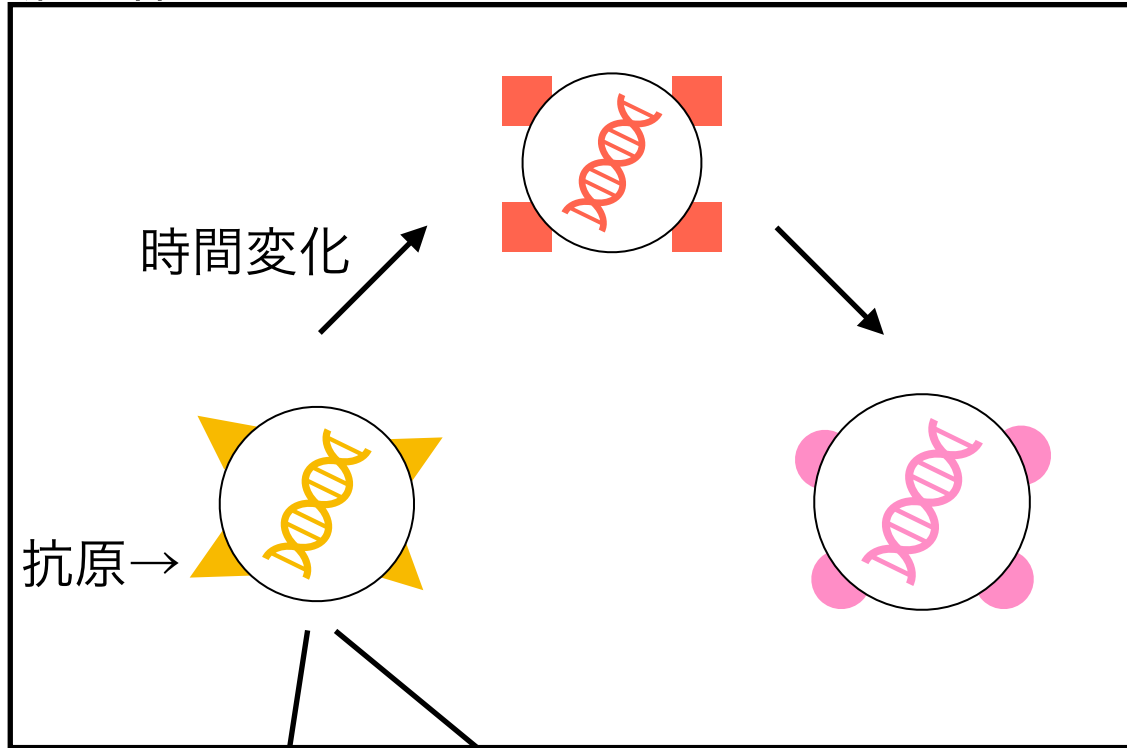


# Two Sides of the Same Coin

High Non-Neutral Diversity and High-Dimensional Trait Space  
in Pathogen Populations and Ecological Communities

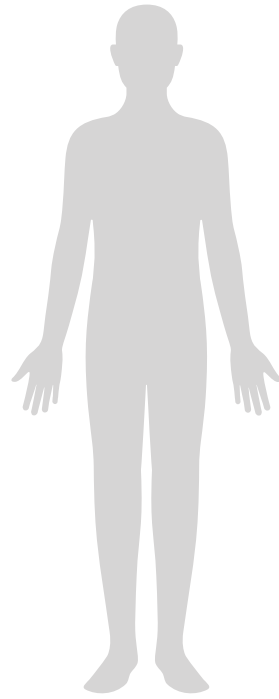
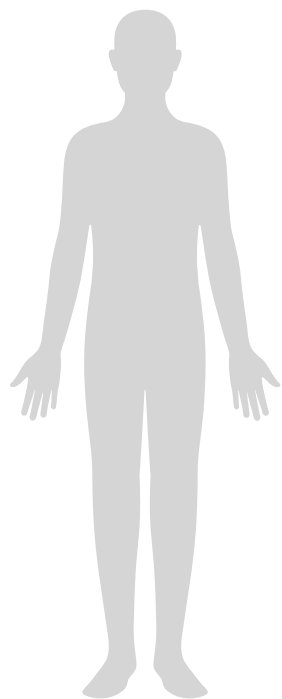
*Mercedes Pascual*

