

組み合わせることによって感染経路を解明できたことから、本研究で用いた手法は、疫学調査を支援できることが示唆された。

③ データベースの活用

①で作成したデータベースを用いて、以下の解析を行った。

- ・ COVID-19感染症検査陰性検体の病原体検索を行い、ヒトメタニューモウイルス、ライノウイルス、インフルエンザウイルスB型が検出された。
- ・ 医療機関と協力し、6ヶ月以上SARS-CoV-2が検出され続けた悪性リンパ腫入院患者1名のSARS-CoV-2ゲノム配列の変化を解析した。
- ・ 2名以上の家庭（708家庭）について、変異株の種類別に家庭内感染率を集計し、オミクロン株は他の変異株に比べ家庭内感染率が1.87～2.81倍高いことが示された。

4) 県民の健康の保持又は環境の保全への貢献

本研究によって、COVID-19の感染経路に関する知見を集積でき、疫学調査を支援する手法を確立できた。本手法は、今後、パンデミックが発生した場合にも有効であると考えられる。

5) 調査研究結果の獨創性、新規性

全ゲノム解析は他の地衛研でも実施しているが、疫学情報の共有が困難であるという理由から、疫学情報と全ゲノム解析を統合できた研究報告は全国的に少なく有用性が高い。実際に、COVID-19流行下で迅速にデータを収集、解析し、クラスター発生場所の管轄保健所とディスカッションし、現場の調査に活用できたことは新規性がある。また、県域のみならず、他自治体（福岡市、北九州市など）と連携した点も獨創性がある。

6) 成果の活用状況（技術移転・活用の可能性）

本研究によって得られた知見のうち、データベースに関することについて、県庁・保健所・当所間で共有及び認識統一し、平時から運用しておくことで、次のパンデミック発生時にCOVID-19発生時よりも円滑な情報分析が可能となる。また、データベースの整備により、欲しい情報を迅速に出力することが可能になり、刻々と変化する感染状況に対応するための施策立案に貢献できる。さらに、入院調整のように医療機関との連携時も、固有IDを活用することで、患者の転帰管理が省力化できる。

疫学情報と全ゲノム解析を突合した解析結果によって、福岡県内のCOVID-19の感染実態が明らかとなり、次のパンデミック発生時に備えた歴史的参考資料としての活用が見込まれる。

7) 当該調査研究課題に関する発表等

① 行政に対する情報提供

- ・ 令和2年度～令和5年度までに新型コロナウイルス感染症に関する勉強会を保健所と計33回開催し、情報提供を行った。
- ・ 事例集を各保健福祉（環境）事務所並びにがん感染症疾病対策課に送付し、情報提供を行う予定。

② 県民への情報提供（保環研ニュース・年報・新聞報道等）

- ・ 日本公衆衛生学会発行 令和4年度地域保健総合推進事業「新型コロナウイルス感染症の対応記録」にて、当所の取組を紹介した。

③ 学会誌掲載、学会発表

論文等掲載

- ・ 上田沙織ら, COVID-19感染症検査陰性検体の病原体検索-福岡県-, IASR, 41, p84-85, 2020.
- ・ 上田沙織ら, 福岡県保健環境研究所における新型コロナウイルス感染症(COVID-19)に係る検査・解析・研修等の対応について(2020年1月-2021年3月), 福岡県保健環境研究所年報第48号, p98-101, 2020.
- ・ 上田沙織ら, 福岡県における新型コロナウイルスの検査体制強化と検査数の推移(2020年1月～2021年6月), 福岡県保健環境研究所年報第48号, p102-106, 2020.
- ・ Yoji Nagasaki et al., A case of a Malignant Lymphoma Patient Persistently Infected with SARS-CoV-2 for More than 6 Months. Medicina 2023, 59, 108.
- ・ Asako Nakamura et al., Detection of Respiratory Viruses in SARS-CoV-2-Negative Specimens from January to March 2020 in Fukuoka, Japan. Jpn J Infect Dis. 2022 Nov 22;75(6):627-630.

学会発表

- ・ 中村麻子ら, 福岡県で実施したCOVID-2019行政依頼検査陰性検体の解析, 第67回福岡県公衆衛生学会(2020.5)
- ・ 江藤良樹ら, 福岡県におけるSARS-CoV-2の遺伝系統の推移, 九州微生物研究フォーラム(日本細菌学会九州支部、日本ウイルス学会九州支部)(2021.9)
- ・ Sachiko ICHIHARA, et al., Combining epidemiological investigation and whole-genome analysis to identify COVID-19 transmission routes, 21st Federation of Asian Veterinary Associations (FAVA) Congress (2022.11)
- ・ 市原祥子, SARS-CoV-2 o株は他の変異株より家庭内で拡がりやすかったか?, 令和5年度獣医学術九州地区学会(2023.9)

④ その他（学会賞の受賞、特許出願）

なし。

8) 研究経費（年度毎に下記区分により記載のこと）

令和4年度：②経常経費(C経費)【金額：100千円、区分：県費】

令和5年度：②経常経費(C経費)【金額：100千円，区分：県費】
③外部研究費(その他)【金額：1,170千円，区分：文科省科研費】

9) 従事時間数(年度毎の従事時間数を事務概要調書を参考に記載のこと)

令和4年度：1000時間

令和5年度：180時間

10) 備考(研究を実施する上で問題・障害となった事項等があれば記載のこと。)

疫学情報と全ゲノム解析情報を統合して感染経路を解析するためには、陽性者の保健所番号、検査番号、公表番号を一元的に管理するデータベースが必要であった。しかし、(A)保健所が作成した検査対象者一覧ファイル、(B)当所が遺伝子検査用に作成した検査対象者一覧ファイル及び(C)県庁が公表用に作成した陽性者一覧ファイルには、これらを連結させるキー(固有ID等)が存在せず、氏名・年齢・性別、検体採取日、陽性判明日等の情報を基に連結する他なかった。だが、氏名の表記ゆれがある等、各ファイルの入力内容に齟齬があると電磁的な連結が機能せず、目視での確認及び修正が必要であった。データ連結の困難さは迅速な解析に影響を与えたことから、今後のパンデミックを見据え、リレーショナルデータベースの考え方を取り入れ、関係者がそれぞれ保有するデータを迅速に連結するために、平時から関係者間で固有ID等を共有する習慣が必要である。