

通勤車両内の設備に存在する微生物の比較

○吉江 幸子 川崎 たまみ 京谷 隆

潮木 知良 [電] 池畑 政輝 (鉄道総研)

Comparison of microbial community on each surface of facility in commuter car

○Sachiko Yoshie, Tamami Kawasaki, Takashi Kyotani, Tomoyoshi Ushioji, Masateru Ikehata
(Railway Technical Research Institute)

There is no systematic evidence about environmental hygiene, especially relating microbiome in commuter train in Japan. However, it is known that conventional cultivation method can not be applicable almost of bacteria in the environment. In this study, we compared the difference in microbial community on surface of each facility of commuter car in metropolitan area in Japan by using gene analysis (16S rRNA gene targeted metagenome analysis). The result indicated that microbial community was similar among the surface that passengers frequently touch such as bar, grip and door window, but not floor nor seat.

キーワード：通勤車両、設備、遺伝子解析、細菌、環境衛生

Key Words : commuter car, facility, gene analysis, bacteria, environmental hygiene

1. 緒言

鉄道車両の環境衛生の1つの指標として、微生物が挙げられる。鉄道車両の環境衛生を維持・向上するための対策方法を検討するためには、まず現状を把握する必要がある。鉄道車両は、不特定多数が利用し、中でも首都圏における通勤車両は、通勤ラッシュをはじめとして、多くの人が1つの空間に一定の時間、滞在するといった特徴がある。しかしながら、通勤車両内の微生物に関する知見はほとんどないのが現状である。

一方、環境中の微生物のほとんどが培養できないとされており、培養法ではその場所に存在する微生物の全体像を把握することはできない。近年、遺伝子解析技術の進展により、存在する微生物全てを対象として解析を行うことが可能となってきている。しかしながら、海外においてこのような技術を用いた鉄道車両中の微生物解析に関する報告はあるものの¹⁾、国内での報告例はほとんどない。

これまでに、我々は、遺伝子解析手法を用いて鉄道環境中の微生物全体像を定性的に把握する手法について、条件検討を進めてきた²⁾。また、この手法を用いて、同じ路線で異なる車種について比較を行ったところ、車両内全体では、細菌の多様性がほとんど変わらないことがわかった³⁾。本研究では、より詳細な解析を行い、通勤車両におけるそれぞれの設備ごとに、細菌の構成を比較することを目的として検討を行った。

2. 方法

2.1 試料採取

試料採取は、2018年7月、2018年10月、2019年10月に実施した。採取は、首都圏を走行する通勤車両が営業走行した後、清掃前の留置された状態で実施した。対象車両は同じ路線を走行する設備の異なる2車種とし、それぞれの時期に1車両の設備から採取した。設備表面からは、スワブ(大きめの綿棒、4N6FLOQSwabs)を乾燥状態で用いることにより、試料採取した。ほこり等の堆積物試料は、滅菌ピンセットもしくは掃除機を用いた吸引により採取した。

2.2 解析方法

解析のフローを図1に示す。採取した試料からDNAを抽出し、細菌の種類分類を行うために用いられる遺伝子領域を増幅し、遺伝子配列を解読した。得られた遺伝子配列を用いて、ソフトQIIME2-2019.07⁴⁾を用いてデータベースとの照合により、各試料の細菌種数、細菌構成の類似度の解析を行った。

3. 結果および考察

3.1 細菌種数

2019年10月の各試料について、それぞれ解読した遺伝子配列を分析し、各設備の細菌種数を算出した結果を表1に示す。この結果、今回用いた試料からは、床が457種と最も多く、次いで手すり365種と多いことがわかった。季

