

## シンポジウム特集 序. 分子寄生虫学の展開

田辺和祐

(掲載決定: 平成3年8月7日)

私達寄生虫学者には数少ない寄生虫とその宿主のことを考えがちだが、この地球上にはどれ程多種多様な生物が、それぞれの生態的ニッチに対応して棲んでいるのか、今もって知らない。しかし、そうではあっても、私達はそれらすべての生物が基本の姿において共通の原理の上にたって生存していることを知っている。すなわちDNAの正確な複製が自己の再生産の基礎であり、遺伝子の調節的発現が生命の維持の土台となることである。この共通原理の理解は、科学の歴史の中では決して古くはなく、ここ30~40年の間に分子生物学が作り上げたものである。その間寄生虫学では主人体寄生虫の同定及びその生活史の確定がもうすんでいた。

今、分子生物学は再び大きな飛躍を迎えている。CST技術、すなわち遺伝子のクローン化 (Cloning)、DNA塩基配列決定の簡便化 (Sequencing)、細胞への遺伝子の導入法 (Transfection) の確立により、従来大腸菌とかフェージのようなごく一部の生物種に限られていた分子生物学的研究があらゆる生物種について行えるようになったからである。こうしてヒトを含めた多くの真核多細胞生物の遺伝子/DNAの研究が一挙に可能となり、驚くべき知見が次々と出されてきた。ヒト遺伝子の大腸菌内における発現は、すべての生物の生きる基本原理が同じであるということを実感として理解させてくれる。

また一方、多くの生物種の遺伝子の研究が進むにつれて、異なる生物種間の遺伝子/DNA (RNA) の比較もできるようになった。その中で生命を歴史の流れにおいて理解できるようにもなってきた。例えば、リボソームを構成するRNAの1種で約120ヌクレオチドからなる5SrRNAで見ると、ヒトとイグアナとはたった2個しか違ってない。これはヒトが絶滅した恐竜と、そ

して恐らくこの地球上のありとあらゆる所に生棲している生物たちとも遺伝子を共有しているということを明解に示している。最近の分子生物学的研究はCST技術に加えて、染色体サイズDNA分子の電気泳動、酵素的DNA増幅法、また人工染色体の開発を加えて、より一層加速されてきた。

では、このような新しい研究の流れが寄生虫学に導入されるとどのような展開が繰り広げられるのだろうか。寄生虫の分子生物学的研究、分子寄生虫学が誕生してまだ十年も経たないが、その成果は著しい。マラリア原虫の場合、1983年に初めて*P. knowlesi*のスポロゾイト表面抗原の遺伝子の全塩基配列が決定されたが、現在、データベースのエントリー件数は約200にのぼる。他の寄生虫でも多くの遺伝子がクローン化されている。それらの遺伝子から得られる知見は寄生虫生物学、寄生虫病に欠くことのできないものとなっている。トリパノソーマの抗原変異の遺伝子機構を垣間見るだけで、寄生虫が想像もできないような適応生存戦略を持っていることがわかる。

寄生虫学におけるこの新しい分野、分子寄生虫学、の潮流を理解しようとして、1991年第60回日本寄生虫学会において、シンポジウム「分子寄生虫学の展開」が開かれた。シンポジウムでは、寄生虫学の重要な問題が分子生物学的アプローチによりどう説明されてきたのか、そこにどのような新しい世界が開けているのか、分子寄生虫学固有の論理とはどのようなものか、またどのような臨床的応用が可能なのか、について深めることができた。大会会長の高田季久先生の御配慮により寄生虫学雑誌にシンポジウム特集を掲載することになった。本特集が会員諸氏に分子寄生虫学の討論のフォーラムになれば望外である。

大阪工業大学生物学研究室

〒535 大阪市旭区大宮 5-16-1

第60回日本寄生虫学会大会

会長 大阪市立大学医学部 高田季久教授

於 大阪国際交流センター

1991年4月9日