

分子系統樹推定による失われた生物多様性の解明

足立 淳 データ科学研究系 准教授

2021年6月18日 統計数理研究所 オープンハウス

目的：失われた？ 態システムの多様性の解明
大量絶滅という現象を進化の枠組みで考える

- 人類の歴史は地球環境の激変の歴史でもある
- 地質時代に繰り返された大量絶滅と現在進行形のヒトによる大量絶滅を評価できないか
- 生物多様性の変遷の評価には遺伝的多様性が重要
- 現存生物の遺伝情報だけでなく、過去の様々な年代の遺伝情報が必要

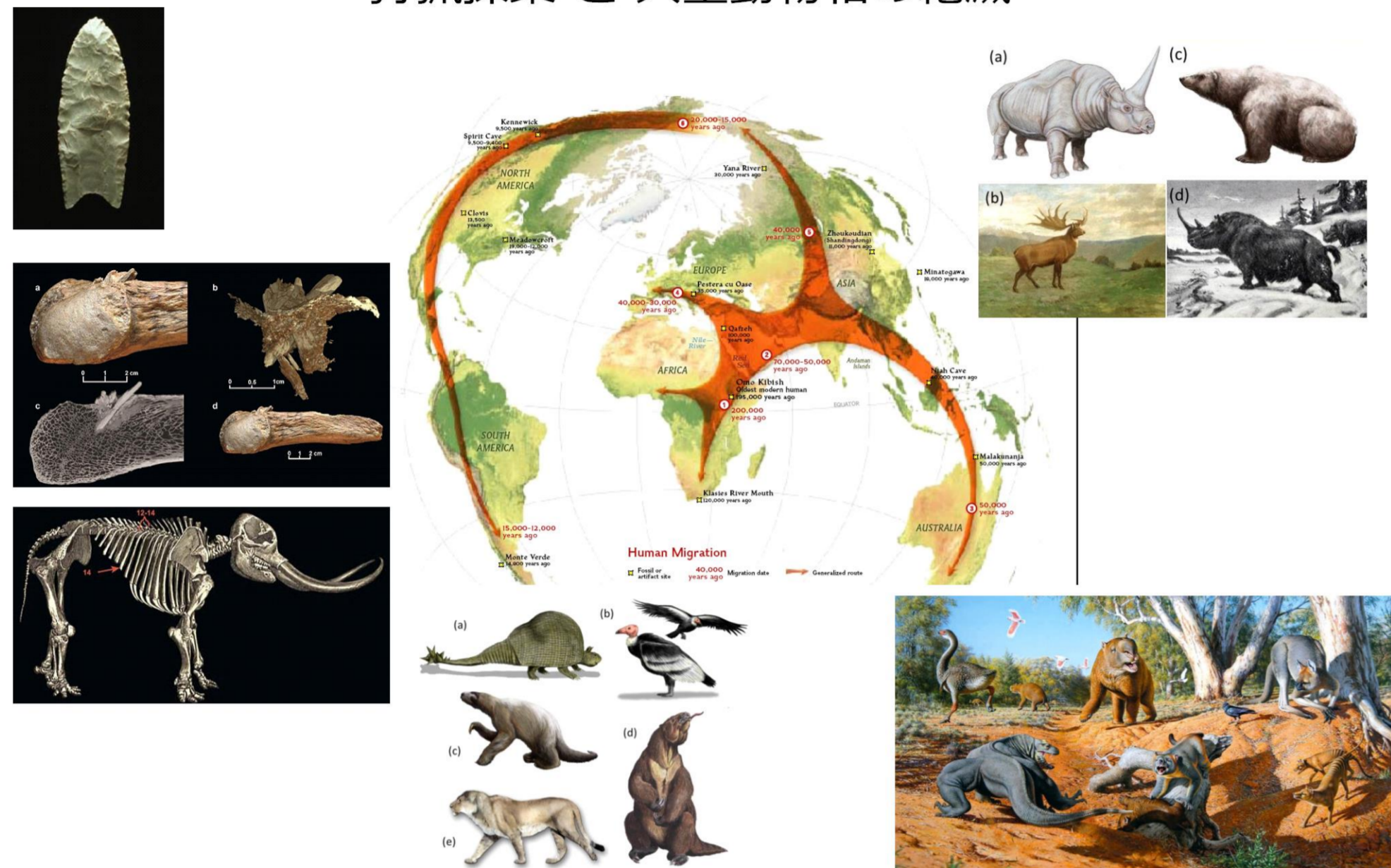


