

資料

鹿児島県における新型コロナウイルスの全ゲノム解析 (2022年1月～2023年3月)

Whole Genome Sequencing of SARS-CoV-2 in Kagoshima (January,2022-March,2023)

新川 奈緒美 園田 奈央 眞鍋 佳月¹
穂積 和佳 石谷 完二 山本 真実²

1 はじめに

新型コロナウイルス（以下「SARS-CoV-2」という。）を原因とする新型コロナウイルス感染症（以下「COVID-19」という。）は、国内では2020年1月¹⁾に、県内では同年3月にそれぞれ最初の感染者が確認されて以降、これまでに、8つの流行の波を繰り返してきた(図1)。COVID-19は、令和5年5月8日（第19週）から定点把握疾患に位置付けられたものの、同年7月現在（第29週）も新規感染者の増加が続いている。

SARS-CoV-2ゲノムは、全長29.9kbの一本鎖プラス鎖RNAウイルスであり、その変異速度は、2020年時点では、1年間で平均25.6箇所の変異、すなわち、2週間に約1か所が変異すると推定されている²⁾。

また、SARS-CoV-2のスパイクタンパク質は、ヒトの呼吸器等の細胞上に発現されているACE2受容体（アンジオテンシン変換酵素2）への結合や細胞への侵入を司

り³⁾、ウイルスの感染力を決定する上で重要な役割を担っている。なかでも、レセプター結合ドメイン（receptor binding domain : 328～533アミノ酸、以下「RBD」という。）は、ACE2受容体との直接接触を担っている³⁾。また、SARS-CoV-2の中和抗体は、主にRBDを標的にしていることから、RBDのアミノ酸の置換（以下「変異」という。）は、ワクチンや以前に獲得した抗体の効果に影響を及ぼす可能性があると言われている³⁾。

当センターでは、令和3年6月から次世代シーケンサー（Next-generation sequencer, 以下「NGS」という。）を用い、SARS-CoV-2の全ゲノム解析（Whole Genome Sequencing, 以下「WGS」という。）を開始し、週24件から48件を目処に実施した。2022年1月からは毎週48件から96件のWGSを実施した。

そこで、本報においては、当センターで実施したSARS-CoV-2のWGSのうち、2022年1月から2023年3月ま



図1 県内及び全国におけるCOVID-19の新規感染者数の推移

1 暮らし保健福祉部健康増進課

2 大島支庁徳之島事務所保健衛生環境課（徳之島保健所）

〒890-0064 鹿児島県鹿児島市鴨池新町10-1

〒891-7101 鹿児島県大島郡徳之島町亀津4943-2

での鹿児島県内における変異株の変遷について、解析したので報告する。

2 試料及び方法

2.1 試料

2022年第1週から2023年第12週(2022年1月3日から2023年3月26日)までに採取された検体(咽頭拭い液、唾液)で、ヌクレオカプシドタンパク質遺伝子領域をターゲットとしたPCR検査のCt値が30以下のものを選別した。さらに、スパイクタンパク質遺伝子領域(L452R, G339D, ins214EPE, E484A, L452Q)をターゲットとした変異株PCR検査のCt値32以下を目処に、地域、年齢、性別を勘案し網羅的に抽出した4608件を試料とした。

また、今回用いた流行波の期間は、全国の流行状況に基づき、第1波から第6波は大谷ら⁴⁾を引用し、第7波及び第8波は、大谷ら⁴⁾に従って定義した(表1)。

表1 用いた国内の流行波とその期間

流行波	期 間*
第1波	2020年第13週～2020年第20週
第2波	2020年第26週～2020年第39週
第3波	2020年第44週～2021年第 8週
第4波	2021年第 9週～2021年第24週
第5波	2021年第28週～2021年第38週
第6波	2021年第51週～2022年第24週
第7波	2022年第27週～2022年第40週
第8波	2022年第43週～2023年第 7週

* 開始週: 3週以上にわたって増加かつピークの10%以上又は2週連続で前週比1.5以上⁴⁾
 終了週: 3週以上にわたって減少かつピークの10%以下(次の波が始まる前まで)⁴⁾

2.2 全ゲノム解析

試料中のウイルスRNA抽出には、QIAamp Viral RNA mini Kit (QIAGEN) を用い、糸川らのゲノム解読プロトコル⁵⁾に従って実施した。すなわち、検体中のSARS-CoV-2のRNAを逆転写反応後、98領域のRT-Multiplex PCRによって得られた産物をAMPure XP (ベックマン・コールター)を用いて精製し、QIAseq FX DNA Library Kit (QIAGEN) を使用しライブラリ調整を実施した。NGSは、iSeq™100システム (Illumina) を使用した。得られた全長塩基配列は、国立感染症研究所のデータベース (COVID-19 Genomic Surveillance Network in Japan, COG-JP) を用い、Pango Lineage (Phylogenetic

assignment of named global outbreak lineages) による系統分類とアミノ酸変異箇所について解析を行った。

2.3 ネットワーク図

2022年第1週から2023年第12週に検体採取され、当センターでWGSを行った全塩基配列のうち、クオリティの高いデータが国立感染症研究所によりGISAIID (Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data, <https://gisaid.org/>) に登録された。

その中で、complete contig 3928配列のうちの3570配列について、PopArt version1.7を用い、Median-joining法により、検体採取4週単位でネットワーク図を作成した。

3 結果及び考察

3.1 B.1.617.2系統(デルタ)の解析結果

B.1.617.2系統(デルタ)は、県内では、2021年5月に初めて確認された後、第5波の主流となった。本研究期間では、2022年第9週(2月28日から3月6日)まで、計38件が検出された(表2, 図2)。検出された亜系統は、AY.29系統(36件)、AY.29.1系統(1件)、AY.110系統(1件)の3種類であった(表2, 図2, 図3)。

3.2 B.1.1.529系統(オミクロン)の解析結果

3.2.1 BA.1系統

2021年11月8日に南アフリカからWHOへ最初のオミクロン(B.1.1.529系統)の感染者が報告され、国立感染症研究所は、同年11月28日にオミクロンを懸念される変異株(Variants of Concern, 以下「VOC」という。)に指定した⁶⁾。国内においては、2021年12月6日時点で、海外で感染したと推定される3例のオミクロンの感染例が報告された⁶⁾。

県内では、2022年1月2日(2021年第52週)に採取された検体から、初めてオミクロン(BA.1系統)が確認された。BA.1系統全体では、2022年第1週から第22週(1月3日から6月5日)までに計712件検出された。2022年第2週(1月10日から1月16日)には、全体の90.6%を占め、デルタからBA.1系統(オミクロン)への置き換わりが顕著となった(表2, 図3)。

