

令和3年度 京都大学化学研究所 スーパーコンピュータシステム 利用報告書

巨大ウイルスのトランスクリプトーム解析

京都大学化学研究所 化学生命科学領域 緒方研究室 張 瑞軒

研究成果概要

本研究では、京都大学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、メドゥーサウイルスという巨大ウイルスのゲノムを解析し、また、このウイルスのトランスクリプトーム解析をおこないました。それらの結果が以下二つの論文に掲載されました。

発表論文（謝辞あり）

Yoshida K., Zhang R., Garcia K., Endo H., Gotoh Y., Hayashi T., Takemura M., Ogata H. Draft genome sequence of medusavirus stheno, a new member of “Medusaviridae” isolated from the Tatakai River of Uji, Japan. *Microbiol. Resour. Announc.*, 10, e01323-20 (2021)

Zhang R., Endo H., Takemura M., Ogata H. RNA Sequencing of medusavirus suggests remodeling of the host nuclear environment at an early infection stage. *Microbiol. Spectr.*, e0006421. doi: 10.1128/Spectrum.00064-21 (2021)