

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

なるハプロタイプを示した。

これらハプロタイプの違いを解析すると、遺伝的距離から美方や城崎の群れと篠山の群れ間で早い段階から隔離分断されていた可能性が考えられた。理由として、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、考えられた。しかし、過去の生息情報を考慮すると、古くから捕獲圧が高い地域が多く、群れの消滅も多いことから、別に捕獲の影響も原因と考えられる。今年度は、6つの群れに所属している成獣オス8頭のミトコンドリアDNAを分析したところ、第1可変域、第2可変域ともに所属していた群れの成獣メスと同じハプロタイプを示し、調査群間のオス移住の証拠は得られなかった。今後は、さらに、オスのサンプルのミトコンドリアDNAの分析を進めるとともに、地域個体群間での遺伝子の交流についてその他の遺伝子マーカー核遺伝子を用いて評価を進める予定である。

3-9 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

本研究は東京都伊豆大島に生息するタイワンザルの基礎データを得ることを目的に、島内のタイワンザル個体群の遺伝学的集団構造について調査を行った。

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。これまでの共同利用研究で、島内のタイワンザルのミトコンドリアDNA (mtDNA) Dループ第1可変域 (520塩基対) および第2可変域 (202塩基対) を解読し、それぞれ2つのハプロタイプ (A・B) を検出した。ハプロタイプの地理的分布状況には偏りが見られ、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された。

今年度の研究では、有害駆除や学術捕獲で得られた約100個体のDNAサンプルを用いて常染色体マイクロサテライト11遺伝子座、Y染色体マイクロサテライト3遺伝子座の解析を行った。常染色体マイクロサテライト11遺伝子座は全て多型性を示し、計44個の対立遺伝子が検出された (平均4個)。全遺伝子座において有意水準5%でハーディ・ワインベルグ平衡が成立した。mtDNA ハプロタイプでは地理的分化が見られたが、常染色体遺伝子の結果では島内に分集団化は見られず、大島個体群はひとつの繁殖単位である可能性が示唆された。またY染色体マイクロサテライト3遺伝子座の解析の結果、2つのハプロタイプを検出した。2タイプの

地理的な出現頻度に有意な差は見られなかった。今後はサンプル数を増やし、島個体群の連鎖不平衡やボトルネックの兆候について研究したい。

3-10 静岡県愛鷹地域に生息するニホンザルの遺伝的多様性・地域分化及び保全

大橋正孝（静岡県森林・林業研究センター）

対応者：川本芳

静岡県愛鷹地域のニホンザルについて、周辺地域からの分化、孤立状況を定量化することを目的に、有害捕獲などにより得られた55個体（うち愛鷹地域4個体）について、ミトコンドリアDNAのDループ第1可変領域512塩基対の配列を調べた。この結果に昨年度の15個体（うち愛鷹地域9個体）分の結果を加え、Clustalx2.0.10で配列の比較を行い、遺伝距離に基づきNJ法によりnjplotを用いて類似図を作成した。

その結果、大きくは、南アルプス・愛鷹地域と伊豆地域の2つに区分され、22（うち県内は20）のハプロタイプが存在した。

また、同じ試料のうちオス31個体（うち愛鷹地域4個体）については、オスの拡散を介した地域個体群の遺伝子交流を反映していると考えられるY染色体遺伝子について、川本により個体変異が確認されている3つの遺伝子座について分析を行ったところ、3座位の多型の組み合わせから11タイプが確認された。

今後は試料を充実させ、マイクロサテライト遺伝子についても分析を行い、オスの遺伝子交流から多様性や地域分化について明らかにする。

3-11 分子生物学的解析によるニホンザル腸管寄生虫相の地域変異

藤田志歩，佐藤宏（山口大・農）

対応者：川本芳

野生ニホンザルから検出される腸管寄生虫相の構成および各寄生虫の検出率は、地域変異がみとめられることがこれまでに報告されている。しかし、糞線虫、鞭虫、蟯虫、旋尾線虫類といった腸管寄生虫の一部は形態的鑑別が難しいため、従来の方法では類縁の種が混在する可能性も指摘されているため (Satoh et al., 2005)，このような地域変異については再検討する必要があると考えられる。本研究は、あらたに開発した分子生物学的手法を用いて、各地域の野生ニホンザルに感染する腸管寄生虫の種鑑別を行うとともに、種内変異についても調べ、ニホンザルの生息環境と腸管寄生虫相との関連について明らかにすることを目的とした。材料は、青森県下