

宮崎県で発生した新型コロナウイルスの分子疫学調査（第三報）

微生物部 ○三好 めぐみ、成田 翼、水流 奈己、
宮原 加奈、吉野 修司、杉本 貴之

1 はじめに

新型コロナウイルス感染症(COVID-19)は2019年12月に中国で確認され¹⁾、日本での流行は現在(2021年12月16日)までに第5波まで確認されている。本県では現在までに6139件の陽性が報告されており、第4波及び第5波はSARS-CoV-2の変異株が注目され、全ゲノム解析の重要性が増した。2021年6月から当所でも全ゲノム解析を開始し、解析データ数が増加したことから、ハプロタイプ・ネットワーク図を更新し、新たに得られた知見を第三報として報告する。

2 対象

2020年3月から2021年9月までに本県でSARS-CoV-2陽性となった患者検体のうち、全ゲノム解析が終了し、かつハプロタイプ・ネットワーク図に用いることのできた496例を対象とした。

3 方法

本県でSARS-CoV-2陽性となった検体について、国立感染症研究所病原体ゲノム解析研究センターの「新型コロナウイルスゲノム解析プロトコル」に従い、全ゲノム解析を実施した。さらにPOP ARTを用いてハプロタイプ・ネットワーク図を作成し、疫学情報と照合した。

4 結果及び考察

本県全体のハプロタイプ・ネットワーク図を図1、アルファ株に限ったネットワーク図を図2、デルタ株に限ったネットワーク図を図3に示す。

県内1例目はアメリカ、2例目はイギリスへの滞在歴があり、Pango系統も他の検体とは異なっており、かつネットワーク図でも離れたところに位置していた。2020年3月からの第1波はPango

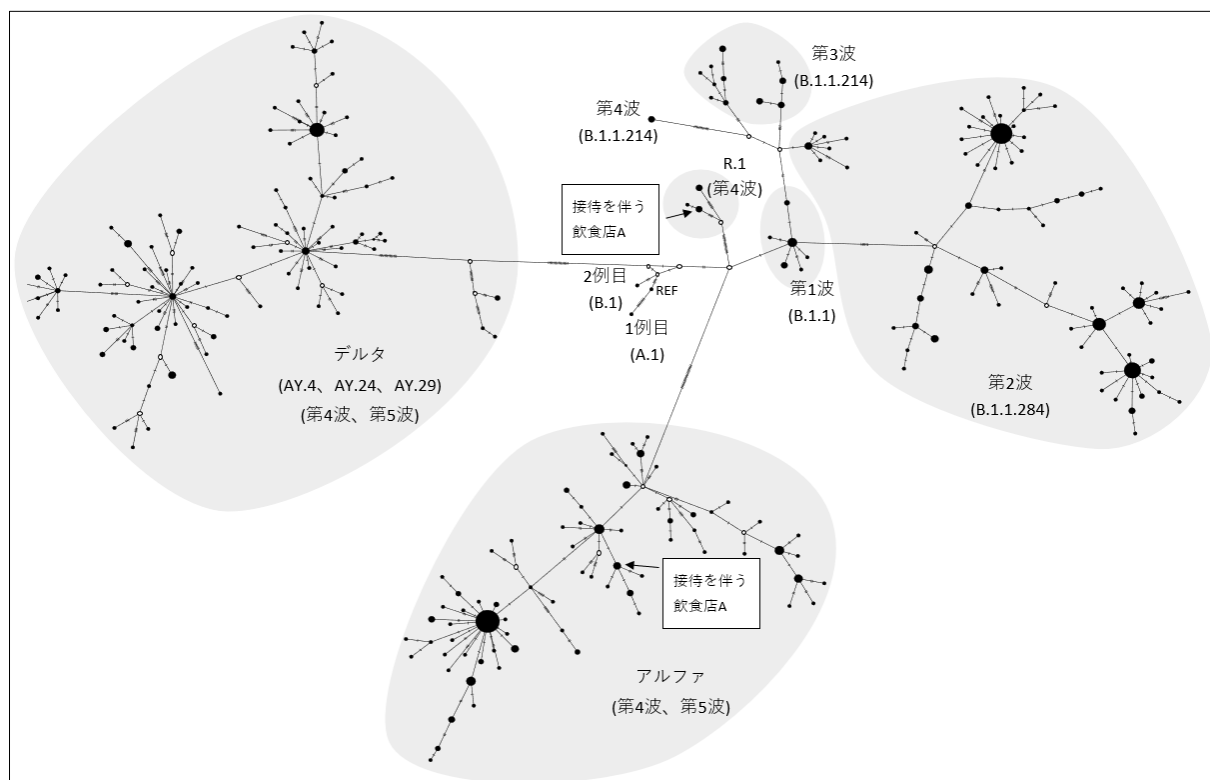


図1 本県全体のハプロタイプ・ネットワーク図

系統 B.1.1 であった。第 2 波は B.1.1.284 が大部分を占めていたが、一部に B.1.1.214 を含んでいた。第 3 波は B.1.1.214 のみであった。第 4 波は B.1.1.214、R.1、B.1.1.7 (アルファ株)、デルタ株が混在していたが、アルファ株が大部分を占めていた。第 5 波はアルファ株を含むが、ほとんどがデルタ株であった。(図 1)

