

SCCmec 型分類に資するメチシリン耐性表皮ブドウ球菌のゲノミクス研究

東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科 齋藤良一



研究まとめと感想

本研究で対象とした表皮ブドウ球菌は、カテーテル関連血流感染症等の起炎菌として知られます。臨床ではメチシリン耐性株（MRSE）も存在し、その耐性を付与する可動遺伝要素 SCCmec など様々な薬剤耐性や病原性に関わる遺伝子群の獲得・再編が確認されていました。しかし、ヒト共生細菌で病原性が低いが故に本菌を対象とした研究は限られ、当然ゲノム情報から生物学的特性を探る研究はなされておりました。そのため、今回は薬剤耐性化に着目し、それに関わる SCCmec 複合体構造など国内 MRSE 株におけるゲノム特性を明らかにすることを焦点に研究を行いました。全ゲノム配列の決定やバイオインフォマティクス解析等により、本研究で用いた血流感染症患者由来 MRSE は、世界的な流行株を含む系統が優位であること、および SCCmec は宿主への定着等に関わる ACME や重金属耐性に関わる可動遺伝要素等と複合体を形成し多様性をもつことが明らかとなりました。更に、それら複合体は黄色ブドウ球菌を含むブドウ球菌属間で水平伝播する可能性が示唆されました。

この度はご支援を頂戴いたしましたこと、心より御礼申し上げます。今後も本研究を深化させながら、更に新たな研究の展開等を通して、臨床検査医学の発展に貢献できるよう努めたいと思います。