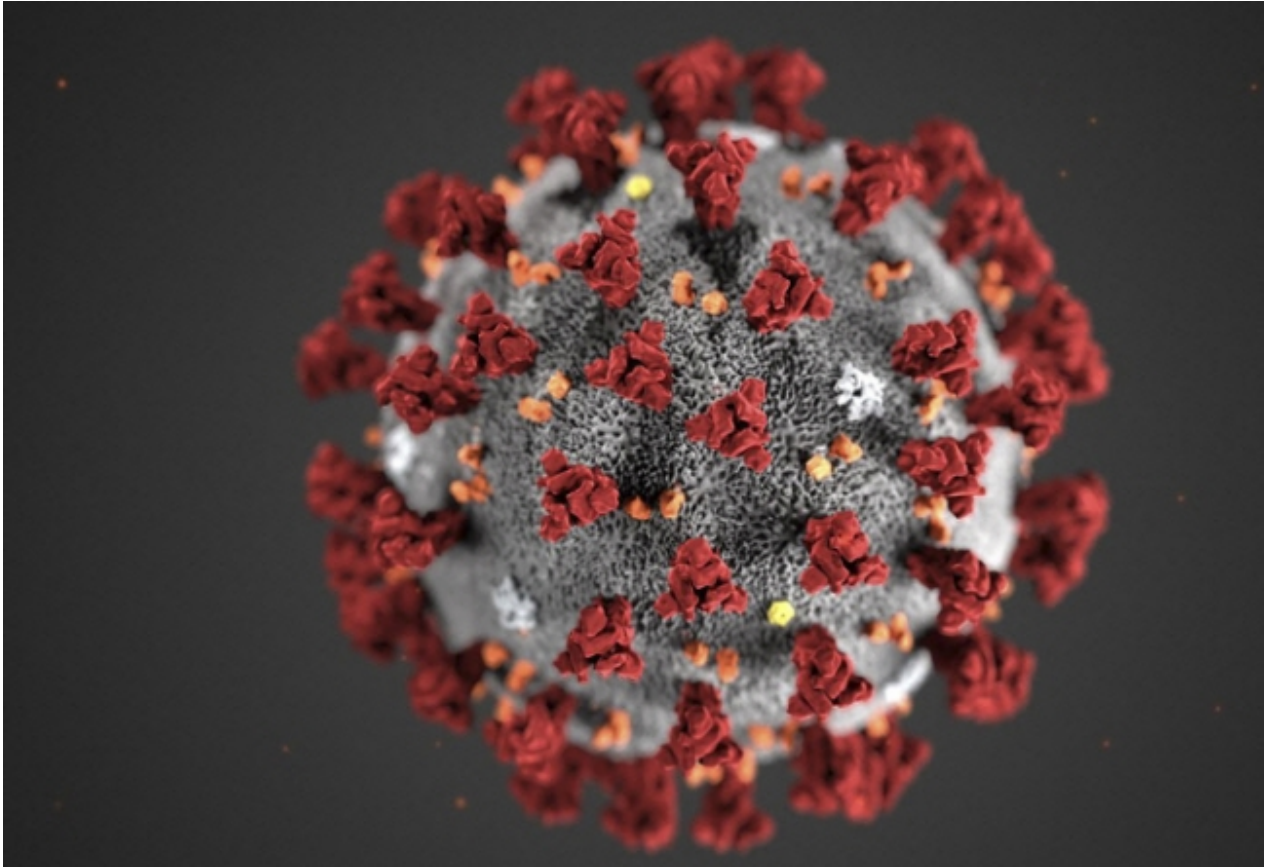


경향신문

중국 연구진 “코로나19, HIV와 유사한 변이”

기사입력 2020-02-27 16:33 최종수정 2020-02-27 16:42



코로나19 바이러스 이미지 | AFP연합뉴스

중국 연구진이 코로나19 바이러스에서 중증급성호흡기증후군(사스)에는 존재하지 않지만, 인간면역결핍바이러스(HIV)나 에볼라 바이러스와 유사한 유전체 변이가 관찰됐다고 주장했다.

27일 홍콩 사우스차이나모닝포스트(SCMP)에 따르면 환지서우(阮吉壽) 교수가 이끄는 텐진(天津) 난카이(南開)대 연구팀은 중국과학원 과학기술논문 예비발표 플랫폼(Chinaxiv.org)에 이 같은 내용의 논문을 지난 14일 게재했다. 이 플랫폼은 전문가 심사를 거치기 전 단계의 논문들이 사전발표된다.

기존 연구에 따르면 사스는 바이러스가 인체의 바이러스 수용체 단백질인 'ACE2'와 결합하면서 발생한다. 2002~2003년 사스 확산이 제한적이었던 것은 건강한 사람들은 'ACE2'가 많지 않기 때문이다. 반면 HIV나 에볼라 등의 바이러스는 인체에서 단백질 활성화 역할을 하는 '퓨린'이라는 효소를 표적으로 삼는다.

연구진에 따르면 코로나19 바이러스의 게놈(genome-유전체) 서열에서 HIV나 에볼라와 유사한 유전체 변이가 관찰됐다. 코로나19는 '스파이크 단백질'(돌기 단백질)을 이용해 숙주세포에 붙는데, 일반적으로 이 단백질은 비활성 상태다. 활성화를 위해서는 특정 지점에 대한 '절단'이 필요하다. 논문에 따르면 코로나19 바이러스는 변이를 통해 스파이크 단백질에 '분할지점'(cleavage site) 구조를 생성할 수 있다. 이 분할지점 때문에 '퓨린'이 스파이크 단백질을 '절단'해 활성화시키고, 바이러스와 세포막이 '직접 결합'하도록 한다는 것이다. 이는 사스에서는 관찰되지 않는 것이다.

연구진은 "이 연구결과는 코로나19의 감염 경로가 사스와 명확히 다를 것임을 시사한다"면서 "코로나19는 HIV의 결합 메커니즘을 쓸지도 모른다"고 했다. 초기 연구에서는 사스와 유전자 구조가 약 80% 유사한 코로나19가 사스와 비슷한 경로를 따를 것으로 추정됐다. 연구진은 또 이러한 결합방식을 쓰면 "사스보다 100배에서 1000배 더 강하다"고 주장하기도 했다.

SCMP는 이 논문 내용이 화중과기대학 리화 교수 연구팀의 후속 연구에 의해서도 확인됐다고 보도했다. 리 교수는 '퓨린' 효소를 타겟으로 한 HIV치료제 등의 약물이 인체 내에서 코로나19 바이러스의 복제를 막을 가능성이 있다고 밝혔다.

반면 중국과학원 소속 베이징 미생물연구소의 한 연구진은 관련 연구들에 대해 "모두 유전자 서열에 근거한 것"이라면서 "바이러스가 예상처럼 움직일지는 실험 등 다른 증거가 필요하다"고 평가하기도 했다.

김향미 기자 sokhm@kyunghyang.com

- ▶ 장도리 | 그림마당 보기
- ▶ 경향 유튜브 구독 ▶ 경향 페이스북 구독

©경향신문(www.khan.co.kr), 무단전재 및 재배포 금지

이 기사 주소 <https://news.naver.com/main/read.nhn?mode=LPOD&mid=etc&oid=032&aid=0002994452>
