

茨城県における新型コロナウイルス全ゲノム解析実施状況について

○上野 恵¹⁾、大澤 修一¹⁾、檜村 諒¹⁾、阿部 櫻子¹⁾、柳岡 知子¹⁾

1) 茨城県衛研

I. はじめに

新型コロナウイルス感染症について、国は2020年3月より積極的疫学調査の一環として次世代シーケンサーを用いた新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)の全ゲノム解析を開始した。その後、国立感染症研究所を中心としたゲノムサーベイランスグループが構築され、当所も本サーベイランスに協力すると同時に、解析情報を感染経路の分析や流行株推移の把握等のための資料としている。当所における全ゲノム解析の実施状況と検出株の推移について概要を報告する。

II. 材料および方法

当所に搬入された SARS-CoV-2 陽性検体について、2020年3月から2021年3月まで国立感染症研究所に715検体を送付してゲノム解析情報を得るとともに、2021年1月から自施設での解析を開始し、2023年3月31日までに8,554検体の解析を実施した。ライブラリ調製の手順は「国立感染症研究所 新型コロナウイルスゲノム解読プロトコル(Qiagen社 QiaSEQ FX 編) version 1.2」(糸川ら)に従った。次世代シーケンサーiSeq 100又はMiSeq(いずれもイルミナ社)による分析データを国立感染症研究所開発のCOG-JPシステムにて解析し、系統等を判別した。

III. 成績

2020年の第1波はB.1およびB.1.1、第2波はB.1.1.284、第3波はB.1.1.214が主に検出され、2021年の第4波はアルファ株、第5波はデルタ株が主流であった。2022年初からの第6波以降はオミクロン株(Pango系統名B.1.1.529。再附番によりBAと命名。)が主流であり、2022年2月から2023年3月まで当所で解析を行った検体はすべてオミクロン株であった。第6波ではBA.1およびBA.2系統が主流であったが、第7波ではBA.5系統に置き換わり、その中でも特にBA.5.2が優勢であった。第8波からは多数の亜系統が派生し、検出される系統の種類が増えたが、中でもBA.2.75系統やBQ系統の増加が目立った。また、BJ.1とBM.1.1.1の組換え体であるXBB系統は、日本では2023年2月頃から増え始め、同年3月分では茨城県でも20.4%と急増した。XBB系統に含まれるXBB.1.5およびXBB.1.16は2023年4月21日にWHOにより「注目すべき変異株(VOI)」に指定されており、今後の動向が注目される。

IV. 考察

SARS-CoV-2の流行は世界的にオミクロン株に集約されたが、オミクロン株の中で新規亜系統の出現が続いている。その中には感染・伝播性の増加や抗原性の変化が懸念される変異株が含まれており、今後も引き続き全ゲノム解析を実施し、流行状況を注視していくことが重要である。