

日本で伝播している日本脳炎ウイルスの変遷 1935-2002

馬 紹平¹ 森田 公一² 只野 昌之³ 小河 正雄⁴大分大学 医学部 感染分子病態制御¹ 長崎大学 熱帯医学研究所 構造解析分野²
琉球大学 大学院 病原生物³ 大分県衛生環境研究センター⁴

【目的】 日本脳炎ウイルス(JEV)は、ウイルスの分離地をもとに4つの遺伝子型に分類されている。日本では、これまで分離されてきた株はChen・Aliらの分類でgenotype 3 (GIII)に属するとされてきた。演者らは、1990年代初頭以降にタイ北部・カンボジアに分布しているとされている genotype 1型(GI)株が日本で伝播している事を発見・報告した。GIII株分布地へのGI株の出現は、同時期に韓国・ベトナムでも報告されている。しかしそのGI株の由来を明らかではなかった。今回日本で分離されたGI株の由来を明らかにする目的で、prM領域をもとに系統解析を行った。

【方法】 1965～2002年に日本で分離された69株のJEVのprM領域240塩基をダイレクトシーケンス法で塩基配列を決定した。これら69株と既報の日本・韓国・台湾・タイ分離株を加えた合計86株をClustal W (1.81)を用い近隣結合法(NJ)で解析した。

【成績】 解析した86株は、年代毎に6つの集団になった。これらの集団に仮にcluster A～GIと名付けると：1930年代～の株からなるcluster A、50年代の株を代表するされるcluster B、1960～1970年代の分離株からなるcluster C、1980年前後に少数みられたcluster D、80年代分離株の多数が含まれるcluster E、1990年代以降GI株からなるcluster GIであった。同時期に複数のclusterに属する株が共存していることも明らかになった。またcluster GIを除き韓国・台湾株は、基本的にこれらclusterの外に存在した。

【結論】 日本・韓国・ベトナムにほぼ同時期にGI株が出現したことのひとつの説明として、渡り鳥による持ち込みが考えられている。渡りの経路には台湾・琉球列島と中国大陸・朝鮮半島の2系統があるとされている。今回の系統解析の結果、日本・韓国で分離されたJEVは共通の祖先を有していると考えられた。また日本・韓国でGI株が報告された1990年代に、台湾では依然GIII (cluster D)株が伝播していたことも明らかになった。1990年代以降日本にみられるGI株は台湾経由ではなく、中国経由で日本に持ち込まれたと考えられた。

Shift of Japanese encephalitis virus propagating in Japan, 1935-2002

SHAO-PING MA

Div of Epidemiology, Dept Infectious Disease, Fac. Med., Oita Univ., Hasama, Oita, Japan