

全ゲノム解析により明らかとなった 施設内における 新型コロナウイルス混合感染

微生物部

○水流奈己 宮原加奈 新田真依子
成田翼 三浦美穂 吉野修司

1

新型コロナウイルス感染症

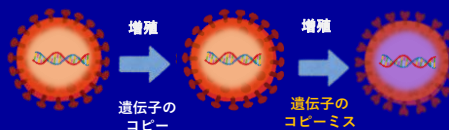
病原体: SARS-CoV-2

感染経路: 飛沫感染、接触感染

潜伏期間: 1~14日

感染可能期間: 発症2日前~発症後7から10日

変異: 約2週間に1か所の頻度で変異が起こる



2

遺伝子情報収集システム

GISAID



COG-JP (COVID-19 Genomic Surveillance Network in Japan)

国立感染症研究所が管理している、国の新型コロナウイルス感染症のゲノム情報を保管するゲノムサーベイランスシステム



(新型コロナウイルスゲノムデータベース) 2020年11月11日現在
登録数: 6,000

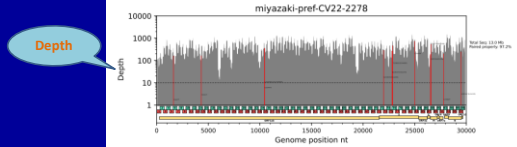
全ゲノム解析の実施方法



3

全ゲノム解析の実施方法

#	User Check	Project Name	Collection Date	Coverage (%) (ref length:29903)	Mix Allele Frequency	Lineage (pangolin)	
15	<input type="checkbox"/>	Low quality	miyazaki-pref-CV23-167	20230112	96.8231%	0%	BE.4.1 (version: 4.1.3)
16	<input type="checkbox"/>	GISAID-OK	miyazaki-pref-CV23-172	20230112	99.6857%	0%	BF.7 (version: 4.1.3)
17	<input type="checkbox"/>	GISAID-OK	miyazaki-pref-CV23-161	20230112	99.2409%	0%	BQ.1 (version: 4.1.3)
18	<input type="checkbox"/>	GISAID-OK	miyazaki-pref-CV23-176	20230112	98.4918%	0%	BN.1 (version: 4.1.3)
19	<input type="checkbox"/>	GISAID-OK	miyazaki-pref-CV23-178	20230112	99.6823%	0%	BA.5.2 (version: 4.1.3)
20	<input type="checkbox"/>	GISAID-OK	miyazaki-pref-CV23-155	20230112	99.7258%	0%	BF.5 (version: 4.1.3)
21	<input type="checkbox"/>	GISAID-OK	miyazaki-pref-CV23-151	20230112	98.7326%	0%	BA.5.2.1 (version: 4.1.3)
22	<input type="checkbox"/>	GISAID-OK	miyazaki-pref-CV23-130	20230112	99.7057%	1.28205%	BF.7 (version: 4.1.3)



4

全ゲノム解析の実施方法

Coverage (%) (ref length: 29903)	リファレンス株の全ゲノムの配列 (29903) に対して、どれだけ読むことができるか
Depth	読み取り深度 (読み取った回数)
Mix Allele Frequency	混合塩基の頻度
Lineage (pangolin)	国際的な系統分類 変異株の呼称として広く用いられている (BA.1 BA.2...など)

5

混合感染株の確認

VarScan-modifiedのファイルの確認

CHROM	POS	REF	ALT	PG-408946
MN908947.3	241	C	T	1/1,255,53,53:0.53:100%:1.5943E-31:0.41:0.0:39:14:T
MN908947.3	640	G	T	0/1:167:102:102:56:46:45:1%:1.8899E-17:56:52:31:25:22:2:4:K
MN908947.3	670	T	G	1/1:255:348:348:0:348:100%:1.0061E-208:0:46:0:0:291:57:G
MN908947.3	1627	C	T	1/1:255:122:122:0:122:100%:6.9324E-73:0:48:0:0:122:0:T
MN908947.3	2790	C	T	1/1:255:139:139:0:139:100%:4.3066E-83:0:53:0:0:69:70:T