県内における新規感染者数は、2022年第3週(1月17日から1月23日)から増加し、第5週(1月31日から2月6日)には4238人に上り、ピークとなった。この第6波は2峰性を呈し(図1)、前期は、BA.1系統が主流系統となった。

BA.1系統全体の内訳は、BA.1系統324件(45.5%)、BA.1.1系統278件(39.0%)、BA.1.1.2系統106件(14.9%)、

表2 県内で検出されたSARS-CoV-2の系統①

検体採取年	2022													2023			計	
	月	1	1~2	2~3	3~4	4~5	5~6	6~7	7~8	8~9	9~10	10~11	11~12	12~1	1	1~2		2~3
	週	1~4	5~8	9~12	13~16	17~20	21~24	25~28	29~32	33~36	37~40	41~44	45~48	49~52	1~4	5~8		9~12
全国の流行波	第6波						第7波				第8波							
解析数 計	308	174	251	349	341	278	422	353	311	339	112	197	388	358	293	134	4608	
B.1.617.2 (Delta)	32 (10.4%)	5 (2.9%)	1 (0.4%)														38 (0.8%)	
AY.29	31	4	1														36	
AY.29.1	1																1	
AY.110		1															1	
B.1.1.529 (Omicron)	276 (89.6%)	169 (97.1%)	250 (99.6%)	349 (100.0%)	341 (100.0%)	278 (100.0%)	422 (100.0%)	353 (100.0%)	311 (100.0%)	339 (100.0%)	112 (100.0%)	197 (100.0%)	388 (100.0%)	358 (100.0%)	293 (100.0%)	134 (100.0%)	4570 (99.2%)	
BA.1系統	276 (89.6%)	169 (97.1%)	138 (55.0%)	100 (28.7%)	26 (7.6%)	3 (1.1%)											712 (15.5%)	
BA.1	248	75	1														324	
BA.1.1	6	94	137	33	8												278	
BA.1.1.1				4													4	
BA.1.1.2	22			63	18	3											106	
BA.2系統			112 (44.6%)	249 (71.3%)	315 (92.4%)	142 (51.1%)	108 (25.6%)	30 (8.5%)	4 (1.3%)		4 (3.6%)	26 (13.2%)	48 (12.4%)	68 (19.0%)	38 (13.0%)	18 (13.4%)	1277 (27.7%)	
BA.2			112	175	154	115*	38	8	3								603	
BA.2.3				49	88	49	3	1									190	
BA.2.3.1				6	27	15	1										49	
BA.2.3.2																		
BS.1.1													2	1			3	
BA.2.3.11							1										1	
BA.2.3.13							2										2	
BA.2.3.20												8	9	3			20	
CM.8																		
CM.8.1														5		1	6	
CM.12														2			2	
BA.2.10				5	9	14	1										29	
BA.2.10.1				14	17												31	
BA.2.10.2						1											1	
BA.2.12																		
BA.2.12.1						1	16	1	1								19	
BA.2.13								3									3	
BA.2.24					3	8	4	6									21	
BA.2.29					17	52	15	4									88	
BA.2.56						2	29	7									38	
BA.2.75																		
BA.2.75.1																		
BL.1													1				1	
BA.2.75.3																		
BM.1																		
BM.1.1																		
BM.1.1.1												1	1				2	
BM.4																		
BM.4.1																		
BM.4.1.1													6	1			7	
CH.1																		
CH.1.1													1	7	7	1	16	
BA.2.75.4																		
BR.2													9	25	8		42	
BA.2.75.5													1				1	
BN.1											4	17	18	2			41	
BN.1.1														2			2	
BN.1.1.1														1			1	
BN.1.2														9	14	12	35	
BN.1.3														8	8	3	19	
BN.1.3.2														2	1	1	4	
BA.4系統							1 (0.2%)	8 (2.3%)			1 (0.3%)						10 (0.2%)	
BA.4								3									3	
BA.4.1							1	4									5	
BA.4.6								1			1						2	

* 3件については、BA.2であるが、XMと同等の組換えあり(pangolin version: 4.0.6)

表3 県内で検出されたSARS-CoV-2の系統②

検体採取年	2022															2023			計
	月	1	1~2	2~3	3~4	4~5	5~6	6~7	7~8	8~9	9~10	10~11	11~12	12~1	1	1~2	2~3		
	週	1~4	5~8	9~12	13~16	17~20	21~24	25~28	29~32	33~36	37~40	41~44	45~48	49~52	1~4	5~8	9~12		
全国の流行波	第6波					第7波					第8波								
BA.5系統	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	18 (6.5%)	313 (74.2%)	315 (89.2%)	307 (88.7%)	337 (99.4%)	106 (94.6%)	185 (83.8%)	336 (86.6%)	284 (79.3%)	251 (85.7%)	108 (79.1%)	2538		
BA.5						4	1	1	1	1							7		
BA.5.1							6	9	8	3	5	3	3	5	7		49		
BA.5.1.2								3	8	3							14		
BA.5.1.5											1		6	1			8		
BA.5.1.10												1					1		
BA.5.1.27																	2		
BA.5.2							51	123	106	64	33	50	64	30	20	3	574		
BA.5.2.1						5	123	108	88	72	19	24	22	29	28	6	524		
BF.1							11	10	5	1							27		
BF.2									2		2	1	1				6		
BF.4								4	2	3							9		
BF.5								17	51	129	36	60	102	67	33	6	503		
BF.5.1													2	10	1	13			
BF.7											1	8	28	13	5	3	56		
BF.7.4																	0		
BF.7.4.1													16	12	8		36		
BF.7.6													5	3			8		
BF.7.14													4				4		
BF.7.15													11	8	11		30		
BF.8													1				1		
BF.11													5	1	1		7		
BF.11.5															1		1		
BF.13													1				1		
BF.14													2	1	16		19		
BF.21										1	1						2		
BF.22													1				1		
BF.25														1			1		
BF.27											1						1		
BF.28										1			1				2		
BA.5.2.2														1			1		
BA.5.2.3												8	20	10	15	2	53		
BA.5.2.7													2	5	3		10		
BA.5.2.9													1				1		
BA.5.2.12										4		3		1	1		9		
BA.5.2.18																	0		
CR.1													18	14	21		48		
BA.5.2.19													1				1		
BA.5.2.20										1	1						2		
BA.5.2.21																	0		
CN.1															1		1		
BA.5.2.24												6	4				10		
BA.5.2.26										1							1		
BA.5.2.28									2				1				3		
BA.5.2.32																1	1		
BA.5.2.33														1			1		
BA.5.2.43													6	5	3		14		
BA.5.3									1								1		
BA.5.3.1							23	23	17	15	1	2	2	2			85		
BE.1							4	3									7		
BE.1.1									4				2				6		
BE.1.1.1																	0		
BQ.1													1		2		3		
BQ.1.1											2	3	64	42	31	18	180		
BQ.1.1.4													2	1			3		
BQ.1.1.5													1				1		
BQ.1.1.13													2		1		3		
BQ.1.1.15													1	1			2		
BQ.1.1.17														4			4		
BQ.1.1.18													4	5	3		12		
BQ.1.1.31													1				1		
BQ.1.2													2	2	3		8		
BQ.1.15													1				1		
BQ.1.22														1	1		2		
BQ.1.25														1			1		
BE.4																	0		
BE.4.1													1				1		
BE.4.1.1																	0		
CG.2														2	5	2	9		
BA.5.5						8	94	14	15	7							139		
BA.5.5.1													1	1	15	8	25		
BA.5.9													1				1		
XBB系統	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (0.3%)	1 (0.8%)	1 (0.5%)	0 (0.0%)	2 (0.6%)	2 (0.7%)	9 (6.7%)	16		
XBB.1										1	1	1		2			5		
XBB.1.5															1	8	9		
XBB.1.9																	0		
XBB.1.9.1															1	1	2		
XBC系統	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (0.8%)	5 (2.5%)	4 (1.0%)	3 (0.8%)	2 (0.7%)	1 (0.7%)	16		
XBC											1						1		
XBC.1												5	4	3	2	1	15		
XBJ系統	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	1 (0.3%)	0 (0.0%)	0 (0.0%)	0		
XBJ														1			1		

