むすんで、うみだす。
京都産業大学

平成27年度　総合生命科学部シンポジウム　申込不要

最新遺伝学からせまる生物資源の利用と保全

日時　平成28年3月2日 水 13:30～17:00

会場　京都産業大学　図書館ホール

PROGRAM

《開　場　13：00》

開会の挨拶　13：30 ～ 13：35

黒坂　光（京都産業大学 総合生命科学部 学部長）

講演1　13：40 ～ 14：25

「生物資源としての和牛：遺伝的多様性の意義と保全」

演者：野村　哲郎（京都産業大学 総合生命科学部 生命資源環境学科 教授）

野村　哲郎

講演2　14：25 ～ 15：10

「作物の品種改良：遺伝資源の多様性の恩恵を受ける」

演者：大澤　良 氏（筑波大学 生命環境系 教授）

大澤　良 氏

《休　憩　15：10 ～ 15：25》

講演3　15：25 ～ 16：10

「全個体遺伝子型解析に基づく絶滅危惧植物の保全」

演者：井鷺　裕司 氏（京都大学大学院 農学研究科 教授）

井鷺　裕司 氏

講演4　16：10 ～ 16：55

「養殖魚類における遺伝情報を活用した分子育種研究の現状と展望」

演者：坂本　崇 氏（東京海洋大学大学院 海洋科学技術研究科 教授）

坂本　崇 氏

閉会の挨拶　16：55 ～ 17：00

津下　英明（京都産業大学 総合生命科学部 生命資源環境学科 主任）

問合せ先
京都産業大学　総合生命科学部　事務室
TEL：075-705-1466　FAX：075-705-1914
メール：sousei-jim@star.kyoto-su.ac.jp

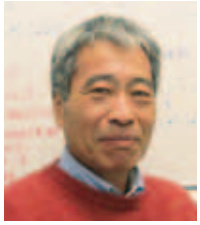
平成27年度　総合生命科学部シンポジウム

最新遺伝学からせまる生物資源の利用と保全

講　演　要　旨

講演1「生物資源としての和牛：遺伝的多様性の意義と保全」

京都産業大学総合生命科学部　教授　野村　哲郎

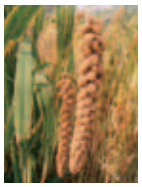


牛にはこれまでに1,300を超える品種が記録されているが、その50％近くはすでに絶滅したかあるいは絶滅の危機にある。これらの絶滅あるいはその危機に瀕した品種の多くは、限られた地域で飼養されている在来品種である。乳牛のホルスタイン種に代表される改良品種に比べて、在来品種は一般に生産性が劣る。このため、在来品種から改良品種への飼養の移行、あるいは改良品種との無計画な交雑による遺伝的浸食が、在来品種の絶滅の最大の原因である。在来品種は各地の気候風土や文化・生活様式に適するように長い年月をかけて作り上げられてきた品種である。したがって、在来品種は改良品種が持たない有用な遺伝子を保有している可能性がある。すでに野生牛（オーロックス）が絶滅した牛においては、在来品種の絶滅は種としての遺伝的多様性の低下を意味する。今回の講演では、和牛を題材として、遺伝的多様性が和牛の改良史において果たしてきた役割、現在の和牛が抱える遺伝的多様性に関わる問題とその解決策、さらに和牛育種の将来的展望について解説し、生物資源としての動物の利用と保全について考えてみたい。

講演2「作物の品種改良：遺伝資源の多様性の恩恵を受ける」

筑波大学生命環境系　教授　大澤　良 氏

人類が狩猟採集の生活から定住して植物を栽培し家畜を飼育するようになったのは、おおよそ１万２千年前の旧石器時代とされている。栽培という行為はおそらく千年単位でゆっくりと生活に浸透し、野生種を徐々に栽培種に変えていったと考えられている。栽培に適した形質への変化を「育種」とするのであれば、植物の育種は農耕とともに始まったと言える。農耕とともに野生植物の開花の早晩性、脱粒性、休眠性など野生植物が生きていくための性質が大きく変化した。この変化が栽培化シンドロームである。さらに農耕による栽培経験が蓄積される栽培化後の過程において、人間の行為によって作物種はさらに大きな変異を遂げてきた。野生的な作物群からの単純な選抜からはじまり、交雑して変異を拡大し、放射線などによる変異の拡大、遺伝子組換えやゲノム編集による変異の拡大、と育種という技術の流れの中で近代農法に用いられている作物が出来上がってきた。私たちは遺伝資源の多様性の恩恵を受けることなしに品種改良をしてきたのである。今回の講演では「育種とは何か？遺伝資源の多様性の恩恵とは何か？」を育種史の中で捉えながら話題提供したい。



講演3「全個体遺伝子型解析に基づく絶滅危惧植物の保全」

京都大学農学研究科　教授　井鷺　裕司 氏

多くの生物種が人為インパクトによって絶滅の危機に瀕している。例えば、日本には約7,000種の維管束植物が知られているが、そのうち1,000種程度が絶滅危惧Ⅰ類にランクされている。絶滅危惧Ⅰ類の日本の維管束植物においては、野生個体数は概ね1,000個体未満である。野生に数百個体未満しか生育が認められない種が1,000種も存在することは、日本の維管束植物における生物多様性の危機的状況を如実に示している。

この様に生物多様性が危機的状況にある反面、生物多様性を解析するための遺伝解析技術は著しい技術革新が続いており、そのブレークスルーを活用すれば、効率的かつ合理的な生物多様性保全策の構築も可能と考えられる。本講演では、特に厳しい保全状況にある絶滅危惧植物を対象に、野生に生育する全個体について、生育位置、繁殖状況、そして遺伝子型を解読することで、より適切な保全策を構築する試みを紹介する。全個体遺伝子型解析によって、野生に100本以上あると思われていた絶滅危惧種が遺伝的には１個体であった例、すべての個体に遺伝的なタグがついたことで盗掘防止が可能になった例、既知の全個体の遺伝子型から、野生に存在する未知個体を発見できた例など、網羅的遺伝子型解析の生物保全に対するに有効性を紹介する。

講演4「養殖魚類における遺伝情報を活用した分子育種研究の現状と展望」

東京海洋大学大学院海洋科学技術研究科　教授　坂本　崇 氏

水産養殖においては、生産過程で毎年疾病が発生し、被害をもたらしている。クロマグロやウナギでは、養殖業のほとんどに天然種苗を用いており、天然魚から短期間で耐病性人工種苗を作出する育種技術開発が必要とされている。ヒラメのウイルス性疾病であるリンホシスチスの耐病性研究では、耐病性遺伝子座に連鎖する遺伝マーカーを明らかにし、その遺伝マーカーを用いたマーカー選抜育種法を実践し、世界初となるリンホシスチス耐病性ヒラメを実用化した。しかしながら、リンホシスチス病に対する耐病性メカニズムは不明であるため、現在は、耐病性遺伝子の単離に向けた研究を進めている。耐病性遺伝子を単離することができれば、魚類のウイルス病に対する耐病性メカニズムの解明につながるだけでなく、天然資源から耐病性形質を保持する魚を遺伝子選抜し、耐病性系統を作出できる新規育種技術になると考えている。今回の講演では、ヒラメにおける耐病性研究の成果を中心に、養殖魚における遺伝情報を活用した分子育種研究の現状を紹介する。