

計画 5-2

霊長類における血液型遺伝子の進化

斎藤成也, 北野誉, 野田令子 (国立遺伝学研究所・進化遺伝研究部門および総合研究大学院大学・生命科学研究科・遺伝学専攻)

ABO式血液型遺伝子は糖転移酵素をコードしている。ABO式血液型抗原である糖鎖本来の生体内における役割はまだよくわかっていないが、体内に侵入したバクテリアやウイルスの足がかりとして用いられ、糖鎖抗原に対する抗体が外来抗原を認識することなどによって他の生物と相互作用し、その結果独特の進化パターンを示している可能性がある。Saitou and Yamamoto (1997) は、これまでに発表されたABO式血液型遺伝子の塩基配列を分析して、この遺伝子に正の自然淘汰が働いている可能性を指摘した。もしそうならば、その傾向は他の生物種でも観察されると予想される。そこでわれわれは、霊長類研究所の竹中修教授が収集された旧世界猿マカカ属数種（ニホンザル、スラウェシマカカ類、バーバリーエイブ）、テナガザル2種、およびオランウータンのゲノムDNAを分与していただき、PCR-direct sequencing法を用いて、これら霊長類のABO式血液型遺伝子座第7エクソンの部分塩基配列約440bpを決定し、それらの系統ネットワークを構築した。その結果、テナガザル2種のA型とB型の対立遺伝子はこれら2種の分岐以前にすでに共存していたこと、またマカカ属内でもA型とB型の対立遺伝子が古くから共存していたらしいことが示された。

計画 5-3

霊長類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、前年度の研究の旧世界猿の解析から正淘汰の可能性が示唆された。本研究ではさらに新世界猿および他の霊長類のデータをあわせて解析した。PCR法、SSCP法および直接塩基配列決定法により、ワタボウシタマリン、シロクチタマリン、ヨザル、チュウベイクモザル、ケナガクモザル等の免疫グロブリンC α 遺伝子の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外し、最尤法を用いた系統樹解析を他の霊長類種とともに起こしたところ、新世界猿は独立のクラスターを形成することが確認された。一方、変異が激しいヒンジ領域については、アミノ酸数にして8, 9, 10残基のバリエーションが認められた。しかも、種内に変異を持つものが複数見られた。旧世界猿に観察されたような正淘汰置換が同じように見られるかどうかを確認したところ、新世界猿の10アミノ酸アリール間では、非同義置換が約4~5倍同義置換を上回っていることが明らかになった。これはt検定により統計的に有意であることが示された。このことから、旧世界猿と同様、新世界猿においても免疫グロブリンIgAが正の淘汰を受けて進化していることが明らかになった。