

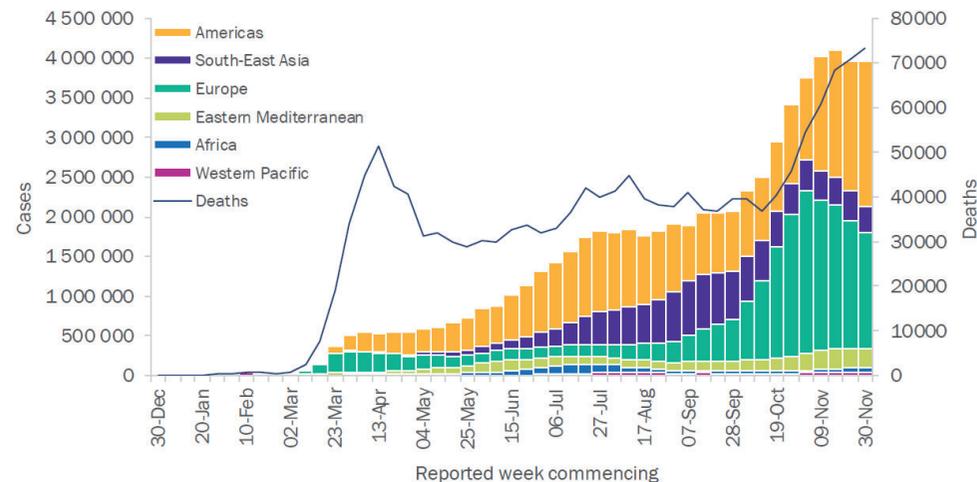
パンデミックと未来がやって来た！
理学研究科・宮田真人

パンデミックは生命現象でもある



パンデミックと未来がやって来た

Figure 1: COVID-19 cases reported weekly by WHO Region, and global deaths, as of 6 December 2020**

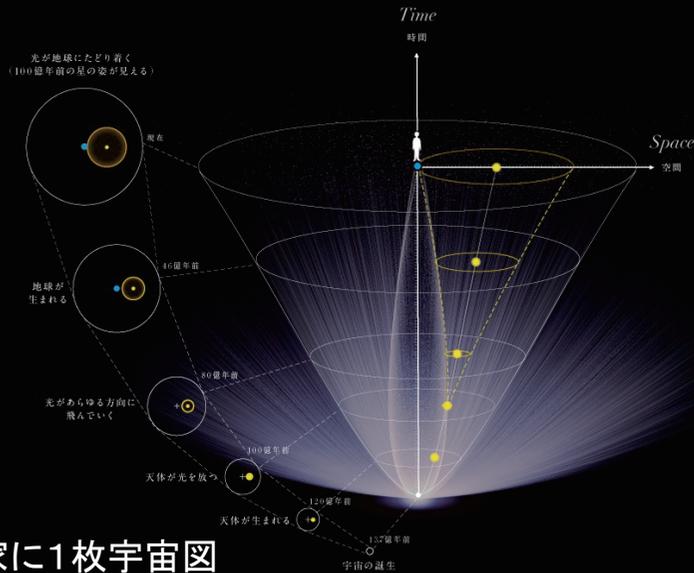


パンデミックと未来がやって来た！

1. **パンデミックは不可避の生命現象**
増殖能力, 巨大なデータストレージ, 密林への進出
2. **“未来の”現代生物学テクノロジー**
DNA配列の解読と利用, 構造生物学
3. **今回を最後のパンデミックにするには**
DNA情報の活用, 1億総生物学者

宇宙は膨張している

5



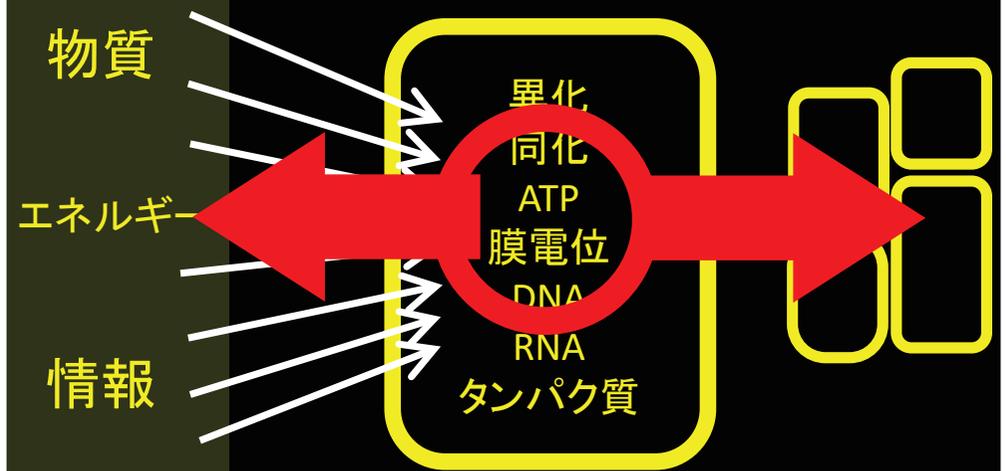
一家に1枚宇宙図

宇宙図HP「宇宙図の見方」から引用
<https://www.nao.ac.jp/study/uchuzu2013/scroll/>

パンデミックと未来

まとまったものを作るのが“生きもの”

