

分子進化と分子系統学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

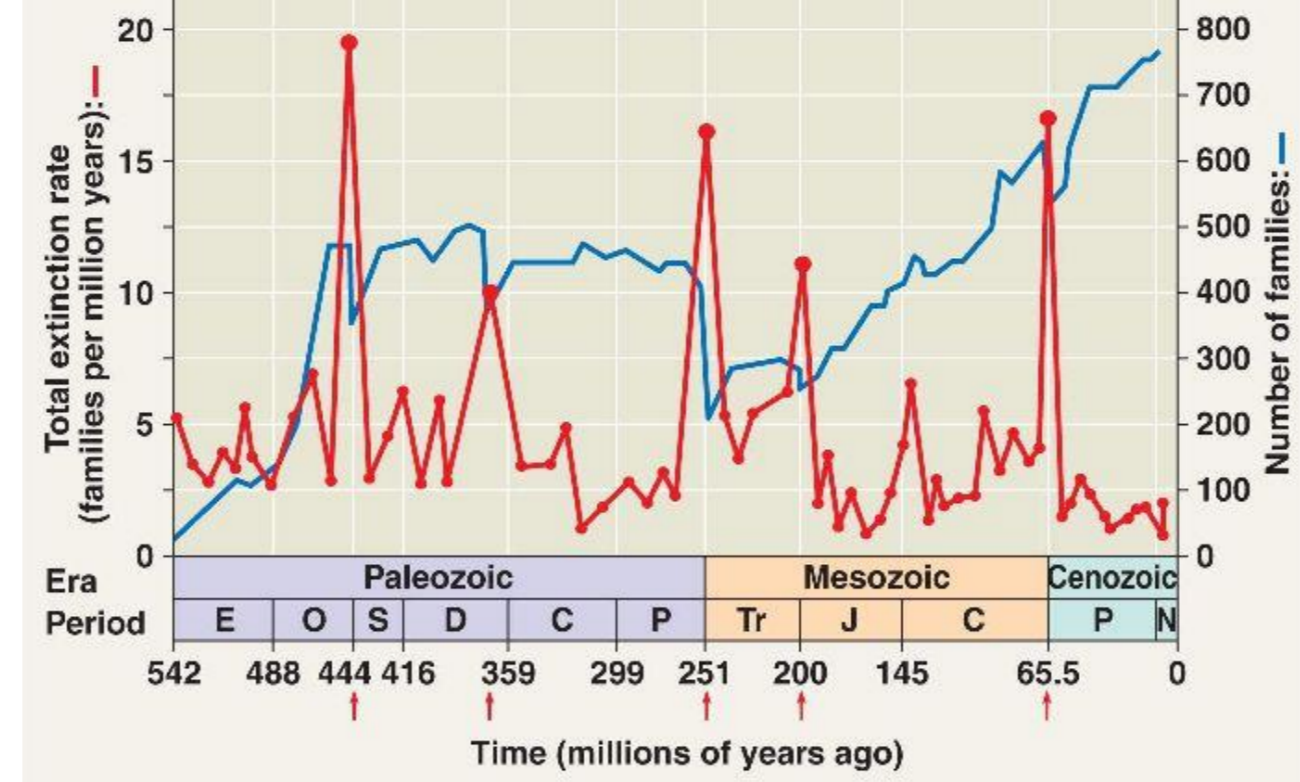
2022年6月17日 統計数理研究所 オープンハウス

目的: 失われた生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破壊の歴史でもある
- 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比較
- 遺伝的多様性は生物多様性の評価に重要
- 現存生物の遺伝情報だけではなく、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迎れるようになる

