

# Evolution chromosomique chez les primates

Autor(en): **Dutrillaux, Bernard / Couturier, Jérôme / Viegas-Péqzignot, Evani**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Jahrbuch der Schweizerischen Naturforschenden Gesellschaft. Wissenschaftlicher und administrativer Teil = Annuaire de la Société Helvétique des Sciences Naturelles. Partie scientifique et administrative**

Band (Jahr): **160 (1980)**

PDF erstellt am: **16.08.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-90833>

## **Nutzungsbedingungen**

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

## **Haftungsausschluss**

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

# Evolution chromosomique chez les primates

Bernard Dutrillaux, Jérôme Couturier, Evani Viegas-Péquignot

Les progrès de la cytogénétique comparée des primates ont suivi ceux de la cytogénétique humaine. Au début des années 60, Chiarelli (1961), Hamerton et coll. (1961), Chu et Bender (1962) parmi d'autres ont trouvé qu'il existait des ressemblances entre le caryotype de l'homme et celui des grands singes: chimpanzé, gorille et orang-outang. Ces études furent poursuivies par l'analyse de nombreuses espèces vivantes, et un grand catalogue descriptif a été établi (Hsu et Bernischke, 1967-1977). Toutefois, la faible résolution des méthodes cytogénétiques anciennes a empêché toute comparaison valable, sauf pour des espèces étroitement apparentées, et dont les chromosomes ont évolué par remaniements simples.

Les années 70 virent le développement des méthodes de marquage chromosomique, qui allaient changer radicalement les potentialités de la cytogénétique. Ces potentialités furent exploitées dès 1972-1973 par Turleau et coll. (1972), Bobrow et Madan (1973), Dutrillaux et coll. (1973), Lejeune et coll. (1973), Pearson (1973), Warburton et coll. (1973) et d'autres encore. Toutefois, ces comparaisons restèrent limitées aux grands singes, jusqu'à ce que Garver et coll. (1977) et Grouchy et coll. (1977) proposent une comparaison du marquage chromosomique et de la cartographie de quelques gènes entre l'homme et deux cercopithécoïdes, au moins pour quelques chromosomes.

Depuis quelques années, une étude plus systématique a été entreprise au laboratoire, sur près de 150 espèces de primates, et de mammifères non primates, montrant que les analogies chromosomiques peuvent être totales entre l'homme et les cercopithécoïdes (Dutrillaux et coll., 1978 a et b) et aussi entre ces derniers et les singes américains (phatyrhiniens) et les primates les plus primitifs que sont les prosimiens (Dutrillaux, 1979a et b). Actuellement, le caryotype de la moitié envi-

ron des espèces de primates vivants a été analysé et comparé, ce qui permet de proposer quelques conclusions générales concernant l'évolution de cet ordre.

## Les comparaisons chromosomiques

### *Identité des bandes chromosomiques euchromatiques*

(L'euchromatine représente la partie non variable des chromosomes, qui porte les gènes). Ayant commencé par l'étude approfondie du caryotype humain, une comparaison systématique a été réalisée, avec des espèces de plus en plus distantes. Ces comparaisons ont nécessité des centaines d'analyses, avec plusieurs méthodes différentes pour chaque espèce et il est évident qu'il n'est pas possible d'en donner le détail ici. Aussi n'indiquerons-nous que quelques étapes importantes. Entre l'homme et les grands singes, une identité complète des bandes a pu être montrée (Dutrillaux, 1975). Les différences chromosomiques portent sur des remaniements équilibrés, des inversions surtout, ne s'accompagnant d'aucune perte ou gain de matériel. A peu près autant de remaniements séparent le caryotype de l'homme de celui de chacune des espèces de grands singes, et aussi de ces espèces entre elles.

Une identité de bandes quasi complète est également observée si l'on compare le caryotype humain à celui des diverses espèces de cercopithécoïdes, tels les babouins, les macaques et les cercopithèques (Dutrillaux et coll., 1978 a, b) que 25 à 40 remaniements de structure équilibrés séparent, selon les espèces considérées.

Une identité de bandes aussi grande existe si l'on compare l'homme aux phatyrhiniens, tels le singe capucin (*Cebus capucinus*) ou le singe laineux (*Lagothrix lagothricha*), et plus

de 30 remaniements séparent leurs caryotypes (Dutrillaux 1979 a, Dutrillaux et coll., 1980 a).

L'étude, étendue aux prosimiens, tel le *Microcebus murinus* montrait encore une grande similarité de marquage (Dutrillaux, 1979 b).

En conclusion, il semble que les structures euchromatiques soient restées quantitativement et qualitativement stables durant toute l'évolution des primates. Dans les cas où il n'est pas possible d'en faire une démonstration complète, des raisons purement techniques peuvent être invoquées, telles que la présence de microchromosomes difficiles à analyser.

Si l'on compare maintenant les chromosomes des primates à ceux d'espèces appartenant à d'autres ordres de mammifères, il est aussi évident que de grandes similarités existent. Ainsi, on peut trouver les correspondances entre les chromosomes du lapin, appartenant à l'ordre des Lagomorpha et ceux de l'homme. Environ 50 remaniements différencient ces 2 caryotypes (Dutrillaux et coll., 1980 b).

#### *Cartographie génétique comparée*

Pour quelques espèces, des gènes ont été localisés sur les chromosomes, et ces localisations ont été comparées. Les résultats obtenus peuvent être ainsi résumés:

- parmi les grands singes et l'homme, des gènes identiques ont été localisés sur des chromosomes présumés analogues, après comparaison des bandes (Garver et coll., 1977, Grouchy et coll., 1977).

- parmi les cercopithecoïdes, plusieurs chromosomes de *Macaca mulatta* (singe rhésus), *Papio papio* (babouin) et de *Cercopithecus aethiops* (singe vert) sont porteurs de gènes déjà localisés sur leurs analogues présumés chez l'homme et les grands singes (Garver et coll., 1977, Grouchy et coll., 1977).

