

新型コロナウイルスに係る変異株のモニタリング体制に関する緊急提言 ～変異株による感染再拡大に備えて～

令和3年3月17日

自由民主党政務調査会

新型コロナウイルス感染症対策本部

科学技術・イノベーション戦略調査会

データヘルス推進特命委員会

【はじめに】

わが国を含め国際社会は、度重なる感染症による健康危機に対応するために、サーベイランス制度の強化、国内法及び国際規則の整備、国際的連携体制の設立、資金メカニズムの構築、グローバルアクションプランの採択など種々の新たな対策を講じてきた。しかし、それでも今回の新型コロナウイルス感染症については、その世界的な蔓延を阻止するには至らず、多くの人々の不安が未だ解消されない状況が続いている。

とりわけ、目下対応すべき喫緊の課題は変異株対策である。新型コロナウイルス感染症（以下、「COVID-19」）の起因ウイルスは、約2週間に1度の頻度で、絶えず変異を続けている。昨秋以降、英国型変異株、南アフリカ型変異株、ブラジル型変異株が報告され¹、既に国内の各所で渡航歴の無い日本人からも検出されており、その頻度も増している。さらに入国者から、新たにフィリピン型変異株も発見されているなど、今後、新たな変異株が海外から移入したり、国内で独立した新たな変異株が発生する可能性がある。その中には感染性や病原性が強かったり、感染の既往やワクチン接種による免疫を逃避する変異株が含まれ得ることも想定する必要がある。

今後、COVID-19の流行を抑制していくためには、変異の発生や頻度を可能な限り、早期かつ広範に把握するため、水も漏らさぬ体制を組んだ上で、ゲノム解析を通じてそれぞれのウイルス特性の同定と分析を迅速に行うことが求められ

¹ スパイク・タンパクのアミノ酸変異は、B.1.1.7はΔ69/70, Δ144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D118H; B.1.351はL18F, D80A, D215G, Δ242-244, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V; P.1はL18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417N, E484K, N501Y, H655Y, T1027Iである。

ている。

こうした中、変異株に関する現在の監視については、まず、空港検疫においては、渡航者全員に対する検査で陽性となった全例について、国立感染症研究所（以下、「感染研」）で全ゲノム解析が行われている。しかし、各自治体における変異株の PCR 検査は、原則として、行政検査の陽性検体のうち僅か 5～10%を対象として行われるのみであり、その後行われる全ゲノム解析も必然限られた割合に留まっているのが実情である。これについては、①検査を行う検体の割合が地方衛生研究所（以下、「地衛研」）等の裁量により決められており、変異株の検出割合の推移を科学的に測定できていない、②全ゲノム解析を行う割合が少な過ぎ、変異の大部分が見過されている可能性がある、③検体が採取されてから変異が同定されるまで時間がかかり過ぎる、④変異の有無が分かっても、その後の医療情報が伴わず、その病原性や免疫原性に与える影響を解析することができない、といった重要な点について問題がある。

わが国は既に 2 度にわたる緊急事態宣言の発出を余儀なくされており、約 100 年前に 1918 年～1920 年に発生したスペイン風邪以来の、まさに 100 年に一度の「有事」の状況にある。加えて、本年は、東京オリンピック・パラリンピックの開催が予定されている中、世界中がわが国の COVID-19 への対応に注目している。したがって、「平時」における対応を前提とした既存の枠組みに捉われることなく、変異に関する有効かつ広範にわたるモニタリング体制の可及的速やかな構築という目的の達成を最優先に、できる限り幅広い主体の参加を求めると共に、各主体が役割を分担し、負担の集中を避け、Win-Win になる環境を整えるべきである。平時の発想に拘泥することには大きなリスクが伴うことを強く認識する必要がある。

昨年のクルーズ船ダイヤモンドプリンセス号のデータの取扱い等に関する経験もまだ記憶に新しい。特に初動時期において世界が注目する最も重要なデータであり、感染研にデータが集積され、論文もまとめられていたものの、タイムリーに公表されなかったため、世界の専門家との早期の情報共有ができなかった。その経験を今こそ活かし、データの収集・解析・共有に関するわが国の体制を強化し、今後の臨床研究の進化や論文等による早期発信の強化につなげていく必要がある。

