

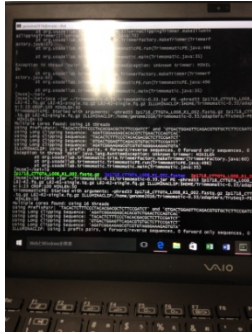
「霊長類学・ワイルドライフサイエンス・リーディング大学院」による派遣研究者報告書

(当経費の支援を受けての出張後、必ずご提出ください)

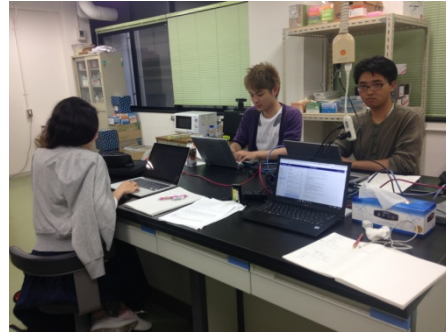
平成 28 年 6 月 9 日	
所属部局・職	理学研究科植物学教室・修士課程学生
氏名	李 忠建

1. 派遣国・場所 (〇〇国、〇〇地域)
日本国、京都
2. 研究課題名 (〇〇の調査、および〇〇での実験)
ゲノム科学実習(全ゲノム解析グループ)
3. 派遣期間 (本邦出発から帰国まで)
平成 26 年 5 月 30 日 ~ 平成 26 年 6 月 3 日 (5 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、岸田博士
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。
本実習では、私はヤクザルの全ゲノム情報を解析するチームに参加した。実習では、以下のことについての結果を得た。 1) PSMC によるヤクザルの個体群サイズ変遷の推定 2) PSMC を応用したヤクザルとアカゲザルの分岐年代の推定 3) アカゲザルとの SNP 比較によるヤクザルの特徴的な表現型と関連する遺伝子の探索 結果は 2016 年 6 月 7 日の国際セミナーで発表された。 以下は実際の活動について述べる。 我々が材料としたのは、すでに実験により得られたヤクザルゲノムのデータであり、すべての操作は PC 上で行われた。 ゲノムデータはサイズが大きいこと、スーパーコンピュータに接続しての操作であることもあり、我々はコマンドラインインターフェースを使用したが、精通していなかった我々は、随時説明を受けながら徐々に適応した。 ヤクザルゲノムは、ショットガン法により大量に得られた短い断片の配列としてデータ化されていたため、これを既知の整形されたアカゲザルゲノムと対応させることで全ゲノムを復元するに至った。3 日間ほどは、元データを解析可能な形に整形する作業や、元データの質の算出、質の悪いデータを解析用データの除外、解析用データの整形などが続き、その後は PSMC による個体群サイズ変遷の推定や、SNP データに基づく遺伝子探索が行われた。ほとんどは入力さえ済ませればコンピュータが結果をもたらすのを待つことができたが、遺伝子探索については SNP データを参照しつつ地道な作業が必要となった。 私の研究手法である分子系統学においてはコンピュータによる解析は必須であり、コマンドラインを利用した解析を経験したことが今後の糧になるだろう。進化の道筋を辿る研究の関係上、今後 PSMC 及びその派生手法を使うこともありうるが、貴重な経験となった。

「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)



同僚の操作画面



解析風景

6. その他 (特記事項など)

本実習は PWS リーディング大学院プログラムの支援のもと実施されました。企画・指導・協力等々様々な形で携わって下さった方々に深く感謝いたします。