- chez le singe capucin, 5 gènes ont été localisés là où l'on pensait qu'il serait après la comparaison des bandes chromosomiques (Créau-Goldberg et coll., 1980).

Bien sur, ces résultats demeurent très fragmentaires, en regard des milliers de gènes possédés par ces espèces. Il n'en demeure pas moins qu'ils sont en moyenne très convergents et si quelques contradictions demeurent,

il est plus que probable qu'elles puissent être mises au compte des erreurs techniques.

Dès à présent, nous pouvons donc conclure que d'une espèce de primate à l'autre, les mêmes bandes chromosomiques portent en règle les mêmes gènes.

Il est dommage que ni le lapin, dont les chromosomes sont relativement faciles à comparer à ceux de l'homme, ni même aucun carnivore, n'ait fait l'objet d'une étude de la cartographie génique.

Il est aussi dommage que le seul mammifère non primate étudié intensivement soit la souris, car cet animal possède, à notre avis, un caryotype extrêmement différencié, qu'il est très difficile de comparer avec celui des primates. De nombreuses translocations et fissions sont probablement intervenues pour former le caryotype de la souris (données non publiées). Toutefois, pour quelques segments chromosomiques, une analogie peut-être proposée avec prudence: MMU (*Mus musculus*) 4 = HSA (*Homo sapiens*) sp, MMU 11 (distal) = HSA 17, MMU 12 (distal) = HSA 14, et MMU 16 (distal) = HSA 21 et les localisations géniques sont en très bon accord.

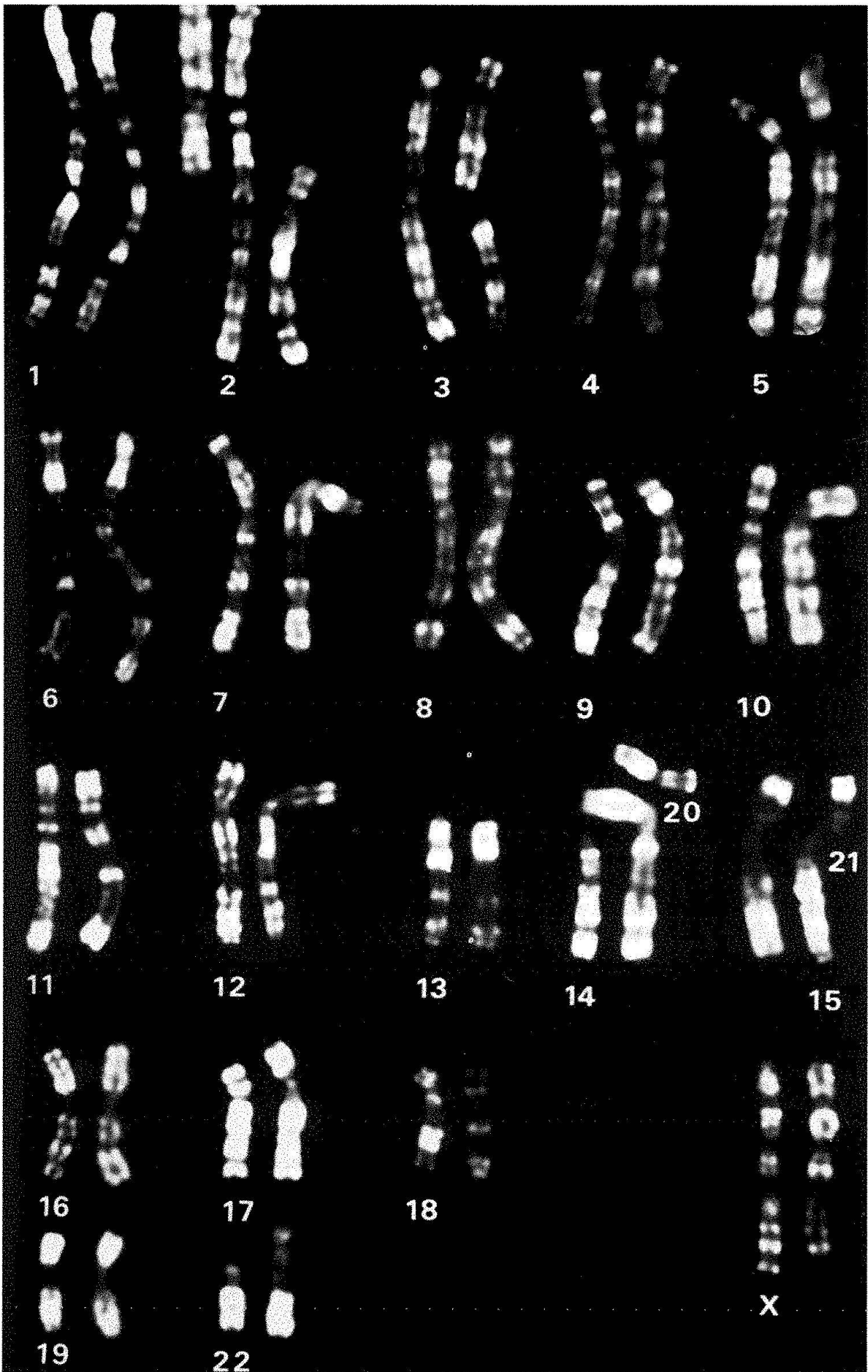
#### *Analyse chromosomique à haute résolution*

Les techniques de synchronisation des cultures développées récemment permettent l'observation de longs chromosomes, avec de nombreuses bandes: environ 1000 par caryotype haploïde. Ces techniques appliquées aux grands singes et à l'homme confirment largement les résultats obtenus avant (Yunis, 1980, résultats personnels non publiés). Appliquées aux singes du nouveau monde, ces mêmes techniques ont permis de progresser dans l'analyse (Dutrillaux et coll., 1980 a), de même qu'appliquées à la comparaison homme-non primate (Dutrillaux et coll., 1980 b).

