

福岡市における SARS-CoV-2 ゲノム解析 (2023 年度)

宮本道彦・讃井武蔵・松平美咲・林萌

福岡市保健環境研究所保健科学課

Genome Analysis of SARS-CoV-2 in Fukuoka City (2023)

Michihiko MIYAMOTO , Musashi SANUI , Misaki MATSUDAIRA
and Megumi HAYASHI

Health Science Section, Fukuoka City Institute of Health and Environment

要約

福岡市保健環境研究所では、令和3年(2021年)2月5日付け健感発0205第4号「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)」に基づき、2021年12月からSARS-CoV-2のゲノム解析を開始し、現在も継続して実施している。2023年度に採取された福岡市内のSARS-CoV-2陽性検体のゲノム解析結果を用いて、系統別の検出状況を集計し、県内の定点報告数及び全国の系統別検出状況と比較した。夏季(8月)及び冬季(1月)に県内定点報告数がピークに達しており、夏季のピークでは、特定の系統に偏らず、複数の系統が混在した状況であった。冬季のピークでは、JN.1系統の検出割合の増加が認められた。また、福岡市における系統別検出状況は、全国と同様の傾向にあった。

Key Words : 新型コロナウイルス SARS-CoV-2, 次世代シーケンサー next generation sequencer, ゲノム解析 genome analysis

1 はじめに

新型コロナウイルス感染症(Coronavirus disease of 2019 : COVID-19)は、新型コロナウイルス(Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 : SARS-CoV-2)に起因し、咳、高熱、肺炎を主症状とする新興感染症であり、2019年12月に中華人民共和国湖北省武漢市において世界で初めて確認された。その後、日本国内においても感染者が確認され、福岡市では、2020年3月に初めて陽性者を確認した。COVID-19は、2023年5月8日をもって「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)(以下、「感染症法」とする。)に基づく「新型インフルエンザ等感染症」から「五類感染症」に移行したが、現在も終息には至っていない。

SARS-CoV-2は、約3万塩基のプラス鎖RNAゲノムを有しており、感染と増殖を繰り返す過程でゲノムに変異を起し、その変異速度は2024年3月末時点で約28.675塩基変異/ゲノム/年(約12.7日に1塩基変異)と推測されている(NextStrain<<https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global/all-time?dmax=2024-03-31&l=clock>>)。

SARS-CoV-2が変異を重ねていったことにより、これまでに感染性の増加や抗原性の変化が懸念される様々な変異株が出現し、その度に感染の拡大を繰り返してきた。

SARS-CoV-2は、その発生初期から世界的にゲノム解析によるサーベイランスが実施されており、我が国においても国立感染症研究所(以下、「感染研」とする。)を中心にゲノムサーベイランス体制が構築されてきた。

福岡市保健環境研究所においても、令和3年(2021年)2月5日付け健感発0205第4号「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)¹⁾」に基づき、2021年12月からSARS-CoV-2陽性検体について、次世代シーケンサー(NGS)を用いたゲノム解析を開始した。当初は行政検査の陽性検体を対象として実施していたが、行政検査の重点化に伴い、ゲノム解析用検体確保のため、2022年7月からは、市内民間検査機関から提供される陽性検体の受け入れを開始し、現在に至るまで継続的にゲノム解析を実施している。

本稿では、2023年度(2023年4月~2024年3月)に当所で実施したゲノム解析結果及び得られた知見について報告する。

2 実験方法

2.1 解析対象

保健所及び市内民間検査機関から当所に搬入された SARS-CoV-2 陽性検体（検体採取日：2023 年 4 月 1 日～2024 年 3 月 31 日，検体種別：鼻咽頭ぬぐい液又は唾液）2306 検体について，RNA 抽出を行い，リアルタイム RT-PCR で Ct 値を確認した後，1385 検体をゲノム解析の対象とした。

2.2 試薬・装置等

SARS-CoV-2 陽性検体からの RNA 抽出には，QIAamp Viral RNA mini kit（QIAGEN）を用いた。

リアルタイム RT-PCR は，TaqMan Fast Virus 1-Step Master Mix for qPCR（Thermo Fisher Scientific）を用い，QuantStudio 5（Thermo Fisher Scientific）で測定した。

以降の操作は，感染研病原体ゲノム解析研究センター（以下，「感染研ゲノムセンター」とする．）が作成した「新型コロナウイルスゲノム解読プロトコル Qiagen 社 QiaSEQ FX 編 version 1.4²⁾」に従い実施した。