以上の観点から、①保健所 - 地衛研 - 感染研といった既存の枠組みに加え、大学病院等の医療機関、民間検査会社、解析受託会社等との連携を積極的に追求し、

官民のあらゆる主体の総力を結集した All Japan の体制を構築すること、その上で、②変異株 PCR 検査やその後のウイルスゲノム解析の実施割合を早急に、かつ可能な限り高めていくこと（なお、相対的に新規感染者が少ない局面においては、新規陽性者の全数解析も視野に入れつつ最大限の体制構築を急ぐべきである）、また、③その解析結果等をタイムリーかつ幅広く共有していくことなどにより、コロナウイルス変異株のゲノム・サーベイランス体制を官民の力を合わせて抜本強化すると共に、疫学調査と臨床医療との連携を強化していく必要がある。今後ワクチン接種が本格化し、東京オリンピック・パラリンピックを間近に控えた今こそ、こうした取組を果敢かつ即座に実施することを国が内外に示すことで、国民が抱える不安の解消や、国際社会におけるわが国の信頼確保に資するとの認識の下、以下、政府に対し具体的に提言する。

【現状認識】

1. 新型コロナウイルス変異株の出現と拡大

新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の起因ウイルスである SARS-CoV-2 (新型重症急性呼吸器症候群コロナウイルスを指す。以下、「新型コロナウイルス」という) は、約 2 週間に 1 度の頻度で、そのゲノム配列に変異が生じる。新型コロナウイルスゲノムの変異は、ウイルスを構成するアミノ酸に影響を与えない無害な場合も多いが、中にはウイルスがヒトの細胞に侵入する際に中心的役割を果たすスパイク・タンパク上のアミノ酸の置換を伴う変異など、ウイルス構造と機能に変化を起こす変異もあり、ウイルスの伝播性、免疫原性、病原性などに影響を与える。2020 年春には、強い伝播性を持つ、いわゆる欧州型変異株 (D614G) が出現し、日本を含む世界全体で急速に拡大して優勢ウイルスとなった²。その他にも、免疫原性や病原性に影響を与える様々な変異が報告されている³。

2020 年秋以後、新型コロナウイルスの独立した新たな系統である英国発祥の B. 1. 1. 7 (英国型変異株)、南アフリカ発祥の B. 1. 135 (南アフリカ型変異株)、

² B. Korber, et. al. Cell, 182, 4, 812-827, August 20, 2020; E. Volz, et. al. Cell, 184, 1, 64-75, January 7, 2021.

³ 例えば、N439K 変異は野生型ウイルスに対する中和抗体の効果を低下させ (E. C. Thomson, et. al. Cell, 184, 5, 1171-1187, March 4, 2021)、また、ORF8 領域の 382 のヌクレオチド欠損は病原性を低下させる (E. Young, et. al. Lancet, 369, 10251, 603-611, August 29, 2020)。

ブラジル発祥の P.1 (ブラジル型変異株) が報告され⁴、既に国内の各所で渡航歴の無い日本人からも検出されており、その頻度も増している。英国型変異株は、従来型のウイルスと比較して伝播性が高く⁵、既に世界 110 カ国以上で認められて拡大を続けており、また、従来型と比較して死亡率が高いと報告されている⁶。英国型変異株の強い伝播性はスパイク・タンパク上の N501Y 変異に由来すると考えられているが、N501Y 変異は南アフリカ型変異株やブラジル型変異株にも共通しており、それらについても伝播性の亢進が懸念されている。また、南アフリカ型変異株やブラジル型変異株のスパイク・タンパク上にある E484K 変異は抗原性に影響を与えると考えられ、多くの研究において、武漢型(野生型)新型コロナウイルスのスパイク・タンパクを標的として作製された現行の各社のワクチンの効果が、南アフリカ型変異株に対しては減弱すると報告されている⁷。E484K 変異は、国内でも独立した発生が認められている。

新型コロナウイルスの変異は COVID-19 の患者数が多い地域では、それだけ発生し易く、また、自然感染やワクチン接種によって抗新型コロナウイルス抗体を持った人が多い地域では、これらの人の免疫から逃避する変異が誘発される。今後も最低限の海外渡航者の流入は持続し、また、国内でもワクチン接種が進められていくため、新たな変異株が海外から移入したり、国内で独立した新たな変異株が発生する可能性があり、その中には感染性や病原性が強かったり、感染の既往やワクチン接種による免疫を逃避する変異株が含まれ得ると考えられる。

