

# 「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 6 月 8 日 |                   |
| 所属部局・職          | 理学研究科生物物理学教室・修士課程 |
| 氏名              | 小野田 麻由            |

|  |
|--|
| <b>1. 派遣国・場所</b>   |
| 日本、京都大学  |
| <b>2. 研究課題名</b>  |
| ゲノム実習(全ゲノム班)   |
| <b>3. 派遣期間</b>   |
| 平成 26 年 5 月 30 日 ~ 平成 26 年 6 月 7 日 (8 日間)  |
| <b>4. 主な受入機関及び受入研究者</b>  |
| 京都大学野生動物研究センター、岸田拓士助教  |
| <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。<br>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>本実習で私は全ゲノム班に参加した。</p> <p>研究内容：<br/>次世代シーケンサーで予め配列決定された単一個体ヤクシマザル <i>Macaca fuscata yakui</i> の全ゲノム(日本モンキーセンター提供)を、アカゲザル <i>Macaca mulatta</i> をリファレンスゲノムとしてマップし、新たな手法 Pairwise sequentially Markovian coalescence (PSMC, Li H. and Durbin R. 2011) を用いて以下の事項の解析を行った。</p> <ol style="list-style-type: none"><li>1. 屋久島におけるヤクシマザルの個体群史を調べた。</li><li>2. ヤクシマザルのアカゲザルからの分岐年代を推定した。</li><li>3. 得られた全遺伝子変異のデータから相違度の高いものまたは両サルの形質的な違いに寄与する可能性の高いものを探索し、それらについて考察を行った。</li></ol> <p>なお、すべての解析は京都大学所有のスーパーコンピュータを用いた。また、詳細な結果は 2016 年 6 月 7 日開催の国際セミナー(The 5<sup>th</sup> International Seminar on Biodiversity and Evolution: New Methodology for Wildlife Science)のポスター発表にて報告されたため、本報告書では概要に留める。</p> <p>結果および考察：</p> <ol style="list-style-type: none"><li>1. ヤクシマザルはアカゲザルとおよそ 50 万年前に分岐した。これは先行研究の報告とほぼ一致した。</li><li>2. ヤクシマザルはアカゲザルとの分岐後、個体数を増やした。</li><li>3. ヤクシマザルの個体数はおよそ 5000 年前に減少した。</li><li>4. 重要な変異が見られる遺伝子について解析を行ったが、ヤクシマザル・アカゲザルの分岐あるいはヤクシマザル固有の形質に関わるような遺伝子は見つからなかった。</li></ol> <p>個体群推移のヒストグラムより、ヤクシマザルは 50 年前のアカゲザルとの分岐後ニホンザルと分岐し、後氷河期時代に、陸橋を渡って日本本土(九州)から屋久島に移りそのまま定着したと考える。定着後再びその個体数を減らしているのは、口永良部島での火山噴火によるものだと考える。</p> <p>実習を通して学んだこと：<br/>解析の基礎(Variant Call, Quality control)を実践的に学ぶことができた。本研究の新奇性は、個体群推移推定法として強いかつ新規の手法である PSMC をヤクシマザルのゲノムに応用したことであるが、それにおいてまず PSMC の原理、集団遺伝学における重要な概念を学習した。そしてヤクシマザルの先行研究、屋久島の地理的歴史を詳しく知ること、結果のヒストグラムとの関連を考察することができた。遺伝子解析の結果について有力な情報を持ちえる遺伝子を探索することができず残念であった。しかしながら</p> <ol style="list-style-type: none"><li>1. 未同定の遺伝子も数多く存在すること</li><li>2. 今回はミスセンス突然変異およびアミノ酸変化をもたらす変異を持つ遺伝子の一部のみの限定的な解析であった</li></ol> <p>ことを踏まえて、スクリーニングの方法を改善して、ヤクシマザルの形質に関与する遺伝子の探索を行いたい。</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)

以上の体験は、ヤクシマザルを含めた屋久島に生息する生物種の保全に有益であるし、私に人生初の全ゲノム解析の経験を与えた。それとともに、ある生物の種分岐、進化を(限定的な地域ではあるが)考えることにつながり、集団遺伝学やEco-Devo分野にも興味のある私にとって新たな知識をもたらした。今後も自身の研究の大きなテーマである「発生」および「再生」を突き進めていく中で、扱うモデル生物により深い関心を持つことができると考える。

本実習はすべて京都大学理学一号館地階で行われた。以下実習中の様子を記載する。



解析中の様子。(撮影者：黒木康太)



解析された配列が出力された様子。(撮影者：樋原慧)



ディスカッションを行う班のメンバー。(撮影者：樋原慧)

### 6. その他 (特記事項など)

本実習を行うに際してお世話になった岸田拓士先生、博士課程の松島慶さん、全ゲノム班のメンバー全員、PWSリーディングプログラムの担当者各位に心より感謝申し上げます。また、本実習の受講を強く推奨してくださった指導教官の阿形清和先生にも、このような実りある体験ができたことについて感謝申し上げます。