病原体

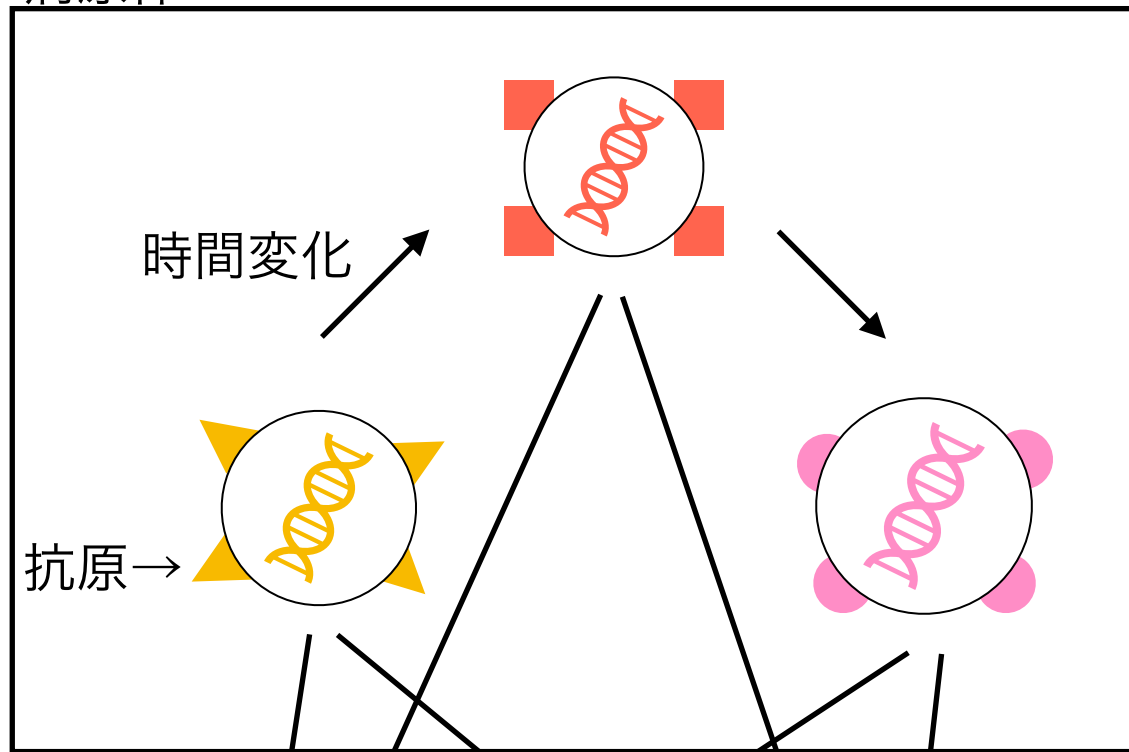


感染不可能  
(生き残れない)

感染可能  
(生き残れる)



病原体



病原体の多様性の生成プロセス

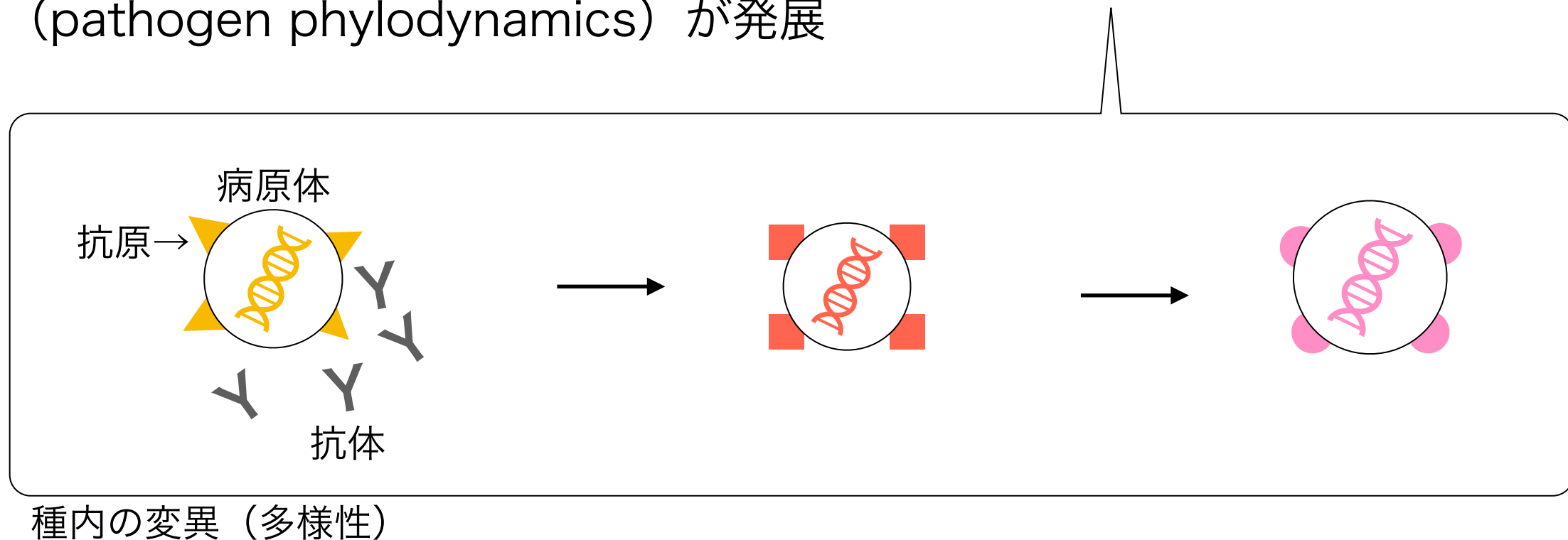
- ・（進化のような）時間変化で生成される
- ・ 非感染者をめぐる病原体間の相互作用