古代 DNA の研究

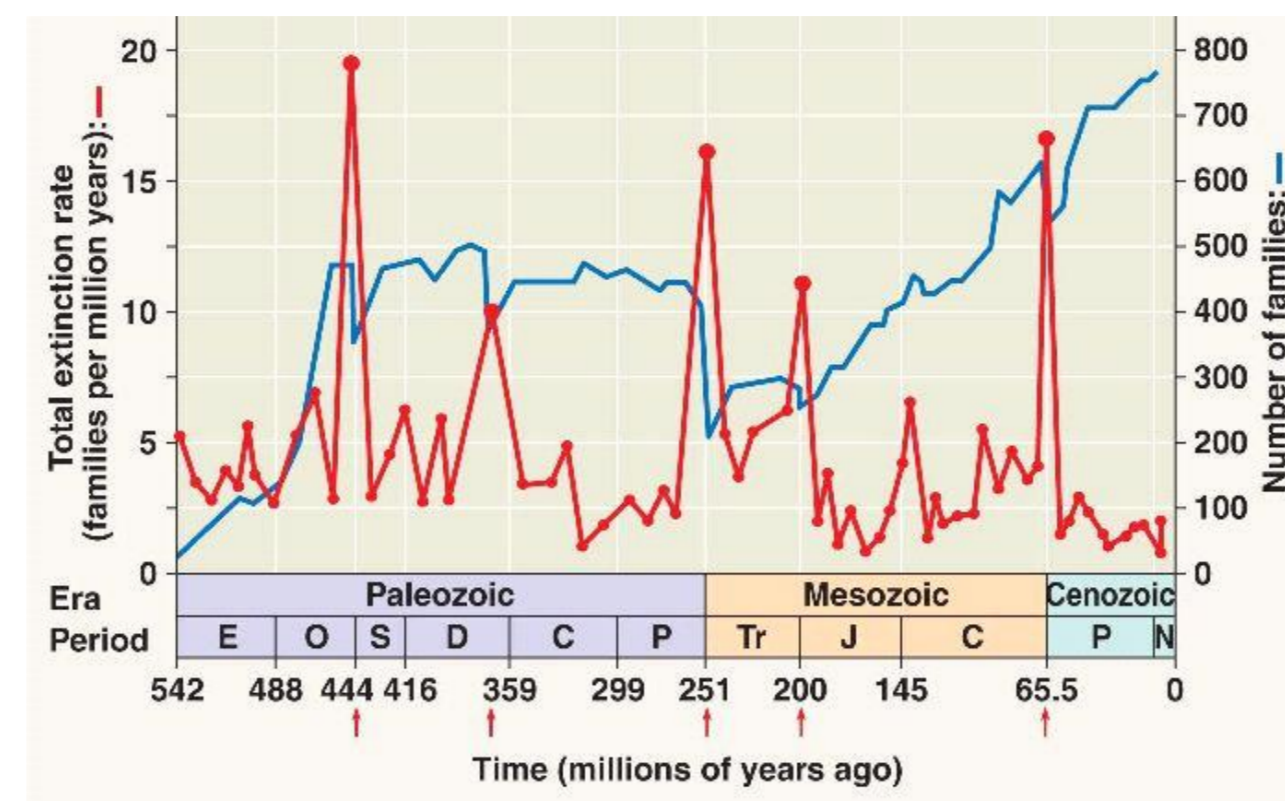
過去の多様性の変遷が辿れるようになる

① 現生人類の世界中への拡散

狩猟採集 と 大型動物相の絶滅



生物多様性の歴史を振り返ると
繰り返えされる大量絶滅



特に規模の大きい大量絶滅は Big Five と呼ばれる

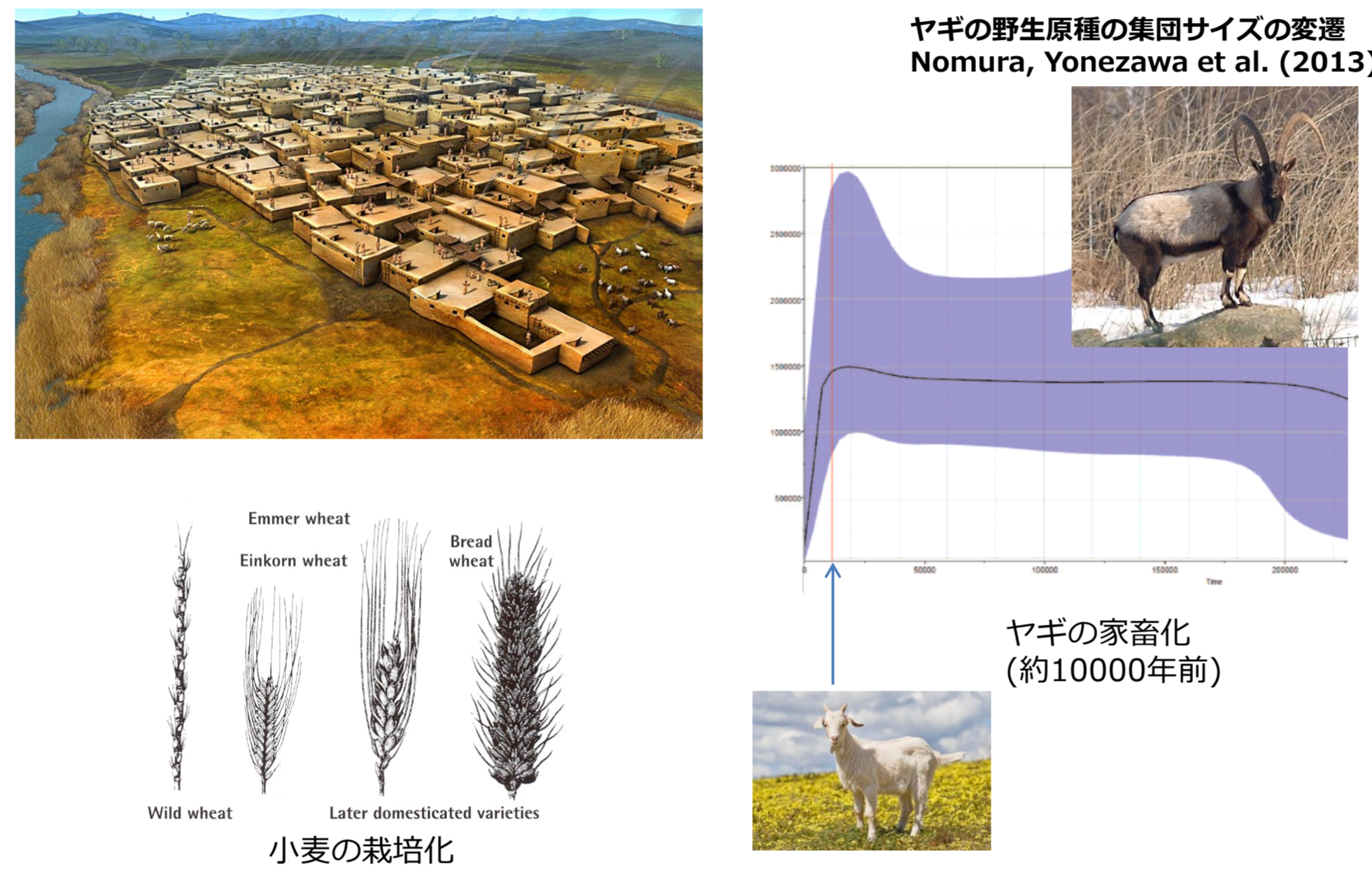
ヒトは生態システムの多様性に
どれほどの影響を与えたのか？