すなわち，LunaScript RT SuperMix（NEB）により RNA を逆転写した後，感染研ゲノムセンターが設計したプライマーセット（ARTIC-N6 及び N7 プライマー）を用いたマルチプレックス PCR を実施した。

PCR 産物について，QIAseq FX DNA Library Kit（QIAGEN）により，断片化反応及びインデックス付きアダプターの付加反応を行い，全ての検体をプーリング後，Agencourt AMPure XP（BECKMAN COULTER）を用いてライブラリーの精製を実施した。調整したライブラリーから，iSeq 100（illumina）により，各検体に含まれる SARS-CoV-2 ゲノムの塩基配列情報（FASTQ データ）を取得した。

2.3 ゲノム解析

NGS から得られた各検体の FASTQ データについて，ウェブアプリケーションとして感染研ゲノムセンターが提供する COG-JP（COVID-19 Genomic Surveillance Network in Japan）又は感染研インフルエンザ・呼吸器系ウイルス研究センターが提供する PathoGenS（Pathogen Genomic data collection System）を用いて，SARS-CoV-2 ゲノム配列を再構築した後，Nextclade による解析を実施し，Pango Lineage（Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineage）を決定した。

なお，解析に用いられた Nextclade のバージョンは，COG-JP では，2.9.1，2.14.0 及び 3.00-alpha.1，PathoGenS では，3.50 である。

3 実験結果及び考察

3.1 ゲノム解析結果

SARS-CoV-2 のゲノム解析の結果，解析不能であった 176 検体を除く 1209 検体について Pango Lineage を決定し，表 1 に示すとおり系統別に分類，集計した。なお，本報において「系統」と記載する場合は，単一の Pango Lineage のみを示すのではなく，原則，その亜系統まで含むものとする。単一の Pango Lineage を示す場合は，単に「Lineage」と記載する。

表 1 本報における系統分類

系統	備考
BA.2 系統	亜系統の BA.2.75 系統及び BA.2.86 系統を除く。
BA.5 系統	
BA.2.75 系統	
XBB 系統	亜系統の XBB.1.5 系統，XBB.1.9 系統，XBB.1.16 系統，XBB.2.3 系統及び EG.5 系統を除く。
XBB.1.5 系統	
XBB.1.9 系統	亜系統の EG.5 系統を除く。
XBB.1.16 系統	
XBB.2.3 系統	
EG.5 系統	
BA.2.86 系統	亜系統 JN.1 系統を除く。
JN.1 系統	
その他の組換え体	XBB 及びその亜系統を除く組換え体。

系統別の検出数は，BA.2 系統が 1 検体，BA.5 系統が 20 検体，BA.2.75 系統が 63 検体，XBB 系統が 92 検体，XBB.1.5 系統が 131 検体，XBB.1.9 系統が 187 検体，XBB.1.16 系統が 293 検体，XBB.2.3 系統が 89 検体，EG.5 系統が 242 検体，BA.2.86 系統が 28 検体，JN.1 系統が 46 検体，その他の組換え体が 17 検体であった。

系統別検出数の月次集計結果を表 2 に，検出した Lineage 及び検出数を表 3 に示す。また，変異株系統分岐の大まかな概念図を図 1 に示す。

3.2 系統別の検出状況

3.2.1 BA.2 系統

2023 年 6 月に BA.2 系統の FV.1（BA.2.3.20.8.1.1.1）が 1 検体検出された。FV.1 は，過去に世界保健機関（World Health Organization：WHO）による「監視下のオミクロン

の亜系統 (Omicron Subvariants under Monitoring: OSUM)」に指定された BA.2.3.20 の亜系統であるが、散発的な検出であり、その後の検出はなかった。

3.2.2 BA.5 系統

BA.5 系統は、2022 年 6 月頃から 2023 年 3 月頃までのいわゆる第 7 波及び第 8 波で主流となった系統である。2023 年 4 月から 8 月にかけて、WHO により過去に OSUM に指定された BF.7 (BA.5.2.1.7) 系統及び同じく WHO により「監視下の変異株 (Variants under Monitoring: VUM)」に指定された BQ.1 (BA.5.3.1.1) 系統を中心に検出されたが、既に XBB 系統及びその亜系統が主流となっていたため、検出数は僅かであり、2023 年 9 月以降検出されていない。

