# Ⅶ. 共同利用研究

## 1. 概要

平成 28 年度の共同利用研究の研究課題は、以下の 4 つのカテゴリーで実施されている。

A　計画研究
B　一般個人研究
C　一般グループ研究
D　随時募集研究

共同利用研究は、昭和 57 年度に「計画研究」と「自由研究」の 2 つの研究課題で実施され、昭和 62 年度からは「資料提供」(平成 14 年度から「施設利用」と名称を変更、さらに平成 20 年度から「随時募集研究」と名称を変更)を、平成 6 年度からは「所外供給」(平成 14 年度から「所外貸与」と名称を変更し、平成 15 年度で終了)が実施された。さらに平成 23 年度からは「自由研究」を「一般個人研究」と「一般グループ研究」に区分して実施されている。それぞれの研究課題の概略は以下のとおりである。

「計画研究」は、本研究所推進者の企画に基づいて共同利用研究者を公募するもので、個々の「計画研究」は 2～3 年の期間内に終了し、成果をまとめ、公表を行う。

「一般個人研究」および「一般グループ研究」は、「計画研究」に該当しないプロジェクトで、応募者(研究所外の複数の研究室からの共同提案によるものは一般グループ研究)の自由な着想と計画に基づき、所内対応者の協力を得て共同研究を実施する。

「随時募集研究」は、資料(体液、臓器、筋肉、毛皮、歯牙・骨格、排泄物等。生理実験・行動実験・行動観察も含む)を提供して行われる共同研究である。

なお、平成 22 年度から、霊長類研究所は従来の全国共同利用の附置研究所から「共同利用･共同研究拠点」となり、これに伴い、共同利用・共同研究も拠点事業として進められることとなった。

平成 28 年度の計画研究課題、および共同利用研究への応募・採択状況は以下のとおりである。

### (1) 計画研究課題

**1. アジア産霊長類の進化と保全に関する国際共同研究**

実施予定年度：平成 26 年度～28 年度

課題推進者：川本芳、マイケル・ハフマン、半谷吾郎、辻大和、アンドリュー・マッキントッシュ、田中洋之

本課題は、生態学・行動学・集団遺伝学・寄生虫学の視点から、アジア産霊長類の進化ならびに保全に関わる研究を推進する。本課題では、原則的に海外研究者を含む研究課題を採択し、国際共同研究を活性化させることも目的とする。

**2. 頭骨及び歯の形態に関する多面的研究**

実施予定年度：平成 27 年度～29 年度

課題推進者：高井正成、西村剛、江木直子、平崎鋭矢、伊藤毅

霊長類を中心とした動物の頭骨・顎・歯牙の形態やその機能に関して、外表携帯の幾何形態学的解析や CT を用いた内部構造解析、運動学的解析、数値シミュレーション分析などといった様々な手法を用いた研究を推進する。

**3. 霊長類のこころ・からだ・くらしにおける発達と加齢に関する総合的研究**

実施予定年度：平成 27 年度～29 年度

課題推進者：友永雅己、濱田穣、宮部貴子、林美里、足立幾磨

チンパンジー、テナガザルなどの類人猿やニホンザルなどの真猿類を主たる対象として、胎生期から老年期までの各年齢段階におけるこころ・からだ・くらしの変化とその相互作用について総合的に研究を進める。比較認知科学、行動学、形態学、生理学・獣医学など多様な研究手法のもと、実験室や放飼場などでの認知実験や社会行動の観察、身体機能の発達的変化、加齢にともなう健康管理など、多様なトピックを総合的に推進する。

**4. 集団的フロネシスの発現と創発に関する研究**

実施予定年度：平成 28 年度～30 年度

課題推進者：高田昌彦、中村克樹、大石高生、宮地重弘、井上謙一

集団を起点とした個体の多様性と役割形成がどのようにして生まれ、それが集団における知の実践的プロセス（集団的フロネシス）の発現と創発にどのように関与しているのかを、多階層的かつ独創的な集団レベルと個体レベルの解析を通して探求する。

**(2)** 共同利用研究への応募並びに採択状況

平成 28 年度は計 162 件(延べ 431 名)の応募があり、共同利用実行委員会(中村克樹、今村公紀、明里宏文、友永雅己、西村剛、辻大和)において採択原案を作成し、共同利用専門委員会(平成 28 年 2 月 29 日)の審議・決定を経て、拠点運営協議会(平成 28 年 3 月 17 日)で承認された。その結果、135 件(361 名)が採択された。

