

1. 本課題の研究の背景、目的、関係する課題との関係
本研究の目的は、集団の進化ダイナミクスが空間構造や環境変動によってどのように影響を受けるかを理論的に明らかにすることである。

ある集団が新たな空間に侵入する際、個体密度の時間発展は Fisher-Kolmogorov-Petrovskii-Piskunov (FKPP) 方程式による伝播波のモデルや、ネットワーク構造を考慮した集団動態モデルで表現できる。近年、空間構造の違いが集団の遺伝的特性に大きな影響を与えることが明らかになってきた。さらに、酵母、大腸菌、ウイルスなどの微生物を用いた進化実験においても、空間構造の重要性が明らかになりつつある。

また、このような空間拡大の動態を理解することは、ウイルス感染動態の理解にもつながるため、公衆衛生上も重要である。本研究では、遺伝的情報と空間構造との関係を明確にすることで、これらの実験に対する理論的な基盤を提供することを目指す。

2. 具体的な利用内容、計算方法

空間を離散化し、格子上またはネットワーク上で確率的に成長・移動する個体群のモデルを考える。遺伝的情報を解析するために、集団内の個体にラベルを付与し、一定時間経過後の遺伝的变化を解析した。さらに、与えられた遺伝的な時系列データから空間的なダイナミクスに関するパラメータを推定する統計手法を考案した。具体的には、カルマンフィルターを改良し、観測ノイズおよび遺伝的浮動を考慮した形式で migration matrix を推定する手法を開発した。この手法は C 言語および Python で実装した。

3. 結果

空間構造をもつ集団の遺伝的時系列データから、集団がどのようなネットワーク構造をもっているかを推定する集団遺伝学的手法を開発した。本研究で開発した手法の性能を検証するために、Wright-Fisher モデルと呼ばれる標準的な進化シミュレーションを実行し、そのデータに対して本手法を適用することで、空間構造を正しく推定できることを

確認した。

また、人集団に蔓延するウイルスの実際の遺伝的データに本手法を適用することで、感染ネットワークおよび各地域での感染者数を推定することに成功した。

4. まとめ

本研究では、空間構造や環境変動が集団の進化ダイナミクスに与える影響を理論的に解明することを目的とした。特に、ネットワーク上での集団動態を考慮したモデルを用いて、空間構造が遺伝的特性に及ぼす影響を調べた。具体的には、離散的な空間上で個体が確率的に増殖・移動するモデルを構築し、個体にラベルを付与することで集団の遺伝的变化を解析した。

さらに、遺伝的時系列データから空間ダイナミクスの特性を推定する手法を開発し、カルマンフィルターを改良することで、観測ノイズや遺伝的浮動を考慮した形で migration matrix の推定を可能にした。本手法の有効性を、標準的な進化シミュレーションである Wright-Fisher モデルで検証するとともに、実際の応用例として、人集団におけるウイルスの遺伝的データを解析し、感染ネットワークの推定に成功した。

本研究の成果は現在投稿中である。

5. 今後の計画・展望

本研究の手法は、集団の進化ダイナミクスと空間構造との関係を理論的に明らかにするための枠組みを提供するものである。今後、さまざまなウイルスデータに応用することで、実際の進化ダイナミクスを定量的に解明できると期待される。

また、推定されたネットワーク構造は、スケールフリー性や高いクラスター性を示していることが明らかになった。このようなネットワークの特徴と進化のモードを理論的に解明することは、今後の課題である。