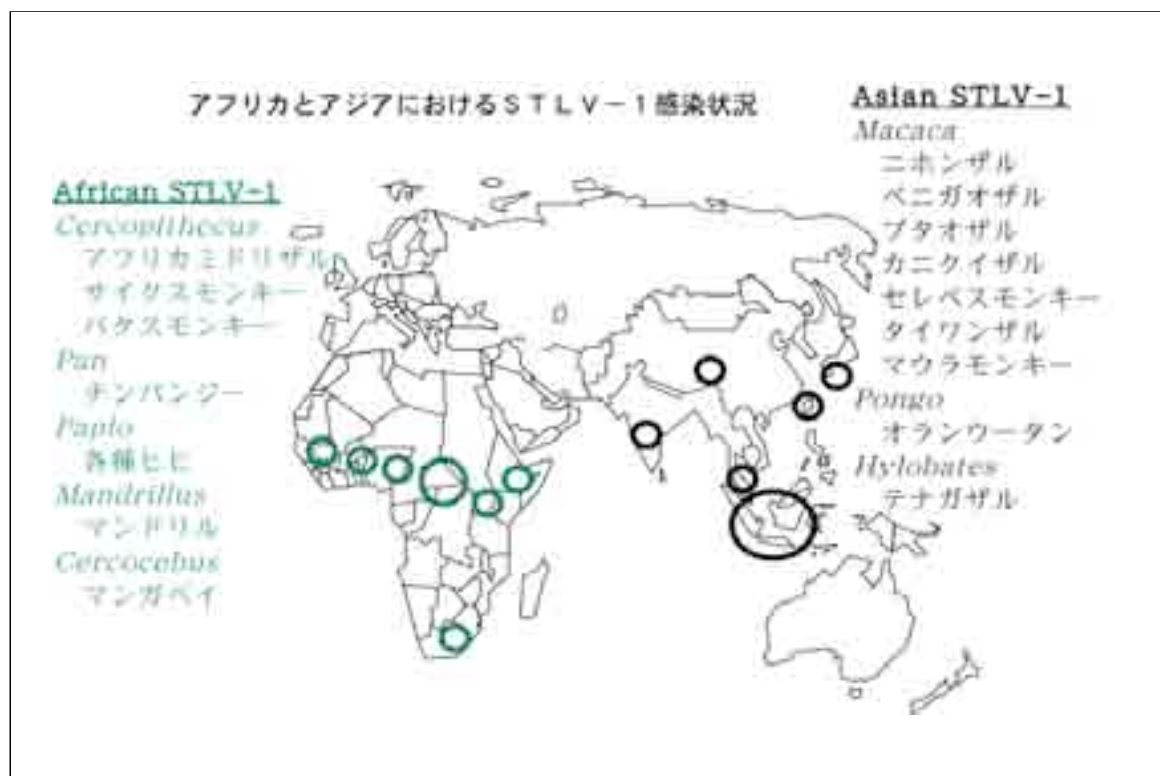


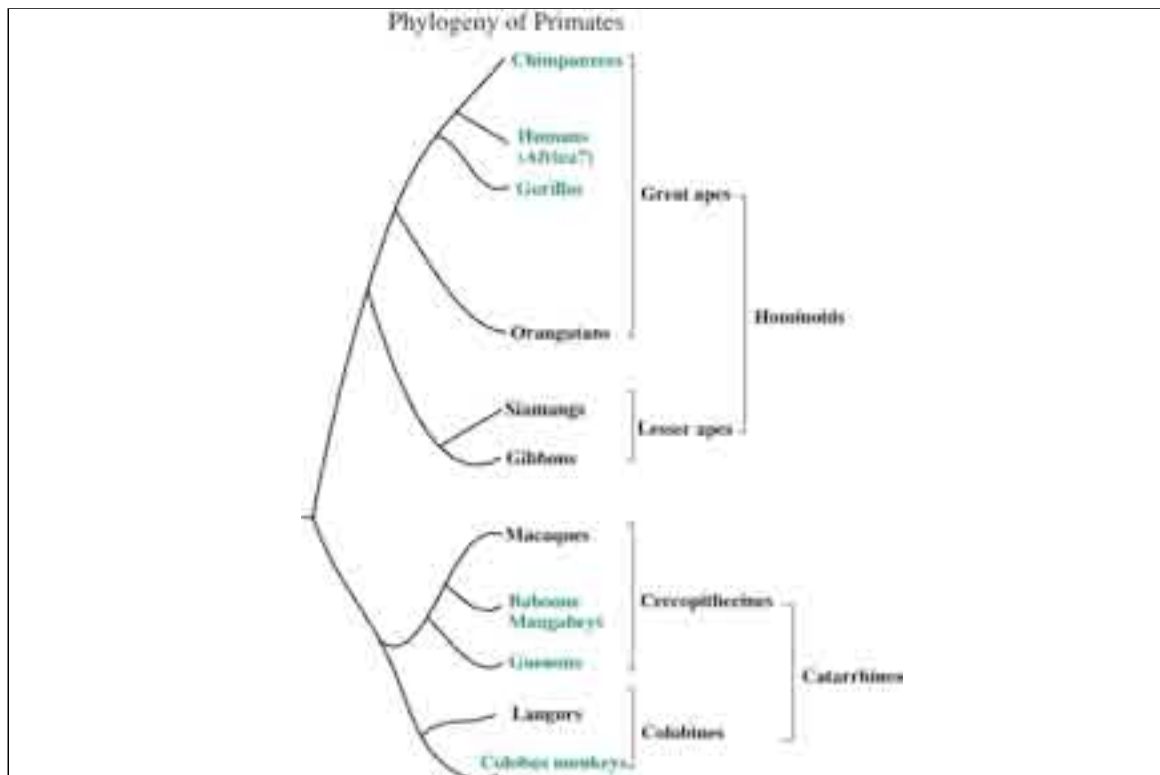
白血病ウイルスの起源・進化(1)

