

# 【資料】2021年度に検出された新型コロナウイルスについて

久保田莉菜 島田諒 齋藤麻理子\* 篠田大輔 塚越博之

## SARS-CoV-2 Surveillance Report in Gunma Prefecture from April, 2021 to March, 2022.

Rina KUBOTA, Ryo SHIMADA, Mariko SAITO, Daisuke SHINODA, Hiroyuki TSUKAGOSHI

### 1. はじめに

新型コロナウイルス感染症（COVID-19）は、2019年12月に中国湖北省武漢市において世界で初めて確認され、その後わずか数ヶ月で世界中に拡散された（国立感染症研究所(a)）。2020年3月には世界保健機関（WHO）により、COVID-19はパンデミック（世界的な大流行）の状態にあると表明され、本邦においても、2020年1月16日に国内初の感染者が報告された。厚生労働省のオープンデータによると、2022年3月31日までに全国で6,504,873人の陽性者と28,010人の死亡者が報告されている。

当所では、2020年2月より新型コロナウイルス感染症の検査を開始し、2020年3月7日に群馬県内1例目の新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）陽性例を確認した。検出されたSARS-CoV-2は、国立感染症研究所と共同でゲノム解析を行い、クラスター対策などに活用してきた（塚越ら、2021, 2022）。

一般に、ウイルスは増殖や感染を繰り返す中で徐々に変異することが知られている。変異の中には遺伝子から作られるタンパク質の働きに影響を及ぼすものがあり、SARS-CoV-2の場合、感染時に重要な働きをするスパイク（S）タンパク質の変異が、特に注目されている。ウイルスの塩基配列に生じた全ての変異を特定できる方法が「ゲノム解析」であり、それぞれのウイルスがどのように伝搬して来たか推測することも可能である。

本稿では、2021年度に当所で実施したSARS-CoV-2ゲノム解析の結果から、群馬県におけるSARS-CoV-2のPANGO lineage 変遷

\* 館林保健福祉事務所

（WHO呼称でアルファ株やデルタ株、オミクロン株のように経時的に主流株が移り変わること）について報告する。

### 2. 対象および方法

2021年第13週から2022年第13週（2021年3月29日から2022年4月3日）の間に、SARS-CoV-2のリアルタイムPCR検査で陽性となった検体から、Ct (Cycle Threshold)値や集団発生などによる検体の偏りを排除するように選定し、1,332検体を対象として実施した。ゲノム解析は、「新型コロナウイルスゲノム解析マニュアル」（国立感染症研究所(b)）に準じて行い、PANGO lineage を決定した。

### 3. 結果および考察

#### 3.1. SARS-CoV-2 ゲノム解析結果

1,332検体をゲノム解析した結果、1,259検体で株の分類ができた（表1）。1,259検体の中では、デルタ株が最も多く521検体、オミクロン株が311検体、アルファ株が126検体、その他が301検体であった。患者数が増加に転じた際に新しい株が多く検出されていた。

表1 SARS-CoV-2 ゲノム解析結果

株名称（WHO呼称）	株数
アルファ	126
デルタ	521
オミクロン	311
その他	301

#### 3.2. SARS-CoV-2 ゲノム解析結果の推移

2021年度のゲノム解析の結果を用いてPANGO lineage の変遷を調べた（図1）。2021

年の13週目(3月29日)では、Sタンパク質にE484Kの変異を有するR.1系統が多く見られたが、その後は、徐々にSタンパク質にN501Yの変異を有するB.1.1.7(WHO呼称:アルファ株)が主流となった。その後、感染者数が減少した22週目(5月31日)から28週目(7月18日)においても、アルファ株が主流であったが、患者数の減少に伴い検出数も減少した。26週目(6月28日)に、Sタンパク質にL452Rの変異を有するAY.29(WHO呼称:デルタ株)が検出され、29週目(7月19日)から再び患者数の増加とともに、検出数も増加した。デルタ株は53週目(1月3日)まで、主流であったが、2022年1週目(1月3日)からは主にBA.1.1.2(WHO呼称:オミクロン株)が主流となった。その後、オミクロン株は多くの亜系統に派生していき大きな感染を引き起こした。

#### 4. まとめ

本報告では、群馬県で検出されたSARS-CoV-2のゲノム解析結果を示した。伝播性が高く感染力が強いとされるウイルスが出現すると大きな流行を引き起こし、経時的に主流株として置き換わることが分かった。本報で行ったように、SARS-CoV-2の動向を詳細に把握するためには、ゲノム解析は非常に有用な手法である。単純に系統分類だけでなく、アミノ酸レベルでの変異についても慎重に監視していくことで、ウイルスの実態を見ることにつながっていくことが期待できる。また、ワクチンの有効性や治療薬の効果なども推定することができる。今後もSARS-CoV-2は様々な亜型が出現と消失を繰り返していくと考えられることからSARS-CoV-2ゲノム解析を継続的に実施し、動向を注視していく予定である。

#### 謝辞

解析にご協力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、検体採取及び調査にご協力いただきました県内医療機関並びに保健所の皆様に深謝致します。

