

巨大ウイルス翻訳機構研究
Giant virus translation mechanism analysis

京都大学化学研究所 化学生命科学 張 瑞軒

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所のスーパーコンピュータシステムを利用し、主に巨大ウイルス感染中の翻訳動態の解析を実施した。解析対象は、アメーバおよびミミウイルス(巨大ウイルスの一種)由来の RNA-Seq、Ribosome Profiling (Ribo-Seq)、tRNA-Seq の各データである。スーパーコンピュータ上でソフトウェアを駆使し、リードマッピングに基づく遺伝子発現量の定量化および翻訳動態の推定を行った。その結果、特に Ribo-Seq のデータから、ウイルス遺伝子が従来の予測よりもスムーズに翻訳されていることを明らかにした。本研究の成果は以下に示す通りであり、現在 bioRxiv に投稿済みで査読を受けている。

発表論文(謝辞あり)

Zhang, R., Mayer, L., Hikida, H., Shichino, Y., Mito, M., Willemsen, A., ... & Ogata, H. (2024). Giant virus creates subcellular environment to overcome codon-tRNA mismatch. bioRxiv, 2024-10.