

ウイルスの多様化と生物進化の関係の解明

Elucidation of the relationship between viral diversification and biological evolution

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター化学生命科学研究領域 吉川 元貴

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用して、ウイルスの進化の時間スケールを反映した系統樹(timetre)を構築し、多様化率の解析を行った。

具体的には、Virus-Host DB に含まれるピコルナウイルス科(*Picornaviridae*)について、1A (VP4)、1B (VP2)、1C (VP3)、1D (VP1)、2C (ヘリカーゼ)、3C (プロテアーゼ)、及び 3D (RNA 依存性 RNA ポリメラーゼ)の各タンパク質の遺伝子配列を取得した。これらの各領域について、MAFFT を用いてアライメントを構築し、HMMER を用いてプロファイル隠れマルコフモデル(プロファイル HMM)を作成した。さらに、Virus-Host DB に対してプロファイル検索を行い、ウイルスホモログを同定した。こうして得られた各領域の遺伝子配列について、MAFFT を用いてアライメントを作成し、RaxML を用いて最尤法に基づく分子系統樹を構築した。その結果、1C、2C、3C、及び 3D が各系統でよく保存され、多様化率の解析に適しているとの示唆を得た。各系統樹について、RelTime を用いて各ノードの相対分岐年代を推定し、多様化率の解析を行った。今後は、生物とウイルスの多様化速度の変化を比較することで、生物・ウイルス間の相互作用が多様化を促したのかを検証する予定である。

発表論文(謝辞あり)

発表論文(謝辞なし)

本年度は共になし。