

全ゲノム解析による *Escherichia coli* ST131 パンデミッククレードの遺伝子学的特徴

©中村 彰宏¹⁾、中村 竜也²⁾、仁木 誠³⁾、口広 智一⁴⁾、山崎 勝利⁵⁾、小松 方¹⁾
天理大学¹⁾、京都橘大学²⁾、大阪公立大学医学部附属病院³⁾、公立那賀病院⁴⁾、学校法人加計学園 倉敷芸術科学大学⁵⁾

【はじめに】近年、ESBL およびカルバペネマーゼ産生 *Escherichia coli* が世界的に急増しており、その原因は sequence type 131 (ST131) クローンのパンデミックである。また、その ST131 の中でも細分類であるクレード C がパンデミッククレードとされている。本研究は全ゲノム解析を用いて、ST131 の遺伝子学的特徴を明らかにすることを目的とする。

【方法】対象は近畿耐性菌研究会にて 2005 年から 2018 年に収集し、ランダムに抽出した ESBL 産生 *E. coli* 82 株 (ST131 : 56 株 [クレード C : 29 株、A および B : 27 株]、non-ST131 : 26 株)、カルバペネマーゼ産生 *E. coli* 39 株 (ST131 : 27 株 [C : 20 株、A および B : 7 株]、non-ST131 : 12 株) とした。対象株は全て DNeasy PowerSoil Pro Kit (QIAGEN 社) で DNA 抽出し、MiSeq (Illumina 社) を用いて測定した。各種バイオインフォマティクス処理後に得られたドラフトゲノム配列は CGE ウェブサイトの ResFinder v4.0、PlasmidFinder v2.1 および VirulenceFinder v2.0 にて検索し、遺伝子学的特徴を比較した。

【結果および考察】プラスミドレプリコンタイプは IncF (特に IncFIA および IncFII) が ST131 で有意であり ($p < 0.001$)、特に IncFIA はクレード C で有意であった ($p < 0.001$)。抗菌薬耐性遺伝子は各種 QRDR 変異が ST131 で有意であった ($p < 0.001$)。また、クレード C における *dfp* 遺伝子は他のクレードより保有率が有意に低かった ($p < 0.001$)。病原遺伝子では線毛接着因子 *iha*、*yfcV*、*papA*、莢膜因子 *kpsM*、シデロフォア関連因子 *fyuA*、*iucA/C*、*sitA*、外膜関連因子 *chuA*、*ompT*、尿路感染特異的蛋白因子 *usp* は、ST131 において有意であった ($p < 0.001$)。また、血清抵抗因子 *iss* は、クレード C で有意であった ($p < 0.001$)。本研究は ST131 およびそのパンデミッククレードの遺伝子学的特徴を明らかにし、パンデミックの原因を追究する一助となる。

天理大学 医療学部 臨床検査学科
中村彰宏
0743-63-7811 (内線 334 or 549)