

教養のページ

アジアの住血吸虫はアフリカから来た?!

医学部 吾妻 健

はじめに

まず、寄生虫というと、現在の日本では、医学的に重要なものは、ほとんどいなくなった。そして、関心も失われ、忘れられつつある。最近言われ始めた‘ネグレクトされた寄生虫病’という言葉は、いまや世界的な公用語にさえなっているようだ。

しかし、日本では、そんなに遠くない昔、寄生虫も市民権をもち、多くの人々を苦しめていた。マalariaはもちろんのこと、ここで話する、住血吸虫という虫は、大変だった。日本には、昔から日本住血吸虫という虫がおり、古くは、江戸時代の書があって、医師藤井好直が、記載したものがある。またかつて流行地であった甲府盆地の人々のあいだでは、この原因不明の、恐ろしい病気に蝕まれている村に嫁入りする様子が口碑として謳われている；‘嫁に行くには、経帷子と棺桶を持っていけ’と。その惨状さが、うかがい知れる。しかし、これは、世界的にみれば、じつは決して昔のことではなく、開発途上国と呼ばれる国々では、現在でも、日常的なことである。

この住血吸虫の病理疫学的な、さらなる話は、別の機会におき、ここでは、もっぱら分子生物地理学的な面に焦点をあて、日本住血吸虫の由来に関する、

我々のリサーチの一端を紹介したいと思う。住血吸虫類では、一部の種は和名がないので学名をそのまま日本語に直している。また寄生虫学の慣例に従って、種名はカタカナ混じりの漢字を用いた。読みにくいと思われるが、ご容赦願いたい。

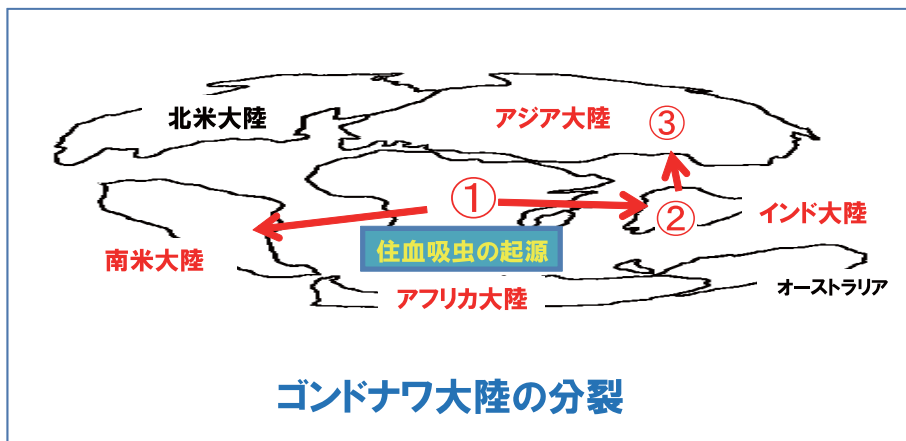
現在世界には、20種ほどの住血吸虫があり、中間宿主貝の種類や地理的分布などにより、アジアに2グループ、アフリカに2グループの、計4つのグループに分類されている。この中で人に感染する系統は、そんなに多くない。

我々は、このような住血吸虫について、素朴な疑問をもった；このように世界的な分布をもつ住血吸虫は、どこで生まれ、どのようにひろがったのだろうか？

アメリカのDavis (1980, 1992) は、この疑問に対してアフリカ起原説を提唱した(図1)。

住血吸虫類は、もともとは中生代前期のゴンドワナ超大陸にいたが、この超大陸は、約2億年前からいくつかの大陸に分裂を開始した(①→②)。そして、その一つのインド大陸が、しだいにアジア大陸に近づき、ついには衝突し、ヒマラヤ山脈を形成した。住血吸虫類の祖先種は、こうしてインド大陸の移動によってアジア大陸に運ばれた(②→③)。南米に現在でも生息する住血吸虫はゴンドワナ大陸時

図1. 住血吸虫のアフリカ起原説 (Davis,1980; 1992)



代からの子孫である。

我々は、大陸移動説ともアフリカ起原説とも言われる、この魅力的な仮説に疑問をもった。そして、我々は、分子情報に基づいた手法からこの仮説に対する検証を試み、その結果、この仮説と異なるアジア起原説を立てたので紹介したい。

我々はアジアに現存する住血吸虫の8種すべてについて核DNAとミトコンドリアDNA遺伝子の塩基配列を解析し、既知のアフリカ産のデータと比較して、次のようなデータを得た (Agatsuma et al., 2000, 2001)。

