

によって変動すると考えられる。性的に受容可能なメスの頭数および性的に活動可能なオスの頭数の比は実効性比 (operational sex ratio, Emlen & Oring, 1977) とよばれている。実効性比の観点から交尾成功を分析した研究は霊長類以外では多く行われているが (Kvarnemo & Ahnesjö, 2002), 霊長類では非常に少ないのが現状である。

本研究では、宮城県金華山のニホンザル金華山 A 群での、1992~95 年の交尾期における実効性比の変動と群れオスの交尾成功の関連について分析を行っている。群れオスの頭数と発情メスの頭数が同じ頭数の場合、実効性比は 1 になる。実効性比が 1 以上の場合には、すべての群れオスで交尾成功が観察された。一方、実効性比が 1 未満の場合には、低順位オスの交尾が観察されなかった年があった。この結果から、実効性比が 1 未満すなわちオスバイアスのときには高順位オスは低順位オスよりも交尾成功で有利になるが、実効性比が 1 以上すなわちメスバイアスのときは順位による交尾成功の差が小さくなると考えられる。この仮説からは、順位と交尾成功の関連は実効性比によって変動すると予測される。多くの霊長類種の交尾成功について文献調査を進め、この予測を検証している。

施設 12

ヒト 17q12 amplicon に見出された新規遺伝子の霊長類における相同遺伝子の検索、及びそのゲノム解析
城石俊彦 (国立遺伝学研究所・哺乳動物遺伝研究室)

平成 15 年度、我々がマウス並びにヒトにおいて新たに見出した上皮形態形成及び癌抑制関連遺伝子群を、インフラ整備が進みつつある霊長類 Genome Data Base を用いて *in silico* screening を行った。その結果、霊長類において幾つかの新規上皮形態形成及び癌抑制関連遺伝子群の仮想 cDNA の単離に成功した。これら単離された仮想 cDNA の中には、同じ哺乳類でありながらマウスには存在せず、ヒトにのみ存在していた仮想 cDNA も含まれていた。類人猿とヒトのグループは、ヒト・マウス間よりも遺伝的に保存されており、今回見出された仮想 cDNA 存在ゲノム領域を詳細に解析することにより、類人猿とヒトの癌感受性の違いを解明する一つの手がかりが得られることが期待される。更に我々は、アフリカミドリザル腎臓由来細胞株である COS-7 genomic DNA を用いてゲノム解析の予備実験を行い、ある程度の基礎データ収集を完了した。当然の事ながら細胞株と霊長類成体におけるゲノム構成は異なることが予想される。しかし、今回行ったゲノム解析の予備実験は、次年度に計画した霊長類成体 genomic DNA を用いたゲノム解析を行う上で有用な情報を多く含む物であると考えられる。今年度までの研究成果から、新規遺伝子群の本格的な霊長類間ゲノム比較研究を行う基盤が揃ったと言える。

施設 13

ニホンザルゲノム BAC ライブラリーの構築

斎藤成也 (国立遺伝学研究所)

現在、日本にはヒト以外の霊長類のゲノムライブラリーとして、チンパンジーの BAC ライブラリー-PTB (国立情報学研究所の藤山秋佐夫教授らが作成) とゴリラのフォスミドライブラリー (国立遺伝学研究所の金衝坤・斎藤成也および藤山教授が構築; 論文 1) が存在するが、日本に分布する旧世界ザルであるニホンザルのゲノムライブラリーは存在しない。そこで、藤山教授と共同で、ニホンザルの BAC ライブラリーを作成している。景山節教授の協力により、霊長類研究所で飼育維持しているオスのニホンザル 1 頭から 2002 年度に血液を採取した。これをもとに、BAC ライブラリーの作成を進めている。作業が少し遅れており、2003 年度中は 2 万余の BAC クロンをピックアップした。これはニホンザルのほぼ 1 ゲノムに相当する。しかし、通常のライブラリーは 4 ゲノム以上のものが期待されるので、