

資料

SARS-CoV-2（オミクロン株）におけるゲノム分子疫学解析 （2024 年 12 月～2025 年 9 月）-三重県-

矢野拓弥，川合秀弘，下尾貴宏

キーワード：新型コロナウイルス，COVID-19，SARS-CoV-2，ゲノムサーベイランス，オミクロン株

はじめに

2019 年 12 月，中国・武漢市で多数の患者が報告された Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) による新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) は，2020 年 1 月以降，国内に広がり¹⁻³⁾，本県では同年 1 月下旬に初めて陽性者が確認された⁴⁾。その後，COVID-19 は世界的に流行し⁵⁻⁷⁾，現在に至っている。我が国では，流行初期から行政検査の陽性検体を用いたゲノムサーベイランスが整備され，クラスターごとの遺伝情報や共通性の解析が行われてきた⁸⁾。

本県においても，SARS-CoV-2 のゲノム解析により，2020 年第 1 波以降の各流行波，とくに大規模な流行を引き起こしたオミクロン株の流行は，複数系統の共存および優勢系統の変遷によって形成されていることが明らかとなった。これらの結果から，系統分布の動向を把握することは，県内における本ウイルスの流行動態を理解するうえで重要な知見であると考えられた⁹⁻¹⁴⁾。

COVID-19 は 2023 年 5 月の感染症法上の分類変更に伴い，従来の行政検査由来のゲノム解析体制から，定点医療機関での検体採取による新たなゲノムサーベイランス体制へ移行した。その後，2025 年 4 月以降は新たに導入された急性呼吸器感染症サーベイランス (ARI サーベイランス) へと形を変え，ゲノムサーベイランス体制が引き継がれた。本報告では，本県における SARS-CoV-2 流行株のゲノム系統動向を把握することを目的として分子疫学解析を実施したので，その結果を報告する。

対象と方法

1. 調査対象

2024 年 12 月～2025 年 9 月に，SARS-CoV-2 ゲノムサーベイランスおよび三重県感染症発生動向調査事業における ARI 病原体サーベイランスで検出された SARS-CoV-2 陽性者の患者検体（鼻咽頭拭い液等）40 件を用いて，分子疫学解析を実施した。

検体採取月別の解析数の内訳は 2024 年 12 月 6 件，2025 年 1 月 5 件，2 月 5 件，3 月 3 件，4 月 4 件，5 月 1 件，6 月 1 件，7 月 3 件，8 月 5 件および 9 月 7 件である。

なお，SARS-CoV-2 陽性者の検体は，COVID-19 に対する三重県新型コロナウイルス感染症ゲノムサーベイランス事業実施要綱に基づき採取され，その患者情報の使用にあたっては，倫理的配慮として，個人情報保護などに留意し実施した。2025 年 4 月以降は三重県感染症発生動向調査事業内の急性呼吸器感染症病原体サーベイランス (ARI 病原体サーベイランス) による検出された SARS-CoV-2 陽性者の検体を対象とし，本調査事業における病原体検査指針に基づき，調査対象者または保護者による承諾書への署名を得た。検査依頼医療機関記入の調査票 (患者情報) の使用にあたっては，倫理的配慮として，個人情報保護に留意し実施した。

2. SARS-CoV-2 の全長塩基配列解析

SARS-CoV-2 陽性者の臨床検体からのウイルス RNA 抽出には，QIAamp Viral RNA mini Kit (QIAGEN) および MagMAX™ Viral/Pathogen II (MVP II) Nucleic Acid Isolation Kit (Thermo Fisher Scientific) を用いた。

表 1 SARS-CoV-2 Lineage系統分類 (2024年12月~2025年9月)

採取月	SARS-CoV-2 (lineage)															解析不能	計		
	KP.3.1.1	KP.3.3.1	MC.1	NB.1.8.1	PB.1	PQ.1	PQ.14	PQ.17	PQ.2	PQ.2.1	PQ.2.5	XEC	XEC.18	XEC.2	XEC.4			XEU	
2024年 12月	2	1												2			1	6	
2025年 1月		1												1	1		2	5	
2月															2	1	2	5	
3月			1									1					1	3	
4月					1							2	1					4	
5月																	1	1	
6月																	1	1	
7月							1	1									1	3	
8月				1				1	1		1						1	5	
9月								1	3		1						2	7	
計	2	2	1	1	1	1	3	3	1	1	1	3	1	3	3	3	1	12	40

SARS-CoV-2 のゲノム解析には、糸川らの新型コロナウイルスのゲノム解析プロトコル¹⁵⁾に従ってNGSライブラリーを調製し、調製したサンプルを次世代シーケンサー (NGS) により全ゲノム配列を取得した。得られた全長塩基配列を基に本ウイルスの系統分類解析を実施した。系統分類解析には、病原体ゲノム集約システムPathogen Genomic data collection System (PathoGenS) およびNextclade (<https://clades.nextstrain.org/>) を併用した。

