

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)

三好めぐみ¹⁾ 成田翼 水流奈己 宮原加奈 吉野修司 杉本貴之²⁾**Molecular epidemiological survey of novel coronavirus
which occurred in Miyazaki prefecture (the third report)**Miyoshi Megumi, Narita Tsubasa, Tsuru Nami,
Miyahara Kana, Yoshino Shuji, Sugimoto Takayuki

要旨

新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の日本での流行は 2021 年 12 月末までに第 5 波まで確認されており、本県では 12 月末までに 6,139 例の陽性が報告されている。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。当研究所でも全ゲノム解析を開始して解析データ数が増加したため、ハプロタイプ・ネットワーク図を更新した。第 4 波は Pango 系統 B.1.1.214, R.1, B.1.1.7 (アルファ株) 及びデルタ株が混在していた。第 5 波はアルファ株とデルタ株が混在していた。また 3 事例のクラスターにおいて、流入経路が複数存在することが判明した。

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 2019 年 12 月に中国で確認され¹⁾、日本での流行は 2021 年 12 月末までに第 5 波まで確認されている。本県では 2021 年 12 月までに 6,139 件の陽性が報告されているが、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 月から当研究所でも全ゲノム解析を開始し、特に第 4 波及び第 5 波の解析が進んだことから解析データ数が増加した。そのためハプロタイプ・ネットワーク図を更新して疫学情報と照合し、新たに得られた知見を第三報として報告する。

した。表に定義した各波の期間を示す。なお、第 3 波は未解析事例が多いため症例数が少ない。

表 各波の期間

波	期 間
1~3 例目	2020.03.04~ 2020.03.16
第 1 波	2020.04.02~ 2020.04.11
第 2 波	2020.07.04~ 2020.09.14
第 3 波	2020.11.15~ 2021.03.07
第 4 波	2021.03.27~ 2021.06.20
第 5 波	2021.06.21~ 2021.09.28

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、次世代シーケンサー及びゲノム解析研究センター作成ソフト「COG-JP」を用い

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ができた 496 例を対象と
微生物部 1)現県立延岡病院 2)現中央保健所

て全ゲノム解析を行った。フリーソフト「POP ART」を用いてハプロタイプ・ネットワーク図を作成し、ネットワーク図と疫学情報を照合した。

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、アルファ株のみのネットワーク図を図 2、デルタ株のみのネットワーク図を図 3 に示す。

本県 1 例目はアメリカ、2 例目はイギリスでの滞在歴があり、Pango 系統も他の症例と異なり、かつ、ネットワーク図でも離れたところに位置していた。

第 1 波は Pango 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) 及び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

方が存在したことから、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 もアルファ株内ではあるが、同様に流入経路が異なることが示唆された (図 2)、全ゲノム解析がリアルタイムで実施できていれば、疫学調査の見直しができた可能性が考えられた。

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、同時期に県在住の患者 (矢印 2) からデルタ株が検出されたが、Pango 系統が異なり、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。第 5 波は第 4 波までと比べると、人の動きが活発だったことが推測され、国内外問わず各地から本県に SARS-CoV-2 が流入し、第 5 波が起こったと示唆された (図 3)。