A titre d'exemple, la figure 1 montre la comparaison entre des chromosomes d'un cercopithecoïde (*Allenopithecus nigroviridis*) et ceux de l'homme.

#### **La séquence de réplication de l'ADN**

La séquence de réplication de l'ADN est très caractéristique d'un chromosome donné.



Cette étude permet donc d'obtenir une nouvelle cartographie chromosomique, basée sur la dynamique de synthèse du composant essentiel qu'est l'ADN.

Quelques comparaisons ont été effectuées à ce jour avec précision: elles montrent que la même séquence de réplication existe pour les chromosomes analogues de l'homme et du chimpanzé (Viegas-Péquignot et coll., 1978) et pour les chromosomes analogues de l'homme et du singe capucin (Couturier et Dutrillaux, 1981), entre autres espèces analysées.

Ces résultats montrent que la séquence de réplication de l'ADN n'a pas été modifiée par les remaniements de structure qui sont intervenus durant plusieurs dizaines de millions d'années d'évolution des primates.

### *La phylogénie chromosomique*

Deux types principaux d'informations peuvent être tirés des comparaisons chromosomiques intéressant les questions phylogéniques.

Le premier relève de la mise en évidence de chromosomes strictement identiques chez deux ou plusieurs espèces. Ceci amène à penser que ces espèces avaient un ou des ancêtres communs possédant ces mêmes chromosomes. Ainsi peut-on progressivement, reconstituer des caryotypes de plus en plus anciens, en comparant des espèces de plus en plus éloignées. C'est ainsi que nous avons successivement établi le caryotype de l'ancêtre commun aux Pongidae et aux Hominidae, puis celui de l'ancêtre commun de ces derniers et des Cercopithécoïdes, puis celui de tous les simiens, et enfin celui de tous les primates (Dutrillaux, 1979 b).

Un même raisonnement a été suivi pour l'ordre des lagomorphes, celui des carnivores, et celui des rongeurs. Ce qui est frappant, c'est que ces caryotypes ancestraux, indépendamment reconstitués se ressemblent beaucoup, ce qui signifie sans doute que les ancêtres communs à ces 4 ordres de mammifères possédaient eux-même un caryotype très semblable.

C'est ainsi que l'on peut proposer la reconstitution du caryotype de ces mammifères primitifs (fig.2), qui selon les données de la paléontologie, auraient vécu il y a quelques 100 millions d'années. Pour quelques chromosomes, il a fallu faire un choix entre deux ou plusieurs possibilités, de sorte que ce caryotype n'est pas entièrement certain. Toutefois, nous estimons qu'il est pour l'essentiel très proche de la réalité.

Le second type d'information résulte de l'analyse des remaniements de structure. Ainsi, pour les seuls primates, plus de 200 remaniements ont pu être reconstitués. Ceux-ci ont progressivement modifié les chromosomes ancestraux pour leur donner leur aspect actuel.

Pour un chromosome donné, les remaniements sont survenus selon un ordre qu'il est possible de reconstituer, ce qui permet de situer les espèces portant les différentes formes de ce chromosome les unes par rapport aux autres. Ainsi, en considérant l'ensemble du caryotype, peut-on construire une généalogie des espèces dont la figure 3 donne une représentation partielle des résultats obtenus. L'évolution des catarhiniens se trouve indiquée, à l'exclusion des gibbons et des colobes, dont l'étude n'est pas achevée. Chaque trait représente un remaniement chromosomique, et chaque numéro correspond à celui du chromosome humain qui a pris sa configuration actuelle. Ainsi, l'X et le 19 se sont formés avant la séparation des platyrhiniens et des catarhiniens. On peut donc les dater à plus de 40-50 millions d'années, à partir des données paléontologiques concernant ces groupes. A l'inverse les chromosomes 1, 2, 9, 17 et 18 sont parmi les derniers formés dans l'évolution de l'homme, puisqu'on ne les observe que dans notre espèce.

La figure 3 montre aussi qu'une évolution dichotomique, avec séparation brutale des nouvelles espèces est fort peu probable. Ainsi, en ce qui concerne les Hominidae, il est évident qu'ils sont détachés des Pongidae après un long moment d'évolution commune. Leur émergence s'est effectuée à partir d'une population ancestrale commune

---

*Fig.1. Comparaison des chromosomes humains, à gauche, avec ceux d'un cercopithécoïde (Allenopithecus nigroviridis). La numérotation correspond à celle des chromosomes humains. Bien qu'une trentaine de remaniements séparent les deux caryotypes, les ressemblances de beaucoup de chromosomes restent évidentes.*

