

次世代シーケンサ全ゲノム解析による COVID-19 院内クラスターの感染経路解析

©梶原 亮佑¹⁾、宮本 直樹¹⁾、田代 尚崇¹⁾、大坪 直広¹⁾、堀田 吏乃¹⁾、川野 祐幸¹⁾
久留米大学病院 臨床検査部¹⁾

【はじめに】新型コロナウイルス感染症は、現在まで様々な変異を繰り返しながら流行しており、2022年6月現在、オミクロン BA.2 系統が国内における感染の主流となっている。地方都市でもクラスター発生が報告されているが、次世代シーケンサ（以下、NGS）を用いた地方都市の感染経路に関する報告は依然として少ない。今回我々は、地方都市における感染経路解析のため、当院で発生した院内クラスター検体と市中感染検体に対して、NGSを用いた全ゲノム解析を実施したので報告する。

【対象】久留米大学病院で2022年3月から5月の間に SARS-CoV-2 PCR 検査陽性となった57検体を対象とした。内訳は、院内クラスター（院内群）18検体と、市中感染（市中群）39件とした。

【方法】対象検体から Maxwell RSC Instrument (Promega) による核酸抽出を行い、Genexus (ThermoFisher) によるシーケンシングおよびゲノムデータ解析を行った。また、Nextclade および Pangolin による Pango 系統の分類、系統樹解析を行い、

PopART によるネットワーク解析を実施した。

【結果および考察】院内群18検体中17検体（94%）が BA.2.24 であった。残り1検体は BA.2 であり、系統樹解析から他の院内群と異なる感染経路であることが推察された。市中群における BA.2.24 は39検体中15検体（38%）であり、院内群は市中群と比較し BA.2.24 の割合が有意に高かった（ $p < 0.01$ ）。ネットワーク解析では、市中群 BA.2.24 に比べ、院内群 BA.2.24 にはゲノム多様性がないことから、単一侵入経路から院内感染伝播が生じた可能性が示唆された。

【まとめ】NGSによる全ゲノム解析を用いることで市中感染と院内感染の関連性の検討が可能であり、感染状況の疫学調査や院内感染の伝播経路解析に有用である事が示された。今後は、症例を蓄積し、地域における感染経路の解析を進める予定である。

連絡先：0942-35-3311（内線 5445）