

報道関係各位

2021年3月15日

国立大学法人 東京医科歯科大学

## 「市中感染事例における海外系統株の増加を確認」

### ～医科歯科大 新型コロナウイルス全ゲノム解析プロジェクト 第3報～

#### 【ポイント】

- 2021年1月中旬から2月初頭までにおいて、東京医科歯科大学医学部附属病院に入院または通院歴があり、お互いに関連性が認められない複数のCOVID-19患者から、海外SARS-CoV-2系統株の割合がさらに増加していることを確認しました。
- 従来の日本国内流行株の感染例が減少し、複数の海外SARS-CoV-2系統株感染例が増加している傾向が維持されており、市中流行株が継続的に遷移しつつあることが示唆されます。
- 2021年2月初頭までの全ゲノム解析対象となった本学症例には、感染性が増強しているとされる新型変異株（英国型、南アフリカ型、ブラジル型）はまだ検出されていません。

東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科ウイルス制御学分野の武内寛明（たけうち ひろあき）講師・医学部附属病院病院長補佐、難治疾患研究所ゲノム解析室の谷本幸介（たにもと こうすけ）助教、リサーチコアセンターの田中ゆきえ（たなか ゆきえ）助教らによる本学入院患者由来SARS-CoV-2ゲノム解析プロジェクトチームは、木村彰方（きむら あきのり）理事・副学長・統合研究機構長および貫井陽子（ぬくい ようこ）医学附属病院感染制御部・部長との共同解析により、2021年1月中旬から2月初頭までの期間において、本学病院への入院または通院歴のあるCOVID-19患者から、海外系統株のさらなる市中感染事例を確認しました。

#### 【背景】

2020年11月以降、日本では新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の急速な症例数の増加局面に直面しており、2020年12月下旬からは、感染性が增大していることが示唆されている英国型変異株（B.1.1.7系統株\*）、南アフリカ型変異株（B.1.351系統株\*）およびブラジル型変異株（P.1系統株\*）の日本国内流入により市中流行株の変遷に影響をおよぼす可能性が懸念されています（表1）。2021年1月以降、B.1.1.7系統株の市中感染事例が増えつつあることから、より強固な感染拡大防止対策を講じる必要性に迫られていると考えられます。

## 【概要】

本学において、2020年11月下旬から12月下旬までに海外からの流入が疑われる3種の英国系統株（B.1.1.64系統\*、B.1.1.166系統\*、B.1.1.220系統\*）の感染事例が確認され、当該感染事例は市中感染であることを第1報として報告しています（本学プレスリリース第1報：<http://www.tmd.ac.jp/archive-tmdu/kouhou/20210129-1.pdf>）。また、2020年12月下旬から2021年1月中旬までに、前回の報告事例とは異なる様々な海外系統株（B.1.1.130系統\*、B.1.346系統\*、B.1.316系統\*）の感染事例が確認され、B.1.316系統株は、「免疫逃避型変異（E484K変異）」を有していることを第2報として報告しました（本学プレスリリース第2報：<http://www.tmd.ac.jp/archive-tmdu/kouhou/20210218-1.pdf>）（表1）。その一方で、昨年末まで検出されていた日本系統株（B.1.1.214およびB.1.1.284の2系統\*）の感染事例が減少の一途を辿っていることがわかりました。今回は第3報として、2020年1月中旬から2月初頭までに入院もしくは通院歴のある患者由来検体12例から、前回までに報告した複数の海外系統株へのさらなる感染事例が7例確認されたことをご報告します（表2）。なお、今回の解析では第2報で報告したE484K変異を有するB.1.316系統株は検出されませんでした。

分類系統名	系統の説明	感染性の増大が懸念される変異：N501Y	免疫逃避型変異：E484K	主な流行国
B.1.1.7	英国型変異株（VOC-202012/01）	【あり】	なし	イギリス、デンマーク、ドイツ、アメリカ、イタリア
B.1.351	南アフリカ型変異株（501Y.V2）	【あり】	【あり】	南アフリカ、フランス、ベルギー、イギリス、オーストリア
P.1	ブラジル型変異株（501Y.V3）	【あり】	【あり】	ブラジル、イタリア、ベルギー、ベルー、アメリカ
B.1.316	カナダ系統株	なし	【あり】	カナダ
B.1.1.316	系統不明	なし	【あり】	不明

表1：感染性増大が懸念される変異や免疫逃避型変異を有するSARS-CoV-2系統株一覧  
 （水色ハイライト：本学および国立感染症研究所で確認された免疫逃避型変異のみを有するSARS-CoV-2系統株）

分類系統名	系統の説明	感染性の増大が懸念される変異：N501Y	免疫逃避型変異：E484K	臨床情報	主な流行国
B.1.1.214	日本系統株	なし	なし	中等症 / 重症	日本
B.1.1.101	インド系統株	なし	なし	中等症 / 重症	インド、日本、アメリカ、ポーランド
B.1.1.130	英国/スウェーデン系統株	なし	なし	重症	イギリス、アメリカ、日本、スイス、デンマーク
B.1.1.64	英国系統株	なし	なし	中等症	イギリス、日本、ノルウェー、アメリカ、デンマーク

