

# 宮崎県で発生した新型コロナウイルスの分子疫学調査（第一報）

三好めぐみ 宮原加奈 西田倫子 三浦美穂 吉野修司 杉本貴之 黒田誠<sup>1)</sup>

## Molecular epidemiological survey of novel coronavirus which occurred in Miyazaki prefecture (the first report)

Miyoshi Megumi, Miyahara Kana, Nishida Michiko, Miura Miho,  
Yoshino Shuji, Sugimoto Takayuki, Kuroda Makoto

### 要旨

本県では2020年3月4日に、初めて新型コロナウイルス感染症（COVID-19）患者が確認され、2020年3月よりSARS-CoV-2の解析を行っている。得られた解析データから宮崎県のハプロタイプ・ネットワーク図を作成し、疫学情報とネットワーク図を照合した。その結果、高鍋保健所管内で発生したクラスターでは39名中5名は管外であったが、解析結果及び疫学情報から全て高鍋保健所管内の陽性者と関連があった。延岡保健所管内で発生したクラスターでは25名中2名が管外であったが、延岡保健所管内の陽性者の関連があった、また都城保健所管内では、2系統のウイルスが存在していた。

キーワード：新型コロナウイルス，COVID-19，SARS-CoV-2，ハプロタイプ・ネットワーク図

### はじめに

COVID-19はSARS-CoV-2により引き起こされ、主な感染経路は飛沫感染や接触感染である。潜伏期間は1日～14日で、発症2日前から発症後7～10日間程度、感染力があると考えられている。

COVID-19は2019年12月に中国で発生が確認され、日本では2020年1月15日に初めて患者が確認された。本県では2020年3月4日に初めて患者が確認され、2021年1月31日までに1820件の陽性が報告されている。

また、2020年3月より国立感染症研究所病原体ゲノム解析センターで、国内のSARS-CoV-2の解析を行っており、本県の検体も病原体ゲノム解析センターに送付した。今回得られた解析データから本県のハプロタイプ・ネットワーク図を作成すると共に、疫学情報とネットワーク図を照合して得られた知見を報告する。

### 対象

2020年3月から2020年10月までに、当研究所でSARS-CoV-2陽性となった患者検体のうち、Ct値32未満で、病原体ゲノム解析センターで解析できた114検体を対象とした。

### 方法

「感染研・地衛研専用」SARS-CoV-2遺伝子検出・ウイルス分離マニュアルVer.1.0に従い、リアルタイム one-step RT-PCR法にて検査を行った。陽性であった検体のうちCt値32未満のものを病原体ゲノム解析センターに送付し、次世代シーケンサーで解析した。そのデータから、本県のデータのみを抽出しハプロタイプ・ネットワーク図を作成し、疫学情報と照合した。

---

<sup>1)</sup>国立感染症研究所 病原体ゲノム解析研究センター

## 結果

本県のハプロタイプ・ネットワーク図を図1に示す。

2020年3月4日に宮崎市保健所管内で1例目が発生し、次いで3月16日に高千穂保健所管内で2例目が確認された。疫学情報より、1例目はアメリカロサンゼルス、2例目はイギリスへの滞在歴があり、ゲノム解析でも他の陽性例とは離れたところに位置していた。

7月から第2波が始まり、7月末に高鍋保健所管内でクラスターが発生した。このクラスターでは、39名中5名は管外であったが、解析結果及び疫学情報から全て高鍋保健所管内の陽性者と関連があった。また、このクラスターと同一ゲノムの集団を解析すると、地方別では九州が63%、次いで関西が31%であった。また本県は全国の59%であった(図2)。

8月上旬には延岡保健所管内でもクラスターが発生し、25名中2名が日向保健所管内で、この2名は延岡の陽性者の接触者だった。

また、都城保健所管内では、2系統のウイルスが存在していることが判明した。

図1で示した矢印の集団と同一ゲノムの集団を解析すると、九州が77%、関東が16%を占めていた。本県は全国の2%であった(図3)。

## 考察

今回は、新型コロナウイルス感染者等情報把握・管理システム(HER-SYS)と、各保健所からの提供名簿等からの疫学情報をネットワーク図と照合したが、感染経路を特定できなかった事例が多かった。ネットワーク図を完成させるためには各保健所の協力と詳細な疫学情報が必要であると感じた。

陽性検体において、Ct値の低い(コピー数が多いと推定される)ものは全ゲノムをカバーするRNA断片が存在すると考えられるが、Ct値が高い(コピー数が少ないと推定される)ものは全ゲノムをカバーする程のRNA断片が存在しない可能性が高いため、解析できないことがある<sup>1)</sup>。

また、全国の陽性になった全ての検体が病原体ゲノムセンターに送付されているわけではないことから、全国のデータの不足や偏りがあり、特定のゲノムの流行している地域が限定的なのか全国的なのか、正確な情報を掴むことが困難である。