今後、COVID-19 の流行を抑制していくためには、新型コロナウイルス変異の発生や頻度を可能な限り早期かつ広範に把握・監視し、感染者の隔離を確実に行うと共に、その伝播性や抗原性、病原性などの科学的知見に基づいた政策的介入

⁴ スパイク・タンパクのアミノ酸変異は、B.1.1.7 は Δ69/70, Δ144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D118H ; B.1.351 は L18F, D80A, D215G, Δ242-244, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V ; P.1 は L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417N, E484K, N501Y, H655Y, T1027I である。

⁵ N. G. Davies, et. al. Science, March 3 (first release), 2021

⁶ R. Challen, et. al. BMJ 2021;372:n579, March 9 (online), 2021; N. G. Davies, et. al. Nature, March 15 (online), 2021

⁷ Y. Liu, et. al. N Engl J Med, March 8 (online), 2021; K. Wu, et. al. N Engl J Med, February 17 (online), 2021; Z. Wang, et. al. Nature, February 10 (online), 2021; D. A. Collier, et. al. Nature, March 11 (online), 2021 など。

なお、これらの研究は、全て、ワクチン接種者の血清の擬似ウイルス等への中和効果を in vitro において測定したものであり、細胞性免疫の存在する in vivo では異なる可能性がある。

を行っていくことが必須である。

2. 国内の新型コロナウイルス変異の監視体制の現状と問題点

現在、新型コロナウイルスの変異株の監視としては、まず、空港検疫においては、渡航者全員に対する新型コロナウイルス検査で陽性となった全例について、感染研で全ゲノム解析が行われている。

また、各自治体においては、新型コロナウイルス行政検査の陽性検体の5～10%について、変異株の頻度が高いとされている自治体においては割合を上げて、地衛研等によって、N501Y変異の有無についてPCR検査が行われている。その後、N501Y変異があると思われる検体のうちウイルス量の多い（Ct値30以下）ものについては、感染研や一部の地衛研、大学においても全ゲノム解析が行われている。また、N501Y変異の無いその他の変異株についても、同様な形で全ゲノム解析が感染研において一定のタイムラグを置いて行われている⁸。

このような監視体制では、①N501Y変異のPCR検査を行う検体の割合が明確なルールに基づかずに地衛研等の裁量により決められており、変異株の検出割合の推移を科学的に測定できていない、②全ゲノム解析を行う新型コロナウイルスの割合が少なすぎ、変異の大部分が見過されている可能性が指摘されている、③検体が採取されてから変異が同定されるまで時間がかかり過ぎる、④変異の有無が分かっても、その後の医療情報が伴わず、その病原性や免疫原性に与える影響を解析することができない、などの重要な点について問題がある。なお、以上の問題に加え、国において、地衛研等や、大学、民間検査機関等の検査や解析（そのための前処理等を含む）の量的な能力（キャパシティ）を十分に把握し切れていないという課題もある。

【対処方針】 All Japan のコロナゲノムモニタリングシステムの構築に向けて

新型コロナウイルスパンデミックにより、我が国においても、2020年～2021年にかけて、2度にわたる緊急事態宣言の発出を余儀なくされており、現在は、1918年～1920年に発生したスペイン風邪以来の、まさに100年に一度の有事の

⁸ 全部で、全行政検査の5～10%に当たる検体が国立感染研究所や地衛研、大学等で全ゲノム解析が行われている。

状況にある。したがって、これに対する対応も、既存の枠組みに捉われることなく、新型コロナウイルス変異の広範、強力、科学的かつ迅速なモニタリング体制の可及的速やかな構築という目的の達成を最優先に、大学、民間検査会社、解析受託会社といったできる限り幅広い主体の協力を求めることを通じ、現行の感染研中心の体制を強力に補完していくべきである。そのことが、結果として国民の不安を解消することになる。

特に、大学病院とその連携病院等の医療機関と民間検査会社等の連携した研究事業により、入院患者を中心とした感染者のウイルスに対するモニタリングに関しても、感染研等による行政検査を通じては得られなかった臨床情報が得られるようになることから、重症化等の影響を盛り込んだ新たな政策立案が可能になる。同時に、保健所-地衛研-感染研を基軸とする従来の非入院患者を含めた変異の行政検査も、強化して実施することは当然である。これら行政検査と研究事業を相互補完的に組み合わせ、All Japan のモニタリングシステムを早急に構築していくことが求められている。