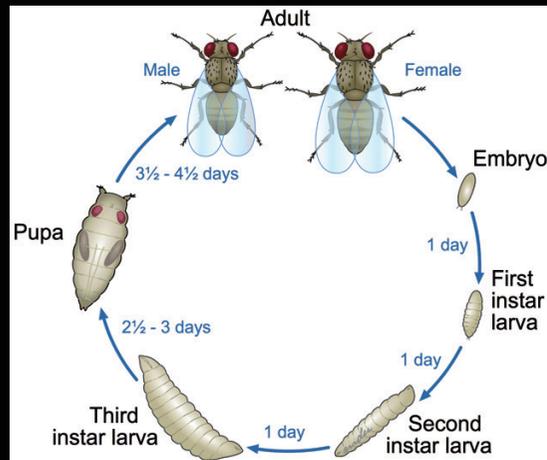
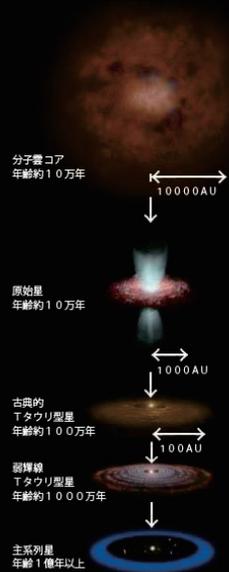
6



パンデミックと未来

高速 & 高頻度！に複製

7



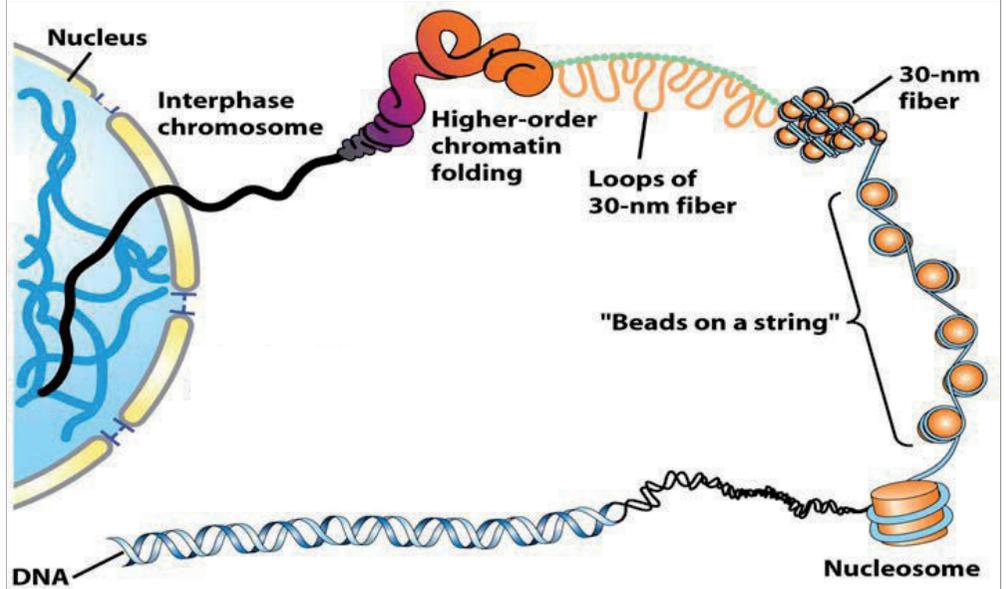
DOI: 10.3109/17435390.2014.940405

JAXAウェブサイトから引用

パンデミックと未来

核内にデータストレージ！

8



<https://slideplayer.com/slide/11117677/>

パンデミックと未来

データストレージとしてのDNA

STORAGE LIMITS

Estimates based on bacterial genetics suggest that digital DNA could one day rival or exceed today's storage technology.

