

新型コロナウイルス感染症（変異株）への対応



厚生労働省 新型コロナウイルス感染症対策推進本部

Ministry of Health, Labour and Welfare

新型コロナウイルス感染症（変異株）のまとめ

一般的にウイルスは増殖や感染を繰り返す中で少しずつ変異していくものであり、新型コロナウイルスも約2週間で一箇所程度の速度で変異していると考えられている。

国立感染症研究所は、こうした変異をリスク分析し、その評価に応じて、変異株を「懸念される変異株（VOC）」と「注目すべき変異株（VOI）」に分類※¹している。

1. 懸念される変異株（Variant of Concern : VOC）

主に感染性や重篤度が増す・ワクチン効果を弱めるなど性質が変化した可能性のある株

- B.1.1.7系統の変異株（アルファ株）※²
- B.1.351系統の変異株（ベータ株）
- P.1系統の変異株（ガンマ株）
- B.1.617.2系統の変異株（デルタ株）

2. 注目すべき変異株（Variant of Interest : VOI）

主に感染性や重篤度・ワクチン効果などに影響を与える可能性が示唆される株

- B.1.617.1系統の変異株（カッパ株）

※¹ 国立感染症研究所では、WHOと同様に、変異株をVOCとVOIに分類している。国内での検出状況等を加味することから、分類は各国によって異なる。※² PANGO系統(pango lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

新型コロナウイルスの懸念される変異株（VOC）

PANGO系統 (WHOラベル)	最初の 検出	主な 変異	感染性 (従来株比)	重篤度 (従来株比)	再感染やワクチン 効果 (従来株比)
B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株)	2020年9月 英国	N501Y	1.32倍と推定※ (5～7割程度 高い可能性)	1.4倍 (40-64歳 1.66倍) と推定※ (入院・死亡リスクが高い 可能性)	効果に影響がある 証拠なし
B.1.351 系統の変異株 (ベータ株)	2020年5月 南アフリカ	N501Y E484K	5割程度高い 可能性	入院時死亡リスク が高い可能性	効果を弱める 可能性
P.1系統の変異株 (ガンマ株)	2020年11月 ブラジル	N501Y E484K	1.4-2.2倍高い 可能性	入院リスクが高い 可能性	効果を弱める可能性 従来株感染者の再感染 事例の報告あり
B.1.617.2系統 の変異株 (デルタ株)	2020年10月 インド	L452R	高い可能性 (アルファ株の1.5倍 高い可能性)	入院リスクが高い 可能性	ワクチンと抗体医薬の 効果を弱める可能性

※感染性・重篤度は、国立感染症研究所等による日本国内症例の疫学的分析結果に基づくもの。ただし、重篤度について、本結果のみから変異株の重症度について結論づけることは困難。
 ※PANGO系統(PANGO Lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

新型コロナウイルスの注目すべき変異株（VOI）

PANGO系統 (WHOラベル)	最初の 検出	主な 変異	概要
B.1.617.1系統の変異株 (カッパ株)	2020年10月 インド	L452R E484Q	<ul style="list-style-type: none">感染性の増加と治療薬（抗体医薬）の効果への影響が示唆されている引き続き、ゲノムサーベイランスを通じて実態を把握

※件数は暫定値であり、その時点において最新のpango lineageを基に計上しているものであるため、再集計した際に数値が変動する可能性がある。

※PANGO系統(pango lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

国内におけるSARS-CoV-2のゲノム解析

累積:86,988 (10/11時点) (+1,505) 括弧内は10/4時点比

都道府県別・空港等検疫の累積：北海道3,012、青森県210、岩手県512、宮城県2,123、秋田県299、山形県449、福島県1,971、茨城県2,676、栃木県2,013、群馬県1,201、埼玉県4,079、千葉県4,018、東京都929、神奈川県2,757、新潟県1,611、富山県704、石川県1,408、福井県869、山梨県346、長野県1,362、岐阜県534、静岡県1,801、愛知県1,030、三重県1,340、滋賀県830、京都府1,785、大阪府2,906、兵庫県10,942、奈良県1,126、和歌山県1,779、鳥取県522、島根県820、岡山県1,190、広島県2,729、山口県2,096、徳島県407、香川県643、愛媛県442、高知県573、福岡県9,305、佐賀県695、長崎県939、熊本県1,384、大分県1,094、宮崎県416、鹿児島県1,599、沖縄県2,412、空港等検疫3,100