生物多様性の歴史を振り返ると
繰り返される大量絶滅



特に規模の大きい大量絶滅は Big Five と呼ばれる

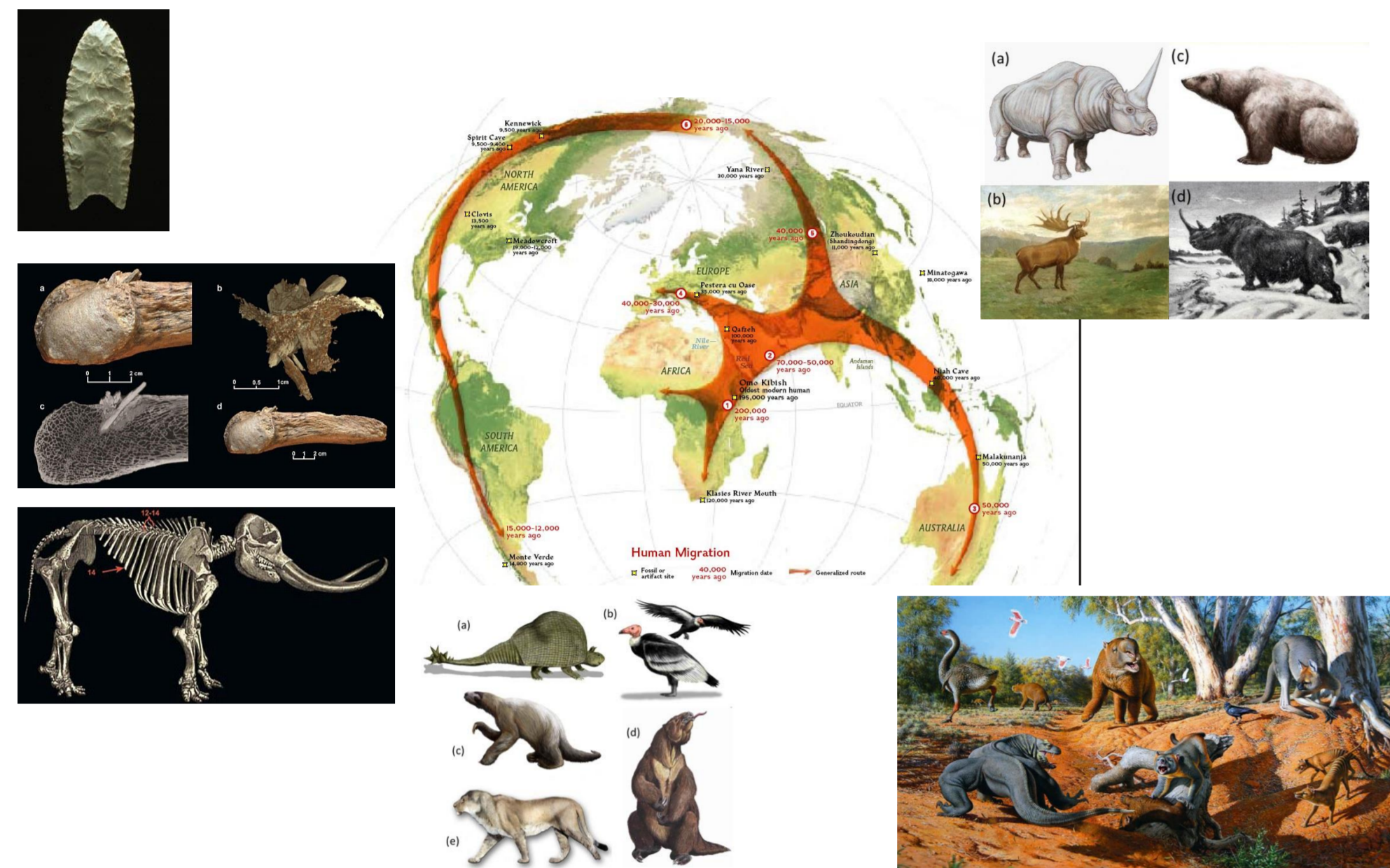
そして現在、 **第6の大量絶滅 「ヒューマンインパクト」**
Homo sapiens という、ただ一種の生物によって
引き起こされたという点で 他の大量絶滅と明確に異なる

