

「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 15 日	
所属部局・職	野生動物研究センター・修士課程学生
氏名	査間領

1. 派遣国・場所 (〇〇国、〇〇地域)
京都大学 理学研究科
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 26 年 5 月 29 日 ~ 平成 26 年 6 月 6 日 (5/31, 6/1 を除く) (7 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)
京都大学理学研究科生物科学専攻
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>本実習は、屋久島実習で採集したヤクザルの糞サンプルからゲノム解析を行う事を目的に行われた。私のグループは、サルの糞からホストの DNA を抽出してゲノム解析を行いヤクザルの嗅覚及び味覚受容体の変異を調べることを目標にした。</p> <p>実習は大きく分けて、 前半：実験作業 後半：解析作業 に分けられた。</p> <p>前半の実験では、まず糞サンプルから DNA を抽出し、クオリティのチェックを行った。ここまでは全ての班 (基礎班除く) と一緒に行った。次に PCR で DNA の増幅、超音波による DNA 断片化処理、ハイブリダイゼーション等を行い、次世代シーケンサーでサンプルを解析した。</p> <p>自分たちのデータが出るのを待つと最終日のポスター発表に間に合わないため、解析作業は去年のホストゲノム班のデータを用いて行われた。作業は自分の PC で行い、計算作業は京都大学のサーバーに接続して行った。解析のおおまかな流れとしては、まずデータのクオリティチェックを行いトリミング、リファレンスゲノムとの照合 (マッピング)、SNP および indel の探索という手順で行われた。最終日は国際セミナーでポスター発表を行った。去年のデータが余り良くなく、踏み込んだ考察は行えなかったが、班員の皆さんのおかげで良いポスターを作る事ができた。</p> <p>感想</p> <p>前半の実験作業については、経験があるものが多かったので特について行けないと感じるような事はなかったが、後半の解析についてはプログラミングの知識が求められ、中々理解するのに苦しんだ。しかし、班員のみんなで助け合って、なんとか最後までやりきることができた。統計学についてはこれから確実に必要なので早く自分のものにしたい。</p> <p>心残りとしては、ポスター発表で自分たちが出したデータを使いたかった。来年はもう少し日程に余裕があると良いかもしれない。</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)



次世代シーケンサーMySeq



解析作業の風景

6. その他 (特記事項など)