

# SARS-CoV-2

Hidden genomic diversity of SARS-CoV-2  
~ implications for qRT-PCR diagnostics and transmission ~

iSNV  
and  
SNP

- ★ Provide insight into SARS-CoV-2 genomic diversity
- ★ Inform the design of detection tests
- ★ Track the transmission of SARS-CoV-2

高感度な SARS-CoV-2 検出を行うため、宿主内と宿主間両方の変異の状況を調査している文献をご紹介します。宿主内における SARS-CoV-2 ゲノムの多様性を理解することを重視しており、そうすることが検出テストの精度アップにつながると主張しています。

SARS-CoV-2 検出の感度は、プライマー・プローブが SARS-CoV-2 の多様性をどれだけうまくキャプチャできるかで決まり、僅かなミスマッチでも精度の低下につながる可能性があるとして述べられています。この文献では、SARS-CoV-2 のゲノム多様性を適切に評価するためには、一塩基多型 (SNP) だけでなく、見落とされがちな宿主内一塩基変異 (iSNV) をも考慮する必要があるとしています。iSNV が SNP として確立される可能性を考えると、iSNV の潜在的な影響は決して軽視することはできず、iSNV が最終的には SARS-CoV-2 検出の感度低下に繋がることを危惧しています。また iSNV を追跡することで、ゲノムの可変領域を予測および回避できる可能性も示唆しています。

SARS-CoV-2 の検出に使用されるプローブとプライマーに対する iSNV や SNP の潜在的な影響を分析したところ、この文献では、各国のプライマー・プローブ配列には、272 配列のうち 263 配列に少なくとも 1 つの SNP または iSNV が含まれていることが確認されたと報告しています。SARS-CoV-2 ゲノムの多様性の洞察、検出テストの設計、疫学研究のためには、iSNV を調査することが重要であるということを強調しています。

SARS-CoV-2 の隠れたゲノム多様性：qRT-PCR 診断と感染への影響

Sapoval, Nicolae, et al. "Hidden genomic diversity of SARS-CoV-2: implications for qRT-PCR diagnostics and transmission." BioRxiv (2020).

(この文献は、20.10.20 現在、まだ査読が完了していないものです。)