

SARS-CoV-2

新型コロナウイルス

— 複数ターゲットの重要性 / 変異と地域ごとの症例・死亡率 —

- ▶ This reinforces the importance of using multiple targets, preferably in at least 2 genes, for robust SARS-CoV-2 detection.
- ▶ This study opens up new perspectives to determine whether one of frequent mutations will lead to biological differences, and their correlation with different case fatality rates.

▶ 広く使用されている RT-PCR アッセイに悪影響を与える SARS-CoV-2 の N 遺伝子の多型の同定

Vanaerschot, Manu, et al. "Identification of a polymorphism in the N gene of SARS-CoV-2 that adversely impacts detection by a widely-used RT-PCR assay." bioRxiv (2020).

RT-PCR アッセイでは、複数の遺伝子をターゲットとするのが一般的です。しかし SARS-CoV-2 の場合、ターゲットを一つとする傾向にあるようです。単一ターゲットのスクリーニングで十分であるという WHO ガイドラインの見解や、米国 FDA が緊急使用許可を適用した PCR アッセイうちの 36/175 は単一ターゲットとしたものであるという現状が、その代表例であると記されています。

この文献では、緊急性が高い、または有病率が高い地域でさえ、SARS-CoV-2 をアッセイするときに 1 つのターゲットに依存することがとても危険であることを、変異という根拠をもって示しています。世界で広く検出対象とされているのは N 遺伝子ですが、それだけでは信頼性のある検出結果は得られないとしています。著者らは、少なくとも 2 つ以上の遺伝子について検出を行うことの重要性を強調しています。この文献では E 遺伝子アッセイも行うことで、正確な結果が得られたと報告しています。

(この文献は、20.10.08 現在、まだ査読が完了していません。)

▶ 全世界で流行している SARS-CoV-2 ウイルス株のゲノムワイド分析は、異質性に関与している

Islam, M. Rafiul, et al. "Genome-wide analysis of SARS-CoV-2 virus strains circulating worldwide implicates heterogeneity." Scientific Reports 10.1 (2020): 1-9.

SARS-CoV-2 ゲノム全体のさまざまな位置に変異が見られることを、ゲノムアノテーションにより明らかにした文献です。SARS-CoV-2 株 2,492 件のゲノムシーケンスを包括的に分析したところ、1,516 件もの変異が認められたことを報告しています。また、世界中の地域ごとの突然変異の頻度や分布と死亡率の違い、地域や気候による重症度の違いにも言及しています。

パンデミック状況や変異の把握、効果的な制御方法や予防戦略の開発などを行ううえで、この研究で採用したゲノムアノテーションの方法が極めて有望なツールとなり得ると述べられています。またこの研究で得られた結果は、頻繁に起こっている突然変異の 1 つ 1 つが生物学的差異につながるかどうかを見極め、様々な症例と致死率との相関を探るにあたり、その展望を開くであろうと期待を懸けています。