

データベースの構築と活用から見えてきた!

# 新しい生物多様性のサイエンス



## 平成26年12月13日[土曜日] 13:30~16:00

**【場所】京都市勧業館「みやこめっせ」大会議室(地下1階) / 入場無料**

プログラム

- 13:30~13:40 「開会の挨拶」中野伸一(京都大学生態学研究センター・センター長・教授)
- 13:40~14:20 「生物多様性の地図化:なぜ、日本は植物多様性ホットスポットなのか?」久保田康裕(琉球大学理学部・准教授)
- 14:20~15:00 「植物の多様な形を俯瞰する」小野田雄介(京都大学大学院農学研究科・助教)
- 15:00~15:40 「DNAバーコーディングで菌類の多様性を探る」大園享司(京都大学生態学研究センター・准教授)
- 15:40~16:00 総合討論

**【主催】京都大学 生態学研究センター 【後援】公益財団法人 京都大学教育研究振興財団**

生物多様性に関する個別の研究データを統合して「データベース」を構築し、活用する取り組みが、近年、進められています。これにより、従来の個別研究では明らかにできなかった、新しい発見が次々となされてきました。この講演会では、森林、植物、菌類の生物多様性に関する、そのような最先端の研究成果を、わかりやすく紹介します。



連絡先: 〒520-2113 滋賀県大津市平野2丁目509-3  
京都大学生態学研究センター 大園研究室  
メール: tosono@ecology.kyoto-u.ac.jp FAX: 077-549-8201

# データベースの構築と活用から見えてきた!新しい生物多様性のサイエンス

## 京大大学生態学研究センター シリーズ公開講演会 第4回

### 講師



### 「生物多様性の地図化:なぜ、日本は植物多様性ホットスポットなのか？」

琉球大学理学部・准教授 久保田 康裕

ダーウインは地球上の多様な生物を目の当たりにして、“生物多様性の起源と維持”に関する理論を考えました。それ以来、進化生態学は進展し、今日では様々な生物情報が蓄積されています。生物の塩基配列、生物の分布、生物の機能・生態特性など、ミクロからマクロに至る膨大な情報です。私たちは、このような“進化生態学的ビッグデータ”に基づいて、生物多様性の実態を把握できるようになりました。今回の講演では、日本の維管束植物に焦点をあて、植物多様性情報を地図化して、統合的に分析した結果を紹介します。日本列島は、生物多様性ホットスポットとして国際的にも注目されている地域です。でも、どのようなメカニズムで、ホットスポットは形成されたのでしょうか。この問いに、一つの答えを出したいです。

### 講師



### 「植物の多様な形を俯瞰する」

京都大学大学院農学研究科・助教 小野田 雄介

植物は、気象などの環境要因の変動や生物間の相互作用とともに、多様に進化してきました。現在、地球上では25万種以上の植物が知られています。身の回りにも多様な植物が存在し、また遠くに出掛けると、別の植物に出会います。地球上の植物の形はどのくらい多様で、気候などの影響をどれほど受けているのでしょうか？

このような疑問に答えるために、国内外の多くの研究者と連携して、さまざまな植物の形や質(=形質)のデータベース化を進めています。その過程で、植物の形質の多様性にはルールがあることや、日本の植物と世界の植物には違いがあること、また日本国内でも、植物の形質は気温に依存して変化することなどが、次々と明らかになってきました。講演では、植物の形質データベースの構築と活用から分かってきた、最新の知見についてご紹介します。

### 講師



### 「DNAバーコーディングで菌類の多様性を探る」

京大大学生態学研究センター・准教授 大園 享司

菌類は、きのこやカビ、酵母としてなじみ深い生物です。これまで約10万種が記載されていますが、地球上には150万もの種が存在すると推定されており、まだまだナゾの多い生物群です。菌類はその多くが微小な「菌糸」として生活しているため、普段ほとんど目につかない上に、形態的な特徴に乏しくて見分けにくいので、多様性に関する研究は遅れていました。しかし近年の「DNA解析技術の進展」と、「データベースの構築」により、菌類の多様性をDNA情報に基づいて、より迅速に、より効率的に調べることが可能になってきます。講演では、「DNAバーコーディング」とよばれるこの最新の研究手法を紹介するとともに、その菌類への応用可能性と課題について、皆さんと一緒に考えていきたいです。