- ① 現生人類の世界中への拡散 (50000BP ~ 10000BP)
アフリカを除く全ての人類進出の地で大型動物相が絶滅
- ② 農耕・牧畜の開始 (10000BP ~)
栽培化・家畜化に伴う野生原種の遺伝的な改良が行われて多くの野生原種は絶滅もしくは集団サイズが縮小
- ③ 産業革命・農業革命と人口増加 (200BP ~)
生態システムの劇的な改変により、かつてない速度で絶滅が進行しつつある

ヒューマンインパクト

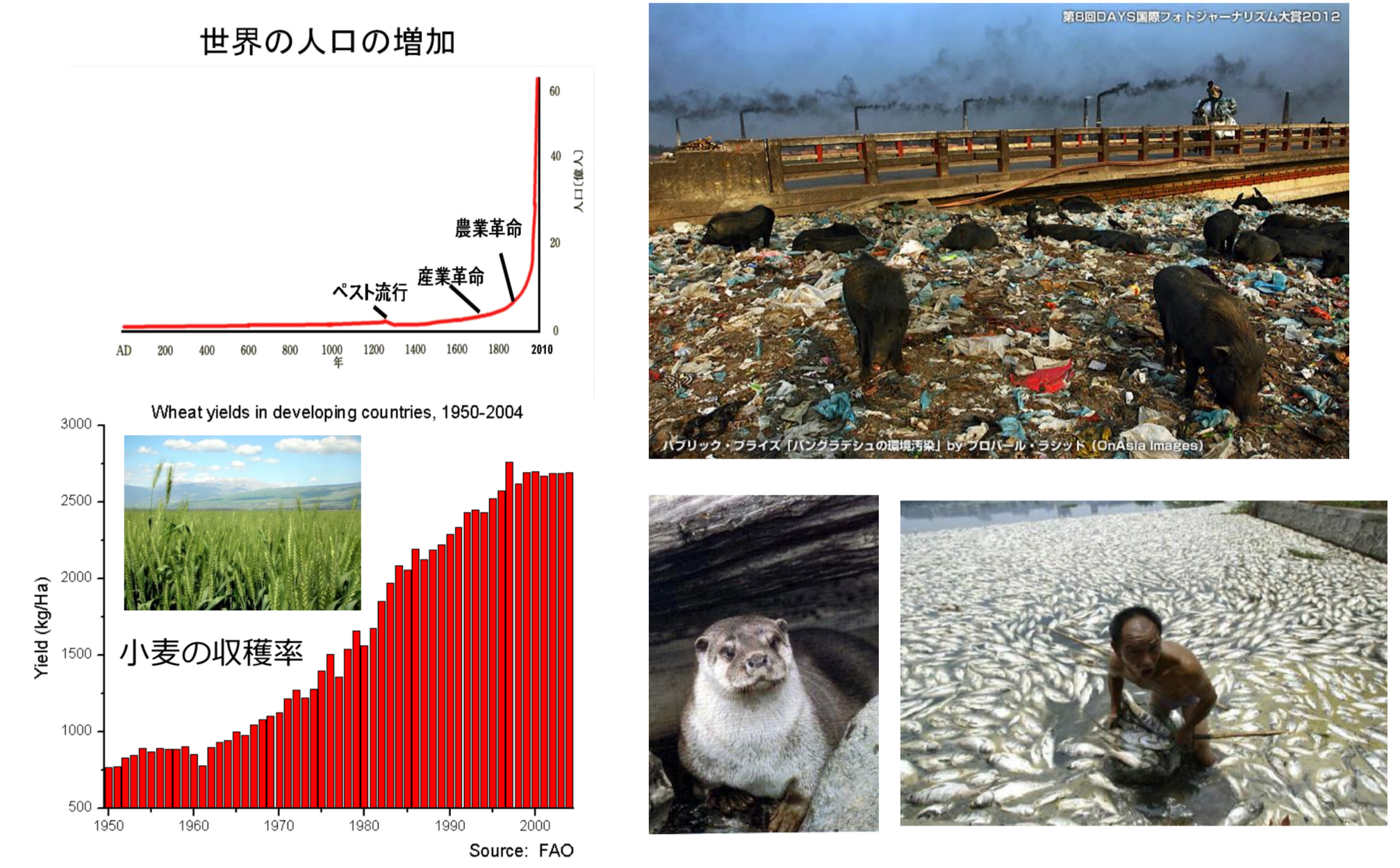
② 農耕・牧畜の開始 (植物の栽培化、動物の家畜化)

