

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）」、「注目すべき変異株（VOI）」、「監視下の変異株（VUM）」に分類※1。変異株の発生動向はゲノムサーベイランスで監視している。

1. 懸念される変異株（Variants of Concern : VOC）

主に感染性や重篤度が増す・ワクチン効果が減弱するなど**性質が変化した可能性が明らかな株**

- B.1.351系統の変異株（ベータ株）※2
- 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）※3
- B.1.1.529系統の変異株（オミクロン株）

2. 注目すべき変異株（Variants 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かつ国内侵入・増加するリスク等がある株**

- 現在該当なし。

3. 監視下の変異株（Variants under Monitoring : VUM）

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又はVOC/VOIに分類されたもので世界的に検出数が著しく減少等している株**

- B.1.1.7系統の変異株（アルファ株）
- B.1.617.1系統の変異株（旧カッパ株）
- C.37系統の変異株（ラムダ株）
- B.1.621系統の変異株（ミュー株）
- AY.4.2系統の変異株（デルタ株（亜系統））※3

※1 国立感染症研究所では、WHO等の分類方法を参考に、変異株をVOC、VOI、VUM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。※3 デルタ株は、PANGO系統のB.1.617.2系統及びその亜系統にあたるAY系統を含んでいる。

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.1.351 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	ワクチンや抗体医薬の 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	ワクチンや抗体医薬の 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	ワクチンの効果を弱める 可能性
B.1.1.529系統の 変異株 (オミクロン株)	2021年11月 南アフリカ等	N501Y E484A	高い可能性	十分な疫学情報が無く 不明	再感染リスク増加の 可能性 ワクチンの効果を弱める 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。

※デルタ株は、PANGO 系統の B.1.617.2 系統及びその亜系統にあたる AY 系統を含んでいる。

(出典)国立感染症研究所、WHO

新型コロナウイルスの監視下の変異株（VUM）

PANGO系統 (WHOラベル)	最初の 検出	主な 変異	概要
B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株)	2020年9月 英国	N501Y	<ul style="list-style-type: none">感染性や重篤度への影響が示唆されている世界的に検出数が大幅に減少し、追加的な疫学的な影響が見込まれない
B.1.617.1系統の変異株 (旧カッパ株)	2020年10月 インド	L452R E484Q	<ul style="list-style-type: none">感染性の増加が示唆されている世界的に検出数が大幅に減少
C.37系統の変異株 (ラムダ株)	2020年8月 ペルー	L452Q F490S D614G	<ul style="list-style-type: none">感染性の増加が示唆されている
B.1.621系統の変異株 (ミュー株)	2021年1月 コロンビア	E484K N501Y P681H	<ul style="list-style-type: none">感染性やワクチンの効果への影響が示唆されている
AY.4.2系統の変異株	2021年10月 英国	L452R Y145H A222V	<ul style="list-style-type: none">感染性等への影響について示唆されている

※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。

※デルタ株は、PANGO 系統の B.1.617.2 系統及びその亜系統にあたる AY 系統を含んでいる。

(出典) 国立感染症研究所、WHO

国内におけるSARS-CoV-2のゲノム解析

累積:115,778 (2/7時点) (+1,276) 括弧内は1/31時点比

都道府県別・検疫の累積：北海道4,006、青森県396、岩手県648、宮城県3,058、秋田県302、山形県636、福島県2,754、茨城県3,759、栃木県2,459、群馬県1,634、埼玉県5,150、千葉県5,073、東京都933、神奈川県3,537、新潟県1,970、富山県872、石川県1,773、福井県1,077、山梨県346、長野県1,362、岐阜県862、静岡県2,038、愛知県1,550、三重県2,857、滋賀県1,168、京都府2,423、大阪府3,916、兵庫県12,621、奈良県1,342、和歌山県2,029、鳥取県688、島根県1,348、岡山県1,802、広島県3,591、山口県3,063、徳島県502、香川県1,060、愛媛県752、高知県898、福岡県11,264、佐賀県748、長崎県1,322、熊本県2,037、大分県1,212、宮崎県1,008、鹿児島県2,150、沖縄県3,148、検疫6,634

