

計画5-3

旧世界猿における免疫グロブリンC α 遺伝子の進化

隅山健太 (国立遺伝研)

免疫グロブリンIgAヒンジ領域は非常に進化的な変化が激しく、正淘汰の可能性が示唆されていた。本研究では旧世界猿を扱い、PCR法、SSCP法および直接塩基配列決定法により、マカク10種、リーフモンキー6種、その他ヒヒ等6種、計100サンプル以上を調べ、CH1領域、第一イントロン、ヒンジ領域、CH2領域にわたる新規の21種類のゲノム塩基配列を決定し、塩基置換解析および系統樹解析をおこなった。超可変的なヒンジ部分を除く領域を用いた系統樹解析によれば、同一種内から分離されたアリアル同士のコアレシエント時間が種の成立以前にさかのぼる現象や、ポリモルフィズムが複数種に共有される現象が明らかになった。これは、ヘテロ接合優利の条件下で期待される現象であり、MHCにみられる超優性淘汰と同じであると考えられる。さらに、超可変的なヒンジ部分における塩基置換パターンを明らかにするため、新しい解析手法である遺伝子ネットワークにより最大節約的な塩基置換パターンを明らかにした。これによれば、アミノ酸を変える塩基置換 (非同義置換) が圧倒的優位を占め、アミノ酸を変えない置換 (同義置換) は高々一個であったことが判明した ($K_a/K_s = 7.0$, $p < 0.01$)。 K_a/K_s 値による正淘汰の検出は非常に信頼性が高いと考えられることから、旧世界猿における免疫グロブリンIgAの正淘汰進化はほぼ疑いないことが明らかになった。

計画5-4

霊長類に見いだされたプロセスト遺伝子P117について

竹中晃子 (名古屋文理短大・食物栄養)

プロセスト遺伝子は機能している遺伝子からmRNAを介して核DNAにランダムに挿入された偽遺伝子である。霊長類に見いだされたプロセスト遺伝子P117の挿入時期を検討するため、本来の遺伝子とプロセスト遺伝子の塩基配列を決定している。昨年引き続き、塩基配列をさらに種を広げて決定した。新世界ザルではフサオマキザル、リスザル、ケナガクモザル、ワタボウシタマリン、コモンマーモセットを、旧世界ザルではアカゲザル、カニクイザル、タイワンザル、マントヒヒをさらにヒト上科ではヒト、チンパンジー、各種テナガザルである。まだ決定中のものもあるが、傾向として、新世界ザルとヒト上科のサルでは変異の幅が大きいため、早い時期にプロセスト遺伝子として挿入されたが、マカカ属サルでは変異が非常に少なかったので近年挿入されたと考えられた。

P117本来の遺伝子についてもカニクイザルとヒトでロングPCR法によって増幅することができた。カニクイザルは約3kb、ヒトでは約2kbであった。サザンハイブリダイゼーション法により確認の後、現在、塩基配列を決定中である。少なくとも2つのイントロンが存在することが明らかとなった。

この増幅された本来のP117領域をプローブとして染色体の位置も検討する予定である。