

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、2。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.1.617.2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）※4

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）

※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。

※4 オミクロン株は、B.1.1.529 系統の下位系統であるBA.1系統 BA.2系統, BA.3系統及び更にその下位の亜系統(BA.1.1を含む)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.1.617.2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 (アルファ株比)	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 (デルタ株比)	入院リスク、重症化 リスクが低い可能性 (デルタ株比)	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 (デルタ株比)

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

※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。

※オミクロン株は、 B.1.1.529 系統の下位系統であるBA.1系統 BA.2系統, BA.3系統及び更にその下位の亜系統(BA.1.1を含む)を含んでいる。

※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。

国内におけるSARS-CoV-2のゲノム解析

累積:177,301 (5/28時点) (+4,703) 括弧内は5/19時点比

都道府県別・検疫の累積：北海道5,406、青森県623、岩手県828、宮城県4,097、秋田県448、山形県1,224、福島県5,194、茨城県4,938、栃木県3,322、群馬県2,018、埼玉県8,376、千葉県6,802、東京都933、神奈川県4,061、新潟県2,527、富山県1,261、石川県2,527、福井県1,690、山梨県346、長野県1,627、岐阜県1,379、静岡県2,726、愛知県2,842、三重県5,505、滋賀県2,112、京都府3,528、大阪府5,602、兵庫県17,450、奈良県1,735、和歌山県2,955、鳥取県961、島根県2,148、岡山県2,762、広島県4,290、山口県4,460、徳島県884、香川県2,218、愛媛県1,316、高知県1,938、福岡県17,407、佐賀県1,192、長崎県1,754、熊本県3,436、大分県1,404、宮崎県2,004、鹿児島県3,364、沖縄県4,627、検疫17,054

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) (5/27時点) 括弧内は5/20時点比

B.1.617.2系統の変異株（デルタ株）：国内99,443例（+18例）、検疫1,499例（+1例）

B.1.1.529系統の変異株（オミクロン株）：国内75,029例（+3,516例）、検疫10,310例
（+417例）

B.1.1.7系統の変異株（アルファ株）：国内52,582例（+14例）、検疫342例（+0例）

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）

※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。

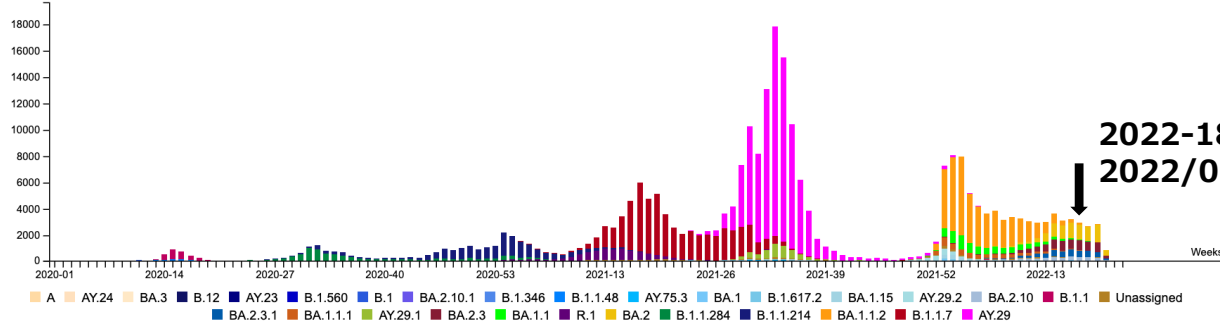
※デルタ株にはB.1.617.2系統と同等の変異を有する系統（AY.1等）が含まれる。