* うち、1件については、BA.2が主であるが、一部BA.5(pangolin version: 4.1.1)。混合感染と考えられる。



図2 県内で実施した全ゲノム解析数 (n=4608)

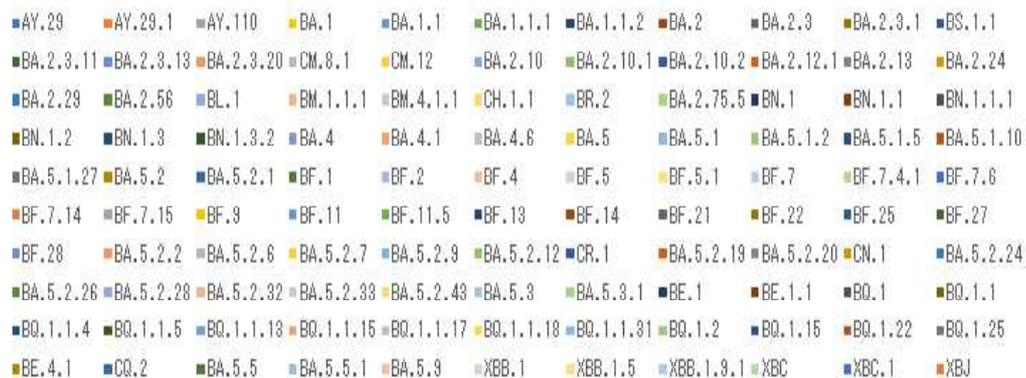
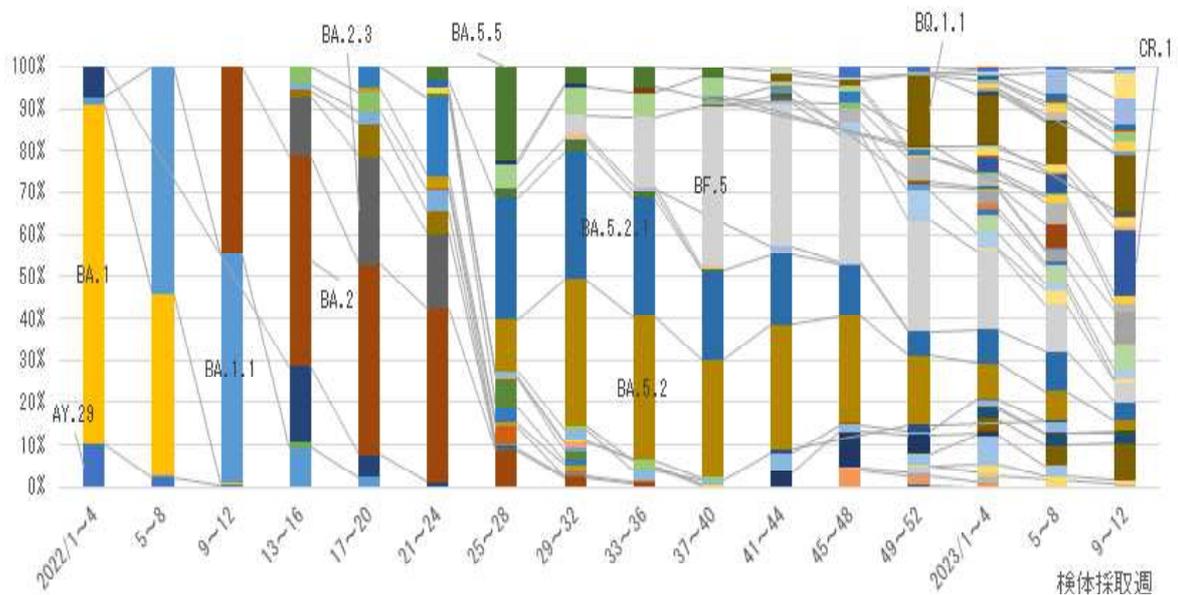


図3 県内で検出されたPango Lineageの変遷

BA.1.1.1系統4件 (0.6%) の4種類であったことから、県内における第6波前期の主流の亜系統は、BA.1系統とBA.1.1系統であったと推察された (図3)。

オミクロンは、スパイクタンパク質に30か所程度のアミノ酸の変異を有し、3か所の小欠損と1か所の挿入部位を持つ特徴がある⁶⁾。また、このうち半分の15か所程度の変異は、RBDに存在すると言われている⁶⁾。

県内で検出されたウイルスのスパイクタンパク質におけるアミノ酸の変異箇所は、G339D, S373P, S375F, K417N, N440K, S477N, T478K, E484A, Q493R, Q498R, N501Y, Y505H, D614G, H665Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, Q954H, N969Kのオミクロン共通の変異に加え、BA.1系統では、A67V, del69/70, del143/144, S371L, G446S, G496S, T547K, N856K, L981F (BA.1.1ではR346K) 変異も有していた (表4)。G446S変異は、中和抗体からの逃避につながる可能性があるとの報告があり⁷⁾、ワクチン接種や過去の非オミクロンの感染で得た免疫が成立せずに、再感染の可能性があることが示唆された。

3. 2. 2 BA.2系統 (オミクロン) の解析結果

(1) BA.2系統 (全般)

BA.2系統は、2021年第52週 (12月27日から2022年1月2日) に、国内で初めて検出された⁸⁾。県内では、2022年第9週 (2月28日から3月6日) に採取された検体から、初めてBA.2系統が確認され、第34週 (8月22日から8月28日) まで連続的に検出されたが、その後は検出されず、第42週 (10月17日から10月23日) から再び検出された。

