

マレーシアのセンザンコウからSARS-CoV-2 関連のコロナウイルスを単離

Kangpeng Xiao 等 (訳 河田昌東)

新型コロナウイルス病 (COVID-19) は現在、前例のない様相で広がっており、世界的レベルの健康に対する脅威となっている。この原因となった新型コロナウイルス—重症急性呼吸器症候群コロナウイルス 2 (SARS-CoV-2)—は SARS-CoV 及びコウモリ・コロナウイルス RaTG132 とゲノムの塩基配列が高度に類似性を持っている。コウモリは様々なコロナウイルスの宿主だが、SARS-CoV-2 にはさらに追加の宿主があるかどうかはまだ不明である。

ここでは、マレーシアのセンザンコウから分離されたコロナウイルスの E、M、N、および S タンパク質 (訳注) が SARS-CoV-2 とそれぞれ 100%、98.6%、97.8%、90.7% の割合でアミノ酸配列が同一であることを報告する。特にセンザンコウ CoV の S タンパク質の受容体結合ドメインはほぼ SARS-CoV-2 と同一で、機能的に重要でない一個のアミノ酸が違うだけである。

我々のゲノム比較分析は、SARS-CoV-2 がセンザンコウ CoV と、コウモリの RaTG13 ウイルスとの組換えで生じたことを示す。センザンコウ-CoV は、我々が分析した 25 匹のマレーシアのセンザンコウのうち 17 匹で検出された。感染したセンザンコウは臨床症状と組織学的変化がヒト新型コロナウイルスの感染症状と類似し、センザンコウ-CoV に対する循環抗体は SARS-CoV-2 の S タンパク質と反応した。SARS-CoV-2 と密接に関連するコロナウイルスがセンザンコウから分離されたことは、これらの動物が SARS-CoV-2 の中間宿主として働いている可能性があることを示唆している。

今回、センザンコウ—最も違法な野生動物取引の対象である—から新たに同定されたコロナウイルスは、もし今後も野生動物の取引が効果的に規制されなければ、将来の公衆衛生にとって大きな脅威となる可能性がある。

(訳注) E はウイルスの殻蛋白質、M は膜蛋白質、N は遺伝子 RNA を包む蛋白質。

S 蛋白質はウイルスが感染する際に相手の細胞に結合する突起の蛋白質。