野生原種の絶滅 または集団サイズの縮小



③ 産業革命・農業革命と人口増加

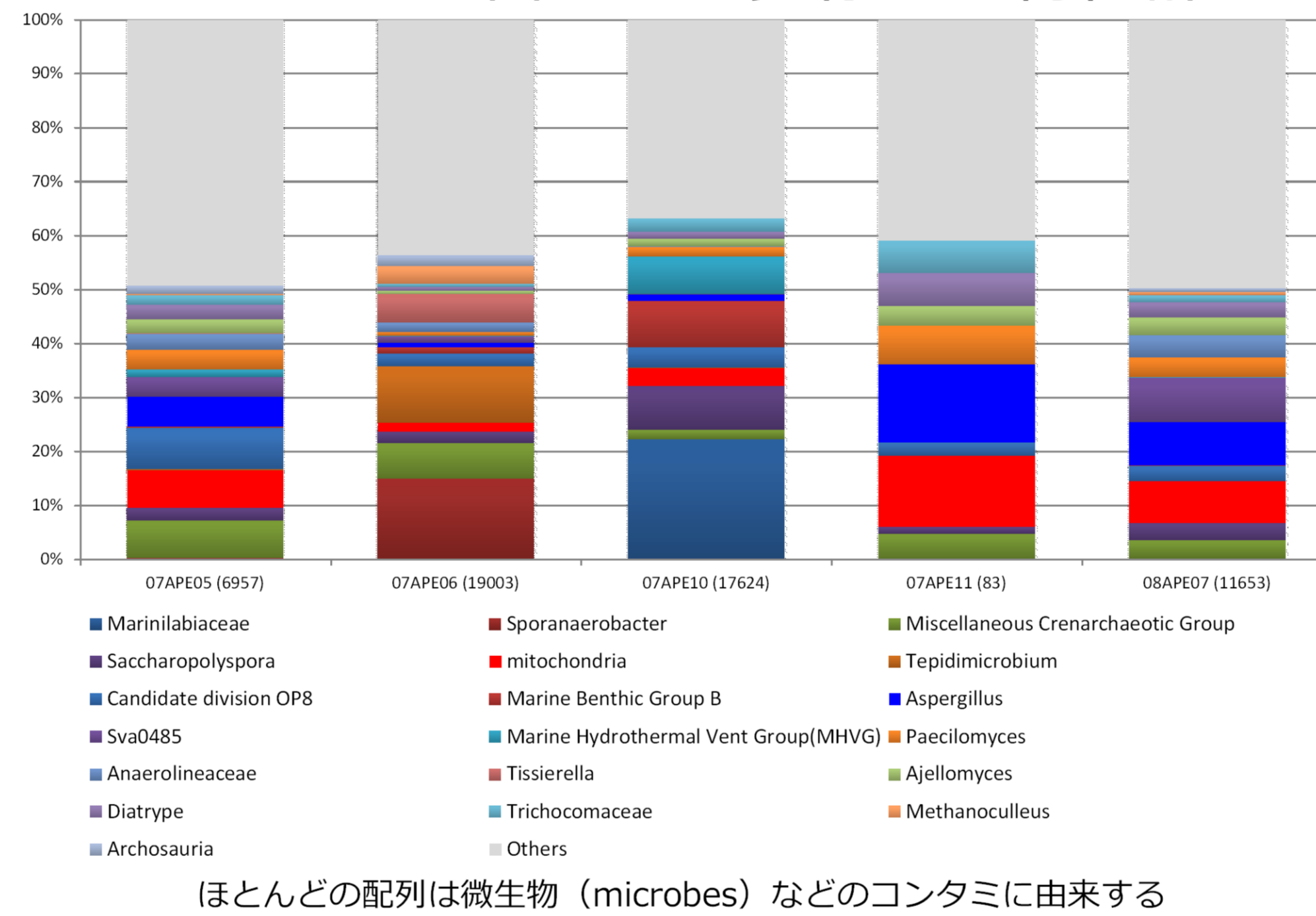
生態システムの劇的な改変 と 環境破壊



古代DNA解析の問題点

- 低品質 (長期放置による劣化)
 - 分子構造や化学的性質の変化
 - 断片化 (配列が短くなる)
- ゲノム増幅時の問題
 - 元になるDNAの量が少ない
 - 増幅時の偏り (低品質DNAは増えず、それ以外が増幅)
- 汚染 (Contamination)
 - 偶然または人為的なDNAの混入 (研究者自身のDNA, 研究室内の残留DNA)
 - 古代サンプルに付着する環境微生物の増幅
- バイオインフォマティクスによる対策
 - 断片化対策、コンタミ配列の除去、低品質配列の対策

