

「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 30 年 12 月 16 日

所属部局・職	霊長類研究所・修士課程学生
氏名	木下勇貴

<b>1. 派遣国・場所</b> (〇〇国、〇〇地域)
日本、愛知県犬山市、霊長類研究所
<b>2. 研究課題名</b> (〇〇の調査、および〇〇での実験)
ゲノム実習
<b>3. 派遣期間</b> (本邦出発から帰国まで)
平成 30 年 11 月 12 日 ~ 平成 30 年 11 月 16 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)
京都大学霊長類研究所、早川卓志博士 京都大学野生動物研究センター、岸田拓士博士
<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。
霊長類研究所にてゲノム実習に参加した。先立って実施された屋久島実習で採集したニホンザルとヤクシカの糞サンプルを用い、屋久島におけるニホンザルとヤクシカの分布状況を分析した。
11/12 糞サンプルから DNA 抽出、精製 11/13 PCR、電気泳動 11/14 シークエンシング 11/15 分析 11/16 分析、ポスター作成
屋久島実習で収集した糞サンプルから DNA を抽出し、PCR によって増幅したのちシークエンシングを行った。得られた配列情報から遺伝解析用ソフトウェア (MEGA7) を用いて遺伝分析を行った。
<b>ニホンザル</b> 2017 年度に採取された糞サンプルと統合したところ、3 つのハプロタイプ (Y1, Y2, Y5) が同定された。Y2 は、Hayaishi and Kawamoto (2006) では屋久島西部地域に見られたが、今回の分析ではそれよりも南部へ移動していた。ミトコンドリア DNA は母系遺伝であり、なおかつニホンザルはオスが群れ間を移動するため、群れの移動とハプロタイプの分布変化は一致することが予想される。しかし、この地域においてニホンザルの群れは北部へ移動するという知見(杉浦, 未発表)が得られている。この齟齬の原因としては、群れの散逸と個体レベルでの群れ間の移動が過去において発生したことが考えられるが、明確な理解のためには継続的な調査が必要である。
<b>ヤクシカ</b> 本研究の目的はヤクシカの遺伝的多様性と遺伝分布を明らかにすることであった。本実習では屋久島全域から得られた計 14 個の糞サンプルを分析対象とした。分析の結果、8 つのハプロタイプが同定された。九州のシカと比較したところ、ヤクシカは遺伝的に独立した一つのグループを形成していることが明らかになった。
本研究の結果は、11/20 に開催された 9th International Seminar on Biodiversity and Evolution にて発表した。
本実習で、DNA のサンプル回収、分析、シーケンシングに至るまでの一連の研究を初めて行った。この経験は私の将来の研究に必ず役立つだろう。
<b>6. その他</b> (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御支援のもと行われました。この場を借りて御礼申し上げます。また、今回の実習においてご指導いただいた早川卓志特定助教、岸田拓士特定助教、Yan Xiaochan 氏に感謝申し上げます。