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？

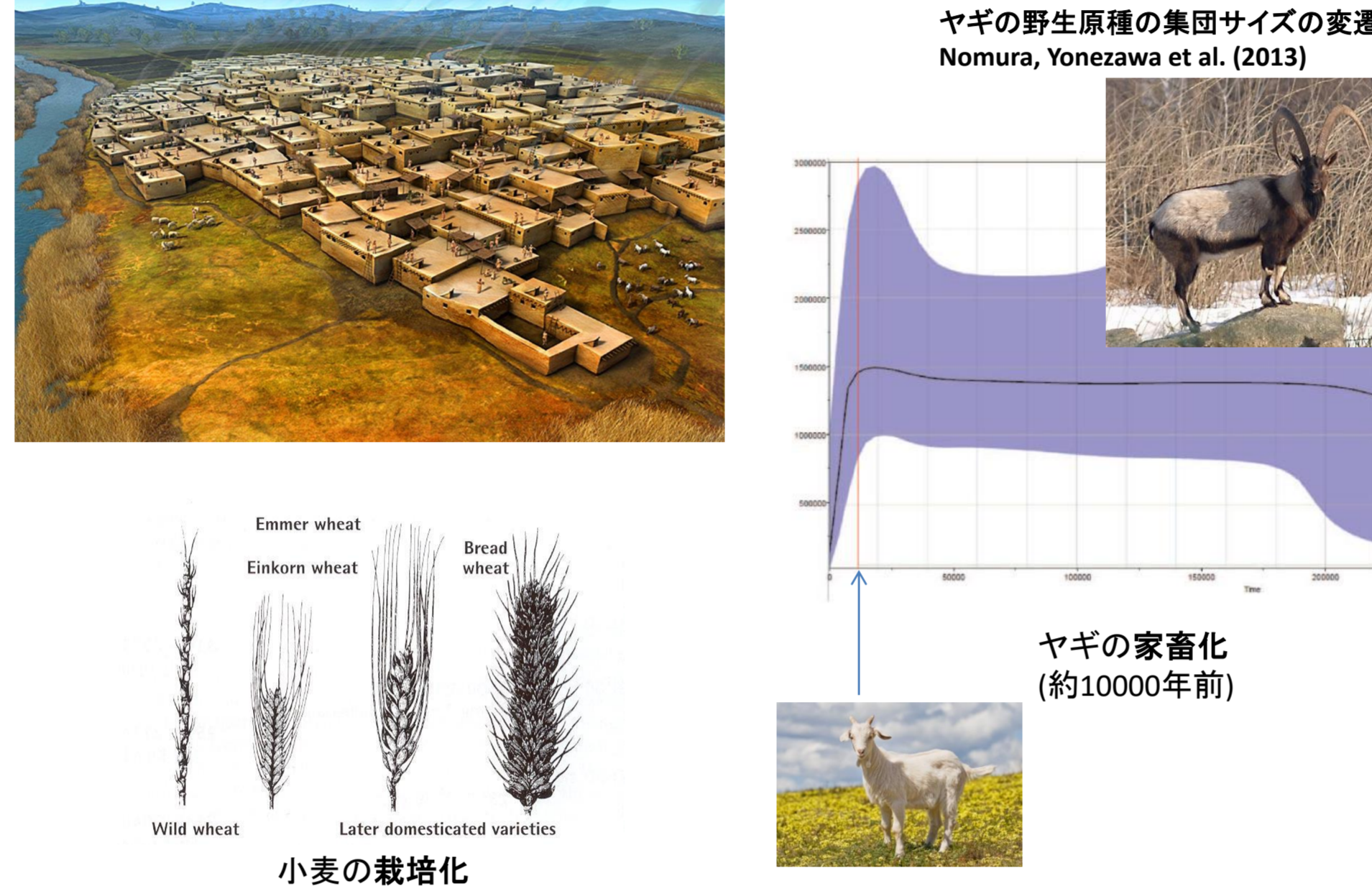
- ① 現生人類の世界中への拡散 (50000BP ~ 10000BP)
アフリカを除く全ての人類進出の地で大型動物相が絶滅
- ② 農耕・牧畜の開始 (10000BP ~)
栽培化・家畜化に伴う野生原種の遺伝的な改良が行われて
多くの野生原種は絶滅もしくは集団サイズが縮小
- ③ 産業革命・農業革命と人口増加 (200BP ~)
生態システムの劇的な変化により、
かつてない速度で絶滅が進行しつつある