	Hard disk	Flash memory	Bacterial DNA
Read-write speed (µs per bit)	~3,000-5,000	~100	<100
Data retention (years)	>10	>10	>100
Power usage (watts per gigabyte)	~0.04	~0.01-0.04	<10 ⁻¹⁰
Data density (bits per cm ³)	~10 ¹³	~10 ¹⁶	~10 ¹⁹

WEIGHT OF DNA NEEDED TO STORE WORLD'S DATA
~1 kg

Nature "How DNA could store all the world's data"
<https://www.nature.com/news/how-dna-could-store-all-the-world-s-data-1.20496>

パンデミックと未来

データストレージとしてのDNA



<https://meridia.tech/dna-storage-capacity-soar-by-dna-fountain/>

1グラムのDNAに455エクサバイト=90億人なら5ギガバイトずつ
 1トンのDNAなら全人類それぞれに5ペタバイトずつ
 ヒトのゲノム(細胞の全DNA)は60億(6ギガ)塩基対, 750メガバイト
 ヒトの細胞は37兆個, 全体で56 × 10²¹(56ゼタ)バイト
 HDDなら200万トン

パンデミックと未来

隅々まで鍛えられた増殖能力



JAMSTEC「地球46億年の歴史と生命進化のストーリー」
<https://www.jamstec.go.jp/sp2/column/04/>

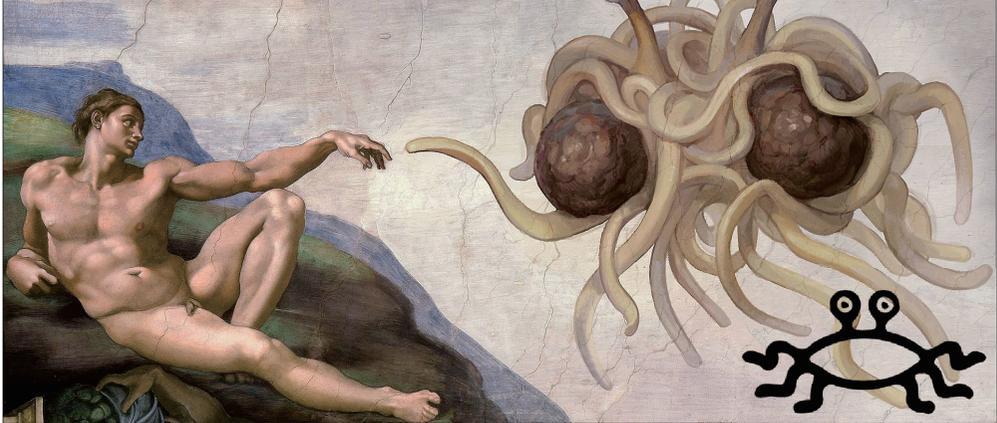
40億年間の戦い

パンデミックと未来

創造論(インテリジェントデザイン)≒進化論?

生命周辺で起こる分子の反応一つ一つが計算?
 40億年間に膨大な数の計算を続けて
 結果をDNAに刻んできた

Flying Spaghetti Monster (FSM)



新興ウイルス

13

CORONAVIRUS



Why Do Bats Carry So Many Diseases? (like Coronavirus)
<https://www.youtube.com/watch?v=Ao0dqJVH4a0>

パンデミックと未来

パンデミックと未来がやって来た！

15

1. パンデミックは不可避の生命現象

増殖能力, 巨大なデータストレージ, 密林への進出

2. “未来の”現代生物学テクノロジー

DNA配列の解読と利用, 構造生物学

3. 今回を最後のパンデミックにするには

DNA情報の活用, 1億総生物学者

パンデミックと未来

これまでのパンデミック

14

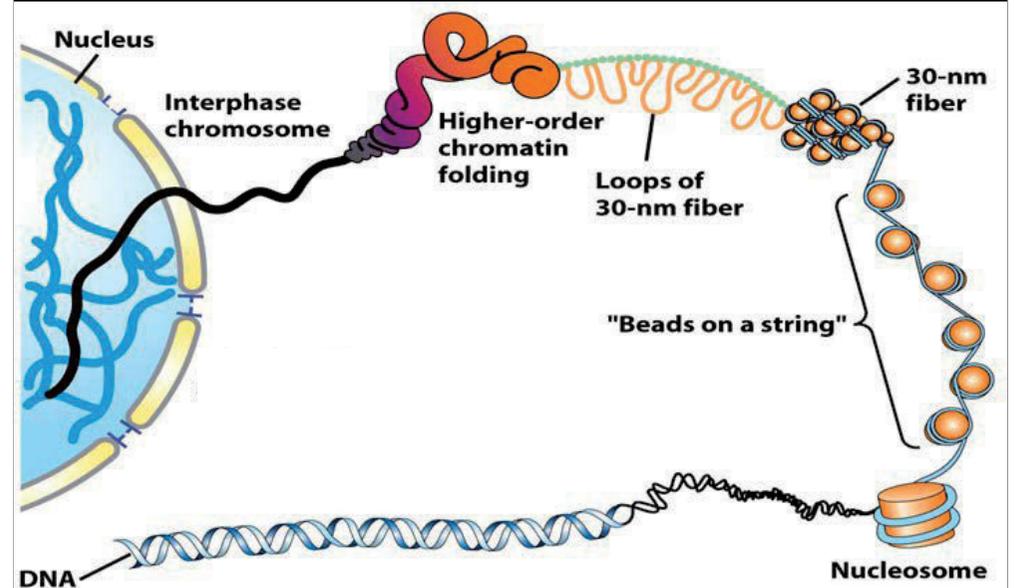


PANDEMICS | Death Toll in perspective
<https://www.youtube.com/watch?v=okER9evZIZU>