接待を伴う飲食店 A は R.1 とアルファ株の両方が存在することから、異なる経路から流入したことが推測された。(図 1) また、接待を伴う飲食店 B 関連及び職場 D も同様に、アルファ株内ではあるが流入経路が異なることが示唆された。(図 2)

デルタ株は、ほとんどが AY.29 で、一部に AY.4 と AY.24 が認められた。本県で最初に検出されたデルタ株は外国籍の患者 (矢印 1) で、同時期に県在住者 (矢印 2) からデルタ株が検出されたが、Pango 系統も異なり、かつネットワーク図での位置も離れていたことから、関連はないことが確認された。また、デルタ株では隣り合う事例の塩基の変異数が多いことから、1 つ 1 つの事例は個別に発生している可能性が高く、事例同士の関連は低いと考えられた。このことから、国際的に人の動きが今までより活発だったため、国内外問わず各地から県内に COVID-19 が流入し、第 5 波が起こったと考えられた。(図 3)

感染拡大防止のためには、リアルタイムに近い形で全ゲノム解析を行い、流入経路の情報を保健所に提供することで、接触者の対象期間や人数を変更して検査を行うことが有効と考えられた。感染経路不明だった事例で、遺伝子配列が同一または近い場合は、未知の共通点について重点的に疫学調査する必要もあると考えられた。

全ゲノム解析可能検体の一部が解析できていないので、今後も解析を進めて、有益な情報を提供していきたいと考えている。

謝辞

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

参考文献

- 1) 加藤康幸, 西條政幸, 徳田浩一 他. はじめに. 新型コロナウイルス感染症 COVID-19 診療の手引き 2020 ; 1 : 3.

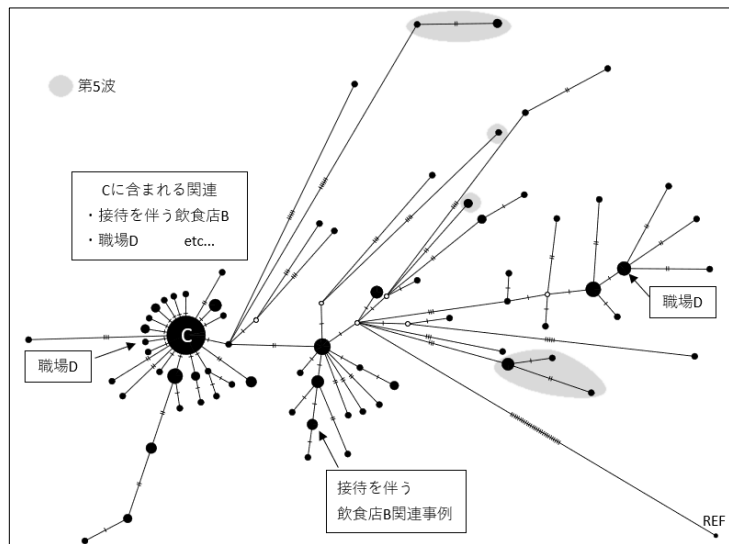


図 2 本県で発生したアルファ株のハプロタイプ・ネットワーク図

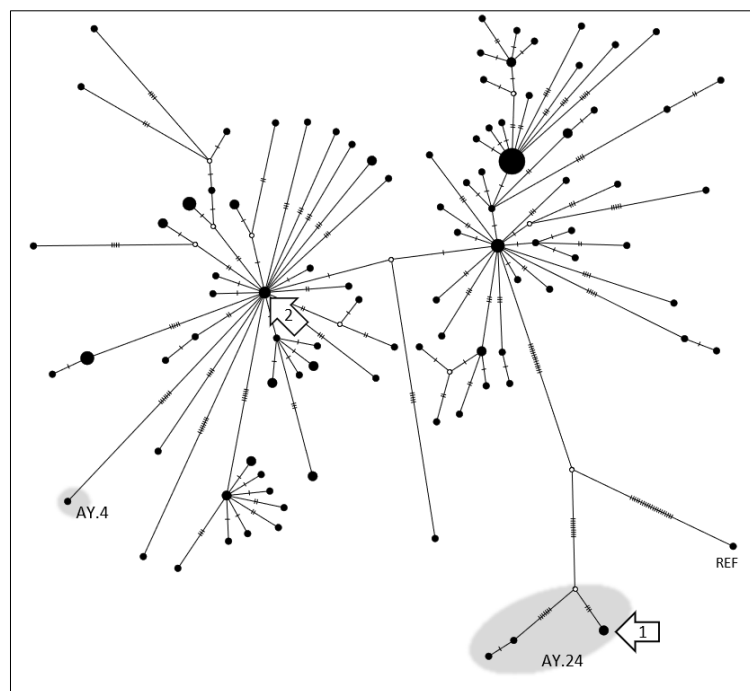


図 3 本県で発生したデルタ株のハプロタイプ・ネットワーク図