表2：2021年1月中旬から2021年1月末までに本学において確認したSARS-CoV-2系統株一覧

## 【本知見の意義】

2021年1月中旬以降の本学由来検体から複数海外系統株のさらなる感染事例が確認されるとともに、昨年の主流であった国内流行株（B.1.1.214 および B.1.1.284 の2系統\*）が引き続き減少していることから、国内流行株が海外系統株に継続的に遷移しつつある可能性が考えられます。この度感染事例を確認した海外系統株は感染性の増大が懸念される変異や免疫逃避型変異を有していませんが（表2）、引き続き強固な感染予防対策を継続すると同時に、市中感染株の推移をモニタリングし、ウイルス流行の実態を把握することが重要と考えます。

東京医科歯科大学医学部附属病院に入院または通院歴のある COVID-19患者由来SARS-CoV-2全ゲノム解析から得られた系統株一覧		
2020年		2021年
<p>【日本系統株】</p> <p>B.1.1.214系統 B.1.1.284系統</p> <p><b>7月－9月</b></p>	<p>【日本系統株】</p> <p>B.1.1.214系統 B.1.1.284系統</p> <p><b>11月－12月</b></p> <p>【海外系統株】</p> <p>インド系統：B.1.1.101 英国系統：B.1.1.64 英国系統：B.1.1.82 英国系統：B.1.1.155 英国系統：B.1.1.220 英国／スウェーデン系統：B.1.1.130</p>	<p>【日本系統株】</p> <p>B.1.1.214系統 B.1.1.284系統</p> <p><b>1月</b></p> <p>【海外系統株】</p> <p>インド系統：B.1.1.101 英国系統：B.1.1.64 アメリカ系統：B.1.346 カナダ系統：B.1.316 (E484K変異) 英国／スウェーデン系統：B.1.1.130</p>
<p>【国立感染症研究所から報告された海外系統株*1】</p> <p>アメリカ系統：B.1.346</p>		<p>【国立感染症研究所から報告された海外系統株*2】</p> <p>系統不明：B.1.1.316 (E484K変異)</p>
<p>*1: 新型コロナウイルスSARS-CoV-2ゲノム情報による分子疫学調査(2021年1月14日現在)</p> <p>*2: 新型コロナウイルス SARS-CoV-2 Spikeタンパク質 E484K変異を有するB.1.1.316系統の国内流入 (2021年2月2日現在)</p>		

## \*系統について

新型コロナウイルスに関して世界共通の系統分類方法である Pangolin (COVID-19 Lineage Assigner Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINEages, <https://cov-lineages.org/lineages.html>) による分類系統 ID による分類系統名である。

## 【用語解説】

### ・免疫逃避型変異（E484K 変異）とは？

E484K 変異は、COVID-19 から回復した人の血清（SARS-CoV-2 の感染を阻止する中和抗体が含まれていません）存在下で感染能力を保持する SARS-CoV-2 に認められる変異であることから、中和抗体の効果を減弱する可能性が懸念されています。

### ・患者由来検体とは？

東京医科歯科大学医学部附属病院の入院・外来において COVID-19 患者さんの鼻咽腔ぬぐい液から採取されたウイルスのことを指します。

### ・ウイルス学的特徴とは？

ウイルスの性状（形態や感染増殖能力）のことを指します。

### ・COVID-19 疫学データとは？

COVID-19 患者さんの年齢・性別・居住地域・持病・海外渡航歴・感染経路などの情報のことを指します。

### ・臨床的特徴とは？

COVID-19 患者さんの重症度や治療経過などのことを指します。

### ・全長ゲノム配列の解析とは？

コロナ遺伝子検査として幅広く用いられている PCR 検査は、ウイルスゲノムの限られた遺伝子領域（200 塩基前後）のみ検出するのに対し、全ゲノム配列解析はコロナウイルスゲノム（約 30,000 塩基）を全て解読し、ウイルス配列全体の特徴を調べる方法のことを指します。

### ・医科歯科大 新型コロナウイルス全ゲノム解析プロジェクトとは？

2020 年 7 月以降に東京医科歯科大学医学部附属病院に入院歴のある COVID-19 患者検体に含まれる SARS-CoV-2 の全長ゲノム配列を解析し、（1）ウイルス学的特徴、（2）COVID-19 疫学データ、および（3）臨床的特徴を紐付けすることにより COVID-19 病態解明および公衆衛生上の意思決定への貢献を目的として解析を進めています。

**【問い合わせ先】**

**<内容に関すること>**

国立大学法人東京医科歯科大学 大学院医歯学総合研究科

ウイルス制御学分野 武内 寛明（たけうち ひろあき）

TEL: 03-5803-4704

E-mail: [htake.molv@tmd.ac.jp](mailto:htake.molv@tmd.ac.jp)

**<報道に関すること>**

国立大学法人東京医科歯科大学 総務部総務秘書課広報係

〒113-8510 東京都文京区湯島 1-5-45

TEL: 03-5803-5011 FAX: 03-5803-0272

E-mail: [kouhou.adm@tmd.ac.jp](mailto:kouhou.adm@tmd.ac.jp)