

生物多様性の生理学的側面 ～植物の物質生産を中心に～

生物はその見た目が多様であることは疑う余地はないが、その体のしくみ、例えば「生物の体を構成し生命活動を維持するために機能する、有機物質やエネルギーをどうやって獲得するか」、「どのような刺激にどう反応するか」といった生理学的な（生命現象の機能的な）側面も非常にバラエティーに富む。

有機物質は、もとをたどればそのほとんどが二酸化炭素と水から光合成によって作られる簡単な糖を原料としている。生物が作る有機物質のうち、糖質・脂質・タンパク質・核酸などの生命にとって不可欠な、従って生物界に普遍的に存在するたぐいの有機物質は一次代謝産物と呼ばれ、それらの代謝経路（一次代謝経路）はどの生物でも似通っている。その一方で、特定の生物群や部位、成長段階、環境条件において見いだされる物質は二次代謝産物とよばれる。植物がつくる代表的な二次代謝産物としては、アルカロイド、カロテノイド、フラボノイド、テルペノイド、ステロイドなどがあり、古来より色素や香料、香辛料、医薬品として人間に利用されてきた。それらの代謝経路（二次代謝経路）は一次代謝経路から進化の過程で派生してきた。図1は被子植物における一次代謝経路と二次代謝経路の関係を模式的に示したものである。

トウガラシ（ナス科、*Capsicum annuum*）は唐辛子、辛いもの、というイメージが強いと思うが、そのイメージ通り辛さが強く、香辛料として用いられる品種（ハバペーニョ、鷹の爪）から、辛さはほとんど無く甘みが強い品種（ピーマン、パプリカ）まで様々である。図2は食料品店で販売されるトウガラシの果実である。品種や発達段階、栽培方法（ストレスのかかり方）、等で大きさや色（緑のクロロフィルと黄から赤のカロテノイド）、味が大きく異なる。「ししとう」（図2下段右端）はトウガラシの甘味系の品種とされるが、串焼きや炒め物で、強烈な辛さに辟易した経験をもつ人も多いのではないだろうか。トウガラシの辛み成分であるカプサイシン（図1中の構造式）は、シキミ酸から芳香族アミノ酸を経由して作られ、果実の中の種子がつく胎座とよばれる部位に多く含まれる。



図2 トウガラシの果実の多様性

以前は、植物にとっての二次代謝産物は老廃物でしかないと考えられていた。しかし現在では、生物間の相互作用（微生物や動物に対する防御・誘引、植物同士の情報交換など）や環境に対する適応（紫外線・大気汚染物質に対する防御、低温耐性）など、環境変動が大きい陸上で、移動能を持たずに生活する植物がより有利に生きるために、進化の過程で獲得したものと考えられている。カプサイシンや、日本料理に欠かせない「山葵（わさび）」の辛み成分、アリルイソチオシアネート（イソチオシアネートアリル）が、殺菌効果や昆虫・動物に対する忌避活性（遠ざける作用）を示すことは良く知られているが、これらの物質は植物の生体防御物質と考えることができる。

被子植物の特徴の1つに、量ならびに種類において非常に多くの二次代謝産物を生産し、それらを体内に蓄積することがある。コケ植物やシダ植物、裸子植物に比べ、被子植物は色や香り、味の多様性が大きいことからこの事が容易に理解できるであろう。（中西史）

【参考文献】

友田正司 著（平成4年）植物薬品化学 第4版。廣川書店
Bob B. Buchanan ら編著（2005）植物の生化学・分子生物学。学会出版センター

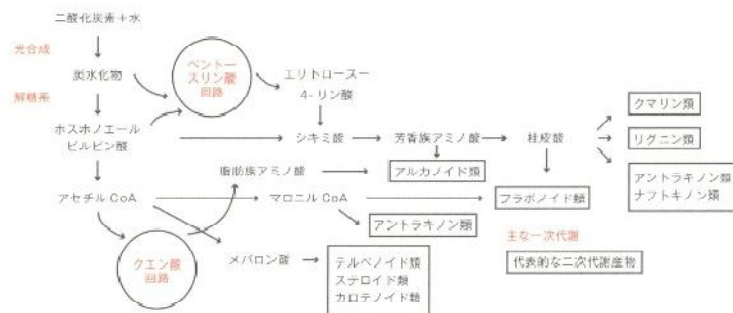


図1 植物の主な代謝経路とカプサイシンの構造式



生物多様性とは何か

Biodiversity in Phylogeny,
Morphology and Physiology

真山茂樹・岩元明敏・中西史
東京学芸大学

生物の多様性と系統

「生物には多種多様なものがある」。誰でも概念的にとらえていることでしょう。ところが「実際の身の回りに、どれだけ多様な生物がいるか」と聞かれると、戸惑う人が多いのも事実です。