パンデミックと未来

DNAはデータストレージ！

16

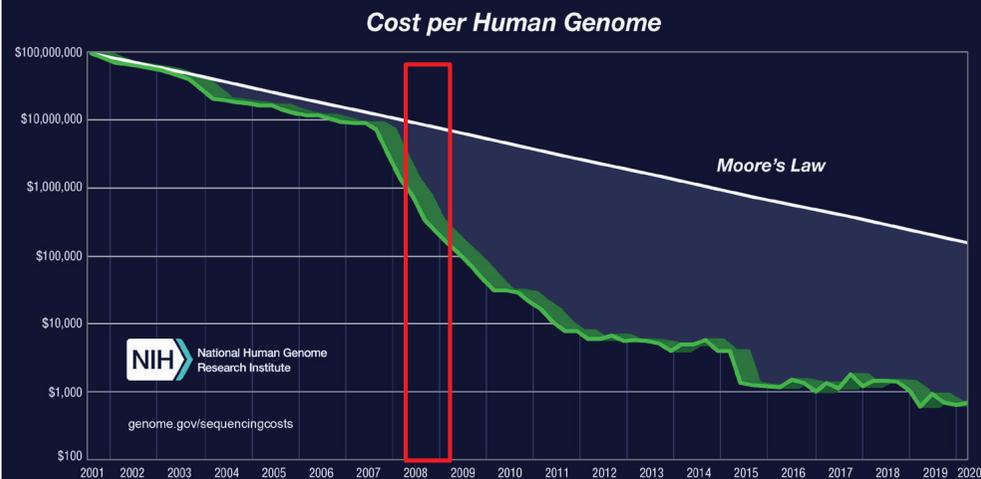


<https://slideplayer.com/slide/11117677/>

パンデミックと未来

DNA配列読み取り技術の進歩

17



<https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Costs-Data>

パンデミックと未来

DNA配列読み取り実績

18

Data Phase	ASTRONOMY DAY	Twitter	YouTube	NCBI
Acquisition	25 zetta-bytes/year	0.5–15 billion tweets/year	500–900 million hours/year	1 zetta-bases/year
Storage	1 EB/year	1–17 PB/year	1–2 EB/year	2–40 EB/year
Analysis	In situ data reduction	Topic and sentiment mining	Limited requirements	Heterogeneous data and analysis
	Real-time processing	Metadata analysis		Variant calling, ~2 trillion central processing unit (CPU) hours
	Massive volumes			All-pairs genome alignments, ~10,000 trillion CPU hours
Distribution	Dedicated lines from antennae to server (600 TB/s)	Small units of distribution	Major component of modern user's bandwidth (10 MB/s)	Many small (10 MB/s) and fewer massive (10 TB/s) data movement

doi:10.1371/journal.pbio.1002195.t001

E (exa): 10^{18} , P (peta): 10^{15}

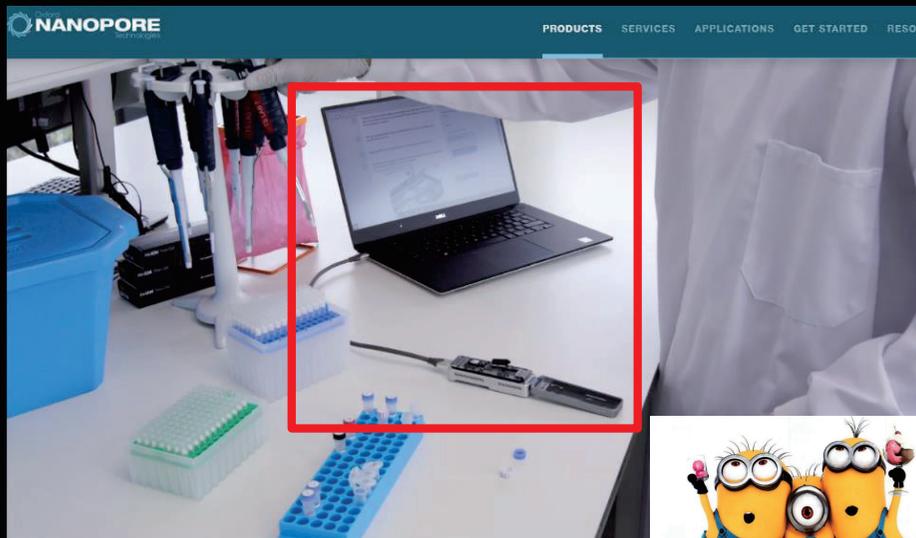
PLoS Biol. 2015 Jul 7;13(7):e1002195.

