

計画 8-3

霊長類における染色体進化の理論的研究
今井弘民 (遺伝研・細胞遺伝)

染色体進化の法則性および生物学的意味を研究するにあたって、従来の研究は個々の種の核型を詳細に記述する手法を用いた。この枚挙的手法は、研究対象が数種～十数種の属レベルの場合には有効である。しかし、数十～数百種を含む科や目レベルでの染色体進化の全体的動向の研究には、数量的解析手法が必須になる。数量化は人為であってはならない。核型に保存された染色体変異の情報を損なわずに抽出する必要がある。核型を染色体数($2n$)と染色体の腕の数($2AN$)で数値化し、グラフ上の点として表現する核グラフ法は、その要請を満たす唯一の手法である (Imai & Crozier, 1980)。つまり $2n$ と $2AN$ は、染色体進化に貢献する主要な染色体変異 (セントロメア開裂と融合、および逆位) の情報を保存しており、グラフ上の核型分布パターンから逆に染色体変異の情報を解説することが可能なのである。ただし、解説される情報は統計的であり、記述は確率論的である。従って、本手法は、個々の核型進化の精密な描写には不向きであるが、全体的な動向の記述には威力を発揮する。

平井教官との本共同研究は、核グラフ法を霊長類の染色体進化に応用する可能性を目的とした。2つの課題、①核グラフ法の理論整備及び②霊長類染色体の核グラフ法適用の可能性について検討を行った。その結果、①については、モンテカルロ法による染色体進化のシミュレーション解析法を完成することができた。また②は平井教官の努力により、核グラフ解析に必要なC-バンド染色法を確立することができた。これにより、霊長類の染色体進化を核グラフ法を用いて数量的に解析する理論的基礎が確立され、本共同研究は当初の目的を達成できたと思われる。理論研究の成果は、目下学術論文にまとめつつある。

計画 8-4

蛍光 *in situ* hybridization (FISH) による
原猿・新世界サル類の染色体比較研究
太田真澄 (東大・理・人類)

従来、霊長類の核型進化についてはバンド・パターンと比較に基づいて研究が行われていた。その後、体細胞遺伝学的手法により遺伝子地図を作成し、これを比較研究する方法がとられるようになった。この方法は大変労力のいるものであり、遺伝子マップを種間で比較するには十分なデータが得られなかった。最近では、クローン化したDNAを蛍光標識し、これを直接染色体上にハイブリダイズさせ、その位置を調べる方法である FISH 法が確立し、効率よくしかも正確にマップ作成ができるようになった。ヒトにおいては特に遺伝子クローンが多数得られているので、保存性の高いものについてはこれを近縁のサル類の染色体研究に使用することができる。海外でも旧世界ザル類を中心に比較遺伝子マッピングによる染色体進化の研究が進みつつある。そこで、ヒトと最も近縁のチンパンジーについて、ヒト由来のコスミド・クローンをを用いてマッピングしその結果をヒトと比較する一方、系統の離れた新世界ザルや原猿についても同様の比較マッピングを試みた。(1) ヒトのコスミド・クローンの FISH により、ヒト2番染色体と相同のチンパンジーの2対の染色体 (12, 13番) との対応関係を明らかにした。すなわちチンパンジーの上記2染色体が短腕テロメア部分で直列に融合したことを確かめた。(2) 新世界ザルのリスザル (*Saimiri sciureus*) の染色体につき、ヒト染色体特異的ライブラリーによる FISH (ペインティング) を行い複雑な染色体の対応関係を明らかにした。原猿については研究中である。