

遺伝子の存在を仮定することによって説明可能なパターンが得られた。もっとも変異に富んでいたものはマレーシアのカニクイ（10頭）で10種、また、アッサム（10頭）で7種の対立遺伝子を示した。ニホンザルは4種の対立遺伝子に支配され、そのうち、2種はカニクイやアカゲ・ブタオと共通で、残りは独特なものであり、ヤクシマザルにも2種みられた。

オマキザル上科：6属8種22頭の分析の結果、ケナガクモザルを除いて単一バンドパターンを示し、フサオマキザルのみヘテロ型であると考えられた。

原猿類：3属3種8頭を調べたが、いずれも抗ヒトORM抗体に対してバンドを形成せず、抗ヒトORM抗体のヒトへの特異性が比較的高く、法医学的应用への有用性が示唆された。

ヒト上科のいくつかの個体にはメジャーバンドより陰極にうすいバンドが検出されたが、これらが第2座のものか単にマイナーバンドなのか断定できなかった。家系分析やDNAレベルでの解析が必要であろう。霊長類、とくに、マカカ属においては極めて高い多型性を示し、有効な生化学的遺伝標識になると考えられる。

## DNA多型現象の霊長類の系統分化と個体識別研究への応用

中堀 豊・中込弥男（小児医療研セ）

我々が開発したクローニング用ベクター pYN 87006を用いると、セルソータのY染色体分画より作製したEcoRIライブラリーから、Y由来の非反復配列を極めて効率良くクローン化できることが分かった。これを用いて約30クローン強を得、そのうち11については、ヒトY染色体上の局在を定めることができた。

これらをプローブとし、ヒト・チンパンジーから原猿類に至る種々な霊長類よりDNAを得てサザンブロット法により解析したところ、クローンY10はヒトのみでY染色体上にマップされ、残る総ての霊長類（今回検査した10種強）において常染色体上に座位を占めることが分かった。ニホンザルについては、行動の観察等より親子関係の明らかな組を含めて約30頭よりDNA解析用のサンプルを得ることができたが、Y10をプローブとするDNA多型解析により、31例中29例を個々に識

別でき、また親子の組については総てのバンドについて親から子への伝承を辿ることができた。ニホンザルの社会や行動の解析において、DNAレベルの解析が大いに役立つ可能性が示されたことになる。

他の10種のクローンについては、原猿から旧世界ザルの一部まで常染色体性で、以後Y特異性のバンドが出現するもの、同様にX特異性のバンドのみが見られながらヒトとチンパンジーのみでY特異性のバンドが見られるもの、新世界ザルの一部と旧世界ザルを通じてY特異性の見られるものなど種々な特徴が見られた。結局、ヒトのY染色体は、進化の種々な時期に、常染色体やX染色体の短腕・長腕の種々な部分から移って来たDNAよりなる、寄木細工のような構造を持つことが明らかになった。逆にDNAレベルでのY染色体の解析が、系統分類などに役立つ可能性が出てきたことになる。

なお今回クローン化したDNAのうちに、調査した総ての霊長類とマウス、ラット、牛でX染色体上に保存されており、幾つかの種ではY上にも相同ないしそれに近い塩基配列が検出されるものが有った。その本態、詳細な構造などについては、現在解析を進めている。

## 霊長類免疫グロブリンC $\alpha$ 遺伝子の進化

河村正二（東京大・理）

昭和62年度共同利用研究により、ヒト上科の進化の過程で免疫グロブリンC $\alpha$ 及びC $\epsilon$ 遺伝子のコピー数が、遺伝子重複あるいは欠失により変化してきたことが明らかになった。一方、C $\alpha$ 遺伝子はそのヒンジ領域の長さが、進化の過程で変化してきたことが、ヒト及びアフリカ産類人猿そしてマウスでの比較から明らかにされている。そこで昭和63年度共同利用研究では、オランウータン、テナガザルそしてヒト上科のアウトグループとして旧世界ザルについて、C $\alpha$ 遺伝子ヒンジ領域の塩基配列を明らかにし、昭和62年度の結果と合わせて、ヒト上科全体でのC $\alpha$ 遺伝子の進化の動態を知ることを目的とした。

オランウータンC $\alpha$ 遺伝子ヒンジ領域は、6塩基の欠失を除けばヒト及びアフリカ産類人猿のC $\alpha$  1遺伝子と同じタイプ即ち、15塩基ユニットがイントロン部分を含めて5回繰り返した構造を