

茨城県における SARS-CoV-2 の全ゲノム解析実施状況について（令和 5 年度）

○上野 恵、田口 もなみ、小室 慶子、大久保 朝香、絹川 恵里奈、
大澤 修一、樫村 諒*1、阿部 櫻子

*1 薬務課

要旨

国は新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の積極的疫学調査の一環として、次世代シーケンサー（NGS）による新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の全ゲノム解析を実施しており、当所もゲノムサーベイランスに協力するとともに、得られた解析情報を本県での感染経路の分析や流行推移の把握等の資料として活用している。

本県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報告する。

キーワード：COVID-19、SARS-CoV-2、NGS、全ゲノム解析、ゲノムサーベイランス

1 はじめに

新型コロナウイルス感染症（COVID-19）は、2020 年に世界的パンデミックを引き起こし、日本においても感染が拡大した。

COVID-19 対策として、国は新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）全ゲノム解析による積極的疫学調査の支援を行っており、現在に至るまで継続的にサーベイランスが行われている¹。

以下に、本県における SARS-CoV-2 全ゲノム解析の検査体制、実施状況及び検出株の推移について報告する。

2 SARS-CoV-2 全ゲノム解析の実施体制

2-1 国におけるゲノム解析

国は 2020 年 3 月より SARS-CoV-2 全ゲノム解析を開始しており、全国の地方衛生研究所等から SARS-CoV-2 陽性検体の一部を国立感染症研究所に集め、次世代シーケンサー（NGS：Next Generation Sequencer）を用いて全ゲノム解析を行い、各自治体に情報還元してきた。

本県においては 2020 年 3 月から 2021 年 3

月まで、国立感染症研究所に SARS-CoV-2 陽性検体の一部を送付し、延べ 715 検体のゲノム情報を得た。

2-2 当所における全ゲノム解析体制の整備

2020 年夏季に全国の陽性者が急増したことから、国立感染症研究所だけでなく全国の地方衛生研究所等においても SARS-CoV-2 全ゲノム解析の実施が求められ、検査体制の整備が進められた。当所でも全ゲノム解析実施体制を整備し、2021 年 1 月から SARS-CoV-2 全ゲノム解析を開始した。

2-3 ゲノム解析対象の変遷

SARS-CoV-2 全ゲノム解析の対象は、原則リアルタイム RT-PCR 法（N2 セット）にて陽性かつ Ct 値 27 以下の検体としている。

COVID-19 流行初期には当所に搬入された発症者や濃厚接触者等の行政検査における陽性検体を中心であったが、遺伝子検査可能な民間検査機関が増加したことから当所に搬入さ

れる検体数が減少し、全ゲノム解析用の検体の確保に苦慮するようになった。そのため 2022 年 2 月からは民間検査機関より陽性検体の譲渡を受けて解析を行う体制を構築した。

2023 年 5 月 8 日（第 19 週）から感染症法上の位置付けが変更となり、五類定点把握疾患へ移行するにあたって²⁾、県内 120 施設（水戸市保健所管内を含む）を指定届出機関に設定し、その中から 12 施設を病原体定点医療機関に指定した。これにより、2023 年 5 月 8 日以降は、病原体定点医療機関からの検体も検査対象に加わった。この他に、保健所からの依頼で集団発生におけるクラスター解析についても実施している。

定点把握移行後の 2023 年 5 月 8 日から 2024 年 3 月 31 日までの検体の内訳については図.1 に示す。

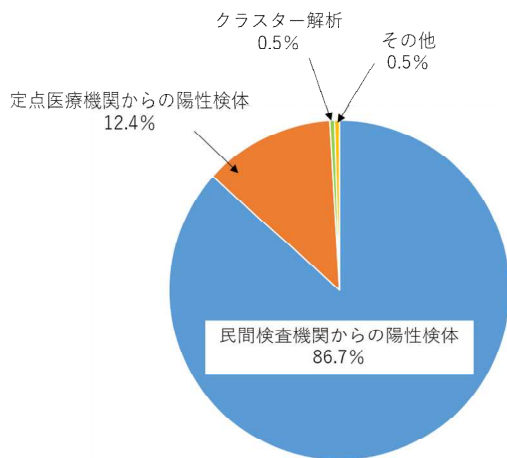


図.1 当所への搬入検体の搬入元内訳

3 当所における SARS-CoV-2 全ゲノム解析の実施状況（2024 年 3 月まで）

3-1 方法

国立感染症研究所の検出マニュアル³⁾及びゲノム解読プロトコル⁴⁾に従い実施した。

検体から抽出した RNA を鋳型とし、逆転写

反応、Multiplex PCR 及び NGS ライブラリ調製を行い、iSeq 100 又は MiSeq（いずれもイルミナ社）を使用した解析によりデータを取得した。データは国立感染症研究所開発の解析プラットフォーム COG-JP にて解析を行い、Pangolin 系統等の詳細な情報を得た。