ヒューマンインパクト

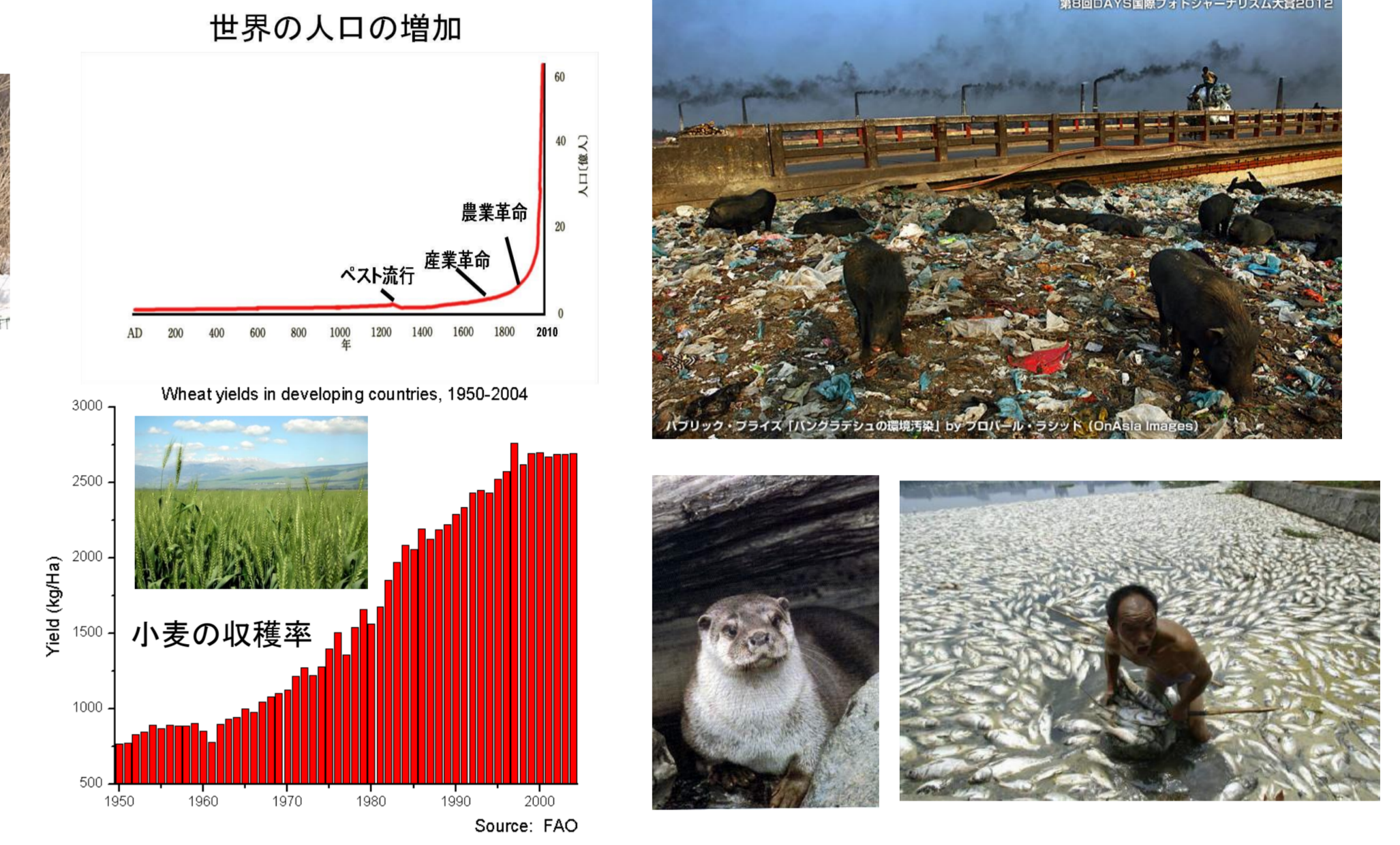
① 現生人類の世界中への拡散 狩猟採集と大型動物相の絶滅



② 農耕・牧畜の開始 野生原種の絶滅または集団サイズの縮小



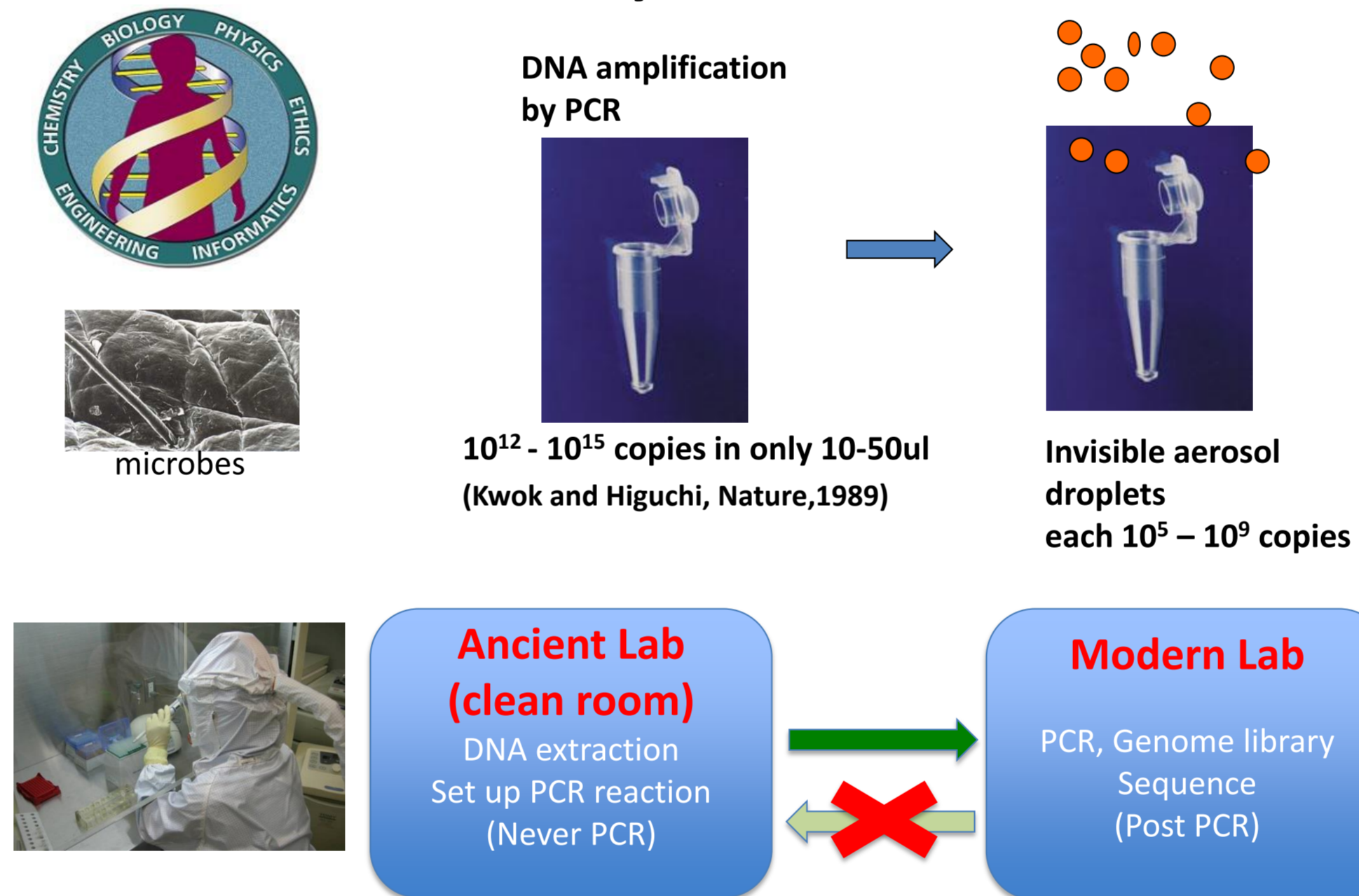
③ 産業革命・農業革命と人口増加 生態システムの劇的な変化と環境破壊