# 病原体生態学と群集生態学の類似性

- 群集生態学の多様性に関する問いと感染症の生態学は似ている
  - （群集生態学）どんなプロセスで多様性が形成されているのか？
  - （感染症生態学）どんなプロセスが病原体の遺伝的多様性を形成するのか？
  - どちらもミクロからマクロまでの関係性に関心がある
- 本章では、共存を安定化させるnon-neutralな力（生態学的相互作用）に関するopen questionに着目
  - マラリア, 季節性インフルエンザ

# 病原体生態学と群集生態学の類似性

- 生態学では、Hubbellの中立理論によって群集生態学におけるマクロなパターン（e.g., rank-abundance curves）のプロセスが明らかとなった
  - 中立・非中立を区別するパターンやニッチ形成に関連する生態学的相互作用の役割を研究するようになった
  - 近年では、ある空間範囲における共存種について、多様性・系統樹のトポロジー・形質の関係性をリンクする研究分野が出てきている（community phylogenetic）
- 病原体の生態学では、個体群動態と遺伝的/抗原多様性の相互影響に関する研究分野（pathogen phylodynamics）が発展

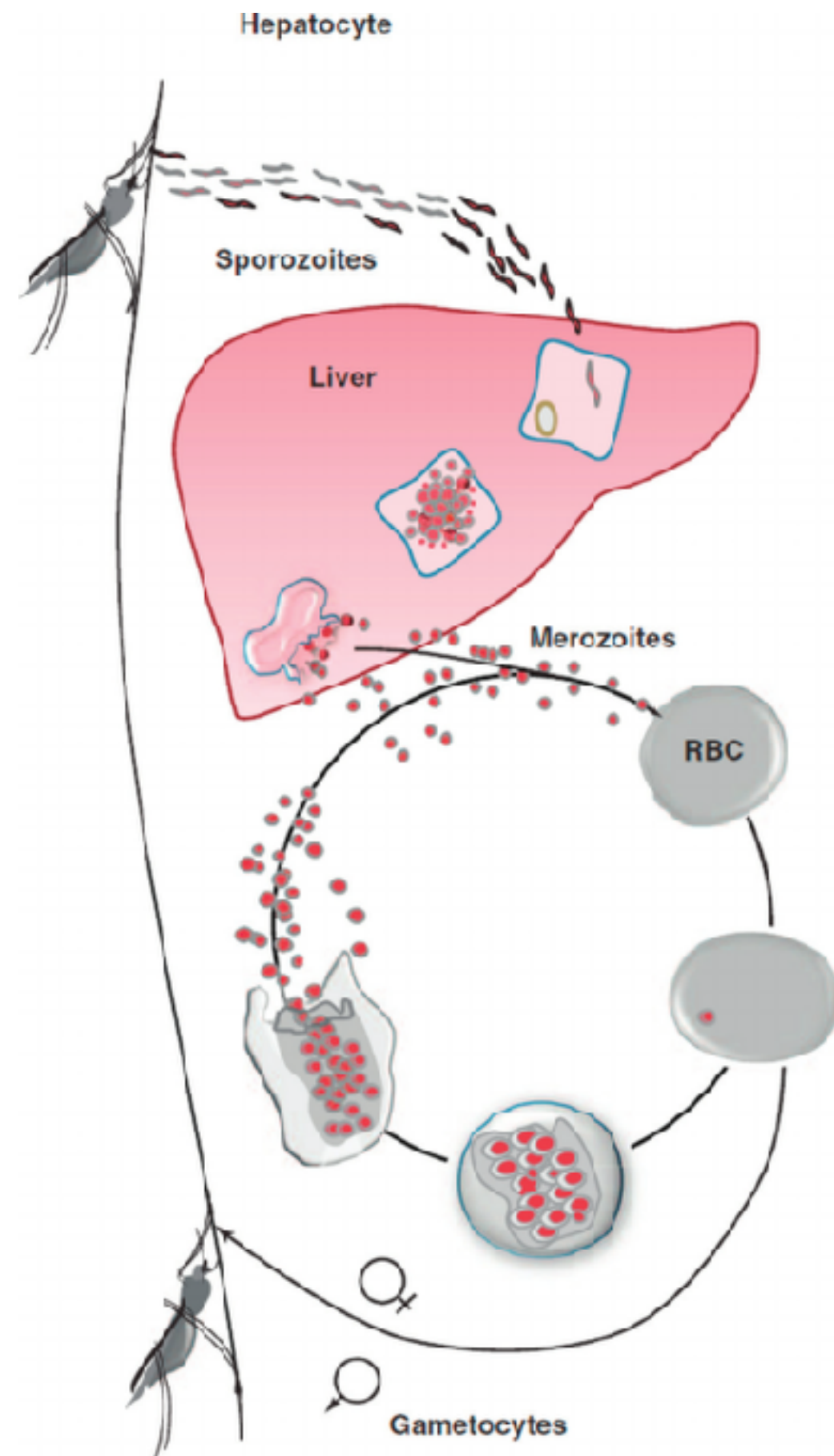


# 病原体生態学と群集生態学の類似性

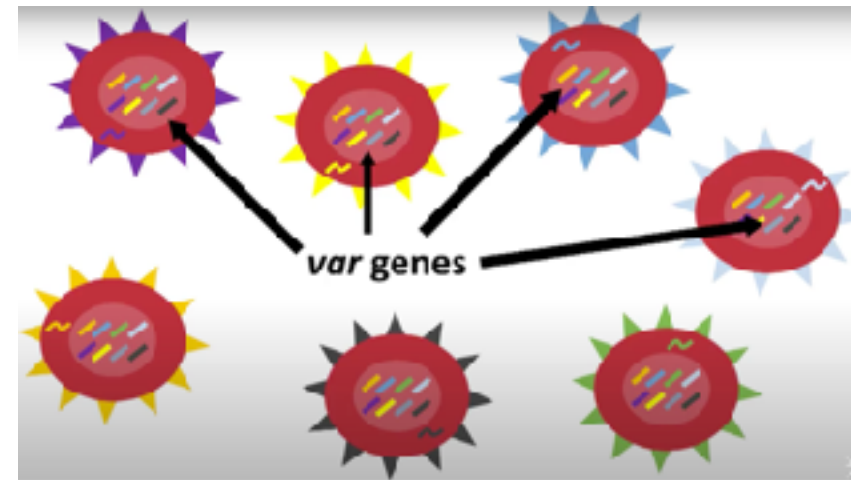
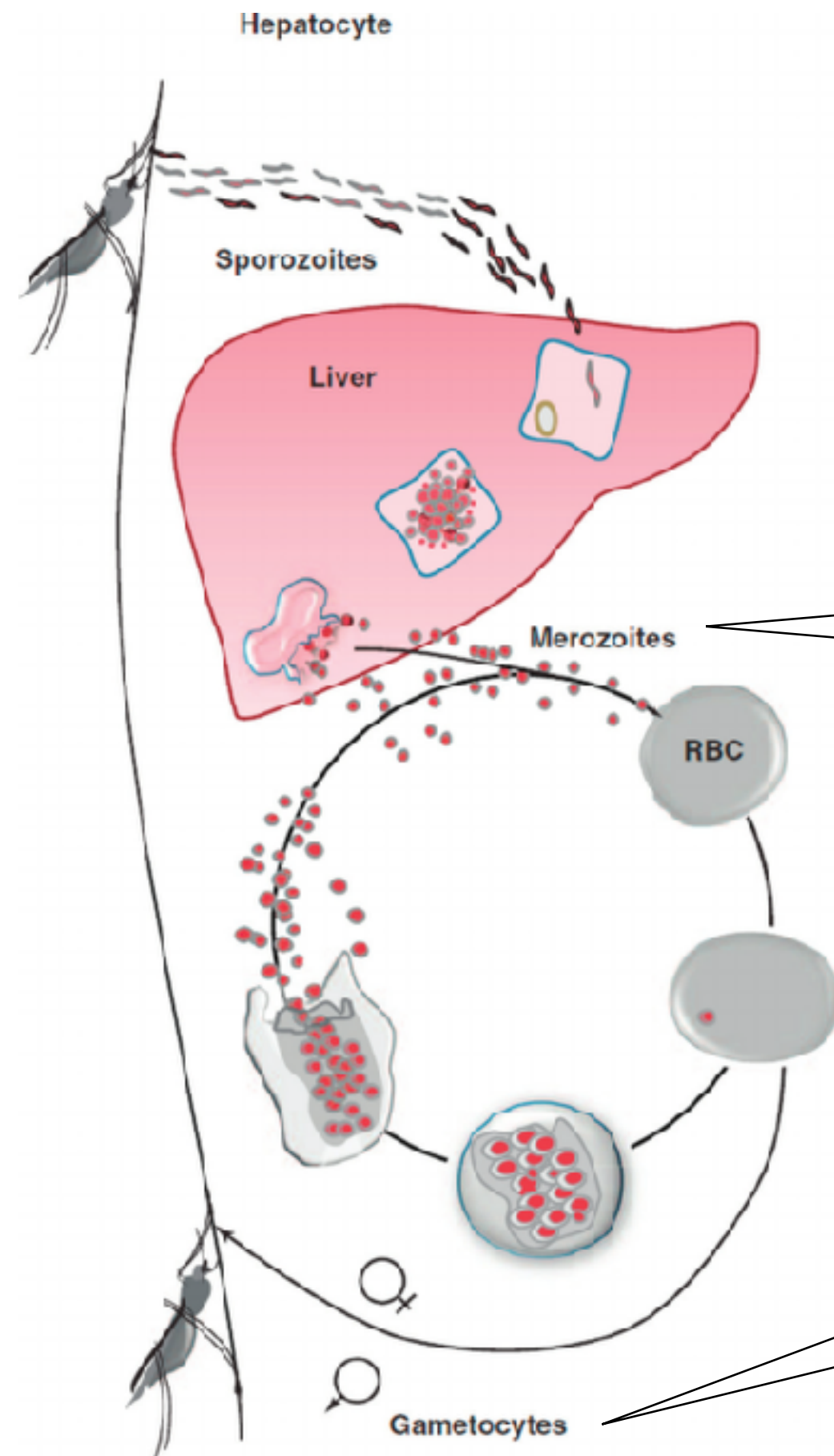
- 季節性インフルエンザH3N2（A香港型）のphylodynamicsは、生態学的・進化学的プロセスに対する感受性が高いことが理論研究から分かっている
  - 競争の強さだけではなく、抗原進化のスピードが共存に重要（抗原の進化速度が中程度だと共存するけど、遅いと置きかわりが起きる）だが、抗原進化のスピードはニッチを確立するほど早い進化ではない
  - 定量的理論と統計的推論の組み合わせなしに、ニッチの違いを特定できるほどシンプルな系統パターンはないだろう
- 病原体のシステムを整理すると
  - 病原体個体群では、感染者がconsumer（抗原抗体反応でやられるから）、非感染者が資源
  - 競争を媒介する形質は抗原で、抗原の多様性はホストをめぐる競争の結果
  - この変異はニッチの違いと考えることができ、頻度依存と考えると、レアだと有利で一般的だと不利