なお、こうした取り組みを通じて、疫学調査と臨床医療の一体的運用を念頭に置きつつ、多くの主体を連携させ、感染研の司令塔機能強化を含めた体制構築を進めていくことは、自民党新型コロナウイルス感染症対策本部感染症対策ガバナンス小委員会が昨年10月にとりまとめた提言にある健康危機管理機構(HSA)の設置に向けた第一歩となるものと認識する。

以下、必要とされる具体的な施策について記す。

1. 保健所-地衛研-感染研のウイルスゲノム・サーベイランス体制の強化

広範囲で感度の高い新型コロナウイルス変異のモニタリングを行うには、保健所-地衛研-感染研の行政検査におけるウイルスゲノム・サーベイランス体制を強化すると共に、大学等の入院患者を中心としたウイルスゲノム解析を拡充し、両者の有機的連携を通じ、新型コロナウイルス陽性検体におけるウイルスの変異株 PCR 検査及び全ゲノム配列検査の実施割合を早急に、かつ可能な限り高めていくこと⁹、また、解析に要する時間を格段に短縮することが必須である。

⁹ 相対的に新規感染者が少ない局面においては、新規陽性者の全数解析も視野に入れつつ最大限の体制構築を急ぐべきである。

特に、従来型と変異株の両方を同時に検出できる試薬の開発を緊急に行うべきである¹⁰。

このため、早急に、これらの割合や解析時間等の具体的数値目標を定め、その達成のための体制を確保するものとし、そのための追加的財政支援を検討すべきである。なお、数値目標の設定にあたっては、感染研や地衛研のみのキャパシティを前提とするのではなく、あくまで国民の生命を守るという観点から、わが国の幅広い主体の能力を結集・活用することを前提とした上でのものとすべきである。

2. 大学病院等の医療機関での研究事業と連携したサーベイランスシステムの補強・補完

効率的かつ広範なウイルス全ゲノム解析によるサーベイランスシステム構築を通じて、変異株ウイルスの同定をリアルタイムに実現するという現下の最重要課題の解決への貢献が即時的に期待できる俊敏なシステム（既に稼働しているシステム等）の構築・拡充を急がなければならない¹¹。国は、大学病院等も含めた医療機関・研究者に対して積極的に協力を呼び掛け、研究事業とサーベイランス事業の相乗効果を図るべきである。また、大学等も専門的な人材を感染研に派遣するなど、人的支援を行うべきである。

その際、COVID-19 患者の診療に忙殺され疲弊している大学病院等からの検体や臨床情報を収集しようとする場合には、臨床現場の前線の医師・検査室の負担を最小化するとともに、インセンティブを高める考慮が必要である。現場からの検体や臨床情報の提供を求める場合、院内感染の管理に有用となり得るウイルスゲノム情報を可及的速やかに返却することが、提供へのインセンティブを格段に高める事が経験から示されており、診療現場に有用なデータが迅速に返却される枠組みとすべきである。

現在、上記のような枠組みの下、大学などが研究事業として、検体と臨床情報

¹⁰ 英国では、複数の目的遺伝子を同時に検出する PCR 検査をルーチンに実施しており、変異株は、S 遺伝子が陰性で N 遺伝子及び ORF1ab 遺伝子は陽性（従来型は 3 つの遺伝子とも陽性）で同定されている。

¹¹ 既に GISAID にデータを登録している等、実働している大学等を支援することが迅速なシステム構築には合理的である。

などの収集を伴うウイルス全ゲノム解析の取り組みが進められている。そのような研究事業を引き続き継続するとともに、解析されたウイルスゲノムデータを、GISAID に登録することを求めることにより、国内でのサーベイランスに活かすことが必要である。

この研究の取り組みを拡充する際の研究プロトコルの作成・運用にあたっては、医療機関が患者から取得した 性別、年齢層、重症度、渡航歴、接触歴、ワクチン歴等を、個人を直ちに判別できないように匿名化した上で収集し、後述の国が指定する公共データベースから国内外の研究者に広く公開可能とすることを要件とすることが考えられる。公開する臨床情報については、患者に不利益が及ばないような配慮をする。全国を網羅することが望ましいが、新型コロナウイルス感染症が人口密集地域において流行しやすいことに鑑み、まずは5大都市圏を中心にモニタリングシステムを配備することが効率的である。

検体の梱包¹²、RNA 抽出¹³、ウイルスゲノム配列解析¹⁴などの具体的な工程については、できる限り診療現場の負担を軽減する必要があり、各段階について、広く臨床検査会社等の活用を図るべきである。

