



# 研究の“森”から

## No.167



### 担子菌の進化の目印 (*megB1*<sup>1)</sup>) を発見

#### はじめに

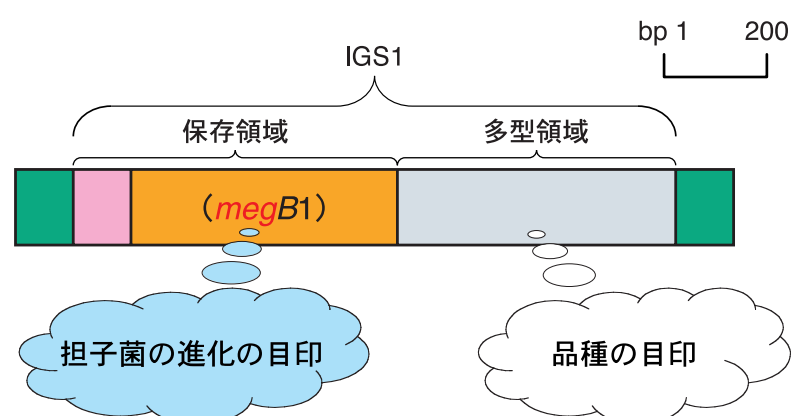
担子菌は、落葉や木材の分解菌として、植物と共生し生長を助ける菌根菌として、そして、樹木の病原菌等として自然界に幅広く分布し自然環境や物質循環を陰で支える重要な生き物です。現在、29,914 種記載され菌類分類記載種の 46.3% を占めます。なかでも「きのこ」と呼ばれるものは担子菌の 7 割近くを占めます。担子菌の分類は、今日でも、胞子や菌糸の色、形、子実体の特徴等を基にした人為的な形態分類が中心です。これは、菌類で系統や進化を考慮した分類を行うとすると生物学的種分類に必要な培養菌糸や、進化の時間推定で不可欠な化石資料等が得難いためです。

近年、リボゾーム RNA 遺伝子等、生物に共通する遺伝子の DNA の塩基置換率を進化の時間の物差しとする分子系統解析法が菌類でも取入れられ系統や進化の研究がより身近なものとなりました。分子系統学的に扱うことで、形態分類では全く別のグループであったものが近縁のグループとして、逆に、同属であったものが別属として分類される等の成果が出ています。しかし、この方法では、種や属等がどれ位昔に分かれたかということは推定できても、それが形作られたとき、どのような進化に繋がる後戻りの効かない現象が起こったかという疑問に答えることは難しく、そのためには新たな手法や目印が必要となっていました。当研究室では、最近、担子菌に特異な 500 塩基程度の DNA 配列 (*megB1*) の出現時期が、担子菌の進化の起点と良く付合することを発見し、これを担子菌進化の目印として注目し解析を進めています。

#### *megB1* の発見について

*megB1* は、リボゾーム RNA 遺伝子領域にある IGS1<sup>2)</sup>—DNA の塩基配列の違いを基にしたシイタケの品種判別法を開発する中で、偶然発見しました (<http://www.ffpri.affrc.go.jp/labs/shiitake/index.html>)。シイタケの IGS1 は品種間で塩基配列に違いがある多型領域と、違いが殆どない保存領域が対になっています (図 1)。この保存領域をさらに調べるとシイタケのみがもつ保存領域と、属、科など上位分類群でも保存されている *megB1* と命名する領域に分かれました。データベースに登録されている担子菌 37 属 119 種の IGS1—DNA の塩基配列を調べると、シイタケを含む 10 属 27 種で IGS1 に *megB1* が含まれていました。

次に、全ゲノム DNA の塩基配列が分かっている担子菌ネナガノヒトヨタケ、オオキツネタケ、*P.chrysosporium* (和名なし) で *megB1* の分布を調べると、*megB1* は IGS1 以外の領域にあることが分かりました。また、ゲノム情報が不明で、IGS1 に *megB1* がないことが分かっているナラタケ、マツタケ等で



保存領域：種内で保存  
多型領域：種内で多型を示す。

図 1. シイタケの IGS1 の保存領域 (*megB1*) と多型領域の関係  
緑色の部分はリボゾーム RNA の遺伝子の一部を表します  
(左：28S rDNA、右：5S rDNA)。

もゲノム中には *megB1* があり、その DNA の増幅ができることも分かりました。さらに、より原始的な担子菌である黒穂菌にも *megB1* が見つかる等、*megB1* は担子菌に広く分布していることが分かりました(図2)。

