

Systematic analysis of plasmids of the *Serratia marcescens* complex using 142 closed genomes

ナガノ, デボラ サチエ

<https://hdl.handle.net/2324/7182351>

出版情報 : Kyushu University, 2023, 博士 (医学) , 課程博士
バージョン :
権利関係 : © 2023 The Authors



氏 名： NAGANO DEBORA SATIE

論文名： Systematic analysis of plasmids of the *Serratia marcescens* complex using 142 closed genomes

(セラチアマルセッセンスコンプレックスにおける142株の完全長ゲノム配列を用いた体系的プラスミド解析)

区 分： 甲

論 文 内 容 の 要 旨

プラスミドは細菌のゲノム多様化に重要な役割を果たしている。セラチア・マルセッセンスとその近縁種 (*Serratia marcescens* complex ; SMC)においても、我々が最近行った600株以上の概要ゲノム配列の解析から、細菌のゲノム多様化へのプラスミドの顕著な貢献が示唆されている。しかし、概要ゲノム配列での正確なプラスミド解析は困難であった。

本研究では、SMC全体をカバーする142株の完全長ゲノム配列 (67株の配列は本研究で決定) を解析し、77株において132種類のプラスミド (サイズは1.9 -244.4 kb) を同定した。臨床/非臨床株間では平均プラスミド保有数に有意な差はなかったが、2つの“病院適応”系統の一つであるクレード2に属する株は他のクレード株よりも多くのプラスミドを保有していた。パンゲノム解析によって同定した28,954 遺伝子の12.8%はプラスミドにのみ存在し、1.4%は菌株によってプラスミドまたは染色体に存在した。後者のグループでは、トランスポゾン関連遺伝子が最も多かったが (機能が推定できた遺伝子の31.4%)、抗菌薬や重金属に対する耐性遺伝子の割合も有意に高かった (22.7%)。マッシュ距離に基づいたクラスタリングにより、132のプラスミドは23のクラスターと50のシングルトンに分かれたが、ほとんどのクラスター/シングルトンのGC含量は宿主染色体のGC含量よりも有意に高く、これらのプラスミドはSMC菌株によって最近あるいは比較的最近に獲得されたことが示唆された。23クラスターのうち、17は臨床株のみあるいは非臨床株のみに存在したことから、プラスミドの分布が宿主菌の生息環境に依存することが示唆された。宿主菌の系統 (クレード) に関しては16のプラスミドクラスターが2つ以上のクレードに分布していたことから、これらのプラスミドのクレード間伝播が示唆された。さらに、多くのクラスター/シングルトンについて、非常によく似たプラスミドが他の菌種において見出されたことから、SMC菌株で見出されたプラスミドの多くが属、科、目、綱、さらには門を超えた広い潜在的宿主域を持つことが明らかになった。特に重要な点は、SMC菌株のプラスミドと非常によく似たプラスミドが肺炎桿菌 (*Klebsiella pneumoniae*) と腸内細菌科 (family Enterobacteriaceae) の他の菌種に最も頻繁に存在したことであり、この知見は腸内細菌科、特に肺炎桿菌がSMC菌株とのプラスミド交換の主要な場であることを示唆する。

以上の解析結果から、プラスミドの解析における完全長ゲノム配列の有用性が明確になるとともに、SMCにおけるプラスミドの特性についての重要な知見が得られた。