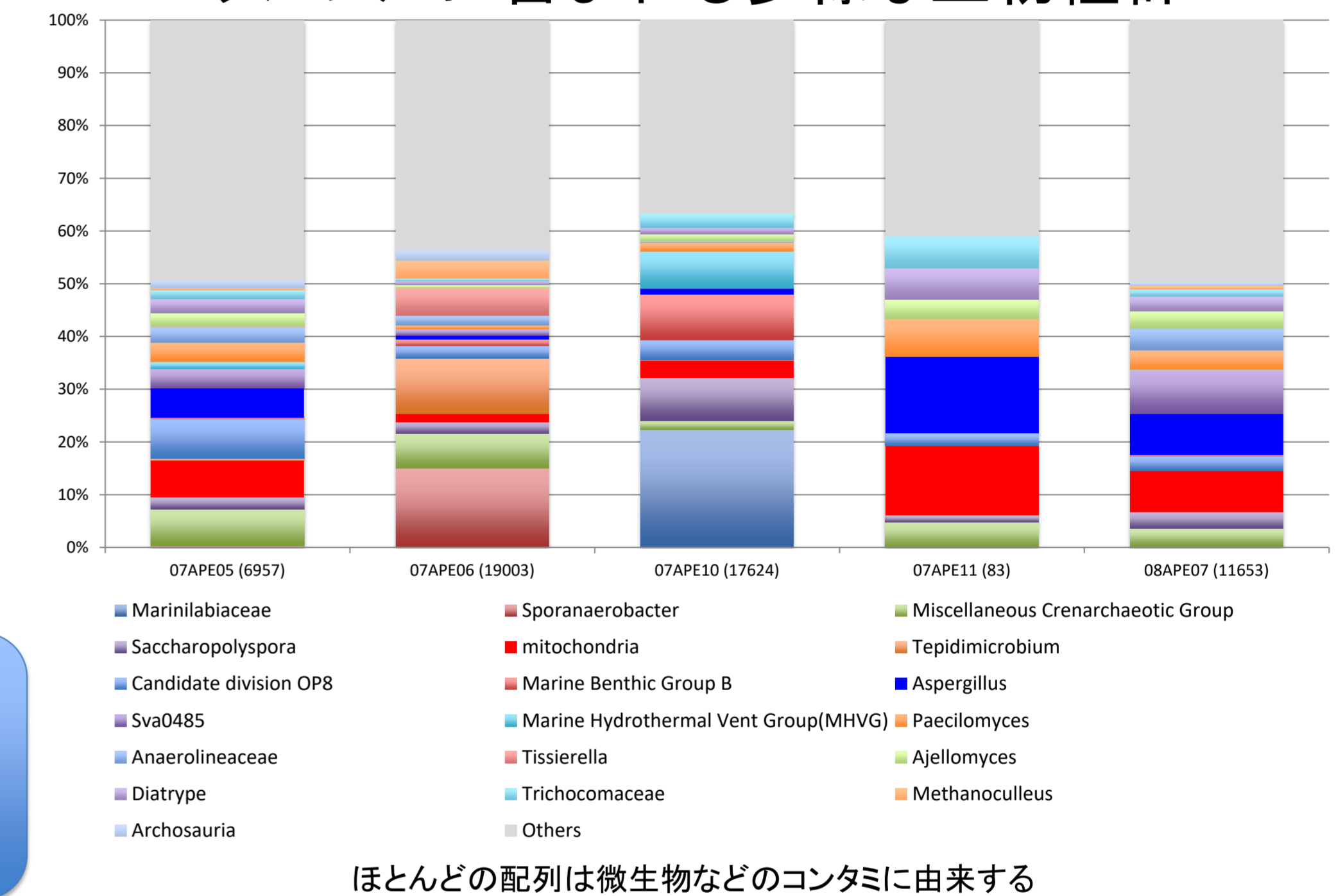
古代 DNA 解析の問題点

- 1) Low quantity of surviving DNA, damaged and short fragment length
- 2) Genome amplification:
 - from low amount of DNA
 - Amplification bias
- 3) Contamination:
