

第29回

グローバル感染症研究セミナー



2024年7月5日
16:30-17:30

参加登録はこちら

<https://forms.gle/vQaJny5DyftSLmDa8>



演者：山本 雅裕 先生

大阪大学微生物病研究所感染症態分野 教授

ハイブリッド開催

(Zoom、グローバル感染症研究センター棟 1F多目的室)

極東アジアのトキソプラズマの集団遺伝学 —日本の超強毒型トキソプラズマは、どこから来たのか？—

トキソプラズマは免疫不全のヒトや初感染の妊婦に感染すると、重篤なトキソプラズマ症を引き起こす寄生虫（原虫）である。世界人口の約3分の1に感染している日和見病原体であり、世界中には色々な種類のトキソプラズマが存在することが徐々に分かって来つつあり、制限酵素断片多型（RFLP）解析の結果、トキソプラズマには16個の異なる遺伝的集団（ハプログループ・HG）が存在することが報告されている。例えば、北米や西ヨーロッパにはHG1、HG2、HG3型が多く存在し、さらに北米の野生動物にはHG12型が存在する。また、南米にはHG4、HG5、HG6、HG10型などが混在し、逆に中国ではHG13型に集約されることが知られている。このように、トキソプラズマは地域によって特色のあるHGから成り立っている。日本産のトキソプラズマは、例えば沖縄県で分離された株は、マウスのみならず大動物であるブタも殺すほど超強毒型であり、表現型としても非常にユニークである。しかし、日本のトキソプラズマのHG解析はほとんど進んでいない。その理由として、既存のRFLP解析やゲノムの塩基配列解析では対象としている1塩基多型（SNP）の数が少ないために解像度が低く、正確にHGを判定できないことが挙げられる。

本セミナーでは、米国・NIAIDと共同で開発した集団遺伝学解析ソフト「POPSICLE」を用いて、日本のトキソプラズマの全ゲノムレベルでのSNP解析を行った結果、日本のトキソプラズマを形成するHGと独特な祖先（ルーツ）を解明した最新の研究の成果について発表する。

世話人 小林 隆志

(医学部感染予防医学講座 教授、グローバル感染症研究センター兼任)

セミナー問合せ先

大分大学グローバル感染症研究センター共同利用・共同研究係 (5444)

TEL 097 (586) 5444 E-mail glocal@oita-u.ac.jp