

3-5 高崎山及び幸島に生息するニホンザルの栄養状態の把握

栗田博之（大分市教委・文化財）

対応者：濱田穰

高崎山ニホンザル個体群の管理のため、これまで成熟雌の体重と体長（目からシリダコ上端までの直線距離）の計測を進めてきた。高崎山の成熟雌を対象とした体重の計測は年間を通じて行っているが、特に例年集中して行っている 10 月には、24 個体から計測を行った。また、体長計測は、写真計測法により、例年同様 9 月に実施し、16 個体から計測を行った。

平成 20 年度より宮崎県幸島のニホンザルを対象として、雌個体の体長計測を写真計測法により実施しており、平成 21 年度は 2 月（平成 22 年 2 月）に実施し、21 個体の雌から計測を行った。分析は今後行う予定である。

昨年度までに、体重と写真計測法による体長から、体脂肪率を反映した体格指数の算出がほぼ完成しており、今後は平成 21 年度まで収集したデータから、体格指数を算出し、その個体ごとの縦断変化及び個体群としての年変動を分析する予定である。

また、高崎山雌ニホンザルを対象としたこれまでの蓄積データに基づいて、加齢に伴う体重と体長の変化を検討したところ、体重は 15-20 歳時よりも 21 歳以上では有意に軽くなっていた一方で、体長では変化が検出されなかった。

3-6 マカク毛色遺伝子の構造解析

山本博章，上原重之，西原大輔（東北大・院・生命科学）

対応者：川本芳

本計画は、マカクの毛色発現を決める遺伝子群のアレル解析を行うために、まず野生集団が示す毛色を保障する遺伝子基盤を明らかにすることを第一義的な目的とした。それをもとに種内、種間の変異解析を行い、当該サル類の多様性と進化についての理解に繋げることも長期的な目的となる。マウスでは当該毛色関連遺伝子座の記載がすでに 300 座近くになり、年々増加傾向にある。その内すでに塩基配列レベルで同定されているのは約 100 遺伝子座である。これらの情報を利用して、比較的当該情報の少ないニホンザルオルソログの解析を進めるために、皮膚 cDNA ライブラリーの作製から開始した。これまで、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おいた試料から mRNA を調製しライブラリー作製を試み

てきたが、十分なタイターをもつライブラリーが得られていなかった。この過程の検証から、最初の RNA 抽出を工夫し、さらに操作の容易さでこれまで用いてきたプラスミドベクターからファージベクターに変えることで、ようやくスクリーニングに耐えるライブラリーを得ることに成功した。予備的な結果では、メラニン合成の鍵酵素・チロシナーゼ cDNA の長いフラグメントを得ることができ、ニホンザル毛色関連遺伝子の cDNA クローニングの基盤ができたと期待している。

3-7 野生ニホンザル個体群の遺伝的交流に関する基礎研究

清野紘典（野生動物保護管理事務所）

対応者：川本芳

個体群の孤立や交流については複数の標識遺伝子を利用し、群間移住する個体の動きをモニターすることが概念的に提唱されているがその実践例は少ない。本研究では野生ニホンザルの群れが外部とどの程度遺伝的交流を保持しているか定量的に把握するため、遺伝的多型の変異分布が既にあきらかとされている滋賀県に生息するニホンザルの群れ 1 群に焦点をあて、Y 染色体マイクロサテライト DNA とミトコンドリア DNA がオスの移住を介して群内で交流する実態をあきらかにすることを目標にしている。

滋賀県に生息する野生群 1 群（約 260 頭）から同時期に 133 頭分の血液をサンプリングした。このうちオス 59 個体（オトナ 8 個体、ワカモノ 3 個体、コドモ 48 個体）の Y 染色体マイクロサテライト DNA を分析した結果、10 種のハプロタイプが検出された。これらは、全県に分布する既知の代表的なハプロタイプと一致した。なお、これらオス個体のミトコンドリア DNA は現在分析中であるが、調査群生まれの個体をもつタイプ以外に複数のハプロタイプを検出している。今後は、調査群に在籍するオスについて出自と繁殖状況を評価し、オスを介した交流の実態についてさらに解析を進める予定である。

3-8 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 6 つの群れ（美方，城崎，大河内，篠山 A，篠山 D，船越）に所属しているメスの個体について、ミトコンドリア DNA D-Loop 第 1 可変域、第 2 可変域の分析を行ったところ、各群れ、それぞれ異