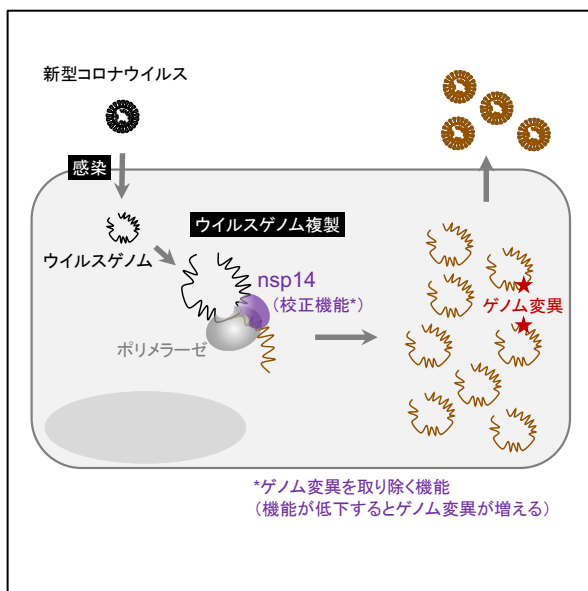


新型コロナウイルス nsp14 遺伝子の変異はゲノム多様性の向上につながる

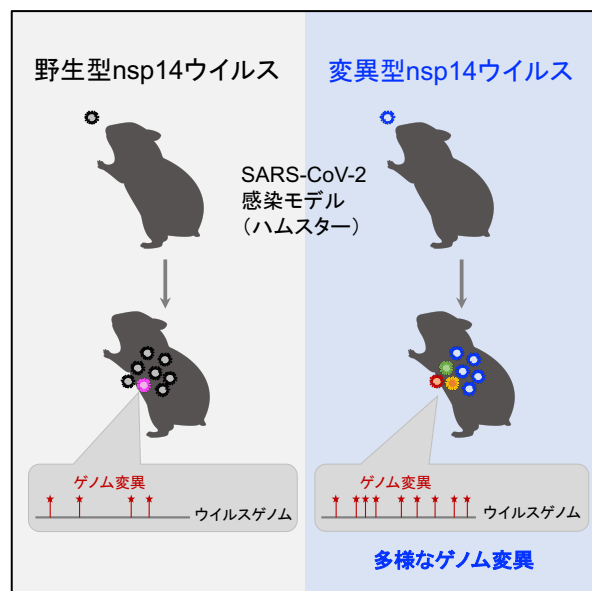
高田光輔特任助教は、データ解析とウイルス実験を組み合わせることで、新型コロナウイルスの進化の一端を明らかにし、その研究成果を iScience にて発表しました。

研究のポイント

- ・ 新型コロナウイルスはゲノム複製時のエラーを校正するウイルスタンパク質（nsp14：図1）を持ち、さまざまなコロナウイルス（コウモリ由来のコロナウイルスなど）で高く保存されている領域が多いことが判明。
- ・ 新型コロナウイルスのゲノムデータ解析により、nsp14-P203L を持つウイルス株は、ゲノム変異しやすい傾向を持つことを発見。
- ・ 動物実験により、ハムスターの肺で増えた変異型 nsp14-P203L ウイルスには、多様なゲノム変異が見られることを解明。（図2）。
- ・ nsp14 の機能は、新型コロナウイルスにおいても重要である可能性が示唆された。



【図1】新型コロナウイルスのゲノム複製時に、校正機能を担う nsp14



【図2】変異型 nsp14 ウイルスは野生型 nsp14 ウイルスよりも多様なゲノム変異が見られる

研究の概要

ウイルスのゲノムに生じる突然変異は、ウイルスの進化と密接に関係しています。一般的に RNA ウイルスは、ゲノム複製時にゲノム変異を起こしやすいことが知られています。これはゲノム、つまり遺伝子を変異させることで、常に変化する環境に適応するためのウイルスの生存戦略ともいえます。ゲノムの変異によって、感染性や増殖能が向上することもあれば、逆に増殖できなくなってしまうような変異もあります。特に、RNA ウイルスの一つであるコロナウイルスは、インフルエンザウイルスなど他の RNA ウイルスに比べて大きなゲノムを持つことから、そのゲノム変異がウイルス生存に重篤な影響をもたらしかねないことから、ゲノム複製時のエラー校正機能を担うウイルスタンパク質（nsp14）を持っています。そのため、インフルエンザ等の他の RNA ウイルスと比較して、ゲノム変異が起こりにくいと考えられています。しかし、2019 年に出現した新型コロナウイルスは、短い期間に多様なゲノム変異が確認さ