パンデミックと未来

読み取り装置: 1億円 ⇒ 10万円

PCR装置: 200万円 ⇒ 6万円

19



ナノポアシーケンサー (MinION)

<https://www.youtube.com/watch?v=RcP85JHLmnl>

パンデミックと未来



読み取り装置: 1億円 ⇒ 10万円

PCR装置: 200万円 ⇒ 6万円

20

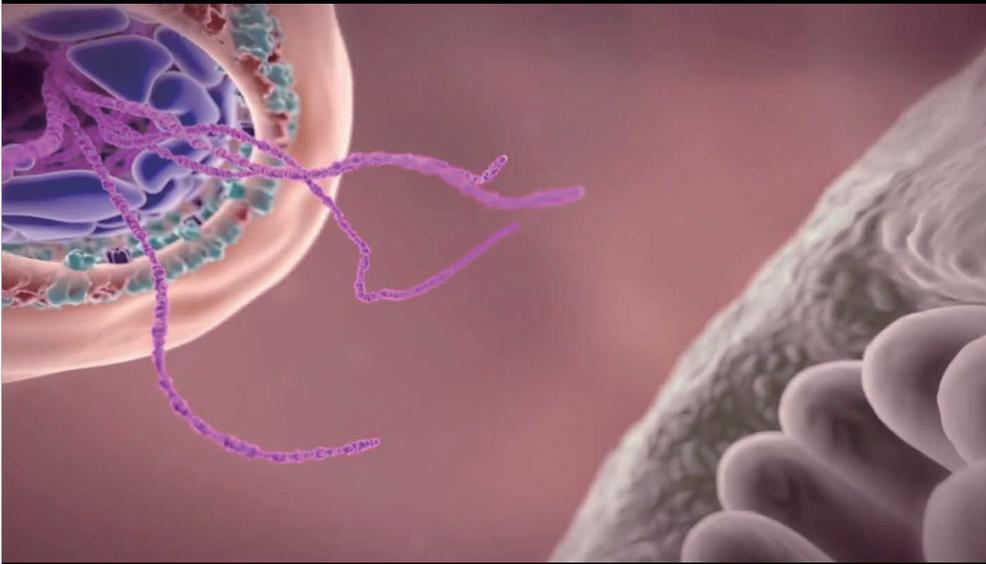


ナノポアシーケンサー (MinION)

<https://www.youtube.com/watch?v=RcP85JHLmnl>

パンデミックと未来

読み取ったデータをどう使う？



nature reviews microbiology "Coronavirus biology and replication: implications for SARS-CoV-2" Fig.1
<https://www.nature.com/articles/s41579-020-00468-6/figures/1> パンデミックと未来

読み取ったデータをどう使う？

Gene Machine

A SARS-CoV-2 virus particle waiting into a person's nose or mouth is about 100 nanometers in diameter—visible only with an electron microscope. It is a near sphere of protein (cross section shown) inside a fatty membrane that protects a twisting strand of RNA—a molecule that holds the virus's genetic code. Proteins called "S" form spikes that extend from the surface and grab onto a human cell, hundreds of times larger, so the particle, or virion, can slip inside; the crown, or corona, appearance gives the virus its name. Structural proteins—N, M and E—move inside the cell, where they help new virions form.

DRUG TARGETS

PREVENT THE VIRUS FROM ENTERING A CELL

A drug or therapeutic antibodies could lock onto the spike protein, preventing it from binding to a lung cell's ACE2 receptor. A drug could also attach to the protease enzyme and prevent it from cutting the spike protein so the virus cannot fuse with the cell.

ENCOURAGE DEFECTIVE VIRUSES

A drug could interfere with the viral RNA polymerase enzyme, which works with another enzyme called ExoN (not shown) to fix mistakes in copied viruses that would disable those viruses, leading to more bad copies and fewer good ones.

SHUT DOWN VIRUS

A drug could interfere with lung cell proteins the virus needs, such as those involved in making virus proteins or in making the vesicles the virus uses to copy its genome.

REDUCE HYPERIMMUNE RESPONSE

Immune cells can destroy too many lung cells, creating enough mucouslike waste to suffocate the lungs, forcing victims onto ventilators. Overproduction of an alarm protein, or cytokine, such as interleukin-6 can put immune cells into overdrive. Drugs could inhibit some of the cytokines by binding to them.

