

Omicron SARS-CoV-2 Variant

- ▶ A combination prevention approach of vaccination and public health measures is expected to remain an effective strategy.
- ▶ Omicron variant of SARS-CoV-2 harbors a unique insertion mutation of putative viral or human genomic origin.
- ▶ Omicron's Spike protein has 23 substitutions, two deletions and one insertion that are distinct compared to other variants of concern.
- ▶ Some mutation sites are associated with enhanced viral transmission, infectivity, and pathogenicity.

SARS-CoV-2 のオミクロン変異 (B.1.1.529) の出現は、世界的な公衆衛生上の問題となっています。ここでは、オミクロン変異に関する論文 3 つをご紹介します。

▶ Omicron SARS-CoV-2 variant: a new chapter in the COVID-19 pandemic オミクロン SARS-CoV-2 バリエント：COVID-19 パンデミックの新たな章

オミクロンに関する懸念事項『他の VOC と比べて感染力や重症度が高いかどうか』『ワクチンによる保護を回避するかどうか』について述べられている論文です。

オミクロンは過去の変異型よりも速く広がり、抗体から逃れやすく、ワクチンを接種した人でも再感染や軽度のブレイクスルー感染が増える可能性があると主張しながらも、これまでの VOC データを踏まえると、ワクチンを接種した人がオミクロンに感染して重症化するリスクははるかに低いと予測しています。今後の有効な戦略として、ワクチン接種と公衆衛生対策（マスクの着用、物理的な距離、密閉空間の回避、屋外での活動、手指の衛生）を組み合わせた予防法が有効であるということを強調しています。

Karim, Salim S. Abdool, and Quarraisha Abdool Karim. "Omicron SARS-CoV-2 variant: a new chapter in the COVID-19 pandemic." *The Lancet* (2021).

▶ Omicron variant of SARS-CoV-2 harbors a unique insertion mutation of putative viral or human genomic origin

SARS-CoV-2 のオミクロン変異体には、ウイルスまたはヒトのゲノムに由来すると思われる独自の挿入変異が存在する

オミクロンの変異について、それ以外の SARS-CoV-2 変異と比較している論文です。比較対象は、オミクロン以外の VOC（アルファ、ベータ、ガンマ、デルタ）、VOI や VUM（ラムダ、ミュー、エタ、イオタ、カッパ）、そして 540 万の SARS-CoV-2 ゲノムを構成する 1523 の SARS-CoV-2 系統すべてとしています。オミクロンスpikeタンパク質には、26 個のアミノ酸変異（23 個の置換、2 個の欠失、1 個の挿入）があり、この中でも、オミクロン以外の SARS-CoV-2 系統で観察されていない挿入変異（ins214EPE）は注目に値するとしています。挿入変異について考え得る原因が挙げられており、このようにオミクロンの変異プロファイルを徹底的に解析することが、将来進化する変異体の病原性を解釈するために重要であると主張しています。

Venkatakrishnan, A. J., et al. "Omicron variant of SARS-CoV-2 harbors a unique insertion mutation of putative viral or human genomic origin." (2021).

（この論文は、21.12.17 現在、まだ査読が完了していないものです。）

▶ SARS-CoV-2 の新種 Omicron (B.1.1.529)のゲノム解析と潜在的リスク評価

Genome Characterization and Potential Risk Assessment of the Novel SARS-CoV-2 Variant Omicron (B.1.1.529)

公開されたオミクロン変異体のウイルスゲノムを広範囲にわたり解析し、これまでの変異体と比較して、その潜在的な感染能力とリスクを予測しています。この変異体は、他の主要な変異体とは対照的に、特にスパイクタンパクと受容体結合ドメインに異常に多くの変異を持ち、他のバリエーションで見られる変異の約2倍以上であることが最大の特徴であるとしています。また変異部位の中には、ウイルスの伝搬性、感染性、病原性を高めるものも見られることにも言及しています。オミクロン変異体のリスクを低減するためには継続的な注意と迅速な対応が必要であると主張しており、世界的協力のネットワークを構築することによる比較的早い段階での拡散抑制の必要性を説いています。

Qin, Si, et al. "Genome Characterization and Potential Risk Assessment of the Novel SARS-CoV-2 Variant Omicron (B. 1.1. 529)." *Zoonoses* (2021).