

パンデミックに対してレジリエントな社会・技術基盤の構築
2022 年度採択研究代表者

2022 年度
年次報告書

加藤 哲久

東京大学 医科学研究所
准教授

総合知で生み出すネクスト・パンデミックに迅速対応できる技術基盤の開発

研究成果の概要

本研究は、申請者らが確立した **Chemical proteomics** を用いた「ウイルスがコードする非標準的遺伝子産物の解読法」を、多様なウイルス種に水平展開し、直面する(であろう)技術的な問題を順次解決すること、既存法と比較・統合解析し、本法を最適化することで、パンデミックに対してレジリエントな社会・技術基盤として、迅速対応できる科学技術とすることを目標としている。本年度は、先行研究において使用したウイルスと比較して、子孫ウイルス産生量が 10 倍程度低いウイルスへの水平展開を試みた。

Chemical proteomics におけるデータ解析には、解析対象のウイルスの信頼できる塩基配列情報が必要である。今日、塩基配列の解読法は、十分に確立されており、容易な解析と考えられがちである。しかしながら、ヒトゲノムの塩基配列を例としても、2003 年に国際チームによる塩基配列の決定が報告されているが、実際には当時の技術では解読困難な部分が、8%残されており、真の完全長の塩基配列決定は、昨年であったこと(*Science*. 376:44-53, 2022)からも、パンデミック発生時、解析対象のウイルスゲノムの塩基配列の解読が容易ではないことは十分に考えられる。我々は、解析対象のウイルス感染細胞より、ウイルスカプシドを含む分画を抽出することで、ウイルスゲノムを宿主ゲノムと分離・精製した後、short および long リード NGS 解析に供することで、クアジスピーシーズ情報を含め解析対象ウイルスの全長の塩基配列を決定した。さらに、解析対象ウイルスの感染後期に発現する遺伝子と赤色蛍光蛋白質を融合させた組換えウイルスを作出することで、カスケード状のウイルス遺伝子発現が、確実に後期まで進行している遺伝子解読に最適な細胞集団を回収する方法論を確立し、現在、**Chemical proteomics** 解析を実施中である。