



もう一つのカルチャーコレクション

自然の森や林には、多くの種類の真菌類がそれぞれの役割を果たしながら生活している。恐らく小さな林でも大きなカルチャーコレクションの保存種数に匹敵するか、それ以上の菌種が定住しているものと推定され、その大半は林が破壊されない限り、そこに住み続ける。すなわち、森は一種のカルチャーコレクションである。

従来、この種のコレクションを有効に利用する方法—必要な種を必要な時に取り出す方法は極めて不完全であった。その理由は、個々の種の分布に関する情報が著しく不足で、目的の種がどんな生息場所にどの程度の密度で分布しているのか予測できなかったからである。不足の原因は、分離源=土壌、分離方法=希釈平板法という組み合わせが分布予測に必要な出現菌の定性・利用基質(物)などの情報をほとんど提供しないからである。最近の優れた土壌菌要覧¹⁾ですら、分布の記述が大まかかつ歯切れが悪いというのは、こうした理由によるものであろう。

ところで、筆者は松の葉の分解に伴って、落葉上の菌類が種交代する現象—遷移を本邦の各地で調べ比較したところ、数種の分布パターンが葉の腐朽程度と調査地の年平均気温の両方に関連があることを発見した。²⁾たとえば、不完全菌の一種は、年平均気温6~21°Cの範囲の松林に分布するが、分布の中心は14~16°Cの範囲にあった。そして、この種は主に黒色化初期から黒色化した葉に生活し、分布中心域で、上述の分解段階の葉からの出現頻度は65~75%—落葉10本中7本位から出現する—であると計算できた。こうしたことから、微小な腐生菌類も基質(物)や微小生息場所の種類を限定すれば、高等植物のように気候(多くは温度要素)を制限要因とする分布パターンを示し、分布密度の予測ができるのではないかと筆者は考えた。この推論はわずか26地点の調査結果から導いたものであったが、その後調査した100地点(気温範囲-3°C~

28°C)の結果から得た分布パターンは26地点からのものときわめてよく一致した。また、この推論を支持する分布パターンを持つ菌類も増えつつある。³⁾

現在筆者が利用できる自然のカルチャーコレクションは、松林のリーフリターのみで、自由に取り出せる種類も多くはない。しかし、最近の高等生物の分布理論が真菌類の分布の説明にかなり適用できることが示されているから、⁴⁾今後しばらく各菌種の基質スペクトルや生息場所の探索を行えば、菌の分布パターンを予測でき、自由に分離できるようになると期待される。ところで、近年多くの種を保存している各地の自然林がほとんど未調査のまま失われて行くを見聞し、心を痛めている。貴重なカルチャーコレクションをぜひ保存し、利用して欲しいものである。

- 1) Domsch, K. H., Gams, W., Anderson, T. -H.: *Compendium of Soil Fungi*, Vol. 1, 859, Academic Press, London (1980).
 - 2) 徳増: 微生物の生態(微生物生態研究会編), 9巻, p. 137, 学会出版センター, 東京(1981).
 - 3) Tokumasu, S.: *Trans. Mycol. Soc. Japan*, 24, 425 (1983).
 - 4) Wicklow, D. T.: *Biology of Conidial Fungi*, (Cole, G. C., Kendrick, B.), Vol. 1, 417 (1981).
- (筑波大・生物科学系・菅平高原実験センター・徳増征二)

発生、分化に関するマウス t 領域のクローニング

高等動物の発生、分化の問題については最近ショウジョウバエを用いた homoeo box の研究が盛んであるが、マウスなど哺乳類の初期胚発生段階での分化と遺伝子発現制御の問題も、今後発展の期待される分野である。

このようなマウス初期胚の分化を扱う系として、約半世紀前に発見された t 変異マウスが現在も注目されている。¹⁾ t 変異をホモにもつマウスはある特定の初期胚発生段階で致死となり、各致死段階によって t^0 , t^9 , t^{12} , t^{w1} , t^{w5} , t^{w32} などのグループに分けられる。また異なるグループに属する t 変異をヘテロでもつマウス(例えば t^{12}/t^0) は生存でき、各グループは互いに相補性がある。したがってこの t 領域は、マウス胚発生に必須な遺伝子群を含むように思われる。しかし t 領域はマウス第17染色体の H-2 複合体に隣接して存在するが、正常な組み換えが抑制されるため、その変

異が実際どのような種類のものであるか不明であり、発生に対する関与も然ることながら、そのような t 変異を生み出した進化的背景にも興味もたれている。さらにこのような t 変異をもつ精子は、野生型よりも受精する確率が圧倒的 (90%以上) に高く、自然界にこの変異をもつマウスが多い原因となっている。

