

肺 MAC 症患者由来臨床分離株と基準株 *Mycobacterium avium*104 (HIV 陽性患者由来) のゲノム比較

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

【目的】*Mycobacterium avium* は HIV 陽性患者における日和見感染の起因菌として知られているが、基礎疾患を持たない患者において肺 *M. avium* complex (MAC)症が増加している。消化管感染により発症する HIV 陽性患者と異なり、肺 MAC 症は経気道感染すると考えられている。これらの感染症の起因菌は、我々の Variable Numbers of Tandem Repeats (VNTR)型別解析により、遺伝学的に異なることを報告してきた。現在、HIV 陽性患者由来株である *M. avium*104(NC008595)の全ゲノムはすでに解読されており、本研究では起因菌の遺伝学的な違いを解明するため、肺 MAC 症患者由来株のゲノム解析を行い、*M. avium*104 と比較検討した。

【方法】肺 MAC 症患者由来臨床分離株 (HN135) のゲノムを Genome Analyzer II (Illumina)により解析した。そこから得られた遺伝子断片を遺伝子解析ソフト MUMmer により、*M. avium*104 に対してマッピングを行い、ゲノムの比較を行った。

【結果・考察】HN135 のシーケンス解析の結果、592 本の遺伝子断片が得られた。マッピングの結果、HN135 のゲノムは *M. avium*104 (約 5.5Mbp)の 84.5%と相同性を示し、残りの 15.5%は HN135 には存在しない *M. avium*104 特有の領域であると考えられた。一方で 592 本の遺伝子断片のうち、121 本(約 420kbp)は *M. avium*104 ゲノムと相同性が低かったため、HN135 特有の新規遺伝子群を含んでいる可能性が示唆された。このように同じ *M. avium* であるが、遺伝学的特徴が大きく異なることが示された。さらに遺伝子の欠損や新規遺伝子がどのような機能を示し、病態に関与していくのか検討していくことで、*M. avium* 感染症の感染様式の違いや肺 MAC 症の増加の原因などの病原体側要因の解明の一助となるのではないかと考えている。