

## 水圏環境中に潜む非結核性抗酸菌とその感染リスク

国立感染症研究所 ハンセン病研究センター 感染制御部

深野 華子、星野 仁彦

非結核性抗酸菌 (Non-tuberculous Mycobacteria: 以下NTM) は、結核菌に代表される *Mycobacterium tuberculosis complex* と、ハンセン病原菌である *Mycobacterium leprae*、*Mycobacterium lepromatosis* を除いた全ての抗酸菌を指し、その菌種は190種を超えている<sup>1,2)</sup>。これらNTMは土壌や水中などの環境中に普遍的に存在していることが知られており、結核やハンセン病のように人から人への伝播は起こらないとされているが、その感染経路は未だ明確にされていない<sup>3)</sup>。人から人への伝播は起こらないとされているにも関わらず、近年、日本国内における肺NTM症の患者数は140,000人を超えており、2014年における一年あたりの新規患者数は結核の患者数より格段に多い19,000人に並ぶ新興感染症である<sup>4)</sup>。

NTM症患者数は増加する一方で、NTM症の感染源やその感染経路、リザーバーの存在等については殆ど明らかになっておらず、NTM症のコントロールには、これらの研究推進が急務である。特に、動物における感染例や環境からのNTM分離例は知見が非常に乏しいことから、One Health Approachingによる今後の研究が待たれる分野である。

本シンポジウムでは、発表者がこれまでに経験してきた水棲生物（養殖魚類あるいは飼育下両生類）を中心とした動物のNTM症の症例を紹介するとともに、近年、国内の限局した地域に居住する人における感染・発症例の相次いでいる *Mycobacterium shigaense* 感染症の解析について紹介した。

*M. shigaense* は2009年初めて報告された皮膚疾患原因菌であり、2018年までに全世界で7例の報告があるがそのうち5例が滋賀県の患者である<sup>5,9)</sup>。また、我々の研究グループでは、周辺の自然水環境中から *M. shigaense* を単離し、患者由来臨床分離株とそれら環境由来分離株

を双方を使用した次世代シーケンサー (Illumina, Oxford Nanopore Technology) を使ったデータにより比較ゲノム解析を実施したところ、それらが非常に近縁なクローンであり、遺伝的多様性が非常に低いNTMであることが明らかとなってきた。

### 文献

- 1) Hoshino Y, Suzuki K. Differential diagnostic assays for discriminating mycobacteria, especially for nontuberculous mycobacteria: what does the future hold? *Future Microbiol* 2015;10:205–16.
- 2) Forbes BA. Mycobacterial taxonomy. *J Clin Microbiol* 2017;55:380–3. d
- 3) Bryant JM, Grogono DM, Rodriguez-Rincon D, Everall I, Brown KP, Moreno P, et al. Emergence and spread of a human-transmissible multidrug-resistant nontuberculous mycobacterium. *Science* (80-) 2016;354:751–7.
- 4) Namkoong H, Kurashima A, Morimoto K, Hoshino Y, Hasegawa N, Ato M, et al. Epidemiology of Pulmonary Nontuberculous Mycobacterial Disease, Japan(1). *Emerg Infect Dis* 2016;22:1116–7.
- 5) Fukano H, Yoshida M, Kazumi Y, Fujiwara N, Katsuyama K, Ogura Y, et al. *Mycobacterium shigaense* sp. nov., a slow-growing, scotochromogenic species, is a member of the *Mycobacterium simiae* complex. *Int J Syst Evol Microbiol* 2018;68:2437–42.
- 6) Naito D, Mizumoto C, Takeoka T, Tsuji M, Tomo K, Kazumi Y, et al. Case Report; A case of disseminated *Mycobacterium shigaense* infection. *Nihon Naika Gakkai Zasshi* 2016;105:717–22.
- 7) Nakanaga K, Hoshino Y, Wakabayashi M, Fujimoto N, Tortoli E, Makino M, et al. *Mycobacterium shigaense* sp. nov., a novel slowly growing scotochromogenic mycobacterium that produced nodules in an erythroderma patient with severe cellular immunodeficiency and a history of Hodgkin's disease. *J Dermatol* 2012;39:389–96.
- 8) Koizumi Y, Shimizu K, Shigeta M, Minamiguchi H, Hodohara K, Andoh A, et al. *Mycobacterium*

shigaense Causes Lymph Node and Cutaneous Lesions as Immune Reconstitution Syndrome in an AIDS Patient: The Third Case Report of a Novel Strain Nontuberculous Mycobacterium. Intern Med 2016;55:3375–81.

9) Cui P, Vissa V, Li W, Zhang X, Lin L, Wang H, et al. Cutaneous Mycobacterium shigaense infection in immunocompetent Woman, China. Emerg Infect Dis 2013;19:819–20.

---

## The risk of Non-tuberculous mycobacterium infection in aquatic environment.

Department of Mycobacteriology, Leprosy Research Centre, National Institute of Infectious Diseases

Hanako Fukano, Yoshihiko Hoshino

**Summary** Nontuberculous mycobacteria (NTM) refers to mycobacteria other than the *Mycobacterium tuberculosis* complex and *Mycobacterium leprae* / *Mycobacterium lepromatosis*. NTM infections are generally not transmissible from human to human. The risk of NTM infection in human is still unknown. NTM are ubiquitous in various environments, including soil and water. Currently, there are over 190 distinct species of Mycobacterium genus, some of the species are pathogenic, causing illness in humans and other mammals, as well as in birds and fish. In 2009, a case of *Mycobacterium shigaense* infectious skin disease was reported in Shiga Prefecture, Japan. Since 2009, six more cases of *M. shigaense* infection have been reported. Interestingly, five of seven patients lived in Shiga Prefecture, Japan. Moreover, *M. shigaense* have isolated from river water which run off from Lake Biwa, in Shiga. The aim of our study was to estimate the transmission source of this localized infectious diseases by using whole genome sequence analysis. The blast ring genome comparison revealed that *M. shigaense* has very low genomic diversity.

**Key words:** Non-tuberculous mycobacteria, Mycobacterium shigaense, Comparative genomic analysis