

## ウイルスで追う民族の移動

医学博士 大友 信也

### 民族のマーカ―

民族学で民族の由来や活動を取り扱う場合には、歴史地理、言語、社会習慣などの文化要素が比較の物差しに使われている。更に人類学的な面も加わると、医学生物学的要素である解剖学的特徴や、血液型因子などの表現形質、またその基である遺伝形質などが登場してくる。遺伝形質では、解析すみの特定部分の遺伝子が、近時比較要素として使われた。

文化的要素は民族内で常に、またしばしば民族間で交流がおこっている。遺伝形質も世代毎に必ず交配が行われている。と云うことは、比較に使う要素や形質は段々混ざりあって、終局の平等に近づいているものである。古い時点で民族が持っていて、時代を経ても希釈や混合が起り難いような形質があると、それは民族を比較した

り又は追跡する際、都合の良いマーカ―になるであろう。

遺伝子の中でもミトコンドリア遺伝子というものはそのような性質を持っている。ミトコンドリアとは全ての細胞内に数個存在する内蔵小器官で、細胞のエネルギー代謝を行っている。細胞分裂の際はミトコンドリアも分裂して次の細胞に受け継がれるが、面白いことに受精の際は事情が違う。精子の頭部には核遺伝子がつまっています、ミトコンドリア遺伝子は尾部に収まっている。受精にあたっては、精子の頭部（核遺伝子）は卵細胞に受け入れられるが、尾部は捨てられるため、ミトコンドリア遺伝子は卵細胞にはいらない。結局受精卵細胞の核遺伝子は父母の両遺伝子の合体であるが、ミトコンドリアは母ミトコンドリアだけから出発することになる。母親が子供を籠絡しやすい（？）のは当然のことなのである。

ところで、ミトコンドリア遺伝子も、他の遺伝子と同様に個人的な特徴を持っている。そこでその特徴をマーカーにして追跡すると、母系だけの先祖を辿ることが出来る。近頃この方法を世界人類の先祖調べに応用した研究があり「現代人の祖先は二十万年前アフリカに発した」と報告された。母系始祖であるので、ミトコンドリアとあだ名が付けられている。この説はこの数年間論争の的になっていたが、ほぼ認められ定着したようである。(文献1、2参照)

### 垂直感染ウイルス

ミトコンドリア遺伝子のように、母親直系で伝えられるようなマーカーは他に無いだろうか？ 実はここで話題にしようとしている、垂直感染ウイルスがその候補なのである。

微生物の感染様式には、垂直感染と水平感染の二つがある。前者は母子感染ともいい、母親の持っていたウイルスが新生児へ感染することである。その垂直感染に三つのルートがある。一は風疹、ヘルペスウイルスなどが

起す子宮内感染であるが、これらのウイルスはむしろ水平感染を取る方が多く、今求めている基準に当てはまらない。二はB型肝炎ウイルス(HBV)の産道感染、三は成人T細胞白血病(ATL)ウイルス(HTLV-1)による乳汁感染である。二と三の両ウイルスは共に血液(体液)を介して感染するが、血液や体液に触れない限りヒトから横のヒトへの水平感染は起さない。(註参照)

と云う訳で、この二つのウイルスがヒトの間に連鎖として受け継がれているのは、母子感染によるのである。さらにそれらのウイルスにも幾つかに細分されるマーカーがあるので、それを使うと系統を遡ることが出来る。