検出されたBA.2系統 (全体) は、計1277件で、亜系統は29種類に上った。その内訳は、BA.2系統603件 (47.2%)、BA.2.3系統190件 (14.9%)、BA.2.29系統88件 (6.9%) の順に多かった。

BA.2系統全体が占める割合は、2022年第10週 (3月7日から3月13日) には52.8%、同年第18週 (5月2日から5月8日) には93.9%を占め、BA.1系統からの置き換わりが顕著となった。

県内における新規感染者数は、2022年第16週 (4月18日から4月24日) には、5206人に上り、第6波後期のピークとなった。第6波後期の主流系統は、その占める割合から、BA.2系統であったと推察された (表2, 図3)。

BA.2系統共通のスパイクタンパク質の変異箇所は、BA.1系統との共通の変異に加え、T19I, del25/26, V213G, S371F, T376A, D405N, R408Sが認められた (表4)。

2022年4月10日 (第14週) から1日当たりの本邦の入

国者数の上限が7000人から1万人に引き上げられる等、入国制限が大きく緩和された。結果、国内より1か月先行して検疫でのBA.1系統からBA.2系統への置き換わりが確認された⁹⁾。このことから、海外からのBA.2系統の流入が起点となり、国内でBA.2系統が感染拡大したと考えられた。そして、その後、一旦は検出されなくなったものの、結果的に長期にわたり、BA.2系統が検出されたことから、亜系統が多様化したと推察された。

(2) BA.2.12.1系統

国外では、BA.2系統の下位系統であるBA.2.12.1系統が、2022年3月中旬以降ニューヨーク州等の東海岸を中心に米国内で検出割合が上昇し始め、WHOが「懸念される変異株 (VOCにおける監視下の系統 VOC-LUM, Variants of Concern lineages under monitoring)」とした¹⁰⁾。

県内では、2022年第23週 (6月6日から6月12日) に採取された検体から初めてBA.2.12.1系統が検出され、計19件検出された (表2)。

BA.2.12.1系統はBA.2系統の変異に加え、スパイクタンパク質のL452QとS704Lの変異を有している (表4)。特に、L452Q変異はRBDの構造の変化に影響し、中和抗体の結合に関わるため、免疫逃避につながる可能性があることから、感染者数の増加が危惧された。しかし、BA.2.12.1系統に起因した県内の感染者数の増加は認められなかった。

(3) BA.2.75系統

BA.2.75系統は、2022年6月にインドで初めて報告され、WHOがVOCに指定したBA.2系統の亜系統である^{10), 11)}。

県内では、2022年第42週 (10月17日から10月23日) に採取された検体から、BA.2.75.5系統の亜系統であるBN.1系統が初めて検出され、BA.2.75系統は計171件検出された (表2)。

検出された亜系統の内訳は、BA.2.75.5系統が103件、BA.2.75.4系統が42件、BA.2.75.3系統が25件、BA.2.75.1系統が1件検出された。そのうち、BA.2.75.4系統の亜系統のBR.2系統 (42件)、BA.2.75.5系統の亜系統であるBN.1系統 (41件) とBN.1.2系統 (35件) が多く検出された (表2)。

BA.2.75系統のスパイクタンパク質におけるアミノ酸の変異箇所は、BA.2系統と比較すると、K147E, W152R, F157L, I210V, G257S, G339H, G446S, N460Kの各変異を有していたが、BA.1系統、BA.2系統で見られたQ493R変異は有していなかった (表4)。G446S

表4 県内で検出されたSARS-CoV-2のスパイクタンパク質におけるアミノ酸変異箇所の例（挿入を除く）

系統	系統名	系統									XBB			XBC
		B.1.617.2	BA.1	BA.2	BA.2.12.1	BA.2.75	BA.4	BA.5			XBB.1	XBB.1.5	XBB.1.9.1	XBC.1
		AY.20	BA.1.1	BA.2	BA.2.12.1	BR.2	BA.4.6	BA.5.2.1	BF.7	BQ.1.1	XBB.1	XBB.1.5	XBB.1.9.1	XBC.1
検体採取日	2022/3/2	2022/3/6	2022/4/1	2022/7/1	2023/1/14	2022/8/1	2022/9/5	2023/3/1	2023/2/27	2023/1/5	2023/3/21	2023/2/22	2022/11/24	
変異	S:V3													
	S:L6										F			
	S:T19	R		I	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I
	S:F26			S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
	S:A27		Y											
	S:A67													
	S:V83										A	A	A	S
	S:T95	I	I											
	S:G142	D		D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D
	S:Y145		D											
	S:H146											Q	Q	Q
	S:K147						E							
	S:V152						R							
	S:F167						L							
	S:R158	G												G
	S:Q183											E	E	E
	S:Q183													
	S:F209													L
	S:I210						V							S
	S:L212		I											
	S:V213			G	G	G	G	G	G	G	E	E	E	H
	S:D215													V
	S:A222										V	V	V	L
	S:G252													
	S:S256						S							
	S:G257													
	S:G339		D	D	D	H	D	D	D	D	D	H	H	H
	S:R340		K			I	I	I	I	I	I	I	I	I
	S:S371		L	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F
	S:S372		P	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F
	S:S375		F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F
	S:I378			A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
	S:R403											K		
	S:D405			N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N
	S:R408			S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
	S:K417		N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N
	S:N440		K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K
	S:K444										I			
	S:Y445										F	P	P	P
	S:G446		S			S					S	S	S	S
	S:L452	K				Q	K	K	K	K	K	K	K	K
	S:N460						K				R	K	K	K
	S:R477		N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N
	S:I478	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K
	S:E484		A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
	S:F486					I	V	V	V	V	V	S	P	P
	S:F490										S	S	S	S
	S:Q493		R	R	R									
	S:G496		S											
	S:Q498		R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
S:N501		Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	
S:Y505		H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	
S:T547		K												
S:D614	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	
S:H655		Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	
S:N658														
S:N679		K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	
S:P681	R	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	
S:N703													I	
S:S704		L												
S:N764		K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	
S:D796		Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	Y	
S:A852										V				
S:N856		K												
S:D850		N												
S:Q854		H		H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	
S:N869		F	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	
S:L881		F												
S:I1221			T											
欠失	S:E156-		S:H69-	S:P25-	S:P25-	S:L24-	S:L24-	S:L24-	S:L24-	S:L24-	S:L24-	S:L24-	S:L24-	S:V144-
	S:F157-		S:V70-	S:P26-	S:P26-	S:P25-	S:P25-	S:P25-	S:P25-	S:P25-	S:P25-	S:P25-	S:P25-	S:E166-
			S:G142-			S:P26-	S:P26-	S:P26-	S:P26-	S:P26-	S:P26-	S:P26-	S:P26-	S:F157-
			S:V143-			S:H69-	S:H69-	S:H69-	S:H69-	S:H69-	S:H69-	S:H69-	S:H69-	S:L242-
			S:V144-			S:V70-	S:V70-	S:V70-	S:V70-	S:V70-	S:V70-	S:V70-	S:V70-	S:A243-

