

*Mycobacterium avium* における経気道感染株と経腸感染株での特徴的新規遺伝子領域の保有状況の比較

○黒河 和広<sup>1,2</sup>, 高橋 弘泰<sup>1,2</sup>, 打矢 恵一<sup>1</sup>, 新美 政樹<sup>1,2</sup>, 八木 哲也<sup>3</sup>, 市川 和哉<sup>2</sup>, 稲垣 孝行<sup>1,2</sup>, 森山 誠<sup>1,2</sup>, 西森 敬<sup>4</sup>, 日比谷 健司<sup>5</sup>, 二改 俊章<sup>1</sup>, 小川 賢二<sup>6</sup>(<sup>1</sup>名城大薬, <sup>2</sup>NHO東名古屋病院臨床研究部, <sup>3</sup>名大病院中央感染制御部, <sup>4</sup>動衛研, <sup>5</sup>琉球大院医, <sup>6</sup>NHO東名古屋病院呼吸器科)

【目的】*Mycobacterium avium* 感染症には、ブタ、HIV 陽性患者への経腸感染による全身播種と基礎疾患を持たないヒトへの経気道感染による肺 MAC(*Mycobacterium avium* complex)症がある。これまでの研究から、VNTR (variable number of tandem repeat) 型別解析によりこれら 2 つの感染を引き起こす細菌は遺伝学的に異なる可能性が報告されている。しかし、この違いについては明確な理由はわかっていない。現在、HIV 陽性患者由来株ではすでに全塩基配列が決定している基準株 (*M. avium*104 NC008595) が存在する。そこで、本研究では全塩基配列決定が行われていない経気道感染株の遺伝子的特徴を調べる目的で塩基配列解析を行った。

【方法】菌株は経気道感染株(n=107)、経腸感染株(ヒト n=33、ブタ n=44)、基準株を用いた。経気道感染株の塩基配列を Genome sequencer FLX system(Roche)により解析し、経気道感染株に特異的な新規遺伝子の探索を行った。また、その遺伝子の保有率を PCR 法により調べ、経腸感染株と経気道感染株で比較検討を行った。

【結果・考察】経気道感染株を解析したところ、基準株には存在しない特徴的な領域(約 200kbp)が得られた。その領域の保有率は、経気道感染株が有意に高いことがわかった(経気道感染株 33.64% 経腸感染株 6.49% P<0.01)。この結果より、新規領域の有無は経気道感染株と経腸感染株の *M. avium* が遺伝学的に区別できる可能性が示唆され、この遺伝子の機能解析が感染様式の解明につながると考えられた。今後、この新規領域の全塩基配列を決定し、その機能解析を行っていく予定である。