

新型コロナウイルス文献情報とコメント(拡散自由)

2021年9月26日

1. NATUREニュース:ラオスで遺伝子配列の96%が新型コロナウイルスと同じウイルス発見
2. 感染防止対策を緩めると、次の波は必ず来るでしょう

【松崎雑感】

1. 新型コロナウイルスの由来が自然発生か、中国の実験室で人為的に作られたのか(Lab leak)という論争が続いています。もし自然発生なら、これからも続々と新興感染症が発生するおそれがあります。今回紹介したのは、ラオスで、新型コロナウイルスとほとんど同じコロナウイルスがコウモリから発見されたことで、そのおそれが強くなったというニュースです。
2. 北海道の感染発見者数は2ケタとなっていますが、10月から行動制限なしとなりそうです。とすれば、初冬にかけて感染の波が来るように思われます。治療法の進歩で致死率は減ってきましたが、次の波が来た時に、相変わらず経済的補償なしの営業制限が行われるなら、北海道の経済は大変なことになるでしょう。
松崎道幸 道北勤医協旭川北医院 matsuzak@maple.ocn.ne.jp

ラオスで遺伝子配列の96%が新型コロナウイルスと同じウイルス発見

Mallapaty S. **Closest known relatives of virus behind COVID-19 found in Laos.** **Nature.** 2021 Sep 24. doi: 10.1038/d41586-021-02596-2. Epub ahead of print. PMID: 34561634.

中国とラオスのコウモリを調査した結果、東南アジアには新型コロナウイルスと酷似したウイルスのホットスポットがあることが分かった。

研究者らは、ラオスのコウモリから、これまでで最も新型コロナウイルスに似た3種類のウイルスを発見したと報告した。

遺伝子配列の多くの部分の解析により、新型コロナウイルスが自然発生したという主張を支持する証拠が増えたと述べている。

だが、今後人に感染するおそれのあるコロナウイルス属が多数存在することも明らかになった。

グラスゴー大学のウイルス学者デヴィッド・ロバートソン氏はこれが「ファンタスティックだが、怖ろしい発見だ」と述べた。

この調査結果版プレプリントサーバーに投稿され、ピアレビュー待ちである[1]。これらの新しく発見されたウイルスが、新型コロナウイルスとほとんど同じACE2受容体結合ドメインを持っており、ヒトへの感染がおりうることが大きな懸念を巻き起こしている。

パスツール研究所のウイルス学者マルク・エロイト氏は、北部ラオスの洞窟で645羽のコウモリの唾液、糞尿を採取して、この調査結果を得た。

3種の馬蹄コウモリ属から新型コロナと95%以上類似点のあるウイルスを見つけ、BANAL-52、BANAL-103、BANAL-236と命名した。

自然発生

「新型コロナウイルスが初めて発見された時、受容体結合ドメインの遺伝子配列は、それまで発見されていたコロナ属ウイルスと大きく異なっていた事が分かった」とシドニー大学ウイルス学者エドワード・ホルムズ氏は語った。

この所見が、新型コロナウイルスが実験室で作られたという主張のもととなった。しかし、今回のラオスのコロナウイルスの発見によって、新型コロナウイルスに特徴的な遺伝子配列が自然界に存在することが明らかになったと彼は語った。

「新型コロナウイルスは自然発生したという考えに益々確信を持った」とシンガポールのデューク・NUS医科大学ウイルス学者リンファ・ワン氏は語る。

タイ、カンボジア、中国南部の雲南省で発見された新型コロナウイルス近縁種の存在と合わせて、今回の調査結果は、東南アジアが「様々な新型コロナ近縁ウイルスが多数存在する地域」であることを示しているとハノイの野生生物保護協会の生物学者アリス・ラティナンヌ氏は述べた。

エロイト氏のチームは、これらのウイルスの受容体結合ドメインが、新型コロナウイルスの初期の変異株に匹敵するACE2受容体結合力を持っていることを実験的に明らかにした。彼らは、動物モデルに対する病原性を確認するために、BANAL-236ウイルスを細胞培養したと語った。

昨年、RaTG13という新型コロナウイルス近縁種が雲南省のコウモリから発見されたと報告している[5]。このウイルスは新型コロナウイルスと96.1%同一であり、40～70年前に共通の祖先から分化したと推定されている[6]。

エロイト氏は、BANAL-52が新型コロナと96.8%同一であり、これら新規発見の3種のウイルスの遺伝子セクションは、他のウイルスよりも新型コロナに似ていると述べている。

ウイルスは組み換えと言うプロセスで、他のウイルスとRNAを交換する。BANAL-103とBANAL-52のある遺伝子セクションの状態を見ると、これらのウイルスがこの10年以内に新型コロナウイルスと共通の祖先から分化したようだ、と、グラスゴー大学進化ウイルス学者スパイラス・ライトラス氏は述べた。

「これらのウイルスは再結合によって、ゲノムを交換するので、ゲノム解析でその進化過程がわかる」

新型コロナウイルスとのつながりの謎

今回のラオスでの調査により、新型コロナウイルスの起源に関する考察が進んだ。しかし、どこでどのようにつながったのかが解明されていない。

例えば、今回発見されたラオスのウイルスのスパイク蛋白には、細胞内へのコロナウイルス属の侵入を助けるフリン・クリベージ・サイトがない。

また、新型コロナウイルスの先祖のウイルスがどのように東南アジアから中国中央部の武漢に入り込んだかもわかっていない。媒介動物による伝播かどうかも分かっていない。

東南アジアでさらにコウモリなど野生動物からウイルス検体を採取して答えを見つけることができるだろうと研究者らは考えている。

リサーチスクエアに投稿されたプレプリント論文には、中国における研究の状況が報告されている[7]。この調査では、2016年から2021年までに1万3千匹のコウモリから検体を採取したが、新型コロナウイルスに極めて近いコロナウイルス属は発見されていないという。

研究者は「中国国内のコウモリには新型コロナウイルスに酷似したウイルスは極めて稀だ」と述べている。

しかし、ホルムズ氏は「新型コロナウイルスに似たウイルスが中国のコウモリに広がっていないという意見には同意できない。すでに雲南省でそのようなウイルスが見つまっているではないか」と疑問を呈する。

この論文の著者は、本誌の質問に対して、現在レビュー中であるため回答は差し控えると答えている。

ワン氏は、新型コロナウイルスの起源を明らかにするためには、中国以外の地域での検体採取が重要だと考えている。

引用文献

1. Temmam, S. et al. Preprint at Research Square <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-871965/v1> (2021).
2. Wacharapluesadee, S. et al. Nature Commun. 12, 972 (2021). - [PubMed](#) - [DOI](#)
3. Hul, V. et al. Preprint at bioRxiv <https://doi.org/10.1101/2021.01.26.428212> (2021).
4. Zhou, H. et al. Cell 184, 4380–4391 (2021). - [PubMed](#) - [DOI](#) - [PMC](#)
5. Zhou, P. et al. Nature 579, 270–273 (2020). - [PubMed](#) - [DOI](#) - [PMC](#)
6. Boni, M. F. et al. Nature Microbiol. 5, 1408–1417 (2020). - [PubMed](#) - [DOI](#)
7. Wu, Z. et al. Preprint at Research Square <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-885194/v1> (2021).

感染防止対策を緩めると、次の波は必ず来るでしょう

北海道内の日別陽性患者確認数

2021年9月25日現在