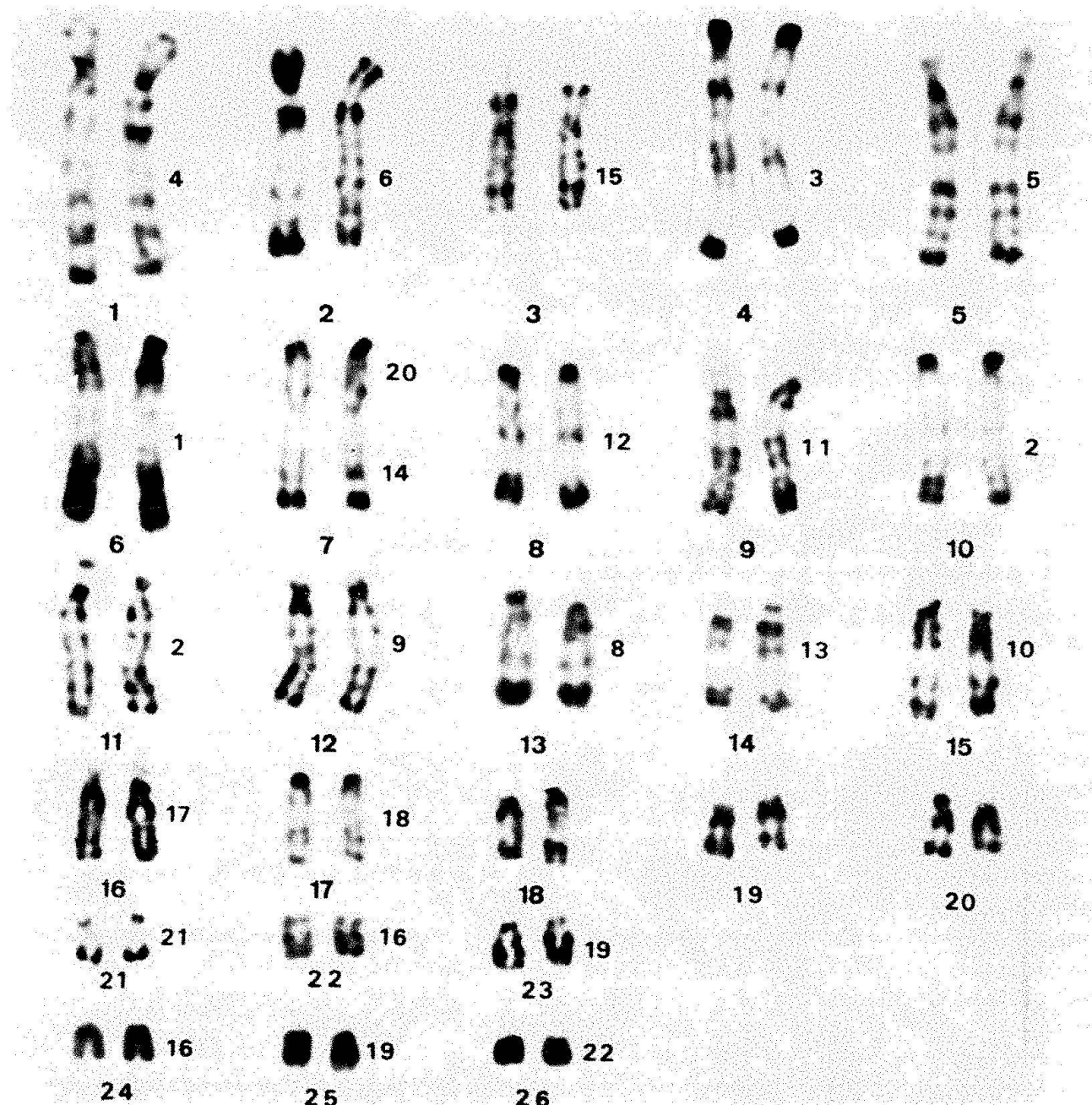


Fig. 2. Reconstitution du caryotype présumé de l'ancêtre commun aux primates, lagomorphes, rongeurs et carnivores. Les numéros sur le côté indiquent les analogies avec les chromosomes humains. Il n'a pas été possible de choisir entre plusieurs possibilités pour les chromosomes sexuels, qui ne sont pas représentés.

avec les précurseurs des gorilles et chimpanzés actuels. Cette émergence a été progressive, faisant intervenir des croisements successifs avec des ancêtres différents par un, deux ou plusieurs chromosomes.

Le dogme souvent avancé «une espèce = un caryotype» ne résiste pas à la vérification expérimentale. Ainsi, parmi les quelques 70 espèces que nous avons analysées, plusieurs groupes de 2, 3 et même un groupe de plus de 10 espèces s'avèrent posséder un même caryotype. A l'inverse, il n'est pas rare de

trouver 2 ou plusieurs caryotypes différents au sein d'une même espèce, chez des animaux de même phénotype.

Un autre «a priori» doit donc être supprimé: celui du rôle primordial, voire indispensable des changements chromosomiques dans la spéciation.

La figure 4 donne un autre aperçu de l'évolution chromosomique de quelques primates. Par rapport à la figure 3, les représentations ont été légèrement simplifiées, et un groupe de Lémurs de Madagascar a été ajouté.

Chaque type de remaniement a été indiqué, et il est frappant de constater qu'ils ne sont pas répartis aléatoirement. Les fusions Robertsoniennes prédominent chez les Lémurs. les fissions chez les Cercopithèques et les inversions chez les Pongidae et Hominidae. Il est difficile de donner une explication univoque à cette constatation, dans la mesure où les remaniements dont nous parlons sont survenus il y a fort longtemps, chez des espèces ancestrales dont nous ignorons tout sur les modes de vie, et en particulier sur les agents mutagènes auxquels elles étaient soumises et sur leur mode de reproduction.

### Sélection et mutations

Comme toujours, en ce qui concerne l'évolution, ce que l'on met en évidence résulte d'un double processus: la mutagenèse et la sélection.

En ce qui concerne l'effet de la sélection, nous sommes assez peu armés pour en tester les conséquences. En effet, il faudrait connaître les types de remaniements et la fréquence de leur survenue, et juger de leur transmission.

Parmi les primates, seule l'espèce humaine a été suffisamment étudiée pour que l'on sache,

