

## 日本の新型コロナウイルス、6月に突然出現さらに変異

新しい遺伝子配列を持つ新型コロナウイルスが、6月以降日本全国に広がっているという分析結果を国立感染症研究所の研究チームが公表した。東京から地方への移動によって感染が拡大したことが、ウイルスの遺伝子分析からも推定される結果となった。研究チームは、日本人が感染した新型コロナウイルスの遺伝子に着目。配列の変化と流行の関係を調べた。

その結果、3月からの感染拡大では、欧州系統の遺伝子配列を持つウイルスによるクラスター（感染集団）が全国各地で複数発生した。5月下旬にいったん収束したものの、6月中旬、東京を中心に新たなタイプの遺伝子配列のウイルスが突然出現。現在、急速に増加している全国の陽性患者の多くが、新タイプに属することが分かった。

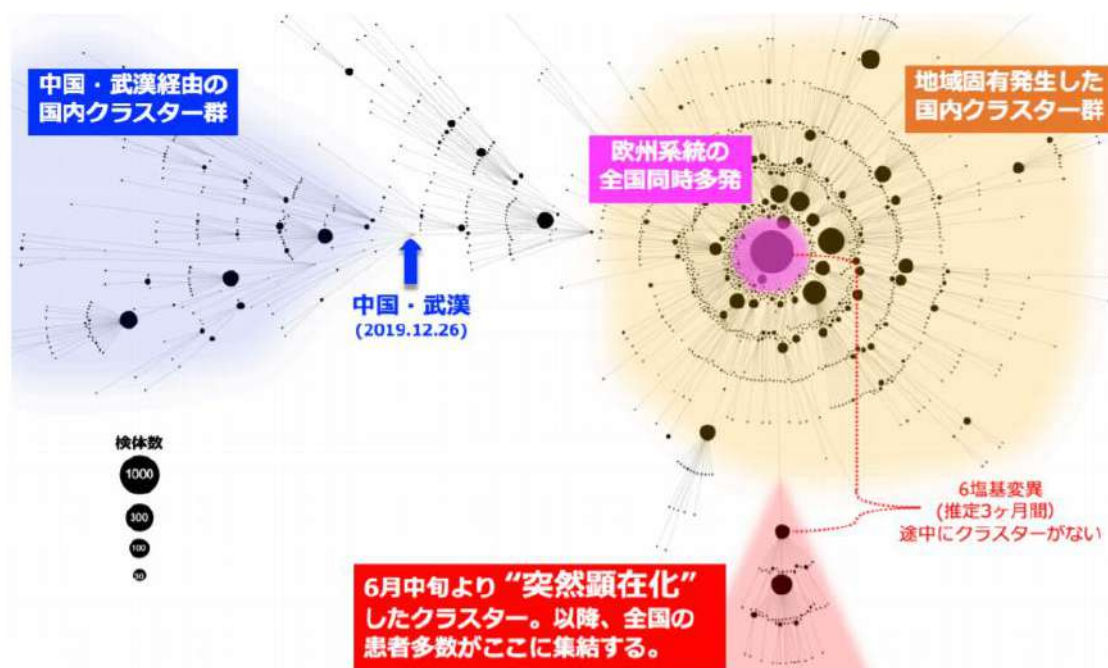


図1 日本の新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）ゲノム情報の塩基変異を用いたハプロタイプ・ネットワーク。中国武漢を発端に、塩基変異を蓄積して生まれるウイルス株の親子関係を図示化した（2020年7月16日現在）。変異速度は24.1塩基変異/ゲノム/年（つまり、1年間で24.1箇所の変異が見込まれる）であると推定されている。3月中旬以降、欧州系統による全国同時多発のクラスター発生（右中央の●背景）し、その周りに1-2塩基変異を伴って地域特徴的なクラスターが部分的に発生したものの（オレンジ背景）、緊急事態宣言により収束へと転じ始めた。しかしながら、現在急速に増加している全国の陽

性患者の多くが一つのゲノム・クラスターに集約されることが明らかになった（**ピンク背景**）。欧州系統（3月中旬）から6塩基変異あり、この3ヶ月間で明確なつなぎ役となる患者やクラスターはいまだ発見されておらず、空白リンクになっている。この長期間、特定の患者として顕在化せず保健所が探知しづらい対象（軽症者もしくは無症状陽性者）が感染リンクを静かにつないでいた可能性が残る。

世界各地の研究所において SARS-CoV-2 のゲノム配列が解読されており、2020年7月25日現在で46,000名の患者の SARS-CoV-2 ゲノム配列（ゲノム分子疫学に適正な完全長配列）が登録されている。国立感染症研究所において新型コロナウイルス SARS-CoV-2（一本鎖プラス鎖 RNA ウイルス、全長 29.9 kb）のゲノム配列を確定し、感染クラスターに特有な遺伝子情報そしてクラスター間の共通性を解析中である。

国内においても各地の自治体協力施設から陽性検体を収集し、3618名の国内患者、ダイアモンド・プリセンス号の乗員乗客患者70名、空港検疫所の陽性患者67名（外国人含む）の SARS-CoV-2 ゲノム配列を確定した。

日本のゲノム情報から塩基変異を抽出し、ウイルス株の親子関係を示すハプロタイプ・ネットワーク（図1）を作成した。SARS-CoV-2 の変異速度は現在のところ24.1塩基変異/ゲノム/年（つまり、1年間で24.1箇所の変異が見込まれる）と推定されており、国内でもほぼ同様の傾向が認められた。2019年末の発生から7ヶ月ほどの期間を経てゲノム全域に平均15塩基ほどの変異がランダムに発生していると示唆されている。

日本語発表原文

<https://www.niid.go.jp/niid/ja/basic-science/467-genome/9787-genome-2020-2.html>

文 JST 客観日本編集部