### B型肝炎ウイルス(HBV)の伝搬

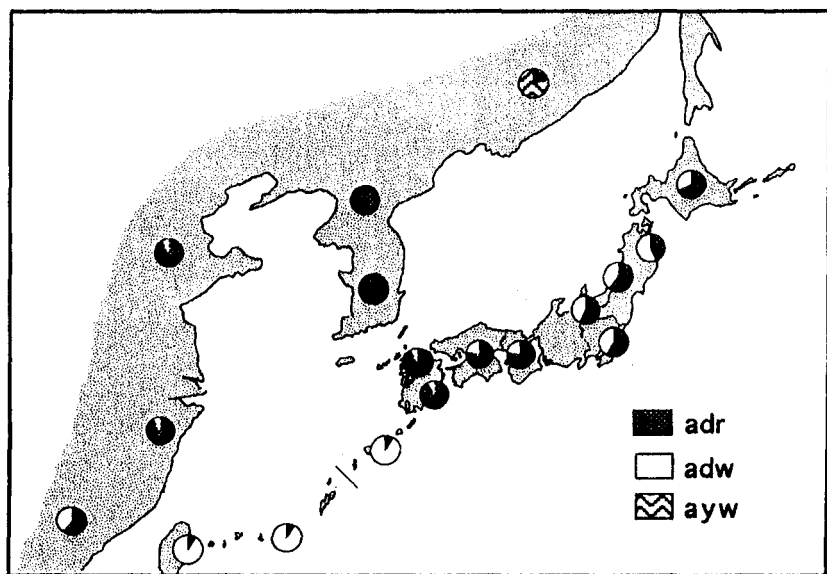
まず、B型肝炎を例にとってみよう。HBVには adw, adr, adw, ayr, ayw 四つのサブタイプがある。サブタイプの特徴を物差しとして使うとウイルス粒子でも、またウイルスに対する抗体でもそのサブタイプのレベル迄細かく区別できる。

ウイルスは一度感染すると多少とも体内で増殖する。

その先、病気を起こすこともあるが、多くはそのまま体から排除される。どちらの場合も感染を受けた体は抗体を作り、この抗体はいつまでも検査で検出できるし、当然 HBV のサブタイプまで見分けられる。そこである部族の女性が HBV-adv に感染し、その子孫が代々狭い範囲内で結婚を繰り返したとすると、数代のちのその部族内には、ある率で HBV-adv (のみ) の保菌者が観察されることになる。近代では部族と民族間の交流が激しくなっているため、このような部族内保存の傾向は段々小さくなりつつある。部族同士の交流の多寡はともかくとして、先ず HBV の侵入があるか？ そのサブタイプは？ と調べることで部族の異同と親近度を見分けることが出来る。

### B型肝炎ウイルスサブタイプの分布

日本と隣接国で、HBV の抗体がどのようにみられるか、を概略的に図1に示す。地図で見られることは、九州から関東にかけて非常に濃厚な adr 地区となっており、関東から北に向かうと adv の勢力が強くなっ

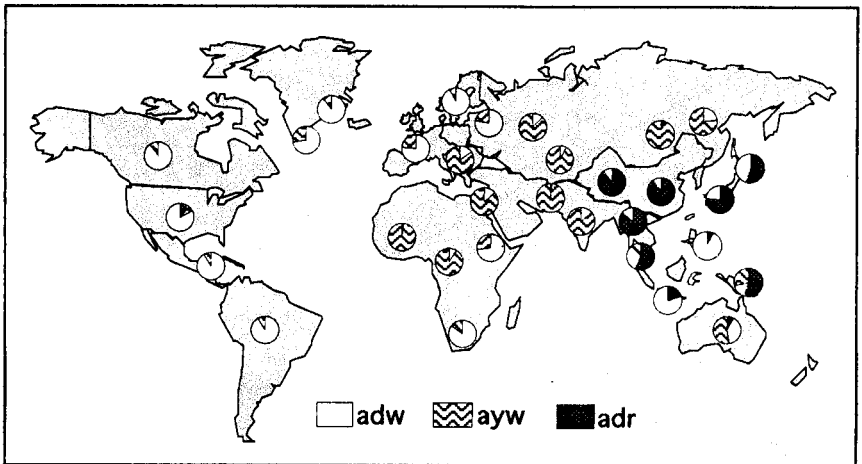


第一図

いる。反対に九州から南に向かうと、南西諸島から沖縄にかけて圧倒的に *adw* であり、この *adw* 優位はさらに台湾に続いている。実はもっと南の地域にまで *adw* 優位なのである。転じて大陸をみると、中国、韓国おしなべて *adr* で占められていて、*adw* は南方に少し顔を出すようになる。