3-2 対象

2020 年 3 月から 2024 年 3 月までに当所に搬入された COVID-19 疑い患者、接触者及び陽性者の検体、合計 10,877 体について SARS-CoV-2 全ゲノム解析を実施した。

また、2020 年 3 月から 2021 年 3 月まで国立感染症研究所に送付した 715 検体のゲノム情報を加え、合計 11,592 検体分のゲノム情報を得た。

月別全ゲノム解析実施数及び新規感染者数の推移を、図.2 及び図.3 に示す。当所に搬入される検体数は減少傾向にあり、それに伴って月別全ゲノム解析実施数も漸減している。

3-3 結果及び考察

本県における世界保健機関（WHO）の名称分類による検出株の推移を図.2 に示す。2022 年初以降、検出株はオミクロン株（B.1.1.529 系統。再附番により BA と命名。）が主流であり、2022 年 2 月以降現在に至るまで本県で全ゲノム解析を行った検体はすべてオミクロン株であった。

その中でも主流の系統は次々と変化しており、2023 年度の検出株の推移を Pangolin 系統名による分類で示す。（図.4）

BJ.1 と BM.1.1.1 の組換え体である XBB 系統は、2022 年 9 月に初めて報告されて以降世界的に増加し、日本においても 2023 年 2 月頃から増加傾向を示している⁵⁾。茨城県でも XBB 系統が占める割合は 2023 年 3 月時点で 20.4%、翌 4 月時点で 78.1%となっており、それ以前に

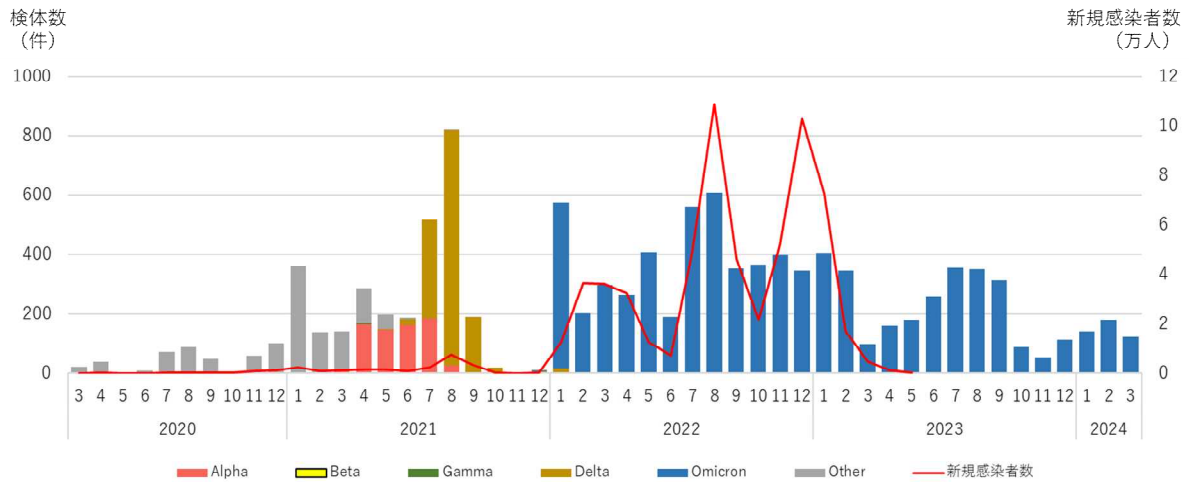


図.2 茨城県における検出株の推移 (WHO 名称分類)

*2023年5月8日より定点把握疾患へ移行したため、第19週以降の感染者数(定点あたりの報告数)は図.3に示す。

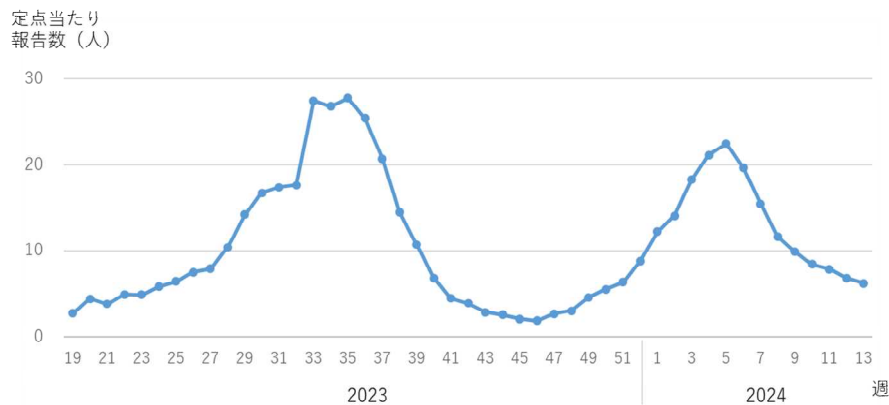


図.3 COVID-19の定点当たりの報告数(2023年第19週～2024年第13週)