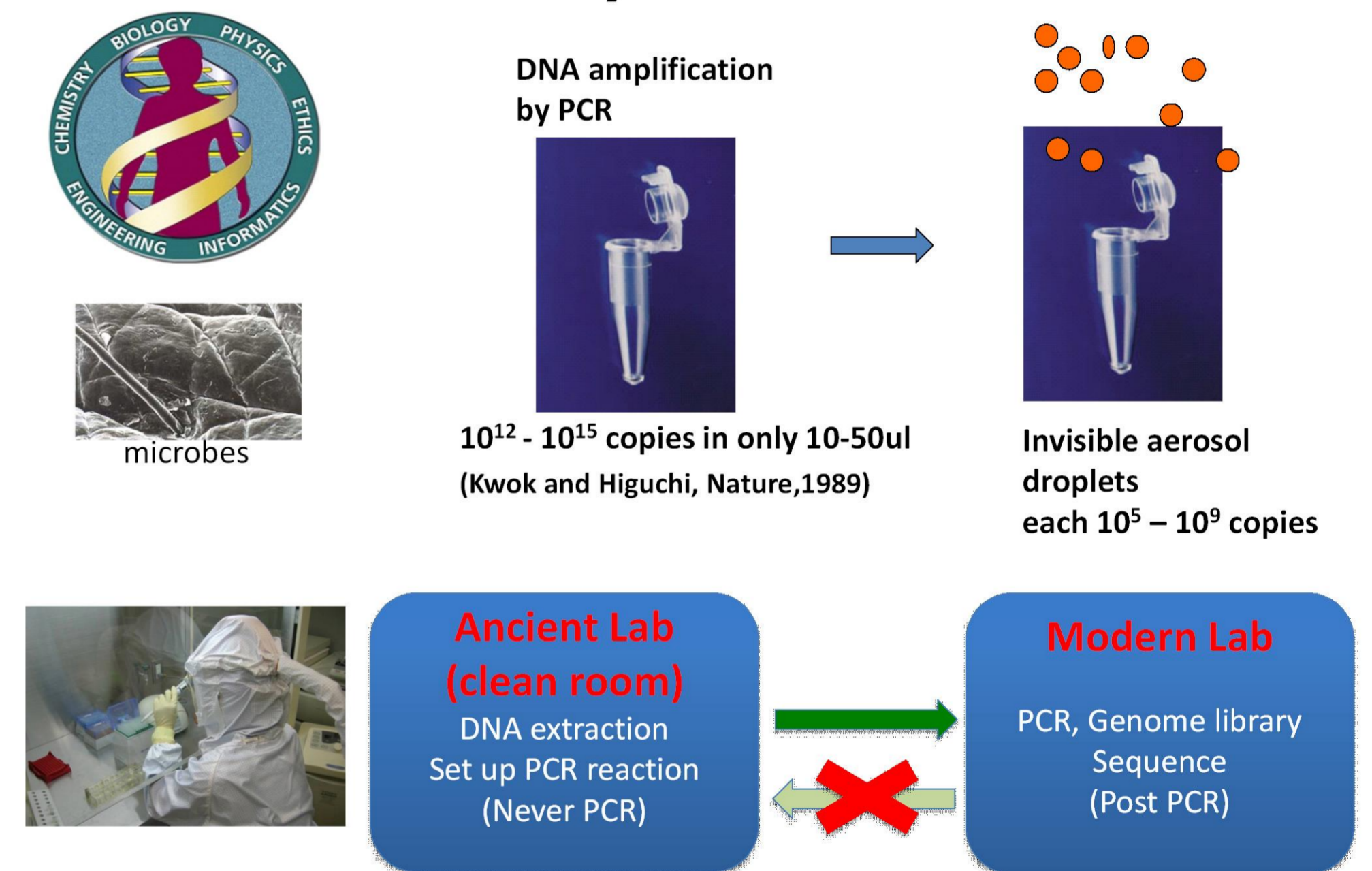
サンプルに含まれる多様な生物種群



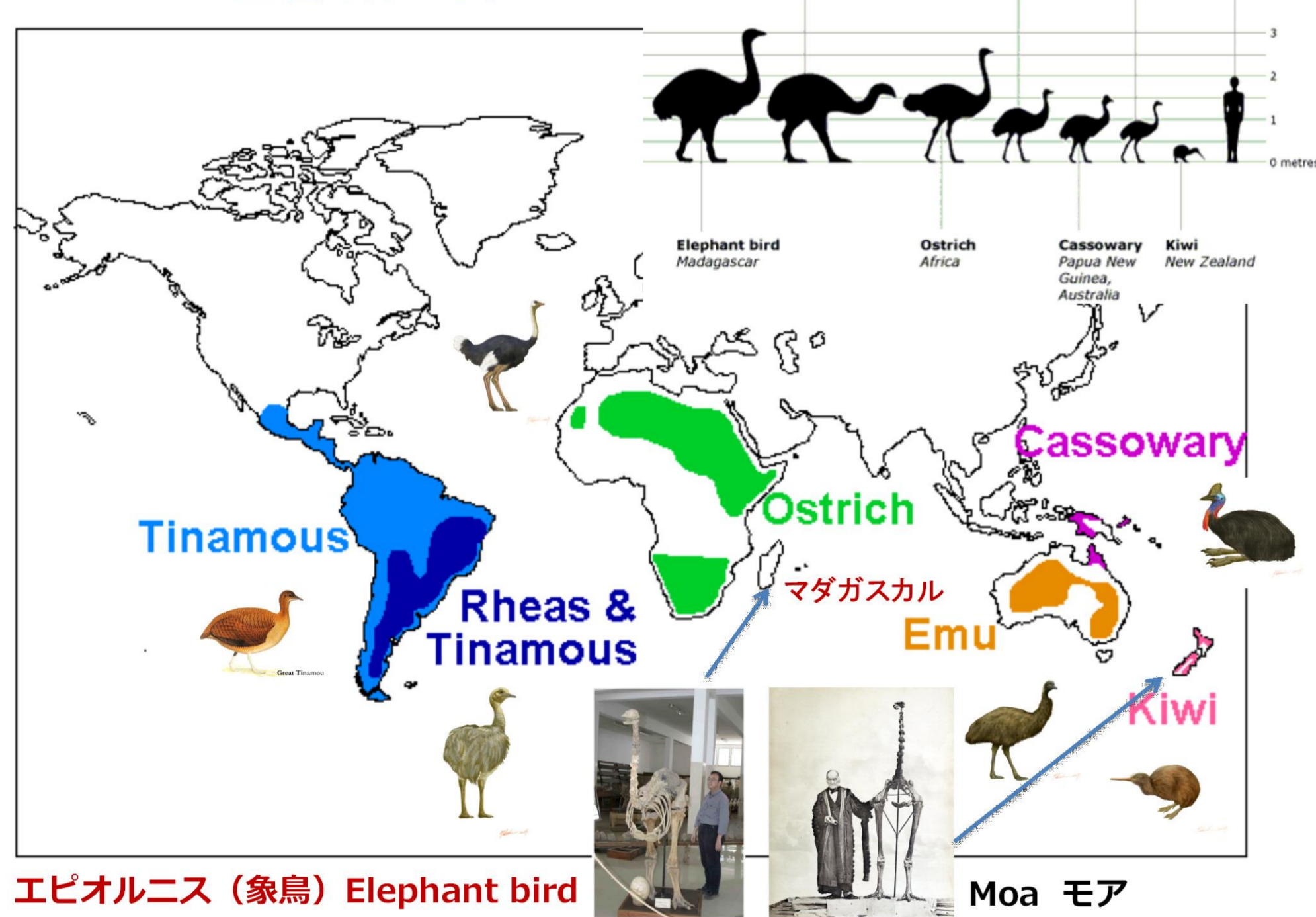