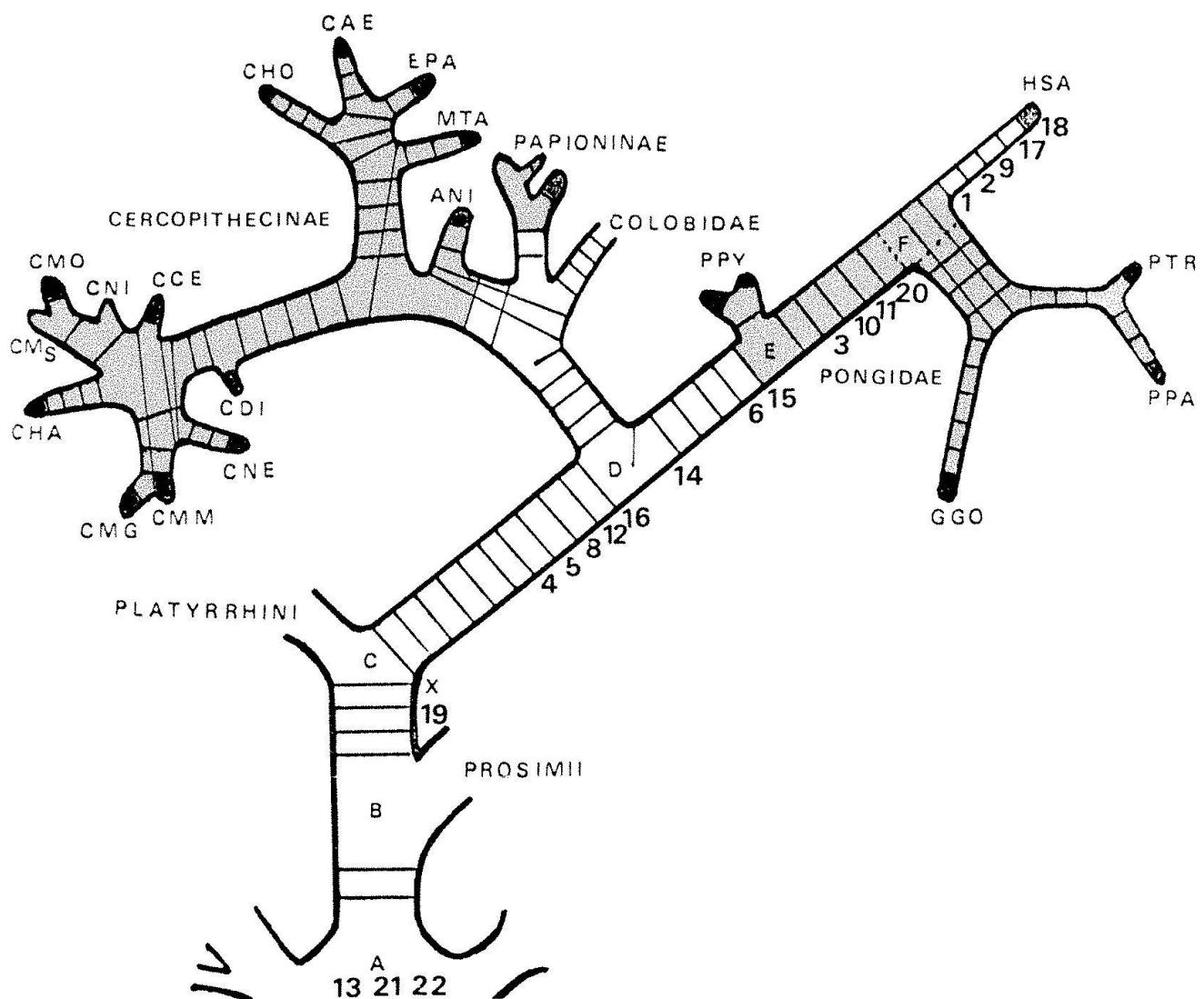


Fig. 3. Evolution chromosomique des catarrhiniens.

Cladogramme représentant la phylogénie des Catarrhini, établi exclusivement d'après l'étude chromosomique. Les Colobidae n'ont pas été étudiés en détail. Les Hylobatidae restent difficiles à situer exactement. Ils se détachent du tronc commun entre les points C et E. Chaque trait représente un remaniement de structure.

HSA = *H. sapiens*, PTR = *P. troglodytes*, PPA = *P. paniscus*, GGO = *G. gorilla*, PPY = *P. pygmaeus*, ANI = *A. nigroviridis*, MTA = *M. talapoin*, EPA = *E. patas*, CAE = *C. aethiops*, CHO = *C. l'Hoesti*, CCE = *C. cephus*, CNI = *C. nictitans*, CMO = *C. mitis opistocticus*, CHA = *C. Hamlyni*, CMG = *C. (mona) Grayi*, CMM = *C. (mona) mona*, CNE = *C. neglectus*, CDI = *C. diana*.