#### 文献

- 国立感染症研究所(a). 2021. 新型コロナウイルス感染症(COVID-19)2021年5月現在. 病原微生物検出情報, **42**:135-136.
- 国立感染症研究所(b). 新型コロナウイルスゲノム解析マニュアル(2022年2月版), <https://www.niid.go.jp/niid/ja/lab-manual-m/9559-2020-04-14-10-09-54.html> (2022年8月閲覧)
- 厚生労働省. オープンデータ. <https://www.mhlw.go.jp/stf/covid-19/open-data.html> (2022年8月閲覧)
- 塚越博之, 篠田大輔, 齋藤麻理子, 高橋裕子, 島田諒, 井上伸子, 塩野雅孝, 猿木信裕, 黒田誠, 関塚剛史. 2021. 群馬県におけるSARS-CoV-2アルファ株関連症例の特徴について(2021年2月10日~6月2日). 病原微生物検出情報, **42(9)**:203-204.
- 塚越博之, 篠田大輔, 齋藤麻理子, 高橋裕子, 島田諒, 小川麻由美, 井上伸子, 塩野雅孝, 猿木信裕, 黒田誠, 関塚剛史. 2022. 群馬県において検出されたSARS-CoV-2デルタ株関連症例からみえた課題(2021年5月13日~10月12日). 病原微生物検出情報, **43(6)**:147-149.

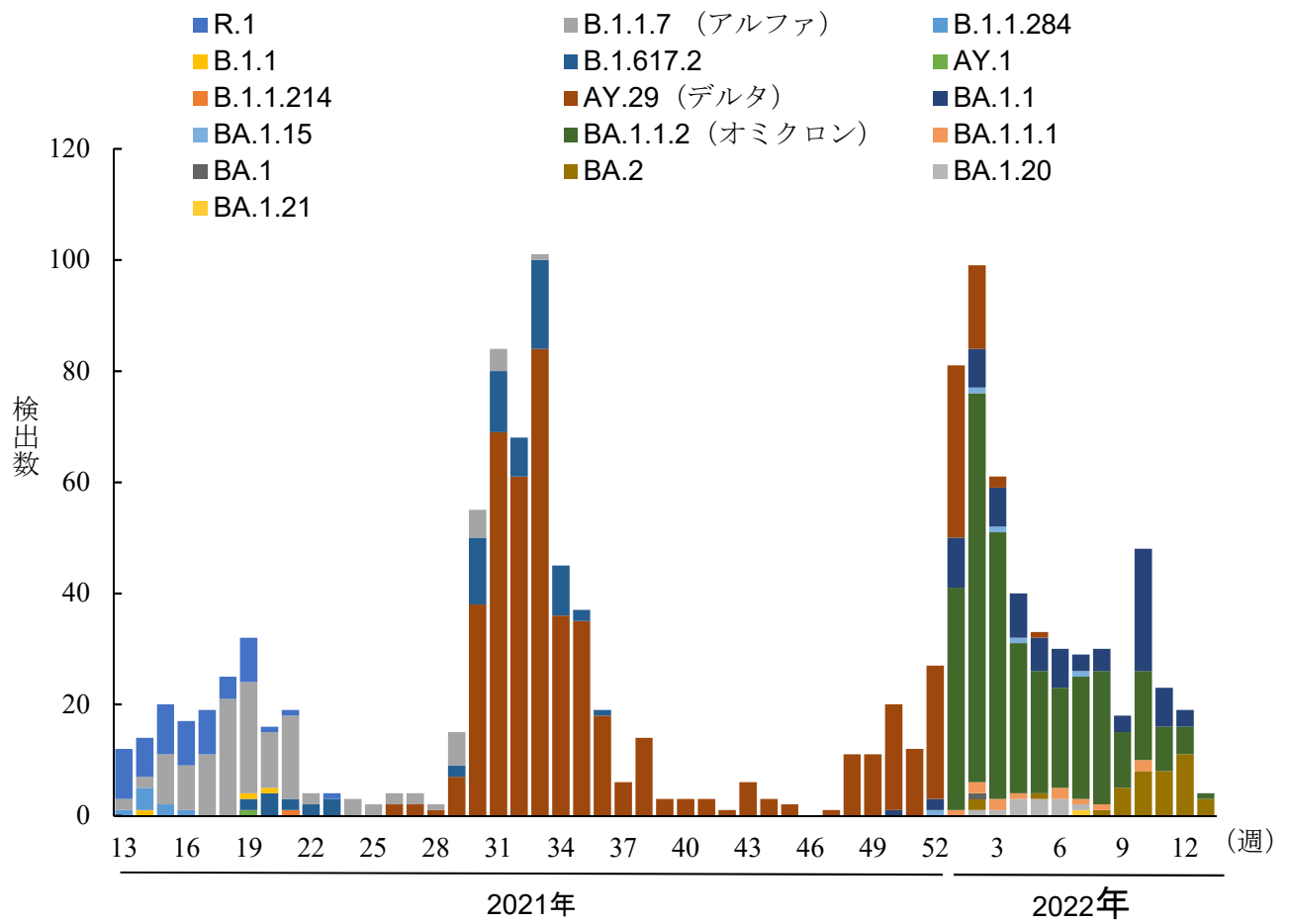


図1 SARS-CoV-2 ゲノム解析結果