

エチオピアにおけるグリベットモンキーの集団遺伝学的研究

嶋田 誠

私の研究対象はgrivet monkey (*Cercopithecus aethiops aethiops*)であり、アフリカに広く分布するsavanna monkey (またはアフリカミドリザル)と呼ばれている種のうちで、エチオピア地方に生息する亜種である。この他の亜種に、ケニアやタンザニア地方のvervet monkey (*C. a. pygerythrus*)、カメルーン周辺サヘル地域のtantalus monkey (*C. a. tantalus*)などがおり、亜種ごとに違った名称で呼ばれている。

エチオピア国内にgrivet monkeyは、いたるところに分布している。私は、サンプリングサイトをAwash川の川辺林沿いやその他の流域から10地点選び、それらの地点間距離は合計約600kmになった。これらの地点より196個体を捕獲し、麻酔下で採血して試料とした。

これらの試料を用いて、それぞれの生息地ごとにおける遺伝子の割合の違いや地理的分布パターンを比較することによって、現在の繁殖構造や過去の集団サイズ・分布域の変遷を推定することを目的として、次の2つのアプローチにより研究を行った。

- 1) 空間的把握: 現在において遺伝子の交流が行われている地理的な範囲 (つまり、どれだけの距離を移動して子どもを残しているか)。
- 2) 時間的把握: 対象とした地域個体群の由来・歴史。

(1)のためには、約30種類の血液中タンパク質のタイプを調べ、それらのタイプの群れ内における割合を群れごとに比較した。

その結果、観察されたタイプとその割合は、広い範囲にわたってどの地域の群れでも比較的似ていた。分布の均一性を示す統計量であるGSTの数値を、ニホンザル、カニクイザル、トクザルの過去の研究と比較したところ、grivet monkeyが最も均質な遺伝子分布をしていることが示された。

この結果は、地域が異なると、観察されるタイプの割合が違ったり、他地域では見られないタイプが

混ざって観察されたりするニホンザル集団とは、対照的な結果であった。つまり、ニホンザルでは繁殖集団が分かれており、分集団構造を形成する傾向があるのに対し、grivet monkeyではそのような明確な構造が広い範囲にわたって認められないことが示唆された。このことは、grivet monkeyではオスが頻繁に群れ間を移動して遺伝子をかき回しているためである、と考えられる。

(2)のためには、ミトコンドリアDNAとよばれる遺伝子の系統を調べることによって、推定した。この場合、ミトコンドリアDNAは母親からのみ次世代へ伝わり、オスのミトコンドリアDNAは伝わらない。そのため、オスのみが群れ間を移動するgrivet monkeyでは、新たに別のタイプのミトコンドリアDNAが群れの外から入ることなく、その群れのタイプのミトコンドリアDNAが母系に代々受け継がれることになるため、群れの歴史を調べるのに、好都合である。

対象地域集団で観察されたミトコンドリアDNAのタイプを調べると、概ね5つのグループに分かれることが分かった。これらのデータを試料採取地点ごとに表す(図a)と、Awash川の中流に2番目のグループ(図中、ハプログループ2)と、下流に3番目のグループ(図中、ハプログループ3)がまとまって分布していたが、上流部を含む高地では、分布におけるまとまりがないように見えた。ところが、移動性であるオスのデータを取り除き、定住性であるメスと、その群れで生まれた子どものデータのみしてみると、高地も含めて、まとまった分布を示していた(図b)。さらに、分水界を考慮すると、分水界がこれらミトコンドリアDNAのグループ別の分布における境界となる傾向があった。また、オスのデータを加えると高地でのまとまりがよみとりづらくなる原因は、生まれた群れのミトコンドリアDNAを受け継いだオスが分水界を越えて移動し、別の群れに加入し、そこで捕獲されて調べられたた

めと説明できる。

Awash川の終着点である、Abhe湖の水位変動や花粉化石の地質学的研究から、研究対象地域は、約1万年ほど前、非常に乾燥し、その後幾たびか乾燥・湿潤の気候変動を繰り返した、とされており、これらの地域の生物相もその影響を受け、幾たびか変化してきたと考えられる。

また、本種における生態学的研究から、本種は他種のサルに比べて、様々な環境に対する適応力が高く、出産率や成長速度も高いと特徴づけられている。このことより、厳しい環境下では、死亡率は容易に上がるが、その分を高い出産率・成長率で補い、環境が好転したときには、真っ先に新天地に進出する種であるといえる。

これらのことより、grivet monkey集団の歴史は次のようであったと考えられる。過去の低温・乾燥下の生息条件の悪い時期に grivet monkey の集団は、分布域の縮小を余儀なくされ、互いに孤立した小集団となった。そこで生き延びたいいくつかの母系はそれぞれ別々にミトコンドリアDNAの変異を蓄積し、大きく異なったミトコンドリアDNAのグループを形成した。その後、環境が好転すると、真っ先に川辺林を伝って、これらの地方に分布域を拡げていった。そのために、流域ごとにミトコン

ドリアDNAのグループがまとまって分布しているのだと説明できる。この説明で考えると、Awash川の上流と下流が3番目のグループで一致し、その間に2番目のグループが挟まった形で分布していることについては、以下のような経緯があったと考えられる。例えば、3番目グループが二手に分かれて、一方は上流部に、もう片方は支流の Mile 川沿いに Awash 川下流へと分布域を拡大し、中流には、別の方向から別の母系が流入してきたというような経緯である。

このように、母系遺伝するミトコンドリアDNAは、群れとしてまとまって川沿いに分布域を拡げることによって地理的に分散していくので、水域ごとにまとまった形で観察された。それに対し、オスが単独で群れ間を移動して繁殖する際に、分水界を越えることもあることを、均一分布した血液タンパク質のデータや地域ごとにまとまっていないミトコンドリアDNAのオス個体のデータは示している。

本研究は、計画・試料収集及びその運搬・健康安全対策・解析及び執筆・物心における援助に、多くの日本とエチオピアの方々の協力があつたことを覚え、ここに感謝する。

(しまだ まこと 京都大学霊長類研究所)

グリベットモンキーの10地域集団におけるミトコンドリアDNAハプログループの地理的分布。それぞれのグラフは、各々の集団で観察されたハプロタイプの数を表す。グラフの横軸はハプログループ。