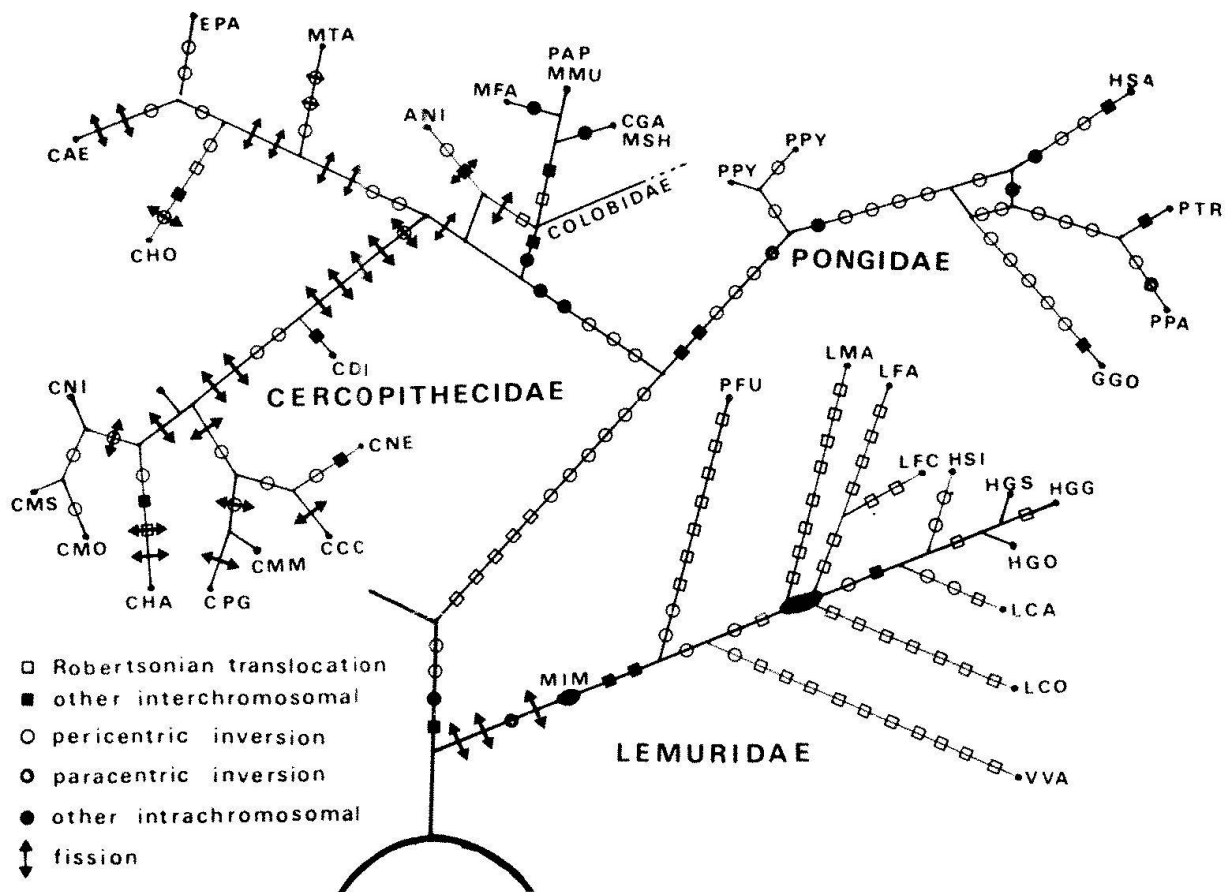


Fig. 4. Schéma simplifié montrant les types de remaniements survenus. Les codes de 3 lettres correspondent à des noms d'espèces. Beaucoup sont expliqués à la figure 3. Pour les autres: PFU = *Phaner furcifer*, LMA = *Lemur macaco*, LFF = *L. fulvus fulvus*, LFC = *L. f. collaris*, LFA = *L. f. albocollaris*, LCO = *L. coronatus*, LCA = *L. catta*, VVA = *Varecia variegata*, HSI = *Hapalemur simus*, HGG = *H. griseus griseus*, HGO = *H. g. occidentalis*, HGS = *H. g. species*, MFA = *Macaca fascicularis*, MMU = *M. mulatta*, PAP = *Papio papio*, CGA = *Cercocebus galeritus*, MSH = *Mandrillus sphinx*.

à peu près, quels sont les remaniements existant dans la population. Les translocations réciproques et les translocations Robertsoniennes sont les plus fréquentes (f ≈ 1p. 1000); les inversions sont beaucoup plus rares (f ≈ 1p. 10000) et les fissions exceptionnelles (non chiffrable) (Hamerton et coll., 1975).

Les translocations, qui sont fort rares dans l'évolution des Pongidae et des Hominae, ont donc dues être éliminées, par sélection, sans doute parce qu'elles perturbent trop la reproduction (semi-stérilité, fausses-couches et naissance d'anormaux).

A l'inverse, les inversions péricentriques sont fréquentes dans l'évolution et rares dans la population humaine. Elles ont donc été beaucoup moins éliminées, par la sélection, ce qui se conçoit assez bien car elles entraînent moins de troubles de la reproduction que les translocations, en général.

Toutefois, l'effet de la sélection n'explique pas tout, en particulier le fait que les remaniements se trouvent groupés selon leur type, dans les différentes branches de l'arbre que nous avons reconstruit.

Ceci nous conduit à penser que les mutations chromosomiques ne surviennent pas au hasard, et deux expérimentations ont été conduites, en utilisant les radiations ionisantes (rayons  $\gamma$ ) comme agent mutagène.

- Après irradiation de cellules humaines «in vitro», une cinquantaine d'inversions péricentrique ont pu être mises en évidence: plusieurs d'entre elles reproduisent des chromosomes observés chez d'autres espèces, comme le montre la figure 5.

Si l'on considère qu'il existe théoriquement un très grand nombre de possibilités de «fabriquer» des inversions, il est surprenant que dans deux petits échantillons, on tende à retrouver les mêmes.



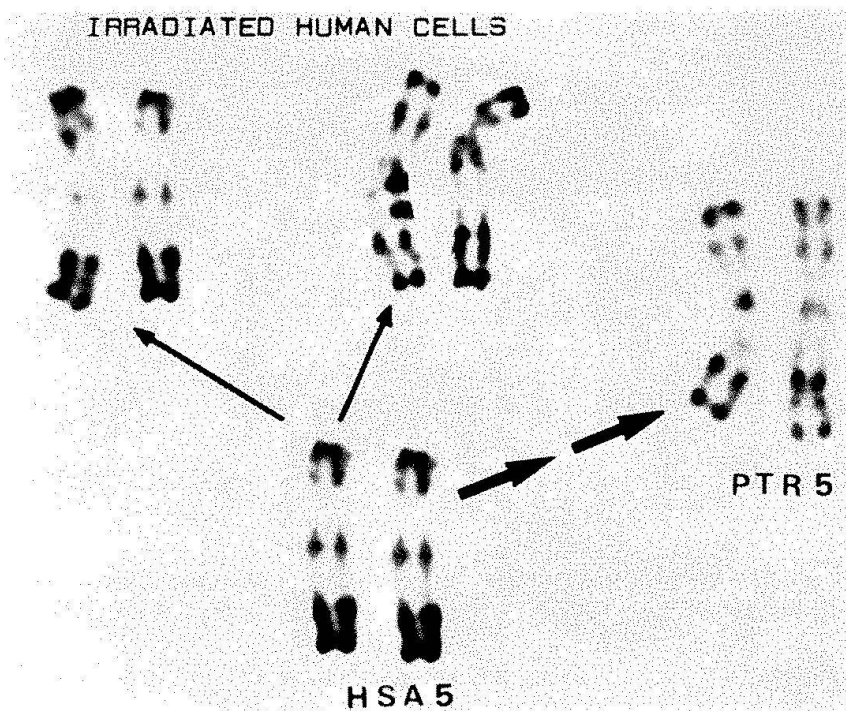


Fig. 5. L'inversion péri-centrique du chromosome 5, induite par l'irradiation de cellules humaines, reproduit le chromosome équivalent chez le chimpanzé.

