

POT 法を利用した *Klebsiella* 属菌の分子疫学解析

◎加藤 菜々恵¹⁾、羽尻 千紘¹⁾、藤原 麻有¹⁾
京都橘大学 健康科学部 臨床検査学科¹⁾

【目的】*Klebsiella* 属は、呼吸器系や消化器系など様々な医療関連感染症の患者から分離されており、本菌のなかには過粘稠性を示し、高い病原性を有する株が存在する。さらに近年、国内で基質特異的拡張型 β ラクタマーゼ (ESBL) 産生株の分離率が増加傾向にあり、院内感染対策および治療の観点からも医療施設における動向調査は重要である。本研究では、*Klebsiella* 属菌を対象に PCR-based Open reading frame typing (POT) 法を用いて分子疫学解析を行ったので報告する。

【材料と方法】臨床材料から分離された *Klebsiella* 属 26 株 (ESBL 20 株, non-ESBL 6 株) を対象とした。Nonogaki らの報告 (2022) をもとに 25 種類のプライマーを用いて POT 法を実施し、検出されたバンドの有無から POT 値を算出した。その他、mixture に含まれる薬剤耐性遺伝子 (ESBL 遺伝子型)、病原遺伝子 (莢膜型 K1・*rmpA/A2*) の保有状況を調査した。また、Multilocus Sequence Typing (MLST) により ST を決定し、POT 法との比較を行った。

【結果】対象 26 株の POT 値は多様な値を示し、特定クローンの拡散は認められなかった。POT1-2 が一致した株はいずれも ST が一致しており、MLST との相関性が認められた。ESBL 遺伝子型は、CTX-M-1 group が最も多く 16 株 (80%) であった。病原遺伝子は莢膜血清型 K1 を 1 株、*rmpA/A2* を 6 株認めた。

【考察】本研究の結果より、POT 法を用いた *Klebsiella* 属の分子疫学解析は、MLST との相関性が高いことが示唆された。本法は薬剤耐性遺伝子や高病原性遺伝子を同時に解析可能であり、臨床現場における感染対策に有用であることが考えられた。

連絡先：075-574-4429