1) アジアに生息する住血吸虫類は、アジア系統とアフリカ系統に大きく分かれる、2) アジア系統は日本住血吸虫などの4種からなり、この中では、シネンシウム住血吸虫が最も古い祖先型種と考えられる、3) アジアのインデイカム住血吸虫グループは、驚くべきことにアフリカ系統のクラスターに入る。

しかし、これらの塩基配列の結果だけでは、住血吸虫の起原がアフリカなのか、アジアなのかは、分からない。

そこで、我々は次に、ミトコンドリアゲノムの遺伝子配列の解析を行ってみた。ミトコンドリアゲノムでは遺伝子組み換えが起こらず、母性遺伝をすることから、系統関係や系統の起源の解析には、理想的な分子化石である。我々は、このミトコンドリアゲノムを利用して、アフリカのマンソン住血吸虫とアジアの日本住血吸虫の遺伝子配列を比較した。その結果、両者間では以下の4つの遺伝子領域で大きな相違が存在することを見出した：1) ATP6-ND2の遺伝子ブロック、2) ND3とND1の遺伝子の位置、3) 非コード領域、4) tRNA 遺伝子の位置 (Le et al., 2000)。そしてこの遺伝子配列を他の蠕虫類と比べたところ、アジアの日本住血吸虫グループの配列が系統的に原始形質であり、アフリカグループの配列が派生形質であることが分かった。この結果は、アフリカ起原説よりアジア起原説と良く合うことを暗示している。

我々は、さらに、染色体C-バンドパターンを分析してみた。C-バンドパターンは、簡単なギムザにより染色でき、染色性の異なる領域の染色パターンを解析して、進化過程を分析することができる。分析した結果、住血吸虫の進化がアジアからアフリカの方に起こったことを示した。この結果は、アジア起原説をさらに強く支持することになった (Hirai et al., 2000)。

我々は以上の結果から、住血吸虫類の進化について次のように要約してみた。まず、住血吸虫はアジア大陸で誕生し、はるか昔に2つのグループに分か

れた。そして、一方のグループは、アジアに存在し続け、新しい中間宿主に適応して人に寄生する日本住血吸虫グループを生じた。もう一方のグループは何らかの方法でアフリカに移動し、多様な中間宿主や終宿主に適応して、マンソン住血吸虫などのアフリカ系住血吸虫の祖先種を生じた。しかし、その一部は再びアフリカからアジアへ再移動し、現在のインデイカム住血吸虫グループの祖先種を生じた。

住血吸虫グループのアジアからアフリカへの移動、さらにその後のアフリカからアジアへの再移動という仮説は、にわかには信じがたいかもしれない。しかし、実は、Snyder & Loker (2000) も、その説明として、このグループの祖先種は、家畜などに寄生して、アフリカ大陸から移動してきたと推察している。しかし、アフリカ大陸からの再移動が、人類の家畜によるとする彼らの主張は、我々にとっては、納得がいかない。我々の分析では、両者の分岐は、おそらく数十万年から数百万年の単位と見積もられているからである。すると、どんなことが考えられるであろうか？このような大移動は、すでに述べたように説明が難しいが、他の動物でも知られていることではある。ここで、少し推測してみると、たとえば、アジアとアフリカに共通して分布する象やカバなどの大形の哺乳類によって運ばれたという可能性はどうであろうか。象は両大陸に現存するし、カバもアジアでの存在を示す化石が知られている。また、アジアの象には住血吸虫に近縁な別属 *Biviterobilharzia* の一種が寄生しているし、アフリカのカバにはカバ住血吸虫が特異的に寄生している。この住血吸虫は、アフリカの系統では、分子レベルからみると古い祖先タイプという。これらのことは、もちろん、単なる状況証拠であり、より直接的な化石などの証拠が必要であろう。我々は、今後このような可能性を証明する研究を地道におこなって行きたいと思っている。

おわりに

本稿では、ネグレクトされている寄生虫の一つ住血吸虫の生物学的側面について、我々の研究の一端を紹介した。以前、住血吸虫症の流行地であるフィリピンやブラジルに行ったことがある。慢性病であるためか、そこにすんでいる人々はあまり神経質そうではなかったような気がした。後に発症してくる肝硬変や肝がんなど、まるで気にしないかのようであった。別の機会にこの住血吸虫症の疫学的調査の話をしたと思う。紙面の都合上文献を割愛した。