

茨城県における SARS-CoV-2 の全ゲノム解析の活用について

茨城県衛生研究所

○後藤慶子、石川莉々子、新堀もなみ、大久保朝香、
大澤修一、樫村 諒、吉田大輔、柳岡利一

【目的】

当所では早期から SARS-CoV-2 PCR 検査陽性検体について全ゲノム解析を実施し、積極的疫学調査の補足情報として活用している。今回、COVID-19 のクラスター発生があり、それらの関連性の解析に全ゲノム解析が有効であったため、その概要を報告する。

【材料と方法】

2020 年 3 月から 2021 年 8 月に SARS-CoV-2 検査で陽性となった 2,514 検体の抽出 RNA を用い、糸川らが開発した方法に準じてライブラリーを作製後、次世代シーケンサー (NGS) により全ゲノム解析を行った。NGS は iseq および Miseq (illumina 社) を使用した。ゲノム配列は、国立感染症研究所が提供する Web アプリケーションを使用した。

【結果】

SARS-CoV-2 陽性検体 2,514 検体中 2,246 検体で SARS-CoV-2 の全長配列を得た。

事例 1：2020 年 11 から 12 月に A 病院で COVID-19 の発生があった。PCR 検査による SARS-CoV-2 陽性となった検体のうち、11 名について全ゲノム解析を実施した。全ゲノム解析の結果、Pangolin 系統(version: 2021-08-09) B.1.1.214 は 10 名、B.1.428 は 1 名であった。

事例 2：2021 年 1 から 2 月に同一保健所管内の 3 施設で COVID-19 の発生があった。PCR 検査による SARS-CoV-2 陽性となった検体のうち、B 病院 11 名、C 病院 8 名、D 施設 1 名について全ゲノム解析を実施した。B 病院および D 施設は全て Pangolin 系統 (version: 2021-08-09) B.1.346 であり、C 病院は全て B.1.1.214 であった。

【考察】

事例 1 は、1 名を除き同一の系統であった。異なる系統であった 1 名は、積極的疫学調査より県外陽性者と接触歴があり、異なる感染機会があったと推察された。事例 2 は、関連性が疑われた 3 施設のうち、2 つの医療機関では異なる系統が検出されたことから、2 施設間の関連性は低いことが示唆された。今回、積極的疫学調査に加え、ゲノム解析結果を還元することは、詳細な疫学調査の一助となった。

当所では、2018 年に研究事業で Miseq を設置し、運用実績があった。また、NGS を用いる研究班や、NGS を有する近隣県の会議に参加していたことから、自施設での SARS-CoV-2 全ゲノム解析を早い時期から取り組むことができた。今回の COVID-19 の発生を経

験し、平時より新しい技術を学び、他機関と情報共有することは重要であることを認識した。