筑波大学
University of Tsukuba

2025 年 6 月 26 日

報道関係者各位

国立大学法人筑波大学

オミクロン株 BA.2.86 系統の出現は自然発生では説明しにくい

2023 年夏に出現した新型コロナウイルスのオミクロン株 BA.2.86 系統の起源を調べたところ、世界中の互いに離れた複数の場所で散発的に検出されていたことが分かりました。また、その遺伝子変異は、ヒトで見られる変異パターンとは異なっており、自然発生では説明が難しいことが示唆されました。

新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）のオミクロン株 BA.2.86 系統は、同株 BA.1 系統と同様、その祖先にあたる株からスパイクタンパク質に約 30 の遺伝子変異が突如出現したことが知られています。BA.1 系統は極めて感染力が強く、世界中に一気に感染が広がりましたが、BA.2.86 系統は大きな流行はせず、その後、JN.1 系統に変異してから、感染が見られるようになりました。

本研究では、BA.2.86 系統の起源を調べたところ、2023 年夏の出現当初、世界中の互いに離れた複数の場所で散発的に検出されていたことが分かりました。さらに、その変異スペクトルを解析すると、ヒトの市中感染で見られる変異パターンとも、免疫不全患者における免疫逃避で見られる変異パターンとも大きく異なることが分かりました。ヒトで見られるものとは異なる変異スペクトルは、ヒトから動物に感染し、その動物で変異を繰り返したウイルスが再度ヒトに感染する場合には生じ得ますが、全く同じ変異が世界中の異なる場所で同時に自然に起きるとは考えにくいです。この現象の発生過程を説明するのは非常に困難ですが、実験室においてヒト以外の動物（あるいはその細胞）で継代培養したウイルスのサンプルを世界各地（共同研究先など）に不完全な梱包で発送したことが一つの可能性として考えられます。

研究代表者
筑波大学システム情報系
掛谷 英紀　准教授

研究の背景

2025 年 4 月 18 日、米国政府は、新型コロナウイルス（武漢株）は研究所流出を起源とするとの見解を公表しました。フランスの医学アカデミーやドイツの情報機関 BND、英国の情報機関 MI-6 なども同様の見解を示しています。

オリジナルの武漢株だけではく、変異株にも研究所起源のものがあるとの査読付き論文がいくつか報告されています。しかしながら、変異株の異常を示す論文の多くは、オミクロン株 BA.1 系統に関するものであり、他の変異株の起源については十分解析されていませんでした。

BA.1 系統と同様、その祖先にあたる株からスパイクタンパク質に約 30 の遺伝子変異が生じたオミクロン株 BA.2.86 系統は、さらに JN.1 系統に変異し、日本では 2023 年 12 月～2024 年 1 月に流行しました。本研究では、BA.2.86 系統の出現時期と場所および変異スペクトル[注1)] をもとに、その起源を検討しました。

研究内容と成果

オミクロン株 BA.2.86 系統の起源を調べるため、最初に出現した 2023 年 7 月に検出された場所を GIISAID（鳥インフルエンザ情報共有の国際推進機構）のデータベースで調べたところ、互いに遠く離れた複数の国で散発的に検出されていることが分かりました（図 1）。世界を地理的に 8 つの地域に分割したとき、BA.2.86.1 の最初の 50 サンプルは中南米を除く 7 つの地域に散らばって検出されており、新型コロナウイルス変異株の他の系統（B.1.351, B.1.525, B.1.526, B.1.617.1, C.37, B.1.621, B.2.75, EG.5.1, XBB.1.16, XBB.1.16.16, JG.3, XBB.2.3)より多くの地域に広がっていることが分かりました（統計的有意差あり）。

また、BA.2.86 系統の祖先にあたる BA.2 からの変異のスペクトルを分析したところ、武漢株から BA.1 への変異のときと同様、ヒトの市中感染で見られる変異スペクトルとは統計的有意に異なることが分かりました（$p = 0.0073$)。さらに、免疫不全患者における免疫逃避で見られる変異パターンとも大きく異なることが確認されました（図 2）。この結果は、オミクロン株の大変異はワクチン接種や免疫不全による免疫逃避によって起こされているとする説と矛盾します。