3.2.3 BA.2.75 系統

BA.2.75 は、BA.2 と比較して、Spike タンパク質に S:K147E, S:W152R, S:G257S, S:G339H, S:G446S, S:N460K 等の多くの変異を獲得しており、2022 年 6 月にインドで初めて報告された Lineage である^{3, 4)}。BA.2.75 系統は、亜系統の CH.1.1 (BA.2.75.3.4.1.1.1.1) 系統及び DV.7 (BA.2.75.3.4.1.1.1.1.7) 系統とともに WHO により過去に OSUM 及び VUM に指定されていたが、2023 年度末時点では指定解除されている。本市では、2022 年 10 月に初めて検出され、2023 年度は、検出割合は高くはないが、4 月から 9 月にかけて継続的に検出しており、その中でも CH.1.1 (BA.2.75.3.4.1.1.1.1) 系統 (亜系統の DV 系統及び FK 系統を含む。) の検出数が比較的多かった。なお、2023 年 10 月以降検出されていない。

3.2.4 XBB 系統

XBB は、BA.2 の亜系統である BJ.1 (BA.2.10.1.1) と BA.2.75 の亜系統である BM.1.1.1 (BA.2.75.3.1.1.1) の Spike 領域における組換え体であり、シンガポールで初めて報告された^{5, 6)}。XBB 系統は、過去に OSUM 及び VUM に指定されていたが、2023 年度末時点では指定解除されている。本市では、2022 年 10 月に初めて検出され、2023 年度は 4 月から 10 月にかけて継続的に検出されていたが、以降は散発的な検出に留まり、2024 年 3 月以降検出されていない。

3.2.5 XBB.1.5 系統

XBB.1.5 は、XBB が Spike タンパク質に S:G252V 変異を獲得した XBB.1 から、更に S:F486P 変異を獲得した Lineage である⁷⁾。2023 年度末時点において WHO による「注目すべき変異株 (Variants of Interest: VOI)」に指定されている。XBB.1.5 系統は、2023 年 2 月中旬に本市で初めて検出され、以降、検出割合が 20%程度まで増加したものの、その後 XBB.1.16 系統、XBB.1.9 系統及び EG.5 系統への置き換わりが進み、2023 年 10 月以降散発的な検出に留まっている。

3.2.6 XBB.1.9 系統

XBB.1.9 は、XBB.1 が ORF9b:I5T 変異、更に ORF1a:G1819S 及び ORF1a:T4175I 変異を獲得した Lineage である。過去には亜系統の XBB.1.9.1 系統及び XBB.1.9.2 系統が VUM に指定されていたが、2023 年度末時点では XBB.1.9.2 の亜系統である EG.5 系統を除き、指定解除されている。XBB.1.9 系統は、2023 年 2 月末に本市で初検出後、2023 年 7 月頃までその検出割合を増加させてきたが、その後徐々に減少し、2023 年 11 月以降検出されていない。

3.2.7 XBB.1.16 系統

XBB.1.16 は、XBB.1 が Spike タンパク質に S:K478R 及び S:F486P 変異、更に S:E180V 変異を獲得した Lineage であり⁸⁾、2023 年度末時点において WHO により VOI に指定されている系統である。本市では、2023 年 5 月に初めて検出された後、急速に検出割合が増加し、2023 年 7 月まで主流の系統であったが、2023 年 8 月以降、EG.5 系統への置き換わりが進み、2023 年 1 月以降検出されていない。

3.2.8 XBB.2.3 系統

XBB.2.3 は、XBB が S:D253G 変異を獲得した XBB.2 から更に S:S486P 及び S:P521S 変異を獲得した Lineage であり⁹⁾、過去には WHO により VUM に指定されていたが、2023 年度末時点では指定解除されている。XBB.2.3 系統は、2023 年 5 月に本市で初めて検出されたが、同時に検出され始めた XBB.1.16 系統や EG.5 系統のような検出割合の増加は認められず、2023 年 11 月以降検出されていない。

