

皮膚 cDNA ライブラリーの作製に取りかかった。採取後凍結保存しておいた皮膚試料や、そこからトータル RNA を調製し同じく凍結保存していた試料から、まず mRNA を調製しライブラリー作製を試みたが、いくつかの実験段階で収量が思わしくなく、十分なタイターをもつライブラリーが得られなかった。この過程の検証に時間を費やしたが、原因が判明したので、現在新たな方法でライブラリー作製を試み、ベクターに組み込む前の段階である。ハンドリングの簡便性から当初プラスミドベクターに組み込んでいたが、今回はファージベクターも用いる予定である。

#### 6-9 伊豆大島の外来マカク種に関する遺伝学的調査

佐伯真美, 白井啓 (野生動物保護管理事務所)

対応者: 川本芳

伊豆大島には 1939 年から 1945 年にかけて島内の動物園から逸走し野生化したサルが生息しており、現在、島の中央を除くほぼ全域に群れが分布している。2001 年から開始した遺伝子分析および平成 15 年度共同利用研究では、サルの糞から抽出したミトコンドリア DNA の D-loop 第 2 可変域 202 塩基配列を解読し、大島に生息するサルの種の同定を行った。この結果、分析した計 105 試料は全てタイワンザルタイプと判定され、これら 105 試料を 2 箇所の置換サイトから A・B の 2 つのハプロタイプに区別した。また、この 2 タイプの分布には地理的に偏りがあり、逸走元である動物園を境に A タイプは時計回りに、B タイプは半時計回りに分布拡大したように観測できた。

平成 20 年度の共同利用研究では、伊豆大島のタイワンザルの血液および組織由来の計 39 試料を分析し、ミトコンドリア DNA の D-loop 第 1 可変域 520 塩基配列を解読した。分析の結果、挿入欠失変異 1 箇所、置換変異 14 箇所から、39 試料を 2 タイプに区別した。この第 1 可変域の 2 タイプは第 2 可変域の A・B タイプと完全に対応していた。第 1 可変域の 2 つのハプロタイプについて、台湾の研究結果 (Chu et al, 2005) と比較したが、1 タイプは台湾南西部のタイプと一致し、もう 1 タイプは台湾南西部のタイプに近いことが分かった。今後の研究によっては、伊豆大島のタイワンザルの原産地が解明される可能性がある。また今回は試験的に常染色体マイクロサテライト 11 遺伝子座および Y 染色体マイクロサテライト 3 遺伝子座を分析した。今後は、分析数を増やし、伊豆大島におけるタイワンザルの遺伝学的集団構造のモニタリングについて検討したい。

#### 6-11 保護管理を目的としたニホンザルの遺伝学的解析

森光由樹 (兵庫県大・自然・環境研/森林動物研究センター)

対応者: 川本芳

兵庫県に生息しているニホンザルは分布情報から 6 つの地域個体群 (美方, 城崎, 篠山, 神河, 南光, 淡路) に分けられている。生息地間の距離が最も近い篠山, 神河個体群間でも約 40km 分布距離が離れており、分断と孤立化が顕在化している。報告者は、昨年度に続き兵庫県内に生息しているメス個体のミトコンドリア DNA の D ループ第 1 可変域, 第 2 可変域の塩基配列を分析した。各地域個体群で異なるハプロタイプを検出した。美方や城崎に生息している群れと篠山に生息している群れで特に遺伝的距離は大きく離れていた。神河は美方および城崎の群れに近い塩基配列を示した。また、さらには第 1 可変域の分析では、同じ篠山地域個体群に属する篠山 A 群, 篠山 D 群で群れ間において、異なったハプロタイプを認めた。ハプロタイプの違いは最終氷期に分断隔離された地域個体群に生じた分化が反映している可能性が高いが、過去の生息情報を分析すると、古くから捕獲圧が高い地域が多く、群れの消滅も多い。捕獲による影響も考えられた。今後は兵庫県でまだ分析されていない群れのサンプル採取と分析を進める一方、ミトコンドリア DNA の特性を利用して、地域個体群、及び群れ間のオスの移動情報を収集する予定である。これらの情報はニホンザルの保護管理に有益な資料として用いられると思われる。