

【目的】非結核性抗酸菌症は、1990年頃から先進国を中心に患者報告者数が急増し、社会問題化している。感染は主に環境中の非結核性抗酸菌への暴露により生じる。患者数を減らすためには予防が最も重要であるが、本菌の環境内動態は不明であることから、予防の基本である感染源、感染経路の解明には至っていない。そこで本研究では、感染源のひとつとして考えられている土壤に着目し、抗酸菌の現存量およびその群集構造を分子微生物生態学的手法により明らかとした。

【方法】大阪大学吹田キャンパス内の23地点の表層土壤（庭園3ヶ所、樹木下10ヶ所、植生のある土壤6ヶ所、植生のない土壤4ヶ所）および植木鉢土壤4ヶ所を採取し、土壤中の微生物よりDNAを抽出した。細菌、抗酸菌の現存量は、それぞれ16S rRNA 遺伝子、*atpE* 遺伝子を標的とした定量的PCR法により測定した。また、抗酸菌の群集構造は *hsp65* 遺伝子を標的としたアンプリコンシーケンスにより決定した。

【結果と考察】対象とした土壤において細菌、抗酸菌の現存量はそれぞれ $10^7 \sim 10^9$ cells/g、 $10^5 \sim 10^7$ cells/g であり、乾燥している試料を除き、抗酸菌は全細菌に対し0.1~10%の比率で存在していることがわかった。また、群集構造解析により多様な種の非結核性抗酸菌が存在していることが明らかとなった。これらのうち、臨床上重要な *Mycobacterium avium* に着目したところ、(1)今回対象とした土壤には幅広く存在すること、(2)乾燥と湿潤を繰り返す環境において優占する可能性があることを見出した。当研究室では身の回りの水環境においても検討を進めており、これらの結果を統合して考察することにより、非結核性抗酸菌の感染源の理解に貢献できると考えている。