

「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)

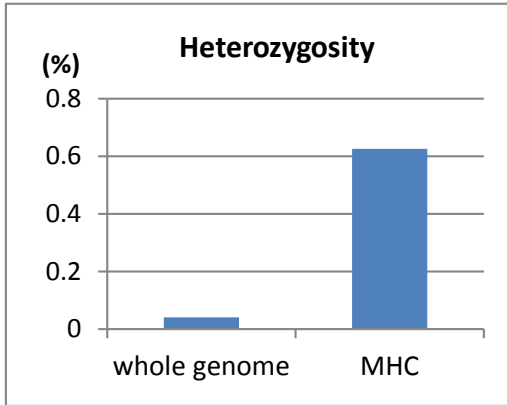
平成 27 年 6 月 12 日

所属部局・職	霊長類研究所・修士課程学生
氏名	石塚真太郎

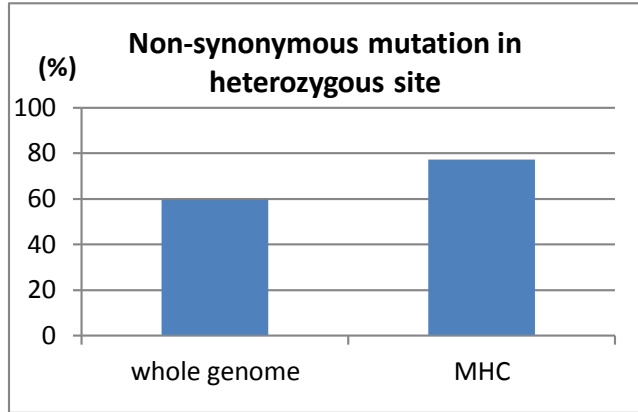
1. 派遣国・場所 (〇〇国、〇〇地域)
京都大学理学研究科一号館
2. 研究課題名 (〇〇の調査、および〇〇での実験)
ゲノム実習
3. 派遣期間 (本邦出発から帰国まで)
平成 27 年 6 月 2 日 ~ 平成 27 年 6 月 9 日 (8 日間)
4. 主な受入機関及び受入研究者 (〇〇大学〇〇研究所、〇〇博士/〇〇動物園、キュレーター、〇〇氏)
岸田拓士氏 (WRC), 早川卓志氏 (PRI)
5. 所期の目的の遂行状況及び成果 (研究内容、調査等実施の状況とその成果 : 長さ自由)
写真 (必ず 1 枚以上挿入すること。広報資料のため公開可のもの) の説明は、個々の写真の直下に入れること。 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。
<p>今回のゲノム実習は、屋久島実習で観察した野生動物のゲノム情報を理解することを目的とし、以下の日程で行われた。私は whole genome 班に属し、昨年次世代シーケンサーで読んだヤクザルの全ゲノム解析を行った。日程は以下の通りである。</p> <p>2015/6/2 集合、de novo assemble の講義 2015/6/3-4 mapping の講義 2015/6/5-7 各自分析 2015/6/8 発表準備 2015/6/9 発表会</p> <p>解析のテーマは各自が決めた。私は卒業研究で MHC というゲノム領域を扱っていたので、本実習でも MHC に着目した。</p> <p>MHC は全脊椎動物が有し、免疫システムに関与するゲノム領域である。この領域は非常に多型に富むことが知られており、これは中立選択によって選択されてきたためだと考えられている。これらの特徴から、MHC の多様性については、これまでに多くの研究が行われてきた。一方で、同一個体内で MHC 領域と全ゲノムの多様性を比較した研究はまだ少ない。これらのことは、対象個体の集団の MHC 多様性を理解する上で重要であり、ひいては集団の存続可能性を評価することにつながる。そこで本実習では、近年登場した次世代シーケンサー (NGS) を用い、ヤクシマザルの MHC 領域と全ゲノムのコーディング領域について、遺伝的多様性を比較した。</p> <p>方法としては、MHC 領域として、外来抗原との結合に関わり、特に多型に富むとされる MHC class I および class II 遺伝子に着目し、アカゲザルのゲノムに対してマッピングされ、ゲノム内の位置およびアミノ酸配列が明らかにされている 7 種類の class I 遺伝子と 5 種類の class II 遺伝子のコーディング領域と全ゲノム中のコーディング領域のヘテロ接合度を比較した。また、それぞれのコーディング領域のヘテロ接合部位の中での、非同義置換の割合を比較した。</p> <p>結果としては、MHC のヘテロ接合度は、全ゲノムのそれよりも有意に高かった (図)。また、ヘテロ接合部位中の非同義置換の割合についても、MHC は全ゲノムよりも有意に高かった (図)。これらより、MHC はゲノムの中で、多様性に富む領域であることが示された。これは、冒頭でも述べた通り、中立選択によりものだと考えられる。今後は、他の MHC 遺伝子や、非コーディング領域も含めたさらなる解析が求められる。</p> <p>バイオインフォマティクスを本格的に学んだのは初めてだった。最初、私は今までパソコンに弱かったので、プログラミングなどを使うことを不安に感じていた。一方で全ゲノム解析の手法は、私が最も修得したいと思っていた方法の一つであった。そのような中で実習を受けると、やはりプログラミングは難しく、自分で解析できるようになるにはまだまだほど遠いと感じた。しかし、わずかながら解析を行ってみて、30 億塩基対もの全ゲノムを扱うと見えてくるものはたくさんあるのだろうと感じた。特に PSMC は印象深く、今後、是非今回のデータを用いて解析してみたいテーマの一つだ。実習後も解析を続け、ヤクザルのゲノムに埋め込まれた進化の歴史の一部を解き明かすと同時に、今後の自分の野生霊長類研究にも応用していきたい。</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)



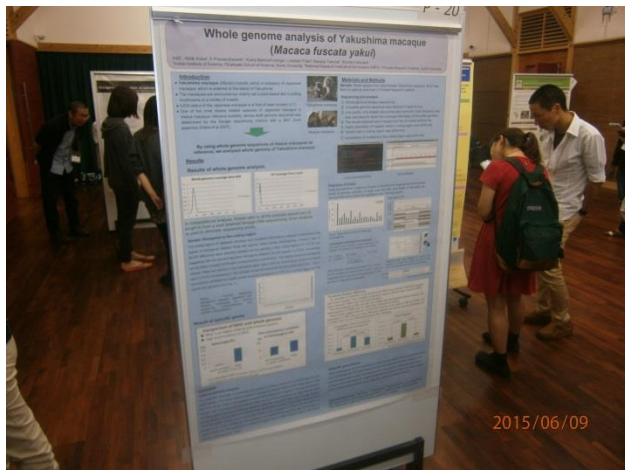
全ゲノムと MHC のコーディング領域のヘテロ接合度



全ゲノムと MHC のコーディング領域のヘテロ接合部位における非同義置換の割合



データ解析の様子



シンポジウムでの発表用ポスター

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支援を受けて遂行できました。PWS プログラムおよび指導して下さった岸田先生および早川先生に感謝申し上げます。