


Research Activity Report
Supported by “Leading Graduate Program in Primatology and Wildlife Science”

2018.06.08

Affiliation/Position	Wildlife Research Center/M1
Name	中野 勝光

1. Country/location of visit
日本
2. Research project
PWS、CETBio
3. Date (departing from/returning to Japan)
2018.05.28-2018.06.01 (5days)
4. Main host researcher and affiliation
岸田拓士 特定助教, Wildlife Research Center, 京都大学
5. Progress and results of your research/activity (You can attach extra pages if needed)
Please insert one or more pictures (to be publicly released). Below each picture, please provide a brief description.
<p>この実習では、私は Monkey2 グループとして、2018/05/19-26 の Field course で集めた糞サンプルの DNA のミトコンドリアゲノムのコントロール領域を解析し、ハプロタイプを同定し、ヤクシマサルの系統地理的分布について調べた。得られたハプロタイプとサンプリングした位置情報をもとに、QGIS を用いて地図上にマッピングした。</p> <p>遺伝子解析の結果、ハプロタイプ 1 が 18 個体、ハプロタイプ 5 を 2 個体同定した。ハプロタイプ 2, 3, 4 は今回の解析では同定できなかった。これらのデータを過去 2 年間のデータと統合すると、ハプロタイプ 1 が 58 個体、ハプロタイプ 2 が 8 個体、ハプロタイプ 5 が 3 個体となった。これらのデータを地図上にマッピングすると、ハプロタイプ 1 は屋久島全域に分布していることが分かった。一方で、ハプロタイプ 2 は南部に、ハプロタイプ 5 は北西部に限定に分布していることが分かった。この分布を 15 年前のハプロタイプの分布 (Hayaishi et al., 2006) と比較することで、15 年間のヤクシマサルの個体・集団の移動を考えた。</p> <p>結果から、ハプロタイプ 1 は屋久島全域に分布しているが、その他のハプロタイプは特定の集団に制限されていると考えられる。また 15 年前のデータとの比較の結果、ハプロタイプ 2, 5 の南方向への移動が示唆された。ミトコンドリア DNA は母系由来の DNA であるため、15 年間で少なくともハプロタイプ 2, 5 をもつ集団の雌の移動が考えられる。ハプロタイプ 3, 4, 6 は、今回の調査では同定できなかったが、これらのハプロタイプにも同様の移動が起きているのか明らかにするためには、同定する必要がある。2 年間の調査で、屋久島ほぼ全域を網羅したが、まだサブリングできていない地域もあるため、情報を蓄積していくことで、サルの集団の移動や分布の変化について明らかになっていくだろう。</p> <p>今回の実習では遺伝的解析の基礎を学ぶことができた。また系統地理学におけるミトコンドリア DNA の意義について理解することができ、良い機会となった。</p>

糞サンプルから DNA を抽出
6. Others