

5 個持つ対立遺伝子が見いだされた。オランウータン、テナガザルでも、それぞれ長・短、2種の対立遺伝子が検出された。レポータージーンアッセイでプロモーター活性を比較したところ、類人猿のプロモーター配列は、チンパンジーおよびテナガザルの長い対立遺伝子を除き、ヒト3回反復より高いプロモーター活性を示した。また、遺伝子多型が個体の行動に及ぼす影響を解明するため、霊長類研究所で飼育されており行動観察が可能な、チンパンジー等の個体の遺伝子プロファイルを作成した。

## 19 富山県のニホンザル地域個体群の分布特性と遺伝子変異

赤座久明(富山県立新川女子高等学校)

富山県内のニホンザルの分布は、県中央部を流れる神通川より東側に偏っており、約80群の生息が推定されているが、近年山地から丘陵地へと急速に生息域が拡大し、群れの分布状況に大きな変化がみられる。群れの由来や、隣接する群れの類縁関係を探るため、富山県東部に生息するニホンザルの群れを対象にして、ミトコンドリアDNAの塩基配列を解読した。丘陵地帯に生息する20群、55個体から血液を採取し、ミトコンドリアDNAのDループ領域で412塩基の配列を決定して、比較したところ、6タイプ(仮にA,B,C,D,E,Fとする)に分類することができた。6タイプのうち、4タイプ(A,B,C,D)は群れに所属するメスから得られたが、残りの2タイプ(E,F)は、いずれも1頭のオスからだけ得られたものである。この結果から、富山県内に分布するニホンザルの群れは、遺伝的に異なる4つの集団から構成されると考えられる。Aタイプは県内の分布域の西側に位置する細入村、大沢野町、大山町、立山町に分布し、Bタイプはそれより東側の上市町、滑川市に分布していて、タイプごとに分かれていた。一方、Cタイプは魚津市、黒部市、宇奈月町に分布し、Dタイプは、魚津市、黒部市、宇奈月町、朝日町に分布するというように、分布域が大きく重複していることが分かった。4タイプの由来を探るため、今後は黒部川上流域など奥山に生息する群れや、隣接する他県の群れの分析を計画している。

## 22 老齢ザルにおける認知機能の変化

久保南海子(愛知みずほ大)

加齢にともなって低下した記憶を補うにはどうすればいいのか。どのような手がかりがあれば老齢ザルでも位置再認が容易になるのかを検討するために、刺激に付随する手がかりを段階的に増加させる課題を用いて、再認の成績の変化を老齢ザル(4頭、24-25歳齢)と若齢ザル(3頭、4-8歳齢)で比較した。刺激位置の「列」のみを手がかりとした位置再認課題においては、見本刺激と選択刺激が近接すると老齢・若齢ともに成績は低下した。次に、刺激位置の「列」に加えて「行」という空間手がかりを使用することが可能であったばあい、刺激が近接しても若齢ザルの成績は維持されたが、老齢ザルでは低下した。しかし、刺激位置の「列」に加えて、刺激「物体」の手がかりを使用することが可能であったばあい、老齢ザルの成績は若齢ザルと同程度に維持された。以上の結果から老齢ザルは、空間的な手がかりを付加してもそれを効果的に活用できないが、色・大きさ・形など手

がかりを使用することが可能であったばあいには再認が容易になったといえる。老齢ザルの位置記憶の低下は、刺激位置の距離を離すことや刺激物体の手がかりを増加することによって補うことが可能であると示唆された。

## 23 霊長類 MHC クラス I の遺伝子群の重複及び機能分化の過程の解明

颯田葉子,

澤井裕美(総研大・生命体科学)

昨年度の共同利用研究で、霊長類 MHC クラス I 遺伝子群について、新世界猿に HLA と祖先を共有する直系の遺伝子が複数存在する事を明らかにしてきたが(現在投稿中)、それらの機能や発現が同じかどうかは明らかでない。そこで、新世界猿でのクラス I 遺伝子の機能分化の過程を明らかにする為、ヨザルで遺伝子の発現の有無を調べた。ヨザルの血球細胞から mRNA を抽出し、これまでの研究により明らかにした 4 遺伝子座について RT-PCR を行ったところ、発現パターンがヒトとは異なることが明らかになった。ヒトでは様々な組織で常に発現している HLA-B (古典的クラス I 遺伝子) と共通祖先を持つヨザルの 2 遺伝子のうち、発現が見られたのは 1 遺伝子のみであった。ヒトで組織特異的発現をする HLA-G (非古典的クラス I 遺伝子) と共通祖先を持つ 2 遺伝子のうち、1 遺伝子では強い発現が見られたが、他方では発現はほとんど見られなかった。さらに、ヨザル 4 個体で 2 遺伝子の発現量を比較した所、B 様遺伝子、G 様遺伝子ともに発現量に個体差が見られた。今回の研究で、ヒトとは異なる発現様式が新世界猿でみられたことから、共通の祖先遺伝子から生じたクラス I 遺伝子が発現様式という点でも分化している事が予測された。今後は、種内での遺伝子発現の量に個体差が見られたことともあわせ、新世界猿のクラス I 遺伝子群の発現について、定量的な解析を進める。

## 24 霊長類におけるプリン代謝関連分子変容の生理生化学的機構の解明

尾田真子(総研大・先導科学・生命体科学)

ヒトを含む類人猿はプリン代謝系の尿酸酸化酵素(Uox)が不活性化し、血中尿酸値は他の哺乳類より約10倍高い。尿酸を産生するキサンチン酸化還元酵素(Xor)活性は、ヒトでは哺乳類よりも約1/100低い。本年度は、Uox不活性化に関連したXorの機能変化の探索を目的とし、霊長類及び哺乳類を対象とした分子進化学的解析を行った。まずヒト及び他の哺乳類のXorのコーディング領域(約4kb)を調べたが、タンパクの機能変化を示唆する変異はなかった。そこでプロモーター領域(約900-2kb)について、霊長類14種と他の哺乳類5種の塩基配列を決定し分子進化学的解析を行った。その結果、Xor遺伝子の発現抑制はげっ歯類から霊長類、さらに類人猿の出現前後の進化過程で段階的に生じたことがわかった。このような分子進化過程は、タンパクの機能変化よりもむしろ遺伝子発現調節レベルの分子共進化を示すものである。UoxとXorの分子共進化の生物学的意義として、類人猿の血中尿酸量の調節及び抗酸化システムの構築への寄与、代謝系の進化の原動力となりうることが考えられた。