Cette expérimentation n'est pas achevée, c'est pourquoi nous ne donnons pas de fréquences, mais les résultats sont déjà très significatifs.

- Après irradiation de cellules de cercopitèques, dont l'évolution chromosomique s'est faite surtout par fission, on retrouve précisément ce type de remaniements assez souvent, alors qu'il est rarissime chez les autres espèces. Ici encore, l'expérimentation doit être poursuivie, mais les résultats sont déjà significatifs.

Ces deux expériences montrent donc que les points de cassure et d'échanges chromosomiques ne sont pas aléatoires, peut-être n'en existe-t-il qu'un nombre limité par chromosome, et d'autre part que la mutagenèse peut être assez spécifique d'un groupe d'animaux donné. Elles montrent aussi que les mutations conservées par l'évolution traduisent assez bien la mutagenèse, au moins pour certaines catégories de remaniements, et que l'effet de la sélection n'est pas toujours aussi important qu'on a pu le penser, puisque celle-ci ne masque pas complètement la spécificité des mutations.

Enfin, une dernière approche de ces mutations consiste à comparer qualitativement les remaniements fixés au cours de l'évolution et ceux survenant de nos jours dans l'espèce humaine.

Si l'on considère donc les inversions, rares dans la population humaine, mais fréquentes au cours d'évolution, on s'aperçoit rapidement qu'une bonne partie, entre 10 et 20 p. 100 de chaque échantillon reproduit les mêmes chromosomes que ceux de l'autre échantillon. C'est ainsi que nous avons proposé l'existence de mutations chromosomiques «reverse», lorsque l'inversion reproduit un chromosome ancestral, et de mutations «convergentes», lorsque, le chromosome de type humain étant ancestral, l'inversion reproduit le même élément que celui d'un autre primate, dérivé de l'élément humain (Dutrillaux, 1979 b). La figure 6 en montre des exemples.

Ces résultats renforcent beaucoup, c'est évident, la notion que les mutations chromosomiques ne sont pas aléatoires.

Finalement, l'évolution chromosomique apparaît canalisée par un mécanisme qui pour l'instant nous échappe. Toutefois, il est très probable que ce mécanisme soit lui-même dicté par la constitution du matériel génétique des groupes d'animaux considérés. Ainsi une ou plusieurs mutations géniques, où en tous cas infra-chromosomiques, seraient capables d'orienter pour une part la mutagenèse chromosomique.

Cette spécificité des mutations chromosomiques apparaît alors comme un fort adjuvant

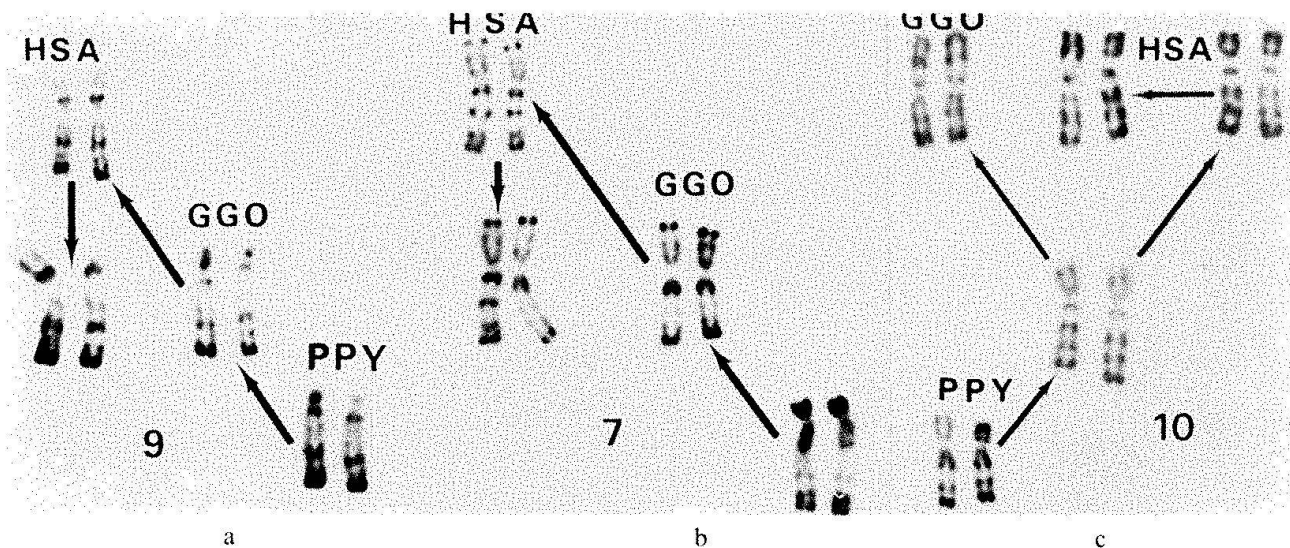


Fig. 6. a et b: Mutations «reverse» du chromosome 9 et du 7. Dans l'un et l'autre cas, le remaniement chromosomique reproduit un chromosome ancestral encore observé pour le 9 chez le gorille (GGO) et l'orang-outang (PPY), et pour le 7 chez le gorille seulement.  
c: Mutation convergente du chromosome 10. La même inversion péricentrique a donné le chromosome 10 du gorille et est observée, à l'état hétérozygote chez l'homme.

de l'effet de barrière reproductive, puisque les caryotypes étant de plus en plus «spécialisés» les hybridations inter-groupes deviendraient vite impossibles.