 - Artificial DNA from human and lab environments
 - Microbes grow in fossil samples
- 4) Bioinformatics:
 - Fragment, no paid-end, DNA damage...

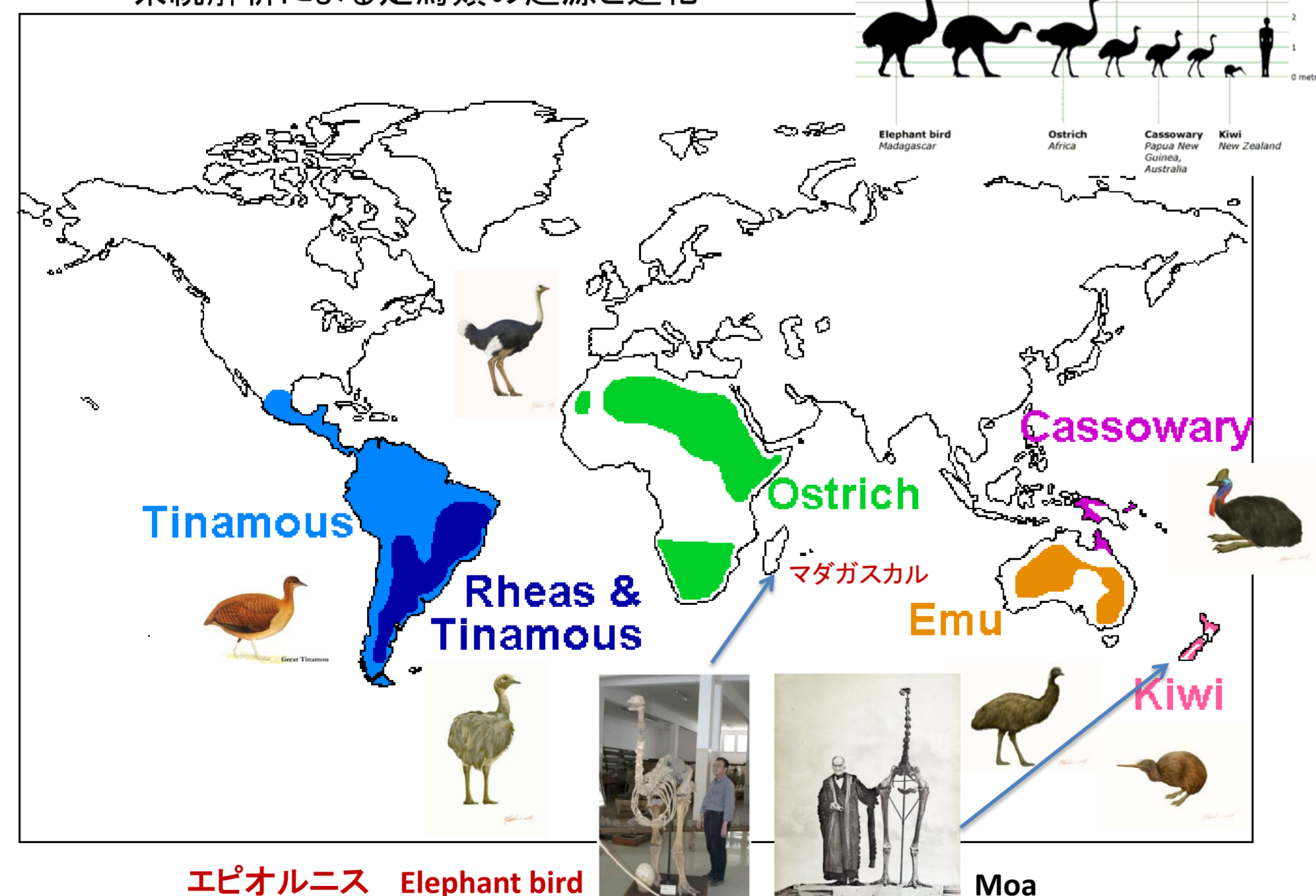
コンタミを防ぐ実験室の確立が重要 Laboratory contamination



