

【資料】

## 岡山県におけるSARS-CoV-2の次世代シーケンサーによる全ゲノム解析調査 (2020-2022)

Whole Genome Analysis Survey of SARS-CoV-2 with Next Generation Sequencer  
in Okayama Prefecture (2020-2022)

土本祐栄, 岡本尚子, 石井 学, 船橋圭輔, 長尾和彦,  
濱野雅子, 平田真弓, 鶴海 剛, 木田浩司, 北村雅美\*

\*岡山県感染症情報センター

TSUCHIMOTO Sachie, OKAMOTO Naoko, ISHII Manabu, FUNAHASHI Keisuke, NAGAO Kazuhiko,  
HAMANO Masako, HIRATA Mayumi, TSURUMI Go, KIDA Kouji, KITAMURA Masami\*

### 要 旨

2020年3月から2022年3月までの間に採取された岡山県のSARS-CoV-2陽性者検体のうち、国立感染症研究所及び当センターで次世代シーケンサーによる全ゲノム解析を実施して完全な配列を得られた1,542検体について、同時期の県内感染者数と併せてSARS-CoV-2の流行状況を解析した。本県では、2020年3月及び4月にA.2, B.1, B.1.1, B.1.1.48等の多様な株が検出された後、2020年6月から2021年4月までは、B.1.1.214及びB.1.1.284が主流となった。2021年2月から9月まではB.1.1.7（アルファ株）が連続して検出されたが、4月に検出されたR.1は、6月以降は検出されなかった。次いで2021年7月から2022年1月までAY.29系統のデルタ株が検出されたが、2022年2月には2021年12月に初検出されたBA.1系統のオミクロン株に全て置き換わった。また、同月にBA.2系統のオミクロン株（BA.2.3）が初めて検出された。調査期間中の県内のSARS-CoV-2の流行は、第1波から第6波まで認められ、それぞれの流行期に検出されたウイルス系統は、第1波は多様であったが、第2波及び第3波はB.1.1.214及びB.1.1.284、第4波はB.1.1.7（アルファ株）、第5波はAY.29系統（デルタ株）、第6波はBA.1系統及びBA.2系統（オミクロン株）であった。

[キーワード：SARS-CoV-2, 次世代シーケンサー, 全ゲノム解析]

[Key words : SARS-CoV-2, Next generation sequencer, Whole genome analysis]

### 1 はじめに

新型コロナウイルス感染症（Coronavirus Disease 2019; COVID-19）は、2019年12月に中国湖北省武漢市で世界初の患者が確認された<sup>1)</sup>、咳、高熱、肺炎等を主症状とする新興感染症であり、「感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律」（平成10年法律第114号）で新型インフルエンザ等感染症に位置付けられている。起病病原体は、コロナウイルス科ベータコロナウイルス属のSARS-CoV-2（Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2）であり、ゲノムに約3万塩基のマイナス鎖RNAを有する。SARS-CoV-2は、2020年1月以降、世界各地に感染が拡大しており、日本でも同年1月に最初の感染者が報告され<sup>2)</sup>、2022年3月までに第1波から第6波の流行が続いている<sup>3)</sup>。岡山県では、2020年3月に初めての感染者が確認され<sup>4)</sup>、2022年3月までに全国と同様に第6波までの流行があり、6万人を超える感染者

が報告されている<sup>5)</sup>。

当センターでは、厚生労働省が示す「新型コロナウイルス感染症における積極的疫学調査について（協力依頼）」（令和2年3月16日付け 健感発0316第3号）に基づき、県内感染者の検体を国立感染症研究所に送付し、次世代シーケンサー（Next Generation Sequencer；以下「NGS」という。）にて、SARS-CoV-2の全ゲノム解析を実施した。また、採取日が2021年6月8日以降の検体については、「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）により、当センターで感染経路ごとに選別した検体の全ゲノム解析を実施しており、現在まで新たなウイルスの変異やウイルス系統の流行を監視している。

