

現代の成分分類学

最近、植物の分類や系統の研究、変異の研究の手段として、植物の化学成分をとり上げることがとみに多くなって来た。そこで、2月25日、成分分類学についてこの方面の第一人者である大阪府立大学の桃谷好英博士をお招きしてお話をうかがった。寒さきびしい信州に足を運ばれ、長時間にわたって懇切なお話を頂いた博士には改めて厚く御礼申し上げる。

例年の通り以下にお話の内容を抄録するが、原稿の校閲を頂く時間がとれなかったために、抄録者の理解不十分の故の誤りも多いことと思われる。抄録者の責任としてははじめにお断わりしておきたい。

1. 成分分類学とは

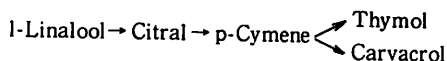
成分分類学といえば、おそらく何かの化学成分を指標とし生物を分類することと考えられるにちがいない。それなら、比較生化学あるいは比較生理学のデータを使用すれば、こと足りものと思われる。

Oparinは、化学とは物質変化に関する全般的な法則性を求めるものであるといい、生命の起源や進化はその物質変化の一環として取り扱うというのが基本的な立場であった。この考えはあまりにもばく然としているが、最も当を得たものかもしれない。Kluyverは、比較生化学とは系統・進化を扱うものではなく、生命とは別途の既知の化学系をとり扱うものと定義した。「比較生化学」を書いたBaldwinは最も一般的な意味で生命の表われにともなう生化学系を研究するものとした。ともに、生命現象から派生した物質の化学という点において生命現象そのものを対象にしているのではない点、従来の比較生化学の性格がうかがわれる。

ところで、生物の含む物質を定性、定量的に比較するというのは、外部形態を比較することと意味はちがわない。分類学は、生物の系統や進化の跡づけをおこなうところに大きな役割があるが、単に物質の有無の比較に止まる限り、たとえばA・B両者の系統関係はわからない。形態を扱う場合には、A・Bの周辺群を十分に調査吟味し、両者の系統関係を推断していくが、成分の場合には周辺群を含めて大量に迅速に扱うわけにいかないのがふつうである。A・B両者の相異を知ることが目的ならば、成分検出という面倒な時間も金もかかる操作をしなくても目でみて分る場合にはそれで十分であるといえる。

ところが、生物の代謝系の比較ということになれば

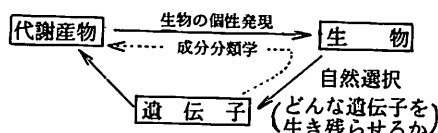
ば意味は異なる。古い話では、脊椎動物における排泄物と系統の関連の例があるが、これは系統を反映した代謝系の表われとみることができる。日本の成分分類学の創始者とされる藤田安二氏は、1963年、トウバナ属の精油成分を分析し、精密な代謝地図をつくり上げた。ここでは、たとえば、



の代謝系がみられるが、Thymolからl-Linalool, の逆行は起らない。反応の進行方向がきまっているとすれば、物質の側から進化の系列を読みとることができるのではなかろうか。藤田は、しばしば外部形態から区別がつかなくても代謝系がちがえば別種であるという大胆な主張をおこなったが、それはともかくこの場合はl-LinaloolからThymolへの代謝系をもつ群とCarvacrolへの代謝系をもつ群の極めて近い2系統を認めることができる。これが、物質を物質そのものとして把える場合と代謝系の中で把える場合の大きなちがいである。

私は従来の比較生化学と成分分類学の関係を次のように位置づけている。

..... 比較生化学



比較生化学が代謝産物の化学から生物の個性にアプローチするのに対し、成分分類学は自然選択の機構をも含めて集団あるいは生物群から出発し代謝産物を評価する点きわだった特徴といえる。しかし、学問の進展にともなって将来は、比較生化学と成分分類学は合一されるものと期待している。

2. 比較に使える形質

それでは、系統、進化を跡づけるための成分分類学が対象としている形質にはどんなものがあるだろうか。列举してみたい。

(1) 分子化石の存在 たとえば、 $C_{60}H_{14}$ といったような石油成分は 10^{10} 年という半減期をもち寿命が極めて長い。こうした成分の有無から系統の新旧が判定できる。

