令和７年５月２７日

各報道機関文教担当記者　　様

“知られざる変異株”を下水から検出！

疫学調査では捉えきれない
ウイルス変異株の出現と変遷を明らかに

金沢大学理工研究域地球社会基盤学系の本多了教授、新潟大学大学院自然科学研究科電気情報工学専攻の阿部貴志教授、情報・システム研究機構国立遺伝学研究所の有田正規教授、同機構データサイエンス共同利用基盤施設の馬場知哉特任准教授、株式会社AdvanSentinel、ヴェオリア・ジェネッツ株式会社、株式会社クボタによる合同研究グループは、**新型コロナウイルスの下水ゲノム疫学（※1）調査において、地域特有の変異株亜系統（サブバリアント）（※2）の出現と変遷を明らかにすることに成功しました。**

本研究では、石川県小松市と静岡県浜松市の下水中に含まれる新型コロナウイルスの遺伝子情報を詳細に解析し、**臨床検体からは報告されていない地域特有の変異株やその亜系統による有意なゲノム変異パターン**（ストップコドン、フレームシフト等）を同定しました。特に、**国内で臨床的には未報告であった「XBT」変異株の検出**に成功し、新たな変異株による感染拡大の兆候を下水から早期に捉える可能性が示されました。

下水ゲノム疫学によって、変異株の流入時期や定着期間の違い、地域特有のウイルス進化の兆候を亜系統レベルの高解像度で把握できることが明らかになりました。これらの知見は将来、感染症の早期探知や公衆衛生対策の迅速化に貢献することが期待されます。

本研究成果は、2025 年 5 月 28 日 14 時（米国東海岸標準時間）に、米国科学誌『*PLOS One*』オンライン版に掲載されます。

【研究の背景】

新型コロナウイルスの変異株の動態を把握する上で、臨床検体によるゲノムサーベイランス（※3）は重要ですが、発症者に依存するために地域全体の実態を反映しにくいという課題があります。本研究では、都市単位での流行株の検出や局所的な変異の把握を可能にする手法として、下水ゲノム疫学に基づく変異追跡手法を検討しました。

【研究成果の概要】

下水ゲノム疫学に核酸塩基レベルでの詳細な変異解析と臨床検体のゲノムサーベイランスで用いられるハプロタイプ解析（※4）データを活用することで、両市における流行株について亜系統レベルでの実態把握に成功しました。例えば、小松市では国内未報告の XBT 変異株や、17 週間にわたり局所的に流行した BA.5 系統の亜系統レベルでの流行の変遷などが確認されました。検出された変異の一部には、従来の臨床サーベイランスでは確認困難な S タンパク遺伝子上のストップコドンやフレームシフトを含む亜系統も含まれ、これらの亜系統の出現と流行株の変遷の関係性が示唆されるなど、ウイルスの進化的変遷をより詳細に捉える手がかりとなりました。

【今後の展開】

本研究により、下水中のウイルスゲノムを用いた地域単位の変異株の出現・拡散の可視化が可能となり、将来的にはパンデミック予測や感染制御への応用が期待されます。

本研究は、JST-CREST「異分野融合による新型コロナウイルスをはじめとした感染症との共生に資する技術基盤の創生」（JPMJCR20H1）、JST プログラムマネージャー（PM）育成プログラム、JSPS 科研費（21KK0073）、㈱平本組および㈱アイテックムラモトからの助成を受けて実施されました。

