

# Origin and molecular evolution of the determinant of methicillin-resistance in staphylococci

メタデータ	言語: English 出版者: 公開日: 2011-03-20 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 椿下, 早絵 メールアドレス: 所属:
URL	<a href="https://jair.repo.nii.ac.jp/records/2001043">https://jair.repo.nii.ac.jp/records/2001043</a>

順天堂大学 博士 (医学)

氏名 椿下 早絵

論文題目 Origin and molecular evolution of the determinant of methicillin-resistance in staphylococci

(ブドウ球菌属におけるメチシリン耐性遺伝子の起源と分子進化)

論文内容の要旨

メチシリン耐性黄色ブドウ球菌 (Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: MRSA) は 1961 年の最初の報告以来, 最も重要な多剤耐性病原体のひとつである。MRSA は, メチシリン感受性黄色ブドウ球菌の染色体上にメチシリン耐性スタフィロカセット染色体 (SCCmec) を外来性に獲得することによって誕生する。SCCmec はメチシリン耐性をコードする *mec gene complex* と SCCmec の染色体上への挿入および染色体からの切り出しを担うリコンビナーゼをコードする *ccr gene complex* の二つの重要な因子から成り立っている。SCCmec は, ブドウ球菌の菌種間を伝播していることが示唆されているが, その起源については未だ明らかとなっていなかった。我々は, まだ研究の進んでいない動物由来のブドウ球菌に着目し, 本論文で, メチシリン耐性遺伝子の起源に関する新しい知見について報告した。

動物由来ブドウ球菌 *Staphylococcus* (*S.*) *fleurettii* の染色体上に SCCmec に含まれる *mec gene complex* と nucleotide identity が 99% 以上である遺伝子構造を確認し, その周囲の構造から *mec gene complex* の起源が *S. fleurettii* の染色体上に保存されていることを明らかにした。さらに動物由来ブドウ球菌 *S. vitulinus* および *S. sciuri* はメチシリン耐性遺伝子の homologue を保有し, それらの周囲の構造を解析したところ, *S. fleurettii*, *S. vitulinus* および *S. sciuri* の 3 菌種間で遺伝子構造が似ていた。*S. fleurettii*, *S. vitulinus* および *S. sciuri* は近縁の菌種であり, これらの結果から, メチシリン耐性遺伝子およびその homologue の発生は種分化と関連していることが示唆され, *S. fleurettii* はメチシリン耐性遺伝子を最近, 獲得したのではなく, 種が誕生した際にすでに獲得していたことも明らかとなった。