

「霊長類の集団遺伝学：ニホンザル研究の現状と展望」

川本 芳

(集団遺伝分野・進化遺伝分科)

ニホンザルについて

ニホンザルを含むマカク (*Macaca* 属) には 16~19 種類のサルがいる。彼らの祖先は、約 600 万年前ころには地中海周辺にいたが、アジアに進出して多くの種類に分かれた。ニホンザルの祖先が日本列島に渡ってきた時期と回数については不明な点が多いが、化石資料から 30~50 万年前ころに朝鮮半島経由で入ってきたと想像されている。南西諸島を北上したという化石の証拠は見つかっていない。

現在の分布には地域の偏りがあり、東北地方、中国地方、九州地方では生息地が分断されたり孤立している。彼らの主な生活の場は、落葉広葉樹林や常緑広葉樹林だが、季節によっては高山の環境を利用することもある。はっきりした繁殖季があり、秋から冬に交尾し、春から夏に出産する。

社会の基本単位は複数の雌雄から成る群れで、雄が移籍し雌が残る母系の集合になっている。雄は 4~5 歳で群れを離れ、他群へ移籍したり、単独で生活したりする。一方、基本的に雌は自分の出生群を離れることがない。しかし、群れの分裂で生息地を移動することが起こる。分裂する場合、群れは母系を単位に分かれる。

遺伝子を利用した研究

1969 年に京都大学霊長類研究所にできた変異研究部門 (現在の集団遺伝分野) で、野澤謙先生、庄武孝義先生が血液蛋白質の地域変異の研究を開始したのが、野生ニホンザルの遺伝学研究のはじまりだった。現在では、分析技術の進歩により DNA レベルの変異を調べることが容易になった。

研究室のメインテーマのひとつはニホンザル研究である。この研究では、もともと熱帯原産の霊長類が寒冷環境に適応した進化過程を解明しようとしている。ニホンザルの成立過程を解き明かすために、わたしたちが注目している遺伝子はミトコンドリア遺伝子である。普通の遺伝子は細胞の核にあるが、この遺伝子は核外の細胞質に含まれるミトコンドリアの中にある。ミトコンドリア遺伝子には重要な特徴がある。第一は、母から娘や息子にだけ伝達され、父からは遺伝しないという、母性遺伝の性質である。第二は、核の遺伝子にくらべて突然変異が起きやすいことである。第三は、核遺伝子のような組み換えがなく、突然変異がないかぎり、クローンのように遺伝子コピーをつくることである。これらの特徴により、系統関係や分子進化の研究でこの遺伝子は、重要な情報源になっている。

しかし、ミトコンドリア遺伝子をニホンザル研究に利用することには、もうひとつ大事な意義がある。それは、サルのもつ社会構造の特徴と重ねて考えてみて、はじめて理解できる意義である。先に説明したように、ニホンザルは群れを核とした母系社会をつくり、雌雄にはライフスタイルのちがいがあある。母性遺伝する遺伝子をこいう社会構造をもつ動物の研究に利用すると、何がわかるか。雄の場合、出生群を離脱し、他の群れに入って繁殖しても、そのサルがもつミトコンドリア遺伝子は子に伝わらない。伝わらないことが、重要なのである。ある群れを調べて、群れ生まれのメンバーと違う遺伝子タイプをもつ成体の雄がいたら、それは群外からの移入個体と判定できる。もし、周囲の地域の群れについて遺伝子タイプがわかっているなら、その雄がどこからやってきたかが推定できる。つまり、一生のうちに雄がど

れくらい出生群から拡散するか、群れや地域個体群の間に雄の移籍を介した交流があるか、といった問題にメスを入れることができるのである。

一方、雌は出生地から動かないが、群れが分裂するときには、生まれた場所からの移籍が起こる。この結果、現在のミトコンドリア遺伝子変異の分布には、過去に起こった群分裂の歴史が反映されることになる。ニホンザルが進化のなかでどのように分布地域を変えたかを知る道具として、この遺伝子が利用できるのである。

こういう研究にはフィールドの情報が欠かせない。実験室での遺伝子分析は、個々のサルがもつ遺伝子の情報を与えてくれるにすぎない。大事なことは、サルが棲んでいる場所や、性別、年齢といった情報を記録し、実験分析の結果と組み合わせることである。試験管の中だけでなく、サルの顔や群れの生活環境を観ることで、移籍や分裂といった生態や、分布地域の変遷などの歴史が理解できるのである。

