

# Omicron SARS-CoV-2 Variant

- ▶ It used computational tools to assess the spike infectivity, transmission, and pathogenicity of Omicron (BA.1) and sub-variants (BA.1.1, BA.2, and BA.3).
- ▶ A future study might investigate the epidemiological and biological consequences of the Omicron variant.
- ▶ This study revealed fundamental information about the Omicron protein structures, laying the framework for future research on the SARS-CoV-2 Omicron and sub-variants.

同じ筆者らによるオミクロン関連の論文2つをご紹介します。

前者は最新のもので、未査読ですが、オミクロンの亜型を比較評価している論文です。後者は、それより以前に発表された論文で、オミクロンとデルタ変異体を比較している論文です。

▶ Omicron (BA.1) and Sub-Variants (BA.1, BA.2 and BA.3) of SARS-CoV-2 Spike Infectivity and Pathogenicity: A Comparative Sequence and Structural-based Computational Assessment  
SARS-CoV-2 スパイクのオミクロン (BA.1) と亜型 (BA.1、BA.2、BA.3) 感染性と病原性：塩基配列および構造に基づく計算機による比較評価

オミクロン (BA.1) および亜型 (BA.1.1、BA.2、BA.3) のスパイク感染力、伝播力、病原性を評価している論文です。ここで実施しているオミクロンのバリエーション評価は、ほとんどがコンピュータによる配列・構造予測にとどまっており、これらの結果は今後の実験で調査・検証されるべきものであるとしているものの、オミクロンタンパク質の構造に関する基本的な情報を明らかにし、様々な予測が提示されています。オミクロンとその亜変異体には、免疫回避や感染の可能性に関する SARS-CoV-2 の宿主スペクトルの変化に大きく寄与すると考えられる 11 の共通変異が存在すること、オミクロン亜型 (BA.1.1、BA.2、BA.3) は、オミクロン (BA.1) やデルタよりも感染性が高い可能性があること等が示されています。これらの研究成果は、SARS-CoV-2 のオミクロンと亜変異体に関する今後の研究の枠組みを築くものであることを主張しています。

Kumar, Suresh, Kalimuthu Karuppanan, and Gunasekaran Subramaniam. "Omicron (BA. 1) and Sub-Variants (BA. 1, BA. 2 and BA. 3) of SARS-CoV-2 Spike Infectivity and Pathogenicity: A Comparative Sequence and Structural-based Computational Assessment." bioRxiv (2022).

(この論文は、22.3.9 現在、まだ査読が完了していないものです。)

▶ Omicron and Delta variant of SARS-CoV-2: A comparative computational study of spike protein  
SARS-CoV-2 のオミクロンとデルタ変異体：スパイクタンパク質の比較計算科学研究

コンピュータを用いてタンパク質全体の安定性に影響を与える構造的、配列的、動的な変化を調べ、デルタとオミクロンを比較検討している論文です。オミクロンは SARS-CoV-2 受容体結合ドメインに相当数の変異があるため、デルタよりもヒトアンジオテンシン変換酵素 2 に対する親和性が高く、高い伝達率や病態への大きな影響をもたらしている可能性があることが示されています。ここで実施されたような計算手法は、新たに出現したウイルス変異体の影響を分子レベルで早期に予測するための、迅速かつ費用対効果の高いアプローチになるだろうと主張しています。

Kumar, Suresh, et al. "Omicron and Delta variant of SARS-CoV-2: a comparative computational study of spike protein." Journal of medical virology (2021).