

かの興味深い知見があったものの、飼育集団を対象にしたエピソードの分析では、どうしても個体差の問題点が解消されず、この結果を種全体の性質だと一般化することができない。さらに、今回の研究目的のひとつであった、ペニスの形態の種差と性行動との関係は、じゅうぶんにとらえられなかった。今後、マカカ属についての文献をひろく検討し、性的二型と行動との関係をモデル化することによって、これらの問題を解決していきたい。

課 題 13

霊長類における α_2 HS グリコプロテインの遺伝的多型

湯浅 勲 (鳥取大・医)

ヒトにおいて遺伝的多型を示す α_2 HS グリコプロテイン (AHSG) はシスタチンスーパーファミリーに属し、とくに、胎児期の骨代謝に関与する血清タンパクの一種である。本研究ではヒト上科とオナガザル上科における多型性を調べた。ノイラミダーゼ処理した血漿を2.5M尿素を含むpH 5-6の等電電気泳動で分離したのち、抗ヒトAHSG抗体を用いた免疫ブロット法によって検出した。

ヒト上科：チンパンジー30頭では2種のバンドが検出されたが、ヘテロザイゴステイ (h) 値は6.4%と低かった。ゴリラ2頭は同一の型を示し、チンパンジーのものとは異なっていた。オランウータン19頭ではチンパンジーの変異型付近に5種の表現型が検出され、3種の遺伝子で説明可能であった。h値は64.3%と最も高かった。

オナガザル上科：パタスとサバンナモンキーでは2種ずつ互いに異なったバンドが観察されたが、h値はそれぞれ48.6%と2.5%と大差が認められた。マントヒヒを含むヒヒ属4種では5種の遺伝子が観察された。AHSG*1とAHSG*2はチャクマのみに、AHSG*5はアヌビスのみに検出された。AHSG*3はすべての種に存在し、アヌビスを除いて最も高い頻度を示した。アヌビスの主要遺伝子であったAHSG*4はチャクマでは認められなかった。h値はチャクマの62.4%からキイロの14.7%であった。ゲラダでは変異性なく、しかも、ヒヒ属のものとは異なっていた。

マカカ10種では4種の遺伝子が観察されたが、種内変異は乏しく、ニホン、トク、ボンネットではAHSG*4が、アカゲ、シシオ、ブタオ、ベニガオではAHSG*2が固定していた。変異の見られたカニクイはマレーシア産の1頭のみで、カニクイに特異的なAHSG*3であった。アッサムも1頭のみAHSG*4を有しており、カニクイ同様、AHSG*2が主要遺伝子であった。最も高いh値を示したものはタイワン (21.9%) で、しかも、この種に特異的なAHSG*1を主要遺伝子としていた。このように、AHSGはヒヒやマカカにおける種分化に関連して興味ある変異を示した。

課 題 14

霊長類における免疫グロブリンC α 遺伝子の進化

河村 正二 (東京大・理)

免疫グロブリンC α 遺伝子は、霊長類の進化の過程で遺伝子重複を生じた。ヒト、チンパンジー、ゴリラ、テナガザルはゲノム中に2つのC α 遺伝子をもつのに対し、オランウータンは旧世界ザルと同様に1つである。遺伝子重複によるC α 遺伝子の進化過程を明らかにするために、チンパンジー、ゴリラ、テナガザルの2つのC α 遺伝子とオランウータン、カニクイザルのC α の塩基配列を決定しヒトの2つのC α 遺伝子を含めて相互に比較した。

カニクイザルを比較対象にした相対速度テストにより、ヒト上科のC α 遺伝子の間に進化速度の差はないことがわかった。そこでUPGMA法で遺伝子系統樹を作制した。それはテナガザルとゴリラでは独立に遺伝子重複が生じたことを示していた。ヒトとチンパンジーとゴリラはC α 1特異的及びC α 2特異的な構造をヒンジ領域において共有しているため、ゴリラにおける独立な遺伝子重複は考えにくい。そこで遺伝子変換による重複遺伝子間の相同性の増加を検討した。

重複遺伝子間の相異座位の分布は、ヒト、チンパンジー、ゴリラ、テナガザルとも不均一でこれら4種とも遺伝子変換を受けていることを示していた。テナガザルを含むヒト上科の共通祖先で遺伝子重複が生じ、オランウータンで1遺伝子が欠失したと仮定して最大節約法により座位毎に塩基置換を次のように分類した。a) 平行置換：1