ミトコンドリア遺伝子からみたニホンザルの成立

ニホンザルを観察・研究している方たちに協力いただき、血液や皮膚を集めて、ミトコンドリア遺伝子にみられる地域のちがいを調べた。突然変異が起こりやすいDループという領域の塩基配列（遺伝子暗号に相当する文字列）をくらべて、ニホンザルの地理的な変異をまとめてみた。ニホンザルに近縁なタイワンザルを加えて分析してみると、ニホンザルはひとまとまりになり、全体がひとつの祖先系統から成立していることがわかった。このまとまりのなかを注意して見ると、現在のニホンザルは、ふたつのグループから成り立っている。この各々のグループがどこに生息しているかをみると、西日本と東日本に分かれているのがわかる。ただし、東西の境界は、近畿地方と中国・四国地方の境目あたりになるので、ふつうの西日本と東日本の区分より少し西に片寄った形になっている。さらに、不思議なことに、東日本地域のなかで、奥多摩、秩父、山梨の東北部、新潟の一部に変わったタイプが分布していた。これらのタイプから成るグループは、現在では明らかに東日本に分布しているのに、ミトコンドリア遺伝子でみると、西日本のタイプに近かった。

遺伝子は地域ごとに特徴的なタイプを示していて、ある特定の地域で調べると、その地域生まれのサルはほとんど同じタイプをもっている。つまり、ミトコンドリア遺伝子のタイプを調べれば、どの地方のサルかを言い当てられるほど、メリハリのあるちがいがある。じつは、この地域差には、東西でちがった性質がある。東日本ではわずかな遺伝子のちがいを示すタイプが高い密度でまとまっているのである。例外的なこととして、東北地方のサルにだけは、同じタイプの遺伝子が広く分布していた。岩手県南部に孤立している五葉山のサルが唯一ちがっている以外は、福島から青森の下北や津軽まで、すべておなじタイプだった。一方、東日本とは対照的に、西日本では各タイプのちがいが大きく、中間的なタイプが欠けている。この中には、別亜種に分類されている屋久島のサルも含まれていて、西日本グループのなかでは他から一番離れていた。

この結果からニホンザルの成立過程を考えてみよう。ニホンザルのミトコンドリア遺伝子全体がひとまとまりになるということは、単一起源を意味し、朝鮮半島から一回の渡来で成立したと考えられる。それでは、東西の地域差は何を意味しているのか。ミトコンドリア遺伝子が群分裂を介した分布地域の変遷を反映していることを念頭に入れて、考えてみよう。いろいろなタイプの遺伝子が少しずつ地域を変えながら密に分布するような東日本のパターンは、サルが分布するようになったのが時間的に新しいこと

を示している。特に、ほとんどの地点が同じタイプの東北地方は、この地域への分布が新しく、急速に起こったと考えたと説明しやすい。遺伝子タイプにちがいが無い理由は、新しい突然変異が広がるのに十分な時間すらたっていないためだと考えられる。逆に、西日本のパターンは、お互いの配列のちがいが大きく、中間型を失ったタイプの集まりなので、その地域のサルが古い時期から生息することを示している。西が古くて、東が新しいとはどういうことか。この背景にはニホンザルの祖先が氷期をどのように生きのびたかという事情が関係するように思う。

最終氷期まえの日本列島には、すでにニホンザルの祖先が広く分布していただろう。今から 1.5 ~ 2.5 万年前ころの、最終氷期の最寒冷期における地形と植生を復元した結果をみると、現在とはだいぶちがう環境だったことがうかがえる。東日本の大部分の地域、とくに中部山岳地帯、関東北部、東北地方には亜寒帯針葉樹林が広がっていた。現在のニホンザルの生息環境から考えると、この環境ではニホンザルは生存できなかったはずである。つまり、今からわずか2万年たらず前には、東北から東日本の山岳地域で、ニホンザルが姿を消し、その分布が南西日本、そして東日本の一部の沿岸地域に限られていたと考えられる。もしそうならば、最終氷期のあとの温暖化にともなって、東日本で分布域の拡大が起こったことになる。一方、西日本では、氷期でも分布は消えることがなく、ニホンザルが生息しつづけたと考えられる。最終氷期にニホンザルがいったん東日本から消滅したというのが、ミトコンドリア遺伝子研究からの仮説である。熱帯起源の霊長類が、寒冷環境にいちどむ最前線にニホンザルがおり、彼らの生息地は気候や環境の変化に大きな影響を受けて動いてきたようである。寒冷地への適応は、かれらの生態、形態そして生理的な特徴などにも変化を与えており、生息地の利用パターン、出産時期などに地域差が認められている。日本の国土は決して広くないが、環境の多様性は大きく、霊長類の適応を研究するには格好のフィールドといえよう。