HTLV-1/STLV-1の系統関係と種間感染

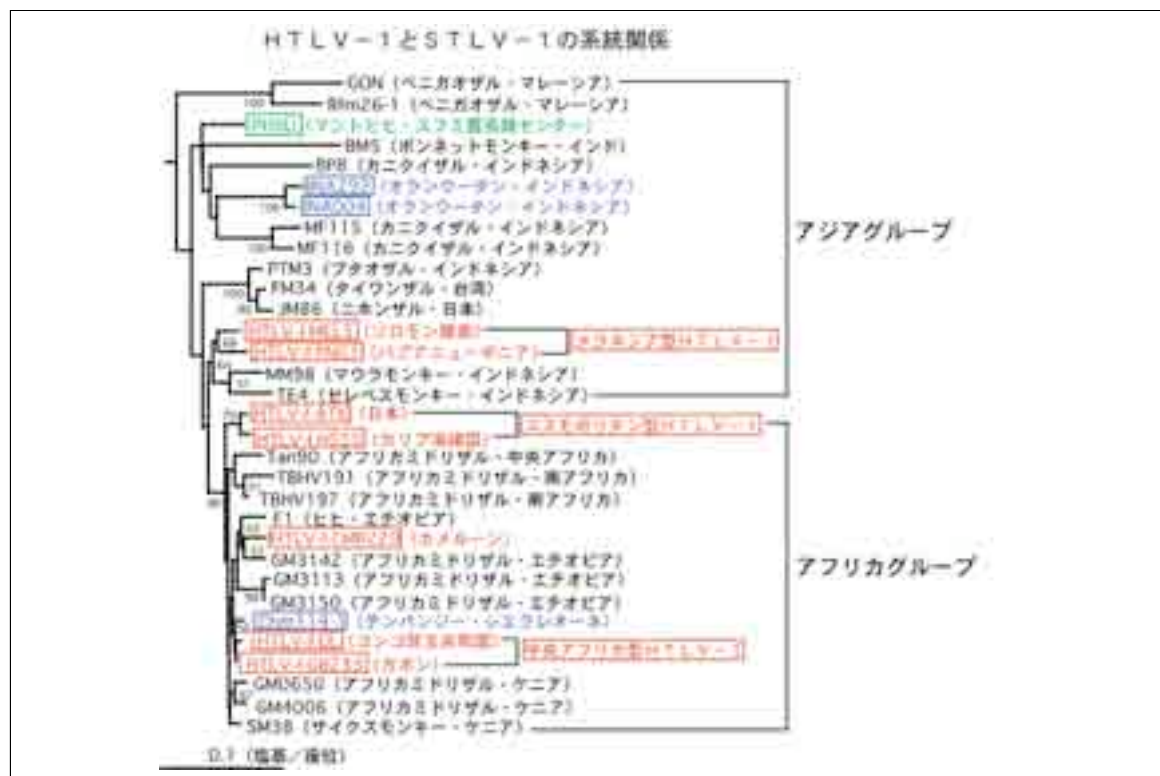




アフリカでは、アフリカミドリザルなどのセルコピテクス属のサル、チンパンジー、ヒヒなどがサルT細胞白血病ウイルス(STLV-1)を保有しており、アジアでは、ニホンザルを含むマカク属のサルの他、オランウータン、テナガザルが保有している。

