

鳥取県内の新型コロナウイルス変異株のスクリーニング検査及びゲノム解析結果について（第2報）

【保健衛生室】

増川正敏、音田李帆、泉ありさ、高野史嗣、上田豊、渡邊知美、林原健吉*1、最首信和

要旨

鳥取県衛生環境研究所は県内の新型コロナウイルス変異株の動向把握等のため変異株スクリーニング検査及び全ゲノム解析を実施している。スクリーニング検査を2023年度に実施した結果、2023年半ばに第8波から第9波への移り変わりに伴ってBA.5系統からBA.2系統への移行が確認された。ゲノム解析では2023年以降はBA.5系統、BN.1系統、XBB系統、BA.2.86系統（JN.1系統を含む）といった主流の変異株の流行が見られた。

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スクリーニング検査及び全ゲノム解析を実施している。このたび2023年度に当所が実施した変異株スクリーニング検査及び全ゲノム解析の結果をまとめたので報告する。

2 材料及び方法

2.1 変異株スクリーニング検査

材料及び方法は既報⁽¹⁾のとおり。今回は2023年5月以降の3,063件を対象とし、L452R変異の検出を行った。対象とした詳細な検体情報を表1に示す。

2.2 全ゲノム解析

材料及び方法は既報⁽¹⁾のとおり。2023年と2024年（2月まで）は3,811検体を対象に実施した。

3. 結果

3.1 変異株スクリーニング

前報でL452R変異のスクリーニング検査は2022年10月下旬頃からオミクロン株BA.2系統疑いのL452R変異陰性株が徐々に増加したことを報告した⁽¹⁾。そ

の後もBA.2系統疑いのL452R変異陰性株は割合を増やし、2023年5月末には90%を超え、優勢な状況が続いた。

オミクロン株以降、ウイルス蛋白質の変異箇所が多くなっており、それに従い系統が細分化され、1カ所（あるいは数カ所）の変異を確認するスクリーニング検査では詳細な系統の推定が困難になったことや、変異株の流行状況調査がゲノム解析に移行したこと、新型コロナウイルス感染症の5類感染症への移行等もあり、2023年8月に変異株スクリーニング検査は終了した。（図1参照）

3.2 全ゲノム解析

2022年後半に主流となったオミクロン株BA.5系統は2023年1月まで主流だった。以降も7月までは検出割合の上位に現れている。

2月と3月はBN.1系統（BA.2亜系統）が多くなり、4月はBF.7.15（BA.5亜系統）とXBB系統（BA.2亜系統、BJ.1系統とBM.1.1.1系統の組換え体）が同率で最多となった。XBB系統は2023年2月から徐々に増えていき、5月以降は大半を占め、2024年1月まで続いた。

JN.1系統を含むBA.2.86系統は2023年10月から徐々に割合を増やしていき、2024年2月には主流となった。（表2、図2参照）

この結果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⁾と同様の傾向を示していた。

表1 スクリーニング検査の対象とした検体情報

検出対象変異	検出目的とした系統	検体のPCR検査陽性判明時期	検体数
L452R	BA.5系統及びBA.2系統 （オミクロン株亜系統）	2023年5月（18週）～ 2023年8月（35週）	3,063件

