

Title	全ウイルスゲノム解析による新型コロナウイルスの感染防御システムの開発
Sub Title	Development of infection control system for COVID-19 by whole viral genome sequencing
Author	武内, 俊樹(Takenouchi, Toshiki)
Publisher	慶應義塾大学
Publication year	2021
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2020.)
JaLC DOI	
Abstract	<p>新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の大流行は、現在全世界で喫緊の課題である。COVID-19の院内感染対策の観点からは、その感染経路推定は極めて重要である。三次医療施設において、同時に独立して発生したと思われた複数のCOVID-19クラスターに対して、感染経路不明例も含めて、新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) の全ウイルスゲノム解析を行った。ウイルスゲノムの変異パターンが、感染経路推定に対して有効であるかを検討した。その結果、鼻咽腔ぬぐい液によるPCR検査残余検体からウイルスゲノムRNAを抽出し、COVID-19の全ウイルスゲノム解析を行うことにより、実際にCOVID-19ウイルスゲノムのハプロタイプが検出可能であり、そのパターンに基づいて、感染経路推定に有用であることを示した。研究成果を英国感染症学会誌 (The Journal of Hospital Infection) に研究代表者を筆頭著者として発表した (Takenouchi T et al. Clinical utility of SARS-CoV-2 whole genome sequencing in deciphering source of infection.)。</p> <p>現在のCOVID-19パンデミックという社会情勢を考慮すると、本研究の成果を迅速に公開することにより、慶應義塾のみならず人類社会全体に貢献することが必要であると考えた。そのために、本研究を通じてCOVID-19の全ウイルスゲノム解析のために開発したアルゴリズムをインターネット上に一般公開し、自由にダウンロード可能にした。その後、この仕組みは、実際に慶應義塾大学病院および10以上の関連病院において運用され、COVID-19感染対策について効果を上げている。さらに社会全体として、持続的かつ安全に利用可能にすることが必要と考え、新型コロナウイルスのRNA抽出から次世代シーケンサーによる全ゲノム解析までの工程を一般検査会社へ技術移転した。</p> <p>The pandemic of novel coronavirus infection (COVID-19) is an urgent issue at a global level. The inference of its transmission route is critically important from the viewpoint of nosocomial infection control of COVID-19. In this study, we sequenced the whole viral genome of a novel coronavirus (SARS-CoV-2) obtained through multiple COVID-19 clusters that appeared to have occurred simultaneously and independently in a tertiary care facility. We examined its efficacy in inferring the route of infection. The present study showed that the whole viral genome sequencing is indeed useful for estimating the infection route based on the viral genome haplotype. The results were published in the Journal of Hospital Infection with the principal investigator as the first author (Takenouchi T et al. Clinical utility of SARS-CoV-2 whole genome sequencing in deciphering source of infection). In the current social situation of a pandemic, we felt it necessary to make the results available not only for Keio University but also for our entire society in a timely fashion. We made the analytic algorithm of the COVID-19 viral genome available to the public on the internet. This system has since been implemented at Keio University Hospital and more than 10 affiliated hospitals.</p>
Notes	
Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2020000008-20200246

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the Keio Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

研究代表者	所属	医学部臨床教室	職名	専任講師	補助額	1,000（特A）千円
	氏名	武内 俊樹	氏名（英語）	Toshiki Takenouchi		
研究課題（日本語）						
全ウイルスゲノム解析による新型コロナウイルスの感染防御システムの開発						
研究課題（英訳）						
Development of infection control system for COVID-19 by whole viral genome sequencing						
1. 研究成果実績の概要						
<p>新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の大流行は、現在全世界で喫緊の課題である。COVID-19 の院内感染対策の観点からは、その感染経路推定は極めて重要である。三次医療施設において、同時に独立して発生したと思われた複数の COVID-19 クラスターに対して、感染経路不明例も含めて、新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の全ウイルスゲノム解析を行った。ウイルスゲノムの変異パターンが、感染経路推定に対して有効であるかを検討した。その結果、鼻咽腔ぬぐい液による PCR 検査残余検体からウイルスゲノム RNA を抽出し、COVID-19 の全ウイルスゲノム解析を行うことにより、実際に COVID-19 ウイルスゲノムのハプロタイプが検出可能であり、そのパターンに基づいて、感染経路推定に有用であることを示した。研究成果を英国感染症学会誌（The Journal of Hospital Infection）に研究代表者を筆頭著者として発表した（Takenouchi T et al. Clinical utility of SARS-CoV-2 whole genome sequencing in deciphering source of infection.）。</p> <p>現在の COVID-19 パンデミックという社会情勢を考慮すると、本研究の成果を迅速に公開することにより、慶應義塾のみならず人類社会全体に貢献することが必要であると考えた。そのために、本研究を通じて COVID-19 の全ウイルスゲノム解析のために開発したアルゴリズムをインターネット上に一般公開し、自由にダウンロード可能にした。その後、この仕組みは、実際に慶應義塾大学病院および 10 以上の関連病院において運用され、COVID-19 感染対策について効果を上げている。さらに社会全体として、持続的かつ安全に利用可能にすることが必要と考え、新型コロナウイルスの RNA 抽出から次世代シーケンサーによる全ゲノム解析までの工程を一般検査会社へ技術移転した。</p>						
2. 研究成果実績の概要（英訳）						
<p>The pandemic of novel coronavirus infection (COVID-19) is an urgent issue at a global level. The inference of its transmission route is critically important from the viewpoint of nosocomial infection control of COVID-19. In this study, we sequenced the whole viral genome of a novel coronavirus (SARS-CoV-2) obtained through multiple COVID-19 clusters that appeared to have occurred simultaneously and independently in a tertiary care facility. We examined its efficacy in inferring the route of infection. The present study showed that the whole viral genome sequencing is indeed useful for estimating the infection route based on the viral genome haplotype. The results were published in the Journal of Hospital Infection with the principal investigator as the first author (Takenouchi T et al. Clinical utility of SARS-CoV-2 whole genome sequencing in deciphering source of infection). In the current social situation of a pandemic, we felt it necessary to make the results available not only for Keio University but also for our entire society in a timely fashion. We made the analytic algorithm of the COVID-19 viral genome available to the public on the internet. This system has since been implemented at Keio University Hospital and more than 10 affiliated hospitals.</p>						
3. 本研究課題に関する発表						
発表者氏名 (著者・講演者)	発表課題名 (著書名・演題)	発表学術誌名 (著書発行所・講演学会)	学術誌発行年月 (著書発行年月・講演年月)			
Toshiki Takenouchi, Yuka W. Iwasaki, Sei Harada, Hirotsugu Ishizu, Yoshifumi Uwamino, Shunsuke Uno, Asami Osada, Kodai Abe, Naoki Hasegawa, Mitsuru Murata, Toru Takebayashi, Koichi Fukunaga, Hideyuki Saya, Yuko Kitagawa, Masayuki Amagai, Haruhiko Siomi, Kenjiro Kosaki and Keio Donner Project	Clinical utility of SARS-CoV-2 whole genome sequencing in deciphering source of infection.	The Journal of Hospital Infection	2021 年 1 月			