

# 30amE-186

健常人の居住環境および河川から分離した *Mycobacterium avium* complex の分子疫学的解析

○一條 知昭<sup>1</sup>, 中本 小百合<sup>1</sup>, 岩本 朋忠<sup>2</sup>, 加藤 朋子<sup>1</sup>, 山口 進康<sup>1</sup>, 那須 正夫<sup>1</sup>(<sup>1</sup>阪大院薬, <sup>2</sup>神戸市環境保健研)

【目的】MAC (*Mycobacterium avium* complex) 症の患者数は1990年代以降、先進国を中心に世界中で増加している。水環境で生じたエアロゾルが感染の媒介となっていると考えられているものの、環境中でのMACの動態が不明であることから、未だ感染源、感染経路は明らかとなっていない。感染経路の解明にあたっては、遺伝子型にもとづいた分子疫学的手法が有効である。本研究では、健常人の居住環境および自然環境からMACを分離し、その遺伝子型を解析した。

【方法】居住環境のサンプリング：健常人の住居64件について、浴槽の風呂釜流出入口から滅菌した綿棒を用いて、バイオフィルムを採取した。自然環境のサンプリング：大阪府、兵庫県を流れる神崎川-猪名川水系において、上流、中流、下流から表層水を5L採集した。分子疫学的解析：各試料からMACを分離し、19-lociを対象としたVNTR (variable number of tandem repeat) 法によりgenotypingを行った。得られた結果は、Minimum Spanning Treeとして展開した。

【結果および考察】居住環境、自然環境からそれぞれ、43株、10株の *M. avium* を分離し、VNTR法に供した。得られたVNTRプロファイルと、これまでに得られている臨床分離株(146株)、患者居住環境分離株(37株)のVNTRプロファイル (Iwamoto et al., *Infect. Genet. Evol.*, 2012) と比較すると、それぞれが類似した遺伝子型を示した。すなわち、患者居住環境のみならず、幅広い環境に臨床分離株と類似した遺伝子型の *M. avium* が存在しており、ヒトは様々な環境で感染を引き起こしうる *M. avium* に暴露されている可能性がある。