

ゲノム情報からウイルスの進化に“有利”な変異を見つけるアルゴリズム

A novel approach to identifying potentially beneficial mutations in viral genome associated with selective sweep evolution

古瀬 祐気

京都大学 ウイルス・再生医科学研究所 / 白眉センター

Yuki Furuse

Institute for Frontier Life and Medical Sciences / Hakubi Center for Advanced Research, Kyoto University

要約

ウイルスの生態システムを理解するためには、それを形成するウイルス集団の多様性と進化を理解することが重要である。進化の様子を決定する要因として「選択」がある。これまでの進化学ではこれらの「選択」を遺伝子単位で議論してきたが、進化速度が速くそれを経時的に観察できるウイルスを対象とすれば、「選択」を各アミノ酸をコードするコドンのレベルで検出することも可能となる。本研究では、進化上の「選択」の中でも、フィットネスの高い個体が優先的に子孫を残す「selective sweep」という概念に着目し、「selective sweep」を受けている遺伝子上の箇所を各コドンのレベルで検出することを試みた。

特定の変異をもつ単系統の集団が selective sweep を受けるとき、この集団の有効個体数がほかの集団よりも速く増加すると考えられる。そこで、特定の変異をもつ単系統の集団を最尤法によって同定し、中立状態から逸脱した有効個体数の増加を Tajima's D によって検出するアルゴリズムを考案・開発した。つぎに、さまざまな条件下でのウイルス遺伝子進化をシミュレーションによって再現し、“人為的に組み込んだ有利な変異”を、開発したアルゴリズムによって同定できることを確認した。さらに、自然界で進化を遂げたインフルエンザウイルスやエボラウイルスの遺伝子情報をデータとして用いて、これまでに実験的に報告されていた“有利な変異”を、本アルゴリズムによって塩基配列のみから同定することに成功した。