学芸大の草地に立つて、そこから半径 1 メートル以内にある植物の種数を数えてみます。草地はどこにでもある普通の草地です。簡単に 10 種の植物は採集は可能です。次は農場にある田んぼの周りです。2011 年 8 月に小金井市環境市民会議のメンバーが調査したところ、田んぼと、畦周りには植物が 45 種、水棲動物(昆虫)が 14 種、昆虫・その他が 55 種、合計で 114 種の生物を見つけることができたそうです。

(<http://www.koganei-kankyo.org/gakushu/bickies-report2011-1.html>)
思った以上に、生物は身近なところにたくさんいるのです。もっと範囲を広げて、地球全体では生物の種数はどうなるでしょうか。そして、時間も広げて、過去に絶滅してしまった生物まで広げると、その数は途方もなく多くなります。

地球が誕生したのは 46 億年前。そして、現在、信頼する最古の化石は 35 億年前のもので、そんな時代に生存していた生物は細菌の仲間しかありません。それが、長い時間をかけて進化し、今日の生物の多様性が生まれたのです。生物の進化の道筋のことを生物の系統と呼んでいます。生物全体の系統がわかってきたのは、つい最近になってからのことです。以前の系統は、生物の形態と性質、つまり形質を比較することで研究されてきました。このため、多細胞生物の動物や植物では様々な研究がなされていましたが、進化の途上で生まれた、多種多様な単細胞生物については、形質が少なすぎるため系統関係を考えることが困難でした。

20 世紀の終わりに始まった遺伝子を用いた研究は、今世紀に入り加速しました。様々な生物群で、多様な遺伝子を用いられて研究が進められました。進化の速度は遺伝子によ

て異なります。進化速度の速い遺伝子は、進化的に近い関係にある生物間の系統を知るために利用される一方、進化速度の遅い遺伝子は、遠い関係にある生物間の系統を知るために使われます。そして、遺伝子を構成する塩基配列の相違度の違いから、あるいは、ある酵素を合成する遺伝子自体の有無から、生物全体の系統関係が明らかになってきました。また、遺伝子から考えられた生物の系統は、電子顕微鏡による微細構造の研究結果からも、支持されるようになりました。

図 1 は生物全体の系統を表しています。進化の根本にあるのは真正細菌と古細菌という原核生物のグループです。共に古い時代に進化した生物で、その後 8 つのグループよりなる真核生物が登場します。8 つのグループは、さらに大きく分けると、オピストコンタ(後方鞭毛生物)、アメーボゾア(アメーバ状生物)、バクコンタ(2 鞭毛生物)の 3 グループに分かれます。いわゆる「動物」と呼ばれる後生動物や、「カビ・キノコ」である菌類はここに含まれます。この 2 つの生物群は、従来は全く異なるものと考えられていましたが、実は、進化の上では近縁な関係にあったのですから驚きです。アメーボゾアの生物は鞭毛を持つことがない生物です。また、バクコンタは鞭毛のないものもありますが、生活環の特定のステージでは 2 本の鞭毛をもつ生物です。また、鞭毛の生えている側を前方にして泳ぐ特徴を持っています。ここには、陸上植物を含む狭義の植物の他、ストロメノバイル、アルベオラータ、リザリア、盤状クリステ類、エクスカバートの生物群が含まれます。聞き慣れない生物群が多いと思いますが、これらのほとんどは単細胞性の生物で水中に暮らす生物です。

地球は水の惑星とも呼ばれます。実際、地球の表面の 70.8% は水で覆われています。生命は水中で誕生し、水中で進化を続けました。生物が陸上に住むようになったのは 4 億年前です。私たちはたまたま陸上に暮らす生物です。でも、もう少し、水の中に興味をもつと、今まで想像もしなかった多様な生物の世界が見えてくるのです。(真山茂樹)