変異はBA.1系統と共通する変異であり、中和抗体からの逃避のリスクがあることから、BA.2.75系統では、再感染やワクチン接種をしても感染する可能性があることが示唆された。

3. 2. 3 BA.4系統（オミクロン）の解析結果

BA.4系統は、2022年1月に南アフリカで検出され、WHOはBA.4系統、後にBA.4.6系統を「Omicron subvariants under monitoring」に指定した¹²⁾。

県内では、2022年第28週（7月11日から7月17日）に採取された検体から初めて確認され、同年第37週（9月12日から9月18日）までに10件検出された。BA.4系統の亜系統は、BA.4系統、BA.4.1系統、BA.4.6系統の3種類であった。

BA.2系統とは異なり、検出されたBA.4系統は10件とも、スパイクタンパク質にH69/V70の欠失、L452R、F486V変異を有していた（表4）。また、BA.4.6系統は、2件のみの検出であったが、スパイクタンパク質にR346T変異を有していたことから、RBDの構造の変化により、中

和抗体からの逃避が懸念されたが、感染者増加の大きな要因とはならなかった。

3. 2. 4 BA.5系統（オミクロン）の解析結果

BA.5系統は、2022年2月に南アフリカ共和国で初めて確認され、2022年第17週（4月25日～5月1日）に日本から初めてGISAIDに登録された¹³⁾。国内では2022年6月以降、BA.2系統からBA.5系統への置き換わりが進行した。

県内では、2022年第23週（6月6日から6月12日）に採取された検体から初めて検出され、計2538件検出された。同年第27週（7月4日から7月10日）にはBA.5系統の占める割合が全体の83.3%、第35週（8月29日から9月4日）には100%となり、BA.2系統から置き換わりが顕著となった（表3、図3）。

県内における新規感染者数は、2022年第33週（8月15日から8月21日）には、29525人とこれまでの最多を記録し（図1）、第7波のピークとなった。同週にBA.5系統が94.0%を占め、BA.5.2系統とBA.5.2.1系統で62%を占めた。

第7波の流行の主流となった亜系統は、7月前半はBA.5.2系統とBA.5.2.1系統であったが、2022年第38週（9月19日から9月25日）には、BA.5.2.1系統の下位系統であるBF.5系統が増加した。その後も2023年第10週（3月6日から3月12日）まで、BA.5系統が80%以上を占めた。

しかし、2023年第11週（3月13日から3月19日）以降は、徐々にBA.5系統の割合は減少に転じた。

結果的に、BA.5系統は、2022年26週から第39週（6月13日から10月23日）までに解析された1284件中1180件（91.9%）を占めた（表2, 図3）。最多の亜系統は、BA.5.2系統の574件（12.5%）で、BA.5.2.1系統の524件（11.4%）、BF.5系統の503件（10.9%）の順に多かった（表3）。

BA.5系統もBA.4系統と同様に、BA.2系統と異なり、スパイクタンパク質にH69/V70の欠失、L452R、F486V変異を有していた（表4）。

県内で検出されたBA.5系統の2530件（99.7%）は、L452R変異を有していたが、2022年の第33週（8月15日から8月21日）に採取されたBA.5.3.1系統（1件）は、L452の変異は認められなかった。2022年第46週から第50週（11月14日から12月18日）までに採取された7件（BA.5.2系統が5件、BF.5系統が2件）はL452Q変異を有していた。また、BA.5系統のうち、F486V変異のない株1件（BQ.1.1系統）も検出された。

BQ.1系統は、BA.5.3系統の亜系統であり、県内では、BQ.1.1系統が2022年第43週（11月24日から11月30日）に採取された検体から初めて検出された。BQ.1系統は計201件検出され、同年第50週（12月12日から12月18日）以降、検出割合が上昇した。

同時に、新規感染者数も増加し、第8波が顕在化した。BQ.1系統は、R346T、K444T、N460K変異を有している（表4）ことから、RBDの構造の変化により、中和抗体からの逃避の影響があったことが、感染者の増加の一要因として推察された。

BQ.1系統の亜系統は、BQ.1.1、BQ.1.1.4、BQ.1.1.5、BQ.1.1.13、BQ.1.1.15、BQ.1.1.17、BQ.1.1.18、BQ.1.1.31、BQ.1.2、BQ.1.15、BQ.1.22、BQ.1.25系統の12種類あり、そのうち、BQ.1.1系統が160件（79.6%）と最多であった（表3）。

2022年第48週（11月28日から12月4日）には、亜系統の種類が、BA.2系統全体では3種類、BA.5系統全体では8種類であったが、2023年第2週（1月9日から1月15日）には、BA.2系統では9種類、BA.5系統では25種類と多様な亜系統が検出され（表2, 表3, 図3）、第8波においては、オミクロンの中で特定の亜系統が優位となる傾向は認められなかった（図3）。

3. 2. 5 組換え体の解析

(1) XBB系統（オミクロン）

XBB系統は、BJ.1系統（BA.2.10系統の亜系統）とBM.1.1.1系統（BA.2.75.3系統の亜系統）のスパイクタンパク質のS1領域での組換え体であり、2022年8月にインドで検出された¹⁴⁾。

XBB系統は、県内では2022年第40週（10月3日から10月9日）に初めて確認され、計16件検出された。亜系統は、XBB.1系統が5件、XBB.1.5系統が9件、XBB.1.9.1系統が2件で、XBB系統は、全体の0.3%であった（表3）。

XBB系統は、スパイクタンパク質のRBDのR346T、N460K、F486Sなどのアミノ酸変異を有しており（表4）、中和抗体からの逃避能が上昇する可能性が示唆された。県内で検出されたXBB系統は、16件すべてR346TとN460K変異が認められたが、F486Sについては、XBB.1系統の5件のみで、XBB.1.5系統とXBB.1.9.1系統の11件は、全てF486P変異を有していた。

(2) その他の組換えの系統（オミクロン）

BA.2系統とB.1.617.2系統（デルタ）の組換え体であるXBC系統は、2022年第40週（10月3日から10月9日）に初めて県内で検出され、計16件（0.3%）検出された。内訳は、XBC（1件）、XBC.1（15件）であった。スパイクタンパク質のアミノ酸変異箇所は、全てF486P変異を有していた。加えて、XBC.1系統はL452M変異を有していた（表4）。

