

新型コロナウイルス【論文紹介】 (1) 新たな変異株 B.1.526 の出現 (ニューヨークにて)  
(2) Spike 遺伝子変異 D614G のシーケンス解析

## SARS-CoV-2 lineage B.1.526 emerging in the New York region

*This lineage appeared in late November 2020, and isolates from this lineage account for ~5% of coronavirus genomes sequenced and deposited from New York during late January 2021.*

ここでは、新型コロナウイルスの変異に関する論文を2つご紹介いたします。

(1)

一つ目は、査読前のもものではありますが、新型コロナウイルスの Spike 変異の変化状況を迅速に調査するための、ソフトウェアを開発したことを報告している論文です。

筆者らは、SARS-CoV-2 のゲノム配列決定はウイルス進化の監視と理解のために重要で、英国、南ア、ブラジルで初めに検出された変異種は複数の国へ広がっているとした上で、Swift 言語で記述された高速かつ軽量の平易的手段で Spike 変異状況を調べることができる VDB と呼ばれるソフトウェアを開発したことを述べています。筆者らはこのツールを使用して、これまで報告された Variant と変異を共有するニューヨーク地域のウイルス分離株の新たな系統 (B.1.526) を検出したことが記述されています。

West Jr, Anthony P., et al. "SARS-CoV-2 lineage B. 1.526 emerging in the New York region detected by software utility created to query the spike mutational landscape." (2021).

(この論文は、21.3.3 現在、まだ査読が完了していないものです。)

(2)

二つ目の、既報「三重保環研年報 22 号(通巻第 65 号),57-62 頁 (2020)」では、SARS-CoV-2 における Spike 遺伝子の変異 D614G の解析を下記プライマーによる増幅産物に対するダイレクトシーケンス法で解析されたことが報告されています。

表 1 SARS-CoV-2 Spike 遺伝子検出用のプライマー

	プライマー名称	配列 (5'-3')
Forward primer	SARS-Cov-2: Spike-F	TTCTTACTGAGTCTAACAAAA
Reverse primer	SARS-Cov-2: Spike-R	GTTATTAGAGTAAGCAACTG