Scientific American "A Visual Guide to the SARS-CoV-2 Coronavirus"
<https://www.scientificamerican.com/article/a-visual-guide-to-the-sars-cov-2-coronavirus/> パンデミックと未来

構造生物学の進歩

Resolution before 2013 Resolution at present
 © The Royal Swedish Academy of Sciences/Martin Högbom

パンデミックと未来

構造生物学の進歩

24

Year	Number of Structures Released Annually	Total Number of Entries Available
1970	0	0
1975	0	0
1980	0	0
1985	0	0
1990	0	0
1995	0	0
2000	~1000	~1000
2005	~5000	~5000
2010	~15000	~15000
2015	~40000	~40000
2020	~100000	~100000

<https://www.rcsb.org/stats/growth/growth-released-structures> パンデミックと未来

マイコプラズマ肺炎

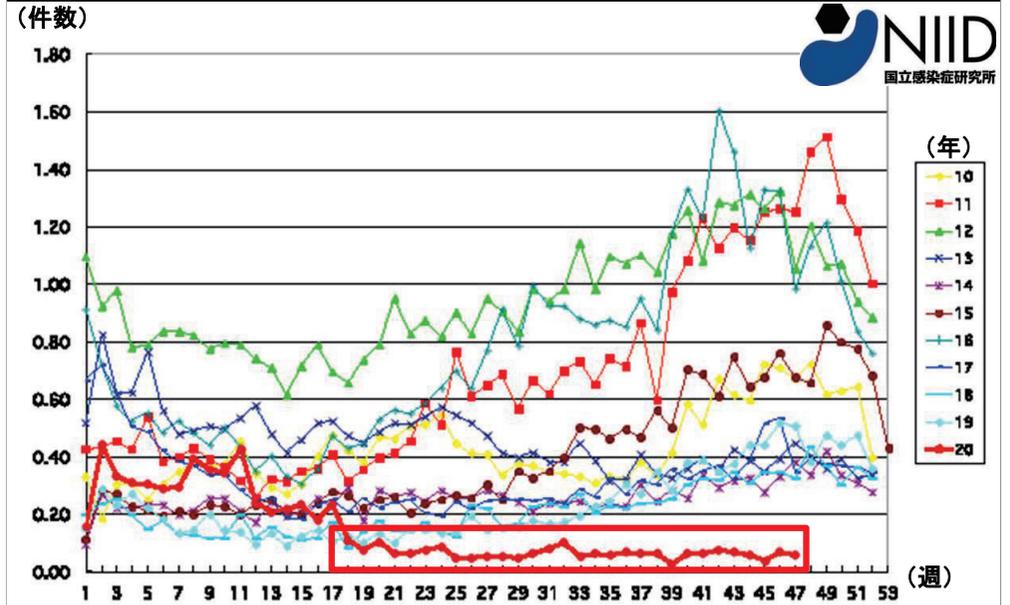


日本で毎年数万～数十万人が発症しており、ヒト市中肺炎の10-30%を占める“マイコプラズマ肺炎”は、マイコプラズマ・ニューモニエという小さな細菌によって起こります。この肺炎は、2010-2011年に世界的に大流行しました。

朝日新聞 20120204

パンデミックと未来

マイコプラズマ肺炎



各週における定点あたり報告数

パンデミックと未来

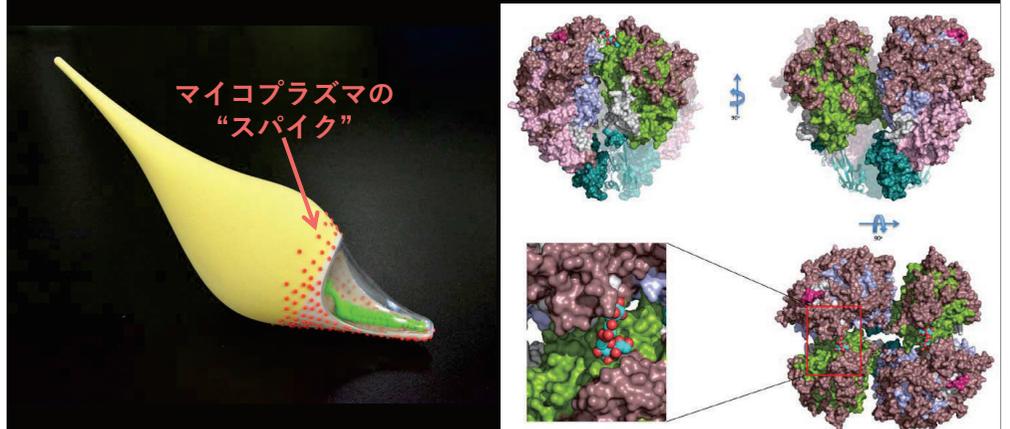
肺炎マイコプラズマ



TIMELAPSE VISION INC.

パンデミックと未来

マイコプラズマ研究40年来の夢が実現

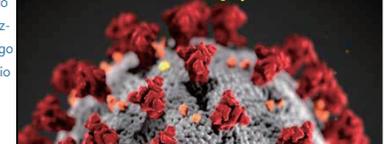


Immunodominant proteins P1 and P40/P90 from human pathogen *Mycoplasma pneumoniae*

David Vizarraga, Akihiro Kawamoto, U. Matsumoto, Ramiro Illanes, Rosa Pérez-Luque, Jesús Martín, Rocco Mazzolini, Paula Bierge, Oscar Q. Pich, Mateu Espasa, Isabel Sanfeliu, Juliana Esperalba, Miguel Fernández-Huerta, Margot P. Scheffer, Jaume Pinyol, Achilles S. Frangakis, Maria Lluch-Senar, Shiqetaror Mori, Keigo Shibayama, Tsuyoshi Kenri, Takayuki Kato, Keiichi Namba, Ignacio Fita, Makoto Mivata & David Aparicio