過去の検証

遺伝情報は DNA 分子に刻まれている。個体が死ぬとその個体のもっていた遺伝子も消えてしまう。しかし、物質としての DNA 分子はすぐにこわれて消えてしまうとは限らない。遺体に残り、完全に分解されていない遺伝子から情報をとりだすことができるなら、過去を知る助けになる。これまでサルの遺伝学研究では、現在生きている個体をくらべて進化や系統を論じてきた。一方、古い時代についての実証的な研究は、もっぱら形態学を中心とした考古学の領域だった。古骨や化石に残っている DNA 分子を酵素で増やして遺伝情報を読み取り、進化を実証的に研究する新しい研究分野が登場してきた。過去に迫るこういう研究は分子考古学とよばれている。

ニホンザルの分子考古学は最近はじまったばかりである。一概にはいえないが、ふつうの場合、古いほど分解が進んでいて、遺伝子分析がむずかしい。高知医科大学の吾妻健先生、大学院生の石上盛敏さんがニホンザルの遺骨に残るミトコンドリア遺伝子を調査している。はじめにたがけた問題は、絶滅地域の研究だった。東北地方ではサルの絶滅地域が広がっている。江戸時代には広く分布していたサルが、明治以後の狩猟圧で急激に姿を消した。とくに秋田や岩手ではほとんどの地域からサルが消えてしまった。前述したように、わずかに残っている岩手県五葉山のサルで、東北のほかの地域にない特徴的な遺伝子タイプが見つかった。絶滅地域のサルたちは、どのようなタイプだったかを調べるために注目したのが、厩猿(マヤザル)だった。厩猿とは、馬の安産・無病息災を祈願して、畜舎にサルの頭骨や手を祀る民間信仰のことである。かつては馬産地だった岩手県で厩猿を探し、遺伝子を分析をし

たところ、おもしろい結果が出てきた。岩手県北部の山間地にある山形村で、明治期に捕獲され、祀られたニホンザルの頭骨は、南に百キロメートル以上離れている五葉山のサルとおなじ遺伝子タイプをもっていた。この地域では、すでにニホンザルは絶滅している。点であった五葉山の遺伝子タイプの存在は、こうして北上山地をつなぐ線に変化してきた。分子考古学の展開は、時空を超えた研究という形で、わたしたちにニホンザルの来た道を教えてくれるだろう。

保護管理への応用

ニホンザルと日本人は、この国の風土のなかで、時代とともにさまざまな関係をもちながら、共存の歴史をつくってきた。しかし、現代の関係は過去の歴史とはちがった局面をむかえている。農林業被害が理由で年間に1万頭以上のニホンザルが駆除されている。野生鳥獣との共存には、人間による管理が必須な時代になってしまった。行政の担当者は、保護管理計画をつくるために頭を悩ませている。動物には発信機がつけられ、生息調査が各地でおこなわれている。遺伝子研究を保護管理に役立てることを考える時代でもある。発信機が直接的なモニタリングの方法だとすると、遺伝子分析は間接的なモニタリング法といえる。雄の移籍を介した地域間の交流を測る道具として、ミトコンドリア遺伝子が使われはじめている。また、移入種との交雑問題でも遺伝子の研究が役立っている。遺伝子を利用したモニタリングは、保護管理活動のなかで、今後さらに重要性を増してゆくだろう。

最後に - フィールド研究とラボ研究 -

分子生態学とよばれる研究が近年人気をえている。血縁関係を評価する技術の進歩につれて、遺伝子を利用した新時代のフィールド研究が霊長類学でも進んでいる。双眼鏡と野帳を携えてサルを追いかけたバイオニアたちの研究とは隔世の感がある。フィールドの若手研究者たちがラボへ目を向けることは、新しい知見を求める努力として評価したい。しかし、フィールド研究の原点がフィールドにあることも忘れてほしくない。遺伝子は道具であるが、遺伝子とそれを担う生物との関係を、新しい着想で読み解くことが、研究のおもしろさだと思う。新しいアイデアで遺伝子を利用したフィールド研究が展開するよう願っている。

参考図書

- 川本 芳 「遺伝子の多様性から考える進化 - 霊長類の集団遺伝学」 京都大学霊長類研究所編
『霊長類学のすすめ』、丸善、152頁 - 170頁、2003.
- 野澤 謙 「動物集団の遺伝学」 名古屋大学出版会、1994.