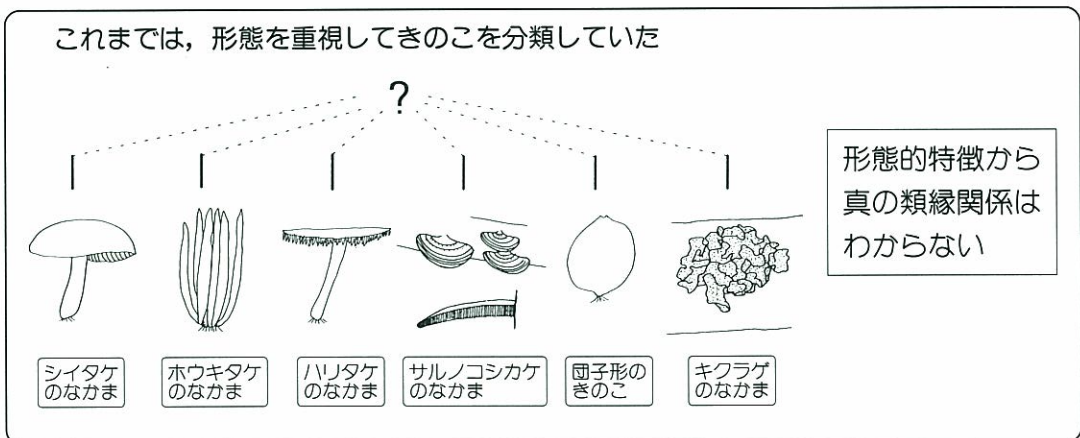
1. はじめに

コンピューターが急速に普及して、今では誰もが手軽に利用しています。同様に DNA 解析技術も進歩して、高度な解析を簡単に行えるようになりました。分類学の分野でも、DNA を利用した研究が盛んに行われています。

これまできのこの同定・分類は肉眼的、顕微鏡的形態の差異をもとに行われていました。しかし、もともと特徴が少ないため、見分けることはもちろん、類縁関係を知ることは専門家でも難しい状況でした。そしてどの特徴を重視す

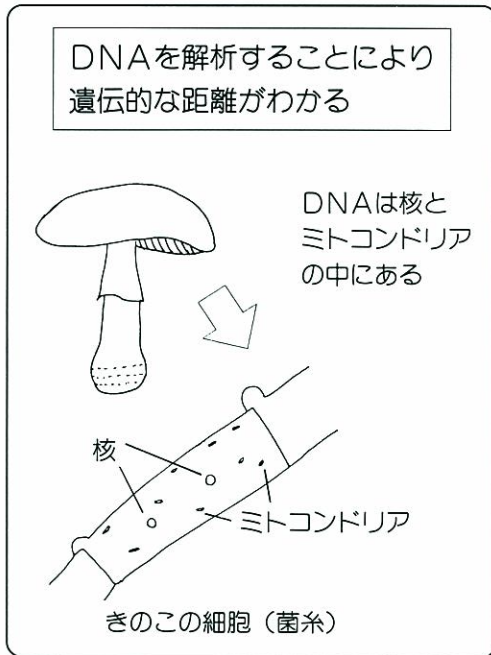
るかで、分類体系も別のものになります。さらに形態は進化の過程で、環境に適応していくために変化することが多く、「他人のそら似」の現象もあり、あまりあてになりません。

また、きのこはカビのなかまで、その一生の大半は菌糸と呼ばれる糸状の細胞の状態です。この段階で種を同定することは、さらに特徴が少ないため非常に難しい状況でした。しかし木材中、土壌中に生息するきのこを菌糸の状態と同定することができれば、木材腐朽、森林生態の多くの研究分野でもきわめて有益です。



2. DNA 解析技術とは

DNA は、遺伝子の本体で、生物の設計図の役割をはたしています。きのこでは、細胞内の核とミトコンドリアの中にそれぞれあります。DNA は、ヌクレオチドと呼ばれるものが直線状に多数つながった巨大分子で、この高分子は2本の鎖が互いに絡み合った形をしています。ヌクレオチドは、糖とリン酸と4種類の塩基から構成され、遺伝情報はこれらの塩基の配列で暗号化されています。ただし DNA 全体がすべて重要であるわけではなく、遺伝子として意味のある部分と意味が無いとされる部分があります。DNA は突然変異によって、時間と共に変化していきます。このため、近縁なものどうしのDNAは似ていますが、遠縁なものでは違いが大きくなります。この差から生物間の遺伝的な距離を客観的に測定できるのです。



