

# 第29回バイオメディカル研究会

## 「With コロナ時代の創薬」(案)

現在の新型コロナウイルスに対する広義の創薬(ワクチン・抗体・治療薬)の取り組みは、マスコミの報道等の影響もあり、必ずしも一般大衆に正しく理解されていない部分がある。ドラッグリポジショニングは治療薬開発における最初のステップであり、その後必要となる新規治療薬の開発にはもちろん長い道程が必要である。世界の経済活動が回復し、拡大することによって、今後も新型の感染症が出現し、広く伝播する可能性は低くない。そこで、新型コロナウイルスを含めた新型ウイルスについて知り、これらに対応するための広義の創薬および感染制御の取り組みと課題について整理し、バイオインフォマティクスが果たすべき役割について議論したい。

■主催：日本バイオインフォマティクス学会

■共催：公益財団法人都市活力研究所

■後援：NPO法人近畿バイオインダストリー振興会議、NPO法人バイオグリッドセンター関西

【開催日】2020年12月4日(金) 13:30~16:00 (13:20~アクセス可能)

【開催方法】zoom ウェビナー

【プログラム】

13:30 開会挨拶

13:35 「新型コロナウイルスの性状とワクチン開発の現状」

松浦 善治 先生(大阪大学 微生物病研究所 教授)

14:05 「バイオインフォマティクスを用いた感染症研究」

伊藤 公人 先生(北海道大学 人獣共通感染症リサーチセンター 教授)

14:35 休憩

14:50 「新興・再興感染症ウイルスに対する薬剤開発の展望」

佐藤 彰彦 先生(北海道大学 人獣共通感染症リサーチセンター

シオノギ抗ウイルス薬研究部門 客員教授)

15:20 「多分野共同研究による新型コロナウイルス治療薬の探索」

渡士 幸一 先生(国立感染症研究所ウイルス第二部 主任研究官)

15:50 閉会挨拶

16:00 終了

【定員】200名

【参加費】無料

【ご注意】参加登録された方には、前日にアクセス用URLを記載したメールをお送りします。

## <講演要旨>

### 「新型コロナウイルスの性状とワクチン開発の現状」

大阪大学 微生物病研究所 分子ウイルス分野 教授 松浦 善治

20 世紀中に人類は地球上から感染症を根絶できると楽観していました。しかし、我々はエイズ、インフルエンザ、SARS, MERS 等の発生を経験し、さらに、今回の新型コロナウイルスのパンデミックでは、いかに我々がウイルス感染症に対して無力であるかを思い知らされました。ウイルスは核酸とそれを包むタンパク質というとてもシンプルな構造をしています。また、生き物には必ずウイルスが潜んでおり、病気を起こすウイルスは本の一握りです。ウイルスは細胞を熟知しており、宿主とともに生きています。本セミナーではウイルスを概説し、新型コロナウイルスの性状と、世界で進行中のワクチン開発の現状を紹介させていただきます。

### 「バイオインフォマティクスを用いた感染症研究」

北海道大学 人獣共通感染症リサーチセンター 教授 伊藤 公人

近年、インフルエンザ、エボラウイルス病、新型コロナウイルス感染症などの新興・再興感染症が頻繁に発生し、人類社会を脅かしている。感染症の診断技術の発展と情報通信技術の利用により、これらの感染症について病原体のゲノム情報と感染者の疫学情報が急速に蓄積されている。集団遺伝学の分野では、集団内の遺伝子頻度の動態を数理モデルで表し、集団サイズの変化や変異が適応度に与える影響を推定する。一方、感染症疫学の分野では、流行動態を数理モデルで表し、感染者数の時系列変化から基本再生産数を推定する。演者の研究グループでは、遺伝子の多様性を表す集団遺伝学モデルに感染者数を表す疫学モデルを組み込み、ウイルスの多様性から感染者数や変異ウイルスの割合の時間変動を推定する研究を行っている。本講演では、インフルエンザを例に、ゲノムデータと疫学データを統計的に解析し、感染者数や変異株の割合の変化を予測する取り組みについて紹介する。

### 「新興・再興感染症ウイルスに対する薬剤開発の展望」

北海道大学人獣共通感染症リサーチセンターシオノギ抗ウイルス薬研究部門 客員教授 佐藤彰彦  
塩野義製薬は、長年の抗ウイルス薬創薬研究の経験を生かして、北海道大学人獣共通感染症リサーチセンターと共同で、新興・再興感染症ウイルスに対する薬剤研究を開始した。新型コロナウイルス研究も含め、研究の現状を紹介する

### 「多分野共同研究による新型コロナウイルス治療薬の探索」

国立感染症研究所ウイルス第二部 主任研究官 渡士 幸一

私たちは新型コロナウイルスに対して抗ウイルス作用をもつ化合物を同定するために、主に感染培養系を用いたスクリーニングでウイルス学的にアプローチしてきましたが、同時に *in silico* スクリーニングで得られた情報、また *in vitro* での生化学的アッセイや数理解析も利用して、多くの共同研究で治療薬提案および作用機序の解析を効率化してきました。今回はそのような多施設共同研究で得られたこれまでの知見や臨床研究へ至るまでの話題を中心にお話させていただきます。