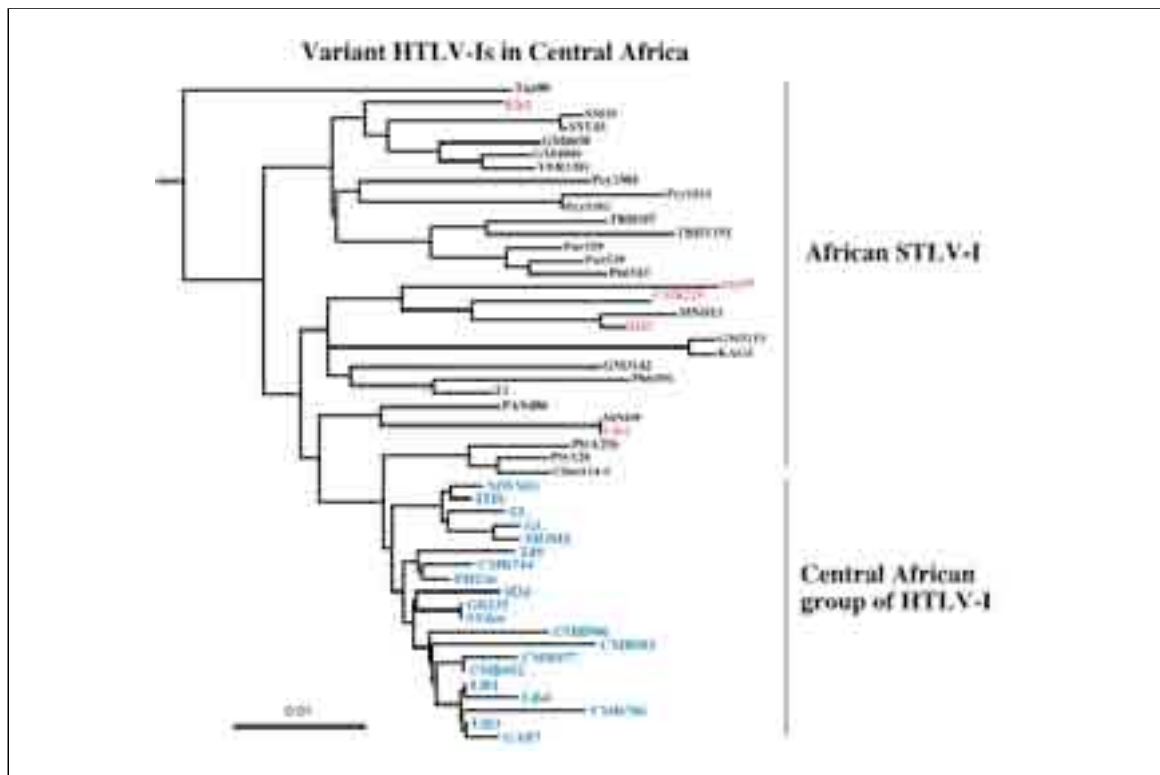


一般的な霊長類の系統関係。緑がアフリカに棲息している種（ヒトはアフリカ由来とした）。黒がアジアに棲息している種。アフリカ棲息種とアジア棲息種が混在している。



ヒトT細胞白血病ウイルス(HTLV-1)とSTLV-1全体の系統樹を示す。図中の縮尺で示したように、この系統樹の枝の長さは、互いの塩基配列が異なる程度(座位当たりの塩基置換率)に対応している。それぞれのクラスターの根本に示した数値は、そのクラスターの統計的安定度を示しているが70%以上の高い数値を示しているものが多い。さて、ここで最も注目すべき点は、HTLV-1/STLV-1の系統関係は、そのウイルスが感染している宿主霊長類の系統関係と大きく異なるということである。すなわち、アジアのグループとアフリカのグループに明確に分かれている。この事実は、アジア棲息種とアフリカ棲息種が混在している霊長類の系統樹と大きく異なる。具体的には、我々ヒトに近縁とされているチンパンジーとオランウータンから分離されたウイルス(図中青で示してある)を見ると、チンパンジーから分離されたウイルスがアフリカのグループに属し、オランウータンから分離されたウイルスはアジアのグループに属しており、宿主の系統関係よりも棲息地域が強く反映されている。また、アジアのグループの方が、系統樹の枝が長く、互いに遺伝的距離が遠いヘテロな集団であるのに対して、アフリカのグループはそれに比べると枝が短く互いに近縁である。以上の結果は、HTLV-1/STLV-1は、感染宿主と共に進化してきたのではなく、宿主の棲息地域が現在のように定まった後に感染が広まったことを示しており、さらにアジアからアフリカへと感染が広まったことを示唆している。

そして、この中においてHTLV-1(図中赤で示してある)は、まずアジアグループに属するメラネシア型とアフリカグループに属するコスモポリタン型と中央アフリカ型が存在している。メラネシア型は、オーストラリアのアボリジニーや、パプアニューギニアなどメラネシア地域に昔から住んでいる人々から分離されたウイルスであり、中央アフリカ型は、コンゴ民主共和国やガボン、カメルーンなどアフリカ中央部から分離されたウイルスであり、コスモポリタン型は、日本、西アフリカ、北アフリカ、インド、カリブ海諸国、南米など広い範囲で分離されている。我々が1995年に報告したカメルーンのピグミーと呼ばれている民族から分離した株CMR229の位置に注目してもらいたい。