*1 現 鳥取県食肉衛生検査所

検体数：3,063 件

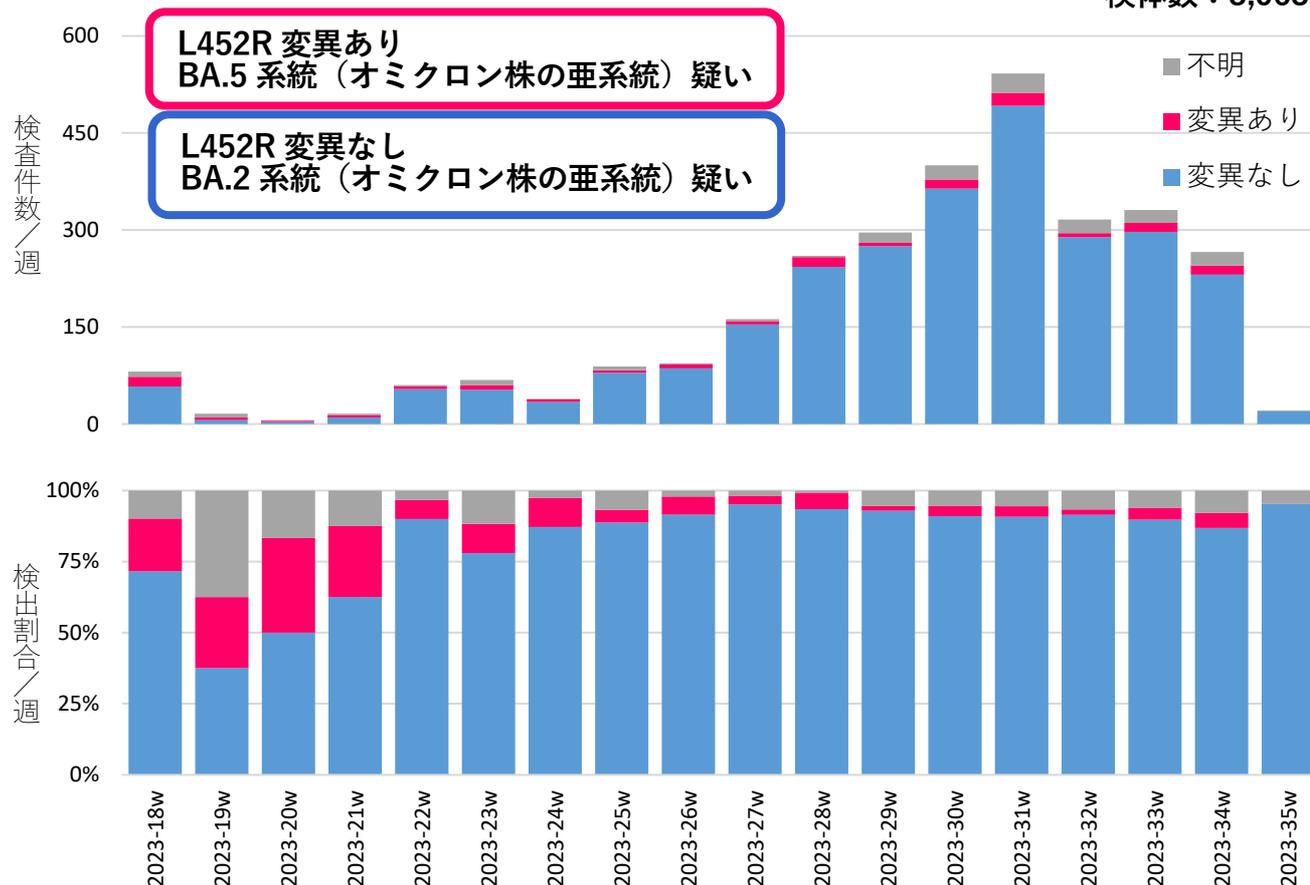


図1 L452R 変異のスクリーニング検査結果 (検出数の推移及び検出割合) (2023 年度)

表2 全ゲノム解析の検体数と検出割合 2023 年 1 月 (1 週) ~2024 年 2 月 (8 週)