今後、保険適用検査の普及によりデータを得ることがさらに困難になると予想されるが、ゲノム解析により得られる知見も多いことから、積極的な調査と情報収集が求められるものと思われた。

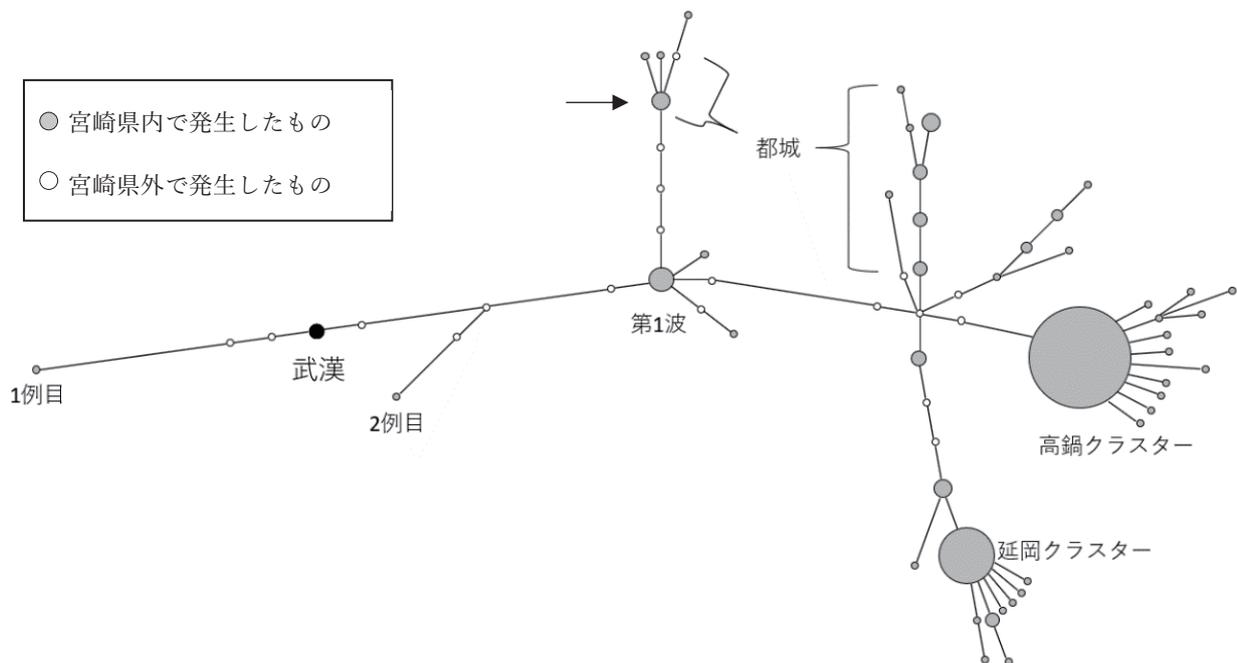


図1 宮崎県のハプロタイプ・ネットワーク図

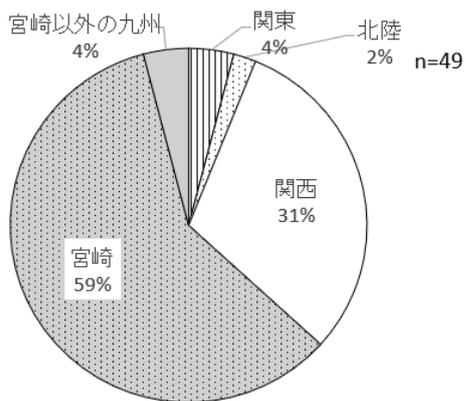


図2 高鍋クラスターと同一ゲノムに属する地方別の割合

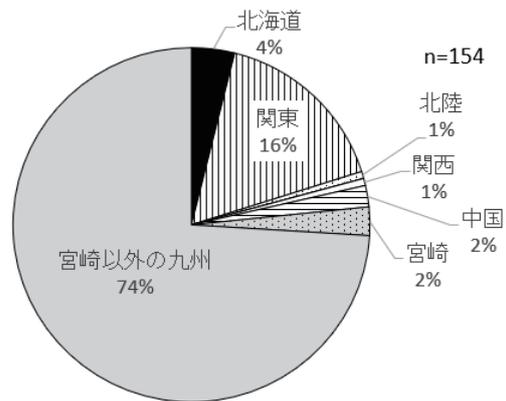


図3 都城保健所管内で発生した集団と同一ゲノムに属する地方別の割合

### 謝辞

本調査の実施にあたり、ご協力頂きました県内各保健所の関係各位に深謝いたします。

### 文献

- 1) Kentaro I, Tsuyoshi S, Makoto K, et al. nCoV-2019 sequencing protocol for illumina V.2 1 protocols.io 2020