ほとんどの配列は微生物 (microbes) などのコンタミに由来する

コンタミを防ぐ実験室の確立が重要

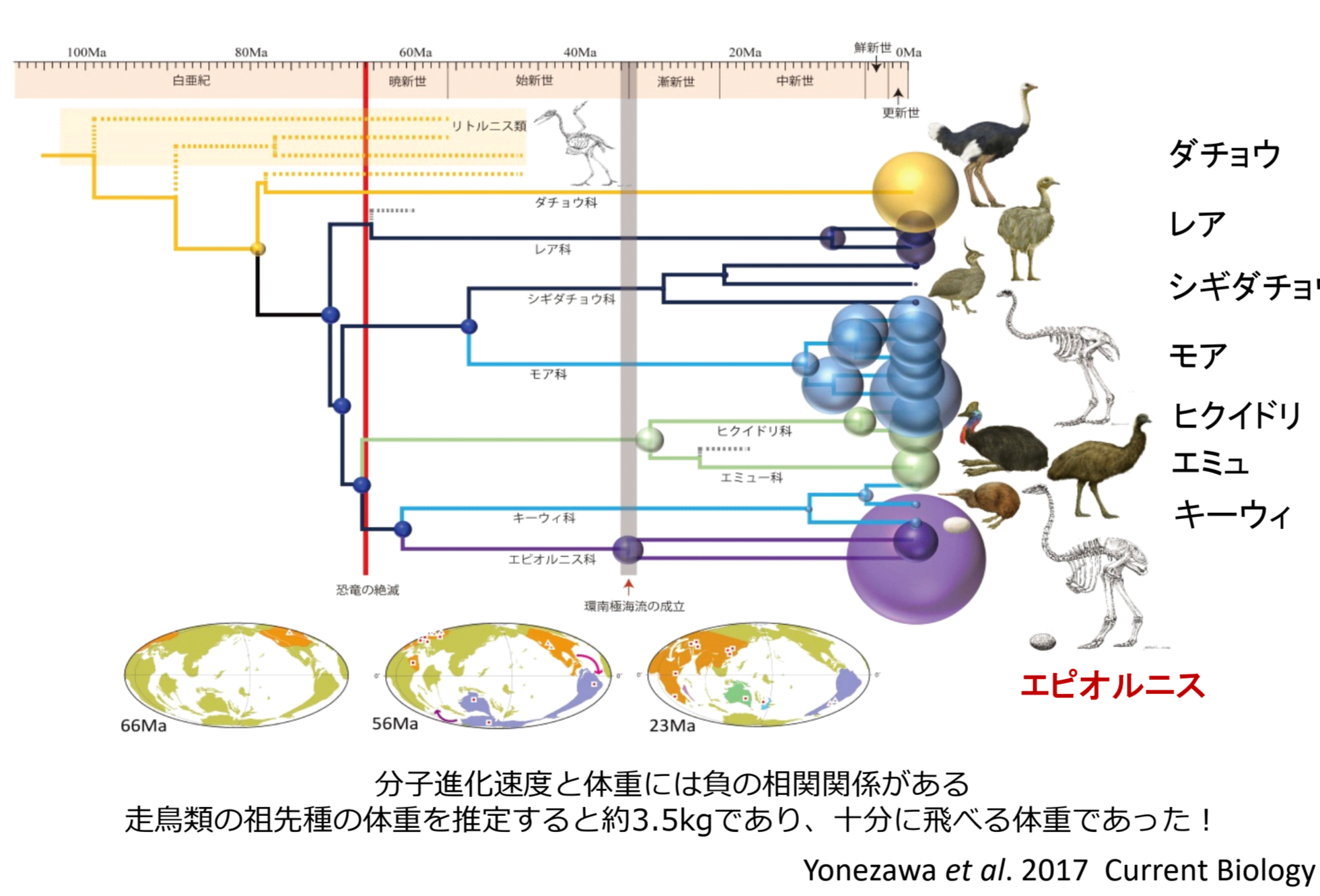
Laboratory contamination



