

「フィールドサイエンスにおける分析科学の応用: DNA、ホルモン、同位体」

日時: 2015年6月18日(土) 13:00~17:30

場所: 京都大学 理学研究科セミナーハウス (吉田キャンパス北部構内)

http://www.kyoto-u.ac.jp/ja/access/campus/yoshida/map6r_n.html

対象: 申し込み無しでどなたでも参加いただけます (懇親会は申し込み必要)

オーガナイザー: 蔦谷 匠 (京都大学大学院理学研究科、日本学術振興会)

<プログラム>

12:00 開場 (持ち込んだ昼食を会場内で召し上がっていただけます)

13:00 シンポジウム趣旨説明 (蔦谷 匠: 京都大学)

13:15 野生動物ゲノム・メタゲノム研究—できるようになったこと— (早川 卓志: 京都大学)

14:00 野生動物におけるホルモン分析—できること・わかること— (木下 こづえ: 京都大学)

14:45 休憩

15:00 安定同位体分析の応用—わかることとわからないこと— (蔦谷 匠: 京都大学)

15:45 コメント (未定)

16:00 休憩

16:15 総合討論

17:30 終了

18:00 同会場で懇親会 (以下参照)

<懇親会への参加申し込み>

シンポジウム終了後に同じ会場 (理学研究科セミナーハウス) で懇親会を開催します。懇親会参加希望者は、6月11日(土)までに蔦谷匠<tsutaya@jinrui.zool.kyoto-u.ac.jp>までお知らせください。懇親会参加費はひとりあたり3000円です。

<シンポジウム全般に関する問い合わせ先>

蔦谷 匠 (京都大学大学院・理学研究科)

tsutaya@jinrui.zool.kyoto-u.ac.jp

<Webサイト>

分科会: http://anthro.zool.kyoto-u.ac.jp/evo_anth/evo_anth/sympo.html#36th

Facebook: <https://www.facebook.com/events/1709949855948520/>

<シンポジウム要旨>

さまざまなフィールドから得られた試料に対して、最先端の分析手法を適用し、観察や計測のみからは推定できなかった事実を明らかにする研究が増えている。本シンポジウムでは、DNA、ホルモン、同位体について、霊長類を含む大型哺乳類の行動生態学のフィールドにおいて、それらを分析することで何がわかるか、フィールドでどのようにサンプルを採取し保存すれば良いか、フィールドでそのまま、あるいは実験室に持ち帰って、どのようにして分析するのかを、それぞれ報告してもらう。また、試料を採取する・持ち帰る過程で考慮しなければならない法規的な側面にも触れる予定である。

本シンポジウムでは、以下ふたつの目的が達成されることを目指している。主たる対象は研究者を想定しているが、これから研究テーマを決める学生にも役立つ内容にしたい。

1. テクニカルな側面: こうした分析手法の採用にも興味を持っている研究者が、分析によって何を知ることができる／知ることができないかを学べて、実際に応用を試みられるようになる。
2. 分野の展望: これまでこうした分析に馴染みがなかった研究者が、これらの分析手法を使用した研究における現在のホットトピックスや、これから予想される展開を理解できるようになる。

もともとこうした分析手法は、分子生物学や地球化学など、別な学問分野から人類学やフィールドサイエンスに「輸入」されてきたものである。また、諸分野のなかでも、手法のやり取りが行われている。たとえば、生態学分野で基礎を確立した同位体分析は、1980年代以降、考古学への応用が主だったが、最近では、古人骨の研究で得られた知見も参考にしながら、霊長類学や生態人類学への応用が盛んになってきている。一見縁遠い分野に見えても、応用のアイデアはかきこにある。講演と総合討論を通して、そうした新たな研究のタネをみつけていただければ幸いである。

<発表要旨>

野生動物ゲノム・メタゲノム研究—できるようになったこと—

早川 卓志 (京都大学霊長類研究所・公益財団法人日本モンキーセンター)

DNAを用いた遺伝子解析は、野生動物を観察するだけではわからない多くの情報を与えてくれる。例えばマイクロサテライトやミトコンドリアDNAに基づく動物個体の遺伝子解析を通じて、その個体の血縁を知ることができる。他にもDNAは、性別、遺伝的多様性、集団分化、分子系統、環境の種多様性の解析など、様々な目的に利用される。

しかしこうした遺伝子解析では、野生動物から収集できるDNA試料の状態が悪いということが常の問題とされていた。野生動物からの試料収集は、多くの場合で非侵襲性が求められる。すなわち、自然脱落した排泄物、食べかす、体毛、分泌物などに付着した個体由来の細胞からDNAを精製する。結果として分析に有効なDNA量は微量となり、夾雑物が除ききれず質も悪い。

例えば糞便では腸管由来の老廃した細胞が付着しているが、DNAの分解がはじまっており、腸内細菌や消化物のDNAも混入し、更に胆汁酸などの精製が難しい。野外では輸送に時間がかかるため保存の手間もかかる。こうしたことから、常温でもDNAを安定的にできる保存液、DNA精製のための実験、微量DNAからの増幅系などの工夫が検討されてきた。

