


学部長	所属長	本部長	副本部長	室長
				

令和4年 3月 15日

理事長 殿

学長 殿

令和3年度“オール近大”新型コロナウイルス感染症  
対策支援プロジェクト研究報告書

標記の件に関しまして、別紙のとおり報告いたします。

また、本研究報告の内容は、近畿大学学術情報リポジトリ（KURepo）に公開する旨、承諾いたします。

1. カテゴリー	<input checked="" type="checkbox"/> 研究 <input type="checkbox"/> 開発・提案    /カテゴリーNo 10
2. 企画題目	次世代シーケンス解析による新型コロナウイルス院内感染のメカニズム解明

研究代表者

所属： 医学部 消化器内科職・氏名： 准教授・渡邊 智裕

# 令和3年度“オール近大”新型コロナウイルス感染症 対策支援プロジェクト研究報告書

企画題目	次世代シーケンス解析による新型コロナウイルス院内感染のメカニズム解明
研究者所属・氏名	研究代表者：医学部消化器内科 渡邊智裕 共同研究者：医学部消化器内科 三長孝輔 鎌田研 原茜

## 1. 研究、開発・提案 目的及び内容

近大医学部消化器内科では新型コロナウイルスの院内感染を経験した。院内感染の総数は30名を超えるかなり大規模なクラスターであった。実際に院内感染に対応した内科医として感じたことはその感染力の凄まじさであり、これまでの感染症の常識を超える感染のスピードと拡散の速さであった。新型コロナウイルスによる院内感染については、その対応策・防止策については過去の院内感染事例を参考にするだけでは対応が不可能である。そこで、本研究では院内感染を引き起こしたウイルスの次世代シーケンス解析を行い、新型コロナウイルスの院内伝播パターンを明らかにすることと効果的な院内感染の防止策を提言することを目指した。

## 2. 研究、開発・提案 経過及び成果

院内感染事例36例について、次世代シーケンス解析を実施した。36例中2例については、Sequence depthが十分ではなく、解析対象から除いた。残りの34例については、RNAシーケンスが完了し、全領域の遺伝子配列を決定した。遺伝子配列結果を元に、ウイルスの進化系統樹を作成した。その結果、以下の事実が判明した。

- 1) 34症例全てがS領域の6塩基CAUGUCを欠失していた。これはアルファ株に特徴的な遺伝子異常である。
- 2) 34症例全てにおいて、ORF1ab領域の9塩基を欠失していた。
- 3) 系統樹解析から、今回の消化器内科病棟におけるクラスターはアルファ株の亜型であることが判明した。
- 4) 東京において2021/02/15に確認された本邦でのアルファ株とも少し配列が異なり、このアルファ株が変異し、進化したものが近大消化器内科病棟において、クラスターを起こしたと考えられる。

このように、我々はシーケンス解析とウイルス進化系統樹解析を行い、今回のクラスターがアルファ株の亜型であることを明らかにした。

この結果を元に、変異解析を行った。変異解析では以下の事実を見出した。

- 1) 34症例のうち、4症例はG4300U変異を2症例はC2487U変異を獲得していた。
- 2) G4300U変異は同じ病室に滞在していた。

今回のクラスターでは医師・看護師など医療従事者には感染者は生じておらず、感染は医療従事者経由ではなく、もっぱら患者間で伝播されている。わずか1週間の間に大量に患者間でウイルスが伝播したのはアルファ株の亜型による感染力の凄まじさを物語っている。患者間でのウイルス伝播形式については、同じ病室患者において、同じ遺伝子変異を認めており、何らかの感染媒介因子の存在が考えられる。現在、疫学調査とウイルスの全ゲノム解析結果の照合作業を続けている。また、今回のクラスターを起こしたアルファ株の亜型が大阪で当時、流行したアルファ株と同一のものなのか解析中である。

### 3. 本研究と関連した今後の研究、開発・提案 計画

新型コロナウイルスの院内感染事例について、疫学的調査とウイルス全ゲノム解析を組み合わせたものはほとんど報告されていない。実際に、今回の検討では

- 1) ウイルスがほとんど変異をすることなく、瞬く間に感染が院内に拡散する。
- 2) 変異は少ないとはいえ、変異を共有する患者が存在し、何らかの感染媒介因子がある
- 3) 従来、想定されていた医療従事者による感染媒介ではなく、患者間で感染が拡散するを明らかにできた。

現在、疫学因子と全ゲノム解析結果を照合し、新型コロナウイルスの院内感染のメカニズム解明と感染防御方法の提案を目指している

### 4. 研究成果の発表等

発表機関名	種類(著書・雑誌・口頭)	発表年月日(予定を含む)

### 5. 研究、開発・提案 課題の成果発表等

#### **Transmission Dynamics of Intra-hospital Outbreak Caused by SARS-CoV-2 $\alpha$ variant at the University Hospital in Osaka, Japan**

Akane Hara<sup>1\*</sup>, Kosuke Minaga<sup>1\*</sup>, Haruhiko Takeda<sup>2</sup>, Atsushi Takai<sup>2</sup>, Ken Kamata<sup>1</sup>, Hirofumi Toda<sup>3</sup>, Koichiro Yoshida<sup>4</sup>, Hiroshi Seno<sup>2</sup>, Masatoshi Kudo<sup>1</sup>, Tomohiro Watanabe<sup>1</sup>

上記論文を現在 準備中