

## 集団遺伝学を用いた変異ウイルスの流行予測

伊藤 公人（北海道大学）

演者の研究グループでは、ウイルスの塩基配列から集団遺伝学を用いて変異ウイルスの選択優位性を推定し、変異株の割合の時間変化を予測する研究を行っている。本講演では、新型コロナウイルスのデルタ株について2021年6月に行った予測とその精度について報告する。ウイルス感染症において、変異株の従来株に対する選択優位性は、変異株の従来株に対する相対的な実効再生産数と考えることができる。2021年6月21日までに日本国内で確認された変異株の数から、R.1株、アルファ株、デルタ株の実効再生産数は、従来株のそれよりそれぞれ1.25, 1.44, および1.95倍高いことが推定された。この相対的な実効再生産数は、仮定する発症間隔によって、R.1株で1.20-1.32倍、アルファ株で1.34-1.58倍、デルタ株で1.70-2.30倍の範囲をとる。デルタ株による感染者数は、東京オリンピックが開幕する2021年7月23日より前にアルファ株の感染者数を上回ることが予想された。