捕食者の頻度依存的な機能の反応により、競争関係にある餌種が共存する（stabilizing mechanism, Chesson 2000）

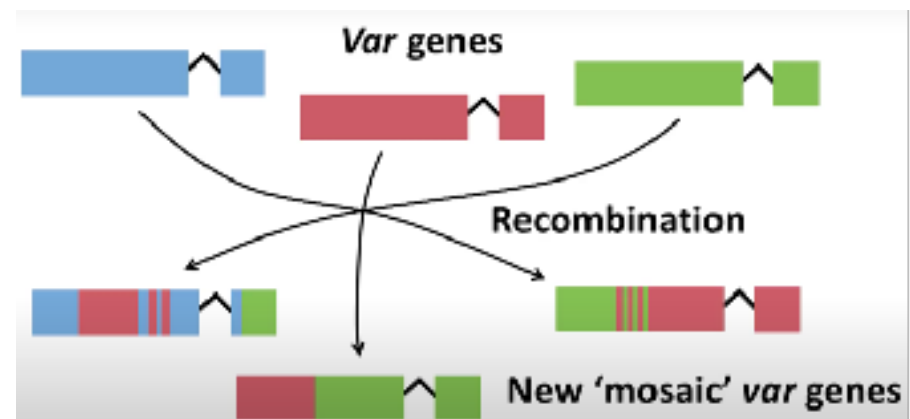
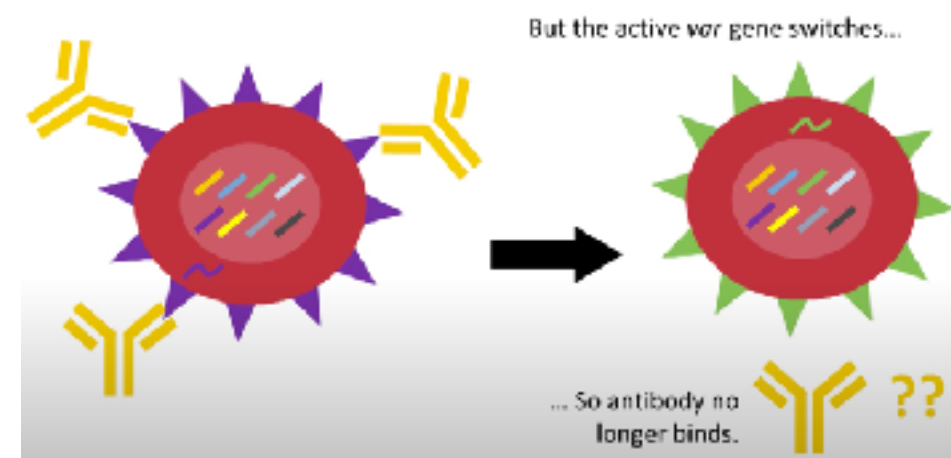
# マラリア個体群の抗原変異



# マラリア個体群の抗原変異



50 to 60 var genes in each parasite



[https://www.youtube.com/watch?v=\\_INAIHPI71Q](https://www.youtube.com/watch?v=_INAIHPI71Q)



# マラリア個体群の抗原変異

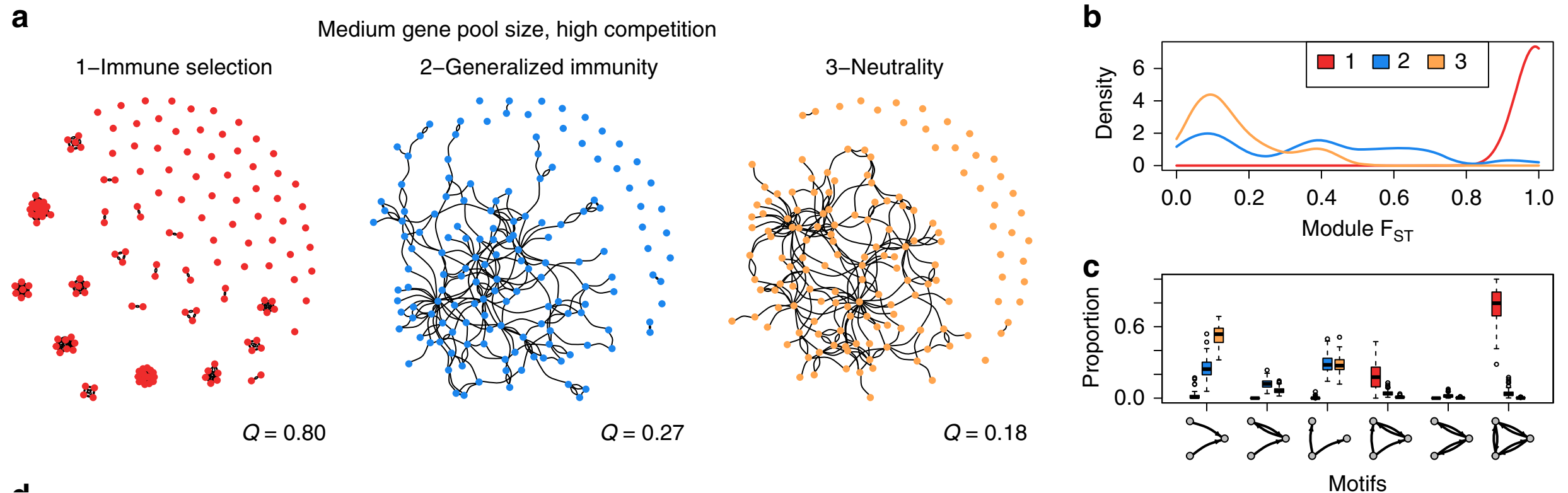
- 抗原の多様性が非常に高い
  - マラリアの局所個体群は、ある地理的範囲内からのランダムな集合体なのか？
  - 生態学的/免疫生態学的な相互作用によるものなのか？
- 遺伝的poolが大きいとrandomnessが期待されるかもしれないが、ホスト間のvar geneの組成の重複は低いこともある（遺伝的poolが大きい時のランダムサンプリングの期待値よりも平均して低い）