XBJ系統は、BA.2.3.20系統とBA.5.2系統の組換え体であり、2023年第1週（1月2日から1月8日）に1件のみ検出された。

県内で、2022年第21週から第23週（5月23日から6月12日）に、BA.1系統とBA.2系統の組換え体と考えられる検体が3件検出された（表2）。これは、breakpoint（21618）から、スパイクタンパク質は主にBA.2系統を示し、XM（BA.1系統とBA.2系統の組換え体の1種）と同等の組換え体であると推察された。

また、同年第30週（7月25日から7月31日）には、BA.2系統とBA.5系統のスパイクタンパク質の特徴を併せ持つ株が検出された（表3）。これは、スパイクタンパク質のアミノ酸変異の状況から、BA.2系統とBA.5系統の混合感染と考えられた。

3. 3 ネットワーク図

2022年第1週から2023年第12週（2022年1月3日から2023年3月26日）に検体が採取され、complete contigの塩基配列について、4週単位でネットワーク図を作成し、そ

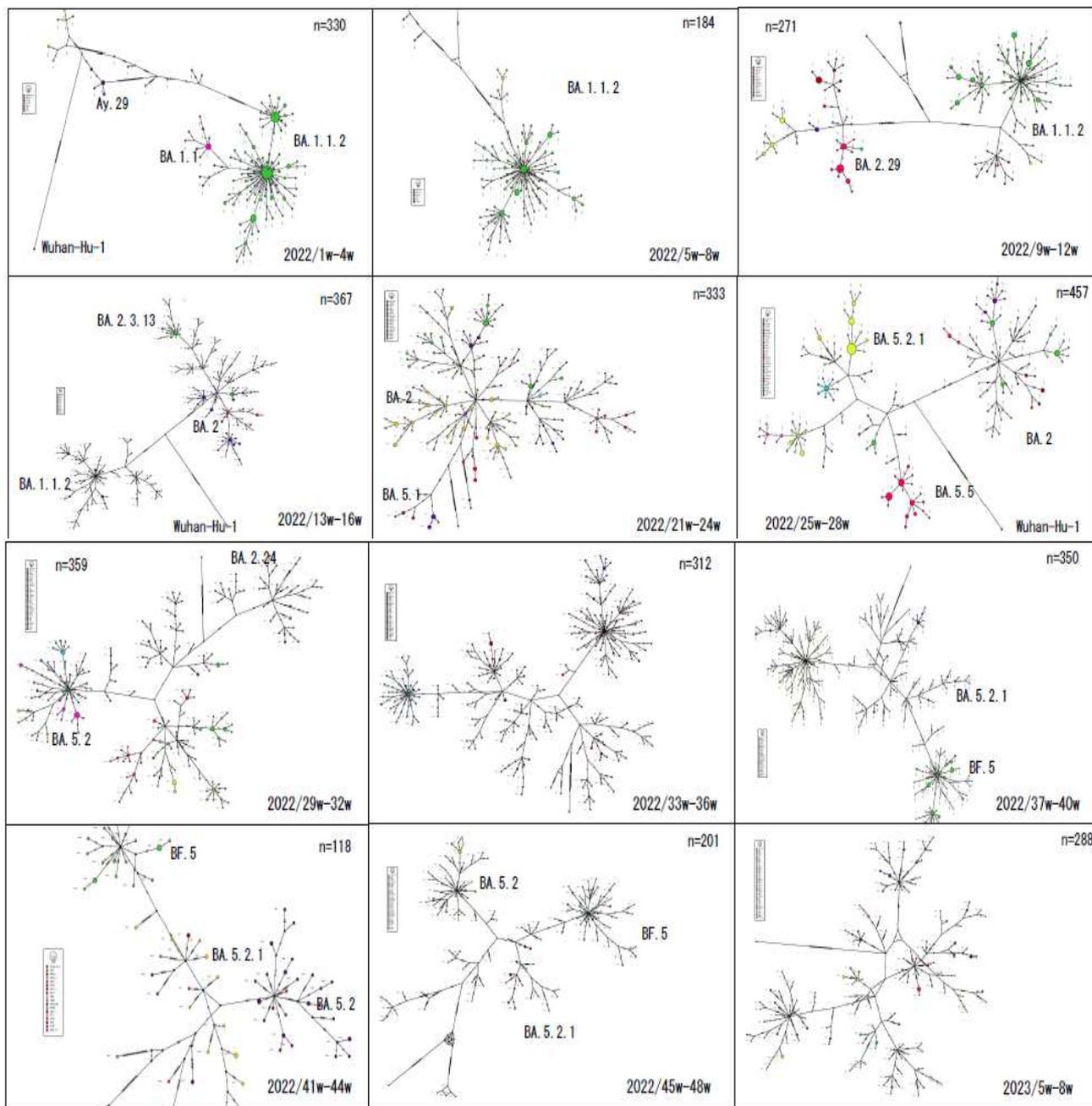


図4 県内で検出されたSARS-CoV-2のネットワーク図（検体採取4週単位）

の一部（n=3570）を図4に示した（REF：Wuhan-Hu-1：GenBank_ID MN908947, 2019/12/26）。

2022年第1週から第4週（1月3日から1月30日）では、BA.1系統が武漢株やデルタから遠ざかるように進化しており、BA.1.1.2系統の大きなnode（丸）が2つ（n=51, n=30）が認められたことから、感染リンクのある共通のウイルスの存在が示唆された。この2つのnode間は2塩基変異（single nucleotide variants, 以下「SNVs」という。）があった。SARS-CoV-2の変異速度を適用すると、この2つのnode間は約1か月を経て、感染が拡大したことが推察された。

2022年第9週から第12週（2月28日から3月27日）の1か月は、新たに、BA.2系統が出現し、BA.1.1系統やBA.1.1.2系統とは、かなり離れていること（43SNVs）が認められた。一番大きいnode（n=20）は、BA.2.29系統であった。

2022年第13週から第16週（3月28日から4月24日）には、BA.1.1系統とBA.1.1.2系統は残っていたものの、BA.2系統が多様な様相を示した。ウイルスを10件以上を含むnodeがBA.2.3.13系統、BA.2.5系統、BA.2系統（2つ）に認められ（それぞれn=15, n=15, n=11, n=10）、それぞれ感染リンクのある共通ウイルスの存在が示唆された。