3. コロナウイルスゲノムデータ蓄積・公開・活用

厚生労働省において、国立国際医療研究センター及び感染研の連携により、新興・再興感染症データバンク事業（以下、「データバンク事業」）を開始する準備が進められている。このデータバンク事業は、ウイルスゲノムのみならず、それ

¹² 咽頭ぬぐい液等の検体はカテゴリーBの病原体に分類され、法に従った三重梱包が求められるが、これについては現場の負担が大きいため、臨床検査会社の全国集配網を活用すべきである。少なくとも大手1社が全国対応可能、1社は本州のみ対応が可能である。

¹³ 多くの病院で、自施設内でのPCR検査が行われており、その際RNA抽出が行われているが、必ずしも純度が高くない簡易法が用いられている。簡易法により抽出されたRNAはゲノム配列の解析適さないため、純度の高いRNAの再抽出を広く医療現場に求めることは適切ではなく、臨床検査会社にて自動抽出を外注すること等が有効と考えられる。少なくとも2社が対応可能である。

¹⁴ 全国10程度の大学病院等では、現時点で積極的にSARS-CoV-2のゲノム配列解析が実施されている。それ以外の施設に由来する検体については、RNA抽出後、解析受託会社にて集中的に実施することが効率的である。解析受託会社では、抽出・精製済のRNAであれば一挙に解析可能である。少なくとも2社が対応可能である。数百件をまとめて解析すると1検体あたりのコストが著減する（半額以下）。全自動ロボットを導入済の施設では一日で6000検体のゲノム配列解析が可能である。

に紐づく臨床症状、臨床経過や感染者のゲノム情報や血液検体等、総合的な情報や検体を収集することによって、ウイルス変異に伴う重症度の変化、あるいは患者側の要因と併せて解析することにより、重症化因子の解明、診断や治療方針の改善、医薬品開発等に資する分析等を行うことが可能となるものである。

本年2月に改正された「感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律」（感染症法）において、国は、感染症の調査等で得られた情報を活用しつつ、感染症の発病の機構や感染性、感染症の診断法や治療法等に関する調査及び研究を推進するものとされており、データバンク事業の法的根拠が整備されている（感染症法第五十六条の三十九）。また、同事業の予算は令和2年度第3次補正予算により、すでに確保されている。

データバンク事業では、大学等研究機関で行ったゲノム解析費用が支出される予定であり、臨床症状、臨床経過等の情報収集に必要な費用も支出されることとなっている。また、日本医療研究開発機構（AMED）において今後公募予定の「新興・再興感染症データバンク等を活用した研究事業」（仮称）において、臨床情報やゲノム情報、検体等をデータバンク事業に提供した機関による当該データを活用した研究について、採択時に優先的な審査を行うことが検討されており、大学などに対し、この枠組みに参画するインセンティブが設けられている。

この事業を進めるにあたり、当面以下の点に留意することが必要である。

（1）データベースの構築

中期的には日本国内のウイルスゲノムデータ、臨床データを集中管理するために格納庫としてのデータベースを設計・構築する必要がある。公的データベースにウイルスゲノムデータ、採取日、採取地に加えて年齢層・性別・接触歴・渡航歴・ワクチン歴・重症度・コロナウイルス感染症罹患歴等を登録する¹⁵。疫学的モニタリングの視点から、ただちに必要とされているのは、必要最小限の臨床データが付加した、できるだけ多数サンプルのデータである¹⁶。上記のデータベースの運営が開始された以降は、研究参加者はGISAIDへの登録と並行して、このデータベースへの登録も行う。その際、登録作業の効率を高めるため、上記の

¹⁵ この際、採取地の記載方法など、データの入力方法について、全国で統一を図る。

¹⁶ 中期的には、より詳細な臨床情報を含めた統合的なデータベースの構築を進める。ただし、COVID-19がパンデミックであり、症例数の遙かに多い諸外国において、既に多くの研究が進められている。データベースの構築に当たっては、COVID-19が国際感染症であることを考え、日本のデータを海外から切り離して扱う意義がどの程度あるのかを慎重に考える必要がある。

