

非構造タンパク質 NS7b と NS8 が、新型コロナウイルスの系統進化に関与している可能性を示唆

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 (SARS-CoV-2) 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。

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。新型コロナウイルスは、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。

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 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い出しました。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 (SARS-CoV-2、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 (図 1)。

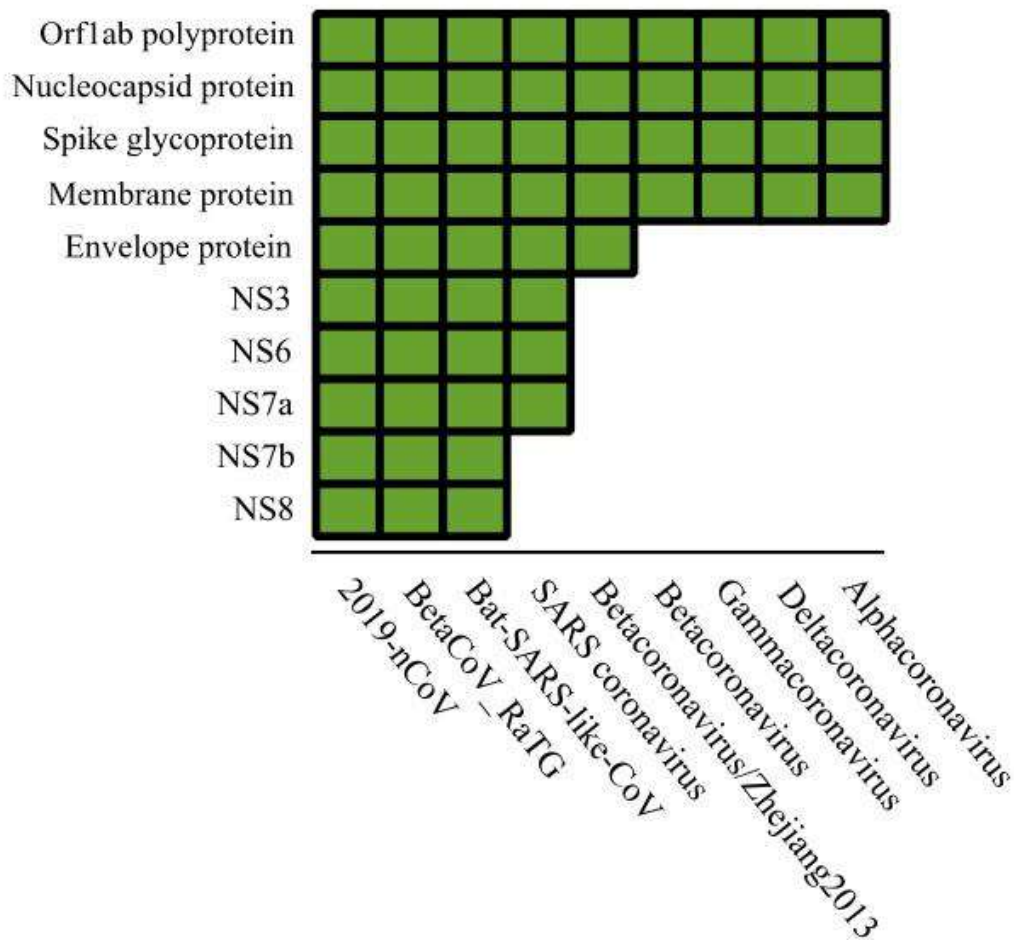


図1 新型コロナウイルスがコードするタンパク質の進化的保存度

#### 今後の展開

新型コロナウイルス 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 (図 2)。

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と期待されます。

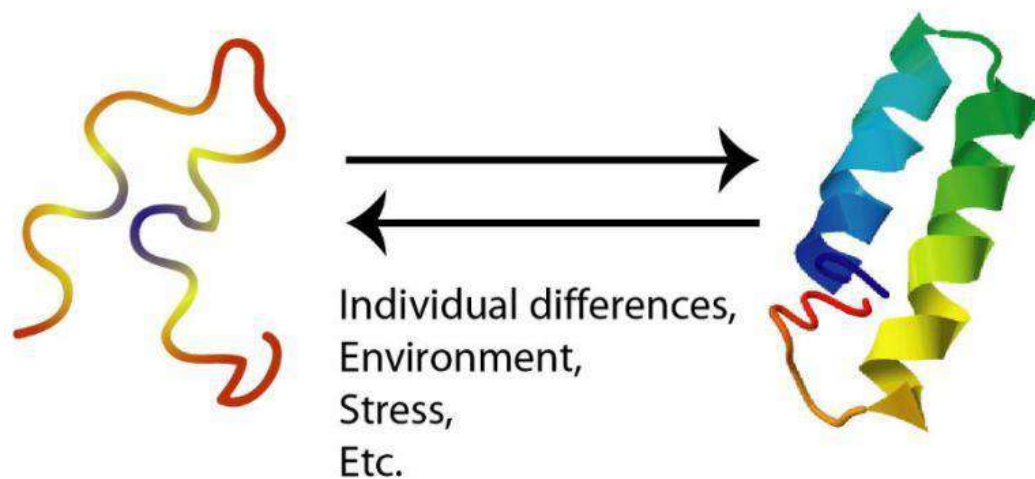


図 2 : SARS-CoV-2 における NS7b タンパク質の立体構造モデル NS7b タンパク質は生体内では、構造変化によって機能の有無になる可能性が考えられます。

#### 論文情報

タイトル The nonstructural proteins NS7b and NS8 were likely to be phylogenetically associated with the 2019-nCoV evolution

雑誌 Infection, Genetics and Evolution

雑誌

DOI : 10.1016/j.meegid.2020.104272

日本語発表原文 <http://www.ritsumei.ac.jp/file.jsp?id=452719&f=.pdf>

文 JST 客観日本編集部