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, VUMs

(系統のみを特定できたものも含む) (2/7時点) 括弧内は1/31時点比

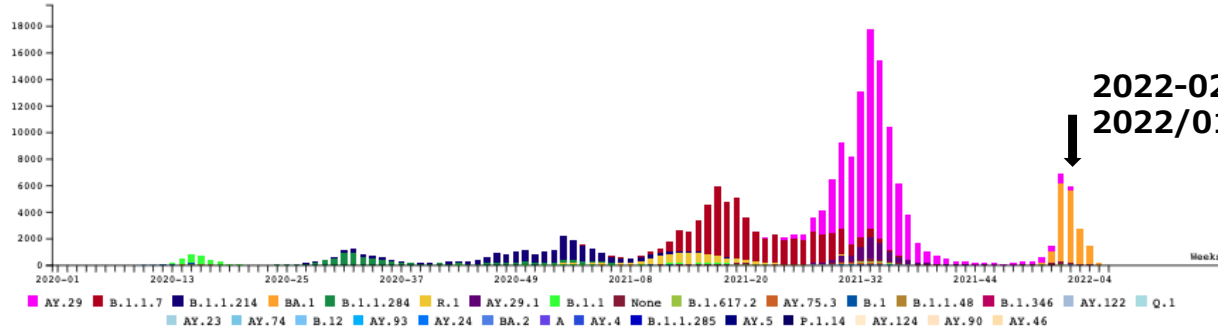
- B.1.351系統の変異株 (ベータ株) : 国内25例 (+0例)、検疫92例 (+0例)
- P.1系統の変異株 (ガンマ株) : 国内107例 (+0例)、検疫30例 (+0例)
- B.1.617.2系統の変異株 (デルタ株) : 国内96,883例 (+230例)、検疫1,480例 (+2例)
- B.1.1.529系統の変異株 (オミクロン株) : 国内13,428例 (+3,695例)、検疫2,500例 (+254例)
- B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株) : 国内51,972例 (+0例)、検疫342例 (+0例)
- B.1.617.1系統の変異株 (旧カッパ株) : 国内8例 (+0例)、検疫19例 (+0例)
- C.37系統の変異株 (ラムダ株) : 国内0例、検疫4例 (+0例)
- B.1.621系統の変異株 (ミュー株) : 国内0例、検疫2例 (+0例)
- AY.4.2系統の変異株 (デルタ株) : 国内0例、検疫7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（2022/02/10 現在）

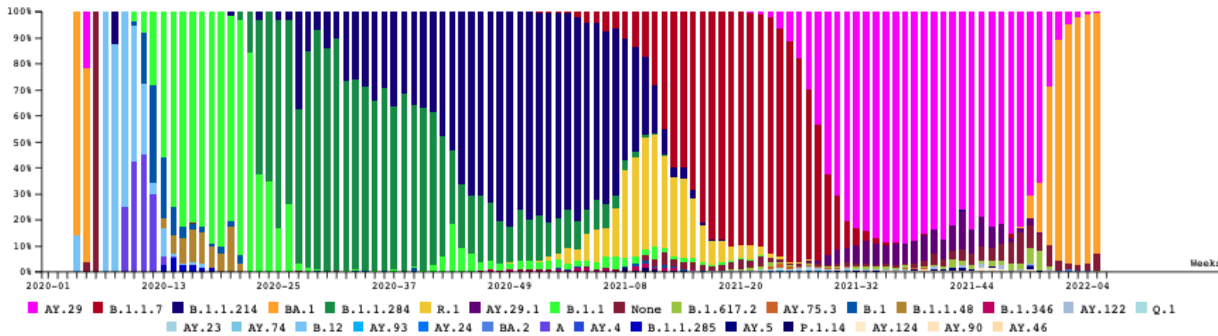
[Only Domestic] Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

