

している。しかしながら、聞き取りの際に過去の生息確認についても質問したところ、環境庁の'78年調査以前から生息を確認していないとの回答がほとんどであり、これらの地域で群れが絶滅したと結論を出すのは危険で、むしろ'78年調査の精度に疑問を投げかける結果となった。

群れサイズについては、次のように聞き取りから一応の結果が得られた。10~20頭：14件、20~30頭：16件、30~40頭：1件、40~50頭：4件、100頭：1件、130~140頭：1件（波勝崎餌付け群）、60~80頭：2件（波勝崎餌付け群）。しかし、同じ地域でも回答者により確認頭数がまちまちのため、群れサイズの推定には不十分と判断し、今回、詳細な検討は行わなかった。

課題 2

計画：2-1

ニホンザルのオスの集団移籍と生活史

古市剛史（明治学院大）

ニホンザルでは、オスが群れ間を移籍することが古くから知られている。しかしながら、野生群において群れを離脱したオスを追跡調査することは困難である。そのため研究対象とする群れにおける移出入の事例からオスの移籍パターンを推定するほかなく、オスが一生のどの時期にどのような移籍を行うのかといった生活史の全体像は明らかにされていない。

これまでの研究では、群れ内で高い順位にいたオスが低順位の個体として他の群れに移籍したり、ある群れに所属するオスが交尾期にだけ他の群れを訪問したりといった興味深いパターンが報告され、オスの繁殖戦略との関連で議論を呼んでいる。こういった議論を進めるためにも、野生群のオスの一生にわたる生活史を具体的に明らかにする必要がある。

この研究では、多数の野生群が連続して分布する屋久島研究林において、これまで個体識別に基づく研究が続けられてきた群れの3才以上のオスすべてに入れ墨を施して追跡し、移籍時の年齢や移籍先、移籍の前後での順位やメスとの関係の変化などを記録することを目指している。また容易な識別手段を提供することで、多くの観察者によ

る情報を有効に活用することも期待できる。

現在までに、主な研究対象となってきた3群のうち2群のすべてのオスと、残る1群のオス3頭（合計13頭）の入れ墨を完了した。また、あるオスの生後3回目までの移籍が確認されたり、一旦1位の地位を追われて移出したオスが、中順位のオスとして再移入してくるなど、いくつかの興味深い事例も観察されている。

この研究はまだ準備段階であり、実際の成果を得るには長期にわたる継続調査が必要であるが、将来的にはニホンザル研究に残る大きな課題のひとつに答えられるものだと考えている。

課題 3

計画：3-1

チンパンジーの体毛等による父子判定

高崎浩幸

（京都大・アフリカ地域研究センター）

本研究は、前年度の体毛にひき続き、野生状態のチンパンジーから採取が可能な、DNAを含むサンプルとしての繊維質の植物性食物のしがみかすをとりあげ、野生チンパンジーの父子判定を目標として、DNAの抽出、精製およびPCR法によるDNAの増幅を試みたものである。

体毛よりも採取が簡単なサトウキビ等の繊維質の植物性食物のしがみかすに残された口腔内上皮細胞からのDNAの抽出、精製とPCR法による増幅の改良に重点を置いた。しがみかすは、直接観察によって落とした個体の識別が確実に行なえ、餌づけ集団では、サトウキビを直接特定の個体に与えてサンプルを採取できるという利点がある。

50mlの遠心管に濃度50%程度のエタノールと1mM程度のEDTAの中に液浸標本としたサンプルを低温室内で生理食塩水にあげて浮遊させ、ガーゼで粗くしがみかすと細胞浮遊液とを分離する。遠心によって細胞を集め、再度浮遊した状態にもどして、50ミクロンの目のセルストレーナーを通して、50ミクロン以上のゴミをのぞく。微小なゴミの混入が少ない場合にはこの段階で、植物やバクテリアのDNA抽出に多用されるCTABのはいったバッファーでプロテアーゼ処理、フェノールCIAA処理等のDNA抽出作業を行なう。50

