

比較ゲノム解析によるマラリア原虫の進化史と拡散過程の解明

大阪大学 微生物病研究所 有末 伸子

筑波大学 医学医療系 久米 慶太郎

東京女子医科大学 国際環境・熱帯医学講座 本間 一

目的 マラリア原虫*Plasmodium*属の系統を明らかにして、病原性や生態など生物としてのマラリアを理解するとともに現生人類の進化史との関係でマラリアの拡散過程を解明することにより、マラリアの疫学的解析の基盤となる情報を得る。

内容 NGSで新規に解読した未発表のサルマラリア原虫の配列データと公的データベースに保存されている宿主が異なる様々なマラリア原虫の配列データについて、すべてオルソログ蛋白質コード遺伝子について、塩基配列およびアミノ酸配列レベルでのアライメントを行い、それをもとにフィロゲノミクス解析により、マラリア原虫全体の系統樹を明らかにする。一方、世界各地から収集されたヒトのマラリア原虫に関する配列情報を精査し、人類史における民族の移動とマラリアの拡散に関する研究を行うための予備的データ解析を行う。

結果 本年度は三日熱マラリア原虫とその近縁種を含む 13OTUs-2,052,261アミノ酸座位、13OTUs-4,104,522塩基座位、ヒトを宿主とする4種のマラリア原虫とその近縁種を含む 18OTUs-1,453,111アミノ酸座位、18OTUs-2,906,222塩基座位 (塩基座位はコドンポジション 1 と 2 を使用) の4つのデータセットについて、Phylobayes MPIにより解析を行なった。

13OTUsアミノ酸配列データセットについては $\text{maxdiff} < 0.2$ 、18OTUsアミノ酸配列データセットおよび18OTUs核酸配列データセットについては $\text{maxdiff} < 0.1$ で収束する見通しが立っており、解析を継続する予定である。しかし13OTUs塩基配列データセットについてはlocal maximumでスタックしていると考えられるため、再解析を行う予定である。

利用した計算機	OCTOPUS
ノード時間	1,000 時間
使用メモリ	400GB
並列化	4並列