

## 2 4 ウイルスは変異するのでしょうか？

以前の Q&A 19 で SARS-Cov-2 がどこから発生してどうやって世界中に広がっていったかを解説しました。その中で、中国の Tang らの報告<sup>1)</sup>を引用して武漢オリジナルの L 型とその他の地域での S 型という変異について紹介しました。この結果だけでは変異と病原性の違いはわからず、変異の詳細を見るとほとんどが塩基レベルの変化でアミノ酸までの変化は少なかったとの結果でした。ところが時間が経ち、世界中にウイルスが蔓延すると変異の情報量も蓄積してきました。ネット上では世界中から集められたウイルスの遺伝子情報を GISAID から提供を受け公開しているサイト NextStrain (<https://nextstrain.org>) があって 5 月 9 日現在 5,014 種類の遺伝子情報が掲載されています。その情報をもとに、経過時間（横軸）と変異数（縦軸）ということで見ると、武漢ウイルスから世界中へと変異を伴いながらウイルスが拡散している状況がわかります（図 1）。左下の紫色がオリジナルに近いもので右上になるに従い、赤色（米国）や緑色・黄色（ヨーロッパ）が増えています。日本では、現在はこの米国やヨーロッパ株の感染が問題になっています。

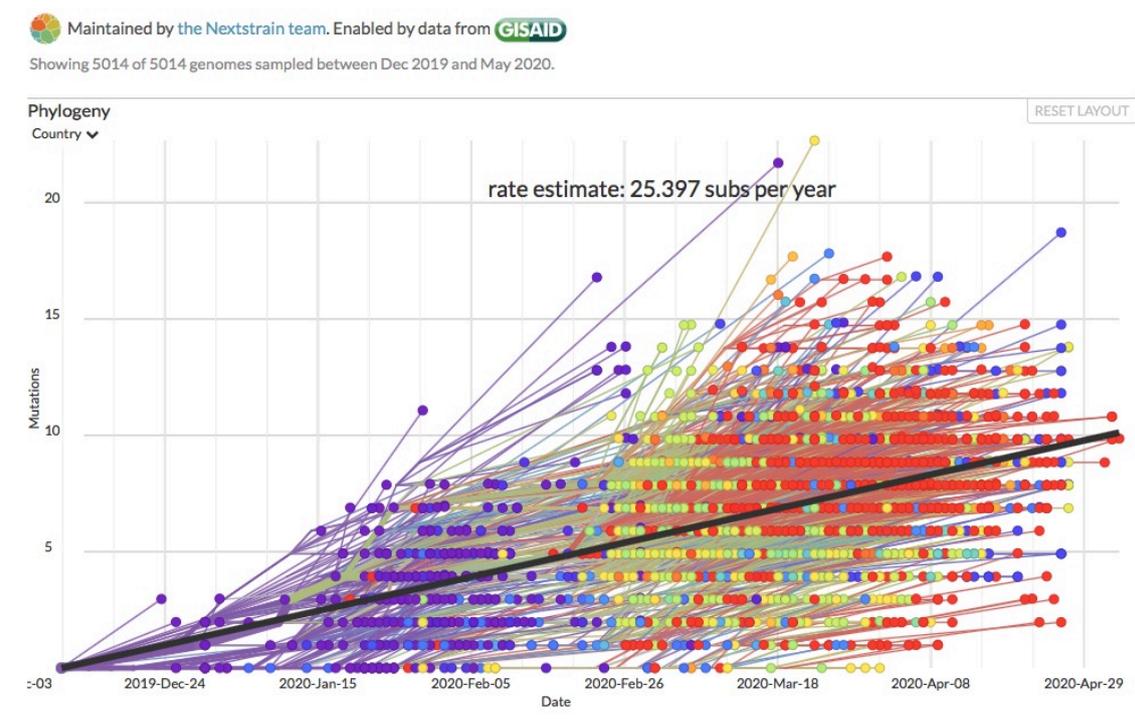


図 1 新型コロナウイルスの変異 (NextStrain より転載)

これをもとに、ウイルスの変異のスピードをみると平均して 25.4 塩基/年ということがわかり、これはだいたい 2 週間に 1 個の塩基レベルでの変化ということになります。もちろん、武漢由来やヨーロッパの中には 20 個近い変異をきたしているものもあります。

最近イギリスのインペリアル カレッジ ロンドンのグループは、7,666 のウイルスゲノムを解析し、198 個の頻度の高い変異を同定しました<sup>2)</sup>。それによれば、アミノ酸レベルの変化が 80%を占め、部位としては、最初の Orf1ab 中の Nsp6, 11, 13 をコードする部位や S 領域（スパイク）に多いことがわかりました。とくに前者は CD4+や CD8+といった免疫を認識する部位であり、S 領域は侵入に関する部位なので、そこに変異が加わることで感染しやすくなる可能性があります。しかしながら、現在のところ病状との関連は不明とされ、ワクチン開発の点からも継続的なモニタリングが必要とされました。

さらに、このグループでは遺伝子解析より、最初のヒトへの感染（すなわちコウモリか中間宿主からヒトへの感染時期）が 2019 年 10 月 6 日から 12 月 11 日の間という推測をしています。そうすると、中国武漢での発生以前からヒトへの感染が始まっていたことになります。

COVID-19 Q&A 24 2020/05/10

川崎高津診療所