Nature Communications 11, Article number: 5188 (2020) | Cite this article

コロナウイルスのスパイク

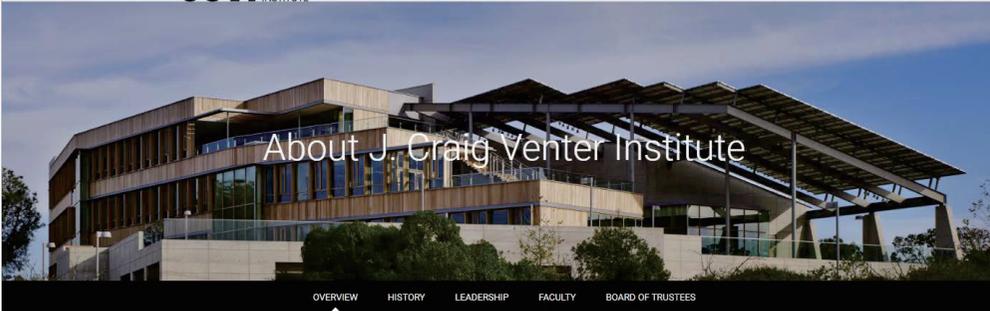


クレイグ・ベンター研究所



JCVI J CRAIG VENTER INSTITUTE

About Research Publications Blog News Careers Contact



About J. Craig Venter Institute

OVERVIEW HISTORY LEADERSHIP FACULTY BOARD OF TRUSTEES

Pioneering Genomics to Positively Impact Life

The J. Craig Venter Institute (JCVI) is a world leader in genomic research with 160 scientists and staff who are bold innovators fearlessly pursuing revolutionary ideas. With a long track-record of creativity and an interdisciplinary approach to genomics, JCVI is committed to accelerating foundational scientific research to drive advances in human health and environmental sustainability.



Mission

JCVI is advancing the science of genomics through bold innovations. Our mission is to understand more about the biological world, and to develop unique insights and answers about disease, health, and the environment for the benefit of all.

Founding

The J. Craig Venter Institute was founded in 1992 as The Institute for Genomic Research (TIGR). Through a series of consolidations occurring in 2004

パンデミックと未来

ウイルスもワクチンも合成可能

RESEARCH ARTICLE

Genome-wide engineering of an infectious clone of **herpes simplex virus type 1** using synthetic genomics assembly methods

Lauren M. Oldfield, Peter Grzesik, Alexander A. Voorhies, Nina Alperovich, Derek MacMath, Claudia D. Najera, Diya Sabrina Chandra, Sanjana Prasad, Vladimir N. Noskov, Michael G. Montague, Robert M. Friedman, Prashant J. Desai, and Sanjay Vashee

PNAS October 17, 2017 114 (42) E8885-E8894; first published September 19, 2017; <https://doi.org/10.1073/pnas.1700534114>

Construction of an infectious **horsepox virus vaccine** from chemically synthesized DNA fragments

Ryan S. Noyce, Seth Lederman, David H. Evans

Published: January 19, 2018 • <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0188453>

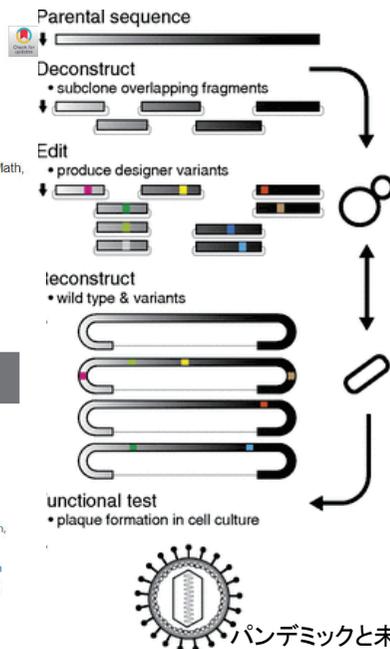
Article	Authors	Metrics	Comments	Media Coverage

Article | Published: 04 May 2020

Rapid reconstruction of **SARS-CoV-2** using a synthetic genomics platform

Tran Thi Nhu Thao, Fabien Labrousse, Nadine Ebert, Philip V. Kovski, Hanspeter Stalder, Jasmine Portmann, Jenna Kelly, Silvio Steiner, Melle Holwerda, Annika Kratzel, Mitra Gultom, Kimberly Schmied, Laura Laloli, Linda Hüsser, Manon Wider, Stephanie Pfander, Dagny Hirt, Valentina Cippà, Silvia Crespo-Pomar, Simon Schröder, Doreen Muth, Daniela Niemyer, Victor M. Corman, Marcel A. Müller, Christian Drosten, Ronald Dijkman, Joerg Jores & Volker Thiel

Nature 582, 561-565(2020) | Cite this article



パンデミックと未来

アルゴリズムでOK?

