

SARS-CoV-2

新型コロナウイルス –プライマー・プローブとのミスマッチの評価–

- ▶ The addition of nsp1 for multitarget detection of SARS-CoV-2 can avoid false-negative results due to mutations at the primers/probes binding sites of currently available RT-PCR assays.
- ▶ An exhaustive evaluation of the sequence variability within the primer/probe target regions of the viral genome was performed using more than 17 DDD viral sequences from around the world.

RNA ウイルスは、変異を起こしやすいと言われています。現在、世界で猛威を振るう新型コロナウイルスも、RNA ウイルスの一つです。新型コロナウイルスには、既に多くの変異が見られると言います。そこで、各国で情報公開されているプライマー・プローブを用いて RT-PCR を実施し、採用する領域の変異に関して評価を行なった文献をご紹介します。

日本遺伝子研究所では、変異に関する文献情報を、今後も引き続きお伝えしたいと思います。

▶SARS-CoV-2リアルタイムRT-PCRのターゲット評価を目的としたナノポア全ゲノムシーケンシングを使用した nsp1 遺伝子の同定

Chan, Wan-Mui, et al. "Identification of nsp1 gene as the target of SARS-CoV-2 real-time RT-PCR using nanopore whole genome sequencing." Journal of Medical Virology (2020).

E 遺伝子・N 遺伝子より 5'側で変異が低頻度と考えられる nsp1 遺伝子対象のプライマー・プローブを開発しています。感度は E・N 遺伝子アッセイと同等で、このアッセイを追加することにより偽陰性を回避できると述べています。なお、この研究ではヨーロッパとアメリカで見られる系統タイプを含んでいないようです。

▶診断用 PCR アッセイにおけるコロナウイルス SARS-CoV-2 ゲノム間のミスマッチの存在の評価

Khan, Kashif Aziz, and Peter Cheung. "Presence of mismatches between diagnostic PCR assays and coronavirus SARS-CoV-2 genome." Royal Society Open Science 7.6 (2020): 200636.

WHO の WEB サイトに公開の米国、日本、ドイツなどで開発された 7 つの PCR アッセイと GISAID 公開の SARS-CoV-2 配列とのミスマッチを評価しています。7つアッセイプライマーで観察されたミスマッチのほとんどは 3'末端付近ではないため許容される可能性があることを述べていますが、設計領域の配列変動を定期的に検証することにより、アッセイを最新に保つ必要性を強調しています。また、この研究に含まれる配列の大部分はヨーロッパと北アメリカに由来し、アフリカや中南米が少ないことが懸念されます。

そのオリゴ合成、承ります！

日本遺伝子研究所では、各種『新型コロナウイルス検出用プライマー・プローブ』の合成を承っています。

今回ご紹介した文献に登場しているような既に情報公開されているプライマー・プローブの配列を添えて、ご注文ください。