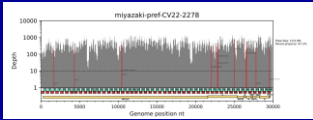
変異の箇所 変異塩基 変異割合

6

混合感染が疑われる事例1

◎ PG-408946株

Collection Date ...	Coverage (%) (ref length:29903)	Mix allele frequency	Lineage (pangolin)
20220826	99.6723%	20.9302%	BF.1 (version: 4.1.2)



BF.1以外に含まれている株は？

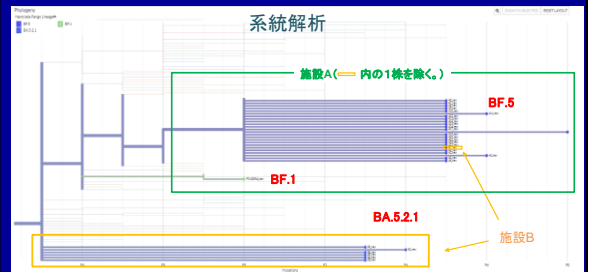
系統解析

施設Aの患者株23株
施設B(施設Aと同じ系列)の患者株7株

7

事例1

PG-408946株は、BF.1:BF.5=57.9%:39.7%(中央値)



8

考察

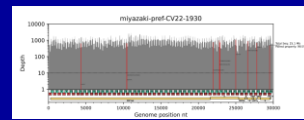
- ◎ 当該患者は、施設内での感染に加え異なる経路での感染があったと考えられた。
- ◎ 施設A・Bは職員等を介して感染が交差していることが推測された。

9

混合感染が疑われる事例2

PG-333400株

Project Name	Collection Date ...	Coverage (%) (ref length:29903)	Mix allele frequency	Lineage (pangolin)
CV22-1930	20220810	99.7057%	27.7108%	BF.27 (version: 4.1.3)



BF.27以外に含まれている株は？

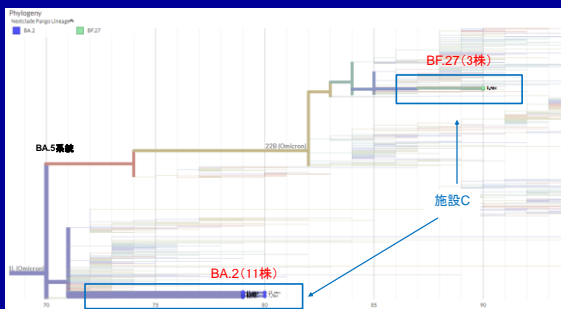
系統解析

施設Cの患者株13株

10

事例2

PG-333400株は、BF.27:BA.2=75.0%:21.8%(中央値)



11

考察

- ◎ 当該患者は、同時期に施設内に持ち込まれた2つの系統に感染したと推測された。
- ◎ 当該患者は、入所者に接する職員であり、感染拡大の要因である可能性もある。

12

まとめ

◎ SARS-CoV-2の混合感染におけるリスク

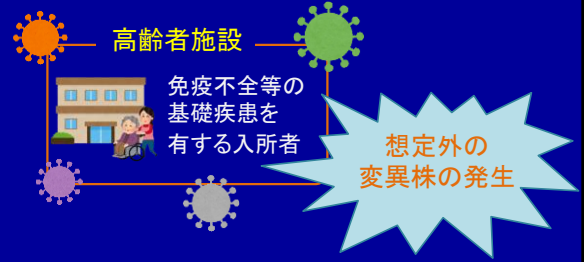
- 1 重症化する可能性
- 2 感染期間の長期化
- 3 組み換え等による突然変異の出現



ゲノムサーベイランスの継続が重要

13

まとめ



重点的な感染対策と監視が必要

14