ゲノム解析では感染経路が不明だった事例等でも遺伝子配列が同一または近いものが検知さ

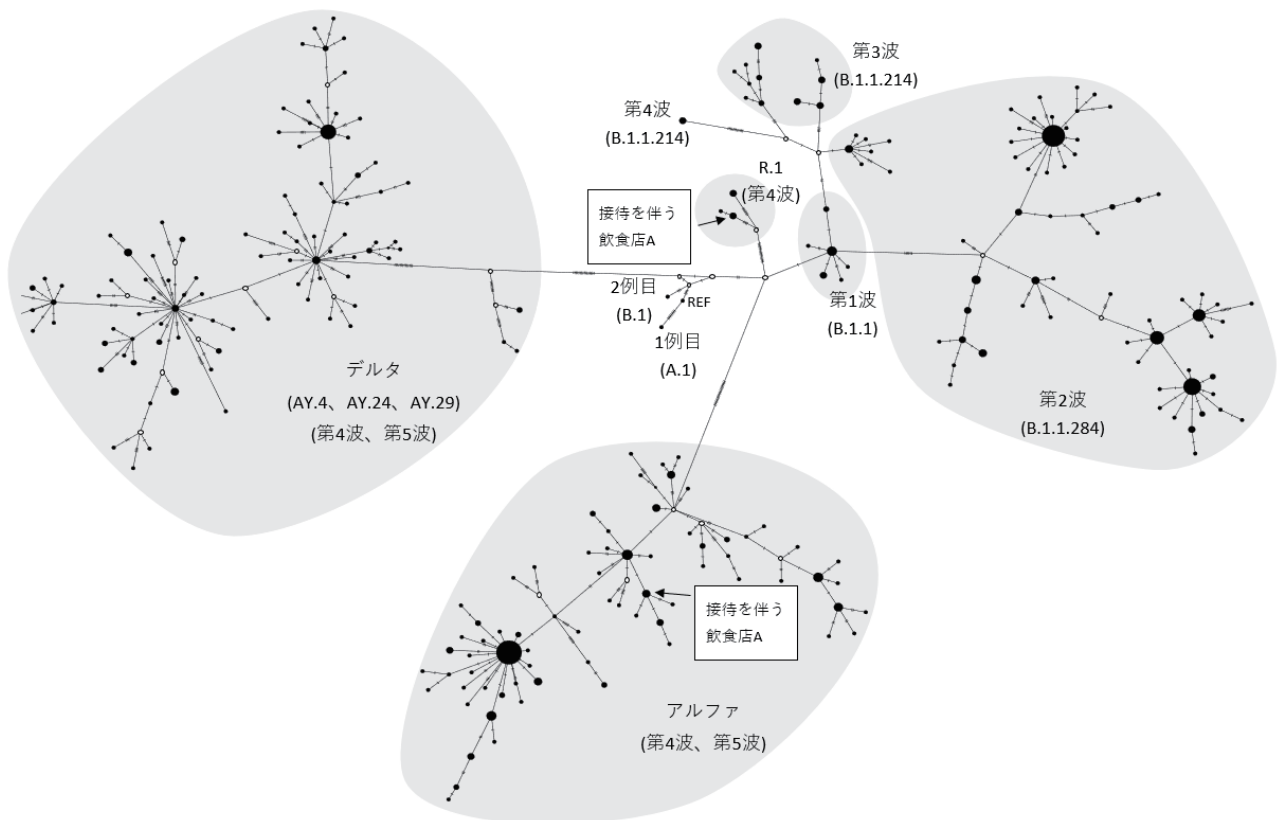


図 1 本県全体のハプロタイプ・ネットワーク図

れば疫学調査により未知の共通点を見つけ出せる可能性があり、感染拡大防止のためには、よりリアルタイムに近い形で全ゲノム解析を行い、得られた情報を速やかに保健所に還元することが重要だと考えられる。