サンプルに含まれる多様な生物種群

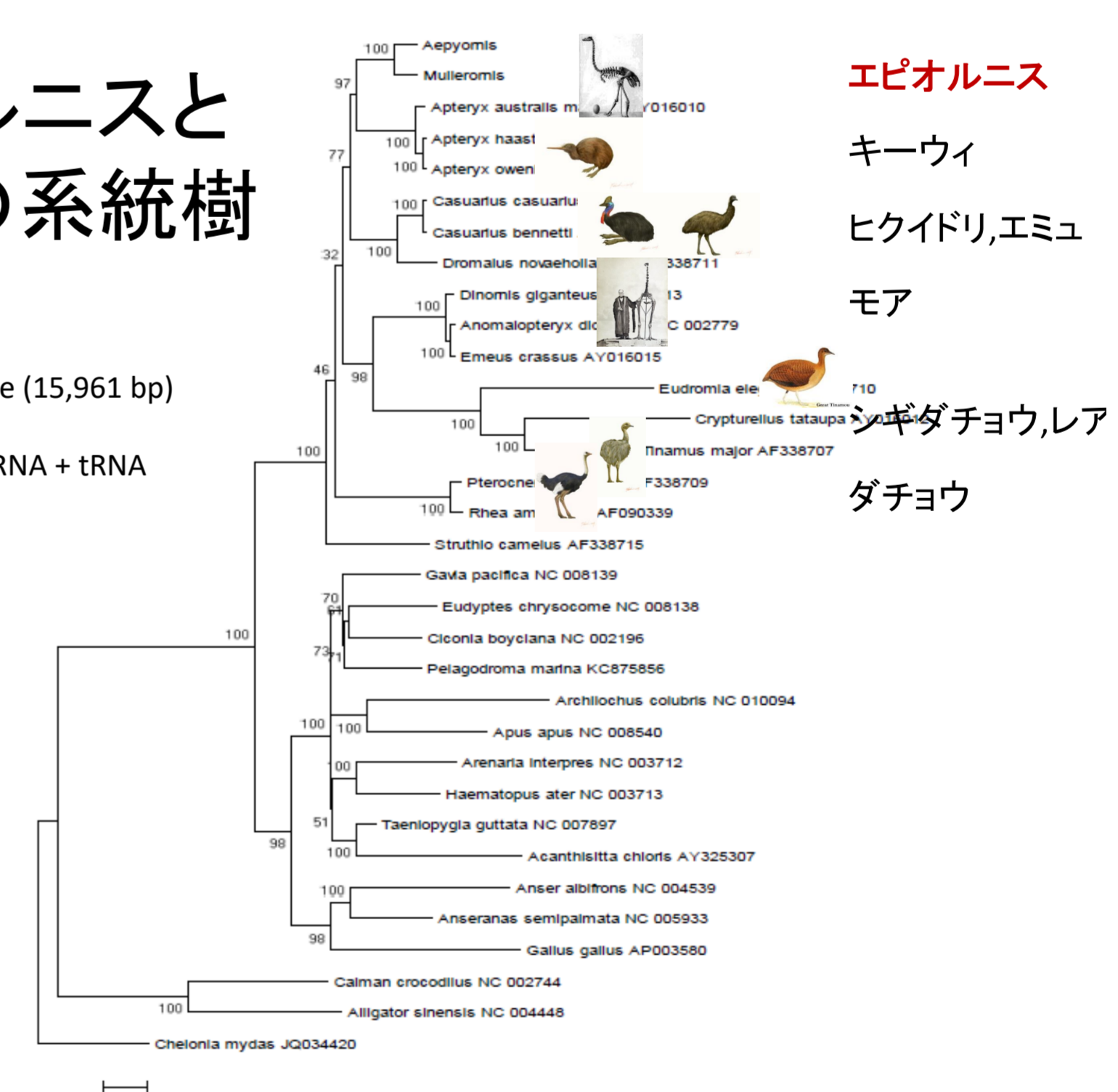


古代DNA解析の例: 絶滅したエビオルニス 系統解析による走鳥類の起源と進化



エビオルニスと 走鳥類の系統樹

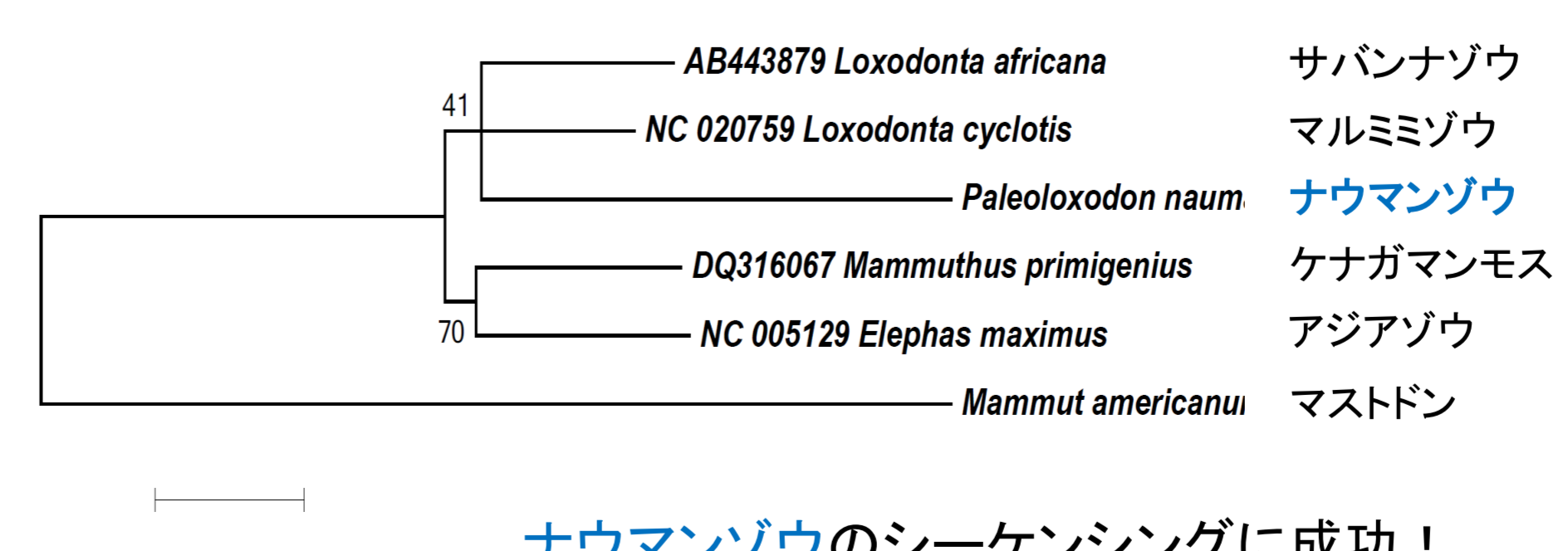
Mitochondrion genome (15,961 bp)
Nucleotide Data
1st, 2nd, 3rd codon and rRNA + tRNA
(GTR+I+G model)



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



ナウマンゾウのシーケンシングに成功！

寒冷地に適応したマンモスは2006年にミトコンドリアゲノムが決定。
一方、ナウマンゾウの生息地は温暖湿潤でありDNAの保存状態が極めて悪かったと考えられ、従来のPCRシーケンシングではデータは得られなかった。