表5 県内で検出されたSARS-CoV-2のスパイクタンパク質におけるアミノ酸変異の推移

100%変異 変異なし

検体採取年		2022												2023				
週		1~4	5~8	9~12	13~16	17~20	21~24	25~28	29~32	33~36	37~40	41~44	45~48	49~52	1~4	5~8	9~12	
全国の流行波		第6波						第7波						第8波				
新規感染者数(人)		8933	14722	10819	19011	18183	11241	20830	83389	88198	20135	7895	13130	45222	57843	11425	3755	
標準株	変異																	
RBD (328-533アミノ酸)	S:C338	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:P337	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:E340	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	1%	0%	0%	0%	
	S:T345	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:R346	83%	87%	55%	28%	8%	1%	0%	0%	0%	1%	7%	18%	43%	54%	54%	72%	
	S:K356	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:I358	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:C381	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:Y385	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:Y389	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:S371	90%	97%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	98%	98%	97%	97%	84%	
	S:E406	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:O409	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:K417	80%	97%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	93%	99%	98%	98%	95%	
	S:N439	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:N440	90%	97%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	
	S:S443	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:K444	T,R,M,N	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	9%	23%	23%	21%	26%
	S:V445	P,A,S	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	2%	1%	1%	2%	3%	9%
	S:G446	S,D,A,V	80%	97%	55%	27%	8%	1%	0%	0%	0%	0%	5%	12%	11%	21%	18%	24%
	S:G447		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:N448		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:Y449		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:N450	D	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	4%	3%	4%	11%	8%
	S:L452	L, M	100%				1%	13%	85%	85%	98%	100%	95%	90%	95%	93%	91%	81%
	S:Y453	F	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:L455	S, F	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:F456		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:N480	K	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	8%	18%	30%	38%	31%	43%
	S:P483		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:I472		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:A475		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:G476	S	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	
	S:C480		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:E484	A,R,V	90%	97%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
	S:G485	D	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:P486	V,I,S,P	0%	0%	0%	0%	0%	6%	74%	92%	93%	100%	96%	87%	93%	91%	92%	88%
	S:N487		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:Y489		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:O493	R,E,P	90%	97%	100%	100%	100%	94%	26%	8%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:S484	P	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	1%	0%	
	S:P499		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	S:P507		0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
	解析数	4808	308	174	251	349	341	278	422	353	311	339	112	197	388	358	293	134

2022年第21週から第24週(5月23日から6月19日)には、新たにBA.5系統が出現したが、依然としてBA.2系統が広がっていた。BA.5系統は、BA.2系統からは15SNVs以上を有していた。10件以上のウイルスを含むnodeは、BA.2.29系統の1つ(n=13)のみであった。

2022年第25週から第28週(6月20日から7月17日)には、BA.5.2.1系統の大きなnode(n=38)があり、クラスターの存在が示唆された。そのnodeから1SNVのnodeが2つ伸びており、感染リンクのある共通のウイルスが拡大したことが示唆された。また、BA.5.5系統で10件以上を含むnodeが3つ(n=17, n=16, n=10)認められた。

2022年第29週から第32週(7月18日から8月14日)には、BA.5.2系統で15件を含むnodeが認められた。第37週から第40週(9月12日から10月9日)には、BF.5系統でnode(n=10, n=13)が2つ認められた。その後のネットワーク図上では、感染リンクが共通であると示唆される比較的大きなnodeは認められなかった。

県内では、第6波以降の感染者の増加により、保健所

の業務重点化が行われた。県内の中核市では、感染者の行動歴の調査期間を14日間から2日間へ見直し、感染経路の特定よりも、検査が必要な接触者を洗い出すことに重点を置くため、2022年1月17日(第3週)を最後にクラスターの公表が行われなかった。一方、県では、同年7月23日(第29週)の公表を最後に、クラスターの報道発表が行われなかった。さらに、医療機関や保健所の業務負担を軽減するため、同年9月20日(第38週)から、新型コロナウイルス感染者の発生届の対象を重症化リスクが高い高齢者等に限定する全数把握の簡略化が開始された。このような状況から、当センターでは、疫学情報を十分に収集できず、ネットワーク図からクラスター等の感染リンクの推定に困難を来した。

3. 4 主なアミノ酸変異の推移

検体採取4週単位のスパイクタンパク質のアミノ酸変異部位を示す(表5)。4608検体の集計では、スパイクタンパク質のアミノ酸R346, S371, K417, N440, K444,

V445, G446, N450, L452, N460, G476, E484, F486, Q493, S494等の変異が多く認められ、アミノ酸変異を保有するウイルスの割合から、RBDの共通部位に集中する傾向が認められた(表5)。

R346のアミノ酸変異は、中和抗体からの免疫逃避が起こる可能性が示唆されている。また、抗体治療薬のシルガビマブの効果に影響がある可能性があると言われている¹⁵⁾。県内で検出されたウイルスでは、R346T, R346K, R346I, R346S変異があり、2022年第5週から第8週(1月31日から2月27日)に97%のウイルスでアミノ酸変異が認められ、その後、アミノ酸変異を有するウイルスは消失し、再び同年45週から徐々に増加した(表5)。これは、R346のアミノ酸変異は、BA.1系統、BA.2.75系統、BA.4.6系統、BA.5.2系統、BQ.1.1系統、BE.4.1系統、BA.5.9系統、XBB系統が有していることから、R346アミノ酸変異を有する割合の増加は、これらの系統の感染拡大に起因していると推察された。

S371のアミノ酸変異は、抗体治療薬のソトロビマブの効果に影響がある可能性があると言われている¹⁵⁾。県内で検出されたウイルスでは、S371FとS371L変異があり、本研究期間を通じて、84~100%のウイルスで確認された(表5)。

K417のアミノ酸変異は、ACE2への結合能に影響する可能性がある³⁾。また、抗体治療薬のカシリビマブの効果に影響がある可能性があると言われている¹⁵⁾。県内で検出されたウイルスでは、K417N変異があり、本研究期間を通じて、90~100%のウイルスで確認された(表5)。

G446のアミノ酸変異は、中和抗体からの逃避につながる可能性があるとの報告がある⁷⁾。また、抗体治療薬のイムデビマブとシルガビマブの効果に影響がある可能性があると言われている¹⁵⁾。県内で検出されたウイルスでは、G446S, G446D, G446A, G446V変異があり、2022年第1週から8週(1月3日から2月27日)までは、90~97%のウイルスでアミノ酸変異が認められたが、その後アミノ酸変異のあるウイルスは消失し、第41週(10月10日から10月16日)から再び増加した(表5)。G446アミノ酸変異を有するウイルスの割合に変動があることから、G446変異は、これらの系統による免疫逃避が感染者数の増加の一要因と考えられた。

L452のアミノ酸変異は、中和抗体の結合に影響し、免疫逃避の可能性が示唆されている¹⁰⁾。県内で検出されたウイルスでは、L452R, L452M変異を有していた。アミノ酸変異が認められたウイルスは、2022年第1週から第24週(1月3日から6月19日)は0~13%であったが、同年第25週(6月20日から6月26日)からその割合が85%に

急増し、2023年第8週(2月21日から2月26日)まで91~100%のウイルスで変異が認められた(表5)。L452変異は、デルタ、BA.4系統、BA.5系統が有していることから、L452アミノ酸変異の増加は、これらの系統の感染拡大に起因したと推察された。L452R変異は、デルタ及びオミクロンの変異株PCR検査に応用された。

