

Acanthamoeba polyphaga mimivirus とその宿主におけるコドン自己相関
Codon autocorrelation in *Acanthamoeba polyphaga mimivirus* and its host

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 化学生命科学領域 中澤優希

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、ミミウイルスとその宿主における翻訳戦略を探索している。

ミミウイルスに代表される巨大ウイルスは、宿主の翻訳機構を使って自身の DNA 複製・翻訳を行なっている。そのため、ウイルスと宿主のコドン組成が近いほど翻訳効率が高いと考えられる。しかし、*Acanthamoeba polyphaga mimivirus* (APMV) は、宿主と大幅に異なったコドン使用を有したゲノムを持っている。このウイルスが翻訳を効率的に行うためにどのようなゲノム内相関を有しているのかを調べている。この自己相関というのは、同義コドンの使われ方において近距離にある同義コドンが同じ tRNA を使って翻訳されるコドンである可能性が高いという現象である。この偏った現象について、単なる遺伝子間のコドンの使われ方の違いによって起こりうるものにすぎず、この違いによってコドン自己相関のシグナルが出ているという反論も存在する。本研究では、コドン自己相関が遺伝子間コドンバイアスを差し引いても観察できるものなのかを調べている。遺伝子内でコドンをランダムにシャッフルした場合と比較して、実際のコドンの偏りが統計的に有意なものであるのかを確認している。また、宿主のコドンと大幅に異なったコドンを持つ APMV に関して、その自己相関が宿主とどのように異なるかを解析している。APMV に限らず、さまざまな巨大ウイルスについて、この現象が起こりうるのか、またどのような違いがあるのかが今後の課題である。