

全ゲノム増幅法を用いた氷河中の花粉1粒ずつの同定 Identification of single pollen grains found in a glacier using a whole genome amplification method

中澤 文男^{1*}; 陶山 佳久²; 伊村 智¹; 本山 秀明¹

NAKAZAWA, Fumio^{1*}; SUYAMA, Yoshihisa²; IMURA, Satoshi¹; MOTOYAMA, Hideaki¹

¹ 国立極地研究所, ² 東北大学

¹National Institute of Polar Research, ²Tohoku University

氷河から見つかる花粉は、他の堆積物試料から見つかる花粉と異なり、細胞内物質（原形質）を残存しているものが多い。このことは、氷河中の花粉から遺伝情報が取得できる可能性を示唆する。従来の花粉分析は、花粉の形態によって分類群を同定するため、形態の類似した近縁種の識別は難しく、科あるいは属レベルでの同定に留まる場合が多かった。氷河に含まれる花粉をDNA分析しその遺伝情報が得られれば、属より下位の階級で同定が可能となる。そこで本研究では、ロシア・アルタイ山脈にあるペルーハ氷河から採取した表層積雪中のマツ属花粉を用いて、DNA分析から詳細な同定を試みた。マツ属の下位の階級には、2 亜属、4 節、17 亜節、約 111 種が存在する。各マツ属花粉に含まれるゲノムDNAは、全ゲノム増幅法によって増幅し、葉緑体DNAの塩基配列解析を行った。その結果、亜節レベルでの同定が可能となり、さらに花粉種の候補を約 10 種まで絞ることに成功した。

キーワード: 氷河, アイスコア, 花粉分析, マツ属, DNA, 全ゲノム増幅

Keywords: glacier, ice core, pollen analysis, *Pinus*, DNA, WGA