国立感染症研究所等における全ゲノム解析により確認されたVOCs, VOIs

(系統のみを特定できたものも含む) (10/11時点) 括弧内は10/4時点比

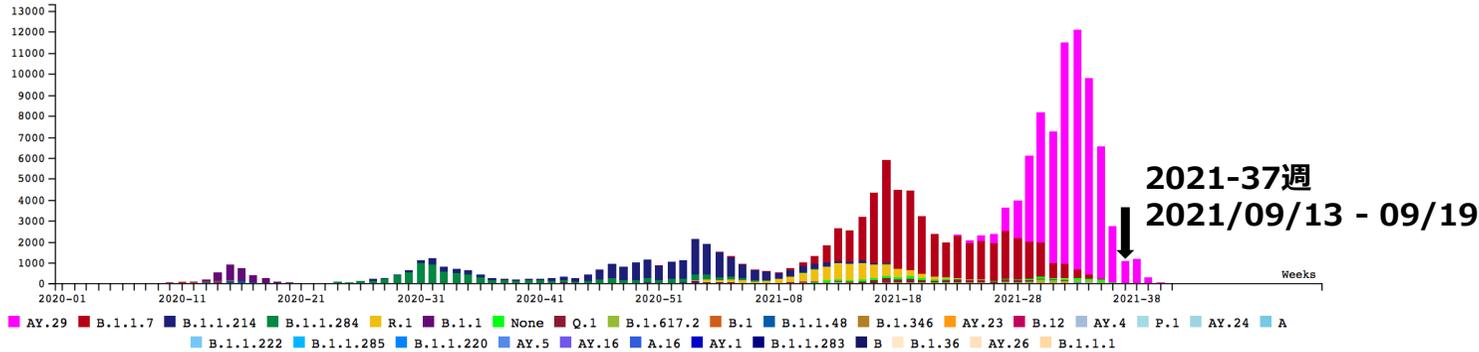
B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株)	: 国内48,538例 (+387例)、検疫341例 (+2例)
B.1.351系統の変異株 (ベータ株)	: 国内24例 (+0例)、検疫92例 (+0例)
P.1系統の変異株 (ガンマ株)	: 国内106例 (+1例)、検疫29例 (+0例)
B.1.617.2系統の変異株 (デルタ株)	: 国内60,072例 (+9,646例)、検疫1,054例 (+52例)
B.1.617.1系統の変異株 (カッパ株)	: 国内8例 (+0例)、検疫19例 (+0例)

※件数は暫定値であり、その時点において最新のpango lineageを基に計上しているものであるため、再集計した際に数値が変動する可能性がある。
※デルタ株にはB.1.617.2系統と同等の変異を有する系統 (AY.1等) が含まれる。

新型コロナウイルス ゲノムサーベイランスによる系統別検出状況（国立感染症研究所）

国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷（2021/10/15 現在）

[Only Domestic] Weekly Top 30 Graph (count each week)

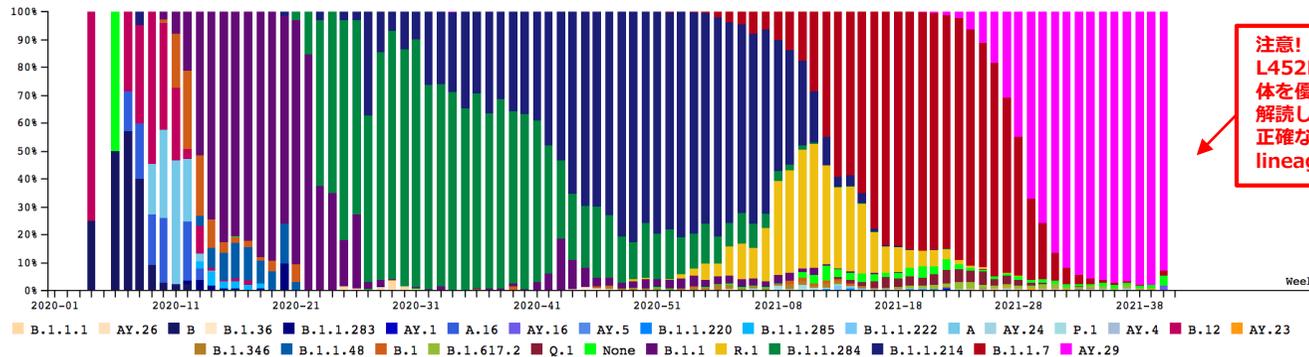


None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

2021-37	
AY.29	1038
B.1.1.7	6
B.1.1.214	0
B.1.1.284	0
R.1	0
B.1.1	0
None	7
Q.1	0
B.1.617.2	14
B.1	0
B.1.1.484	0
B.1.346	0
AY.23	0
B.12	0
AY.4	4
P.1	0
AY.24	1
A	0
B.1.1.222	0
B.1.1.285	0
B.1.1.220	0
AY.5	1
AY.16	0
A.16	0
AY.1	0
B.1.1.283	0
B.1.36	0
B	0
AY.26	2

[Only Domestic] Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



注意!
L452R PCR陽性検体を優先してゲノム解読しているため、正確な母数でPANGO lineage判定できない。

None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

※その他の株は検出されていない。

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

※各都道府県のゲノムサーベイランスの状況については、厚生労働省HPの新型コロナウイルス感染症について/国内の発生状況/変異株に関する参考資料、において公表しています。