結果

1. SARS-CoV-2 (オミクロン株) の検出傾向

ゲノム解析を実施した40件のうち解析可能であった28件のゲノム系統は、主にKP亜系統、PB亜系統、PQ亜系統およびXEC系統であり、これらの亜系統の検出時期の詳細を表1および図1に示す。

2024年12月はKP.3.1.1系統やKP.3.3.1系統等、2025年1月~4月には主にXEC系統などが検出された。また、2025年7月~9月にはPQ.14系統、PQ.17系統を中心に複数亜系統が時期ごとに確認された。

2. SARS-CoV-2(オミクロン株) 系統別 (Nextstrain Clade) の採取月別検出状況

Nextstrain clade分類では、KP.3系統は24E cladeに属し、PB系統は24C cladeに分類され、PQ系統は25B または25C cladeに分類され、XEC系統は24F cladeに分類された。調査期間中の主要な流行は、これらのNextstrain cladeにより形成されていた。

調査期間中の系統別の検出状況は、2024年12月にはKP.3.1.1系統 (24E clade) が2件、KP.3.3.1系統

(24E clade) が1件、XEC.2系統 (24F clade) が2件検出された。

2025年1月にはKP.3.3.1系統 (24E clade) が1件、XEC.2系統 (24F clade) が1件、XEC.4系統 (24F clade) が1件確認され、同年2月にはXEC.4系統 (24F clade) が2件、XEU系統 (24F clade) が1件検出された。

2025年3月はMC.1系統 (24E clade) が1件、XEC系統 (24F clade) が1件確認された。同年4月にはPB.1系統 (24C clade) が1件、XEC系統 (24F clade) が2件およびXEC.18系統 (24F clade) 1件検出された。2025年5月と6月はいずれも解析不能であった。

2025年7月はPQ.1系統 (25C clade) とPQ.14系統 (25C clade) が各1件、8月にはNB.1.8.1系統 (25B clade) 1件とPQ.14系統 (25C clade) , PQ.2系統 (25C clade) およびPQ.2.5系統 (25C clade) が各1件検出された。同年9月にはPQ.14系統 (25C clade) 1件、PQ.17系統 (25C clade) 3件、PQ.2.1系統 (25C clade) が1件確認された。

3. SARS-CoV-2 (オミクロン株) の流行傾向と季節変動

調査期間中、SARS-CoV-2 (オミクロン株) は複数の系統が時期ごとに変動し、優勢系統の移り変わりが認められた。2024年12月にはKP.3系統が少数確認される一方で、XEC系統が同時に検出され、多系統の共存がみられた。2025年1月以降はXEC系統およびPQ系統の検出が増加した。XEC系統

(XEC.2系統、XEC.4系統)、PQ.14系統およびPQ.17系統は、全陽性28件のうち15件を占め、調査期間中の主要な流行を牽引するとともに、多様な系統が共存する流行像であった。

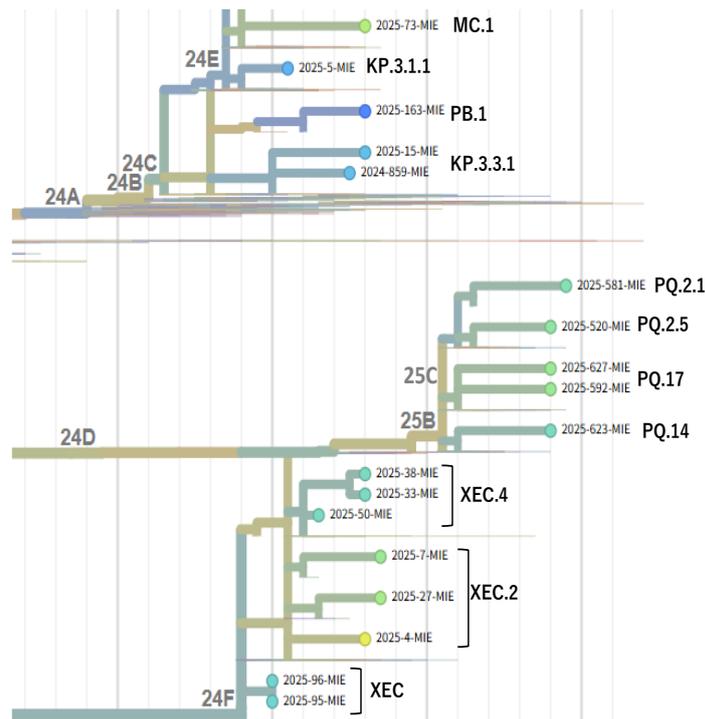


図1 SARS-CoV-2 Nextstrain cladeゲノム系統分類 (2024年12月～2025年9月)

