

ニホンザル主要組織適合性領域遺伝子の構造と機能の解析

高田 肇（慶大・医）・猪子英俊（東海大・医）・安藤麻子（東海大・医）

ヒト主要組織適合性領域遺伝子（MHC）の構造と機能に関しては、近年、組換えDNA技術や細胞工学的手技を用いて急速に解明されつつある。特に臓器移植、疾患感受性および免疫応答性と密接な関連のあるHLA-D（クラスⅡ）領域に関しては、マウスH-2Ⅰ領域に比べ、分子レベルでもはるかに高度の多型性をもつことが知られている。そこで系統発生学の立場から、MHC遺伝子のもつ多型性の生物学的意義について解析する目的で、まずその構造について、ニホンザル、ヒトおよび他種のサルを対象として、DNAレベルでの比較を行なった。

1) ヒトMHC遺伝子とのホモロジー

HLA領域遺伝子cDNAをプローブとして、ニホンザルの他、カニクイザル、コモンスリスザル、ワタボウシタマリン、コモンマーモセットおよびコモンツパイの染色体DNAについてサザン法を実施した。その結果、コモンツパイを除く全てのサルで、ヒトでこれまでに知られているMHC遺伝子（DR、DQ、DP、DOの各 α 、 β およびクラスⅠ α ）全てに対応するバンドを確認でき、これらのサルは程度の差はあるものの、ヒトMHCの原型を極めてよく保存していると考えられた。一方、コモンツパイについては、明確な知見を得られず、ヒトとのホモロジーはかなり低いものと推察された。

2) ニホンザルにおけるMHC多型性の検討

ヒトで多型性の認められているDR β 、DQ β 鎖cDNAをプローブとし、高浜群、嵐山D群より得たEcoRI、HindⅢ、BamHI、PstI切断染色体DNAを対象としてサザン法を実施した。その結果、前二者で切断した場合にヒトと同様の多型性が観察され、ニホンザルは分子生物学的にもヒトに極めて近縁であり、ヒトMHCのよいモデルとなりうること、また本法はサルの血縁関係の解析にも有用であることが示唆された。

木曽研究林の野生ニホンザルにおけるリーダーシップの機能的研究

乗越皓司（上智大・生命科学研）

群れの統合機能をもつリーダーシップ行動の研究は、ニホンザル社会システムの総合的理解にとって重要である。本研究は、人間と強い緊張関係にある純野生群、木曽研究林のS群を対象にリーダーシップ行動を記録し、その結果を餌づけ集団の嵐山B群、および移住集団である嵐山ウエスト群ですでに得られた結果と比較・考察することにある。

木曽研究林のS群は、1985年より人工餌投与の補助のもとに、マジックミラー設置の観察小屋から間近で記録できるようになり、いわゆる猿害対策上から人間への恐怖を取り除かないまま（人づけなしに）個体識別が容易となって、研究内容が格段に進展している。リーダーシップ行動は、①群れ内のとりしまり、②群れの防衛・警戒、および③遊動に関するもの、の3側面から分析され、以下の結果が得られた。

群れ内のとりしまり行動の直接的要因は、優劣関係のあり方から説明でき、結果的にとりしまりの機能が働いている、という嵐山集団の結論と同じであった。次に、群れの防衛・警戒については、残念ながら今回の調査で十分な資料が得られなかった。また、出発の合図、方向、残っている個体の追いたてなどの遊動に関しては、とりしまり行動と同様に、優劣関係のあり方で多くは説明できた。しかし同時に、それだけで説明しきれない興味深い事例も観察された。すなわち、広く分散してお互いがよびかわしながら移動していく際に、ヒトとの偶然的出会い等によって遊動方向変更した場合などである（今までにも現象的によく知られている例であるが）。この行動上のメカニズムは、主に上位オスたちの偶然的な分布状況と共に、上に述べた優劣関係も加味されているように思われたが、今後さらに分析される必要が残った。