

The dominantly expressed class I molecule of the chicken MHC is explained by coevolution with the polymorphic peptide transporter (TAP) genes

Brian A. Walkera,1, Lawrence G. Hunta, Anna K. Sowab, Karsten Skjødtc, Thomas W. Göbeld, Paul J. Lehnere, and Jim Kaufmana,b,f,2

aInstitute for Animal Health, Compton RG20 7NN, United Kingdom; bDepartment of Pathology, University of Cambridge, Cambridge CB2 1QP, United Kingdom; cDepartment of Cancer and Inflammation, University of South Denmark, 5000, Odense, Denmark; dDepartment of Veterinary Sciences, Ludwig Maximilians University, Munich 80539, Germany; eCambridge Institute for Medical Research, Addenbrooke's Hospital, Cambridge CB2 2XY, United Kingdom; and fDepartment of Veterinary Medicine, University of Cambridge, Cambridge CB3 0ES, United Kingdom

要約

ほとんどの哺乳類においてMHC classI分子は多型性があり、ペプチド提示の特異性を決定する。一方で抗原提示に関与するトランスポーター(TAP)のヘテロ二量体は機能的には多型性は無い。ニワトリには二個の古典的なMHC classI遺伝子があるが、一つだけが高度に発現される。このことは特定の感染性病原体への抵抗性とMHCの強い関連性へと結びつくのかもしれない。しかし、単一のMHC classI分子が優位に発現する基礎の部分は明らかではない。ここでは我々は16系統のニワトリから得たTAP1とTAP2の配列を記し、この両方の遺伝子がペプチド結合のためと思われる領域での多様性により、高度な対立遺伝子の多型性と適度な配列の多様性を持つことを示している。我々は2つのMHCハプロタイプ内のペプチド移行を解析した。この結果はニワトリのTAPは3つのペプチド部位で移行の特異性を決定していることを示しており、この特異性は優先的に発現される単一のMHC classI分子のペプチドモチーフと一致している。これらの結果はclassIとTAP遺伝子間の共進化が一般的なニワトリのMHCハプロタイプに存在することを説明するという事を示している。さらに言えば、このような原始的なMHCの共進化は適応型の免疫システムの誕生における抗原提示の経路の出現に関与しているのかもしれない。