今後も第 6 波を含めた未解析検体の全ゲノム解析を進めてネットワーク図を更新し、第 4 報として報告する予定である。

本調査の実施にあたり、ご協力頂きました県内各保健所及び感染症対策室の関係各位に深謝いたします。

文献

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

謝辞

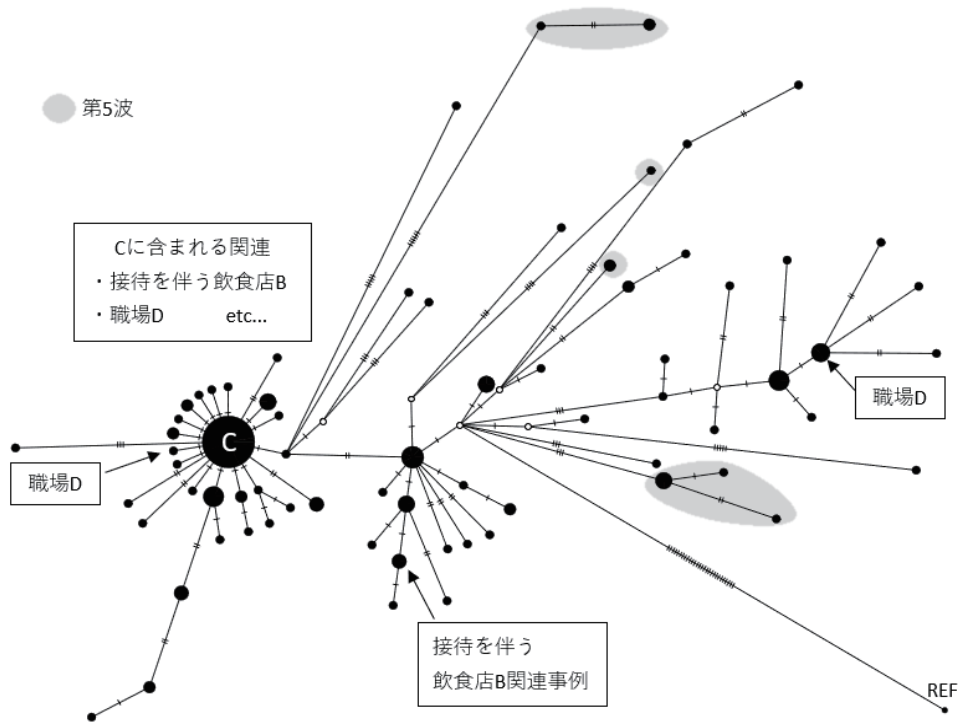


図 2 本県で発生したアルファ株のハプロタイプ・ネットワーク図

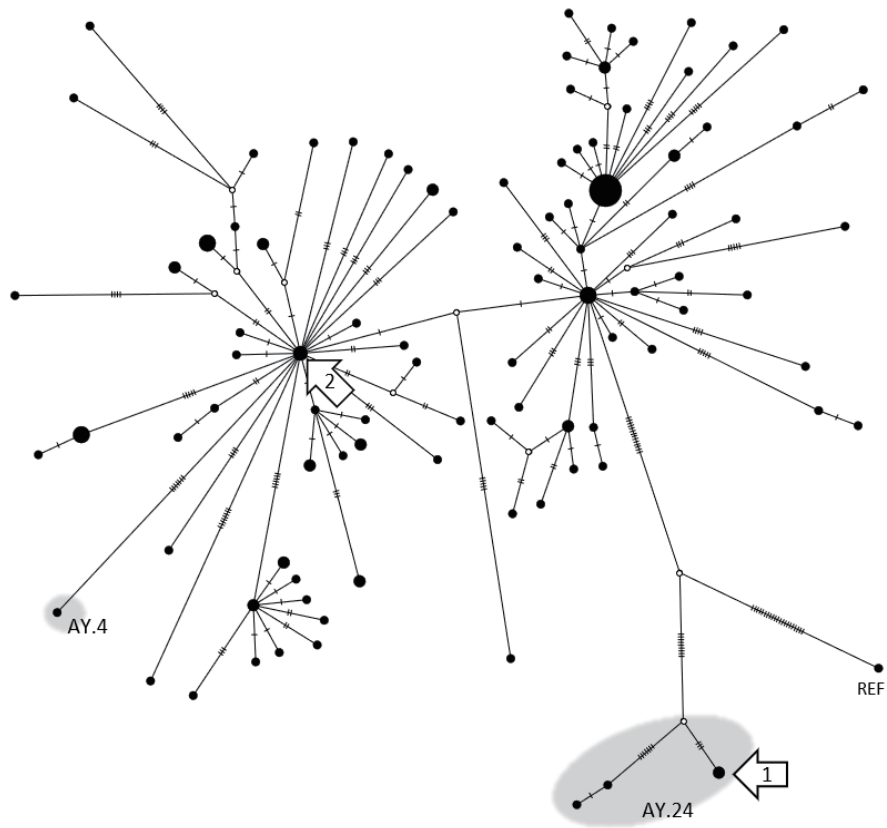


図 3 本県で発生したデルタ株のハプロタイプ・ネットワーク図