

「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 11 日	
所属部局・職	野生動物研究センター・博士課程学生
氏名	大谷ミア

1. 派遣国・場所 (〇〇国、〇〇地域)
2. 研究課題名 (〇〇の調査、および〇〇での実験) 屋久島ゲノム実習
3. 派遣期間 (本邦出発から帰国まで) 平成 26 年 5 月 2 9 日 ~ 平成 26 年 6 月 5 日 (8 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)
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、屋久島で採集した糞サンプルの中に含まれる動物、昆虫由来の種を同定する目的で、次世代シーケンサーを用いた実験を行った。 用いたサンプルは屋久島で採集した糞だけでなく、先日京都市水族館で解体が行われた深海魚のリュウグウノツカイの胃や腸のサンプルもあり、貴重な体験ができた。 1日目は、それぞれのサンプルのDNAを抽出し、その量を測定した。Nano-drop や Qbit を用いて、1サンプルあたり 10 秒もたたないうちに測定が可能であった。 2日目は、PCR を行った。1 回目の PCR の後、どのサンプルも増えていなかったの、アニーリング温度を下げて再度 PCR を行った。2 度目は成功したが、次の段階の PCR の準備をした段階で時間が遅くなってきたので、予定していた段階まで進むことが出来なかった。 3日目は、2 段階目の PCR を行った。その後 PCR 産物を精製し、量を測定した。TapeStatopn を用いて MiSeq に使用できるサンプルを選別し、翌日に MiSeq でシーケンシングを行うためにサンプルを作成した。 4日目は休みだった。 5日目～7日目は R を用いた解析の練習だった。講義はとても分かりづらかったし、その後もプリントだけ渡され、放置されていた状態であった。ホストゲノムのチームは付きっきりで講師が説明していたのに対し、ひどい状況であった。また、昆虫のベータシク班とメタゲノム班がレポートとポスター発表を合同で行うことを知ったのもこの日である。 8日目の昼になり、ようやく MiSeq の結果がでた。講義と練習の通りに解析を行ったが、昆虫はそもそものデータベースが未完成であるため、なかなか思うような結果は出なかった。結果としては、昆虫班が採集した 90 以上の昆虫のうち、サルの糞の中に含まれていたのは 1 つだけであった。 昆虫のデータベースがこれほど未完成であるということは、昆虫がいかに多種多様で、これからの研究の余地があるかということだ。今後こうした実験を自分の研究に取り入れるかはまだ不明であるが、現在の先端技術を目の当たりにでき、良い経験が出来たと思う。
6. その他 (特記事項など)

「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)

写真 1
実験風景



写真 2
AMPure を用いた PCR 産物の精製。
磁石を用いて DNA を引き寄せている。

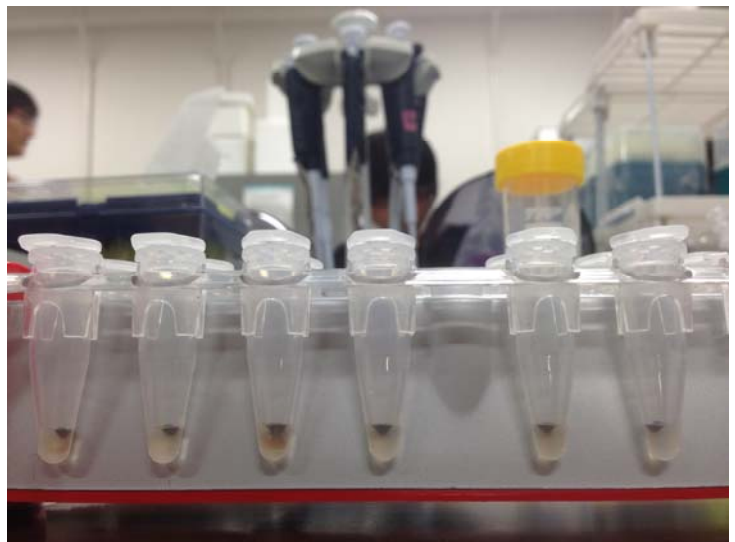


写真 3
MiSeq の説明風景