ミクロン以下のゴミの混入の多い場合には、95%グリセリンの上に細胞浮遊液を重ねて遠心し、比重による分離をさらにくわえ、グリセリンよりも軽い分画からDNAを抽出する。ハイドロオキシアパタイトをもちいたカラムクロマトグラフィーを簡略化した操作によって、さらに不純物をとりのぞき、セファデックスによるカラムクロマトグラフィーののちエタノール沈澱した精製DNAをPCR法による増幅に用いればよいことがわかった。なお、糞の表面を生理食塩水につけた綿棒でなでて採取した直腸の脱落細胞のサンプルも同様に処理すればよい。

父子判定に用いる増幅領域は、すでにヒトから多型の報告のある領域を試行錯誤的に増幅して検討する手順が、GT/CAの反復配列をチンパンジーのDNAから独自に検出して新たにPCR用のプライマーをつくるよりも効率的であるとはかぎらないという結果を得た。

計画：3-2

父子判定にもとづくニホンザルの行動解析

井上 美穂（京大・霊長研）

行動観察からは不明であったオスの繁殖をDNA多型を用いて明らかにし、霊長類の社会行動を新たな視点から考察することを目的として研究を進めている。今年度の研究で次のような結果が得られた。

1) ニホンザル若桜グループの行動観察と父子判定。1987-1990年度の4年間にわたる観察と父子判定より、オスの各年齢における交尾数や子供数の平均から、生涯繁殖曲線を推定した。メスの排卵日前後の交尾行動の観察より、コンソート関係による高順位オスの独占的な交尾はメスの妊娠後に多く行われていることが分かった。また判定された子供の父親はコンソート相手オスでない例があり、高順位オスは子供をつくるという観点からは無駄な交尾を多くしていることがわかった。排卵日にあたるメスを交尾相手に選ぶ傾向はみられなかった。メスの配偶者選択が交尾成立の鍵となっている可能性がある。

2) 新しい多型検出技術、PCR法の開発。ニホンザルで、マイクロサテライトと呼ばれているG（グアニン）T（チミン）を単位とした繰り返し配列の超可変領域の周辺をクローニングして塩

基配列を決定し、多型領域を増幅するPCRプライマーを合成した。ニホンザル以外にもカニクイザル、バタモンキー等の各種内で固体差を検出できることが分かり、オナガザル科各種の血縁解析に有効であることが示唆された。PCR法は単一のDNA領域の多型を比較するため、これまでのサザン法によるミニサテライトDNAの多型検出に比べて遺伝様式の確認が容易で、種内・種間の遺伝的距離比較のマーカーとしても有効と思われる。また検出にアイソトープを用いる必要がなく、体毛などから抽出した少量で部分分解したDNAであっても分析が可能であるため、捕獲・採血の困難な野生群における血縁解析に有効な方法である。

今後、若桜グループで父子判定を継続してオスの生涯繁殖数の推定のため情報を増やし、またニホンザルと異なる社会構造を持つ他種の霊長類野生群にも応用できる遺伝マーカーを開発するなど検出法の改善を進めたい。

計画：3-3

ニホンザル放飼集団における雄の社会行動の経時的变化

待田 昌二（大阪大）

平成3年度は京都大学霊長類研究所のニホンザル放飼集団（嵐山出自）において争いにおける連合形成を観察した。この集団では平成2年度に、それまで2位であった雄が新たに最優位雄となった。この雄の連合形成のパターンの変化を中心に現在資料の分析中である。平成3年度は、平成2年度までに得られた3つの放飼集団における連合形成の資料を分析し雄の連合形成の一般化を試み第22回国際動物行動学会で発表した。

放飼集団の成体雄による連合形成には、野生集団における雄の生活史と放飼集団の特殊性の両方が影響していると考えられる。成体雄による母系的血縁個体への支援が非血縁への支援とほとんど変わらないのは、母親や姉妹等の母系的血縁個体とはいつでも関わりを持つことができる放飼集団でも、雄の社会的関心は母系的血縁から離れて行くためだと思われる。そして、5歳-11歳の雄に「敗者への支援」が少なかったのは、自分自身攻撃を受ける可能性が高いので他個体を守るために「敗者への支援」をする余裕が無いことが一つの