古代の日本は *adw* を持った人々が北海道から沖縄まで住んでいて、そこに大陸から *adr* を持った人々が九州を拠点として入り、先住民を分断して南北に押しやったのではないだろうか。

図2では世界各地のB型肝炎のサブタイプ分布がみられる。先に日本の南西諸島でみた *adw* 優位は南に延び、台湾、フィリピン、マレーシア、インドネシアで更に強くなっている。一方の *adr* は中国、タイで優位なだけでかなり限局的である。その他の地域を見ると、日本にない型 *ayw* が出現し、この型は北アジア、中央アジアから中東、中部アフリカで最優位になっている。しかしヨーロッパ、カナダから中央、南アメリカには再び *adw* の優位がみられる。北米は *adw* と他の混合型となっ



第二図

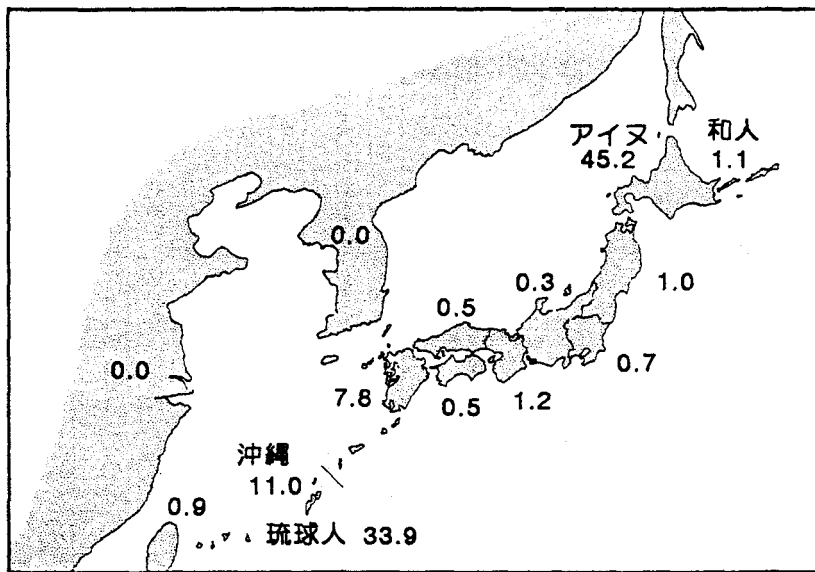
ている。

シベリア地方のデータが充分でないが、この地図をみると、マレーシア、インドネシア、フィリピン付近にあったいわゆるスダンランドから、ADW の帯が日本、シベリアを経て北米や北歐にのびていったように思えないだろうか。

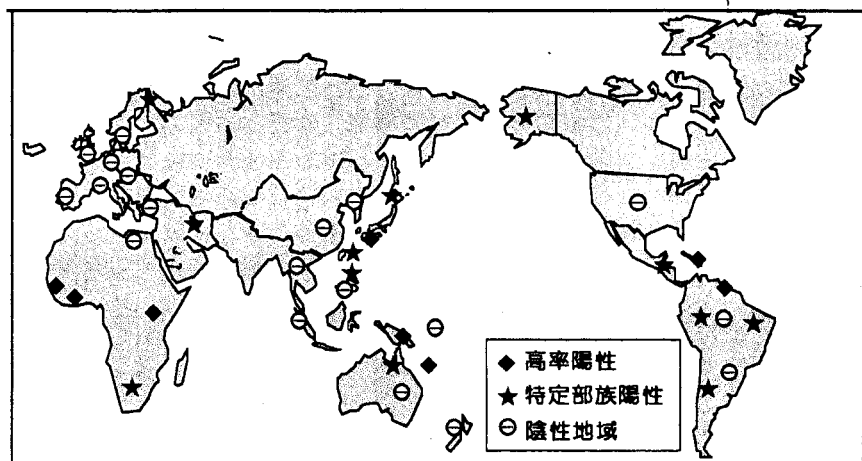
### 成人T細胞白血病ウイルスの偏在分布と移動

もう一つのウイルス、成人T細胞白血病(ATL)ウイルスに対する抗体の日本国内分布を図3の上でみよう。一目で判るように分布が非常に片寄っている。北海道、九州、沖縄の三カ所で高い抗体保有率であるが、その他の地域では極めて低い。

