

自由 28

霊長類大脳皮質内の抑制細胞と領野間結合

山下晶子（日本大・院・医・応用システム神経科学）

大脳皮質は生理学的／解剖学的に異なる特徴を持つ多数の皮質領野からなっている。また、皮質領野間の相互関係には階層性があることが知られていて、例えば、第一次視覚野から第2時視覚野への投射は feed forward (FW) と呼び、逆を feedback (FB) と言う。視覚系では FW 投射は視覚情報を伝え、FB は注意など視覚認知を制御する情報を伝えるなど生理的機能が異なっている。解剖学的にも FW と FB 結合では起始細胞や軸索終末が分布する層にそれぞれ特徴があり、げっ歯類視覚野では FW は GABA 細胞の細胞体付近に、FB は樹上突起遠位部に終末を持つという違いも報告されている。サル大脳皮質の運動関連領野と視覚関連領野にトレーサーを注入し、出力運動系でも入力感覚系と同じような階層構造や線維連絡が見られるのか、GABA 細胞と投射の関係は霊長類でもみられるのかを調べた。視覚系では FW と FB 結合が GABA 細胞のそれぞれ、近位部、遠位部へ入力するパターンが観察されたが、運動野では FW と FB 投射の終末の分布に関する顕著な違いは見られなかった。霊長類出力システム内の運動野や運動前野では、錐体細胞の樹状突起初節に GABA 終末が集まる像や錐体細胞の細胞体を取り囲む GABA 終末像が多く観察される。前頭前野では錐体細胞の軸索初節や細胞体には GABA 終末は散在して存在し、運動野のような終末の集積は観察されない。

自由 29

マカクザル類 Y 染色体マーカーの開発

田口尚弘（高知大・黒潮圏海洋科学・海洋健康医科学）

従来解析が遅れている旧世界ザルの Y 染色体進化の研究に利用できるマーカーを得るため、我々が技術確立してきた染色体顕微切断・PCR・FISH・クローニング法を用いて、旧世界ザル類の Y 染色体マーカーを単離することを目指した。染色体顕微切断法により、アカゲザルの Y 染色体を 10 本採取し、PCR で増幅後、FISH 法で Y 染色体特異のプロープであることを確認した。このプロープはアカゲザル Y 染色体のヘテロクロマチン領域に特異的に結合し、中間期核においてもその存在が判別できた。さらに、この PCR 産物をクローニングし、18 個のクローンを得た。FISH で確認したところ、18 個中 2 個のクローンがアカゲザル Y 染色体の短腕に存在するヘテロクロマチン領域に特異的であった。これら 2 個のクローンの塩基配列を決定し、遺伝子バンクに登録した。このアカゲザル Y 染色体に特異的なプロープを使って、ニホンザル、アヌビスヒビ、シロエリマンガベイ、ホオジロマンガベイ、サバンナモンキーの Y 染色体を比較解析したところ、局在部位が種間で異なることが確認された。このことから、このクローンが、今まで解析手段のなかった旧世界ザルの Y 染色体進化の研究に、有効なマーカーであることも明らかとなった。本研究の成果は *Chromosome Research* 11: 147-152, 2003 に発表した。

自由 30

遺伝子マーカーを用いたマントヒヒの種分化仮説の検証

山根明弘（北九州市立自然史・歴史博物館）、庄武孝義（京都大・霊長研）

アラビア半島に生息するマントヒヒの由来、およびその種分化のメカニズムを探るべく、サウジアラビア王国の各地から採集したマントヒヒの血液、およびその周辺のアフリカ産のマントヒヒ、アヌビスヒビの血液から DNA を抽出し、ミトコンドリア遺伝子の多型領域の塩基配列をそれぞれ解析し、系統的比較を行った。

血液サンプルは 1997 年以降、庄武孝義教授が中心に現地で採集したものであり、サウジアラビアでは紅海沿いに、北はメジナから南はナジランまでの約 1000km の間の 9 群（メジナ、タイフ近郊 4 群、アルバッファ、アブハ、ワジダバン、ナジラン）から 160 頭の採血を行い、ソマリア国境沿いのエチオピアでは 1 群から 40 頭の採血を行い、合計 200 頭のミトコンドリア遺伝子の D-loop 領域、340bp の塩基配列の解析を行った。

その結果、サウジアラビア産のものからは 19 のハプロタイプ、エチオピア産のものからは 6 つのハプロタイプが認識され、これらを NJ 法でクラスタリングしてみたが、明確にサウジアラビアタイプのもものと、エチオピアタイプのもものを区別することはできなかった。さらに、アヌビスヒビのタイプのもものがサウジアラビアのクレードにも見られるなど、非常に複雑な様相を示した。これらのことから、アラビア半島のマントヒビとアフリカのマントヒビの間に、過去に何度も遺伝的な交流があり、アフリカでは種間の交雑をも含めた交流があったことを示唆するものである。

自由 31

サルにおける環境化学物質の新しい代謝経路と内分泌攪乱作用

小嶋伸夫（名城大・薬）

環境化学物質として生体への影響が懸念されているフタル酸エステル類(PEs)の代謝は、加水分解によるモノエステル生成の他にアルコールの存在下では、エステル交換により非対称ジエステルを形成することを先に報告した。さらに我々は PEs の環水酸化がラット肝ミクロソームにより起こり、生じた環水酸化 PEs のエストロゲンレセプター結合親和性が増強することを明らかにしている。今回、ニホンザルの肝ミクロソームによるフタル酸-ジブチル(DBP)、-ジプロピル(DPP)或いは-ジメチル(DMP)の代謝物を HPLC および LC/MS で検索した。その結果、DMP では環 4 位水酸化体に一致する HPLC ピークを認めた。DPP では環 4 位水酸化体の他にプロピル基が酸化を受けたジエステル体を認めた。プロピル基水酸化体もまた酵母 two-hybrid 法でエストロゲン様活性を示すことを確認した。DBP では 2 つのブチル基水酸化体を認めた。環 4 位水酸化体に一致するピークは小さく同定には至っていない。その他ブチル基水酸化モノエステル体と推定されるピークも複数存在した。DBP 代謝物の種類はラットに比べてサルで多く、アルキル基の伸長やアルコール存在下での代謝ではさらに多様な代謝物の生成が予想される。これらの結果は、PEs が代謝過程で様々な形で内分泌攪乱作用を獲得する可能性を示している。

自由 33

霊長類 MHC クラス I 遺伝子の臓器特異的発現

颯田葉子・澤井裕美（総合研究大・生命体科学）

昨年度までの研究で、霊長類 MHC クラス I 遺伝子群について、ヒトと新世界ザルの共通祖先で各々の種の遺伝子のレパートリーが既に形成されていたこと、しかし祖先を共通にする遺伝子の発現パターンが、ヒトと新世界ザルで異なる可能性を示してきた。本研究では複数の新世界ザル MHC クラス I 遺伝子の発現パターンをさらに詳しく比較するため、フサオマキザル 1 個体の脾臓、小腸、皮膚、血球から mRNA を抽出し、クラス I 遺伝子の特異的に増幅する RT-PCR を行った。各器官で増幅した RT-PCR 産物をエクソン 4-8 の塩基配列により、ヒトの古典的クラス I 遺伝子と共通祖先を持つ遺伝子と非古典的クラス I 遺伝子と共通祖先を持つ遺伝子の 2 つのグループに分類した。古典的クラス I 遺伝子と非古典的クラス I 遺伝子の大きな違いの一つは、前者が汎組織的に発現するのに対して、後者が組織特異的