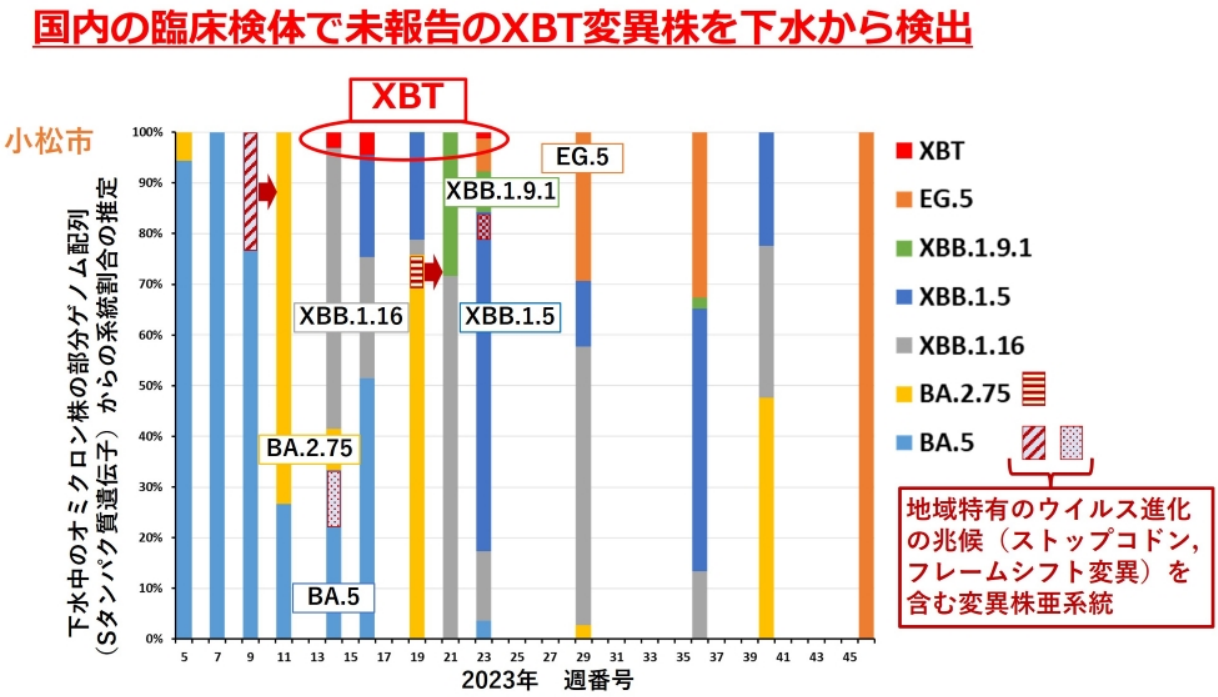

図 1　小松市における下水から検出された新型コロナウイルス変異株の変遷

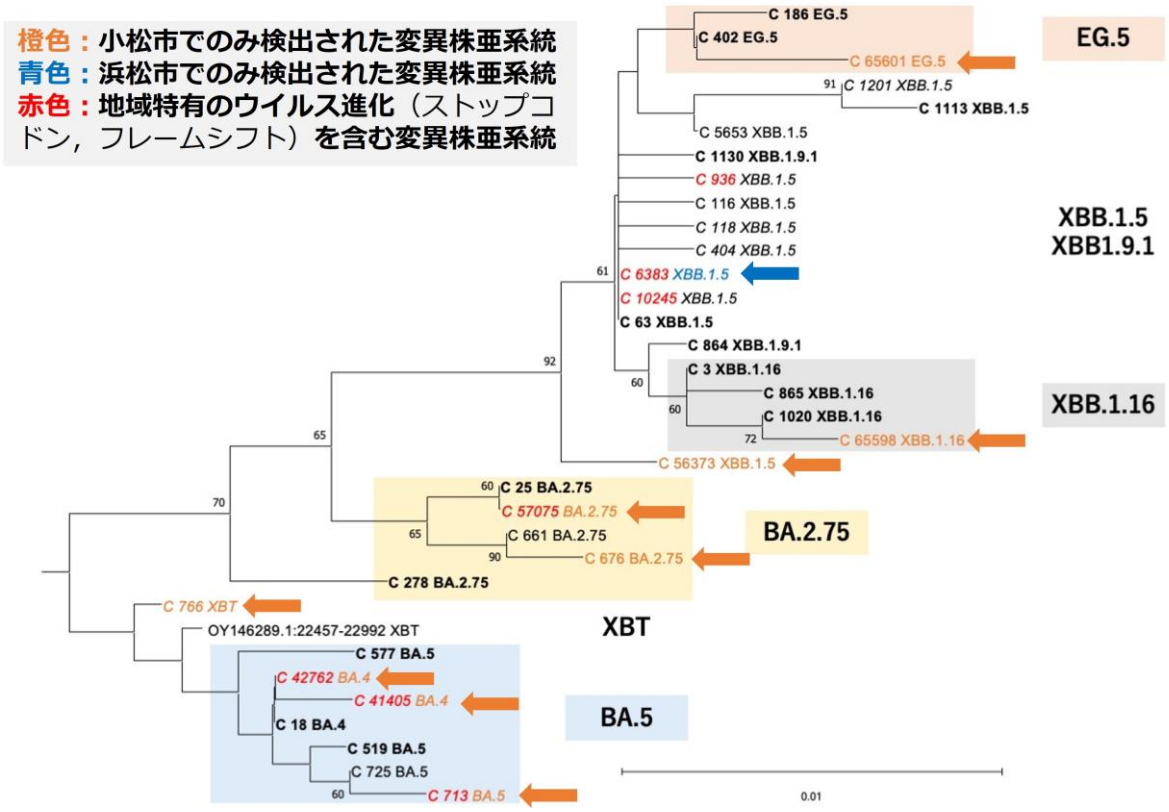

図 2　小松市と浜松市の下水から検出された新型コロナウイルス変異株亜系統の進化系統樹

【掲載論文】

雑誌名：*PLOS One*

論文名：Dissemination of Local Sub-Variants of SARS-CoV-2 Detected by Detailed Mutation Analysis in Wastewater-Based Epidemiology

（下水疫学による詳細なウイルス遺伝子変異解析から明らかになった地域特有の新型コロナウイルス変異株亜系統の広がり）

著者名：Ryo Honda，Takashi Abe，Tomoya Baba，Yui Araki，Tomohiro Kuroita，Ryo Iwamoto，Mayo Ito, Nami Okamura, Marie Kenza Yousri, Takashi Tamura, Satoshi Ezaki, Masanori Arita

掲載日時：2025 年 5 月 28 日 14 時（米国東海岸標準時間）にオンライン版に掲載

DOI：　10.1371/journal.pone.0317076

【用語解説】

※1　下水ゲノム疫学（wastewater-based genomic epidemiology）

　下水中に含まれる微生物やウイルスのゲノム（遺伝子）情報を解析し、感染症の流行状況や変異株の出現・拡散動態を明らかにすることを目的とする。

※2　サブバリアント（sub-variant）

　特定の変異株系統内でさらに細かく分化した変異亜系統。地域固有の変異を反映する場合がある。

※3　ゲノムサーベイランス（genomic surveillance）
　病原体のゲノム（遺伝子）情報を継続的に解析・監視することで、変異株の出現や病原体の拡散経路を把握し，公衆衛生対策に活用するための調査。

