

## 世界科学者が COVID-19 分子地図を構築、SARS-CoV-2 ウイルス・宿主間の相互作用メカニズムを探求

慶應義塾大学理工学部生命情報学科の舟橋啓准教授、システム・ハイオロジー研究機構(SBI)及び沖縄科学技術大学院大学(OIST)の北野宏明教授、ルクセンブルク大学の Marek Ostaszewski 博士、Rudi Balling 教授、Reinhard Schneider 教授ら世界中の研究者か力を合わせて、新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) と宿主の相互作用の分子過程の全貌をコンピュータ上に構築しています。世界 29 カ国 81 機関、163 人から構成されるこのクルーフは、SARS-CoV-2 ウイルスと宿主の相互作用メカニズムに関する網羅的かつ標準化された知見のリポジトリとして COVID-19 Disease Map (COVID-19 分子地図、doi:10.17881/covid19-disease-map)を公表しました。COVID-19 分子地図は、SARS-CoV-2 ウイルスの侵入、複製、および宿主-病原体相互作用、ならびに免疫応答、宿主細胞の回復、修復メカニズムに関わる分子過程を視覚的に探索し、計算機的に解析するためのプラットフォームとなります。

### 研究内容・成果

本研究プロジェクトは、世界 29 カ国 81 機関から 163 人の臨床研究者、生命科学者、科学文献キュレーター、計算生物学者、テータ科学者によるオープンなコラボレーション・プロジェクトです。この COVID-19 分子地図の根底にある基盤技術には、舟橋啓准教授、北野宏明教授が 2000 年初頭より開発に取り組んできた分子間相互作用機序に関する標準化技術である SBML(Systems Biology Markup Language, <http://sbml.org>)、SBGN(Systems Biology Graphical Notation, <http://sbgn.org>)が採択されました。さらに、COVID-19 分子地図を構築するツールとしては、舟橋 准教授、北野教授が開発を進めてきた分子地図の描画・編集ソフトウェアである CellDesigner (<http://celldesigner.org/>)が用いられています。

COVID-19 分子地図には現時点でウイルスの複製サイクルと転写メカニズムなど、13 種の分子地図が含まれています。これらのリソースはすべて <https://fairdomhub.org/projects/190#models> から参照できます。

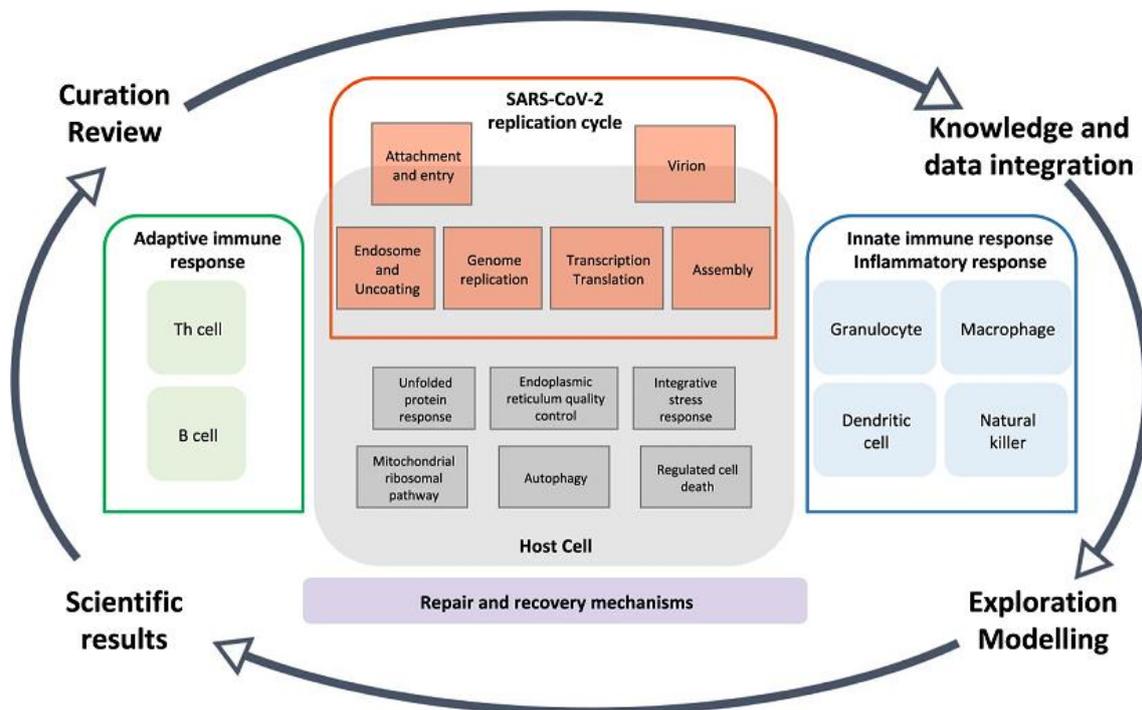


図 COVID-19 分子地図の構造

## 今後の展開

今回提案した COVID-19 分子地図は、新型コロナウイルス感染症の多細胞・多臓器感染の性質と、その根底にある分子機構の複雑さを考慮し、個々の分子地図上の要素が相互に接続された階層構造として設計されています。このような柔軟な構造、そしてオープンコミュニケーションによるプロジェクトであることから、疾患に関する新しい知見が明らかになるにつれて COVID-19 分子地図がさらに進化し、新型コロナウイルス感染症解明に貢献することが期待されます。

## 論文情報

タイトル COVID-19 Disease Map, building a computational repository of SARS-CoV-2 virus-host interaction mechanisms

雑誌 Scientific Data

DOI 10.1038/s41597-020-0477-8

日本語発表原文 <https://www.keio.ac.jp/ja/press-releases/2020/5/12/28-69801/>