

氏 名	ドゥヤ ペルウィタサリ ファラジャラ Dyah Perwitasari-Farajallah
学位(専攻分野)	博 士 (理 学)
学位記番号	理 博 第 2371 号
学位授与の日付	平成 13 年 3 月 23 日
学位授与の要件	学位規則第 4 条第 1 項該当
研究科・専攻	理学研究科生物科学専攻
学位論文題目	Genetic variation of Indonesian long-tailed macaques ( <i>Macaca fascicularis</i> ): Geographic variation of blood proteins and mitochondrial DNAs (インドネシアのカニクイザル ( <i>Macaca fascicularis</i> ) の遺伝的変異: 血液タンパク質とミトコンドリア DNA の地理的変異)
論文調査委員	(主 査) 助教授 川 本 芳 教授 庄 武 孝 義 教授 松 林 清 明

### 論 文 内 容 の 要 旨

タンパク質とミトコンドリア DNA (mtDNA) を標識に用いて、インドネシアのカニクイザルの遺伝学的研究をおこなった。はじめにジャワ島の群れに関する研究をおこない、のちにジャワ、スマトラ、中部カリマンタンに研究範囲を拡大した。電気泳動法で検出可能なタンパク多型と mtDNA の PCR-RFLP (PCR 産物の制限酵素切断片長多型) について分析をおこない、mtDNA については最終的に塩基配列分析をおこなった。

はじめにおこなった西部ジャワ州の 5 地点 9 群を対象とした研究から、タンパク変異と mtDNA 変異の地理的分布に違いがあるという証拠が得られた。タンパク遺伝子の分布は mtDNA 変異の分布に比べて遺伝子混交の傾向が強く、両親が介在する遺伝様式とオスの群間移住がこの特徴の主たる原因と考えられた。これに対して mtDNA では、地域集団に特異的なハプロタイプの固定化傾向が強く認められ、メスの定住性 (female philopatry) と群分裂に附随した母系選抜 (lineage sorting) がこの原因と考えられた。こうした特徴の通時的安定性を検証した結果では、タンパク多型において 2 回の試料採集時期 (1980 年と 1994 年) の対立遺伝子頻度に変化は少なく、カニクイザルの地域集団の遺伝子構成は安定していると判断された。

つぎに 3 島の 18 地域由来の多数個体を対象に分析をおこなった。タンパク質 18 座位および 32 種の制限酵素による mtDNA の PCR-RFLP 分析から、インドネシアのカニクイザルの遺伝的分化を推定した。mtDNA は、D ループ領域を含むスレオニン転写 RNA から 12S リボソーム RNA に及ぶ約 1.8kb の領域を増幅した。16 地点のタンパク変異を比較したところ、地点間で対立遺伝子頻度に違いが認められた。さらに、mtDNA に区別できた 26 種類のハプロタイプの分布でも地理的分化が認められた。しかし、mtDNA 変異の分布にみられる地理的構造は、別々の島に生息する現在のカニクイザルの地理的分布状況に必ずしも対応していなかった。また、調査地域間の地理的距離と Nei の遺伝距離 (タンパク質から推定した遺伝分化量) もしくは塩基配列分化 (mtDNA から推定した遺伝分化量) の間に強い相関は認められなかった。

さらに、mtDNA の PCR-RFLP 分析結果を参考に、D ループの変化について遺伝子配列を決定して比較をおこなった。PCR-RFLP の分析から区別できたハプロタイプを代表する 61 個体について、D ループ中の約 600 塩基の配列を決定した。この結果、29 種のハプロタイプが区別でき、これらのハプロタイプ間の分化量は PCR-RFLP で判定できたハプロタイプ間に観察された分化量と正の相関を示した。また、29 ハプロタイプを区別した約 600 塩基中には、単一塩基の挿入ないしは欠失を含むサイトが 6 箇所観察された。系統解析の結果では、現在の地理的な関係には必ずしも合致しないハプロタイプの分布や分化があることから、生態や社会を反映する集団の構造に起因する遺伝的分化の支配要因以外に、歴史的な要因の影響を考慮する必要があると考えられた。こうした歴史的な要因として、3 島 (ジャワ、スマトラ、ボルネオ) の祖先集団が氷河期 (とくに最終氷期の最寒冷期) の海面水位の低下で交流する機会をもつことが可能であったという地史的影響について議論した。

## 論文審査の結果の要旨

本研究は、インドネシアに生息するカニクイザルを対象にした集団遺伝学的研究である。核遺伝子にコードされる血液タンパク質とミトコンドリア遺伝子を分子標識に用いて、スマトラ、ジャワ、ボルネオの野生集団について、変異性や分化を定量し、集団の遺伝的構造ならびに進化との関わりについて論じている。血液タンパク質の電気泳動的変異の検索、制限酵素処理によるDNA断片長多型の検索、および塩基配列分析を駆使し、核遺伝子とミトコンドリア遺伝子にみられる変異を精力的に調査している。全体は、西部ジャワ州の群れを単位とした調査の結果、地域集団を単位とした3島におよぶ広域調査の結果、そして代表的な試料を用いたミトコンドリア遺伝子配列の分析結果、の3部で構成されている。これらの調査により、島嶼集団に観察される遺伝的分化は、必ずしも現在の地理的な分布状況に対応するものではなく、用いた2種類の遺伝子標識システムのあいだでも、遺伝様式や雌雄の移住様式のちがいを反映して異なった状況を呈していることを発見したことは、高い評価に値すると言える。さらに、地理的分布を考慮した相関分析にもとづき、こうした遺伝分化の原因として、対象種がもつ集団構造の問題のほかに、歴史的な分布域変遷の影響を考慮するよう主張している点は、的確な議論と評価された。従来の霊長類野生集団の遺伝学的研究では、血液タンパク多型の調査から種内の地域分化について解析をおこなった研究は多数あるものの、本研究のように同一の試料について核とミトコンドリアの遺伝子を広汎に分析し、総合的に比較した研究は少ない。特に、ミトコンドリア遺伝子に関する結果は、霊長類の種内分化を理解するうえで、新しく、貴重なものである。熟練した技術で遺伝的分化の実態を詳細に記述し、興味深い考察を加えていることは、申請者が研究者として十分な能力をもつことを示している。

よって本論文は博士（理学）の学位を授与するに価値あるものと認定した。なお、平成13年2月1日に論文内容とそれに関連した口頭試問を行った結果、合格と認めた。