[Only Domestic] Weekly Top 30 Stacked 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)

2022-02	
AY.29	298
B.1.1.7	0
B.1.1.214	0
BA.1	5404
B.1.1.284	0
R.1	0
AY.29.1	1
B.1.1	0
None	147
B.1.617.2	4
AY.75.3	0
B.1	2
B.1.1.48	0
B.1.346	0
AY.122	1
Q.1	0
AY.23	0
AY.74	0
B.12	0
AY.93	0
AY.24	0
BA.2	48
A	0
AY.4	0
B.1.1.285	0
AY.5	0
P.1.14	0
AY.124	1

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。
 ※変異株PCR検査での陽性検体を優先してゲノム解読していたこともあるため、正確な母数でPANGO lineage判定できない可能性がある。
 ※デルタ株は、PANGO系統のB.1.617.2系統とその亜系統にあたるAY系統を含む。
 ※オミクロン株は、PANGO系統のB.1.1.529系統とその亜系統にあたるBA系統を含む。
 ※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。

※その他の株は検出されていない。
 ※内訳は、BA.1 91.4%、BA.2 0.8%、B.1.1.529 0.1%、
 デルタ株 5.1%、それ以外 2.5%

ゲノム解析実施状況 (1/10-2/6) 速報値

2022/2/15時点

	都道府県	地方衛生 研究所	大学	医療機関	民間検査機関
1	北海道	500	0	0	0
2	青森県	73	0	0	0
3	岩手県	53	0	0	0
4	宮城県	250	66	0	0
5	秋田県	43	2	0	0
6	山形県	131	0	0	0
7	福島県	510	0	0	0
8	茨城県	281	0	0	0
9	栃木県	193	0	0	0
10	群馬県	283	0	0	0
11	埼玉県	676	0	0	388
12	千葉県	806	356	0	0
13	東京都	551	0	0	1,836
14	神奈川県	196	0	0	117
15	新潟県	70	0	0	0
16	富山県	66	0	0	0
17	石川県	91	0	0	0
18	福井県	66	0	0	0
19	山梨県	0	0	167	0
20	長野県	0	0	126	0
21	岐阜県	97	0	0	0
22	静岡県	185	891	0	0
23	愛知県	1,773	0	0	0
24	三重県	309	0	16	0

	都道府県	地方衛生 研究所	大学	医療機関	民間検査機関
25	滋賀県	214	0	0	168
26	京都府	197	336	0	0
27	大阪府	470	1,125	147	0
28	兵庫県	1,420	0	0	0
29	奈良県	48	0	0	0
30	和歌山県	116	0	0	0
31	鳥取県	45	0	0	0
32	島根県	228	0	0	0
33	岡山県	401	0	0	0
34	広島県	635	0	0	0
35	山口県	388	16	0	0
36	徳島県	62	0	0	0
37	香川県	121	0	0	0
38	愛媛県	92	0	0	0
39	高知県	89	0	0	0
40	福岡県	307	0	0	0
41	佐賀県	0	0	0	48
42	長崎県	227	0	0	0
43	熊本県	201	0	0	0
44	大分県	48	0	0	0
45	宮崎県	138	0	0	0
46	鹿児島県	213	0	0	0
47	沖縄県	433	0	0	0
	全国	13,296	2,792	456	2,557

※自治体主体でゲノム解析が実施可能：47都道府県（うち、地方衛生研究所で実施：45都道府県（管内の市町村で実施可能な場合も、その都道府県を集計。））

※国立感染症研究所からのゲノム機器供与：23自治体（青森県、岩手県、仙台市、山形県、新潟県、宇都宮市、埼玉県、千葉県、石川県、静岡市、福井県、三重県、滋賀県、京都府、奈良県、岡山県、山口県、徳島県、高知県、大分県、熊本市、宮崎県、沖縄県）

※解析結果が県庁等に届いた時点で調査に申告されているため、対象週以外の数値も含めて報告がされている可能性がある。