

長崎県環境保健研究センターにおける 新型コロナウイルスのゲノム解析 (2023年度)

松本 文昭, 井原 基, 高木 由美香, 山口 結奈, 蔡 国喜, 右田 雄二, 吉川 亮

Overview of whole genome analysis for SARS-CoV-2 in Nagasaki Prefectural Institute of Environment and Public Health (2023)

Fumiaki MATSUMOTO, Motoki IHARA, Yumika TAKAKI, Yuina YAMAGUCHI,
Guoxi CAI, Yuji MIGITA and Akira YOSHIKAWA

キーワード : SARS-CoV-2、新型コロナウイルス感染症、変異株、ゲノム解析
Key words : SARS-CoV-2, COVID-19, Variants, Whole genome analysis

はじめに

2019年12月に中国湖北省で発生したSARS-CoV-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2) による新型コロナウイルス感染症 (Coronavirus disease of 2019: COVID-19)は、その後、世界各地に広がり、世界的なパンデミックとなった。さらに、SARS-CoV-2が変異を繰り返した結果、感染・伝播性の増加や抗原性の変化が懸念される変異株 (Variants of Concern = VOC)が出現し、世界保健機関 (World Health Organization: WHO)を中心として世界的なサーベイランス体制が取られている¹⁾。

我が国においても国立感染症研究所がWHOの評価を参考にいくつかの変異株をVOCに位置付け、発生動向を監視してきたが、2023年4月21日現在、オミクロンをVOCに位置付けている²⁾。

長崎県内では、2023年5月8日にCOVID-19の感染症法上の位置付けが5類感染症に変更されたことに伴い、COVID-19患者発生に伴う積極的疫学調査の一環として、保健所長の判断により行われてきた接触者調査が終了した。しかし、新たな変異株の流行を監視するため、国は新型コロナウイルスのゲノム解析の継続を要請しており、それに対応するため県内8か所の医療機関および2か所の民間検査機関の協力のもと、「新型コロナウイルスゲノムサーベイランス」を実施してきた。

当センターでは既報³⁾のとおり2020年2月から行政検査対応を、2021年7月からゲノム解析を開始しており、ここでは、2023年4月以降のゲノム解析結果について報告する。

材料および方法

1 調査期間

2023年4月1日から2024年3月31日とした。

2 供試検体

(1) 対象検体

調査対象者から採取された鼻咽頭ぬぐい液等の上気道由来検体および唾液を検査材料とした。それらの検体は、医療機関や民間検査機関において採取され、自施設において遺伝子検査または抗原定量検査を実施のうえ、十分な遺伝子量があると見込まれた検体を選別し、直接当センターに郵送された。そのようにして集められた延べ571検体を解析対象とした。

(2) ゲノム解析用検体の選別

解析に供する検体は、上記送付検体を対象に当センターで実施したreal time PCR検査でSARS-CoV-2遺伝子陽性かつゲノム解析に必要なと考えられるRNA量 (real time PCRにおいてCt値27以下)が見込まれるものを選別した。すなわちゲノムサーベイランスのために提供された571検体のうち上記条件に合致した482検体をゲノム解析に供した。

3 方法

SARS-CoV-2の全塩基配列解析に基づく変異株の発生動向監視のため、次世代シーケンサー (Next Generation Sequencer: NGS)によるゲノム解析を既報³⁾に基づき行った。

結果

ゲノム解析に供した482検体から313株のSARS-CoV-2ゲノムを決定した。決定した配列のPangolinによる系統分類の結果を図1および図2に示す。

分類の結果、オミクロン株のBA.2系統が計26株(BA.2.3.20系統3株、BA.2.75系統6株、BA.2.86系統17株)、BA.5系統が2株、BA.5から派生したBQ.1系統が11株、BJ.1系統とBM.1.1.1系統の遺伝子組み換え体(リコンビナント)であるXBB系統が計125株

(XBB.1.5系統15株、XBB.1.16系統39株、その他のXBB系統71株)、XBB.1.9.2から派生したEG.5系統が86株、BA.2.86系統から派生したJN.1系統が42株、BA.2.86系統とFL.5系統のリコンビナントであるXDQ系統が19株、その他のリコンビナントが2株であった。

オミクロン株の経時的推移をみると本県では、解析月による差はあるものの、調査期間中は複数の系統が混在して検出されていた。

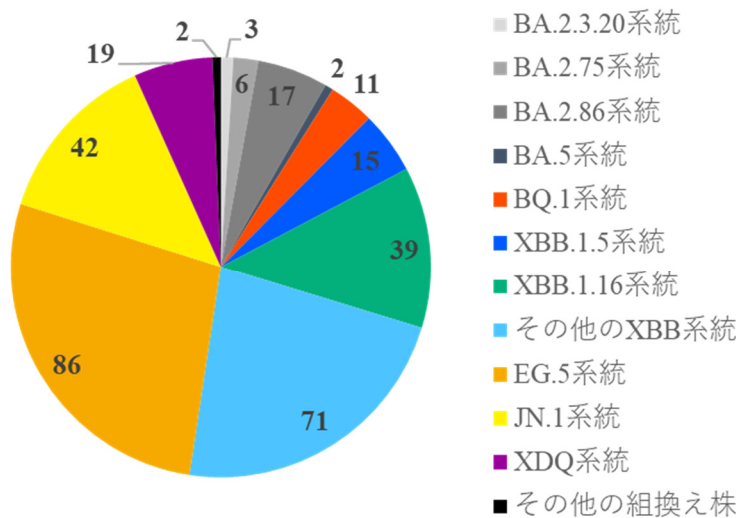


図1 令和5年度SARS-CoV-2ゲノムサーベイランスにおける系統解析結果 (n=313)

