

茨城県における SARS-CoV-2 の全ゲノム解析結果について（令和 6 年度）

○大澤 修一、新堀 もなみ¹⁾、小室 慶子、大久保 朝香、坪山 勝平、絹川 恵里奈、
上野 恵²⁾、阿部 櫻子³⁾

1)茨城県立こころの医療センター 2) 県西食肉衛生検査所 3)茨城県立中央病院

要旨

国は新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の積極的疫学調査の一環として、次世代シーケンサー（NGS）による新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の全ゲノム解析を実施しており、当所もゲノムサーベイランスに協力するとともに、得られた解析情報を本県での感染経路の分析や流行推移の把握等の資料として活用している。

令和 6 年度における全ゲノム解析の実施状況と検出株の推移について報告する。

キーワード : COVID-19、SARS-CoV-2、NGS、全ゲノム解析、ゲノムサーベイランス

1 はじめに

新型コロナウイルス感染症（COVID-19）は、2020 年に世界的パンデミックを引き起こし、日本においても感染が拡大した。

COVID-19 対策として、国は新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）全ゲノム解析による積極的疫学調査の支援を行っており、現在に至るまで継続的にサーベイランスが行われている¹⁾。

以下に、本県の令和 6 年度における SARS-CoV-2 全ゲノム解析の結果について報告する。

2 当所における SARS-CoV-2 全ゲノム解析の実施状況（2025 年 3 月まで）

2-1 対象

2024 年 4 月から 2025 年 3 月までに採取され、当所に搬入された COVID-19 陽性者の検体 263 検体について SARS-CoV-2 全ゲノム解析を実施した。

2-2 方法

国立感染症研究所のゲノム解読プロトコル²⁾に従い実施した。

検体から抽出した RNA を錆型とし、逆転写反応、Multiplex PCR 及び NGS ライブライアリ調製を行い、iSeq 100 を使用した解析によりデータを取得した。データは国立感染症研究所開発の解析プラットフォーム Pathogens にて解析を行い、Pangolin 統系を決定した。

3 結果

263 検体中 234 検体について、検出株の Pangolin 統系を決定することができた。2024 年度の検出株の推移を Pangolin 統系名による分類で示す（図 1）。

検出株の統系は、2024 年 3 月は JN 統系が約 8 割を占めたが、4 月には減少し、KR 統系が約 6 割を占めた。5 月には KR 統系に代わって KP 統系が増加した。6 月には KP.3 統系が急増し、7 月には検出株の 9 割以上を占めた。KP.3

系統は 8 月以降に減少したが、2025 年 2 月まで検出された。KP 系統の減少に伴い、XEC 系統が増加し、2025 年 3 月には約 6 割を占めていた。

4 考察

県内の令和 6 年度における COVID-19 の定点報告数は、2024 年 6 月～8 月および 2025 年 1 月に増加していた（図 2）。ゲノム解析の結果と照合すると、夏季の COVID-19 の大規模な流行は KP.3 系統が関与し、冬季の流行には XEC 系統が関与したと考えられた。

KP.3 系統は、2024 年 5 月 3 日に世界保健機関（WHO）により「監視下の変異株」（VUM : Variants Under Monitoring）に指定された

。国内では本系統は 4 月末頃から報告数が増加し、6 月には 8 割以上を占め主流となっていた。国外ではカナダ、フランス、ドイツ、イタリア、スペイン、英国等の欧米諸国において、2024 年 5 月以降 KP.3 系統の占める割合が上昇し、7 月にかけて主流となった³⁾。KP.3 系統は、JN.1 系統のうち、スパイクタンパク質に変異を獲得した変異株である。KP.3 系統の血清学的特徴を調査した研究では、これまでのオミクロンの流行株（XBB.1.5 系統、EG.5 系統、HK.3 系統、及び JN.1 系統）により誘導される中和抗体に対して、JN.1 系統よりも免疫を逃避する可能性が高いことが指摘されている³⁾。

県内で KP.3 系統の流行後に主流となった XEC 系統は、KS.1.1 株および KP.3.3 株の組み換えにより誕生した変異株であり、2024 年 8 月にドイツで発見された系統である。その後、世界各地に拡大し、WHO により VUM に分類された。本系統は、KP.3 系統よりも高い免疫逃避能を獲得していることがわかっている⁴⁾。これらウイルス株の特性と全ゲノム解析の結果から、2024 年度における県内の COVID-19 の大規模な流行は、免疫逃避能がより高い株が出現することにより、繰り返し発生したことが

わかった。

外国人入国者は、COVID-19 の世界的な流行により令和 2～4 年は減少したが、令和 5 年は以前の水準に戻り、令和 6 年には過去最多となった。今年度のゲノム解析結果では、海外と県内ではほぼ同時期に同系統のウイルスにより COVID-19 の流行がみられた。そのため、国内外の交流の活発化が県内の COVID-19 流行状況にも影響を及ぼしていると考えられた。

SARS-CoV-2 の系統は著しいスピードで変化し、それに伴い、より高い免疫逃避能を有するなどウイルスの特性も変化している。県内の SARS-CoV-2 全ゲノム解析の結果は、国内および海外流行株との系統の比較だけではなく、その系統の特性に関する情報も併せて発信することで、より効果的な活用ができると考えられる。