E484は、RBDがACE2受容体に結合するための重要な位置にあり¹⁶⁾、中和抗体からの逃避につながる可能性があるとの報告がある³⁾。また、抗体治療薬のカシリビマブの効果に影響がある可能性があると言われている¹⁵⁾。県内で検出されたウイルスでは、E484A, E484R, E484V変異があり、本研究期間を通じて、90~100%のウイルスでアミノ酸変異が認められた(表5)。

Q493のアミノ酸変異は、抗体治療薬のカシリビマブの効果に影響がある可能性があると言われている¹⁵⁾。県内で検出されたウイルスでは、Q493R, Q493E, Q493P変異があり、2022年第1週から第24週(1月3日から6月19日)までは90~100%のウイルスでアミノ酸変異が認められたが、その後は徐々に同変異のあるウイルスの割合が減少し、同年37週以降は同変異を有するウイルスは認められなかった(表5)。これは、Q493のアミノ酸変異は、BA.1系統(BA.1.1, BA.1.1.1, BA1.1.2系統)、BA.2系統(BA.2, BA.2.3, BA.2.3.1, BA.2.3.11, BA.2.3.13, BA2.10.1, BA.2.12.1, BA.2.13, BA.2.24, BA.2.29, BA.2.56系統)が有していることから、Q493アミノ酸変異の増加と消失は、これらの系統の感染拡大と収束に起因したものと推察された。

このことから、WGSにより、SARS-CoV-2のアミノ酸変異の状況を把握することは、患者に対する治療効果を見極める上でも有用であると考えられた。

4 まとめ

2022年第1週から2023年第12週(2022年1月3日から2023年3月26日)に採取された4608件について、当センターにおいてSARS-CoV-2のWGSを実施し、得られた系統について解析した。

その結果、第5波の主流であったB.1.1.617.2(デルタ)のAY.29等は、2022年第9週(2月28日から3月6日)まで検出された。

そして、県内においては、2022年第2週(1月10日から1月16日)にBA.1系統の占める割合が90.6%となった。同年第5週(1月31日から2月6日)には、新規感染者数が4224人に上り、第6波前期のピークとなった。流行の主流系統は、BA.1系統とBA.1.1系統であった。

その後、2022年第18週(5月2日から5月8日)には、BA.2

系統の検出される割合が93.9%を占め、BA.2系統への置き換わりが認められた。2022年第16週（4月18日から4月24日）の新規感染者数は、5206人に上り、第6波後期のピークとなった。第6波後期の主流は、BA.2系統であった。

さらに、2022年第35週（8月29日から9月4日）にはBA.5系統の占める割合が100%となり、BA.2系統から置き換わり、主系統となった。同年第33週（8月15日から8月21日）には、県内における新規感染者数が、過去最多の29525人に上り、第7波のピークとなった。第7波の初期の亜系統は、BA.5.2系統とBA.5.2.1系統であったが、2022年第38週（9月19日から9月25日）にはBA.5.2.1系統の下位系統であるBF.5系統が主流となった。

2022年第48週（11月28日から12月4日）には、BA.5系統が占める割合が71.7%と減少し、逆にBA.2系統が23.9%とBA.2系統の割合が上昇した。その後、新規感染者数も増加し始め、2023年第1週（1月2日から1月8日）には、県内では過去2番目に多い22424人に上り、第8波のピークとなった。

2023年第2週（1月9日から1月15日）には、BA.2系統（9種類）、BA.5系統（25種類）が多岐にわたり検出された（表2、図3）が、第8波において、オミクロンの中で特定の亜系統が優位となる傾向は認められなかった。

亜系統が有するスパイクタンパク質におけるアミノ酸変異はR346, K444, V445, G446, N450, F486等、RBDの共通の部位に集中する傾向が認められ、収斂進化が起きているとも言われた¹²⁾。特に、第8波に入り、スパイクタンパク質のRBDのR346変異を有するウイルスの割合が上昇したことも、流行拡大の一要因と考えられた。

今回、疫学情報の収集が十分に得られず、ネットワーク図を用いた感染リスクの推定が困難であった。感染リスクの推定には、疫学情報が必要であることから、今後、疫学情報の収集のあり方について検討していきたい。

また、2023年第10週（3月6日から3月12日）以降、XBB系統が増加してきており、今後の感染者の増加にXBB系統がどのように起因していくのか推移を注視したい。

本報では、SARS-CoV-2が様々な変異を獲得しながら、流行波を発生させた過程が確認できた。SARS-CoV-2は、今後もワクチン接種や抗体治療薬等の選択圧をかわしながら、新たな変異や耐性を有する系統を出現させると推測される。

このことから、鹿児島県内におけるSARS-CoV-2の流行状況の把握と新たな系統や変異株の動向を監視するため、今後もゲノムサーベイランスを実施していくことが重要である。

参考文献

- 1) Tsuyoshi Sekizuka, Kentaro Itokawa *et al.*: A Genome Epidemiological Study of SARS-CoV-2 Introduction into Japan, *mSphere*, **5**, 1~10 (2020)
- 2) 黒田誠; SARS-CoV-2ゲノミクスとサーベイランスへの応用, *ウイルス*, **70**, 147~154 (2020)
- 3) 増田道明; 新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) の変異, *モダンメディア*, **67**, 413~420 (2021)
- 4) 国立感染症研究所; 病原微生物検出情報, **43**, 273~275 (2022)
- 5) 糸川健太郎, 関塚剛史, 他; 新型コロナウイルスゲノム解読プロトコル (2022)
- 6) 国立感染症研究所; SARS-CoV-2の変異株B.1.1.529系統 (オミクロン) について (第3報) (2022)
- 7) 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19報) (2022)
- 8) 国立感染症研究所; SARS-CoV-2の変異株B.1.1.529系統 (オミクロン株) について (第8報) (2022)
- 9) 高橋健一郎, 野尻直未, 他; 検疫検体のSARS-CoV-2ゲノムサーベイランスの実際と役割, *病原微生物検出情報*, **44**, 101~102 (2023)
- 10) 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18報) (2022)
- 11) WHO; Tracking SARS-CoV-2 variants.
<https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants> (2023/5/17, 2023/6/16, 2023/7/18アクセス)
- 12) 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22報) (2022)
- 13) 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21報) (2022)
- 14) 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24報) (2023)
- 15) 国立感染症研究所; 新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) に対する治療薬の効果に影響を及ぼす可能性があるウイルスゲノム変異によるアミノ酸置換株について (第4報) (2023)
- 16) 一般財団法人 日本公衆衛生協会; 新型コロナウイルス感染症対応記録, 50~57 (2023)