熱帯熱マラリア原虫はゴリラ由来

Human malarial parasite came from gorillas

Joseph Milton 2010年9月22日 オンライン掲載
www.nature.com/news/2010/100922/full/news.2010.486.html

ヒトで最も致死率の高いタイプのマラリアを引き起こす熱帯熱マラリア原虫は、チンパンジー由来ではなかった。

ヒトの熱帯熱マラリア原虫に最も近縁なのは、ニシゴリラに感染するマラリア原虫である。

TERRY WHITTAKER/ALAMY

類人猿に感染するマラリア原虫の広範な解析で、熱帯熱マラリア原虫（*Plasmodium falciparum*）が、ゴリラ由来であることが示唆された。ヒトのマラリアの原因となるマラリア原虫5種のうち、熱帯熱マラリア原虫は群を抜いて感染率が高く、毎年数億人の患者と100万人を超える死者を出している。この原虫の起源の解明は、熱帯熱マラリアの医療戦略にとって役立つだろうと期待されている。

これまで、熱帯熱マラリア原虫に最も近縁なのは、チンパンジーに感染するマラリア原虫 *P. reichenowi* だと考えられてきた。しかし、従来の研究対象は少数の類人猿に限られ、多くは飼育個体群であり、野生個体群が *Plasmodium* 属原虫種の自然宿主になっているかどうかはわかっていなかった。

近縁種の原虫

今回、アラバマ大学（米国バーミンガム）の Beatrice Hahn らは、サハラ以南アフリカに生息する野生のチンパンジー、ボノボ、ゴリラを対象に、熱帯熱マラリア原虫に近縁な類人猿マラリア原虫の遺伝子を解析した[1]。研究チームは、HIVの進化を調べるための標本バンクに保存されている糞試料（チンパンジー1827個、ゴリラ803個、ボノボ107個）を用い、そこに含まれる *Plasmodium* 属原虫の DNA 塩基配列を解読した。特にミトコンドリア DNA に注目し、その塩基配列をもとにマラリア原虫種の類縁関係を示す系統樹も作製した。

解析の結果、チンパンジーとニシゴリラで *Plasmodium* 属原虫の感染が高く、それらが自然宿主であることがわかった。一方、ヒガシゴリラとボノボには感染が認められなかった。また、チンパンジーとニシゴリラには少なくとも9種の *Plasmodium* 属原虫が感染し、そのうち3種は未知のものだった。9種のうち1種を除くすべての原虫は近縁度が非常に高く、*Laverania* 亜属に入り、宿主特異性が高かった。そして、今回試料に用いたヒト由来の熱帯熱マラリア原虫は、カメルーンや中央アフリカ共和国、コンゴ民主共和国に生息するニシゴリラに感染している原虫に最も近縁なことが明らかになった。しかも、ヒトの熱帯熱マラリア原虫は、1回きりの宿主移動イベントで生じた可能性が高いと推測された。

ロンドン大学ユニバーシティカレッジ（英国）の進化生物学者 Daniel Jeffares は、「すばらしい成果です。原虫の解明という点で、研究の流れを一変させるものです」と語っている。

起源は1つだけ？

「ヒト病原体の由来については、進化上、興味深い問題です」と、この研究にかかわったエディンバラ大学（英国）の Paul Sharp は話す。「我々は、同様の宿主移動が今後また起こる可能性があると考えています」。

しかし Jeffares によれば、1回限りの伝播を確認するには、今回よりも多くの熱帯熱マラリア原虫試料を解析する必要があるだろうという。一方 Sharp は、今回調べた試料は原虫種全体を反映したものだという。熱帯熱マラリア原虫の遺伝的多様性は、類人猿の *Plasmodium* 属原虫種の遺伝的多様性と比べて低いからだ。これに対し Jeffares は、熱帯熱マラリア原虫の遺伝的多様性が低いというのは、古い文献に基づく誤った通念だとしている。「新しい複数の論文から、地域の違いによってかなりの多様性があることが明らかになっています。もっときちんと調べていたら、複数の起源が見つかっていたかもしれません」と彼は話す。

もし、熱帯熱マラリア原虫が本当に、1回の伝播だけでヒトに宿主移動したのなら、この研究で明らかになった類縁関係から、異種宿主間の原虫伝播はまれだと考えられる。これは、マラリア撲滅にとって好都合だ。現生の原虫を撲滅できれば、次に別のマラリア原虫が類人猿からヒトに伝播するまで数十万年はかかると考えられるからだ。しかし Sharp は、この撲滅は、「別のマラリア原虫がヒトに宿主移動するためのニッチ（生態上のすき間）を空けるにすぎない」のではないかと考えている。

今回の研究は、類人猿のマラリア原虫がヒトに感染するようになる遺伝的変化を見つけ出すのに役立つだろう。「ゲノム全体をくまなく調べれば、急速な進化が起こった箇所を見つけ出すことができるでしょう」と Jeffares は話している。 ■

（翻訳：船田晶子）

1. Liu, W. *et al. Nature* **467**, 420-425 (2010).

©2010 NPG Nature Asia-Pacific. All rights reserved