(2) 代謝産物 生物集団中における単一成分の存在は、外部形態の取り扱いと同じ意味で使用できる。

(3) 同系成分 先述のような代謝地図と系統の対比が可能である。

(4) 高分子の比較 将来の成分分類学の主流は高分子の研究にあるといってよい。なかでも、核酸とタンパク質が対象となる。

a 核酸

・DNA-DNA 雑種形成およびDNA-RNA 雑種形成：核酸同志の親和性の度合を比べる。

b タンパク質および酵素

・抗原抗体反応：ウサギなどを用いる。ひっかからない成分があることが難点である。

・アイソザイムおよび同系タンパク質群：活性は同じであるが電気泳動法などで分離できる酵素群あるいはタンパク質群であり、同義遺伝子集団によって生ずるものと考えられる。したがって、自然選択にかかることなく、中立的な形質といえる。生物のもつ化学構造には、歴史性がきめるものと機能がきめる構造とがある。後者は選択圧をうけるが前者は選択されない。この意味において、アイソザイムの研究は生物の歴史性つまり系統を調べる手段として有効となる。

・雑種酵素分子：たとえば、ヒトの胎児のヘモグロビン $\alpha_2\gamma_2$ とサルヘモグロビン $\alpha_2\gamma_2$ から O_2 の

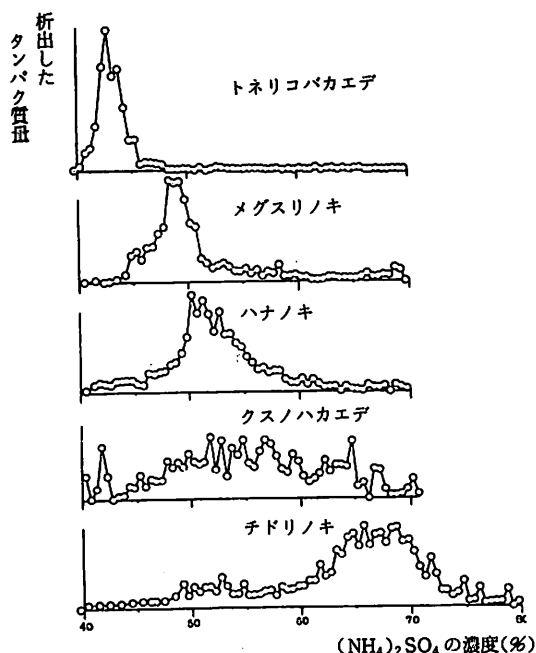


図1. カエデ属各種の種子タンパクの組成の相異 (グラフのピークに当る個所にそれぞれ異ったタンパク質がある)(桃谷 1962)

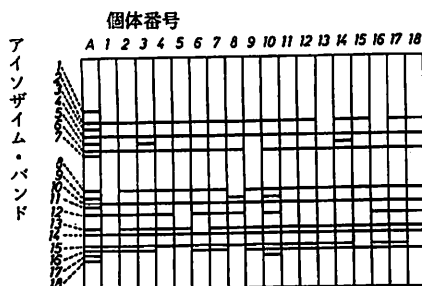


図2. イズミカンアオイの一小集団におけるベルオモシダーゼ・アイソザイムの変異 (A はすべての個体から推定/れたバンドの位置を示す)(岩永・桃谷 1976)

変換機能の変らない $\alpha_2\gamma_2$ の雑種をつくることのできることから、サルとヒトの近縁性が理解できる。

・タンパク質の一次構造および高次構造：タンパク質のアミノ酸配列とその折りたたまれ方の比較

・酵素の基質特異性：たとえば、チトクロームCとチトクローム酸化酵素をいろんな生物からとり出して両者間の適合性の度合を判定する。

3. 二、三の研究例

(1) カエデの分類

私はカエデ類の種子タンパクを $(NH_4)_2SO_4$ で塩析し、 $(NH_4)_2SO_4$ の濃度と濁度のパターンを調べ種によって明瞭な差のあることを知った(図1)。いま、A種よりa個、B種よりb個の成分が区別されp個が共通であるとすれば $(a+b-2p)/p$ をもってA、B両者間の類縁の度合を表わすことができる。この方法によって、すべての2種間の遠近の度合を求め、系統関係を図示することに成功した。

(2) サクラソウ属のアイソザイム

山口 聡氏は、ユキワリソウ群のベルオキシダーゼのアイソザイムを調べ、染色体倍加とアイソザイム・バンドの増加が平行して起ることを確めた。

(3) イズミカンアオイのアイソザイム

和泉山脈特産のイズミカンアオイの5つの小集団から個体ごとにベルオモシダーゼのアイソザイムを調べた(図2)。5集団すべての個体に共通したアイソザイム・バンドには1本もなく、その生態とも考え合わせていちぢるしい変異の蓄積がおこなわれていることが判明した。

討論は省略しました。(抄録 清水建美)