RESEARCH ARTICLE

Identification of individuals by trait prediction using whole-genome sequencing data

Christoph Lippert, Riccardo Sabatini, M. Cyrus Maher, Eun Yong Kang, Seunghak Lee, Okan Arikan, Alena Harley, Axel Bernal, Peter Garst, Victor Lavrenko, Ken Yocum, Theodore Wong, Mingfu Zhu, Wen-Yun Yang, Chris Chang, Tim Lu, Charlie W. H. Lee, Barry Hicks, Smriti Ramakrishnan, Haibao Tang, Chao Xie, Jason Piper, Suzanne Brewerton, Yaron Turpaz, Amalio Telenti, Rhonda K. Roby, Franz J. Och, and J. Craig Venter

PNAS first published September 5, 2017; <https://doi.org/10.1073/pnas.1711125114>

Contributed by J. Craig Venter, June 28, 2017 (sent for review February 7, 2017; reviewed by Jean-Pierre Hubaux, Bradley Adam Malin, and Effy Vayena)



Fig. 2.

Examples of real (Left) and predicted (Right) faces.

[Download figure](#) | [Open in new tab](#) | [Download powerpoint](#)

パンデミックと未来

CRISPR/cas9

NOBELPRISET I KEMI 2020
THE NOBEL PRIZE IN CHEMISTRY 2020



Emmanuelle Charpentier
Born in France, 1968
Max Planck Unit for the Science of Pathogens, Germany

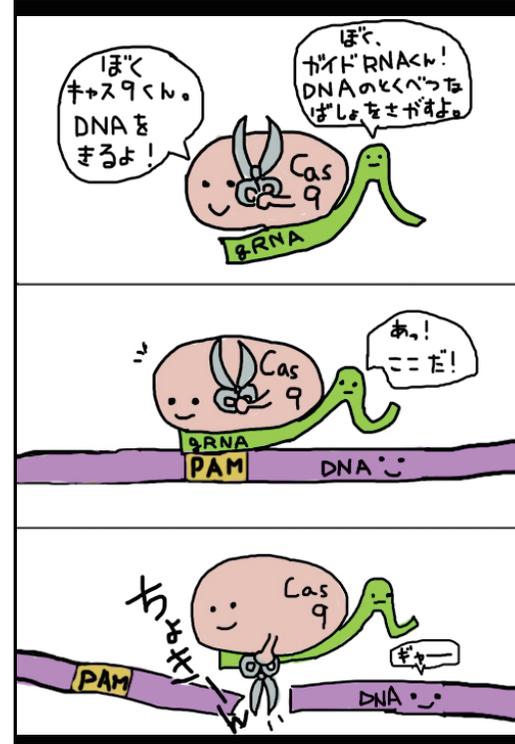


Jennifer A. Doudna
Born in the USA, 1964
University of California, Berkeley, USA
Howard Hughes Medical Institute

#nobelprize

クマムシでも分かる。ノーベル賞候補・ゲノム編集技術「CRISPR/Cas9システム」
<http://horikawad.hatenadiary.com/entry/2015/10/05/123910>

パンデミックと未来



ヒトのゲノムを編集！

パンデミックと未来

ゲノム編集ベビー誕生の報告に非難殺到

Nature ダイジェスト Vol. 16 No. 2 | doi : 10.1038/ndigest.2019.190207
原文 : Nature (2018-11-26) | doi: 10.1038/d41586-018-07545-0 | Genome-edited baby claim provokes international outcry



中国の研究者が、ヒト胚にゲノム編集を施し、双子の女兒が誕生したと発表した。| 拡大する
S.C. Leung/SOPA Images/LightRocket via Getty Images

世界初のゲノム編集ベビーを誕生させたとする中国の研究者の報告は、科学界に衝撃をもたらし、激しい抗議の声が湧き上がった。生まれたのは2018年11月、双子の女兒である。

パンデミックと未来がやって来た！

1. パンデミックは不可避の生命現象
増殖能力, 巨大なデータストレージ, 密林への進出
2. “未来の”現代生物学テクノロジー
DNA配列の解読と利用, 構造生物学
3. 今回を最後のパンデミックにするには
DNA情報の活用, 1億総生物学者

パンデミックと未来

最後のパンデミック？

- Go To シーケンスキャンペーンにより, 1億人が感染している病原体を毎週追跡
- 感染経路やワクチンの決定に活用
- 1億ゲノム情報を基に各人のリスクを判断
- 人材の配置とテーラーメイドワクチンに活用
- リスクが高い人は遺伝子改変
- 野生動物が持つあらゆる病原体のDNAをデータベース化
- ワクチンと薬の候補をデータベース化



パンデミックと未来



36