

慶應SFC学会

(A) 研究成果発表 (学会発表)

# Intelligent Systems For Molecular Biology 2024

At Montréal, Canada

## 成果報告書

慶應義塾大学 総合政策学部 2年 竹川瑠華

### 学会概要

研究タイトル: Analyzing *rrn* Loci Trends in Bacillus : Comparative Study of Laboratory Evolution and 1,066 Natural Strains

発表形式: ポスター

学会名: Intelligent Systems For Molecular Biology (ISMB) 2024

開催場所: Montreal, Quebec, Canada

参加期間: 2024年7月12日 - 2024年7月16日

開催形式: 現地対面

### 学会報告

カナダ、モントリオールにて開催されたISMBは、計算生物学を代表する唯一の国際的な学会であった。多岐にわたる分野（シーケンス解析、進化と系統発生、比較ゲノミクス、タンパク質構造、分子および超分子動力学、分子進化、遺伝子調節およびトランスクリプトミクス、プロテオミクス、システム生物学、オントロジー、データベースとデータ統合、テキストマイニングと情報抽出、人間の健康など）に焦点を当てていた。

自身の発表テーマの概要は、バクテリアの増殖速度を向上させるためrRNA遺伝子 (*rrn*) の最適配置の検討である。*rrn*のゲノム上の配置と数は増殖速度に影響を与えることが先行研究で分かっている。本研究ではin silico・in vivoの2手法を用いて研究を行った。

・アメリカ国立生物工学情報センター (NCBI) に登録されているBacillus属の*rrn*の配置を配置傾向を解析により分析。

- ・ゲノム編集を利用した*Bacillus subtilis*が本来持つ10個の*rrn*を1個に減らした変異株を作成後、実験室進化を通して*rrn*を増幅させたサプレッサー株を3つ作成。
- ・in silicoとin vivoにより掴んだ*rrn*配置傾向についてのポスター発表。

ポスター発表のディスカッション中、一人の参加者よりサプレッサー3株のゲノム上の*rrn*位置を表した図を目にし、想定外の指摘を受けた。

この指摘部分については3株の増幅位置の規則性は2パターン存在するのではないか、またサプレッサーである2株は近い共通祖先を持つのではないかという2点の指摘であった。

サプレッサー3株内で*rrn*が等間隔に増幅した結果に囚われていた私は気づくことが出来ておらず、今後、共通祖先を持つ2株を除いた1株を培養した場合、2株と異なったパターンの等間隔の増幅動向を示すか検証していく。

その他、今後の研究計画の中に組み込みたいトピックが数多く発見できた。

イントロダクションで質問を多く頂いたことにより (Rogers State University, United States, University of California, Irvine, USA)、理論や用語の説明を無意識に省いてしまっていたことにも気が付いた。自分自身の研究の成果や魅力を伝える上で、研究背景や目的は非常に重要な情報である。目下、研究会内での成果発表、学会でのポスター・口頭発表を控えているため、イントロダクションの発表方法について早急に再考する。

当初より目標に掲げていた「人との繋がりを広げる」に関しては、ポスター発表時、興味を持ち話しかけて下さった教授や参加者の方々と連絡先交換後、メールにて交流をし繋がるのが実現化した。メール上に限定はされるが研究の進捗や質問に応じて頂けるような関係性が構築できそうな状況下であり目標は達成できたと言える。

今学会に参加したことで得られた知見に基づき、今後の実験室進化を用いた実験計画に取り組み、また発表経験の中で得た情報を次回へ活かし、より堂々と相手の知識量に適応したプレゼンテーションの展開が身につくよう邁進していく。

最後になりますが、世界中から集まったバイオインフォマティクスに関わる研究者の方々と交流が叶った国際学会発表という貴重な経験の為に関わって下さったアドバイザー・指導教員・慶應SFC学会の皆様、本当に有難うございました。