

1. 研究の成果

- ユカギルマンモスから採取したサンプルから、ケナガマンモスのミトコンドリア DNA (16853 塩基対)の全配列を決定できた。これは、地質時代に絶滅した生物のミトコンドリア・ゲノムの全配列を決定した世界初の例である。
- ケナガマンモスのミトコンドリア DNA 全配列を、8種類のアフロテリア (アフリカ起源の真獣類のグループ):アフリカゾウ、アジアゾウ、ジュゴン、ハイラックス、ツチブタ、トビジネズミ、キンモグラ、テンレックと 1 種類のゼナースラ (南アメリカ独自の真獣類のグループ):アルマジロのものと比較し、系統解析を行った結果、非常に高い確率で、マンモスとアジアゾウが、マンモスとアフリカゾウよりもより近縁とする系統関係が得られた。
- 大きな分子データに基づき、進化速度の確率モデルによって分岐年代を推定すると、まずアフリカゾウの系統がマンモスとアジアゾウの共通祖先から 730 万年前に、そしてマンモスの系統とアジアゾウの系統が 480 万年前に分岐したと試算することができ、化石記録からの推定と非常に良く一致する結果が得られた。

2. これまでの経緯

- 2004 年 6 月 ユカギルマンモス国際学術研究委員会会合で、DNA 解析実施を決定
- 11月 名古屋大学環境学研究科小澤研究室と、サハ共和国の北方応用環境研究所およびヤクート科学センターが、共同研究契約に調印
- 同月 ヤクーツクにおいて、DNA 分析用サンプルの採取
- 2005 年 3 月 DNA 分析用試料が日本に到着し、分析を開始
- 2005 年 6 月 分析終了
- ユカギルマンモス・シンポジウムで、研究成果を発表
- グローバル・ハウス マンモス ラボにおいて、研究成果の展示を追加

以上