3.2.9 EG.5 系統

EG.5 は、XBB.1.9 が A16878T 変異及び A27507C 変異に次いで S:F486P 変異を獲得した XBB.1.9.2 が、更に ORF1a:A690V, ORF1a:A3143V 及び S:F456L 変異を獲得した Lineage であり¹⁰⁾、EG.5 系統は、2023 年度末時点において WHO により VOI に指定されている。EG.5 系統は、2023 年 5 月に本市で初めて検出され、徐々に検出割合を増加させながら、2023 年 8 月にはこれまで主流であった XBB.1.16 系統から置き換わり、2023 年 12 月まで主流となったが、BA.2.86 系統や JN.1 系統の出現により、以降検出割合は減少している。

3.2.10 BA.2.86 系統

BA.2.86 は、親系統である BA.2 から Spike タンパク質に 30 箇所以上のアミノ酸変異を有しており、2023 年 7 月にデンマーク及びイスラエルで初めて確認された Lineage である^{11~13)}。BA.2.86 系統は、本市では、2023 年 10 月に初めて検出されており、亜系統の JN.1 系統とともに、EG.5 系統からの置き換わりが確認された。

3.2.11 JN.1 系統

JN.1 は，BA.2.86 が C12815T 変異及び ORF1a:K1973R 変異を獲得した BA.2.86.1^{1 4)} が，更に S:L455S 変異，ORF1a:R382I 変異及び ORF7b:F19L 変異を獲得した Lineage であり^{1 5)}，2023 年度末時点において WHO により VOI に指定されている．2023 年 12 月に本市で初検出後，検出割合が急速に増加した．

3. 2. 12 その他の組換え体

その他の組換え体（XBB 系統を除く組換え体）については，2024 年 1 月までは散発的な検出に留まっていたが，2024 年 2 月以降，親系統を BA.2.86 系統又は JN.1 系統とする組換え体が検出されている．特に BA.2.86.1 と FL.15.1.1（XBB.1.9.1.15.1.1）の組換え体である XDQ^{1 6)} の検出数が多く，これは本市だけでなく全国的にも同様の傾向にある．

3. 3 系統別検出割合と定点報告数の推移

COVID-19 患者発生状況の集計は，2023 年 5 月の五類感染症移行に伴い，全数把握は終了となり，インフルエンザ／COVID-19 定点医療機関からの週次報告による集計に変更された．福岡県が公表している福岡県における COVID-19 定点報告数（福岡県保健環境研究所：福岡県感染症情報＜http://www.fihes.pref.fukuoka.jp/~idsc_fukuoka/idwr.html＞）を週単位から月単位に換算した数値を表 4 に示す．月ごとの系統別検出割合と定点報告数の推移を図 2 に示す．定点報告数のトレンドは，夏季（8 月

頃）及び冬季（1 月頃）に報告数のピークに達した後，それぞれ春及び秋にピークアウトしており，過去の感染拡大の波と同様の挙動を示している．しかし，これまでは Alpha 株（B.1.1.7 系統）の出現に伴う第 4 波，Delta 株（B.1.617.2 系統）の出現に伴う第 5 波，BA.1 系統の出現に伴う第 6 波，BA.5 系統の出現に伴う第 7 波のように，新たな変異株（系統）の出現に伴い感染拡大のピークを迎えていたが，2023 年夏のピークでは，EG.5 系統の検出割合が比較的高いものの，特定の系統に偏ることなく複数の系統が混在している状況にあった．一方，冬のピーク時には，これまでの主流であった XBB 亜系統の検出割合は減少し，BA.2.86 系統及びその亜系統である JN.1 系統の検出割合の増加が認められた．

3. 4 福岡市及び全国の系統別検出割合の推移

国立感染症研究所が公開している SARS-CoV-2 ゲノムサーベイランスによる都道府県別検出状況（国立感染症研究所：SARS-CoV-2 変異株について＜<https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2624-flu/12055-flu2-1-1.html>＞）を基に作成した 2023 年 10 月（第 40 週）以降の系統別検出状況を図 3 に示す．福岡市及び全国のいずれも，EG.5 系統から BA.2.86 系統及び JN.1 系統に置き換わり，2 月から 3 月にかけて主に XDQ 系統を中心とする組換え体の検出割合が増加する同様の傾向が認められた．

