

「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 4 日

所属部局・職	理学研究科生物科学専攻・修士一回生
氏名	大坪卓

<b>1. 派遣国・場所</b> (〇〇国、〇〇地域)	
日本、京都	
<b>2. 研究課題名</b> (〇〇の調査、および〇〇での実験)	
ヤクザルの mtDNA のハプロタイプの調査	
<b>3. 派遣期間</b> (本邦出発から帰国まで)	
平成 26 年 5 月 22 日 ~ 平成 26 年 5 月 26 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)	
京都大学野生動物研究センター 岸田拓士先生	
<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)	
<p>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> <p>今回のゲノム実習では、屋久島で採集したヤクザルの糞のサンプルから mtDNA を抽出し、ハプロタイプの研究をおこなった。</p> <p>まず、QIAGEN のキットを用い、採集した糞のサンプルから mtDNA を抽出した。そのサンプルを NanoDrop で定量し、PCR で増幅した。増幅した PCR 断片を用いて BigDye 反応を行い、シーケンスした。シーケンスの生データの波形を目視で確認しつつ確実に読めているところの配列を決定し、他は n とし、読めていない両末端は棄却した。これを BLAST にかけてところ 1 サンプルだけ人のものがコンタミネーションしていたが、他の読めたものは全てヤクザルであった。過去の研究データと MEGA7 を用いてハプロタイプの比較を行った(画像参照)。この結果、ヤクザルの集団の移動もしくは拡大が起きていることが推察された。多くのサンプルのシーケンスに成功したわけではなかったものの、これだけでもサルの移動などを考えられるだけのデータになり、面白かった。</p> <p>また、この経験は、少数のハプロタイプのヤクザルの保全に対し、具体的な方針を考える上で重要となるだろう。</p> <p>The 6<sup>th</sup> International Seminar on Biodiversity and Evolution: Wildlife Science by New Biologging studies で研究成果を報告した。</p>	
	
<b>6. その他</b> (特記事項など)	
<p>実習では岸田先生、松島氏に非常にお世話になりました。ありがとうございました。また、本実習は PWS の支援を受けて行いました。ここに申し上げます。</p>	