注目されることは、中国大陸には半島を含めて保有率0であること、九州人にいきなり高い率が、さらにアイヌと琉球両民族に極めて高い率が認められることである。この抗体分布から、先住民はATLウイルス保有集団であったが、非保有民族が大陸から九州に移住し、さらに先住民を分断、南北に圧迫したことが想像される。



第三図



第四図

このウイルス感染は当初日本人でのみ、特に九州出身者に見られ、奇妙なことと思われていたが、諸外国での調査が進むにつれあちこちに散在していることが判ってきた。しかしこのウイルス保有民族はやはり圧倒的に少なく、図4で見られるように、主として日本、インドネシア、中央アフリカ、カリブ海住民で認められている。

ところが最近、世界各地の、他民族と交流の少ない少数民族（原住民）のあるものに、高率のATL保有が報告された。例えばフィリッピンの山岳民族「アエタ」、パプアニューギニアのいわゆる「メラネシア」、オーストラリア原住民「アボリジニ」、アラスカの「イヌイト」、イランに残る「マシャジュダヤ」、南米に残る幾つかの「アメリカンディアン」部族等である。日本のアイヌ、琉球両民族との、ATLウイルスを介した関連性が考えられる。

#### 感染ウイルス遺伝子の変異と系統樹

HBVの感染を受けた体は抗体を作り、普通は免疫力でウイルスを体内から駆逐してしまう。感染の有無は抗

体検査で判るが、ウイルス本体の検査は出来ない。ところが ATL ウイルス (HTLV-1) の場合はその感染様式が特異的である。

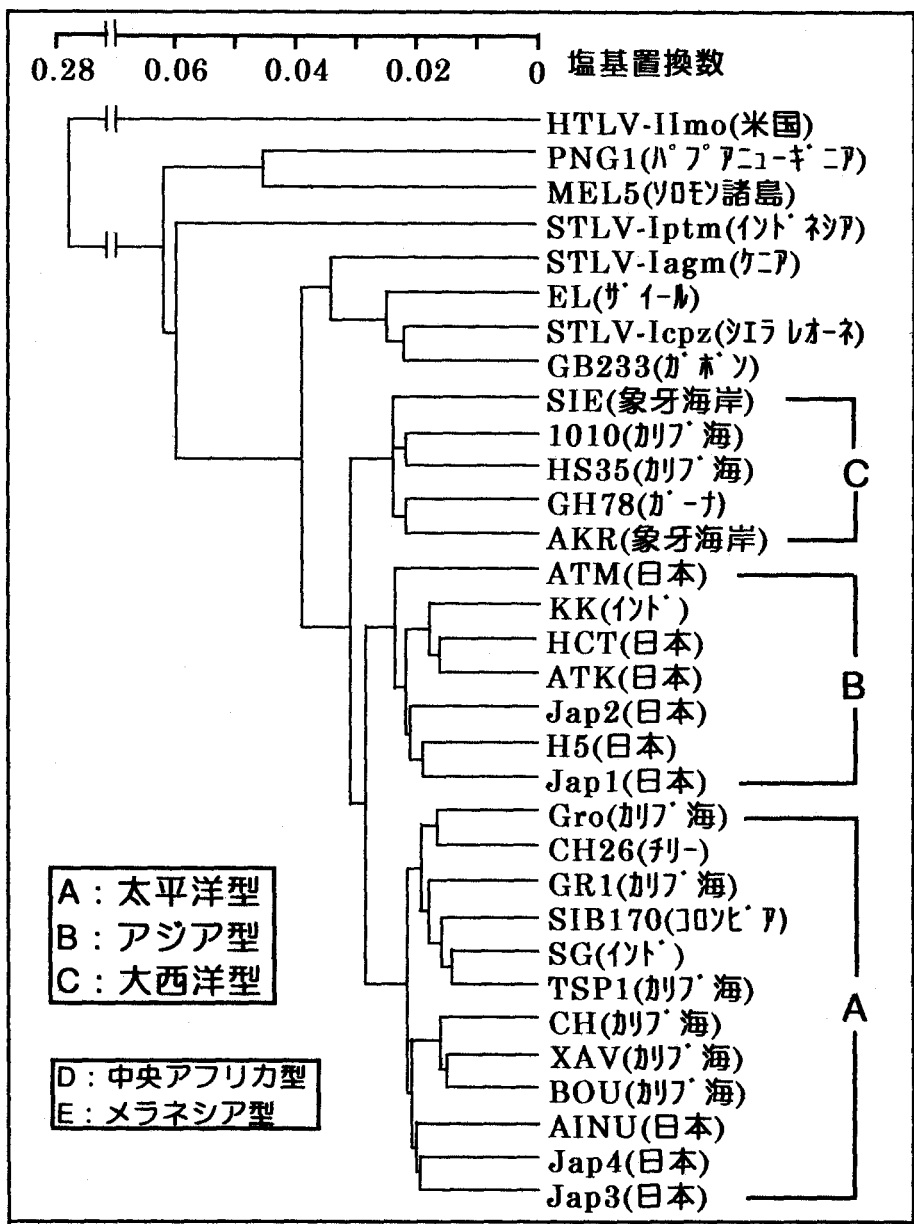