表 2 福岡市における系統別検出状況（月別）

系統	2023 年										2024 年			計
	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 系統			1											1
BA.5 系統	13	4	1		2									20
BA.2.75 系統	11	12	15	12	5	8								63
XBB 系統	18	7	8	13	17	20	8					1		92
XBB.1.5 系統	17	25	24	15	14	27	1	4	3				1	131
XBB.1.9 系統	18	25	46	50	28	19	1							187
XBB.1.16 系統		77	70	69	37	36	2	1	1					293
XBB.2.3 系統		9	22	26	17	10	5							89
EG.5 系統		5	6	21	68	70	19	19	18		10	4	2	242
BA.2.86 系統							1		7		2	11	7	28
JN.1 系統									3		16	20	7	46
その他の組換え体			1		1							4	8	17
計	77	164	194	206	189	190	37	25	34		28	40	25	1209

表 3 福岡市において検出した Pango Lineage 及びその検出数

BA.2 系統 (1)						
FV.1 (1)						
BA.5 系統 (20)						
BA.5 (1)	BA.5.2.6 (2)	BF.5 (1)	BF.7 (1)	BF.7.4.3 (2)	BF.7.14 (1)	BF.7.15 (2)
CK.1.1 (2)	BQ.1.1 (3)	EF.1 (1)	BQ.1.1.18 (4)			
BA.2.75 系統 (63)						
CJ.1 (1)	CJ.1.3 (7)	CH.1.1 (2)	DV.6 (6)	DV.6.2 (2)	DV.7.1 (1)	FK.1 (1)
FK.1.1 (8)	FK.1.3.2 (2)	BN.1 (1)	BN.1.2 (10)	FR.1 (6)	FR.1.1 (1)	BN.1.2.7 (2)
BN.1.3 (10)	BN.1.3.5 (2)	BN.1.3.13 (1)				
XBB 系統 (92)						
XBB (2)	XBB.1 (8)	XBB.1.11.1 (2)	XBB.1.18.1 (2)	FE.1.1 (2)	XBB.1.22 (2)	XBB.1.22.1 (8)
FY.1 (1)	FY.1.2 (3)	FY.2 (17)	FY.3 (5)	FY.3.1 (5)	FY.3.3 (1)	FY.5 (4)
FY.6 (4)	XBB.1.22.2 (1)	XBB.1.24.3 (2)	XBB.1.41 (6)	XBB.1.41.1 (1)	JC.1 (1)	XBB.1.42 (4)
XBB.1.42.2 (2)	XBB.2 (9)					
XBB.1.5 系統 (131)						
XBB.1.5 (50)	XBB.1.5.1 (12)	XBB.1.5.4 (1)	XBB.1.5.5 (5)	XBB.1.5.12 (2)	FD.2 (1)	FD.3 (2)
XBB.1.5.18 (1)	XBB.1.5.24 (1)	EU.1.1 (1)	XBB.1.5.37 (1)	XBB.1.5.42 (2)	XBB.1.5.44 (2)	HC.1 (1)
XBB.1.5.48 (1)	XBB.1.5.49 (1)	XBB.1.5.57 (6)	XBB.1.5.62 (1)	XBB.1.5.63 (1)	GK.1 (3)	GK.1.1 (29)
XBB.1.5.91 (1)	JD.1.1 (5)	JD.1.1.8 (1)				
XBB.1.9 系統 (187)						
XBB.1.9 (5)	XBB.1.9.1 (52)	FL.2 (8)	FL.4 (19)	FL.4.5 (1)	FL.5 (1)	FL.10 (6)
FL.10.1 (3)	FL.15 (5)	FL.24 (4)	XBB.1.9.2 (28)	EG.1 (11)	EG.1.2 (3)	EG.1.4 (2)
EG.1.6 (1)	EG.2 (14)	EG.4 (16)	EG.4.4 (1)	EG.6.1 (7)		
XBB.1.16 系統 (293)						
XBB.1.16 (211)	XBB.1.16.1 (24)	FU.1 (13)	FU.2 (1)	XBB.1.16.2 (12)	GY.5 (1)	XBB.1.16.3 (2)
XBB.1.16.5 (2)	XBB.1.16.7 (3)	XBB.1.16.10 (1)	HF.1 (14)	XBB.1.16.18 (1)	XBB.1.16.19 (1)	XBB.1.16.20 (2)
XBB.1.16.21 (2)	XBB.1.16.23 (3)					
XBB.2.3 系統 (89)						
XBB.2.3 (5)	XBB.2.3.2 (24)	HH.1 (5)	XBB.2.3.3 (13)	GJ.1.1 (4)	GJ.1.2 (4)	JE.1 (2)
XBB.2.3.6 (22)	GM.3.1 (2)	XBB.2.3.8 (6)	XBB.2.3.9 (1)	GE.1 (1)		
EG.5 系統 (242)						
EG.5 (5)	EG.5.1 (99)	EG.5.1.1 (50)	HK.1 (1)	HK.2 (3)	HK.3 (32)	HK.3.2 (6)
HK.3.3 (1)	HK.7 (1)	HK.20.1 (2)	HK.23.1 (1)	HK.29 (1)	EG.5.1.2 (3)	EG.5.1.3 (1)
JG.3 (8)	JG.3.2 (2)	EG.5.1.4 (8)	JJ.1 (2)	EG.5.1.6 (1)	HV.1 (4)	HV.1.1 (4)
EG.5.1.7 (2)	EG.5.1.8 (4)	JR.1.1.1 (1)				
BA.2.86 系統 (28)						
BA.2.86 (1)	BA.2.86.1 (24)	JN.2 (1)	JN.3 (1)	BA.2.86.3 (1)		
JN.1 系統 (46)						
JN.1 (33)	JN.1.1 (3)	JN.1.1.1 (3)	JN.1.1.3 (1)	JN.1.4 (5)	JN.1.11.1 (1)	
その他の組替え体 (17)						
HW.1 (1)	HW.1.1 (1)	XBL.3 (1)	XCU (1)	XDA (1)	XDD (1)	XDK (2)
XDQ (7)	XDR (1)	XDS (1)				