5 参考文献

- 1) 「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（令和 5 年 4 月 27 日一部改正）
- 2) 「新型コロナウイルスゲノム解読プロトコル（Qiagen 社 QiaSEQ FX 編）」国立感染症研究所病原体ゲノム解析研センター発行
- 3) 「新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)の変異株 KP.3 系統について」国立健康危機管理研究機構 感染症情報提供サイト
<https://id-info.jihs.go.jp/other/090/sars-cov-2-kp3.html>
- 4) Kaku, Yu et al. “Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XEC variant.” *The Lancet. Infectious diseases* vol. 24,12 (2024): e736. doi:10.1016/S1473-3099(24)00731-X

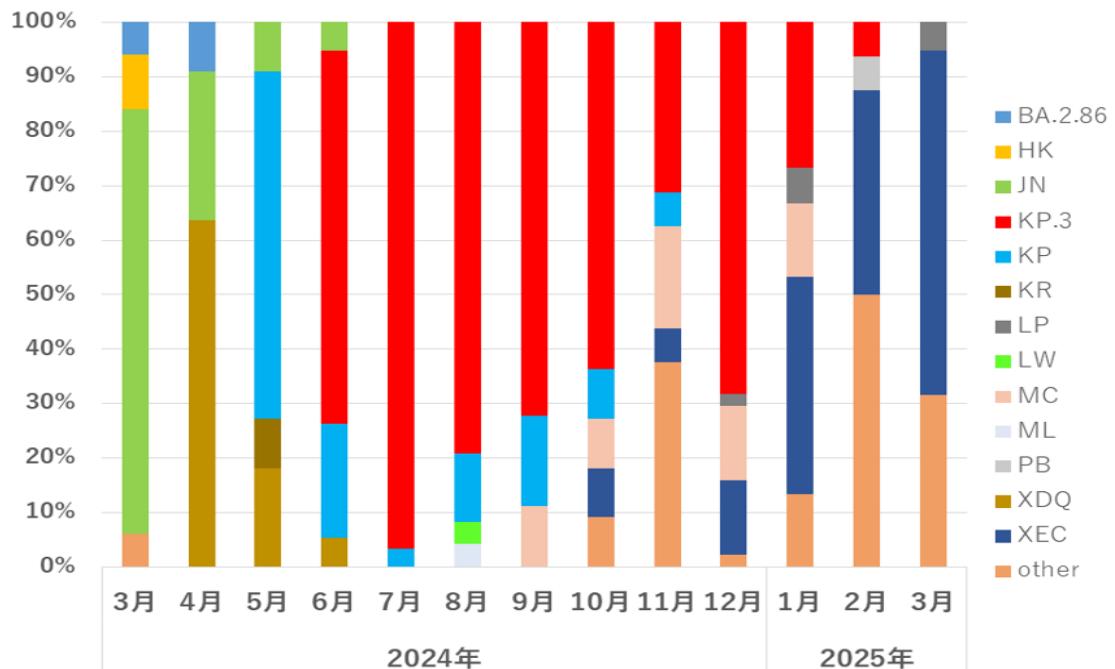


図 1 茨城県における検出株の推移 (Pangolin 系統分類)

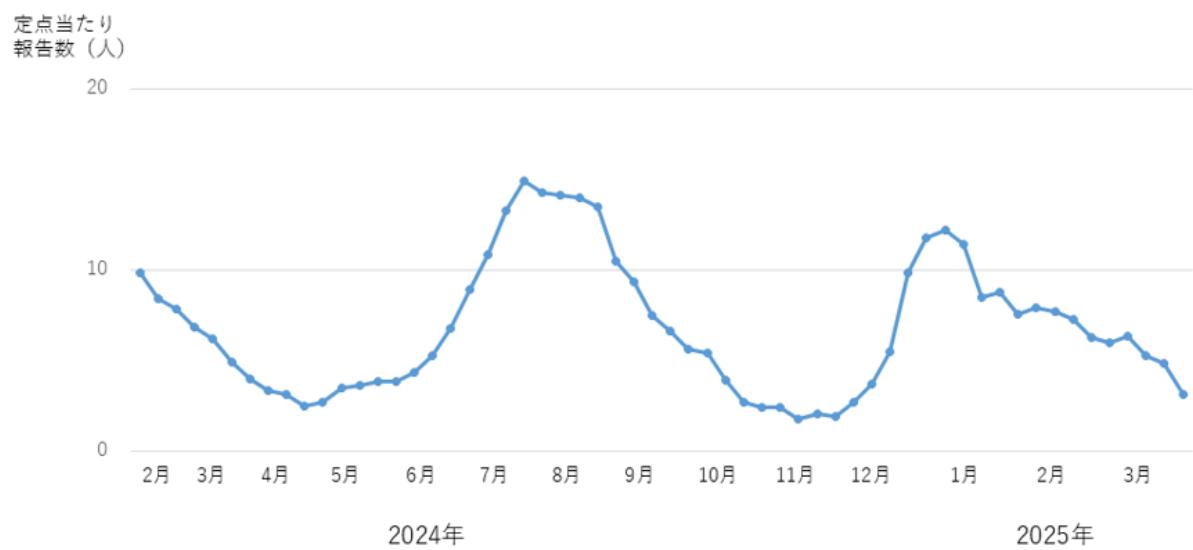


図 2 茨城県における COVID-19 の定点報告者数の推移