

巨大ウイルスの分離  
Isolation of large DNA viruses

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター化学生命科学 吉田亘騎

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、巨大ウイルスの RNA-seq データを用いたトランスクリプトーム解析を行った。具体的には RNA-seq により得られた配列をゲノムにツールを用いてマッピングを行い、ウイルスのカプシドを構成する Major capsid protein 遺伝子をコードする転写産物のイントロン領域を検出することで翻訳領域を推定した。こうして推定された遺伝子配列は以前に推定された配列よりも他の種との相同性が高く、またタンパク質質量が実験により推定された結果と近いことから、より真の配列に近いことが示唆された。またその他の注釈付けされた遺伝子群の発現量の時間変化について解析を行っている。

発表論文(謝辞あり)

発表論文(謝辞なし)