ウイルスの変異スペクトルは、宿主となる動物ごとに異なるパターンを示します。よって、ヒトから野生動物に感染し、その動物で変異を繰り返したウイルスが再度ヒトに感染する場合、ヒトの変異スペクトルとは異なる変異を遂げたウイルスがヒトで観察されることはあり得ます。しかし、全く同じ多数の変異が世界中の異なる場所の野生動物で自然に、かつ同時に生じるとは考えにくいです。

この現象に対する説明の一つとして、実験室においてヒトとは異なる動物（あるいはその細胞）で継代培養したウイルスのサンプルが、世界各地（共同研究先など）に発送される際に、不完全な梱包などにより漏れ、ヒトの変異スペクトルとは異なる変異を遂げた変異株が、感染力が強くないにも関わらず、世界の広い地域に渡って散発的に検出されたという可能性が考えられます。

今後の展開

新型コロナウイルスにおいて、オリジナルの武漢株だけでなく、変異株の中にも研究所起源のものが含まれるとすると、現在のウイルス学研究の安全管理が極めて不十分であることを意味します。今後、病原体のヒトへの感染性や毒性を強める機能獲得研究の停止や、その違反への監視を強化するなどの対策が、日本を含めた世界各国で足並みを揃えて実施される必要があると考えられます。