この株は中央アフリカ型に近いが、間に他のサル種から分離されたSTLV-1が入ってきている。中央アフリカでは、このようなHTLV-1株が他にも幾つか分離されており、サル-ヒト間での種間感染が比較的最近も起こっていることが示唆されている。以上のように、STLV-1とHTLV-1の系統は、互いに複雑に入り組んでいることから、これまでに複数回のサル-ヒト間での種間感染が起こっていることは明らかでありHTLV-1/STLV-1は人獣共通感染症である。しかし、種間感染したウイルスが新しい宿主に広がる頻度は非常に希である。アジアにおいては、アジア産のマカク属のサル(日本ザルなども含まれる)が高率にSTLV-1を保有しているが、アジアグループに属するHTLV-1は、メラネシア地域に局限されており、現在アジアのサルに感染しているSTLV-1が容易にヒトに感染することはない。また、メラネシア地域には、野生のサルは棲息していないので、メラネシア型HTLV-1がいつどこでヒトに感染したかは謎である。ただし、スフミ霊長類センターで飼育されていたアフリカのマントヒヒから分離されたウイルス(図中緑で示している)がアジアグループに属したという報告があり、これは飼育環境下でアジアのサルから感染したものと考えられる。また、実験的にHTLV-1をアジア産のマカク属のサルであるカニクイザルやアカゲザルに接種すると感染が成立することから頻度は低いながらも種間感染の可能性はある。日本のHTLV-1はコスモポリタン型に属する。コスモポリタン型のHTLV-1の詳細な系統解析から過去の人類移動との関係が考察できる。



アフリカのSTLV-1とHTLV-1をもう少し詳しくみると、従来知られている青い中央アフリカ型のHTLV-1（比較的チンパンジーから分離されたSTLV-1に近縁）とは別に、赤で示したウイルス（アフリカのマンドリルやセルコピテクス属のサルから分離されたSTLV-1に近縁）がヒトから分離されている。これらの結果は、サルーヒト間での種間感染が近年においても起こっていることを示している。



2002年のコンゴ共和国調査時の写真。一般のマーケットで10代の女の子が、当たり前のように大鉈をふるってサルを捌いて売っていた。現地では、サルの肉は御馳走だそうで、このような文化的状況が、サルからヒトへの種間感染が起こるベースになっていると考えられる。

STLV-1/HTLV-1はアジアを起源とし、アフリカの霊長類へと伝播したものと考えられる。アフリカにおいては低頻度ながら近年もサルーヒト種間感染が生じているので人獣共通感染症として警戒する必要がある。