資料 4 ②

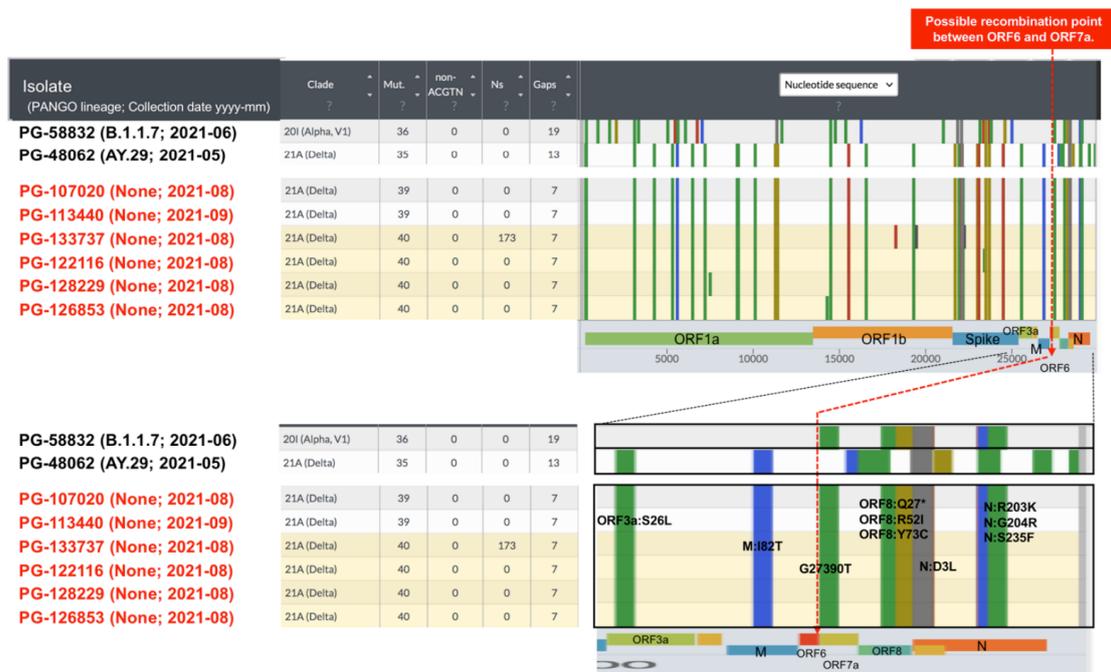
アルファ株とデルタ株の組換え体とみられる SARS-CoV-2 ウイルスの検出について

国立感染症研究所
2021 年 10 月 18 日

- 国立感染症研究所は、SARS-CoV-2 ウイルスのアルファ株とデルタ株の組換え体とみられる SARS-CoV-2 ウイルスを国内で 6 検体検出した。
- 当該検体は 8 月 12 日から 9 月 1 日の間に採取された検体で、Pango 系統では B.1.1 に分類されたが、Nextclade では 21A(デルタ)に分類された。遺伝子配列のアライメント解析を行ったところ、21A(デルタ)系統であるものの、ORF6 遺伝子から N 遺伝子にかけて、20I(アルファ, V1)系統と同一の変異プロファイルを有する配列が存在した。また、ORF6 遺伝子と ORF7a 遺伝子の間に組換えが起きた箇所と考えられる部位が存在した (図)。
- 遺伝子解読において、当該検体に 2 種類のウイルスが混入していた可能性を示す所見はなく、両変異株の同時感染や他検体の混入によるものではないと考えられる。
- 6 検体の遺伝子配列はほぼ同一で、共通起源を有するウイルスと考えられる。
- デルタ株の部分は国内で流行するデルタ株由来と考えられ、組換えが生じた箇所は ORF6 遺伝子以降で、感染性・免疫逃避に影響が生じる箇所ではなく、デルタ株と比較して感染・伝播性や免疫等への影響が強くなる可能性はないと考えられる。よって、現時点では、本組換え体による追加的な公衆衛生リスクは無いと考えられるが、今後の動向に注意する。
- 異なる系統間の SARS-CoV-2 ウイルスの組換え事例については、英国から報告があるが(1)、アルファ株とデルタ株の組換え事例はこれまで報告がなかった。
- これらの遺伝子配列はすべて GISAID に登録済みである。また、本報告は学術誌に投稿中であり、[medRxiv](https://medrxiv.org/) に掲載済みである。なお、当該ウイルスの分離に成功しており、現在配列の確認作業を行っている。
- 引き続きゲノムサーベイランスによる発生動向の監視を行っていく。

(1) Jackson B., et al. Generation and transmission of interlineage recombinants in the SARS-CoV-2 pandemic. Cell. 184(20). 2021. pp. 5179-5188.e8.

図 国内で検出されたアルファ株とデルタ株の組換え体とみられる SARS-CoV-2 ウイルスの遺伝子配列アライメント



上 2 行 (PG-58832 : アルファ株、PG-48062 : デルタ株) は参照配列。

赤字の 6 検体は Nextclade で 21A (デルタ) と判定されたものの、ORF7a 遺伝子配列部分の変異はアルファ株のプロファイルと同一だった。赤字点線部分がアルファ株との組換えが起こったと考えられる箇所である。