

カク・グリベットモンキーで異なることが明らかとなった。

24クロソムの配列の比較から、ヒト第6番染色体は複数のサブバンドから成るいくつかの領域に分けられ、それぞれは1つの群としてのまとまりをもつことがわかった。各種間の染色体対応は、ヒヒ/ヒトで4回の逆位、グリベットモンキー/ヒトで1回の融合又は開裂と7回の逆位で説明される。動原体位置変化の問題は今後の大きな課題の一つである。いずれにせよヒト第6番染色体は、霊長類の進化の過程で全体的には保存され、その内部でダイナミックな構造変化を繰り返しつつ構成されたきたといえる。このような変化は従来の方法では検出されなかったものである。既に染色体ペインティングによる相同性分析から高等霊長類における染色体の全体的保存性が認められることから、他のヒト染色体も第6番と同様にして構成されたのであろう。新たな染色体構成をもつ個体群の確立は種分化をもたらす要因の一つと考えられる。より多くの種についてのより多くのDNAプローブを用いたFISHによる解析は、今後ヒトのゲノムの成り立ちや進化のプロセスを解明する上で重要な情報をもたらすといえる。

計画11-2

霊長類におけるヒト癌遺伝子のマッピング

田口尚弘（高知医大・解剖）

チンパンジー・日本ザルのPHA刺激幼若化リンパ球から得られた染色体中期分裂像に、蛍光インサイチューハイブリダイゼーション（FISH）によりヒト遺伝子のマッピングを行った。使用したプローブはc-myc, JH14, 3番染色体より得られたコスミドプローブ（肺癌、卵巣癌、腎癌等に癌抑制遺伝子の存在が示唆されている3p212座位）であった。

FISHによりマッピングされたc-myc, JH14, 3番染色体より得られたコスミドプローブの染色体上には、従来からのGバンド解析で発表されているヒトとこれらのサル染色体上の相対的位置関係に矛盾は見られなかった。すなわち、c-myc遺伝子は日本ザルでは8番染色体長腕末端部（ヒトでも8番染色体長腕の末端部）にそのシグナルが、一方、チンパンジーでは、7番染色体上にシグナルが観察された。ヒトの3番染色体

より得られた3p21プローブのマッピングでは、チンパンジーの第2番染色体にシグナルが得られた。しかし、日本ザルでは、ハイブリダイゼーションが得られなかった。このことは、日本ザルでは、進化過程で物理的な遺伝子変化（遺伝子分割、他の染色体上に分散等）により、3p21部位DNAが失われたものと推測される。今後さらに、マップする遺伝子数を増やし、霊長類間の染色体リアレンジメントの比較分析を進める。

計画11-3

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）

従来染色体進化の研究は、各型を種毎に直接比較した。この手法は、各型の相同性の高い近縁種には有効であるが、系統的にかけ離れた分類群や霊長類全体の各型進化の全体像を解析することは難しい。そこで筆者は、各型を染色体数 $2n$ と染色体腕数 $2AN$ を用いて数値化し、グラフ上の一点（ $2AN, 2n$ ）として表す核グラフ法を考案した。本手法では、数百の核型をグラフ上の点の分布として表現でき、その分布パターンから核型進化の全体的動向を解析することができる。そこで平井教官との本共同研究では、核グラフ法を霊長類へ応用する可能性を検討した。その結果、本手法は霊長類の核型進化の数量的アプローチとして有用である見通しがついた。ただし核グラフ法には多数種の鮮明なCバンド核型を必要とするので、今後さらに本共同研究を継続させ、平井教官のデータの蓄積を待って本研究を完成させる予定である。

計画11-4

rDNAの細胞遺伝学的研究

山本雅敏・朴 洪石（京都工芸繊維大学）

rDNA遺伝子は生物の生命維持機能に必須な遺伝子であることからDNA塩基配列の変化は進化的に緩慢で、近縁種間での差はあまり見られない。したがって、近縁種間の比較にはキロショウジョウバエ類におけるrDNAへのレトロトランスポソンの比較といった例を除けば、一般的にrDNAは適した材料とはいえない。しかしながら種の分化が生じてから進化的時間が非常に長く経過したと思われる種間の比較には、その塩基配列の高度の