各課題についての応募・採択状況は以下のとおりである。

| 課題 | 応募 | 採択 |
|---|---|---|
| 計画研究 | 25 件 (69 名) | 18 件 (47 名) |
| 一般個人研究 | 100 件 ( 257 名) | 82 件 (213 名) |
| 一般グループ研究 | 11 件 ( 49 名) | 10 件 ( 46 名) |
| 随時募集研究 | 26 件 (56 名) | 25 件 (55 名) |
| 合　計 | 162 件 (431 名) | 135 件 (361 名) |

## 2. 研究成果

### A. 計画研究

**2016-A-1　Phylogenetic and population genetic studies for conservation of nonhuman primates in Myanmar**

Aye Mi San (Mawlamyine University)　所内対応者：田中洋之

Myanmar holds a great diversity of nonhuman primates as many as 16 species. However, most of them are threatened due to illegal hunting for foods and pet trade and habitat degradation by anthropogenic activities. Under the planned research "International Cooperative Research on Evolution and Conservation of Asian Primates", I analyzed variations in mitochondrial DNA in macaques (*Macaca fascicularis aurea*; *Mfa*, M. arctoides, M. leonina and M. mulatta) to obtain the phylogeographical information necessary for conservation of each species in Myanmar.

For the Myanmar's long-tailed macaque (*Mfa*), I investigated the phylogenetic position of *Mfa* by analyzing of mtDNA and Y-chromosomal sequences. Fecal samples of six inland populations were collected and used for DNA extraction. I determined approx. 1.5 kb of the mitochondrial 12S-16S region and approx. 2.3 kb of TSPY (testis-specific protein, Y chromosome) gene. In order to avoid amplifying the NUMT, the long-PCR product of the 9 kb region of mtDNA was used as a template to amplify the target region. Phylogenetic trees were inferred by Bayesian analysis for mtDNA and by maximum likelihood method for TSPY by employing the DNA sequence data of other macaques representing 5 species groups in the genus. Five and two haplotypes were detected for mtDNA and TSPY from the samples examined, respectively. A monophyletic cluster of *Mfa* mtDNA was included in the sinica-group while *Mfa* TSPY was placed in the fascicularis-group. Incompatibility of the phylogenetic position of *Mfa* between mtDNA and Y chromosomal trees suggests a possible hybrid origin of *Mfa*. This unique character of *Mfa* can allow recognizing *Mfa* as an evolutionary significant unit in long-tailed macaques. The result of the study of *Mfa* was presented at the 5th Asian Primates Symposium (Sri Jayewardenepura, Sri Lanka, 20 October 2016).

Next, I developed a genetic marker for the detection of intra-specific variation: the mitochondrial 1.8kb region that included a full length of cytochrome b gene and hyper variable region 1 of D-loop. In *Mfa*, the 1.8 kb region was more variable than the 12S-16S region (average P-distance among different haplotypes was 0.0152 for the 1.8 kb region and 0.0049 for the 12S-16S region). Similarly the 1.8 kb region was determined for M. leonina and M. arctoides and M. mulatta. The result of phylogenetic analysis indicated that Myanmar's M. leonina separated into at least three haplogroups. As to M. arctoides and M. mulatta, further study will be necessary including more samples in order to elucidate the phylogeography in Myanmar and detect the local conservation units. This result was presented at the following conference: Generalization Meeting of Planned Research Program 2014-2016 "Evolution and Conservation of Asian Primates", Pre-symposium meeting for generalization meeting of cooperative research program of Primate Research Institute, Kyoto University (Sri Jayewardenepra University, 17 October 2016).

**2016-A-3**　飼育下チンパンジーにおける炭素・窒素安定同位体分析

蔦谷匠（京都大・院・理）、米田穣（東大・総合研究博物館）、中川尚史（京大・院・理学）所内対応者：宮部貴子

同位体採食生態食の研究では、生物の体組織の安定同位体比から採食物の割合を定量的に推定するために、食物と体組織・排泄物のあいだの同位体比の差分をあらかじめ算出しておく必要がある。霊長類研究所に飼育される 13 個体のチンパンジーを対象に、糞と毛について、この値を求める研究を実施した。その結果、ヒトや他の霊長類種で報告されているのと同様の値が得られた。本成果 (Tsutaya T et al., 2017. Rapid Commun Mass Spectrom 31:59-67. DOI: 10.1002/rcm.7760) は、野生チンパンジーの同位体採食生態復元の研究に対して、重要な基礎データを提供するものである。

また、同位体分析によって栄養状態や食性のモニタリングができないか検討するために、約 1 年間にわたって、これらのチンパンジーの尿も連続的に採取した。ボノボやオランウータンの研究から、尿の窒素安定同位体比や