

実験とゲノム解析で迫る ウイルス伝播と病原性の謎

さとう けい
佐藤 佳

東京大学 医科学研究所 准教授 / 日本側研究代表者
[英国側研究代表者: マッシモ・バルマリーニ グラスゴー大学 教授]

世界で猛威を振るう新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)は、コウモリからヒトへと種を超えて伝播したといわれている。コウモリからは近縁種のコロナウイルスが他にも数多く見つかっているが、ヒトへ感染したのは過去に重症急性呼吸器症候群(SARS)を引き起こしたウイルス(SARS-CoV)や今回のSARS-CoV-2などごく一部だけだ。こうした伝播性や病原性の違いは、どのように生じるのか。佐藤佳さんは同じ分子系統に属するウイルスのゲノム比較や細胞生物学実験により、この謎に迫ろうとしている。こうした知見は、将来、野生生物からヒトへの伝播を防ぐ技術や病原性の発現を抑える治療薬の開発などに役立つと期待される。■



はと考えました」。

ゲノムの比較から見いだされたのが、SARS-CoV-2で配列が全く異なる3つの遺伝子で、機能の解析など進めている(図1)。この遺伝子の1つを人工合成し細胞に導入して機能を調べたところ、ウイルスの感染を阻害する機能を持つヒトのたんぱく質の機能を抑制する

ことがわかってきた。COVID-19の病態にはこの遺伝子が関係している可能性が高い。

ゲノムの解析で力を発揮しているのが、英国側の代表であるグラスゴー大学のマッシモ・バルマリーニ教授らが開発したプログラムだ。大規模な分子系統解析が可能で、公共データベースに登録されているSARS-CoV-2の変異を比較し、ゲノムのどこがどのように変化していったかを短期間で解析できる。「COVID-19をきっかけにオープンサイエンスが一気に進んだことも研究を後押ししてくれました。感染者から即座にウイルスが特定され、ゲノム配列が公開されています。論文も査読を待たずに共有されます。これまでにはないスピード感でした」。

現在、日本側は主に実験を通じて遺伝子の機能を探り、英国側は分子系統学および分子進化学の見地からウイルスの進化を調査している。どちらの研究室も実験科学と情報科学の融合に力を入れており、お互いの研究内容や進捗を十分に理解できている点も、研究成果につながっている。「分野の垣根を取り払い、異分野融合を進めることで、どんなウイルスにも対応できる研究室を目指します」と佐藤さんは力強く語る。

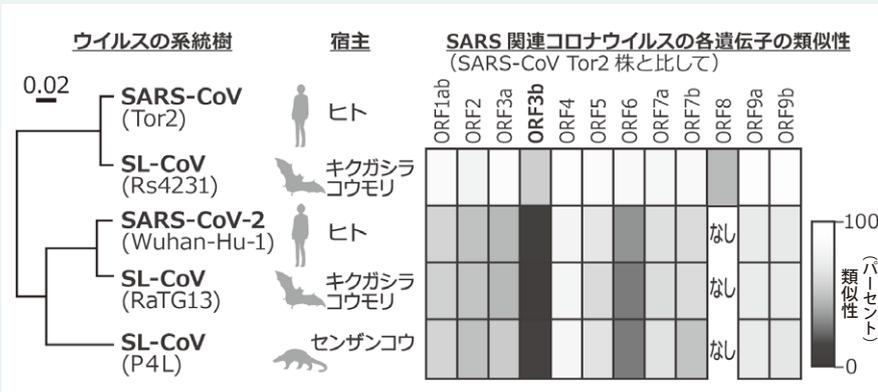


図1 SARS関連コロナウイルスの系統関係と遺伝子の類似性。SARS-CoVと配列が大きく異なるORF3b、ORF6、ORF8に特に着目して研究を進めている。

佐藤さんの専門はエイズウイルス(HIV)の異種間伝播だ。ウイルス種が異なるためコロナウイルスを研究することは考えていなかったが、感染の拡大に伴い次々に発表された研究報告に触れるうちにHIVとの類似点が見えてきたという。「どちらもウイルスが異種間伝播し、近縁のウイルスとは異なる病態を示します。世界的に重大な問題に自分の研究を生かせるので



ソーシャルディスタンス(社会的距離)で撮影した研究室のメンバー。細胞を使った実験は出勤が必要だが、コンピューターを使った解析などは在宅で進めるようにして研究室が密にならない工夫をしている。