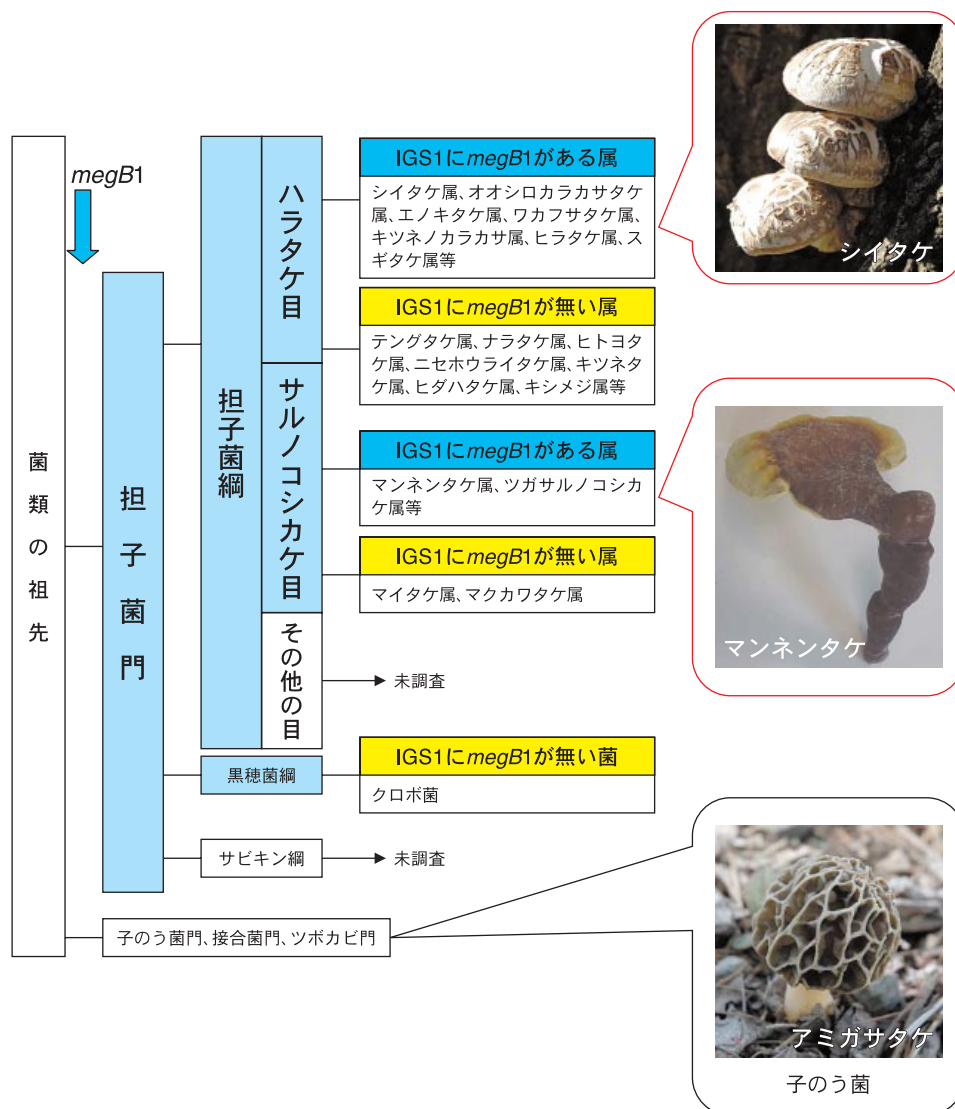


図2. 担子菌門における *megB1* の分布

(界、門、綱、目、科、属、種と分類学では階級が上位から下位へ分かります)

その一方で、子のう菌をはじめ DNA 情報が得られる他の全ての生物で *megB1* は全く検出できませんでした。つまり、*megB1* は数億年前に担子菌が他の菌類から進化する時、担子菌固有の DNA として出現し今日まで淘汰されることなく残っていることから、担子菌の進化に深く関わった DNA である可能性を示しています。このような特性をもつ DNA の発見は、菌類では初めてのことです。

## おわりに

研究は緒についたばかりです。*megB1* が IGS1 にある型とない型の進化機構の解明や IGS1 に *megB1* を持つ 10 属 27 種が現行の分類体系では同じ科や目に属していないことの解析等、課題も残っていますが、*megB1* の研究は、今後、担子菌の系統分類や進化機構の解明に多大な貢献をすると考えます。詳細は、Biosci. Biotechnol. Biochem., 71 (8), 1927 – 1939, (2007) でご覧下さい。

- 1) *megB1*: macroevolutionary genomic marker of Basidiomycota
- 2) IGS1: Intergenic Spacer 1

＜実行課題＞イア a20101

きのこ類の特性の生理生態学的解明

馬場崎勝彦、根田仁、村田仁、宮崎安将、関谷敦

角田光利 (きのこ微生物領域)

明間民央 (森林微生物領域)

研究の“森”から 第167号 平成19年12月28日発行

編集発行：森林総合研究所企画部研究情報科広報係

〒305-8687 茨城県つくば市松の里1番地

TEL：029-829-8134 FAX：029-873-0844

E-mail：kouho@ffpri.affrc.go.jp