※4　ハプロタイプ解析（haplotype analysis）
　複数の塩基配列変異（SNP や SNV など）を組み合わせた特徴的な変異パターン（ハプロタイプ）をもとに、ウイルスや細胞の系統関係や進化の道筋を明らかにする解析手法。変異株間の類縁関係や起源の推定に用いられる。

【本件に関するお問い合わせ先】

■研究内容に関すること

金沢大学 理工研究域地球社会基盤学系・教授
本多　了（ほんだ　りょう）
TEL：076-264-6393
E-mail：rhonda@staff.kanazawa-u.ac.jp

新潟大学 大学院自然科学研究科電気情報工学専攻・教授
阿部　貴志（あべ　たかし）
E-mail：takaabe@ie.niigata-u.ac.jp

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 生命情報 DDBJ センター・教授
有田　正規（ありた　まさのり）
E-mail：arita@nig.ac.jp

株式会社 AdvanSentinel 副社長兼研究開発部長
岩本　遼（いわもと　りょう）
E-mail：ryo.iwamoto@advansentinel.co.jp

ヴェオリア・ジェネッツ株式会社　官需事業開発本部
伊藤　万葉（いとう　まよ）
TEL：03-6858-3300
E-mail：jp.adm.bd-contacts.int.groups@veolia.com

■広報担当
金沢大学理工系事務部総務課総務係
廣田　新子（ひろた　しんこ）
TEL：076-234-6821
E-mail：s-somu@adm.kanazawa-u.ac.jp

新潟大学広報事務室
TEL：025-262-7000
E-mail：pr-office@adm.niigata-u.ac.jp

国立遺伝学研究所　広報室
E-mail：prkoho@nig.ac.jp

情報・システム研究機構 本部広報室
E-mail：koho@rois.ac.jp

株式会社 AdvanSentinel
E-mail：sales@advansentinel.co.jp