

ヒト、ブタ由来 *Mycobacterium avium* の MIRU-VNTR 型別解析による比較

○高橋 弘泰¹, 稲垣 孝行^{1,2}, 市川 和哉^{1,2}, 日比谷 健司³, 中川 拓⁴, 打矢 恵一¹, 二改 俊章¹, 小川 賢二^{2,4} (¹名城大薬, ²NHO東名古屋病院臨床研究部, ³琉球大院医, ⁴NHO東名古屋病院呼吸器科)

【目的】非結核性抗酸菌症の一つである *Mycobacterium avium* complex (以下 MAC) 症は人獣共通感染症であり、宿主であるブタとヒトの関係が指摘されてきた。しかし、両者の関係については十分に明らかではない。そこで、本研究はブタやヒト由来の *M. avium* を VNTR 型別解析法にて比較検討した。

【方法】*M. avium* の DNA の抽出は InstaGene Matrix (Bio-Rad Laboratories) を用いて行った。プライマーは Thibault ら¹⁾ の MIRU-VNTR 型別解析法に用いられたものを使用し、解析ソフトは Quantity-One (Bio-Rad Laboratories) を用いて対象 VNTR 領域の塩基対数を推定した。各 VNTR 領域の反復回数よりマンハッタン距離を求め、Fitch-Margoliash 法を用いて系統樹を作成し、比較検討を行った。

【結果および考察】系統樹解析の結果、菌株鑑別能力 (HGDI) を算出したところ 0.963 であった。そして、日本人 (HIV 陽性、陰性の混在) 由来菌株、フランス人 (HIV 陽性) 由来菌株、ブタ由来菌株、それぞれが固有のクラスターを形成した。このことから日本人由来、ブタ由来、フランス人由来菌株は別の菌株であると考えられた。現在、MAC 症は世界的に人獣共通感染症といわれている。しかし、今回行った解析ではヒトおよびブタ由来菌株は異なり、また、感染する菌株は国によって異なることが示唆された。

【参考文献】 1. Thibault VC, Grayon M, Boschirola ML, Hubbans C, Overduin P, Stevenson K, Gutierrez MC, Supply P, and Biet F. : J. Clin. Microbiol. 45:2404-2410.