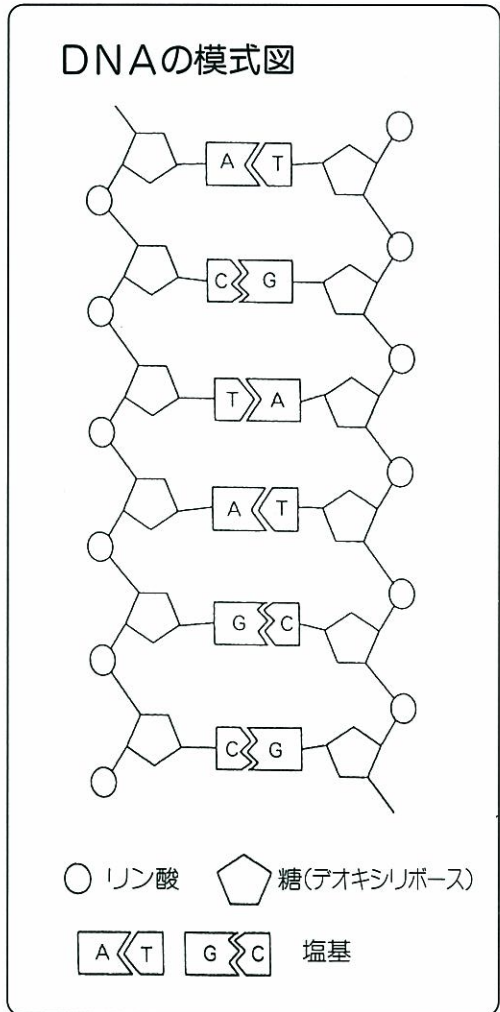
動植物では、DNA による分類が進んできています。ヒトと類人猿の分岐した年代が、それまで2000万年前以前とされてきたのが、DNA の解析の結果、500万年前に訂正されるなど画期的な成果が出ています。

3. DNA 解析技術によるきのこの同定・分類

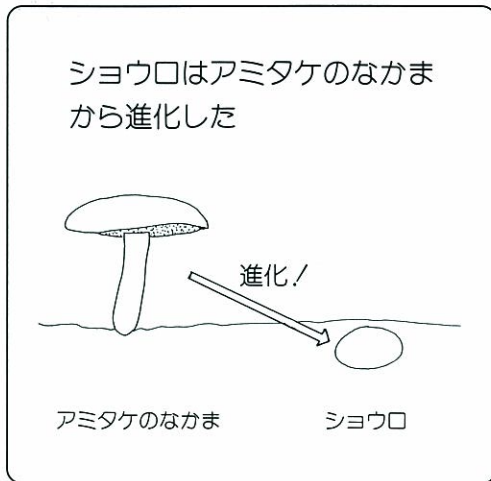
実際は、特定の遺伝子の DNA を調べて、その塩基配列の違いをもとに類縁関係を解析しています。よく使われる遺伝子はリボソーム RNA 遺伝子です。細胞の蛋白質(酵素)合成に関与する重要な遺伝子のため変異が少なく、類縁関係の解析に向いているとされています。

リボソームRNA遺伝子の一部

シイタケ	・CTCTGTCGCT--GAGAAGCT・
ヒラタケ	・CCCTATTGCT--GAGAAGTT・
マツタケ	・CCTTATTGCT--GAGAAGCT・
キクラゲ	・CCTTGTTGCT--GAGAAGCT・
パンコウボ	・AGGATCTGCTTAGAGAAGGG・



DNA 解析技術により、今までの形態をもとにした分類とは違う結果が得られました。ショウロは、マツ林の地中に発生するきのこです。団子のような形をしていて、一生を地中で生活しています。ショウロのような団子形のきのこを作るものは腹菌類と呼ばれていて、シイタケのようなきのこはまったく別のグループとされてきました。ところがショウロの DNA を調べたところ、アマタケに近縁であることが判明したのです。このきのこは地中で生活する方向に進化したため傘が開かず、しだいに団子形になってしまったと考えられています。