参考図

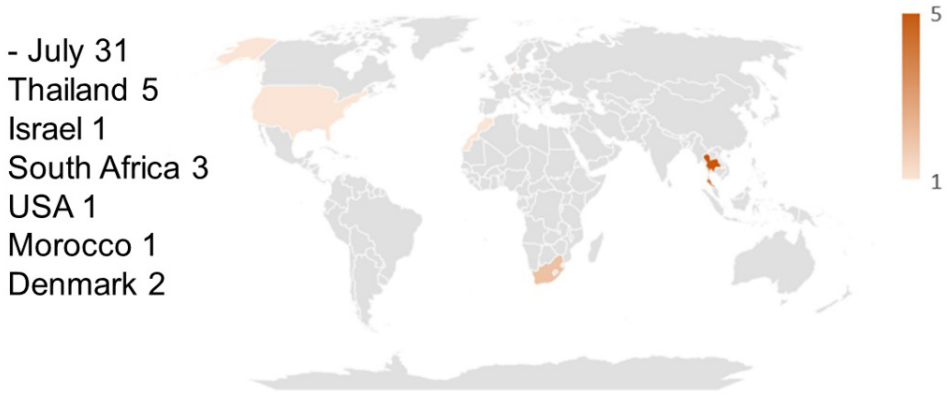

図 1　2023 年 7 月に新型コロナウイルスのオミクロン株 BA.2.86 系統が検出された場所とその検出数

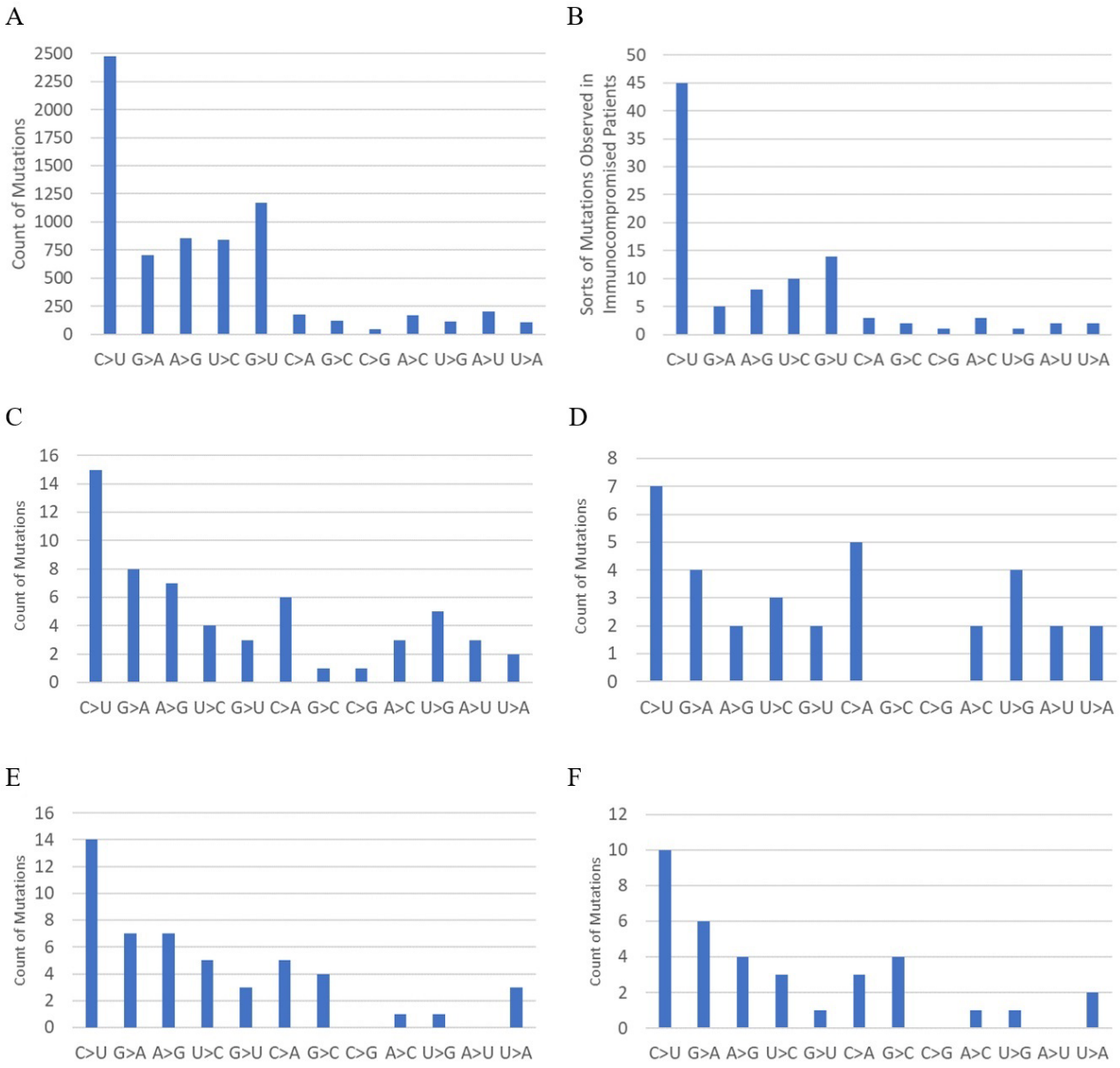

図 2　変異スペクトルの比較。(A)ヒトの SARS-CoV-2 (Shan et al., 2021)、(B)免疫不全患者（Truong et al, 2021)、(C)オミクロン株 BA.1 (全体)、(D) オミクロン株 BA.1 (スパイクタンパクのみ)、(E)オミクロン株 BA.2.86 (全体)、(F) オミクロン株 BA.2.86 (スパイクタンパクのみ)。

用語解説

注１）　変異スペクトル

遺伝子変異において塩基が置換される突然変異は、RNA（DNA）を構成する 4 種類の塩基から残り 3 種類の塩基に変異しうるので、全部で 12 種類ある。その 12 種類が起きる頻度を並べたもの。

研究資金

本研究は、筑波大学の運営費交付金を使って実施されました。

掲載論文

【題　名】 Anomalous Spike Mutations and Sporadic Global Detection of the SARS-CoV-2 BA.2.86 Lineage
（SARS-CoV-2 BA.2.86 系統の異常なスパイク変異と散発的な世界規模での検出）
【著者名】 Hideki Kakeya（筑波大学システム情報系）
【掲載誌】 JMA Journal
【掲載日】 2025 年 6 月 20 日
【DOI】　10.31662/jmaj.2025-0118

問合わせ先

【研究に関すること】
掛谷 英紀（かけや　ひでき）
筑波大学システム情報系　准教授
URL: https://visual-media-lab.github.io/jp/index.html

【取材・報道に関すること】
筑波大学広報局
TEL: 029-853-2040
E-mail: kohositu@un.tsukuba.ac.jp