

計画 2-4

マントヒヒのミトコンドリア DNA 全塩基配列決定とそのヒヒ類の種分化解明への応用

楠田 潤(感染研・遺伝子資源)、庄武孝義・川本 芳(京都大・霊長類)、橋本雄之(感染研・遺伝子資源)

ヒヒは薬剤感受性や臓器移植の実験動物として使用されるケースが増えつつあり、ミトコンドリア DNA の全塩基配列を決定することは薬物代謝能の推定や組織の DNA タイピングに有用と考えられる。またヒヒ類の種分化を類推するための重要な指標となる。われわれは以前、マントヒヒ (*Papio hamodryas*) のミトコンドリア DNA ゲノムの約 80% に相当する配列を決定していたが不明な点が多く、これを訂正するため、霊長研・集団遺伝分野にて研究中の *Papio hamodryas* ミトコンドリア DNA を利用してその全塩基配列を決定した。またこの間、別のグループより *Papio hamodryas* ミトコンドリア DNA の全長配列が発表されたのでそれとの比較を行った。その結果、両者の間には 78 箇所の塩基置換があり、45 箇所はコード領域で、35 箇所は非コード領域に存在した。また、コード領域にあるものはすべて、アミノ酸の置換を伴わない missense mutation であった。この他、欠失が 5 箇所、挿入が 12 箇所見出された。現在、アヌビスヒヒ (*Anubis baboon*) ミトコンドリア DNA についても解析を進めており、その約 70% を完了したところである。全塩基配列を決定した時点でヒヒ類の種分化について検討する予定である。

計画 3-1

屋久島上部域におけるニホンザルの生態学的研究

半谷吾郎(京都大・理・動物)

九州最高峰、1,935m の宮之浦岳を要する屋久島では、標高によって植生が大きく変化し、その全ての植生帯にニホンザルが生息していることが知られている。サル の 個 体 群 密 度 は 標 高 に よ っ て 変 化 す る こ と が 知 ら れ て お り、海 岸 部 で 100 頭 / km² で 最 大 で あり、それ以上の照葉樹林帯、照葉樹林・ヤクスギ林移行帯、ヤクスギ林帯では 30 頭 / km² と一定である。このような標高による密度の変異の決定要因を明らかにするため、ニホンザルの生息環境とその植生についての資料を収集するため、野外調査を実施した。

具体的には、照葉樹林帯と移行帯において 4 月に植生調査を行い、それぞれ 0.25ha と 0.75ha の地域を調査した。引き続きその場所で毎月 2 回、結実フェノロジーについての調査を行った。さらに、終点が 1,052m の大川林道上に落ちているサルの糞を毎月回収し、その内容物を分析してサルの食性を調べた。これらの結果は、現在まだ分析途中である。