

## 「今、流行のDNA分析」

### 1. DNA(デオキシリボ核酸)とは何か

1944年アベリーが遺伝子の本体はDNAであることを明らかにし、53年ワトソン・クリックによりDNAの二重らせん構造が発表されると、DNAに関する研究は急速に発展しました。

DNAは全ての生物の細胞にあり、一生の間全く変化しません。人間では一卵性双生児の場合を除くと、同じDNAを持っている人は二人とないため、現在DNA分析は犯罪捜査などに広く導入されています。また、最近ではドーキンスが「利己的遺伝子」という言葉を使い、生物個体は不滅の遺伝子の乗り物にすぎず、生き残ろうとしているのは遺伝子であると主張して注目されました。

DNAは過去と未来を結びつけており、DNAの個性こそが種の存続に大きく関わっていると考えられています。ですから、DNAの内容を調べることにより、多くの生物情報・生物の歴史を知ることができるのです。

### 2. DNA分析で何が分かるのか

89年宝来は、埼玉県浦和から出土した縄文人の骨から、ミトコンドリアのDNAを取り出し分析して塩基配列を決定しました。その結果、縄文人は東南アジア人と同じDNAを持っていることが分かり、日本人の祖先については「南方説」が正しいことが証明されました。またウィルソンは、人類共通の祖先は20万年前アフリカに住んでいた一人の女性「イブ」であると発表して、人類学者にショックを与えました。

塩基配列の変化は一定のスピードで起こっているという「分子時計」理論に基づき、ミトコンドリアDNAは母親が持っているDNAだけを伝えているため、ウィルソンはDNAの中で起こっている突然変異の回数を調べることにより、人類の母「イブ」が生きていた時代を計算したのです。

ダーウィンをめきにして進化論を語ることはできませんが、このようにDNA分析により生物の遺伝的距離を知ることができ、生物の歴史40億年

のなかで、例えば図-1のようにヒトに関する系統樹を推定し、形態学的な知見も加味して人類の進化により正確に迫ることができるようになったわけです。このような塩基配列のデータ蓄積により、ヒトがチンパンジー・ゴリラから分かれて独自の進化の道を歩み始めたのは、700~500万年前のアフリカでの出来事と考えられています。

### 3. きのこのA,T,G,Cはどうなっているのか

DNAの2本鎖は、アデニン(A)・チミン(T)・グアニン(G)・シトシン(C)という4種類の塩基によってしっかりと結ばれています。この4つの塩基は、アメーバのような単細胞生物から人間に至るまで、すべての生物に共通で、この並び方が遺伝情報そのものであるとされています。つまり、A,T,G,Cの4文字の並び方が遺伝情報の暗号になっているのです。したがって、この暗号を解読して生物の設計図を知ることにより、ヒト・インシュリンを大腸菌につくらせるようなことも可能になったわけです。

さて、きのこのDNAを分析するとどんなことが分かるのでしょうか。ここでは、私が試みに行ったチチタケ属きのこのDNAについてみてみましょう。秋の初めに発生する白い乳を出す黄色いチチタケのほか9種類のきのこについて、ミトコンドリア小リボソームDNAを分析して、その一部の塩基配列を決定しました。調べた塩基配列の一部を、例として図-2に示しました。これらの情報をパソコンソフトで統計処理すると、簡単に各々の遺伝的距離を計算してグラフをかくてくれます。

得られた結果(図-3)をみてみますと、毛深くてヒダの粗いケシロハツは、他のきのこからやや離れた関係にあることが分かります。また、ヒロハシデチチタケ、L.cilicioides、キチチタケ、チリメンチチタケの4種類は各々近い関係にあることが分かります。

他にもDNAの簡便な分析方法は多数開発されており、きのこの種やクローンの識別に有効であるとされています。さらに、DNA分析は害菌に

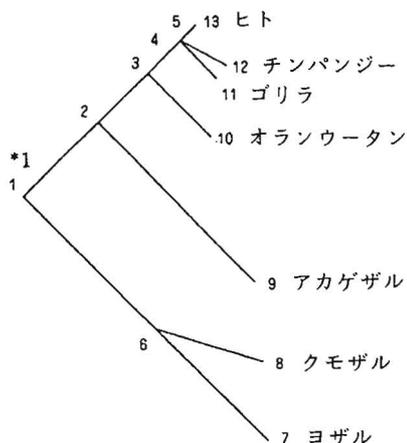


図-1 DNA塩基配列データによる系統樹の推定 (Kishino・Hasegawa 1989)

\*1 数値は枝分かれの順番を示し、各枝の長さは遺伝距離を示す

強い優良な品種を識別したり、形質の良い収量性の高い品種を選抜するのに利用できると考えられています。

4. DNA研究が明らかにするものは何か

誰でも施設のある研究室に行き、基本技術を習得すれば、簡単にDNA分析ができる時代になりました。その陰には、絶え間ない努力によりDNAに関する輝かしい発見・発明をした多くの人の功績があります。それら理論の一端を本などで垣間みると、我々はその素晴らしさ・すごさに感激せずにはられません。

現在、ヒトDNAの30億個という膨大な塩基配列を分析しようとするプロジェクトが進行してい

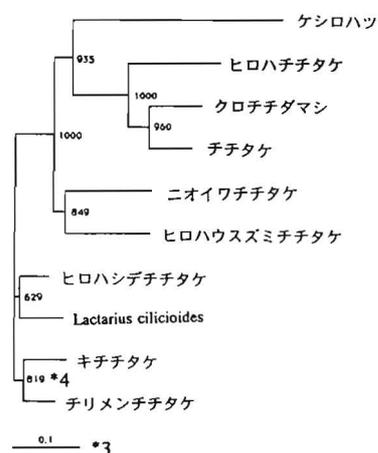


図-3 チチタケ属きのこの類縁関係推定の一例

\*3 図上での遺伝距離を示す水平の長さの単位 (1/2K<sub>ms</sub>)  
 \*4 分岐の確からしさを示す数値、1000に近いほど分岐する確率が高いと考えられる

ます。もし、ヒトDNAの塩基配列が全て解読されると、脳の研究、免疫のメカニズム、新薬の開発といった数多くの分野で大きな成果が上がるかと期待されています。また、さらに我々はダーウィン進化論や今西進化論を超えて、人類の進化を正しく解明することができるようになるかも知れません。

しかし一方で、人間が作り出した多くのものが、地球上に生息する生物のDNAに損傷を与えていることが次第に分かってきており、人類が解決しなければならない新しい課題となっています。

(特産部 竹内)

ヒロハウスズミチチタケ	ATGATATTACCTTATTATTAGTGTGCGTCCAAATCTGGTGCCAGAAGGACT
ヒロハチチタケ	ATGATATTACCTTACTATTAGTGTGCGTCAA- - - CTGGTGCCAGA -GACTC
ヒロハシデチチタケ	ATGATATTACCTTATTATTAGTGTGCGTCCAAAGTCTGGTGCCAGAAGAGTC
キチチタケ	ATGATATTACCTTATGATGAGTGTAGTCGAAGTATGGTGCCAGAAGACTA
チリメンチチタケ	ATGATATTACCTTATGATTAGTGTGCGTCCGAAGTCTGGTGCCAGAAGACTC
Lactarius cilicioides *2	ATGATATTACCTTATTATTAGTGTGCGTCCGAAGTCTGGTGCCAGAAGACTC
	***** ** ***** * ***** *

図-2 チチタケ属きのこの塩基配列の一部

\*2 和名のないチチタケ属のきのこ