	検体数	1位	2位	3位	4位	5位
2023年1月 (1~5週)	196	BA.5*(28.1%)	BN.1*(19.9%)	BQ*(15.3%)	BA.5.2.1(13.3%)	BF.5(13.3%)
2月 (5~9週)	116	BN.1*(30.2%)	BA.5*(26.7%)	BQ*(12.9%)	BF.5(9.5%)	BA.5.2.1(7.8%)
3月 (9~13週)	137	BN.1*(35.0%)	BF.7.15(21.2%)	BA.5*(17.5%)	XBB*(8.8%)	BA.2*(6.6%)
4月 (13~17週)	106	BF.7.15(28.3%)	XBB*(28.3%)	BN.1*(12.3%)	BA.5*(9.4%)	BA.2*(8.5%)
5月 (18~22週)	97	XBB*(67.0%)	BA.2*(10.3%)	BA.5*(8.2%)	BF.7.15(5.2%)	BQ*(2.1%)
6月 (22~26週)	185	XBB*(83.2%)	BN.1*(4.3%)	BA.5*(3.8%)	CH.1*(2.7%)	GR*(2.2%)
7月 (26~31週)	642	XBB*(87.9%)	BN.1*(3.7%)	BA.5*(3.3%)	HW.1(2.0%)	GR*(1.4%)
8月 (31~35週)	818	XBB*(90.6%)	BN.1*(1.8%)	HW.1(1.7%)	GR*(1.6%)	JL.1(1.6%)
9月 (35~39週)	431	XBB*(96.8%)	CH.1*(1.4%)	JL.1(0.7%)	BN.1*(1.0%)	-
10月 (39~44週)	183	XBB*(94.0%)	JN.1*(1.6%)	GM.3*(1.1%)	JL.1(1.1%)	-
11月 (44~48週)	111	XBB*(86.5%)	JN.1*(7.2%)	BA.2.86*(4.5%)	BN.1*(0.9%)	CH.1*(0.9%)
12月 (48~52週)	141	XBB*(75.9%)	JN.1*(14.9%)	BA.2.86*(9.2%)	-	-
2024年1月 (1~5週)	364	XBB*(52.2%)	BA.2.86*(25.3%)	JN.1*(20.3%)	XDQ*(1.9%)	XDU(0.3%)
2月 (5~8週)	284	BA.2.86*(40.8%)	JN.1*(35.2%)	XBB*(15.5%)	XDQ*(6.7%)	-

