

民間検査機関の検体に基づくゲノムサーベイランスによる亜系統検出の推定

背景

全国の変異株(亜系統)の発生動向を監視するためのゲノムサーベイランスの確立を目指し、民間検査機関から得られた検体を用いた亜系統検出割合の推定を実施している。

対象

- 国内の民間検査機関2社に集められた検体
- 2023年第18週までは全国で合計800検体/週(A社、B社各400検体/週)、第19週以降は合計200検体/週(A社、B社各100検体/週)を目途に検査

亜系統検出割合解析方法

- ゲノム解析データを基に、Pango lineageを決定(Nextclade version 2.14.0 で実施)。
- 各亜系統の検出割合を多項ロジスティック回帰モデルにフィットさせ、週ごとの検出割合の将来推定を行った。

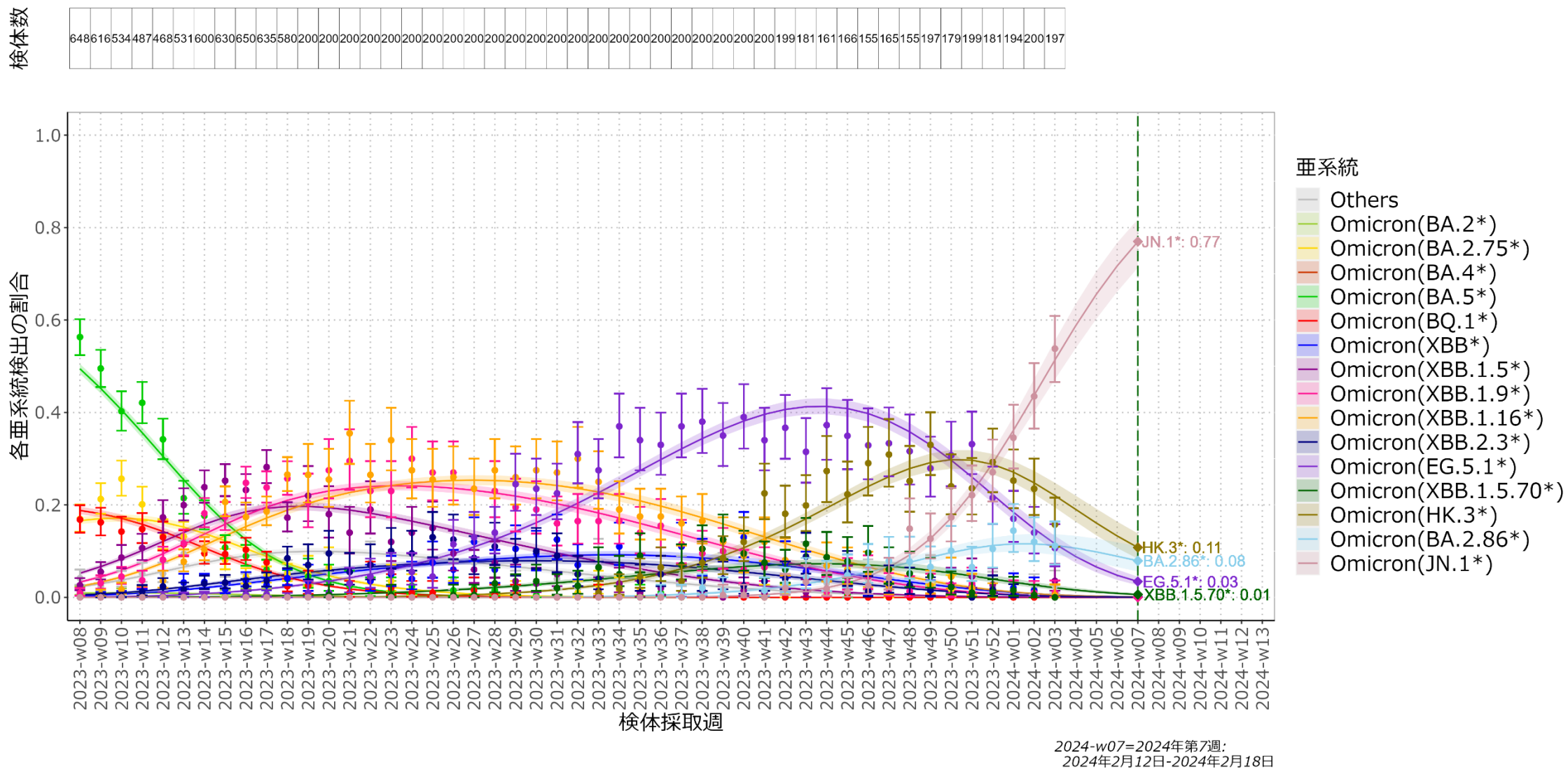
特徴

- 都道府県別のランダムな対象の抽出に厳密な基準を設定していないこと、及び各地域の対象数を考慮すると、地域(都道府県別)の偏りについては検査時点では考慮不可(後に判明)であり、地域ごとの代表性の確保はできない(原則、全国の分析のみ考慮)。
- 本サーベイランスの対象は、民間検査機関に集められた検体で、個別に医療機関を受診した症例の検査検体が中心であり、集団発生の影響が比較的少なく、実際の地域の感染状況を反映しやすいと考えられる。

補足

- 検査会社により検体の抽出方法は異なるが、全国一律の検体プールからランダムに抽出するA社に限定した場合でも全国的な傾向は同様であった。
- COG-JPに自治体から登録されたデータを使用した検出の推定と比較したところ、全国的な傾向は同様であった。

亜系統検出割合の推定(2月5日時点)-多項ロジスティック回帰モデル(国立感染症研究所)



点は検体採取週ごとの亜系統の検出割合、バーは95%信頼区間の上限と下限を表す。亜系統が占める割合の推定を各色ライン、95%信頼区間を淡色帯で示す。
 BA.2*はBA.2.75*、BA.2.86*およびJN.1*を除く。BA.2.86*はJN.1*を除く。BA.5*はBQ.1*を除く。XBB*はXBB.1.5*、XBB.1.9*、EG.5.1*、HK.3*、
 XBB.1.16*およびXBB.2.3*を除く、XBB.1.5*はXBB.1.5.70*を除く XBB.1.9*はEG.5.1* およびHK.3*を除く、EG.5.1* はHK.3*を除く(*下位系統を含む)。
第7週ではJN.1*が77%、HK.3*が11%、BA.2.86*が8%、EG.5.1*が3%、XBB.1.5.70*が1%を占めると推定される。