# マラリア個体群の抗原変異

- 複雑な生態を理解するために2つのタイプのモデルが発展してきた
  - ① 遺伝的な類似性がランダムなのか否かを判断するようなモデル. 帰無モデルが非動的で, プロセスが考慮されていない
  - ② recombinationを考慮して, 自然界で観測される遺伝的な多様性を記述するようなcomputationalモデル

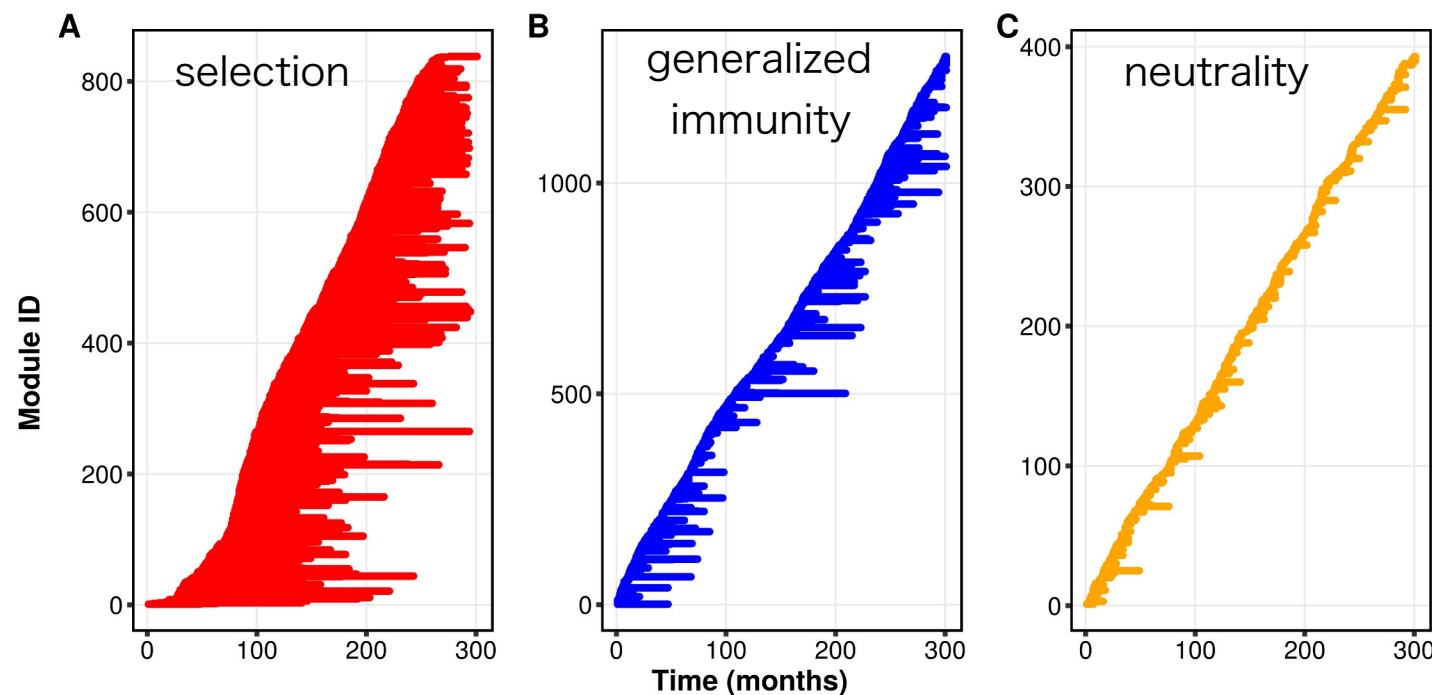
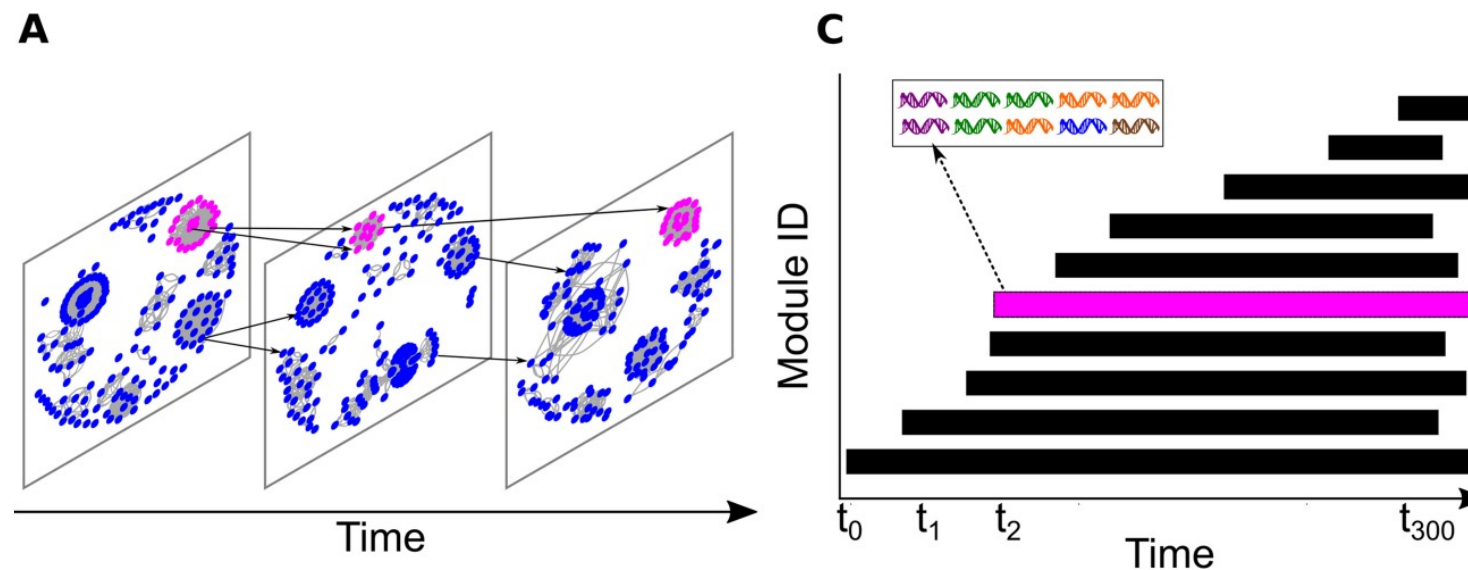
# マラリア個体群の抗原変異