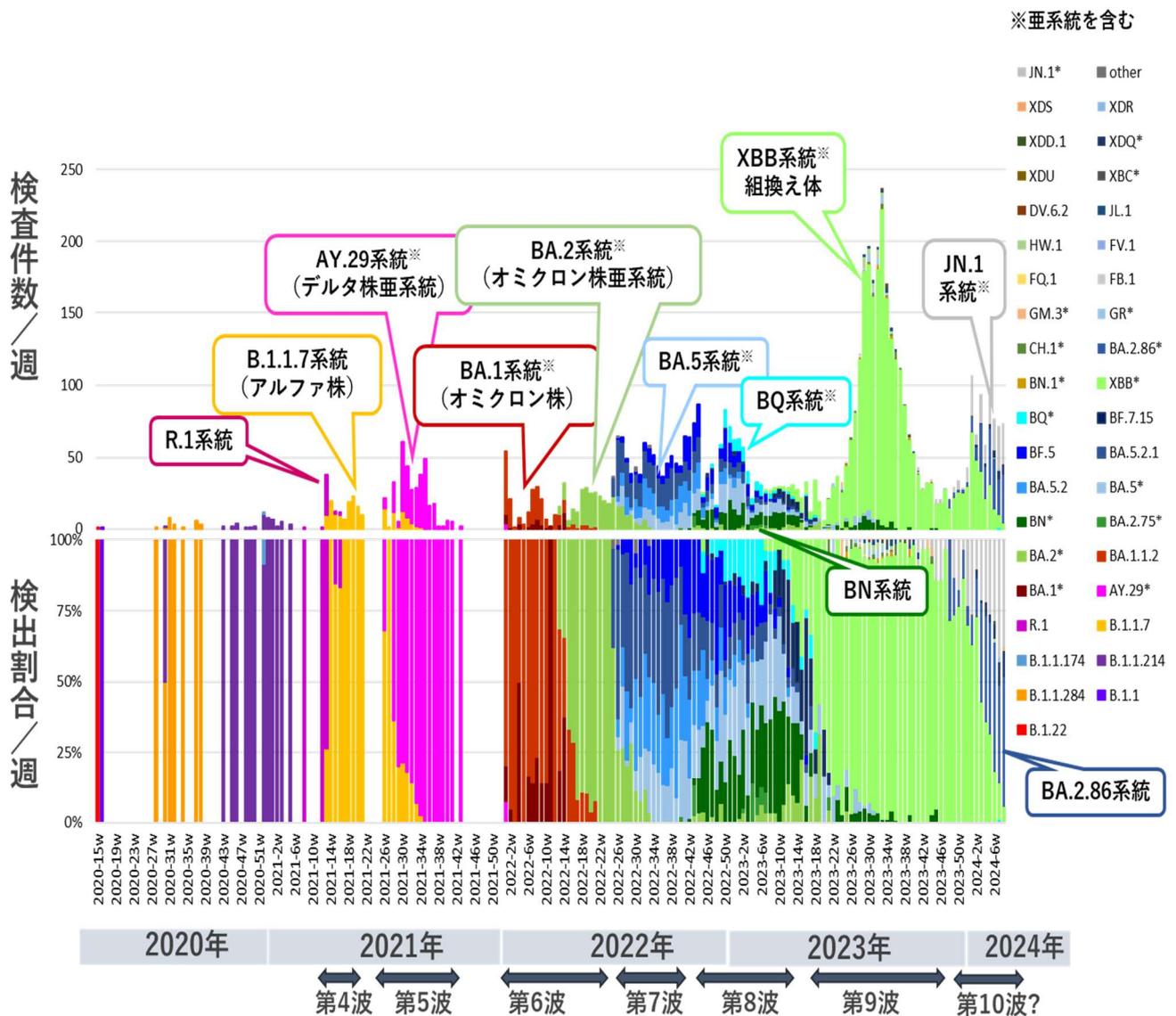


図2 全ゲノム解析による新型コロナウイルスの系統別検出数及び検出率

4 まとめ

スクリーニング検査は迅速性、検体処理能力及びコストパフォーマンスに優れ、新たな変異株をいち早く探知するのに効果的であった。一方、ゲノム解析は、迅速性や検体処理能力は劣り、コストはかかるものの、全ゲノムを解読しているため、系統を確定させることができる。2023年8月にスクリーニング検査は終了したが、それ以降も全ゲノム解析では細分化された系統にも確実に対応し、その時々々のVOI(注目すべき変異株)、VUM(監視下の変異株)であるXBB系統、BA.2.86系統、JN.1系統等をモニタリングしている。

2023年5月に新型コロナウイルス感染症は5類となったが、ほぼ同時期に第9波が始まり、XBB系統が増加した。第4波のアルファ株、第5波のデルタ株、第6波のBA.1系統、第7波及び第8波のBA.5系統、第9波のXBB系統にみられるように、新たな変異株

が出現し、それが広がって主流となることで大きな流行が起こることは多い。今後も新たな懸念される変異株の情報を早期に探知し、その広がりを注視する必要がある。

5 参考文献

- (1) 渡邊知美, 上田豊, 左藤夏子, 堀内頼道, 田中大和, 林原健吉: 鳥取県内の新型コロナウイルス変異株のスクリーニング検査及びゲノム解析結果について(2022年度), 鳥取県衛生環境研究所報 63, 1-4(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(週ごと)(2024年2月16日現在)

The results of screening tests and whole-genome analyses for SARS-CoV-2 variants in Tottori,
Japan(Report 2).

Masatoshi MASUKAWA, Momoho ONDA, Arisa IZUMI, Fumitsugu TAKANO, Yutaka UEDA,
Tomomi WATANABE , Kenkichi HAYASHIBARA, Nobukazu SAISYU

Abstract

We are conducting mutant strain screening tests and whole genome analysis to grasp the trends of SARS-CoV-2 variants in Tottori prefecture. As a result of screening tests conducted in 2023, a transition from the BA.5 lineage to the BA.2 lineage was confirmed with the transition from the 8th wave to the 9th wave in mid-2023. Genome analysis showed that mainstream variants such as the BA.5 lineage, BN.1 lineage, XBB lineage, and BA.2.86 lineage (including the JN.1 lineage) have been prevalent since 2023.