(括弧)内の数字は検出数

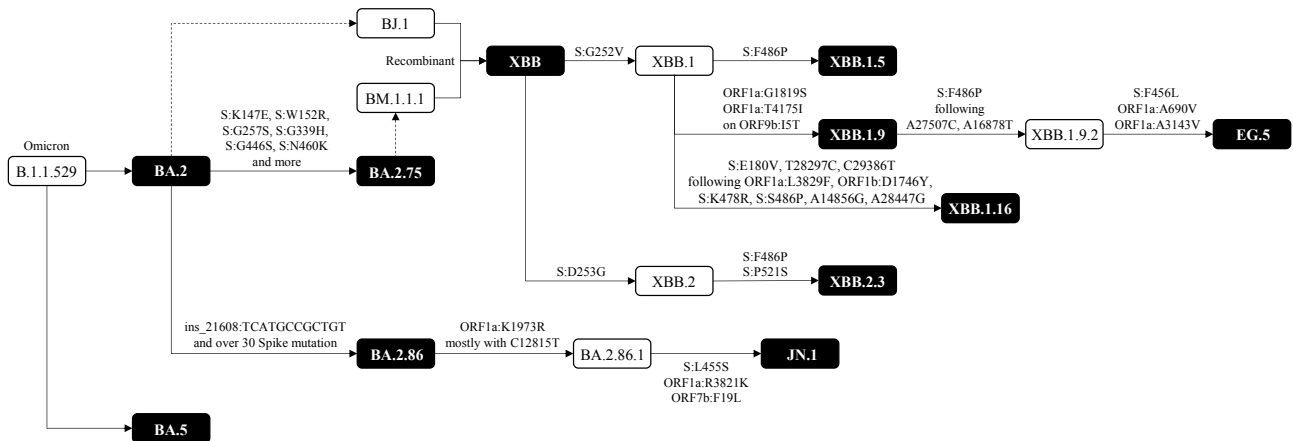


図1 変異株の系統分岐（参考：Github/cov-lineages/pango-designation<<https://github.com/cov-lineages/pango-designation>>）

表4 福岡県内の月別定点報告数※

2023 年									2024 年		
4 月	5 月	6 月	7 月	8 月	9 月	10 月	11 月	12 月	1 月	2 月	3 月
—	2057	4954	13694	13955	10872	2631	1346	3122	8605	7628	4236

