

鳥取県内の新型コロナウイルス変異株のゲノム解析結果について (第3報)

【保健衛生室】

高野 史嗣、音田 李帆、泉 ありさ、上田 豊、増川 正敏*¹、最首 信和

1 はじめに

2019年12月に中国で最初に確認され、世界各国で流行した新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) は、変異を繰り返しながら流行を続けている。

当所では、県内の変異株の動向把握及び疫学調査の一助とするため、県内においてPCR検査で陽性と判定された検体を対象として変異株の全ゲノム解析を実施している。このたび2024年度に当所が実施した全ゲノム解析の結果をまとめたので報告する。

検体から抽出したRNAを鋳型とし、国立感染症研究所の新型コロナウイルスゲノム解読プロトコル⁽¹⁾に従って行った。ゲノムデータの取得には次世代シーケンサー装置であるiSeq100 (Illumina) を使用し、得られたデータから国立感染症研究所が運営するSARS-Co2ゲノム解析のためのWebアプリケーションであるPathoGenS (Pathogen Genomic data collection System) を用いて全ゲノム解析を行った。2024年度は、2024年2月から2025年3月に採取された1,104件を対象に実施した。

2 材料及び方法

県内の医療機関で実施された検査で新型コロナウイルス陽性となった検体を回収し、リアルタイムPCRでCt値がおおよそ30未満のウイルス量が多い検体を選定した。ゲノムデータ取得のための前処理は、

3. 結果

全ゲノム解析の対象とした1,104件のうち、解析不能の105件を除く、解析結果が得られた999件について、各系統の検出件数と検出割合を月別にまとめた。(図1及び表1)

