

ペニシリン耐性肺炎球菌における マクロライド耐性遺伝子の保有状況の解析

富田 亜紀子^{1,2)} 篠田 陽子^{1,2)} 安原 努²⁾
三辺 武幸¹⁾

1) 昭和大学藤が丘病院耳鼻咽喉科 2) 昭和大学医学部臨床病理学教室

2004年11月から2005年5月に分離された*S.pneumoniae*496株で、 β ラクタムおよびマクロライド耐性化の検討を行った。CLSI基準に従ったPSSPは25.8%、PISPは35.9%、PRSPは38.3%で、EM耐性85.3%、CMA耐性は76.2%であった。期間中の連続して検出された90株について、ペニシリン耐性の原因となるpbp1a, pbp2b, pbp2xの変異とマクロライド耐性遺伝子を検討した。PBP変異の数の多い株が、PCGに対し高いMICを示したが、PSSPの約半数にはpbp2b変異が存在した。マクロライド耐性遺伝子は14員環系と16員環系に耐性を誘導するermBが、14員環系のみ耐性を誘導するmefAより多く検出された。pbp遺伝子変異を有する72株のうち、65株(90.3%)はマクロライド耐性遺伝子を保有していた。*S.pneumoniae*の多剤耐性化が遺伝的に明確となった。