

「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 06 月 16 日	
所属部局・職	霊長類研究所・修士課程一回生
氏名	黒木康太

<b>1. 派遣国・場所</b> (〇〇国、〇〇地域)
京都府京都市 京都大学理学部一号館
<b>2. 研究課題名</b> (〇〇の調査、および〇〇での実験)
ゲノム科学実習
<b>3. 派遣期間</b> (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)
<b>4. 主な受入機関及び受入研究者</b> (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
<b>5. 所期の目的の遂行状況及び成果</b> (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。

# 「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)

本実習は、全ゲノム班、シカ班、昆虫/イチジク班の3つに分かれて行われた。

私は全ゲノム班の一員として、スーパーコンピューター-muse を用いたヤクザル(*Macaca fuscata yakui*)の全ゲノム解析を行った。

今回解析対象となったヤクザル DNA は、日本モンキーセンターで飼育されている個体の血液より抽出されたものである。ゲノム塩基配列は次世代シーケンサーによってすでに特定が行われており、私達実習生はそのデータの解析を行った。

今回は、主に二つの解析を、スーパーコンピューター-muse を用いて行った。

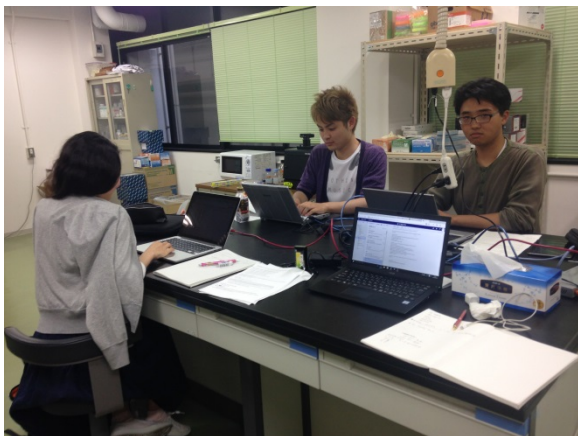
- ① PSMC 解析によるヤクザルの個体群の大きさの推移解析
- ② 各遺伝子における塩基配列変異の解析

今回これらの解析では、同じマカク属であるアカゲザル(*Macaca mulatta*)のゲノムをレファレンスとした。

PSMC 解析とは、一個体のゲノムの塩基多型(SNPs)から、個体群の大きさの推移をみることが出来る解析法である。今回この解析により、約 100 万年前までのヤクザルの個体群の推移を見ることができた。アカゲザルゲノムとヤクザルゲノムの複合二倍体ゲノムで同様の解析を行うことにより、アカゲザルとニホンザルの分岐年代を推定することにも成功した。

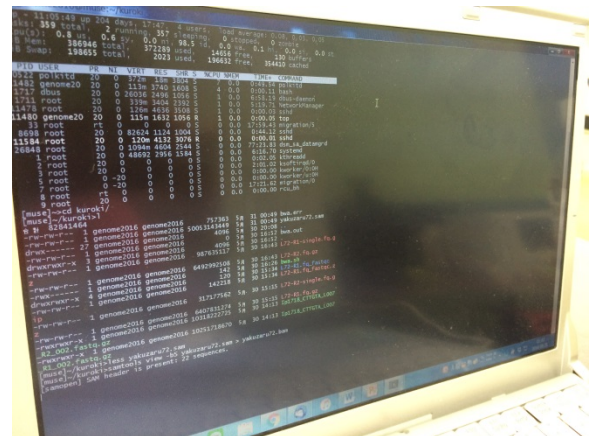
また、遺伝子の変異解析では、終止コドンがアミノ酸配列中に 11 個も存在する遺伝子(ZNF37A)を特定した。この遺伝子中にはミスセンス変異(異なったアミノ酸残基が入ることにより異常たんぱく質が生産される変異)点が 60 も存在した。おもに筋形成に関わる遺伝子であるが、この変異が個体の表現型に異常をきたしているのか、もしくはアカゲザルとヤクザルとの間で ZNF37A の配列に違いがあるのかは、さらなる調査が必要である。

本実習を通して、次世代シーケンサーから取得した DNA 塩基配列情報の解析という、近年のゲノム研究においては欠かすことのできない研究に触れることができた。事前に屋久島実習において自然環境下でのヤクザルを観察していたため、ヤクザルがどのような環境下で生きてきたのかイメージがわきやすく、充実感を得られる実習となった。



解析作業中の様子

撮影: 樋原慧



処理を行う際に使用した Cigwin の画面

## 6. その他 (特記事項など)