※COVID-19 定点報告数を週単位から月単位に換算（週が2つの月にまたがる場合は、当該週の報告数を各月に属する日数で均等に按分）

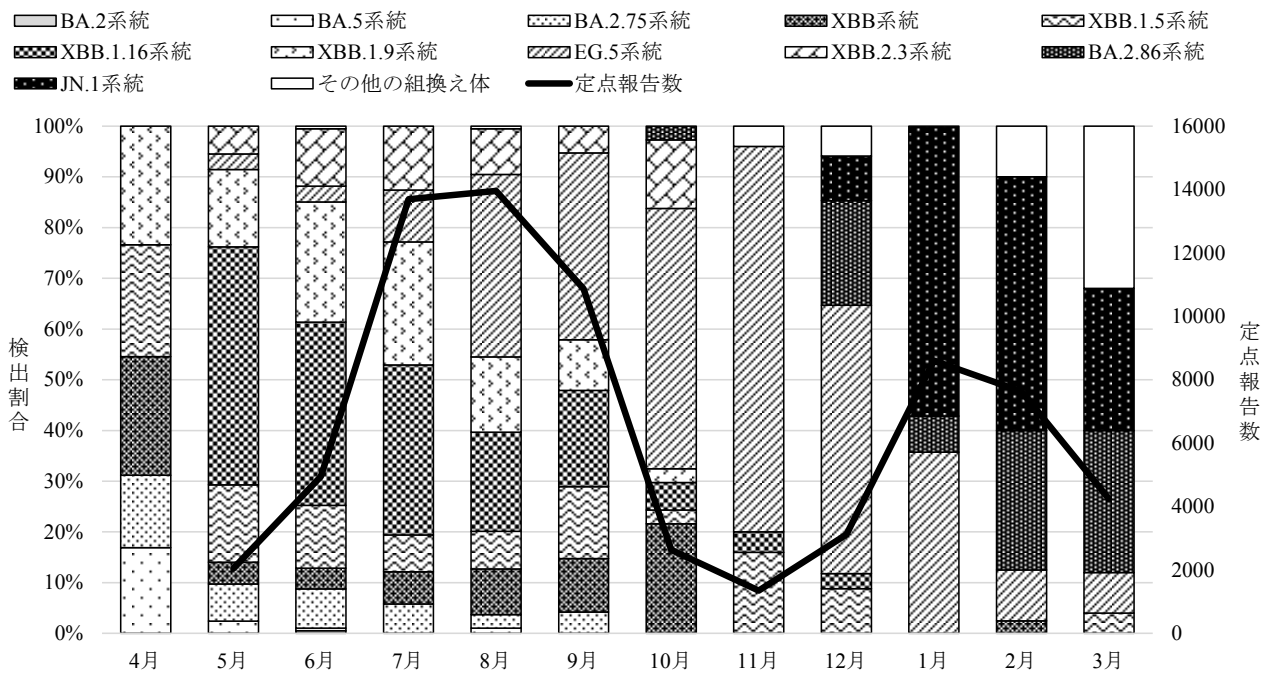


図2 福岡市の系統別検出割合及び福岡県の定点報告数

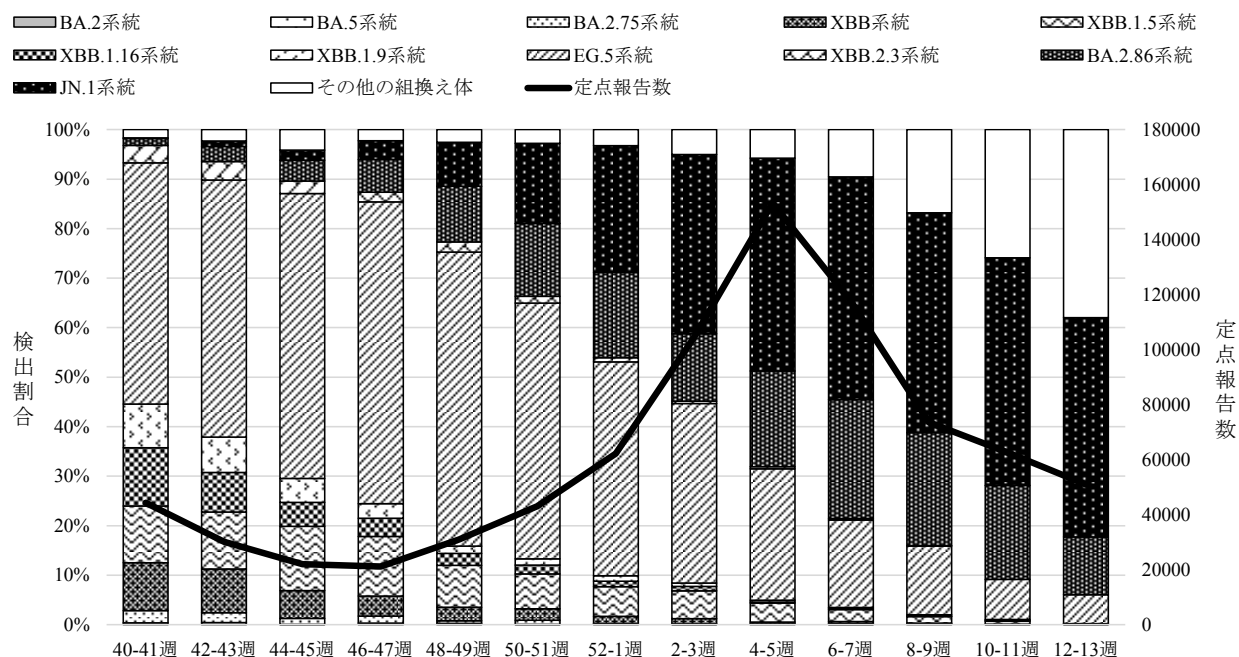


図3 全国の系統別検出割合及び定点報告数

4 まとめ

2023年度は、COVID-19が感染症法上の五類感染症となったことで、全数報告から定点報告への移行をはじめ、これまでのCOVID-19対応に関して大きな転換点を迎える年となった。社会経済活動における制限も撤廃されたことに伴い、人流がコロナ禍以前の水準に戻ることで、新たに発生するSARS-CoV-2変異株の伝播が、これまで以上に加速することが考えられる。国内においてもCOVID-19の終息には至っておらず、現在もなお、感染の拡大期と小康期を繰り返している状況にある。

当所では、国の要請に基づき、SARS-CoV-2ゲノム解析を継続して実施しており、本市におけるSARS-CoV-2変異株の動向を監視してきたが、2023年度は、XBB系統及びその亜系統を中心として多様なLineageが検出された。特に冬季以降は、BA.2.86系統、JN.1系統、更にはこれらの系統を親系統とした様々な組換え体といった新たな変異株の出現を確認した。

新たな変異株は、感染・伝播性の増加や抗原性が変化する可能性を有しており、過去繰り返してきた大きな流行は、新たな変異株の出現が引き金になっていることから、NGSを活用したゲノム解析によるモニタリングは、新たな変異株流入の探知に有用な手段であると言える。

文献

- 1) 厚生労働省健康局結核感染症課長通知健感発 0205 第4号: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
- 2) 国立感染症研究所病原体ゲノム解析研究センター:新型コロナウイルスゲノム解読プロトコル Qiagen 社QiaSEQ FX 編 version 1.4, 2022年1月27日
- 3) 国立感染症研究所:新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)の変異株BA.2.75系統について, 2022年7月8日
- 4) Github: BA.2 sublineage with S:K147E, W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, R493Q (73 seq as of 2022-06-29, mainly India) <<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/773>>
- 5) 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年10月21日
- 6) Github: BJ.1/BM.1.1.1 (=BA.2.75.3.1.1.1) recombinant with breakpoint in S1 [>=5 sequences, 3x Singapore, 2x US as of 2022-09-12] <<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/1058>>
