

「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 29 年 7 月 5 日	
所属部局・職	霊長類研究所・修士課程学生
氏名	柴田翔平

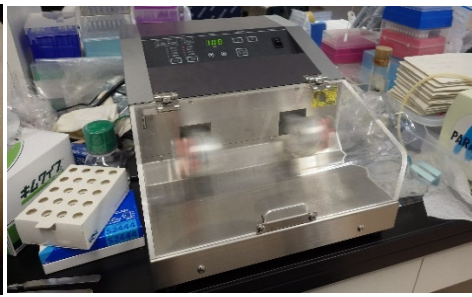
1. 派遣国・場所 (〇〇国、〇〇地域)
犬山、霊長類研究所
2. 研究課題名 (〇〇の調査、および〇〇での実験)
ゲノム科学実習
3. 派遣期間 (本邦出発から帰国まで)
平成 29 年 5 月 22 日 ~ 平成 29 年 5 月 26 日 (5 日間)
4. 主な受入機関及び受入研究者 (〇〇大学〇〇研究所、〇〇博士/〇〇動物園、キュレーター、〇〇氏)
京都大学 霊長類研究所
5. 所期の目的の遂行状況及び成果 (研究内容、調査等実施の状況とその成果：長さ自由)
<p>本実習はフィールド科学実習に引き続いて行われた。私が所属する Parasite group では、屋久島で採集した外部寄生虫の DNA を用いた系統解析を行った。</p> <p>5/22 DNA 抽出 5/23 PCR、電気泳動 5/24 PCR、電気泳動、シーケンス (失敗) 5/25 PCR、電気泳動、シーケンス 5/26 データ解析、発表準備 5/30 ポスター発表 (GETBio)</p> <p>本実習ではまず、フィールド実習で採集したサンプルを破碎し、DNA を抽出した。得られた DNA は PCR によって増幅させた。ダニ、昆虫、哺乳類それぞれに特異的なプライマーを用いたが、増幅されたのはダニ特異的なプライマーを用いたサンプルのみであった。PCR 産物の確認には電気泳動を用いた。その後純化した PCR 産物を用いて、シーケンサーによる配列を決定した。一度目のシーケンスは結果が得られなかったため、PCR 産物の純化の行程からやり直した。</p> <p>二度目のシーケンスでは 19 個の配列が得られた。そのうちの 15 個の配列を用いて、解析用ソフトの MEGA7 で系統樹を作成した。</p> <p>得られた結果をフィールド科学実習との結果と統合し、一枚のポスターにまとめ、GETBio 6th International Seminar on Biodiversity and Evolution にてポスター発表を行った。</p> <p>この実習を通して、DNA 分析がいかに注意の必要なものであるかを学んだ。使用する薬品やサンプルの扱いに注意を払っているつもりでも、どこか一つの行程でも誤った操作をしてしまうと、結果が得られない。今回は再度やり直せる段階での失敗であったが、それでも限られた時間の中で同じ操作を繰り返すことは、かなりの時間のロスになってしまった。しかし、同時に系統解析を行う上で DNA を用いることがいかに効果的であるかも学ぶことができた。自分の研究においても、フィールドワーク、ラボワークのどちらにおいても、それぞれに必要な意識を持って臨みたい。</p>

「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

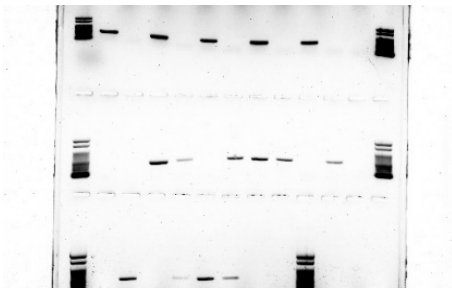
(当経費の支援を受けての出張後、必ずご提出ください)



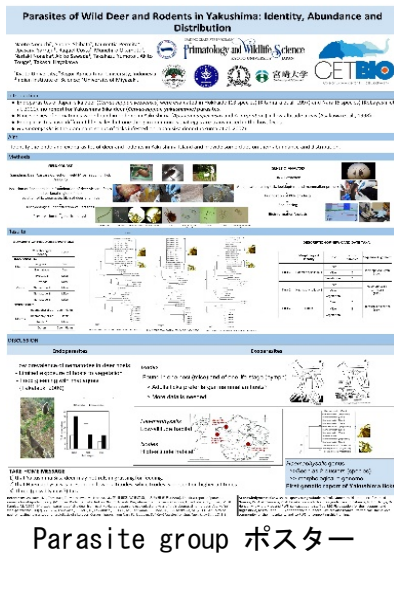
ダニサンプルの分離



サンプルの破碎



電気泳動結果



Parasite group ポスター

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援助を受けて行われました。実習中は早川先生、岡本先生、峠氏に大変お世話になりました。感謝申し上げます。