## Références

- Bobrow, M. and Madan, K.: A comparison of chimpanzee and human chromosomes, using the Giemsa-11 and other chromosome banding techniques. *Cytogenet. Cell Genet.* 12: 107-116 (1973).
- Chiarelli, B.: Chromosomes of the orang-utan (*Pongo pygmaeus*). *Nature, Lond.* 192: 285 (1961).
- Chu, E.H.Y. and Bender, M.A.: Cytogenetics and evolution of primates. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 102: 253-266 (1962).
- Couturier, J., Dutrillaux, B.: Conservation of replication chronology of homoeologous chromosome bands between four species of the genus *Cebus* and man. *Cytogenet. Cell Genet.* 29: 233-240 (1981).
- Créau-Goldberg, N., Cochet C., Turleau, C., Finaz, C., and Grouchy J. de: Comparative gene mapping of man and *Cebus capucinus* for PGD, Eno, PGM 1, PGM 2, and SOD 1. *Cytogenet. Cell Genet.* (28: 140-142 1980).
- Dutrillaux, B.: *Sur la Nature et l'Origine des Chromosomes humains.* (Expansion, Paris 1975).
- Dutrillaux, B.: Very large analogy of chromosome banding between *Cebus capucinus* (Platyrrhini) and man. *Cytogenet. Cell Genet.* 24: 84-98 (1979 a).
- Dutrillaux, B.: Chromosomal evolution in primates; tentative phylogeny, from *Microcebus murinus* (Prosimian) to man. *Hum. Genet.* 48: 251-314 (1979 b).
- Dutrillaux, B., Réthoré, M.O., Prieur, M. et Lejeune, J.: Analyse de la structure fine des chromosomes du Gorille (*Gorilla gorilla*). Comparaison avec *Homo sapiens* et *Pan troglodytes*. *Humangenetik* 20: 347-354 (1973).
- Dutrillaux, B., Viegas-Péquignot, E., Couturier, J. and Chauvier, G.: Identity of euchromatic bands from man to Cercopithecidae (*Cercopithecus aethiops*, *Cercopithecus sabaeus*, *Erythrocebus patas*, *Miopithecus talapoin*). *Hum. Genet.* 45: 283-296 (1978a).
- Dutrillaux, B., Viegas-Péquignot, E., Dubos, C. and Masse, R.: Complete or almost complete analogy of chromosome banding between the baboon (*Papio papio*) and man. *Hum. Genet.* 43: 37-46 (1978 b).
- Dutrillaux, B., Couturier, J., and Fosse A.-M.: The use of high resolution banding in comparative cytogenetics: comparison between man and *Lagothrix lagotricha* (Cebidae). *Cytogenet. Cell Genet.* 27: 45-51 (1980 a).
- Dutrillaux, B., Viegas-Péquignot, E., et Couturier, J.: Très grande analogie de marquage chromosomique entre le lapin (*Oryctolagus cuniculus*) et les primates dont l'homme. *Ann. Génét.* 23: 22-25 (1980 b).
- Garver, J.J., Estop, A., Pearson, P.L., Dijkman, T.M., Wijnen, L.M.M., and Meera Khan, P.: Comparative gene mapping in the Pongidae and Cercopithecoidea. *Chromosomes today*, Vol.6, Chapelle, A. de la, Sorsa, M. (eds.), pp.191-199 (Amsterdam: Elsevier/North Holland Biomedical Press 1977).
- Grouchy, J. de, Finaz, C., and Nguyen van Cong: Comparative banding and gene mapping in primates evolution. Evolution of chromosome 1 during fifty million years. *Chromosomes today*, Vol.6, Chapelle, A. de la, Sorsa, M. (eds.), pp.183-190 (Amsterdam, Elsevier/North Holland Biomedical Press 1977).

- Hamerton, J.L., Fraccaro, L., de Carli, L., Nuzzo, F., Klinger, H.P., Hullinger, L., Taylor, A. and Lang, E.M.: Somatic chromosomes of the gorilla. *Nature*, Lond., 192: 225-228 (1961).
- Hamerton, J.L., Canning, N., Ray, M., and Smith, S.: A cytogenetic survey of 14,069 newborn infants. I. Incidence of chromosome abnormalities. *Clin. Genet.* 8: 223-243 (1975).
- Hsu, T.C. and Bernischke, K.: Mammalian chromosome atlas (Springer, New York 1967-1977).
- Jalal, S.M., Clark, R.W., Hsu, T.C. and Pathak, S.: Cytological differentiation of constitutive heterochromatin. *Chromosoma* 48: 391-403 (1974).
- Lejeune, J., Dutrillaux, B., Réthoré, M.O., et Prieur, M.: Comparaison de la structure fine de chromatides d'*Homo sapiens* et de *Pan troglodytes*. *Chromosoma* 43: 423-444 (1973).
- Pearson, P.L.: The uniqueness of the human karyotype. *Chromosome Identification Techniques and Application in Biology and Medicine*, pp.145-151. Eds. T. Carpersson and L. Zech (Academic Press, New York 1973).
- Turleau, C., de Grouchy, J., et Klein, M.: Phylogénie chromosomique de l'homme et des primates hominiens (*Pan troglodytes*, *Gorilla gorilla* and *Pongo pygmaeus*) essai de reconstitution du caryotype de l'ancêtre commun. *Ann. Génét.* 15: 225-240 (1972).
- Viegas-Péquignot, E., Couturier, J., and Dutrillaux, B.: Comparison of DNA-replication chronology in chromosomes of chimpanzee and man. *Primates* 19: 209-213 (1978).
- Warburton, D., Firschein, I.L., Miller, D.A. and Warburton, F.E.: Karyotype of the chimpanzee, *Pan troglodytes* based on measurements and banding patterns: comparison to the human karyotype. *Cytogenet. Cell Genet.* 12: 453-461 (1973).
- Yunis, J.J., Sawyer, J.R., and Dunham, K.: The striking resemblance of high-resolution G-banded chromosomes of man and chimpanzee. *Science*, 208: 1145-1148 (1980).

*Adresse des auteurs:*

Dr. B. Dutrillaux  
 Dr. J. Couturier  
 Dr. E. Vegas-Péquignot  
 Institut de Progenèse  
 15, rue de l'École de Médecine  
 F-75270 Paris Cedex 06