



報道関係者 各位

令和2年5月29日

【照会先】

国立医薬品食品衛生研究所

遺伝子医薬部 部長 井上 貴雄（内線 1620）

（代表電話） 044 (270) 6600

（直通電話） 044 (270) 6536

COVID-19 診断用プライマー交差性解析システムを 整備・公開しました

国立医薬品食品衛生研究所（神奈川県川崎市）遺伝子医薬部では、今般、「COVID-19 診断用プライマー交差性解析システム」を整備し、公開しました。

本システムは、新型コロナウイルス感染症（COVID-19）関連の生物種のゲノムデータベースを構築した上で、高速塩基配列検索ソフトウェア GGGenome による検索に対応したものです。

※ 「COVID-19 診断用プライマー交差性解析システム」の詳細は以下のサイトをご覧ください。

<http://www.nihs.go.jp/mtgt/covid-19info.html>

※ GGGenome はライフサイエンス統合データベースセンター（DBCLS）が公開・運営しています。

<https://GGGenome.dbcls.jp>

1) 概要

COVID-19 の PCR 検査に用いるプライマー及びプローブについては、常在菌や他のウイルスの核酸配列との交差性について、コンピュータを用いた解析（インシリコ解析）により確認することが求められています。

これまで、一般に広く用いられている検索プログラムでは、交差性を有する核酸配列を正確に抽出できない可能性があり、また、検索すべき生物種（COVID-19 関連生物種）のゲノム配列を包括的に含んだデータベースは存在せず、検索には研究者の手間と時間を要していました。

今回整備したシステムを用いることにより、プライマー等の交差性確認を正確、迅速、簡便に実施することが可能となり、新たな PCR 検査用のプライマー等の設計の高度化・迅速化に貢献します。

2) COVID-19 関連生物種ゲノムデータベースについて

WHO のガイダンスに示された「コロナウイルス 7 種＋その他の生物種 32 種」、FDA のガイダンスに示された「コロナウイルス 7 種＋その他の生物種 20 種」など COVID-19 関連生物種のゲノム配列データを集約し、データベース化しました。

3) 従来の検索手法との比較

項目	従来法		新手法
	NCBI blast	NCBI blast+	GGGenome
COVID-19 関連生物種のゲノムデータベース	個別に生物種（20種以上）を入力（一部指定不可）	独自に構築が必要	構築済み (今回の取り組み： <u>国立衛研</u>)
操作方法	平易（マウス操作で指定）	習熟が必要（コマンド入力）	平易（マウス操作で指定）
プライマー配列全長での交差性の評価	困難	困難	容易
検索結果の取り扱い	労力を要する（後処理に手間がかかる）	労力を要する（後処理に手間がかかる）	容易
検索に要する時間※	やや長い（数分）	長い（1時間以上）	短い（数十秒）
検索漏れの可能性	有	有	無
指定（習熟）が必要なパラメータの数	多い	多い	少ない

※一般的な検索条件において要する時間の例（詳細は上記 URL に掲載した文書（資料 14, 18）を参照）

<用語解説>

- ・ **プライマー**
PCR 検査で検出したい核酸配列を増幅する際の起点となる 20 塩基程度の一本鎖 DNA。
- ・ **プローブ**
目印となる化学物質（蛍光色素等）を付けた、目的とする核酸配列と相補的に結合する 25 塩基程度の一本鎖 DNA。
- ・ **交差性**
他の生物種に類似した核酸配列があり、プライマーあるいはプローブが検出目的ではない他の生物種の核酸配列と結合する可能性があること。
- ・ **GGGenome**
ライフサイエンス統合データベースセンター（DBCLS）が公開している高速塩基配列検索ソフトウェア。PCR プライマーやプローブ等の比較的短い塩基配列についても、見落としなく高速に検索することができる。
- ・ **BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)**
代表的な配列類似性検索プログラム。NCBI（米国国立生物工学情報センター）がウェブ版（NCBI blast：一般用）やスタンドアローン版（NCBI blast+：習熟者用）を公開しており、広く利用されている。