データベースの登録を行えば、GISAID にアップロードできるように加工される仕組みが必要である。

同時に、この研究事業におけるウイルスゲノム情報と上記 1. で記した行政検査でのウイルスゲノム情報を総合的に組み合わせ、国内の何処で、どの様な変異が、どの様な頻度で発生しているのかを、できる限り多くの割合の検体解析に基づき、できる限り迅速に公開できるシステムとし、適時の政策対応と更なる研究の推進に活用すべきである。また、長期的には、治療薬、ワクチン等の開発も踏まえた利活用も検討していく。

しかし、そのような格納庫としてのデータベースは現在、わが国には存在しない。上記データベース構築までの間、大学等による解析を通じたゲノム配列のデータは解析完了後、日本国内で取りまとめることなく GISAID に登録し公開することが効率的であろう¹⁷。また、今後、HER-SYS 等との連携を検討していく必要がある。

(2) 臨床データの取得

国民は、迅速な変異株のモニタリング体制の構築を待ち望んでいる。必要最小限のデータセットには、年齢層・性別・接触歴・渡航歴・ワクチン歴・重症度・コロナウイルス感染症罹患歴等が含まれる。詳細な臨床症状を網羅的に得ようとすると医療現場に過重な負担がかかることを考慮すべきである。

本提言に賛同する大学等による当面の研究は、「人を対象とした医学系研究に関する倫理指針」に従い、倫理審査委員会の承認を得たうえで、オプトアウトでの研究利用と他機関への提供を考慮すべきである。また、倫理審査委員会が円滑にゲノム解析を承認できるよう政府において環境整備を行うことが重要である。なお、オプトアウトによる実施となる場合には、企業による開発目的での単独利用は認められないので、そのためには、可能な限りオプトインによるインフォームド・コンセントを取ることが望ましい。¹⁸

¹⁷ GISAID への登録から公開までの時間は数時間程度である。検体の採取日時と採取場所さえ明示されていれば、研究者は日本由来のゲノムデータをまとめてダウンロードし、二次的な解析に用いることが可能であり、各研究者は多角的なデータの解釈を自由に行うことができる。

¹⁸ 「人を対象とした医学系研究に関する倫理指針」（平成 29 年 2 月 28 日）第 5 章第 12 1 (2) イ(ウ)及び 1 (3) イに該当すると考えられ、倫理審査委員会が承認すれば、オプトアウトによる研究の実施が可能である。なお、文書によるインフォームド・コンセントの取得を排除するものではないが、重症者からの同意取得の困難さ、説明者への感染リスク

(3) ヒトゲノム等の解析

発症や重症度を考える上で、宿主側要因、つまりヒトゲノム等を解析することも重要であることは当然である。但し、ヒトのゲノムサイズ（30 億塩基）がウイルスゲノムサイズ（3 万塩基）の 10 万倍であること、ヒトゲノム等の情報が個人識別符号や要配慮個人情報を含むことを勘案すると、当面のコロナ対策においては、ウイルスゲノムの解析を政策的に優先させることが適切である¹⁹。

(4) 検体の保存

ウイルスゲノムデータは、変異株かどうか、あるいは将来どのように変異するかの予測に重要であるが、それ以上に重要なことは、宿主の生体成分が入った検体の保存である。手に入った検体は二度と手に入らないことを認識する必要がある。新型コロナウイルスゲノムのみならず感染者のゲノム等の配列情報の解析や、次の段階ではワクチンや抗コロナウイルス薬の開発に向けて貴重な検体であると考えられることから、少なくとも拭い液の一部は保存されるべきであり、検体採取の段階から系統的に行われる必要がある。

【おわりに】

病床の拡充やワクチン接種の対応等、政府がフル稼働している中、上記の提言を遂行することは決して容易なことではない。しかし、冒頭述べたように今は 100 年に一度の国家の「有事」である。国民の命を守り、その不安を解消する責務が政府・与党にはある。その責務を果たすために、党としてもフォローアップを含め、政府を最大限後押ししていく。

(以 上)

の増加にも留意する必要がある。

¹⁹ ただし「ヒトゲノム」については、わが国の将来に必要なデータであり、また、免疫関連領域に焦点を絞った解析は、日本人特有の感染における課題、長所などの検討に重要である。いずれにしてもヒトゲノムの情報は秘守されなければならないデータであり、各国でも粛々と進められていると考えられる。「喫緊では不要」であっても、絶対に必要なデータである。故に現時点では、検体をしっかりと保存すべき事が必須である。なお、ヒトゲノム情報の公開や利活用のあり方については、現在、難病やがんを中心として、別途検討が進められている。