

The 22nd Annual Meeting of the RNA Societyでの ポスター発表

慶應義塾大学 環境情報学部 4年

永田 祥平

1. 活動日程・会場

日程：2017年 5月30日～2017年6月3日

会場：Prague Congress Center, Prague, Czech Republic

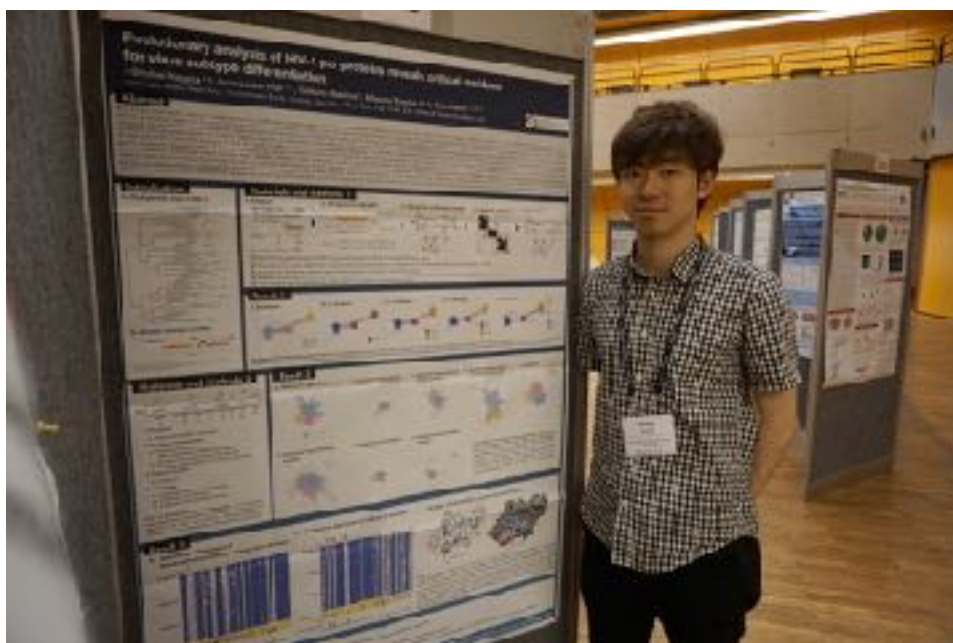
2. 活動の目的

本活動の目的は、チェコ共和国のプラハで開催される国際学会 RNA 2017 (The 22nd Annual Meeting of the RNA Society)にて学会発表を行うことである。本学会はRNA分野における世界最高峰の学会であり、本学会での発表を通じて世界各国の著名な分子生物学者との議論を行うことができる。また、国際学会での発表・議論により自身の研究の質を向上させられるのみならず、慶應義塾大学SFCで行われている研究活動を世界に広めることが可能となる。さらには、本学会で得られた世界最先端の知見は研究室の学生全体へフィードバックすることができると考えている。

3. 活動の成果

発表演題は“Evolutionary analysis of HIV-1 pol proteins reveals critical residues for virus subtype differentiation”であり、筆頭著者で発表を行った。RNAウイルスは進化速度が非常に速く、生命の分子進化プロセスを観察する上で良いモデル系の一つとなっている。その中でもHIVは系統間や同一宿主内においても高い遺伝的多様性を持ち複数のサブタイプへと分類がなされている。一方で、このような多様な配列を用いて全体の配列空間とその保存性の傾向を可視化して俯瞰することはこれまで困難であった。そこで我々は、HIVの数千配列をもとに、各配列間の類似性を計算して

ネットワークグラフを構築して描写することで、多数の配列間の位置関係を俯瞰できると考え研究を進めた。その結果、HIV-1が変化していく上でのサブタイプの違いは特定領域の複数アミノ酸に代表され、サブタイプの分化と呼応している可能性が示唆された。本学会ではこれらの成果について発表を行った。本学会には、これらRNAウイルスや、RNAそのものの構造や機能の解明に携わる研究者が多数参加しており、HIVの様々な側面についての議論を交わして新たな知見を得ることができた。特にHIVのRNAゲノムの二次構造や、スプライシング箇所との関連について様々なフィードバックを頂くことができた。さらに、自身の研究発表以外にも、RNAに関わる幅広い研究が発表されており、自身が今後研究を発展させて行く上で多大な参考となった。



ポスター発表の様子

4. 今後の発展

本研究成果は国際学術誌への投稿を予定している。これまでの研究結果に合わせ、今学会で得られたフィードバックをもとにした追加解析のデータと合わせ、より室の高い研究成果としてまとめていきたいと考えている。

5. 謝辞

本学会参加にあたり、資金面で援助いただきました湘南藤沢学会に厚く御礼申し上げます。