

一般シンポジウムS3 「更新世の大型絶滅動物のancient DNA解析への挑戦」

時間:13:00-15:00

会場:コンベンションホールB

提案者:森宙史 (国立遺伝学研究所)

シンポジウムの趣旨:

NGSの普及と共にancient DNA研究は急速な勢いで行われるようになってきており、ancient DNA解析で得られた古い年代の動植物のミトコンドリアや核ゲノム配列を用いた分子系統・集団遺伝学的な解析は、進化生物学の一大研究分野となっている。しかしながら、日本や熱帯・亜熱帯地域の更新世のサンプルは、平均的にDNAの残存量が少なく解析の難易度が高いこともあって研究が遅れている。本シンポジウムでは、企画者らのグループが行なった日本の更新性のオオカミやヒグマなどの大型動物のサンプルからのancient DNA研究の成功例をいくつか紹介すると共に、他の地域や年代のancient DNA研究と比較を行うことで、熱帯・亜熱帯地域の更新世サンプルのancient DNA解析にはwet実験・ゲノム解析・分子系統や集団遺伝学解析の各面でどのような技術的な困難がありいかにしてそれらの困難を克服するか等を議論し共有することで、今後のさらなる研究の発展の礎としたい。

講演者と発表タイトル

13:00-13:40 ○米澤隆弘 (東京農業大学 農学部)・瀬川高弘 (山梨大学 総合分析実験センター)・森宙史 (国立遺伝学研究所 情報研究系)

失われた生態システムの全体像をもとめて

13:40-14:05 瀬川高弘 (山梨大学 総合分析実験センター)

更新世絶滅動物サンプルからの高品質なDNAサンプルの取得

14:05-14:30 森宙史 (国立遺伝学研究所 情報研究系)

更新世絶滅動物のDNA配列データからのターゲット由来配列の情報学的な抽出とSNP解析

14:30-14:55 米澤隆弘 (東京農業大学 農学部)

更新世絶滅動物のDNA配列データを用いた分子系統解析と集団遺伝学解析