

生命医科学域 医学セミナー

2013年6月4日 18時より

E棟 407室にて

B型肝炎ウイルス (HBV) の細胞内における複製ダイナミクスと感染個体内における進化的変化：数理モデルおよび進化シミュレーションを用いた解析

横浜市立大学 大学院医学研究科 医学部医学科 免疫学教室
先端医科学研究センター バイオインフォマティクス解析室
特任准教授

中林 潤 先生

これまで様々なウイルスを対象として、細胞内における複製プロセスを数理モデル化し、そのダイナミクスを解析してきた。本セミナーではそれらの研究の中から、特にB型肝炎ウイルス(HBV)を扱った研究を取り上げ、詳しい内容について解説する。

HBVはHepadnaウイルス属に属し、ゲノムとして不完全二重鎖DNAを持つ。そのゲノムには4つの遺伝子がコードされ、それぞれ独立なプロモータによって発現が制御されている。数理モデルの解析から、HBV遺伝子発現パターンのわずかな変化によって、ウイルス粒子の産生量が劇的に変化する可能性があることが示唆された。また慢性肝炎の長期経過中に起こるウイルスの進化的変化が肝炎の病態に及ぼす影響について、進化シミュレーションを用いて解析を行った結果について紹介する。

また私の研究例を踏まえて、実験研究と理論研究を今後どのように融合、発展させていくべきかについても併せて議論したい。

Jun Nakabayashi. A compartmentalization model of hepatitis C virus replication : An appropriate distribution of HCV RNA for the effective replication. *Journal of Theoretical Biology* 300(2012) 110–117

Jun Nakabayashi, Akira Sasaki . A mathematical model of the intracellular replication and within host evolution of hepatitis type B virus : Understanding the long time course of chronic hepatitis. *Journal of Theoretical Biology* 269(2011)318–329

Jun Nakabayashi, Akira Sasaki. The function of temporally ordered viral gene expression in the intracellular replication of herpes simplex virus type 1(HSV-1).*Journal of Theoretical Biology* 261(2009)156-164