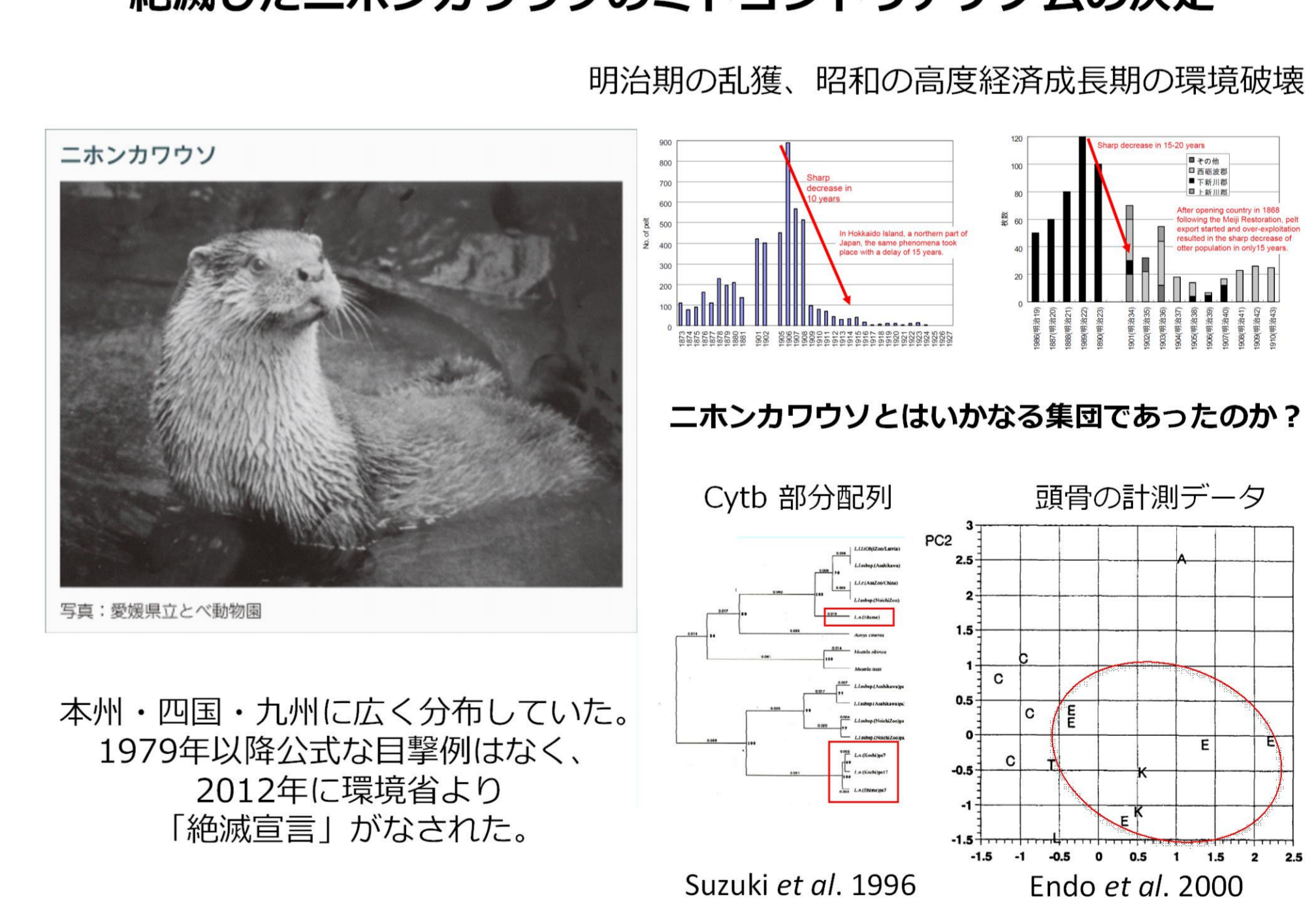
絶滅走鳥類エピオルニスとモア



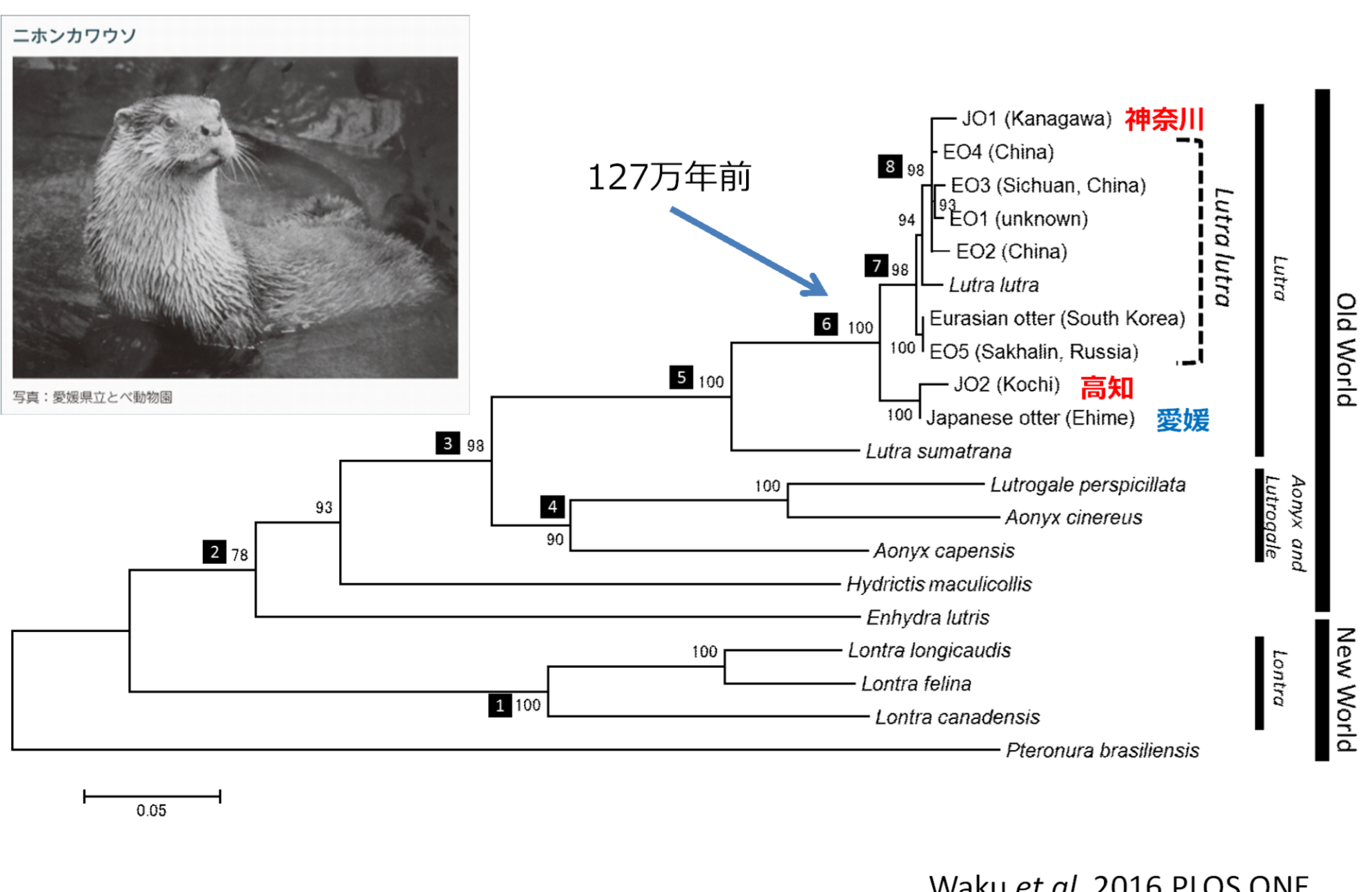
エピオルニスと走鳥類の系統樹



絶滅したニホンカワウソのミトコンドリアゲノムの決定



絶滅したニホンカワウソの分類学的検討



ナウマンゾウの系統関係は？



ミトコンドリアDNA 部分配列に基づく ナウマンゾウとゾウ科の最尤系統樹

