

計画 5-4

霊長類特に新世界ザルのMHCclass II 遺伝子の多型解析及びタイピング法の確立

松本芳嗣、細川朋子、Henry Arwati、橋本紀子、林田直樹（東大・院農・応用免疫）

MHCclass II 遺伝子は個体の免疫応答性に密接に関係しており、その多型の解析は系統学的・免疫学的特徴付けの有力な基盤となることが予想されることから、本研究では新世界ザルMHCclass II 遺伝子の塩基配列データの蓄積及び多型性の解析、さらにMHCclass II 抗原の簡便なタイピング法を確立することを目的とした。

2頭のリスザルの脾細胞より抽出したmRNAを鋳型としてcDNAライブラリーを作製し、MHCclass II β 2ドメイン内のシステイン残基周辺の塩基配列をプローブとしてスクリーニングを行った結果、各々3個（#35、#37、#38）及び5個（#1、#2、#3、#4、#5）のcDNAクローンが得られた。#35、#37のcDNAの全塩基配列ならびに#2、#4、#5の約300bpの塩基配列を明らかにし、推定されるアミノ酸配列においてヒトおよび既知の各種サルMHCclass II 遺伝子と比較したところ、#35のcDNAはDPと最も相溶性が高く、29aaのシグナルペプチドを含む全長258aaをコードしていると考えられた。また、#4ならびに#5は、アミノ酸レベルでの配列は一致しており同一アリルに由来する可能性もあるが、DPと最も相溶性が高かった。一方、#2および#37のcDNAはDRと高い相溶性を示した。これらの蛋白翻訳領域は、メチオニンおよびいずれも非常に類似したシグナルペプチドで始まり完全長を含んでいるものと予想された。

計画 5-5

霊長類色覚オプシン遺伝子の解析
河村正二（東京大・院理・生物科学・人類）

新世界ザル12種及び原猿類4種の血液あるいは凍結組織片よりDNAを抽出した。種の内訳は次の通りである。新世界ザル：ケナガクモザル (*Ateles belzebuth*)、チュウベイクモザル (*Ateles geoffroy*)、フサオマキザル (*Cebus apella*)、リスザル (*Saimiri sciureus*)、ヨザル (*Aotus trivigatus*)、ダスキーティティ (*Callicebus moloch*)、ワタボウシタマリン (*Saguinus oedipus*)、シロクチャタマリン (*Saguinus labiatus*)、アカテタマリン (*Saguinus midas*)、セマダラタマリン (*Saguinus fuscicollis*)、コモンマーモセット (*Callithrix jacchus*)、クロミミマーモセット (*Callithrix penicillata*)。原猿類：ワオキツネザル (*Lemur catta*)、エリマキキツネザル (*Verecia variegatta*)、オオギヤラゴ (*Galago crassicaudatus*)、ショウギヤラゴ (*Galago senegalensis*)。これらのDNAに対しヒトの赤及び青錐体視物質遺伝子並びにウシ桿体視物質遺伝子のDNA断片を順次プローブとしてサザンハイブリダイゼーション実験を行い、各相同遺伝子の数を推定した。その結果、フサオマキザル、ヨザル、そしてコモンマーモセットには複数の赤視物質遺伝子座位が存在することが示唆された。これは従来の霊長類色覚に関する遺伝子支配の定説とは相容れない結果であり、より詳細な遺伝子構造の解析を進める必要がある。