このウイルスはレトロウイルス群 (エイズウイルスもこの中のメンバー) の一つで、感染するとウイルス遺伝子は宿主細胞 (Tリンパ球など) の核内染色体の中にもぐり込み、宿主細胞遺伝子の一部になります。したがって細胞分裂の時は、細胞遺伝子と一緒にウイルス遺伝子も、次代細胞に伝えられることになる。このため一度感染を受けた個体は、終生ウイルス遺伝子を自分の細胞内に持っている状態となる。発病予備状態でもあるが、同時にいつでも検査でそのウイルス遺伝子を取り出し、解析することが可能なのである。

同じ種類のウイルスであれば、その遺伝子の指令文章 (塩基の並び方) は同じである。しかし細胞の中で盛んに複製されるときには、塩基 (指令文字) の取り違いがおこることがある。また宇宙線、放射線、化学物質などが晒されることでも塩基に変換が起こることもある。これが変異である。反対に生体は遺伝子の変異に対する抵

抗性や、修繕する力を持っているが、その程度は種によって大きく異なる。哺乳類などでは修復力が大きいので変異が起こり難い。ウイルスは修復力が小さく、変異が高頻度で起こる。そのなかでも ATL が含まれるレトロウイルスはこの変異速度が最も速い。

分離場所や分離時代が異なるいくつかのウイルス株の遺伝子について、ある特定部分の塩基配列を較べると、いくつかの塩基に違いがあるのに気付く。これらの違いが起こっている塩基の種類と数を比較することで、それらのウイルス分離株どうしの遠近関係 (株間距離、似ているまたは違っている程度) を測ることが出来る。この株間距離に従って、それらのウイルス株どうしを線で結ぶと系統樹が出来る。(図5)

そこで、ウイルスの株とそれを分離したヒト (部族) を同一とみなすと、ここに部族 (民族) 間の距離をみることになる。図5の系統樹は ATL ウイルス株の系統を示すものであるが、すなわち、部族間 (あるいは個人間) の遠近関係を示すと考えてもよい。図5で注目される点がいくつかある。まづニューギニア株が最も古い位



