

ルを含む他の10種)であった。B・C間は調べた25-26個の制限酵素サイト中、3-4個の変異が認められ、A・(BC)間は5-6個であった。同一グループ内の種間では0.5-2個のサイトの変異が認められた。大型類人猿の場合ではサイトひとつの変異は50万年の分岐時間に相当したが、これをあてはめると、A・(BC)間の分岐はヒト・ゴリラの分岐と同等の時期であろうと推定された。スラウェシ島の7種のマカクはそれぞれ別々の交配集団を形成しているものと示唆されたが、分布の境界領域で交雑が起きているか否か、大陸産のブタオザル集団との関連等については今後の問題である。またニホンザルについては本土由来の個体のゲノム内のrDNAコピーの約半分で、屋久島由来の個体にはみられない、特異的なサイトの変異が認められた。この変異が亜種間のものとして再現性があるのかについては今後の課題である。

計画：11-2

ミトコンドリアDNA変異の解析によるマカク属サルの系統についての研究

針原伸二(東京大・院・理・人類)

インドネシア・スラウェシ島のマカク属サルは7種に分類され、それぞれ独自の分布域を有している。異なる2種の接する境界領域においては、雑種とみられる個体がしばしば観察されることが知られているが、今回の研究では島の北部のM.heckiとM.tonkeanaの2種が接するところで採取された試料を用いて、ミトコンドリアDNA(mtDNA)の変異を解析し、雑種形成の実態や種分化の進行などについて検討することとした。サルの血液試料は互いに数Kmの範囲にある4地点で計51頭より採取され、DNAが通常法により抽出された。抽出したDNAを10種の制限酵素、BamHI、BglII、EcoRI、EcoRV、HindIII、HpaI、PstI、PvuII、SacI、XbaIにて切断し、mtDNAの切断パターンをSouthern法にて検出し、既知のスラウェシマカクのパターン(モルフ)と比較した。

その結果、これらの個体の切断パターンには、まったく変異がなく、同一のmtDNAタイプと判定された。いずれの制限酵素のパターンも、M.tonkeanaとM.heckiどちらにもみられるもの

であったが、すべてのパターンを組み合わせたタイピングでは、4群51頭のmtDNAタイプは、これまでどのスラウェシマカクでもみられないものである。

このmtDNAタイプがどちらの種に属するものかは判断しがたいが、BglIIやXbaIのモルフや、その他の既知のmtDNAタイプとの距離などを考慮すると、M.heckiのmtDNAタイプと思われた。4群は地理的には近接した位置に分布していることもあり、母系では均一的な遺伝構成を持っていると推測された。

計画：11-3

FISH法を用いた霊長類の核型進化に関する研究および霊長類細胞株作成の試みII

田辺 秀之・水沢 博

(国立衛試・変異遺伝・細胞バンク)

平成4年度に引き続き、染色体バンディング法とFISH(Fluorescence In Situ Hybridization)法とを組み合わせることにより、ヒトと霊長類の遺伝子比較マッピングを行い、遺伝子座の位置に基づいた核型進化を考察することを目的とした。プローブDNAとしてヒト14q32.33に位置する免疫グロブリンCε1遺伝子およびヒト9q24.2-q24.1に位置するその偽遺伝子であるCε3遺伝子を用いた。Cε1遺伝子を含む免疫グロブリンCH遺伝子領域は、霊長類の進化の過程でダイナミックな重複、欠失などのDNAレベルでの再編成が生じてきたことが知られており、本研究ではこの領域の染色体レベルでの再編成の有無を7種(チンパンジー、ピグミーチンパンジー、オランウータン、シロテテナガザル、アジルテナガザル、ニホンザル、スラウェシマカク)の霊長類について調べた。PHA-MまたはCon-Aをmitogenとした全血培養法により各種霊長類の染色体標本作製し、Q分染像を写真撮影した後にFISH法を行った。撮影したQ分染像と同じ分裂像のFISHのシグナル部位とを比較した。ヒト14番および9番染色体に特異的なペインティングプローブを併用した結果、Cε1およびCε3遺伝子ともにそれぞれヒト14番および9番染色体にペインティングされる霊長類染色体領域上にマッピングされた。すなわち、これらの遺伝子座はヒトの遺伝子座と対応する位置に存在し、核型進化上、高度に保存されているこ