つの種の重複遺伝子に生じた同じ塩基置換。b) 同化置換：1つの種の重複遺伝子の片方に生じ、それにより重複遺伝子間で同じ塩基になる置換。c) 異化置換：1つの種の重複遺伝子の片方に生じ、それにより重複遺伝子間で異なる塩基になる置換。a)あるいはb)の座位が連続するとそれを含む領域の遺伝子変換を強く支持する。逆に共通祖先に生じたc)が保存されている領域は遺伝子変換を否定する。こうして同定された遺伝子変換領域は重複遺伝子間で相同な領域とよく一致していた。これによりC_α遺伝子はヒト上科の共通祖先で遺伝子重複し、ヒト上科の進化過程で遺伝子変換を繰り返してきたことが明らかになった。

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)
竹中 修 (霊長類研)

ヒトのY染色体よりクローン化したDNA断片をプローブとして用い、種々な霊長類に対しサザンブロット法による解析を行った。これらのプローブにより検出される座位は、必ずしもY染色体上に止らず、Xないし常染色体上に座位を占める場合も少なからず見られ、また進化の過程で常染色体からY染色体上に移動した事例も経験した。

87-4 a クローンは、ヒトのXおよびY染色体上に座位を占めるが、チパンジー、旧世界猿6種の内3種 (ニホンザルなど)、新世界猿2種の内1種 (フサオマキザル)、牛において同様の所見を示した。他方、旧世界猿の3種 (ミドリザルなど)、新世界猿であるタマリン、マウスやラットでは、Xのみに座位が認められ、Y染色体上には相同の塩基配列が検出されなかった (サザンブロットにより解析した限りにおいて)。

X染色体上の座位が極めて良く進化的に保存されていたことから、本クローンにつき詳細な解析を行ったところ、本座位は歯のエナメル質合成に際して先導的に合成される蛋白アメロゲンと判明した。ヒトのX上とY上の座位、さらに文献的に報告のある牛及びマウスの座位の塩基配列の比較により、何れにおいても3個のエクソンと、中間のイントロンが識別された。進化的に保存の程度の低いY染色体上の座位がcDNA型の偽遺伝子でなく、エクソン/イントロン構造を保持し

ていたことは注目に値するが、ヒトと種々な程度の近縁関係にある霊長類における、XとY両染色体 (種によってはXのみ) 上の本遺伝子の構造は興味深いものがあり、今後の課題である。

免疫グロブリンD_H遺伝子形成過程の分子進化学的研究

市原 慶和・黒沢 良和 (藤田学園保健衛生大)

免疫グロブリンによる抗原認識の多様性は主に高頻度変異領域の多様性によると考えられている。重鎖の場合にはD_H遺伝子を中心とするCDR III領域が抗原認識に特に重要であり、我々はヒトおよびマウスについてD_H遺伝子の構造解析を進めてきた。その結果、ヒトについて6種類の全く異なるD_H遺伝子が9kbのDNA領域に存在し、この単位が4回繰り返されていることを明らかにした。またマウスではヒトのD_Aと相同と考えられるD_{FL16}、D_{SP2}が共通の祖先型D_H遺伝子から進化した可能性を示し、D_A以外のヒトD_H遺伝子はマウスには認められないことを示した。今回はヒトに見出されたD_H遺伝子の重複がどの霊長類において検出されるかを解析することにより、D_H遺伝子の進化過程を明らかにすることを目的として研究を行った。各種サル血球細胞からDNAを抽出してHind III消化、アガロース電気泳動後常法に従いヒト各種D_H遺伝子をプローブとしたサザンハイブリダイゼーションを行った。その結果、チンパンジー、オランウータン、テナガザル、アカゲザル、ミドリザル、リスザル、タマリンにおいて複数のバンドが観察された。このことはこれら真猿類におけるD_H遺伝子の重複を示している。一方オオギャラゴ、ワオキツネザルではどのプローブでもほぼ単一のバンドしか認められず、これら原猿類では9kbの1単位のみを有すると考えられた。またマウス、ジャコウネズミ、ツパイではヒトD_H遺伝子とハイブリダイズするバンドは認められなかった。以上の結果から原猿類においてヒト型D_H遺伝子を有すること、D_H遺伝子単位の重複が原始原猿類から真猿類が分岐する時点に起こったことが示唆された。マウスではD_Aを残して他のヒト型D_H遺伝子を欠失したと考えられる。これらのことをより明確にするためにオオギャラゴ、ワオキツネザルのD_H遺伝子のクローニングとその構造解析、マウスD_H遺伝子を