

課題名(タイトル):

## Genome-wide analysis for protein synthesis

利用者氏名:

○岩崎 信太郎(1)、戸室 幸太郎(1)、七野 悠一(1)

理研における所属研究室名:

(1)開拓研究本部 岩崎 RNA システム生化学研究室

---

1. 本課題の研究の背景、目的、関係する課題との関係  
生物の最も基本的な原理は DNA から RNA(転写)がつけられ、RNA からタンパク質(翻訳)がつけられるという「分子生物学のセントラルドグマ」である。最近の研究により RNA の量とタンパク質の量は単純に比例するわけではなく、「翻訳」段階で多くの制御を受け最終的に産生するタンパク質量を緻密に制御していることが分かった。本研究では次世代シーケンサーを使った網羅的解析を行う。このために HokusaiBW2 を利用する。

2. 具体的な利用内容、計算方法

3. 結果

4. まとめ

5. 今後の計画・展望

6. 利用がなかった場合の理由

本年度初めて HokusaiBW2 を活用を想定し、利用申請した。本年度は次世代シーケンスデータの収集等に終始したため、実際の HokusaiBW2 の利用がなかった。次年度以降、積極的な利用を想定する。