

のコーディング領域の配列解読が完了し、10 例すべてが同じ配列を有し、ヒト配列に対し 8 つの nonsynonymous variant が存在していることが明らかとなった。2009 年実施の研究では、出身地が異なるニホンザル 7 個体、アカゲザル 3 個体のコーディング領域の配列解読を完了した。ニホンザル間ではアミノ酸配列は非常に保存されていた (2/7 個体で 1 ヲ所へテロの変化のみ)。また、中国のアカゲザルの配列は、ニホンザルのコンセンサス配列と全く同じアミノ酸配列であった。

本年度はプロモーター領域の解析を開始すると同時に、研究範囲を他の霊長類にも広げ、ヒトを含めた霊長類での MC1R 遺伝子の進化過程の比較解析を行っていく。

18 マカクザル視覚皮質 V2 野から、外側頭頂間溝野への直接投射の解明

中村浩幸 (岐阜大・院・医)

対応者：宮地重弘

2 頭のマカクザルをケタラルで麻酔し、霊長類研究所既存の 0.5T 磁気共鳴装置を用いて、脳回の構造を明らかにした。数日後に、ペントバルビタールを用いて深麻酔し、MRI 画像をアトラスとして、極少量の逆行性のトレーサー (ファーストブルー、WGA-HRP) を、LIP に限局注入した。3 日後に、深麻酔下において 1 % パラホルムアルデヒドを用いて灌流固定した。20% グリセロール溶液 (4℃) に 2 日間保存し、大脳皮質の前額断連続切片を作成した。

3 枚に 1 枚の連続切片は蛍光標識観察用に 4.5% 食塩水でスライドガラスに塗布した。他の 3 枚に 1 枚の連続切片は、TMB を用いて WGA-HRP 標識細胞を可視化した。残りの 3 枚に 1 枚の連続切片は、チトクロームオキシダーゼ組織化学反応を行った。

今回の実験では、V2 野から LIP 野へ投射する神経細胞は極めて少なかった。また、チトクロームオキシダーゼ反応が明確でなく、明瞭な解析は不可能であった。したがって、今後更なる実験と検討が必要である。

19 食餌の嗜好性とその苦味・渋味成分との関連性について

小嶋道之 (帯広畜産大)

対応者：鈴木樹理

ニホンザルの食べ物に関する嗜好性と年齢差、それに含まれる成分との関連を明らかにする目的で、下北半島のニホンザルが食べている野草 (冷凍物) を飼育ザル (大人ザル、子供ザル) に与え、ニホンザルの嗜好性実験

を行った。グループケージのニホンザル 2 群にミヤマガマズミ、ニガキ実、エゾニュー葉、茎、花芽、蕾を 21 時間与えたが、ほとんど食べなかった。また、個別ケージ 10 群 (♂6 頭、♀4 頭) に同様の野草を与えたところ、茎や花包などを食べるものもいて、嗜好性に個体差がみられた。今後、警戒心を緩和した後に実施するとか通常食に成分を添加して実施する必要がある。また、放牧場 3 か所において、ミヤマガマズミ、エゾニュー葉、花包、茎、蕾、ホオの実、種子、山ブドウなどを与えたところ、ミヤマガマズミ実、ホオの実、種子、山ブドウは好んで食べるが、他の野草は口に入れてから捨てる、臭いの強いエゾニュー各部位は、手に持つ、もしくはまったく手に持たないで鼻を近づけた後捨てるなどの違いがみられた。放牧場には四季の野草が生えているので、そこにある野草は食べ慣れていると思うが、そこに無い野草の場合には、警戒して味や臭いなどから判断することが推察された。食べる野草と食べない野草に含まれる成分、特にタンニン量と組成の違いについては、今後の課題である。

22 RNA を基点とした霊長類のエピジェネティクス

今村拓也 (京都大・院・理)

対応者：大石高生

本課題は、エピゲノム形成に関わる非コード RNA 制御メカニズムとその種間多様性を明らかにすることを目的としている。本年度は、前年度までに自ら開発したセンス・アンチセンス鎖 RNA を分離してタイリングアレイ上で検出できる技術をもとに、マウス (C57B6 系統) とニホンザル大脳皮質の遺伝子プロモーターに発現する noncoding RNA (promoter-associated noncoding RNA: pancRNA) をプロファイリングし、互いに大きく異なるさまを明らかにした。ヒトゲノムの + 鎖にマップされる RefSeq データセットを元に、遺伝子上流から発現する非コード RNA をサルで約 7000、マウスで 3500 抽出することに成功した。遺伝子転写開始点から上流 < 2kb に位置する pancRNA についても同様の差異があり、サルで約 400、そのうちマウスには存在しない、つまりサルに特異的な pancRNA が半数を占めることから、相当数の pancRNA が下流の遺伝子に対して、マウスとは異なる制御に関わっていると考えられた。新規 pancRNA 群に確かにクロマチン構造変換に働く能力があり、これによりげっ歯類と霊長類脳の異なる高次性を説明できるのか、様々なトランスジェニックラインとバイオインフォマティクスを駆使した解析が現在進行中である。