

自由 8

長野県のニホンザル地域個体群の保護管理を目的とした遺伝的モニタリング法の検討と応用

森光由樹・泉山茂之（野生動物保護管理事務所）

長野県内に生息しているニホンザルのミトコンドリア DNA の D ループ可変領域約 350 塩基対の配列を比較し、過去 2 年間の分析データから各地域個体群の遺伝子プロフィールをまとめた。こうして得られた情報を地図にプロットし、長野県版ミトコンドリア遺伝子マップを作成した。現在までのところ、計 6 つのハプロタイプが地図上にマッピングできている。今年度は、さらに広域の情報を収集するため、隣接する群馬県からもサンプルを収集し分析中である。さらに、この遺伝子分布情報を参考に、オスの移住、拡散についても検討を行った。成オス個体計 6 個体について mtDNA 分析調査をおこなった。その結果、1 個体について、個体群間を移住したと考えられる結果が観察された。この個体は、南アルプス（長野県大鹿村）で、捕獲された個体であるにも関わらず、タイプは、北アルプス・中央アルプスタイプであった。他の 5 個体については、捕獲された地域と同一のタイプとして観察された。今回、オスの移住に関する調査はわずか 6 個体というサンプルのみの結果となった。今後は、さらに検体数を増やしてオスの地域間の移住および交流について検討をおこなっていききたい。このような遺伝的モニタリングが体系的に進めれば、現在分断隔離されているニホンザル地域個体群間の移住の有無を定量的に評価することも可能になる。発信機装着による直接評価法とは別の間接評価法として、遺伝標識を利用した地域個体群のモニタリングは実現性が高いと考えられる。

自由 9

滋賀県のニホンザル個体群管理にむけた遺伝的モニタリング

高木直樹（獣害総合研）

今年度から開始したテレメトリー調査（現在 115 群を追跡中）により、滋賀県内に生息する野猿群の総数は 130～140 群程度であると推定できるようになった。また、採取した血液試料等は合計で 588 頭（約 130 群）分となった。

遺伝子分析はミトコンドリア DNA の D ループ領域について、塩基配列変異の検索を進めている。今年度は調査群ごとの遺伝子特性を把握することを目的に、電波発信機を装着した 53 群分のオトナメス試料を分析し、新変異 2 タイプを含む以下の計 7 タイプの変異を確認することができた。

1. 湖南・湖北. 2. 高島・安曇川（新）. 3. 今津・西浅井. 4. 彦根・永源寺. 5. 甲良・愛東（新）. 6. 日野・土山. 7. 甲賀.

これまでの分析結果（全体の 3 割程度）では、各 DNA タイプは、混ざり合うことなく県内各地で特異的に分布する傾向が強く読み取れる。また、各 DNA タイプの遺伝距離と地理的分布の間に興味深い関係が認められつつある。

この研究の目標である「地域個体群 DNA 地図」の完成には、テレメトリー調査・DNA 分析ともに、さらに 2 年程度の時間が必要である。次年度以降もこれらの作業を継続し、最終的に県下の全群について結果をまとめたいと考えている。

最後に、本研究の実施にあたりご協力いただいた関係者の方々に深くお礼申し上げます。