

1. 研究課題名：

遺伝情報解読ブレークスルーを活用した「種の保存法」指定種の最適保全管理

2. 研究代表者氏名及び所属：

井鷲裕司（京都大学大学院 農学研究科）



3. 研究実施期間：平成 28～30 年度

4. 研究の趣旨・概要

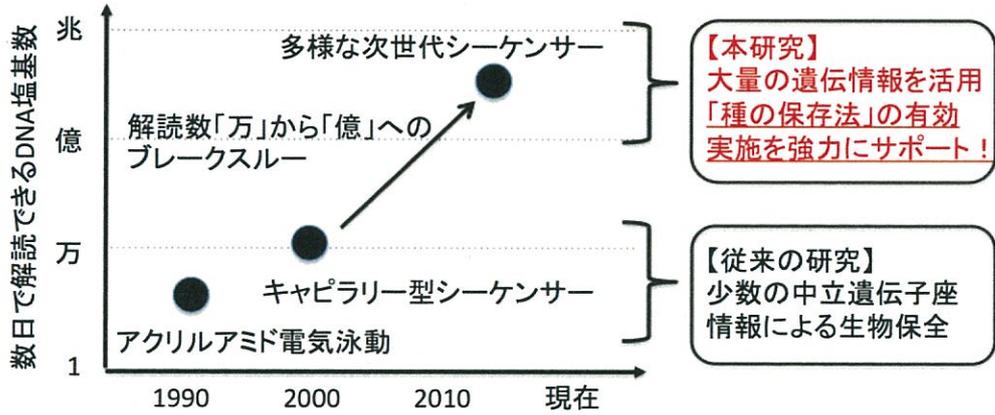
日本の生物多様性保全において中心的役割を担う「種の保存法」を有効に実施するためには、絶滅危惧種の保全に関して、より厳密かつ効率的な保全管理策の構築が強く求められている。本研究では、遺伝子解読技術におけるブレークスルーを活用し、社会的かつ行政的に保全の必要性が高い国内希少動植物種について、ゲノム情報を活用した、組織的、合理的、効果的な生物保全策を構築することで、「種の保存法」の有効実施を強力にサポートする。野生生物保全をめざした法律において、保護対象種の選定と同時にゲノムレベルの遺伝解析を行い、適切な保全を図ることは世界的に見てもきわめて先進的な試みであり、ゲノム解読時代における新たな生物保全策のスタンダードの構築を目的とする。

5. 研究項目及び実施体制

- ① ゲノム情報を活用した絶滅危惧種の最適保全管理
(京都大学)
- ② 絶滅危惧種保全のためのバイオインフォマティクス解析
(東北大学)
- ③ 絶滅危惧種を構成する残存集団のデモグラフィー解析
(筑波大学)
- ④ 絶滅危惧種のゲノム情報の縮約解読技術開発
(東北大学)

6. 研究のイメージ

近年の遺伝情報解読におけるブレイクスルー



この状況を活用し、「種の保存法」有効実施をサポートする