今回、これまでに国立感染症研究所及び当センターで実施したゲノム解析の結果をまとめたので、報告する。



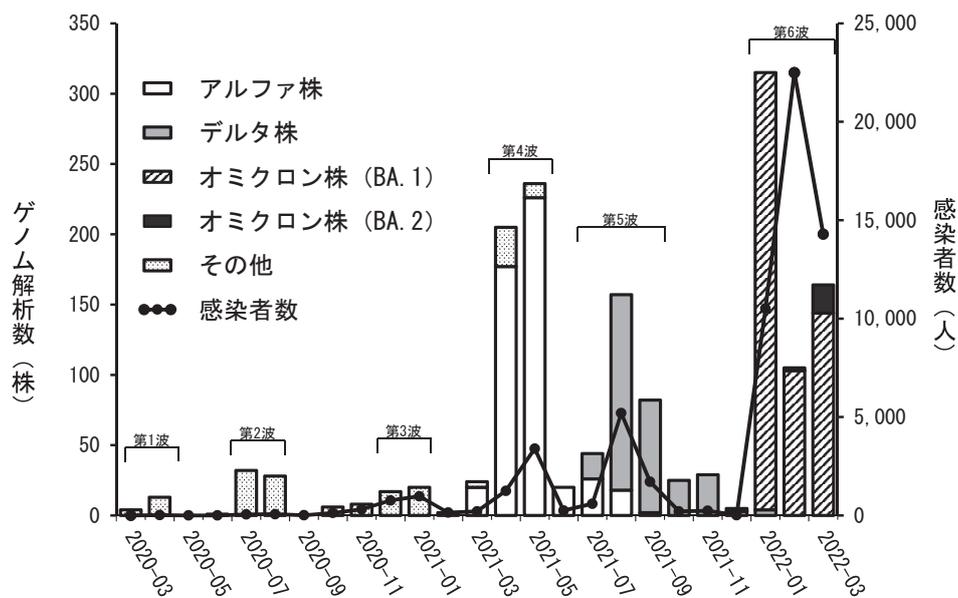


図1 月別ゲノム解析数 (WHO呼称別) と感染者数

3月末までに6回のピークが認められた。それぞれの流行期に主流となったウイルス系統は、第1波はA.2, B.1, B.1.1, B.1.1.48等と多様であったが、第2波及び第3波はB.1.1.214及びB.1.1.284, 第4波はB.1.1.7 (アルファ株), 第5波はAY.29系統 (デルタ株), 第6波はBA.1系統及びBA.2系統 (オミクロン株) であった。こうした県内の流行状況は、全国における第1波から第6波までのSARS-CoV-2流行状況<sup>3), 6)</sup> とほぼ同様の傾向を示していた。

## 謝 辞

次世代シーケンサーによる全ゲノム解析において、初期の解析実施並びに当科での解析実施に関する技術的支援をいただきました国立感染症研究所病原体ゲノム解析研究センターの諸先生に対し、深謝します。

## 文 献

- 1) 国立感染症研究所 感染症疫学センター：新型コロナウイルス感染症2020年5月現在, 病原微生物検出情報, 41, 103-105, 2020
- 2) 国立感染症研究所 感染症疫学センター：日本国内の新型コロナウイルス感染症第一例を契機に検知された中国武漢市における市中感染の発生, 病原微生物検出情報, 41, 143-144, 2020
- 3) 厚生労働省：新型コロナウイルス感染症の国内発生動向など,  
<https://www.mhlw.go.jp/content/10906000/000947752.pdf> (2022.6.8アクセス)

- 4) 岡山県感染症情報センター：岡山県感染症週報 2020年第12週 (3月16日～3月22日),  
<https://www.pref.okayama.jp/uploaded/attachment/269179.pdf> (2022.6.8アクセス)
- 5) 岡山県感染症情報センター：岡山県感染症週報 2022年第12週 (3月21日～3月27日),  
<https://www.pref.okayama.jp/uploaded/attachment/314246.pdf> (2022.6.22アクセス)
- 6) 厚生労働省：新型コロナウイルスゲノムサーベイランスによる系統別検出状況 (国立感染症研究所),  
<https://www.mhlw.go.jp/content/10900000/000921596.pdf> (2022.6.8アクセス)