こうした背景の中、2007年に登場した次世代シーケンサーは、他の生物学研究と同様に、野生動物研究にもブレイクスルーをもたらした。次世代シーケンサーは従来のシーケンサーの数千から数十万分の一以下のコストでDNAの塩基配列を決定することができるため、量・質ともに悪い野生動物由来DNAでも十分に解析でき、個々の遺伝子からゲノム全体に注目することができるようになった。更に、腸内細菌や消化物などの環境由来のDNA（メタゲノム）も網羅的に解析できるため、個体と環境の相互作用に関する研究にも道が拓かれた。

本発表では、次世代シーケンサーを用いた野生動物のゲノム・メタゲノム研究の実例を紹介しながら、野生動物の遺伝研究の今後の可能性について論じたい。

野生動物におけるホルモン分析—できること・わかること—

木下 こづえ (京都大学霊長類研究所)

雄性および雌性行動、子育て、攻撃行動および種内コミュニケーションなどに関与し、生育環境や生息環境への応答に寄与しているホルモン。動物と外界環境は脳を介してつながっており、ホルモンはその伝達物質としての役割を担っています。例えば、外界環境を抽象して体内を調整し（例えばストレスホルモン）、それと同時に、動物が生理的にどのような状態にあるのか、体内の状態も保持しています（例えば性ホルモン）。ホルモン分析によって、目では見えない動物の体内情報を得ることができます。

試料は主に血液、尿、糞が用いられており、最近では唾液、毛なども利用されています。しかし、それぞれの試料から得られるデータの解釈は異なっていることに留意しなければなりません。例えば、血液や唾液は採取時のタイムリーな生理状態を示し、尿や糞は1日または数日間のホルモン値を、毛では部位に応じて異なる時期の値を集約して得ることができます。野生動物の場合、動物種や生息環境によって採取できるものに限りがありますが、どのような試料を採取すべきか、研究テーマに応じて考える必要があります。

ホルモンの種類についても、ペプチド系やステロイド系などがあり、種類によって試料中の保持時間（安定性）が異なっています。ステロイドホルモンは比較的安定性があり、すべての動物種で同じ化学構造をもつため、より広範な研究の測定対象とされています。しかし、ステロイド系のホルモンであっても、試料を野外で長期間保存する場合は、その保存方法に注意しなければなりません。通常よく利用されている分析方法は冷蔵試薬や機器を用いるため、実験室での操作を必要とします。実験場所が遠隔地にあり、それまで野外で試料を保存しなければならない場合は、保存方法の検討も重要な課題です。

本発表では、ホルモンを測定することで何が分かるのか、どのように試料を採取しデータを評価するのかについて、ご紹介したいと思います。

安定同位体分析の応用－わかることとわからないこと－

葛谷 匠 (京都大学理学研究科)

安定同位体分析は、生物の食性や生息環境の推定に使われる手法である。さまざまな元素において、質量数の異なる同位体の存在比 (同位体比) は、環境や食物網の段階に応じて、システムチックに変化していく。この変化は、その生態系に暮らす動物の体組織に記録される。たとえば、炭素・窒素同位体は食性の、酸素同位体は水分摂取や湿度の、硫黄同位体は海産物摂取の、トレーサーとなる。

同位体分析においては、どの組織を対象とするかによって、得られる情報が異なってくる。対象とする組織が、どのくらい昔の情報を記録しているか、どのような成分から構成されているかを知ることが非常に重要である。たとえば、毛は、数ヶ月から数年の情報を連続的に記録しているが、季節的な抜け変わりをする種では、時間軸との対応が難しくなる。異なる由来をもつ複数の成分から構成される組織では、それぞれの分画が異なる同位体比を持っていることがあり、単離や補正の必要が生じてくる。

野生動物を対象とする場合には、組織ごとの特性だけでなく、採取・保管・輸送のしやすさなども考慮して、サンプリングを計画しなければならない。骨や血液は、成分組成が明確にわかっており、確実な情報が得られるものの、野生動物の研究ではそもそも採取が難しい。糞や尿は、採取は容易であるものの、反映する時間軸や組成が明確でなく、利用にあたってはさらなる基礎研究が必要である。また、どのような組織であっても、分解やコンタミネーションの評価も重要になってくる。

本発表では、上記のようなテクニカルな側面のほかに、最近研究例が増えてきた、野生霊長類および現生ヒト集団への同位体分析の応用についても特に厚く取り上げる。ある種の食性復元だけでなく、生息地による食性・植生の違い、離乳年齢、利用する森林階層の異種間での違い、ヒトにおいては経済発展と食性との関連など、さまざまな応用がなされている。同位体分析によって何がわかり、何がわからないのか、概説したい。

コメント

講演者未定 (現在調整中)

特に海外のフィールドで採取した試料に対してこうした分析を適用する場合には、ワシントン条約や名古屋議定書など、法規的な側面を検討し、適切な手続きを行なう必要がある。研究者が気をつけることや実際の手続きなど、法規的な側面からのコメントを予定している。