生物多様性の具体例～サクラ属の分類～

サクラ属(*Prunus*)はバラ科(Rosaceae)サクラ亜科(Prunoideae)に属する落葉又は常緑の高木又は低木で、温帯を中心に世界に 200 種以上が分布しており、特に東アジアで多様化している(大場, 1989)。春から夏にかけて開花する種が多いが、秋咲きあるいは冬咲きの種や品種も存在する。サクラ属には一般にも親しまれている植物が多い。その名前から分かるように、ソメイヨシノ、ヤマザクラ、エドヒガン、オオシマザクラなどのいわゆる「サクラ」はもちろん、ウメ、モモ、アーモンドのような果実が食用に適する植物群もサクラ属に含まれる。このように様々な植物を含むサクラ属であるが、特に花と果実の形態は多様化している。そのため、サクラ属内には花や果実の形態に基づき、いくつかの亜属が認識されてきた。分類学者により見解は異なるものの、スモモ亜属(*Prunus* s.s.)、モモ亜属(*Amygdalus*)、アンズ亜属(*Armeniaca*)、ウワミズザクラ亜属(*Padus*)、狭義サクラ亜属(*Cerasus*)、そしてバクチノキ亜属(*Laurocerasus*)の計 6 亜属が一般的に認識されている。

しかし、広義サクラ属および近縁植物を用いた分子系統解析の結果、この 6 亜属への分類は系統を反映していないことが明らかとなった(Leo & Wen, 2001; Wen *et al.*, 2008)。特に、狭義サクラ属、ウワミズザクラ属、バクチノキ属は単系統群にまとまらず、多系統群を形成している(図 1)。このように形態に基づいた分類は必ずしも分子系統解析の結果とは一致しない。これは当然と言えば、当然のことである。すなわち、自然に存在する多様な生物群を人間が恣意的に選んだ形態で分類しても、系統を反映したものになるとは限らないのである。

だが、だからと言って分類を分子系統だけで行うのも問題である。なぜならば、分子系統解析で用いる DNA や RNA、タンパク質の配列は当然人間の眼では見ることができない(それぞれの抽出を行い、専用の機械で解析して初めて配列が分かる)。そうすると、分子系統だけで分類を行っても人間には種の違いを認識することができなくなってしまう。そもそも分類とは人間が生物の多様性を把握するためのツールであるから、これは本末転倒である。

そこで、現代の植物分類学では分子系統解析によって得られた系統樹を元に、新たな分類形質を探索するということが行われている。ここでサクラ属の分類に戻ってみよう。前述した通り、サクラ属内はこれまで花と果実の形態によって分類されてきたが、これは分子系統の結果を反映していなかった。一方で、サクラ属にはシュート構成(分枝様式)にも様々なパターンがあり、多様化していることが示されている(Iwamoto *et al.*, 2001)。このシュート構成パターンの研究をさらに進めた結果、1 つの葉腋に形成される腋芽(冬芽)の数とその形成過程、そこから展開する枝が花枝、栄養枝、混成枝のいずれであるかなどが、系統を反映した形質である

ことがわかりつつある。

このように、現在は分子系統によって明らかになった系統に基づいて新しい分類のための形態を見つけ、それによってその群の多様性を新たに捉え直すということが行われている。すなわち、生物多様性の理解は固定化されたものではなく、今も新たな解析結果に基づいて日々新しくなっているのである。こうした生物多様性研究の実態を理解することは、生物多様性を救えること、また学ぶこと両面に置いてきわめて重要である。(岩元明敏)

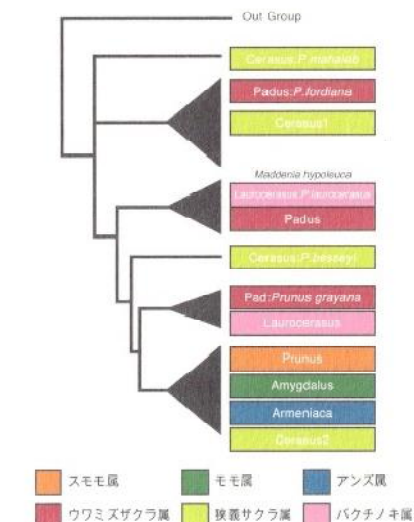


図 1 サクラ属(*Prunus*)の分子系統樹と分割後の 6 属の関係。系統樹は Lee & Wen (2001) の分子系統解析の結果を改良して作成した。6 亜属の分類は Ohba & Endo (2001) に基づく。この図に示されるように 6 亜属は系統樹のまとまりと一致せず、系統を反映していないことが分かる。