このような多くの奇妙な現象を引き起こす t 変異の解析も、実際にその現象と結びつく具体的な物質や活性が発見されなかったため長く混迷したが、Silverら²⁾が精細胞の精密なタンパク二次元電気泳動により、t 変異に特徴的なスポットを見出したことで、新たな展開を見せた。彼はこのタンパクを TCP-1 と名付け、染色体上の t 領域にマップした。このタンパクは細胞表面タンパクで精細胞だけでなくマウス初期胚 (2 細胞期以後) でも発現していることが明らかになり、前述の t 変異に特有の現象と何らかの形で関与していることが予想され、非常にその生理的役割に興味もたれた。

しかしその後、Tcp-1 遺伝子のクローニングは思ったように進まず、多くは t 領域周辺の H-2 領域の制限酵素マップの比較による進化的研究³⁾や、t 領域を含む染色体を顕微鏡下で直接切断し、マイクロクローニング⁴⁾するという (新たな技術の開発とはなったが) やや力尽くの感のする余り有効でない方向に進んだ。

しかし最近になって、やっと Tcp-1 の cDNA および genomic DNA のクローニングが成功した。⁵⁾ 現段階では、野生型と t 変異型の間で Tcp-1 遺伝子について約 10 個の塩基対およびアミノ酸の置換が明らかとなり、t 変異の起源も、約 1~2 百万年以上前と推定されたのみで生理活性については全く不明であるが、この仕事は今まで漠然とした未知のベールをかぶった t 領域の真中に一つの明確な足掛かりを与えたもので、以後、遺伝子マッピング、進化論的考察、生理的役割などを研究する上で、有力な拠点になることは明らかであり、今後の発展が期待される。

- 1) Bennett, D.: *Cell*, **6**, 441 (1975).
- 2) Silver, L. M. *et al.*: *Cell*, **17**, 275 (1979).
- 3) Silver, L. M.: *Cell*, **29**, 961 (1982).
- 4) Röhme, D. *et al.*: *Cell*, **36**, 783 (1984).
- 5) Willison, K. R.: *Cell*, **44**, 727 (1986).

(阪大微研 森田 隆)

制限・修飾系酵素の遺伝子配列

細菌は、細胞内に侵入した外来 DNA を分解する制限酵素と、自己 DNA をメチル化し自己の制限酵素に不感受性にする修飾酵素から成る制限・修飾系をもっている。細菌が生育するためには、自己の DNA を修飾酵素で保護し制限酵素の作用をまねがれねばならず、制限酵素が発現するのに先立ち、修飾酵素が発現している必要があると考えられる。しかし、実際に両遺伝子の発現がどのようにコントロールされているかについては未だ明らかではない。

近年、制限・修飾系遺伝子が相対でクローニングされ、一部については全塩基配列も明らかにされている。1981年に、*E. coli* の薬剤耐性プラスミド pMB1 上の、*EcoRI* 制限・修飾系遺伝子の全塩基配列が明らかにされて以来¹⁾、今日までに *EcoRV*, *Paer7* (いずれもプラスミド支配), *BsuRI*, *HhaII*, *PstI* (いずれも染色体支配) の全塩基配列が明らかにされた。これら制限・修飾系遺伝子の配置および転写は、個々の菌で異なっており、例えば、*Paer7*, *HhaII* の場合は修飾酵素—制限酵素の順に、*BsuRI*, *EcoRI* では制限酵素—修飾酵素というように逆の順ではあるが 1 本の mRNA に転写される。一方、*PstI*, *EcoRV* では制限酵素と修飾酵素の各々にプロモーターが存在し、反対方向に別々の mRNA に転写される。ただ一つ共通していえることは、両構造遺伝子は最大でも 800 bp 程度しか離れておらず、極めて隣接しているということである。

制限酵素と修飾酵素は同じ塩基配列を認識することから、両者のアミノ酸配列に相同性があるのではないかと思われたが、今までのところ両者の間に相同性は認められていない。

では、同一の塩基配列を認識する酵素 (isoschizomer) の間で相同性はあるだろうか。制限酵素では isoschizomer) が未だクローニングされていないので比較できないが、修飾酵素についてはいくつかの isoschizomer がクローニングされている。*BsuRI* メチラーゼ (M・*BsuRI*), *BspRI* メチラーゼ (M・*BspRI*), SPR メチラーゼ (M・SPR) は、いずれも GGCC を認識し、^{*}C をメチル化する酵素である。各々の遺伝子を *Bacillus subtilis* R, *Bacillus sphaericus* R, SPR phage からクローニングし、全塩基配列を決定し、アミノ酸の一次構造を比較した。²⁾ M・*BsuRI* と M・