

特定されたものよりもはるかに多く、今後野生下において新たに検出される可能性が高い。我々のデータは野生チンパンジーのヒト由来感染症の蔓延防止の重要な情報になると考えられる。また、特に RSV, hMPV, PIV3 は人において繰り返し感染する事が知られており、野生下においても再び流行が起こる可能性がある(2010 国際霊長類学会発表)。

C-12 相対運動パターン弁別の種間比較 -ヒト, チンパンジー, ニホンザルを対象に-

白井述 (新潟大・人文)

対応者: 友永雅己

放射状の拡大・縮小運動や回転運動といった相対運動パターンの視知覚について、本年度は主にチンパンジーを対象とした行動実験を実施した。具体的な手続きとして、タッチパネル式のコンピュータモニタ上に、複数の相対運動パターンから構成される視覚探索課題刺激を提示した。全部で4つの刺激条件を設定し、それぞれ拡大探索刺激(1つの拡大パターンと、複数の縮小パターンで構成)、縮小探索刺激(1つの縮小パターンと、複数の拡大パターンで構成)、右回転探索刺激(1つの右回転パターンと、複数の左回転パターンで構成)、左回転探索刺激(1つの左回転パターンと、複数の右回転パターンで構成)とした。各試行において、提示された刺激に1つしか含まれないパターンをターゲットと定義し、ターゲットに触れることができれば正答とみなした。実験の結果、チンパンジーでは拡大探索刺激が提示された場合のみ、チャンスレベルを上回るターゲット検出成績が観察された。今後は、同様の実験を継続しながら、こうした傾向が、ヒトやニホンザルなどにも観察されるかどうかについても検討を行う予定である。

C-13 類人猿における胸腔内の心臓と大血管の空間配置に関する比較解剖学的研究

澤野啓一 (神奈川歯科大)

対応者: 濱田穰

筆者によるこれまでの一連の研究で、類人猿を除く他の哺乳動物では、しばしば直立姿勢を取るように見える *Macaca fuscata*, *M. mulatta*, *M. fascicularis*, *Papio hamadryas* などの Cercopithecinae のサル類、あるいは *Ursus*, *Selenarctos* などのクマ類でも、その胸腔内に於ける心臓と大血管の配置・結合関係は、意外にも他の四足歩行の哺乳類と大差はなかった(Sawano 1992, 澤野啓一 1996 など)。それらの心臓の周囲は、肺ですっぽりと覆われていて、心臓の尾側には大きな Lobus mediastinalis が存在し、上下の Venae cavae はほぼ同様の長さをもっており、その中央部に心臓が存在するという空間配置で、縦隔の Diaphragma への結合面は比較的狭い領域に限定されていた。今年度の *Pan* (Chimpanzee) に関する解剖学的検索によれば、その心臓の配置は、Apex cordis を caudo-sinistra に向けた状態で Diaphragma の上に直接横たわっており、それに対応して、Pericardium は広範囲に Diaphragma に結合し、肺の infracardiac (azygos) lobe は存在しなかった。胸腔内における Vena cava inferior は非常に短い状態であった。このような空間配置は、基本的に *Homo sapiens* と同様である。今後他の類人猿についても精査する必要があるが、このような検索結果から、少なくとも *Pan* (Chimpanzee) の姿勢や運動様式が、一

般的四足歩行から直立二足歩行への移行段階の途上にあると考察することには、かなり無理があると感ずるのである。

本研究は、京都大学霊長類研究所の共同利用研究として実施された。

C-14 霊長類における LCR の構造解析と Core Duplicon の同定

清水厚志 (慶應大・医)

対応者: 平井啓久

染色体の微小欠失・重複を伴うヒト疾患が多数知られており、それらの疾患における欠失・重複領域の両端には相同性の高い塩基配列 LCR (Low Copy Repeat) が存在し、LCR を介して欠失・重複が起こると考えられている。LCR は 1 kb 以上で相同性が 90% 以上のゲノム配列と定義されているが、500 kb 以上の長大なものもある。複数種の特徴的な塩基配列がユニットとして組み合わせたり複雑な構造をとることも多い。それらのユニットは、Alu や LINE-1 等の高・中頻度反復配列の他に転写されない遺伝子や偽遺伝子、あるいはそれらの断片様の塩基配列を含む。恐らく、ユニット (SD) は進化の過程で、ゲノム断片が重複や逆位、欠失等の大規模変化を繰り返して形成されたと考えられる。

SD は特にヒトゲノムで多く、アカゲザルの 1~2% に対してヒトでは 5~6% を占める。我々は特に Williams 症候群関連 SD に着目し、ヒトを含む霊長類に関して相同領域の詳細なゲノム構造解析と SD の分類を行ってきた。本年度はテナガザル、マーモセット、マカクの SD の配列決定を目標としていたが、血液サンプルが得られなかったため、マカク培養細胞 (LLC-MK2) より、ゲノム DNA を抽出しマカク SD の配列決定を行い、ゲノム進化解析を行った。

C-15 Comparative transcriptome in primates

Philipp Khaitovich (Institute for Computational Biology, Chinese Academy of Sciences, China)

対応者: Go Yasuhiro

In this collaboration study, we set up to evaluate transcriptome changes with age in humans, chimpanzees, rhesus macaques and marmosets in specific brain regions, prefrontal cortex and cerebellar cortex. By doing so, we will identify human-specific changes in gene expression and gene splicing, as well as determine an overall rate of transcriptome evolution among primate species. Furthermore, we will assess changes in gene expression and gene splicing with age across the four primate species. In each species the age of studied individuals covers most of lifespan. There are, however, few middle aged individuals in chimpanzees and there could be some chance to obtain these samples from PRI. In this year (2010), we did not find any available chimpanzee sample from PRI due to difficulties of getting CITES permission to export the samples from Japan. Then, we had no chance to obtain and analyze the samples from chimpanzees stocked in PRI this year.

C-16 コモンマーモセットにおける認知機能測定系の開発

Enrique Garea Rodriguez (German Primate Center)