第五図



置にあることである。どうやらこのウイルスはその辺りの部族に始まり、東西南北へと拡散したのではあるまいか？ また次に、いくつかの日本株と中、南米株（カリブ海株の一部、コロンビア株、チリー株）が同一A群にまとめられることである。換言すると、ウイルスを受け継いだ古い時代、同じ場所にいた、ないしは密接な交流関係にあった部族（民族）が、現在（起源的には古代）日本と中、南米に在住しているということである。保有ウイルスの株どうしの遠近関係から云いえることである。

## 結び

二つのウイルスの足跡を追うことで、日本民族とその他の民族との交流や連動をみてきた。古代の日本での先住民族と大陸民族とのかかわり合いが、両ウイルスの場合どちらも同じようなパターンで説明される。古代の日本にきた二つのウイルスの原流はまだ確認されていないが、今までの報告からは、どうも南のスタンダードないしその付近が一つの候補に思える。その部族（ら）は一万余千年前さらに北上して北歐へ、またはベーリングを通り

アメリカ大陸に移動したのであろう。民族に焼き付けられた、ウイルスのスタンブを調べることで、それら民族の移動を追いかけることが可能である。

註：誤解を防ぐために二つ付け加える。一つは、母子感染の結果は、あたかも遺伝疾患のようにみえるが、本当は遺伝ではない、ということ。ウイルスの遺伝子が感染相手の、生殖細胞の遺伝子に組み込まれた場合、はじめて遺伝の形になる。通常のウイルス感染ではそういうこととは起こらない。二つは、ここで取り上げているウイルスの母子感染率は、どちらもおよそ三割強である。従って人口増加率が大きくない限り、被感染数は漸減する。

## 参考文献

1. Cann, R. L., Stoneking, M. & Wilson, A. C. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325, (6099) 31-36 1987

2. Newton Special (協力 江原昭善、尾本恵市ら)

人類はアフリカで生まれた、人類の起源をめぐるなど

を追う、ニートン、11,62-87,1991

3、西岡久寿弥 B型肝炎ウイルスと人類の自然史  
特に地理病理学的特性について、日本学士院紀要  
38,1-19,1982

4、日沼頼夫 新ウイルス物語 日本人の起源を探る  
中公新書 1986

5、Tajima,K.& Hinuma,Y. Epidemiology of HTLV-I  
/II in Japan and in the world. Gann Mono.39,  
"Advances in ATL and HTLV-I Research" Hinu-  
ma, Y. et al. ed. Japan Scientific Society, Tokyo,  
129-14 9,1992.

6、田島和雄 HTLV. 病理と臨床 11,54-64,1993

7、速水正憲 三浦智行 霊長類レトロウイルスの分子  
進化 病理と臨床 11,47-53,1993

8、Miyra,T. et al: Phylogenetic subtypes of humn  
T-lymphotropic virus type 1 and their relations  
to the anthropological background. Proc.Natl.  
Acad. Sci. USA,91,1124-1127,1994

#### 図の説明

図1 B型肝炎ウイルスサブタイプの日本、隣接国内分  
布、文献3をもとに改変。

図2 B型肝炎ウイルスサブタイプの世界分布、文献3  
および、WHO Tech.Report Series No.602Adv.  
viral hepatitis,1977の資料による。

図3 日本、隣接国での HTLV-Iウイルスキャリアの  
密度(%) 文献4・5を基にした。

図4 HTLV-Iウイルス抗体陽性者の世界分布 文献

5、6の資料から概略図とした。

図5 HTLV-/STLVの分子進化系統樹、文献7、8  
の資料を改変した STLVとはサルにみられるH  
FLVの亜型ウイルスで両者に密接か関係がある  
上に塩基置換数とあるが、この計算値で距離がで  
るし、また株どつしが別れてからの年数も判る群  
別記号のA,B,Cは国際的に使われているが、C,D  
は速水らの提唱による。

(大分臨床検査技師専門学校 校長)