- 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 24 報），2023 年 1 月 13 日

- 8) Github : XBB.1 Sublineage with S:E180V, S:K478R, S:S486P, ORF9b:I5T, ORF9b:N55S, ORF1a:L3829F, ORF1b:D1746Y (42 seq) <<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/1723>>
- 9) Github : XBB.2 with S:F486P,S:P521S - 11 sequences USA, India as 25-01-23 <<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/1535>>
- 10) Github : XBB.1.9.2 sublineages with S:F456L (61 sequences throughout asia, europe, n. america) <<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/1918>>
- 11) 国立感染症研究所：新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の変異株 BA.2.86 系統について，2023 年 9 月 8 日
- 12) 国立感染症研究所：新型コロナウイルス（SARS-CoV

-2）の変異株 BA.2.86 系統について（第 2 報），2023 年 11 月 16 日

- 13) Github : 2nd-Generation BA.2 Saltation Lineage, >30 spike mutations (3 seq, 2 countries, Aug 14) <<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/2183>>
- 14) Github : Rapid identification of BA.2.86 branches (= >2seqs)((Archived)) <<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/2236>>
- 15) 国立感染症研究所：新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の変異株 JN.1 系統について，2023 年 11 月 16 日
- 16) Github : BA.2.86.1/FL.15.1.1 recombinant (25 seqs, 10 countries, 4 with S:A475V) <<https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/2481>>