節による細菌種数の変化等も考えられるため、今後、より多くの条件の試料を収集し、その変遷を明らかにする予定である。

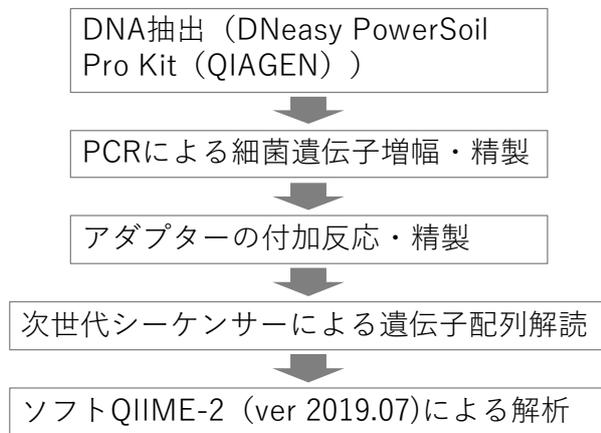


図1 解析フロー

表1 各設備から検出された細菌種数 (2019年10月)

設備	細菌種数
空調フィルター	218
運転台	244
手すり	365
つり手	183
ドア窓	255
座面	220
床	457

3.2 細菌種構成の類似性

主座標分析により、設備ごとの細菌種構成の類似性を解析した結果を図2に示す。このグラフは、プロットの距離が近い程、細菌種構成が類似していることを示す。この結果、人が手で触れる頻度の高い手すり、つり手、ドア窓について、プロットの距離が近く、細菌種構成が類似していることがわかった。また、床、座面については、手すり等とはプロットが離れており、細菌種構成が異なることが示された。本解析結果は、細菌の種類に基づく定性的な結果を示すものであり、今後、これらの設備にどの程度細菌が存在するのかといった定量的な評価も合わせて実施していくことが必要である。

4. まとめ

- 首都圏を走行する通勤車両内の設備に存在する細菌に対し、遺伝子に基づいた解析を行い、細菌種数を調べた結果、今回解析した試料においては、床が最も細菌種数が多く、次いで手すりが多かった。各設備の細菌種構成の類似性を解析した結果、人が直接手で触れる手すり、つり手、ドア窓の細菌種構成が

類似していることがわかった。また、これらの設備と比較して、床や座面の細菌種構成は異なることがわかった。

- 今後、季節による変化、細菌の種類ごとの定量的な解析を行うことにより、鉄道車両の環境衛生状態を維持・向上するための知見を得ていく予定である。

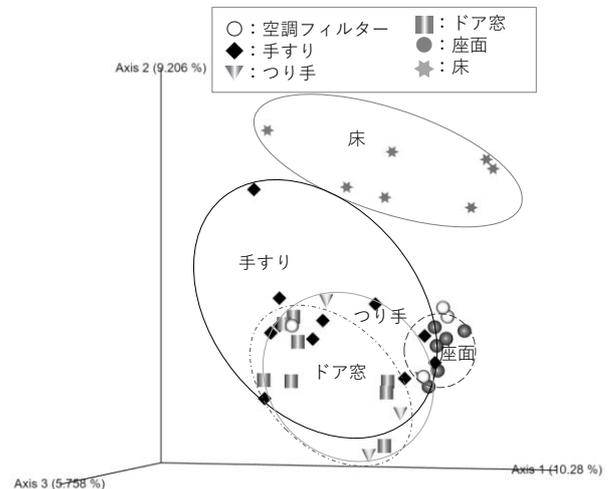


図2 各設備における細菌構成の類似性 (主座標分析)

参考文献

- Hsu, T. et al., Urban transit system microbial communities differ by surface type and interaction with humans and the environment, mSystem, 1, e00018-16 (2016)
- 吉江ら、鉄道環境のための微生物叢調査条件の検討、2019年室内環境学会学術大会講演要旨集、2019年12月
- 吉江ら、通勤列車におけるマイクロバイオーーム解析、2020年室内環境学会学術大会講演要旨集 (2020年12月発表予定)
- 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation, Preparing 16S Ribosomal RNA Gene Amplicons for the Illumina MiSeq System, http://jp.support.illumina.com/downloads/16s_metagenomic_sequencing_library_preparation.html (2020/8/26現在)
- Bolyen E et al., 2019. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. Nature Biotechnology 37: 852-857