

どの個体も1カ所の切断点があるが、変異は検出されなかった。

β グロビン遺伝子に関してのSouthernハイブリダイゼーションでは、制限酵素Ava IIとBamH Iについての結果をみるかぎりでは変異はみられていない。

今までのところ、タイのカニクイザルではRFLPの変異は観察されていないが、今後 はもっと多くの制限酵素を用い、多くの部位を調べることにより、変異性の有無や程度を検討していきたい。また、違う地域のカニクイザルやスラウェシマカクなど異なる種についての解析も予定しており、種あるいは地域集団に特異的な変異やそれぞれの種内変異性について記載し、 β グロビン遺伝子領域の塩基の変異が系統解析などに有効かどうかなどを考察したい。

自由: 37

リボソームRNA遺伝子からみたマカク類の種内変異

鈴木 仁 (東京慈恵会医科大学・医科研)

本研究の目的は(1)リボソームDNA(rDNA)のスペーサー上の制限酵素断片長の多型性(RFLP)を指標とし、マカク類の系統分類学的類縁関係を明らかにし、さらに(2)地域間変異についても同様の手法で解析することである。これによりマカク類各種が保有する地域集団について核の遺伝子からみた進化的位置づけが可能になると思われる。

これまで報告したように、Foodenに従ってマカク属を19種に分類すると、これらは以下の3つのグループに分けることができた。(A)バーバリマカク、(B)ブタオザル類(ブタオザル、シシオザル、スラウェシ島の7種)、(C)アカゲザル類(ニホンザルを含む他の9種)である。そしてB・Cの分岐はおおよそ500万年前、A・(BC)間の分岐は100-200万年前と見積もられた。アカゲザル類の中では調べた24個の制限酵素サイト内、0.5-2個のサイトの変異しかないので、DNA小断片の欠失挿入変異も考慮した。18SrRNA遺伝子5'末端上流スペーサーのBclIサイト付近の約500bpの欠失(18 Δ)と28S下流のPvuIIサイト付近の約200bpの欠失(28 Δ)が認められた。これら

の変異を含めてアカゲザル類の類縁関係をみると、3つのグループに分けることができた。(a)ベニガオザル、チベットモンキー、ニホンザル(ヤクザルを含む)、カニクイザル、(b)アカゲザル、タイワンザル、(c)トクモンキー、アッサムモンキー、ボンネットモンキーの3つである。ベニガオザルとチベットモンキーに関しては調べたサイト及び欠失の変異に関する限り、すべて同一であり、またヤクザルとは28 Δ の有無に関してのみ変異が認められた。アカゲザルとタイワンザルの違いはアカゲザルにおいて18S上流のEcoRIサイトでゲノムの半量で新しい変異が蓄積しているだけの差であった。この変異量はニホンザルとヤクザルの種内変異量に相当している。今後、さらに分布域の広いアカゲザル、カニクイザルの各地域集団の変異のパターンについて解析する必要があると思われる。

自由: 39

霊長類におけるMHC 遺伝子群の構造と機能の解析

猪子英俊 (東海大学・医学部・分子生命科学)

高田 肇 (東海大学・医学部・分子生命科学)

免疫応答を制御し、顕著な遺伝的多型性をしめすMHC 遺伝子群は、多重遺伝子族に属し、進化的に興味ある領域である。本研究は、最終目的として霊長類のMHC 遺伝子群の構造とパルスフィールド電気泳動や、クローニングにより解析することにより、遺伝子群の進化の道筋を解明することを念頭に、昨年度に明らかにしたMHC 抗原の発現が減少しているサル個体の家系の分析とサルのギランバレー症候群様症状を呈するHLA 抗原を調べることににより、サルにおけるMHC 抗原の遺伝的解析を行った。

昨年度の研究においてみいだした、MHC クラスII抗原の発現が通常の $\frac{1}{5}$ に低下している個体について、その家系調査を施行したが現在までのところこの個体と同様に、MHC クラスII抗原の発現が低下している個体はみだすことができなかった。この事実は、クラスII抗原の低下が遺伝的劣性によるものか、それとも遺伝的変異にもとづくものではないと考えられる。

ヒトでは、ギランバレー症候群はHLA-B35と強く相関することが知られている。そこで、霊長