

2020.3.4 <計2枚>

京都大学記者クラブ加盟社 各位
草津市政記者クラブ加盟社 各位
文部科学記者会加盟社 各位
科学記者会加盟社 各位

立命館大学広報課

非構造タンパク質 NS7b と NS8 が、
2019-nCoV の系統進化に関与している可能性を示唆
～新型コロナウイルスの治療に向けた研究開発への期待～

立命館大学生命科学部の伊藤 将弘教授らの研究グループは、生命科学ビッグデータに AI を用いたデータサイエンス解析で、新型コロナウイルス・2019-nCoV の進化に非構造タンパク質 NS7b と NS8 が関与している可能性が高いことを発見いたしました。本研究成果は、2020 年 3 月 3 日に Infection, Genetics and Evolution 誌 (オンライン版)に掲載されました。

背景・研究の目的:

2019 年 12 月に中国の武漢から発見された新型コロナウイルス・2019-nCoV は、中国全土から日本を含む世界中に感染の拡大をみせています。2019-nCoV は、SARS(SARS-CoV)と同様に *Betacoronavirus* 属に属しますが、SARS や MERS(MERS-CoV)と異なる特徴をもつことから、新型コロナウイルス・2019-nCoV は、*Betacoronavirus* に属するヒトに感染する7番目のコロナウイルスであることが報告されました。本研究グループは、莫大な生命科学データに対しデータサイエンスを駆使することで、進化生物学的観点から新型コロナウイルスに特徴的なタンパク質を探索し、新型コロナウイルス・2019-nCoV に特異的なタンパク質の特徴を解明しました。

研究成果:

本研究グループは、新型コロナウイルス・2019-nCoV のゲノム遺伝子上に書き込まれている 10 種類のタンパク質に着目し、系統プロファイル解析を行いました。その結果、*Orthocoronavirinae* 亜種内全体で保存された4種類のタンパク質と *Sarbecovirus* 亜属と *Hibecovirus* 亜属にのみ保存された6種類のタンパク質に分類されることを見出しました。そこで、アミノ酸の保存度をもとに比較解析を行った結果、6種類のうち2種類のタンパク質・NS7b と NS8 が、進化的に近縁である3種のコロナウイルス(2019-nCoV、BetaCoV_RaTG および Bat-SARS-like Cov)においてのみ保存されていることを突き止めました(別紙:図 1 参照)。

今後期待される展開:

新型コロナウイルス・2019-nCoV のヒトへの感染予防や感染後の治療戦略において、今回発見した新型コロナウイルスに特異的なタンパク質 NS7b および NS8 が、免疫応答シグナルに影響を与えることが実験的に示されています。さらに、NS7b タンパク質はアミノ酸配列の長さが短いため立体構造は不安定であると思われませんが、アミノ酸組成が疎水性に富むことから、自律的もしくは外的要因に影響されることで立体構造形成を調節する機構が存在する可能性が考えられます(別紙:図 2 参照)。新型コロナウイルスに特異的なタンパク質 NS7b と NS8 の構造や機能の変化に焦点を当てた薬剤の新たな研究開発は、画一的なアプローチによる開発リスク低減に寄与するなど、新型コロナウイルスの感染予防や感染症治療のためのオプションとすることが可能です。その結果、新型コロナウイルスの感染拡大の予防や感染症に対する治療法の確立に大きく貢献する研究開発につながることを期待されます。

●取材・内容についてのお問い合わせ先

立命館大学生命科学部 担当:伊藤 TEL.077-561-5301 Email. maito@sk.ritsumei.ac.jp

別紙

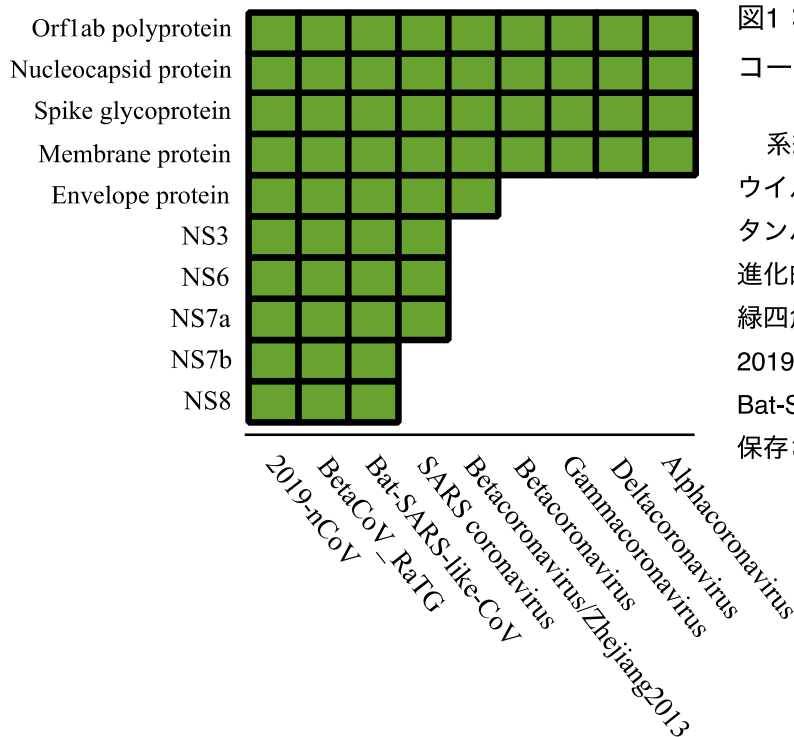


図1：新型コロナウイルス・2019-nCoVがコードするタンパク質の進化的保存度

系統プロファイル解析により、新型コロナウイルス・2019-nCoVがコードする10種類のタンパク質のコロナウイルス亜科における進化的保存度を解析し、保存されている場合緑四角で示しました。

2019-nCoV、BetaCoV_RaTGおよびBat-SARS-like-CoVでのみNS7bとNS8が保存されています。

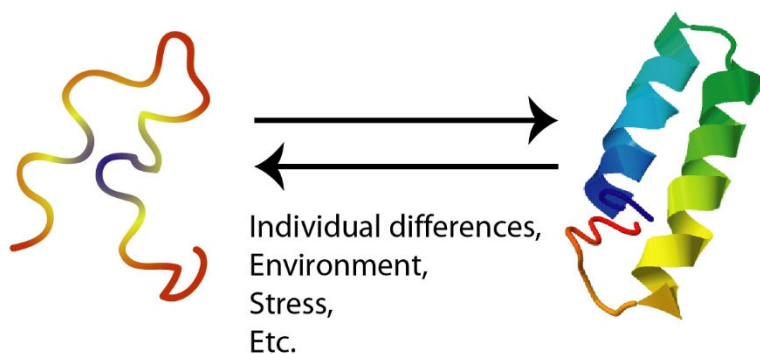


図 2:2019-nCoV における NS7b タンパク質の立体構造モデル NS7b タンパク質は生体内では、構造変化によって機能の有無になる可能性が考えられます。

■論文情報

論文名: The nonstructural proteins NS7b and NS8 were likely to be phylogenetically associated with the 2019-nCoV evolution

著者: Muhamad Fahmi, Yukihiko Kubota and Masahiro Ito

発表雑誌: Infection, Genetics and Evolution

掲載日: 2020年3月3日

DOI: 10.1016/j.meegid.2020.104272

URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1567134820301039>

本研究は 私立大学戦略的研究基盤形成支援事業 (S1511028) と武田科学振興財団の助成を受けたものです。