

愛媛大学プロテオサイエンスセンター PROS セミナー&大学院特別講義

病態生理解析部門主催

日時：令和5年8月29日（火） 17:00~18:30

場所：医学部本館2階 セミナー室

このたび、プロテオサイエンスセンター病態生理解析部門のセミナー&大学院特別講義を開催いたします。皆様のご参加、心よりお待ちしております。

エボラウイルスと新型コロナウイルスの比較ゲノム解析研究

東海大学 医学部 基礎医学系分子生命科学
准教授 中川 草 先生

DNA シークエンス技術の進歩により、感染流行中のウイルスのゲノム情報がリアルタイムで共有されるようになってきた。私は共同研究者と共同して、比較ゲノム解析と実験ウイルス学を組み合わせ、2013年末からアフリカを中心に流行したエボラウイルスのゲノム解析を行った。その結果、感染効率の向上に寄与するエボラウイルスの糖タンパク質の2つのアミノ酸置換を同定し(Ueda et al. *Genes Cells* 2017)、それぞれが異なるメカニズムで感染効率を向上させることを明らかにした(Kurosaki et al. *J Gen Virol* 2018)。新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)に関しても近縁のコロナ比較ゲノム解析を行ったところ、SARS-CoV-2のORF3b 遺伝子はSARS-CoV に比べて極めて短いため機能がないかと推定したが、ウイルス学実験の結果から、より強いインターフェロン抑制効果をもつことがわかった(Konno et al. *Cell Rep* 2020) その後、同様にインターフェロン抑制に寄与していると報告があるORF6に着目し、SARS-CoV-2とSARS-CoVを比較すると3'末端にフレームシフト変異があることを明らかにし、その違いによって、SARS-CoV-2のORF6のほうが強いインターフェロン抑制を示すことがわかった(Kimura et al. *Cell Rep* 2021)。その後、我々は様々なSARS-CoV-2の変異株のスパイク遺伝子のアミノ酸置換が、そのウイルス学的特性を形成することを研究した:イプシロンのL452R(Motozono et al. *Cell Host Microbe* 2021)、デルタのP681R(Saito et al. *Nature* 2022年)、ラムダのRSYLTPGD246-253N(Kimura et al. *Cell Rep* 2022)、オミクロンBA.1のS375F(Kimura et al. *iScience* 2022)、オミクロンBA.2のL371F(submitted)。更に最近、SARS-CoV-2のnsp14 遺伝子の変異がゲノムの多様性を高めることを明らかにした(Takada et al. *iScience* 2023)。また、日本国内で広がった新型コロナウイルスの変異についてもその詳細について追跡できるwebビューアー、SARS-CoV-2 HaploGraphの開発を行った(Nakagawa et al. *GGs in press*; <https://github.com/ktym/covid19/>)。本セミナーでは、エボラウイルスとSARS-CoV-2に関連する研究の一部を紹介し、今後のゲノム情報を活用したRNAウイルス研究について言及したい。

なお、本セミナーは医学系研究科を対象とした大学院特別講義としても実施します。大学院生は、当日配布されるレポート用紙に講義概要等を記述し、下記セミナー担当教員まで提出してください。最大2点で採点されます。

- ・感染予防のため、日頃から、咳エチケットに注意するとともに、手洗いやうがいなどを行ってください。
- ・入室時の手指の消毒にご協力ください。
- ・当日体調のすぐれない方は参加をお控えください。

◆お問い合わせ：プロテオサイエンスセンター 病態生理解析部門 内線：(5)5925（今井）