主流であった BA.5.2 や BQ 系統と急速に置き換わりが進んだ。2023 年夏から秋にかけて、XBB.1.9.2 の子孫系統の EG.5 (通称：エリス) の検出が増加し、秋以降は EG.5 と入れ替わるように BA.2.86 (通称：ピロラ) と HK (EG.5 の子孫系統) が台頭した。さらに 2024 年 1 月以降は、BA.2.86 の子孫系統である JN の検出数が急増した。WHO は病原性や伝播力、免疫逃避能等の観点から 2024 年 6 月 28 日時点で BA.2.86 及び JN.1 を「注目すべき変異株」に指定している。

このように、SARS-CoV-2 の流行系統は著しいスピードで変化しており、流行の動向を知るには継続的なモニタリングが必要である。

4 おわりに

全ゲノム解析によって得られたデータは、COVID-19 によるクラスター解析や新規変異株の早期探知を可能とし、感染伝播の追跡と収束のためのツールとして利用されるとともに、世界的な流行状況把握にも活用されてきた。今後も引き続き全ゲノム解析を継続して知見を

積み重ね、公衆衛生的対策に活用していくことが重要である。また、全ゲノム解析実施数が減少している中、今後他の病原体による新たなパンデミックが発生した際に速やかな対応ができるよう、所内での検査技術の維持が課題である。

5 参考文献

- 1) 「新型コロナウイルス感染症の積極的疫学調査におけるゲノム解析及び変異株 PCR 検査について (要請)」令和3年2月5日付け健感発 0205 第4号 (令和5年4月27日一部改正)
厚生労働省健康局結核感染症課長通知
- 2) 「新型コロナウイルス感染症の5類感染症移行後に備えた患者の発生動向等の把握の準備について (依頼)」令和5年3月2日付け健感発 0302 第1号
厚生労働省健康局結核感染症課長通知
- 3) 「感染研・地衛研専用」SARS-CoV-2 遺伝子検出・ウイルス分離マニュアル」国立感染症研究所発行
- 4) 「新型コロナウイルスゲノム解読プロトコル (Qiagen 社 QiaSEQ FX 編)」国立感染症研究所病原体ゲノム解析研センター発行
- 5) covSPECTRUM <https://cov-spectrum.org/>

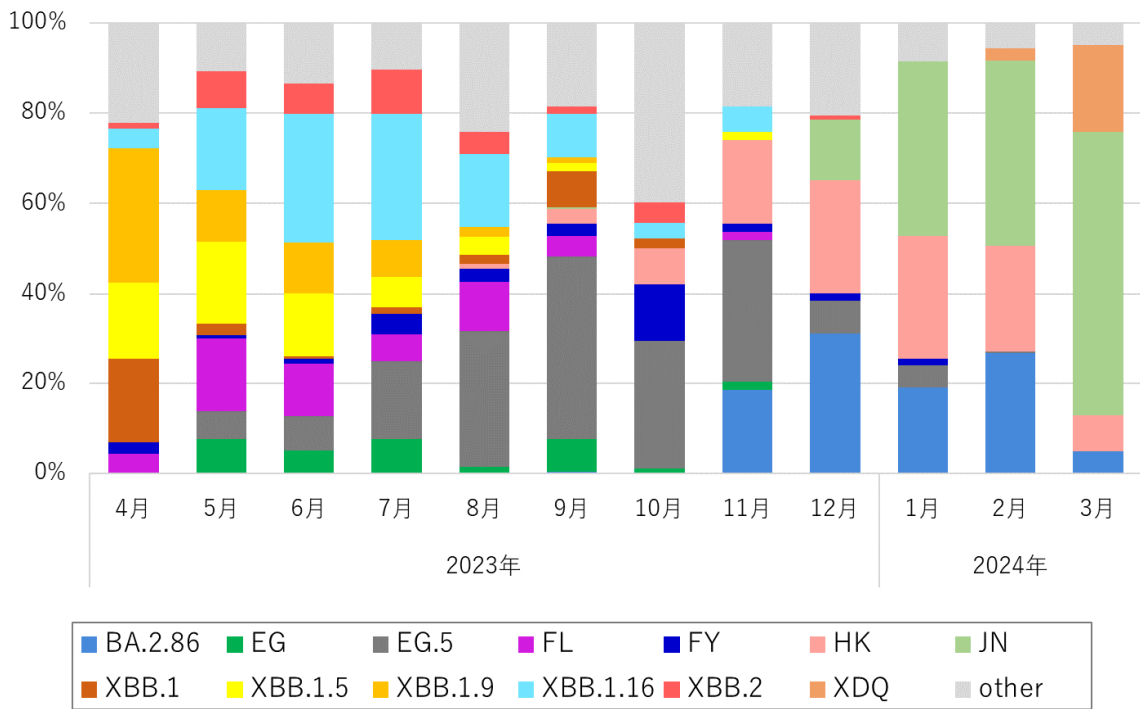


図.4 茨城県における検出株の推移 (Pangolin 系統分類、2023年4月～2024年3月)