

かにされた C³ の分布は、Kawamoto らの知見を支持すると考えられる。

今回の研究で、 α_1 -AT は IEF による分析でより有効な遺伝標識として利用できると考えられた。

計画11-2:

マカカ属における AHS_G 型と ORM 型の遺伝様式に関する研究

湯浅 勲 (鳥取大)

昭和63年度共同利用研究以来、種々の霊長類における血清タンパク AHS_G 型と ORM 型の変異性について等電点電気泳動法を用いて調査し、多くの種が高度の多型性を示すことを明らかにしてきた。本研究では、ORM 型でもっとも高い多型性を示したカニクイザル (*M. fascicularis*) を用いてこれらの形質の遺伝性を調べた。

東南アジア諸国から採取・繁殖されている親子関係のわかっている3世代を含む91個体を既報にしたがって分析した。

ORM 型は陽極側の薄いバンドと陰極側の濃いバンドからなる泳動パターンが、登録ミスとおもわれる1個体を除いて、共優性的に親から子へ遺伝しており、ダブルバンドパターンを呈するのはヒトの ORM と比較して、シアリダーゼに対して抵抗性があるためと考えられた。マカカ属で24個の対立遺伝子が観察されているが、今回のサンプルでさらに4例の新しい対立遺伝子がみつきり、カニクイザルで認められたのは合計19個となり、極めて多数の遺伝子によって構成されていた。

AHS_G 型はカニクイザル特異的な AHS_G・3 と多くの種に認められた AHS_G・2 との2つの遺伝子で構成されている。今回のサンプルで3個体の親ザルがヘテロ型で、その子ザルにも同じヘテロ型が観察された。

ヒトの ORM 型は密に連鎖した2つの構造遺伝子座に支配されており、両座とも共優性遺伝をすることが知られているが、他種もカニクイザルと同様の泳動パターンを示したので、マカカ属は単一座位によって支配されていると考えられる。他のオナガザル科も基本的にはマカカ属と同様のパターンを示すことから、霊長類の進化の過程で ORM 遺伝子が重複したのはヒト上科の分化以後と考えられ、現在、チンパンジーにおける遺伝を

調査中である。AHS_G 型はヒト同様に、常染色体共優性遺伝と矛盾なく、マカカ属共通の性質と思われる。タイワンザルはタイワンザル特異的な AHS_G・1 と上述の AHS_G・2 からなり、ニホンザルには見られない。しかも、null 遺伝子の存在は示唆されなかったもので、これらの識別に AHS_G 型も有効な標識遺伝子になりうると考えられる。

計画11-3:

マカカ属サルの種内、種間変異に関する研究—とくに構成脂肪酸パターンによる変異の定量化—

中野益男 (帯広畜産大・生物資源化学)

霊長類の種内、種間の遺伝学的変異性の定量化は、これまで血液タンパクの構造を支配する遺伝子の変異やミトコンドリア DNA の多型を標識として行われていた。しかし最近の研究から、動物体の脂質を構成する脂肪酸の組成には化学的特徴があり、安定して保持されることが明らかにされている。従って、脂肪酸の構成パターンは、種間関係を解明する標識になると考えられる。今年度は霊長類の骨、臓器の脂質を構成する脂肪酸を系統的に調べ、その構成パターンから、遺伝学的変異の定量化を試みた。

霊長類の原猿類のツバイ科、新世界ザルのオマキザル科、マーモセット科、旧世界ザルのオナガザル科、類人猿のオランウータン科等の頭骨、椎骨、大腿骨、脛骨および胎盤201試料の構成脂肪酸を調べた。脂肪酸組成を重回帰分析により、パターン化し、相関行列距離を基にしたクラスター分析から種内、種間の変異関係の定量化を試みた。

椎骨を除く頭骨、大腿骨、脛骨の脂肪酸組成は種ごとに特徴のある脂肪酸パターンを持っていた。新世界ザルと旧世界ザルでは種間に明確な距離が観察された。オナガザル科のうち、ニホンザルとマントヒヒは相関距離にして0.025の近似値を持つのに対して、ニホンザルとバタスモンキー、グリーンモンキーのそれは0.245の遠い距離にあり、系統的に明確な変異がみられた。ニホンザルの地域集団では、いずれも0.02~0.03の相関距離の範囲に分布していて集団内で変異はみられなかった。しかし、亜種のヤクザルや他のマカカ属との間には0.05~0.3の相関距離の範囲で変異を認めた。胎盤の全脂質および糖脂質の脂肪酸パ