

値(特に成分I)は高い相関関係を示したことから、同時に胃液分泌機能検査としても利用できることが示唆された。

ヒト成分を指標とした霊長類間の系統関係の研究は、ニホンザル、カニクイザルを用いて基礎的な解析を進めた。現ラジオイムノアッセイ法は極めて鋭敏であり、I成分では、ニホンザルで約15倍量、カニクイザルで約25倍量がヒト成分と等価であり、両者はよく区別された。他のマカク類について現在検討を進めている。

課 題 14

免疫グロブリン遺伝子からみた霊長類の系統と進化

植田信太郎(東大・理)

組換えDNA実験法を含む種々の分子生物学的手法の発展により、遺伝情報物質本体であるDNAの直接的解析が近年可能となっている。霊長類の進化に関する分子レベルからの研究も、グロビン遺伝子や核外遺伝子であるミトコンドリアDNAに関してこれらの手法を用いた研究がなされてきている。

一方、免疫グロブリンIgEのH鎖定常部を支配するC_ε遺伝子はヒトのゲノム中に少なくとも3つ存在することが知られているが、このうち2つは正常遺伝子と塩基配列の上では類似性がありながら、その本来の機能を失なった擬遺伝子である。これら擬遺伝子は祖先型C_ε遺伝子の欠失やprocessed gene化により生じたものであり、点突然変異以外の大きな変化(動的進化)をとげたものとして興味深い。更に、ヒトとマウスの発現されるC_ε遺伝子の一次構造の比較から求められた進化速度は、C_ε遺伝子が今日までに知られている核内遺伝子の中では最も進化速度の速い遺伝子の1つであることを示している。

前年度共同利用研究ではC_ε擬遺伝子の問題を中心に研究を進めてきたが、本年度は発現されるC_ε遺伝子の問題を中心に研究を進めた。すなわち、発現されるC_ε遺伝子の進化速度が速い点を利用し、DNA一次構造の比較から霊長類とくにヒトおよび類人猿の間の系統関係を明らかにすることを目的とした。

ヒトの発現されるC_ε遺伝子の全一次構造は既に明らかにしているが、今回、チンパンジーおよびオランウータンの末梢血リンパ球より抽出した高分子DNAを制限酵素BamHIにて完全分析し、Charon 28をベクターとして組換え体を作製、それぞれのC_ε遺伝子のクローニングを行った。現在、これらのDNA一次構造の決定を進めると共に、同様の方法にて更にゴリラのC_ε遺伝子のクローニングを進めている。

霊長類ヘモグロビンの一次構造分析

毎田徹夫、渡辺文治(長崎大・医)

ヘモグロビン(Hb)の分子進化に興味をもち、その一次構造の分析を行ってきた。本年度の共同利用研究では主として、3種のマカク属(アッサムモンキー、ベニガオザル、トクモンキー)について分析した。これらのHbには、 α 鎖の多様性が認められ、アッサムモンキーの3種、ベニガオザルの2種、トクモンキーの2種の α 鎖の全構造を決定した。その結果、アッサム α_1 と α_3 鎖はベニガオ α_1 と α_2 鎖にそれぞれ一致していた。アッサム α_1 鎖と α_3 鎖の違いは、N末端より15番目でGlyとAspの違いのみであった。これに対して、 α_2 鎖と α_3 鎖では8番目と78番目で2箇所の変異であった。また、トクモンキーの α_1 鎖と α_2 鎖は12番目でAspとAlaの違いが認められるだけであった。一方、 β 鎖には多様性は認められなかった。 β 鎖については現在までにアッサムモンキーについてのみ全構造分析が終っており、他の2種については、分析中である。

HBウイルス上のAlbumin Receptorの反応性から見た霊長類の系統と進化

溝上雅史(名市大・医)・竹中 修^{*}(京大・霊長研) ^{*}共同実験者

〈目的〉 HBウイルス(HBV)には、Albuminと結合するsite(Albumin Receptor)(AR)が存在し、このARは、人とチンパンジーのみに反応するといわれるが、他の霊長類は、未調査であり、このARとの反応性をみることで霊長類の系統と進化につき調査する。