- 複雑な生態を理解するために2つのタイプのモデルが発展してきた
  - ① 遺伝的な類似性がランダムなのか否かを判断するようなモデル. 帰無モデルが非動的で, プロセスが考慮されていない
  - ② recombinationを考慮して, 自然界で観測される遺伝的な多様性を記述するようなcomputationalモデル



# マラリア個体群の抗原変異

- 複雑な生態を理解するために2つのタイプのモデルが発展してきた
  - ① 遺伝的な類似性がランダムなのか否かを判断するようなモデル. 帰無モデルが非動的で, プロセスが考慮されていない
  - ② recombinationを考慮して, 自然界で観測される遺伝的な多様性を記述するようなcomputationalモデル



# 高次元の形質空間と非中立集合

- 熱帯雨林やサンゴ礁など多様性の高い群集は生態学的・進化学的な動的プロセスによって形成されているが、var geneの変異も同様に、複数のプロセス（異なる時間スケール・空間スケール）によって形成されているのではないか？
  - 実際に、var geneには免疫選択（頻度依存的な相互作用）がはたらいていることが認識されている一方、var geneの変異は生態学的な時間スケールよりも深い
  - 高次元の形質空間で見られる構造をどう特徴付けるのか？背後にある主要なプロセスは何なのか？はopen questionのまま
  - 高次元性は中立っぽくなる（？）ので適切でないという議論もあるが、形質（ノード）の消失をよく理解することはマラリアのモニタリングや撲滅に寄与するかもしれない