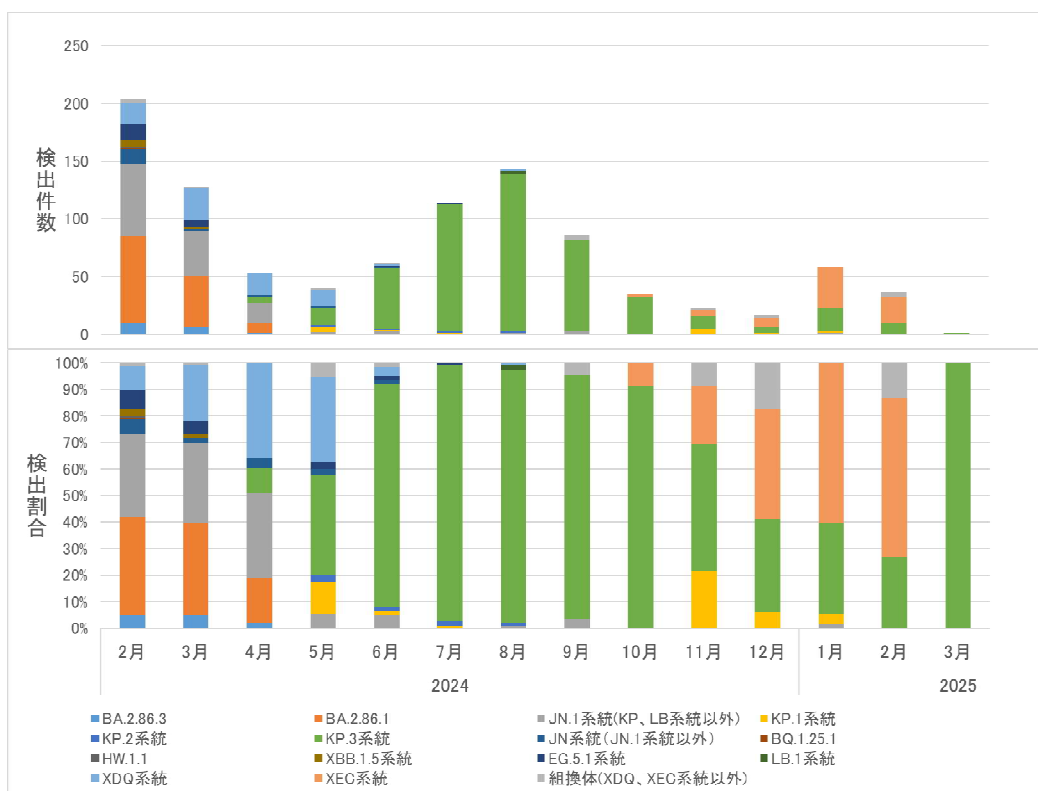


図1 全ゲノム解析による新型コロナウイルスの系統別検出数及び検出率

* 1 現 鳥取県西部総合事務所環境建築局環境・循環推進課

Lineage	採取年月	2024年												2025年			
		2月	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月	1月	2月	3月		
BA.2.86.1		75	44	9													
JN.1系統 (KP、LB系 統以外)	JN.1	20	19	2	2				1								
	JN.1.1	5	1														
	JN.1.1.1	1															
	JN.1.11			2													
	JN.1.11.1		1	3													
	JN.1.16	1				3			1								
	JN.1.18	15	4	1													
	JN.1.18.2							1	1								
	JN.1.2	1															
	JN.1.22	1															
	JN.1.39		1														
	JN.1.4	15	8														
	JN.1.4.2	2															
	JN.1.4.5		1	2													
	JN.1.5	2	3	7													
	JN.1.7	1															
	LF.7.3.1													1			
LB.1系統	LB.1.2							1									
	LB.1.3							2									
KP1系統	KP.1.1				2	1	1										
	KP.1.1.1				1												
	KP.1.1.3				2					2	1						
	KP.1.1.5									1							
	MU.1										1						
	LP.8.1										1			1			
KP2系統	LP.8.1.1												1				
	KP.2.16							1									
KP3系統	KP.2.2				1												
	KP.2.3						2	1									
	KP.2.3.2					1											
	KP.3			4		1	10	2	1	1							
	KP.3.1					2	5	8	1								
	KP.3.2							1	1								
	KP.3.3				1	15	44	78	84	53	11	3		3	2		
	KP.3.1.1					1	7	19	8	9	3	1	1	2			
	KP.3.1.4					1											
	KP.3.3.1							1	4	5	3	1	1				
KP.3.3.3							8	16	9	3		1	3	1			
KP.3.2.3					3	2	1	1									
KP.3.2.1							1										
ML.1							1	1									
LW.1								1									
MC.1									2	1	2	5	1				
MC.10										1							
MC.10.1													5	1			
MC.10.2															1		
MC.10.2.1																1	
MC.11.1											1						
MC.16													1				
MC.17													1				
MC.21.1														1			
MC.39																1	
PB.1																1	

Lineage	採取年月	2024年												2025年			
		2月	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月	1月	2月	3月		
JN系統 (JN.1以外)	JN.10	2															
	JN.11	5	1	1													
	JN.14		1	1													
	JN.15					1											
	JN.19						1										
	JN.2	1															
	JN.5	1															
JN.7	3																
BA.2.86.3		10	6	1													
XDQ系統	XDQ	18	14	6	3												
	XDQ.1		13	13	9	2		1									
	XDQ.1.1				1												
XEC系統	XEC											3	5	6	24	15	
	XEC.2														6	2	
	XEC.2.1															2	
	XEC.4													1	4	1	
	XEC.8														1	1	
	XEC.20.1															1	
組換体 (XDQ、XEC 以外)	XDD.1	1															
	XDP		1														
	XDR	1															
	XDS	1															
	XDV.1					2	1			2							
	XDV.1.6									1							
	XDY										1			2			
	XEL													1			
	XEK													1	1		
	XEV															4	
BQ.1.25.1		1															
HW.1.1		1															
XBB.1.5系統	GK.1.1		1	2													
	GK.1.1.1		3														
	JD.1.1		2														
EG.5.1系統	EG.5.1.1					1	1	1									
	HK.3	6	4														
	HK.3.2.1	1															
	HK.3.2.2	1															
	HK.3.9	1															
	HV.1	1															
	JG.3		1														
JG.3.2	3	1															
JJ.1	1																

表1 新型コロナウイルスの系統別検出数の内訳

2023 年後半から徐々に検出割合が増加していた BA. 2. 86 系統と、その亜系統である JN. 1 系統については、2024 年 2 月に主流となったが、それ以降、徐々に検出割合が減少し、2024 年 5 月には他の系統に主流が置き換わった。

JN. 1 系統の亜系統である KP. 3 系統は、2024 年 4 月に初めて検出されて以降、その検出割合は増加し、6 月から 10 月まで主流となった。その後、検出割合は減少したが、一定の割合で検出が続いた。

KP. 3. 3 と KS. 1. 1 の組換体である XEC と、その子孫系統から成る XEC 系統は、2024 年 10 月に初めて検出

され、その後、徐々に検出割合が増加し、2025 年 2 月には主流となった。

その他の組換体では、BA. 2. 86. 1 系統と FL. 15. 1. 1 系統 (XBB. 1. 9. 1 の亜系統) の組換体である XDQ 系統が、2024 年 2 月に初めて検出され、その後、増加し、4、5 月は検出割合の上位に位置していた。

4 まとめ

各系統の検出割合の結果より、2023 年後半から主流となっていた BA. 2. 86 系統とその亜系統である

JN.1 系統が、KP 系統やそれに関連した組換体へ変異を続け、主流の移り変わりが起きていたことが確認された。これは、国立感染症研究所が公表している全国のゲノムサーベイランスによる系統別検出状況⁽²⁾⁽³⁾と同様の傾向を示していた。

2024 年度から月ごとの検体回収数を見直したため、1 件のみだった 2025 年 3 月を除いた中で、少ない月は 20 検体程度の解析数だったが、世界保健機関(WHO)が指定する、その時々 VOI(注目すべき変異株)、VUM(監視下の変異株)についてモニタリングできていた。

今後は、急性呼吸器感染症(ARI)が感染症発生動向調査へ追加されたことに伴い、そこで搬入された検体のうち、SARS-CoV-2 が陽性となった検体のみ全ゲノム解析を実施するため、検体数の更なる減少が予想されるが、全国の系統別検出状況と照らし合わせるなどして、新たな変異株についての動向把握に努めたい。

5 参考文献

- (1) N. Takamae, Jpn. J. Infect. Dis., 75, 411-414, (2022)
- (2) 国立感染症研究所：全国のゲノムサーベイランスによる系統別検出状況，新型コロナウイルスゲノムの PANGO Lineage 変遷(1 月単位) (2025 年 2 月 19 日現在)
- (3) 国立感染症研究所：全国のゲノムサーベイランスによる系統別検出状況，新型コロナウイルスゲノムの PANGO Lineage 変遷(1 月単位) (2025 年 4 月 16 日現在)