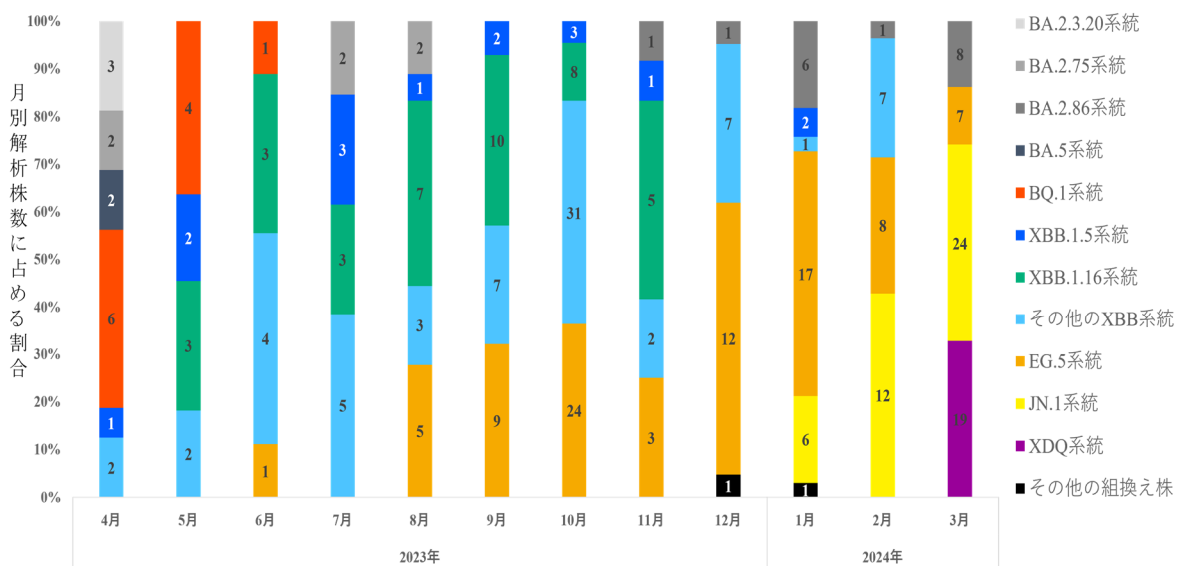


図2 令和5年度SARS-CoV-2ゲノムサーベイランスにおける月別検出系統割合 (n=313)

考 察

調査期間中における解析検体数は、2021年の1,056検体³⁾、2022年の1,447検体⁴⁾から大幅に減少し、571検体であった。これは、ゲノムサーベイランスにおいては、医療機関等における検査を経て選別された検体が搬入されるが、2023年5月8日に、COVID-19の感染症法上の位置づけが5類定点把握感染症に変更されたことで、これまでのような全数把握とそのため必要な検査診断の機会が減少したことが影響したと考えられた。

長崎県におけるゲノム解析に基づく系統分類の結果、調査期間中においては、本県では異なる系統のオミクロン株が混在して流行していたことが示唆され、過去の流行時のように特定の系統が支配的となる状況はみられなかった。

国立感染症研究所による民間検査機関等からの検体を解析した結果⁵⁾では、2023年4月から8月にかけて国内ではBA.2, BA.5, XBB系統等複数の系統が同時に流行していたが、8月以降はEG.5系統の占める割合が増加し、流行の主系統になった。その後、年末年始を境にJN.1系統の検出割合が急増して流行の主系統が置き換わっており、本県における解析では流行の主系統とはならなかったものの、EG.5系統、JN.1系統ともに検出され始めた時期は概ね全国と同様の傾向を示していた。

県内では3月に初めて検出されたXDQ系統は、全国的には3月末時点でJN.1系統とその亜系統に次ぐ広がりを見せており⁶⁾、今後の動向を注視する必要がある。

感染症法上の位置づけ変更に伴い、COVID-19に対する多くの対応が変化した。しかしながら、位置づけ変更後においても、新たなVOCの出現に注意することが必要であることから、引き続きゲノムサーベイランスを実施することが国から求められている⁷⁾。平時のサーベイランス体制におけるルーチンワークに加えて、変異株の動向把握のためのゲノム解析についても引き続き実施していく必要がある。

謝 辞

解析用検体の収集および搬入にご協力頂いた各医療機関の諸先生、医療従事者等の関係諸氏に深謝する。

参 考 文 献

- 1) World Health Organization: Tracking SARS-CoV-2 variants, <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> (2024.7.3 Accessed)
 - 2) 国立感染症研究所: 感染・伝播性の増加や抗原性の変化が懸念される 新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) の変異株について (第26報), <https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2551-ccpr/11879-sars-cov-2-26.html> (2024.7.3 Accessed)
 - 3) 長崎県環境保健研究センター所報 67, (2021) 報文, 長崎県環境保健研究センターにおける新型コロナウイルス検査の概要 (2021年度)
 - 4) 長崎県環境保健研究センター所報 68, (2022) 資料, 長崎県環境保健研究センターにおける新型コロナウイルス検査の概要 (2022年度)
 - 5) 国立感染症研究所, 新型コロナウイルス感染症サーベイランス週報 (2024年第14週), https://www.niid.go.jp/niid/images/epi/covid19/pdf/COVID-19_2024w14.pdf (2024.7.3 Accessed)
 - 6) 国立感染症研究所, IASR Vol. 45 p85-86: 2024年6月号 新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) 2024年4月現在, <https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2547-idsc/iasr-topic/12721-532t.html>
- 厚生労働省, 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) の一部改正について, (感感発0319第2号 令和6年3月19日)