また、硬質菌と呼ばれるサルノコシカケ形のきのこ軟質菌と呼ばれるシイタケ形のきのこは別々のグループとされてきましたが、実は間違いであることも判明してきました。

今後、すべてのきのこの DNA のデータベースができると、逆に DNA からきのこの種名を同定することが可能になります。

さらに生態的な研究にも応用されています。個体識別できる手法を用いることにより、ある地域に発生したナラタケの一種の DNA を調べ、クローンごとのなわばりを特定しました。すると数千平方メートルにわたって同じクローンが菌糸を伸ばしていました。この例は、一時、世界最大の生物としてニュースになりました。

4. 問題点と今後の展望

DNA 解析技術には問題点が無いわけではありません。まず塩基の変異は、同じ部位で 2 回以上起きている可能性もあります。何回変異したか調べる手段はありませんし、複数回変異して元の塩基と同じものになった場合には、区別がつかないことになります。また塩基が欠落、挿入した場合はどのように扱うべきか問題です。そして塩基は 4 種類しかないので、でたらめに並べても 25% は同じになります。実際には、縁が遠くなるにつれ、塩基配列の類似度が 25% に近づき、一定になってしまいます。

さらに進化のある段階で、別の種の遺伝子が入り込むこともあります。すると「種は分岐するもの」という前提がくずれ、遺伝子の系統と種の系統が一致しくなくなります。

このような理由で、1 種類の遺伝子の比較で類縁関係を考えるのは、危険な面もあります。今後は複数の遺伝子で解析した結果をもとに検討することが普通になるでしょう。

ところで進化の過程で、あるきのこが別のきのこ何万年前に分岐したかが最も興味あるポイントです。突然変異による DNA の変異の速度は同一の遺伝子ではほぼ一定とされています。このことから塩基の変異数をもとに、ある程度の年代の推測ができますが、かなりの誤差があります。動植物の場合は、化石や地史的なデータを参考して補正することができます。しかしきのこの化石はほとんど無く、胞子が風で運ばれるため地史的なデータも役にたちません。なんらかの手法の開発が待たれています。

なお乾燥後 50 年間保存した標本からも、DNA を抽出し、遺伝子を増幅して、塩基配列を決定することが可能であることが報告されています。この結果、これまで分類における重要な資料として保存されていた標本を利用した DNA 解析技術が可能になり、きのこの分類研究が飛躍的に進歩する道が開けました。

きのこシリーズ (10)

エダウチホコリタケモドキ

高さ5～10cmの目だたないきのこで、注意しないと見落してしまうきのこです。全体は黄色～褐色で、長い柄の先が枝別れして、先端に胞子をつくります。屋久島より南に発生する熱帯性の珍しい菌で、採集例も少ないためその生態もほとんど知られていません。森林の腐植層から発生するのですが、何を分解して生きているのか未だに知られていません。この写真は沖縄で撮影したものです。この時はスコップで1m以上、きのこの根元を掘りましたが、だんだん細くなって、しまいにはわからなくなりました。このきのこは、ユーロチウム目というグループに属し、なかまに動物の骨に発生するホネタケ、柿の種から発生するカキノミタケなど風変わりな生態のきのこがあります。いずれも非常に珍しいきのこです。

(特用林産研究室 根田 仁)



写真-1 エダウチホコリタケモドキ
1989年11月、沖縄県与那覇岳にて

連絡調整室から

平成7年度国庫助成情報活動システム化事業の研究課題「風台風の影響による二次性森林被害調査」(6～8年度)の推進会議と地域重要新技術開発の研究課題「風害発生危険地域の判定及び風害に抵抗力のある森林施業手法の解明」(7～9年度)の設計会議が、4月18～19日に九州支所の会議室で開催されました。推進会議では、現在までの研究進捗状況の報告と今年度の試験計画が、設計会議では、研究の全体計画と調査内容などが討議されました。

平成7年度諸会議等開催予定

1) 九州地区林試協研究担当者会議

日時：平成7年8月30日(水)～9月1日(金)
場所：熊本厚生年金会館；メルパルク

2) 森林総合研究所九州支所研究発表会

日時：平成7年9月1日(金)13:00～17:00
場所：熊本厚生年金会館

九州の森と林業 No.32 平成7年6月1日

編集 農林水産省 林野庁
森林総合研究所九州支所
熊本市黒髪4丁目11番16号

TEL (096)343-3168

FAX (096)344-5054