

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)

免疫グロブリン IgE の H 鎖定常部を支配する Cε 遺伝子はヒトのゲノム中に 3 つ存在する。Cε1 遺伝子は発現される遺伝子であり、残り 2 つは擬遺伝子で、Cε2 遺伝子は組み換えにより切り縮められた形 (truncated) となり、Cε3 遺伝子はイントロンを完全に欠失し他の染色体上に転移したプロセスト遺伝子である。

これまでに旧世界ザル 13 種、類人猿 5 種、計 18 種類の霊長類のゲノムにおける Cε 遺伝子の構成を調べた結果、Cε1 遺伝子と Cε3 遺伝子は調べたすべての種のゲノムに存在したが、ヒトとゴリラのゲノムだけに Cε 遺伝子は 3 つ存在し、更に、ヒトの Cε2 遺伝子と同様にゴリラも truncated Cε 遺伝子をもつことが明らかとなった。この結果は、3 つの Cε 遺伝子をもつヒトとアフリカ産類人猿の共通の祖先が分岐したのち、チンパンジーで Cε2 遺伝子の欠失が生じたのでないとする、チンパンジーよりもゴリラがヒトに近縁であることを示唆する。

ところで、分子レベルからみた霊長類の進化に関する研究はこれまでに数多く行われてきたが、そこで用いられてきた方法はアミノ酸配列や塩基配列の違い、すなわち点突然変異の総数に基づく統計学的方法である。このため、ヒトとアフリカ産類人猿間といった非常に近縁種間の系統関係を正確に定量するにはこれら点突然変異の数は少なすぎて、確定的結論は得られなかった。

一方、本研究で用いた方法は、最近生じた擬遺伝子の有無を検討するという新たな手法で、複数の仮定を設定することなく yes-or-no の答が得られる特長がある。従来の点突然変異の総和という定量的分子進化に対し定性的分子進化と名づけた本方法は、近縁種間の系統関係の解析に有力な手段となると考える。

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・森山昭彦* (名市大・医)

* 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 Albumin とのみ反応するとされるが、他の霊長類については、未調査であり、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した。

〈方法〉 各種霊長類より採血し、Blue Sepharose にて分離後、重合化した polymerized serum albumin を一定量の既知 AR に添加させ、反応後ヒトを 100、哺乳類を 1 とする相対比で測定した。

〈対象〉 原猿類より 4 種、真猿類より 16 種計 20 種が現在まで測定終了し、他に 6 種測定予定である。

〈成績〉 原猿類は、非常に反応が弱く、ツパイ、キツネザルは、全然反応せず、ロリスで 27% であった。一方真猿類は、リスザル、タマリン、フサオマキが、40~60% と低い、他は全体に反応がよい。オナガザル科は 7 種全例 90% 以上で、特にブタオザル、マントヒヒは 100% でヒトに近く、HBV に感受性をもつチンパンジーより反応性は高かった。一般に霊長類の進化の程度に一致していると思われた。

〈考案〉 Imai は、1979 年 HBV の AR の検討から AR が、ヒトとチンパンジーの Albumin とのみ反応する事実と、HBV に感受性を持つ動物が、ヒトとチンパンジーのみという事実から、HBV の種特異性を説明する AR 仮説を提唱した。しかしながらその中で哺乳類については、検討されているが、他の霊長類については、検討されておらず、今回の data からは、この面について再検討が必要となろう。

又もしこの AR 仮説に従うのであれば、HBV の感染実験動物としてチンパンジーのみならず、特にオナガザル科の動物は、使用可能となり HBV の解明に役立つと思われる。今後慎重な感染実験が必要と思われる。