


「霊長類学・ワイルドライフサイエンス・リーディング大学院」による派遣研究者報告書

(当経費の支援を受けての出張後、必ずご提出ください)

平成 26 年 6 月 9 日	
所属部局・職	野生動物研究センター・修士課程 2 年
氏名	小林宜弘

1. 派遣国・場所 (〇〇国、〇〇地域)
日本、京都大学
2. 研究課題名 (〇〇の調査、および〇〇での実験)
ゲノム実習・メタゲノム解析による屋久島にすむ哺乳類の糞サンプルを用いた食餌植物の同定
3. 派遣期間 (本邦出発から帰国まで)
平成 26 年 5 月 29 日 ~ 平成 26 年 6 月 6 日 (9 日間)
4. 主な受入機関及び受入研究者 (〇〇大学〇〇研究所、〇〇博士/〇〇動物園、キュレーター、〇〇氏)
京都大学
5. 所期の目的の遂行状況及び成果 (研究内容、調査等実施の状況とその成果：長さ自由)
写真(必ず1枚以上挿入すること。広報資料のため公開可のもの)の説明は、個々の写真の直下に入れること。 別途、英語の報告書を作成すること。これは簡約版で短くてけっこうです。
今回の実習では、メタゲノム解析による屋久島にすむ哺乳類の糞サンプルを用いた食餌植物の同定をおこなった。 本実習の目的は、メタゲノム解析による糞サンプルの DNA 分析を行うことにより、屋久島にすむ哺乳類が食べている植物の種類を同定することであった。加えて、屋久島実習ですで行った直接観察と糞分析を用いた食性調査の結果と比較した。 DNA 解析に関して、初めに QIAamp DNA Stool Mini Kit を用いて、屋久島で採集してきた糞サンプルから DNA を抽出した。抽出した DNA は一回目の PCR により、cpDNA 上に存在する rbcL 遺伝子を増幅させた。2 回目の PCR では、DNA 断片にインデックスシーケンスを加えた。その後、すべての Amplicon を DNA が同重量になるように調整して合わせ、MiSeq により DNA シーケンスにかけた。種の同定及び統計分析は、Claident と R を用いて行った。 結果として、ヤクシカでは 40 種類、ヤクシマザルでは 15 種類、イタチでは 6 種類の食餌植物を科レベルで同定することができた。この結果は屋久島実習で行った直接観察と糞分析の結果に比べて、より多くの食餌植物を同定している。しかし、次世代シーケンサーを用いた糞サンプルからの食餌植物の同定では、直接観察と糞分析のような従来の採食生態学的手法よりも、コストと時間がかかってしまう。また実際に種を同定したいのであれば、直接観察による食餌植物の同定の方がより正確である。 今後の予定としては、今回の結果を研究成果として報告する予定である。

図 次世代シーケンサー MiSeq

6. その他 (特記事項など)
実習企画の運営に協力くださったメンバー全員と、実習の実施をサポートくださったリーディング大学院の先生方、並びにゲノム実習でご教授くださった、阿形 清和先生、岸田 拓士先生、田辺 晶史先生、門脇 浩明先生、早川 卓志さん、澤田 晶子さん、栗原 洋介さん、鹿島 誠さんにお礼を申し上げます。 平成 26 年 5 月 29 日制定版 > 複査先: report@wldlife-science.org