2025年3～4月にはMC.1系統やPB.1系統が散発的に検出されたが、7～9月にはPQ系統の検出が増加し、PQ.14系統およびPQ.17系統が優勢となるなど、時期に応じて優勢系統が入れ替わる特徴がみられた。2025年9月におけるPQ系統優勢の傾向は、全国の流行状況と同様であり、地域における優勢系統の変遷が全国的な流行動態を反映していたと考えられる¹⁶⁾。

謝 辞

COVID-19に対するゲノムサーベイランスならびに三重県感染症発生動向調査事業（ARI病原体サーベイランス）において、検体採取を担当された医療機関の諸先生方ならびに保健所等の関係各位に深く感謝申し上げます。

また、SARS-CoV-2のゲノム解析に関して情報提供を頂きました、国立感染症研究所インフルエンザ・呼吸器系ウイルス研究センターおよび病原体ゲノム解析研究センターの諸先生方に深謝いたします。

文 献

- 1) 国立感染症研究所：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）。
- 2) 国立感染症研究所：国内で報告された新型

コロナウイルス感染症確定例 12 例の記述疫学（2020年2月3日現在），病原微生物検出情報，**41**，48-49（2020）。

- 3) 国立感染症研究所：国内初の新型コロナウイルスのヒト-ヒト感染事例，病原微生物検出情報，**41**，63-64（2020）。
- 4) 厚生労働省：新型コロナウイルスに関連し肺炎の患者の発生について（10例目）
https://www.mhlw.go.jp/stf/newpage_09236.htm
1（2025.12.10 access）。
- 5) Holshue M. L., DeBolt C., Lindquist S., et al : First Case of 2019 Novel Coronavirus in the United States, *N. Engl. J. Med.*, **382**, 929-936（2020）。
- 6) Florian Göttinger, Begoña Santiago-García Antoni Noguera-Julián, et al : COVID-19 in children and adolescents in Europe: a multinational, multicentre cohort study *Lancet Child Adolesc Health*, **4** (9) :653-661（2020）。
- 7) 国立感染症研究所：海外における COVID-19 の流行状況について（2020年6月4日時点），病原微生物検出情報，**41**，105-106（2020）。
- 8) 関塚剛史，糸川健太郎，谷津弘仁 他：新型コロナウイルスSARS-CoV-2のゲノム分子疫学調査（2020年10月26日現在），病原微生物検出情報，**42**，14-17（2021）。

- 9) 矢野 拓弥, 永井 佑樹, 楠原 一, 他 新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) におけるアミノ酸変異 (D614G) を有するウイルスの動向について-三重県- (2020 年 1 月～2020 年 9 月), 三重保環研年報, **22** (通巻第 65 号), 57-62 (2020) .
- 10) 矢野拓弥, 北浦伸浩, 中井康博: 三重県における新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)のゲノム分子疫学調査 (2020 年 1 月～2021 年 10 月), 三重保環研年報, **23** (通巻第 66 号), 48-52 (2021) .
- 11) 矢野拓弥, 北浦伸浩, 中井康博: SARS-CoV-2 (オミクロン株) のゲノム分子疫学解析 (2022 年 1 月～2022 年 10 月) -三重県-, 三重保環研年報, **24** (通巻第 67 号), 32-36 (2022) .
- 12) 矢野拓弥, 北浦伸浩, 中井康博: ゲノム分子疫学解析における SARS-CoV-2 (デルタ株) の遺伝子変異および欠損 -三重県, 三重保環研年報, **24** (通巻第67号), 27-31 (2022) .
- 13) 矢野 拓弥, 川合 秀弘, 下尾 貴宏 : SARS-CoV-2 (オミクロン株: BA.2, BA.5, XBB 系統) のゲノム 分子疫学解析 (2022 年 11 月～2023 年 10 月) -三重県-, 三重保環研年報, **25** (通巻第 68 号), 28-33 (2023) .
- 14) 矢野拓弥, 川合秀弘, 下尾貴宏: SARS-CoV-2 (オミクロン株) のゲノム分子疫学解析 (2023 年11月～2024年11月) -三重県-, 三重保環研年報, **26** (通巻第69号), 101-105 (2024) .
- 15) 糸川健太郎, 関塚剛史, 橋野正紀 他: 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 (2022/01/27) https://www.niid.go.jp/niid/images/lab-manual/SARS-CoV2_genome_analysis_manual_QIASEQF_X_ver_1_4_220127.pdf (2025.12.4 access) .
- 16) 全国のゲノムサーベイランスによる系統検出状況 (国立感染症研究所) 新型コロナウイルスゲノムの PANGO Lineage 変遷 (1月単位) (2025 年 10月22日現在) https://id-info.jihs.go.jp/diseases/sa/covid-19/180/20251022_Sep_zenkoku_lineage.pdf (2025.12.5 access) .