※国立感染症研究所のVOCs、VUMsの分類は、2022年5月27日時点のもの。

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（2022/06/03 現在）

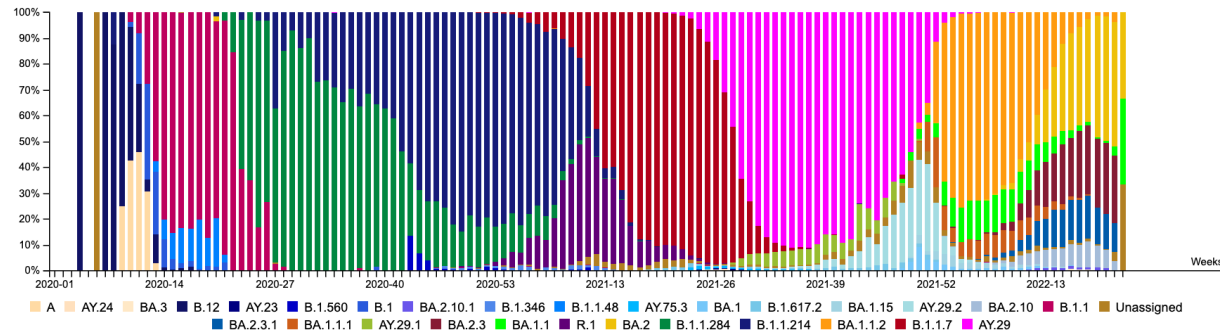
[Only Domestic] Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: 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)



Unassigned: 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)

2022-17	
AY.29	0
B.1.1.7	0
BA.1.1.2	162
B.1.1.214	0
B.1.1.284	0
BA.2	1124
R.1	0
BA.1.1	60
BA.2.3	766
AY.29.1	0
BA.1.1.1 assigned	21
BA.2.3.1	488
Unassigned	26
B.1.1	0
BA.2.10	248
AY.29.2	0
BA.1.15	3
B.1.617.2	0
BA.1	4
AY.75.3	0
B.1.1.48	0
B.1.346	0
BA.2.10.1	25

※その他の株は検出されていない。
 ※内訳は、BA.1 4.5%、BA.2 94.2%、デルタ株 0%、
 それ以外 1.3%

2022-18週 2022/05/02 - 05/08

※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。

ゲノム解析実施状況 (5/2-5/29) 速報値

2022/6/2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	248	0	0	0
2	青森県	27	0	0	47
3	岩手県	48	0	0	0
4	宮城県	192	54	0	0
5	秋田県	46	0	0	0
6	山形県	141	0	0	0
7	福島県	694	0	0	0
8	茨城県	198	0	0	0
9	栃木県	141	0	12	0
10	群馬県	62	0	0	0
11	埼玉県	296	0	0	698
12	千葉県	128	191	0	645
13	東京都	51	0	0	5695
14	神奈川県	48	0	0	91
15	新潟県	144	0	0	0
16	富山県	80	0	0	0
17	石川県	182	0	0	0
18	福井県	142	0	0	0
19	山梨県	0	0	48	0
20	長野県	95	0	88	0
21	岐阜県	141	0	0	0
22	静岡県	165	144	0	0
23	愛知県	553	0	0	0
24	三重県	695	0	0	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	119	0	0	277
26	京都府	95	1,998	0	0
27	大阪府	112	1,256	124	0
28	兵庫県	952	0	0	0
29	奈良県	96	0	0	0
30	和歌山県	88	0	0	0
31	鳥取県	67	0	0	0
32	島根県	144	0	0	0
33	岡山県	215	0	0	0
34	広島県	129	0	0	0
35	山口県	280	0	0	0
36	徳島県	96	0	0	0
37	香川県	194	0	0	0
38	愛媛県	146	0	0	0
39	高知県	240	0	0	0
40	福岡県	532	0	0	41
41	佐賀県	92	0	0	0
42	長崎県	45	0	0	0
43	熊本県	367	0	0	0
44	大分県	24	0	0	0
45	宮崎県	203	0	0	0
46	鹿児島県	383	0	0	0
47	沖縄県	277	0	0	0
	全国	9,413	3,643	272	7,494

※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：46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。））

※これまでに国立感染症研究所からゲノム解析機器貸与を行った自治体：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。