

II β 保存性が利用できる。各生物種からクローニングされた rDNA 遺伝子の塩基配列の違いを分子レベルで解析・比較する方法に加えて、ゲノム全体を対象に染色体レベルで比較・検討を行うことにより、種の類縁関係を明らかにしようとする試みが多くの種で行われてきた。rRNA 遺伝子のなかでこのような目的に最もよく用いられる遺伝子は 18S あるいは 28S である。しかしながら 5SrRNA 遺伝子は 18S あるいは 28S と同様反復配列を持つ遺伝子であるが、18S や 28S とは異なった染色体位置に存在し独立している。同じ rRNA 遺伝子でありながら 5SrDNA の染色体地図はヒト、ラット、マウスで決定されているにすぎない。さらに、18S および 28S は物理的位置の変異性が高いことに比較して、5S は保存性が高い事が示唆されている。そこで、各種霊長類の 5S の物理的位置を FISH 法を用いて比較し、その分化の法則性を解析する事を計画した。まず、マウス 5S クローンをプローブとして、染色体数の異なるヒヒとチンパンジーの染色体マッピングを試みた。その結果、チンパンジーでは第 1 染色体の短腕の末端近位にシグナルが観察された。この部位はヒトの 1q42.11-q42.13 と相同である。しかし、ヒヒの染色体では、ハイブリダイゼーションが観察されなかった。今後、より多くの霊長類で解析を行い、5SrDNA の染色体上の分化を明らかにしていく予定である。

計画 12-1

霊長類特に新世界ザルの MHC クラス II 遺伝子の多様性の解析及びタイピング法の確立

松本芳嗣・細川明子（東京大学農学部応用免疫学教室）

主要組織適合型複合体 (MHC) は自己、非自己の識別に関わる分子であり、そのうち MHC クラス II 分子は感染症に対する感受性や自己免疫疾患の発症に関与すると考えられ、重要視されている。霊長類の MHC 遺伝子はヒトのそれと非常に高い相同性を示し、また感染症を含めた霊長類の疾患はヒトと共通のものも多いことから、霊長類はマウスやラットにはかからないヒトの疾患のモデル動物となり得る。このため、霊長類 MHC クラス II 遺伝子の情報及び簡便なタイピング法の確

立が望まれる。一方、新世界ザルにおいてはヒトや旧世界ザルと比較してこの遺伝子に関する知見が少ないため、本研究では特に新世界ザルの MHC クラス II 遺伝子に関する研究を行っている。その一環として、リスザル MHC クラス II β 鎖 cDNA の一部の特異的な増幅を行い、増幅産物の塩基配列を決定した。また、ファージベクターとして λ -ZAP を用い定法に従ってリスザルの脾臓 cDNA ライブラリーを作製した。

リスザルの脾臓より抽出した mRNA を鋳型として、哺乳動物の MHC クラス II β 鎖 cDNA プライマーを用いて RT-PCR を行った。その結果、予想される塩基長 191bp の増幅産物が得られたため、それをクローニングし、塩基配列を決定したところ、3 種類のクローン (CL1, CL2, CL3) が得られた。これらの塩基配列を HLA クラス II 遺伝子各亜領域とそれらと比較した結果、CL1 は DQB 遺伝子と (DQB1*0302 と 94.5%), CL2 及び CL3 は DPB 遺伝子と (DPB1*0101 とそれぞれ 94.5%, 96.6%), それぞれ非常に高い相同性を示した。なお、CL2 と CL3 は塩基配列で 97.9% の相同性を有するものであった。これらの結果により、リスザルにおいて DP β 鎖 cDNA 及び DQ β 鎖 cDNA の一部が増幅し得たと考えられた。このことは、リスザル MHC クラス II β 領域には、ヒト DQ あるいは DP 相当亜領域があることを示唆した。

現在、リスザル脾臓 cDNA ライブラリーから、これらのクローンをプローブとしてリスザル MHC クラス II β 鎖 cDNA のクローニングを試みており、さらに詳細な構造解析を行い、遺伝子タイピング法について検討を加える予定である。

計画 12-2

霊長類におけるスギ花粉症の比較研究

山崎 貢（藤田保健衛生大・医・公衆衛生）

最近、ニホンザルにおけるスギ花粉症が見いだされたが、その自然発症率はヒトに比べて少ない。その理由としてサルとヒトにおける衛生環境要因の違い、特に寄生虫感染率の違いが指摘されている。そこで、ニホンザルにおけるスギ花粉 I g E 抗体、総 I g E 抗体量および寄生虫（鞭虫、糞線虫等）I g E 抗体の各陽性率を調べ、ヒトにおけるそれら知見と比較し、霊長類におけるスギ花粉症の発症と寄生虫感染との関わりについて検証す