

# 遺伝子配列から客室の衛生に関わる微生物の状況を予測する



吉江 幸子

Sachiko Yoshie

人間科学研究部  
快適性工学研究室  
主任研究員



池畑 政輝

Masateru Ikehata

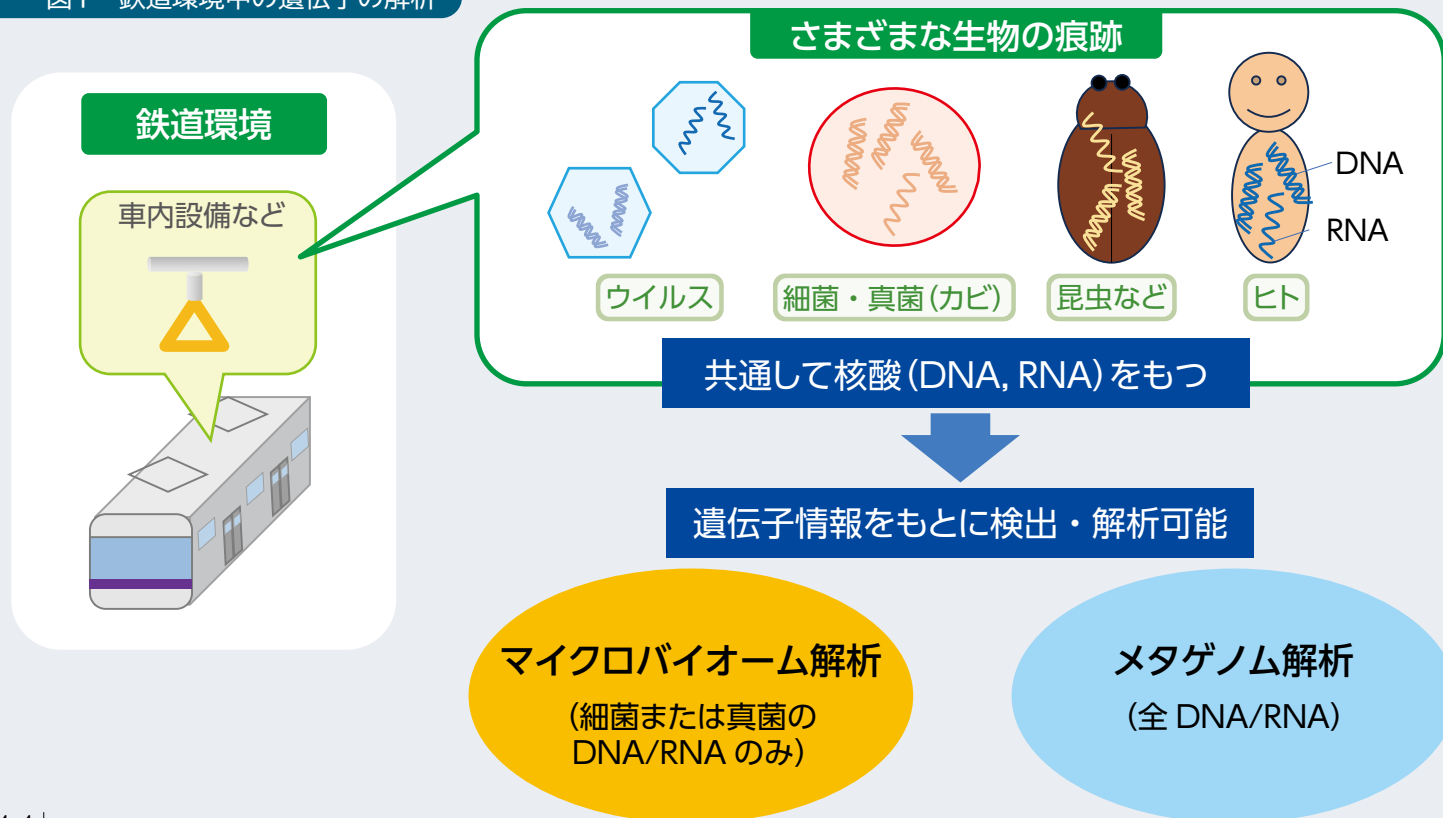
人間科学研究部  
快適性工学研究室  
上席研究員

## はじめに

2019年末から始まった新型コロナウイルス感染症拡大を契機として、社会全体で生活様式が大きく変化するとともに、不特定多数が利用する公共交通機関においても、感染防止を含めた環境衛生への意識が高まりました。鉄道環境でもさまざまな取り組みがなされてきましたが、将来的な感染症拡大への備えや超高齢社会にともなう環境衛生維持・向上に関する労働力不足

などの課題があります。この課題を解決するための方法として、環境衛生の要因の1つであり、知見の少ない鉄道環境の微生物を「見える化」し、さらには感染機会を含めたさまざまな条件での微生物の状況やその変化などを予測し、環境衛生の維持・向上に関する取り組みを支援することが考えられます。ここでは、このような環境衛生に関わる意思決定を支援できるよう、**遺伝子**<sup>®</sup>の配列情報に基づき、微生物の種類や

図1 鉄道環境中の遺伝子の解析



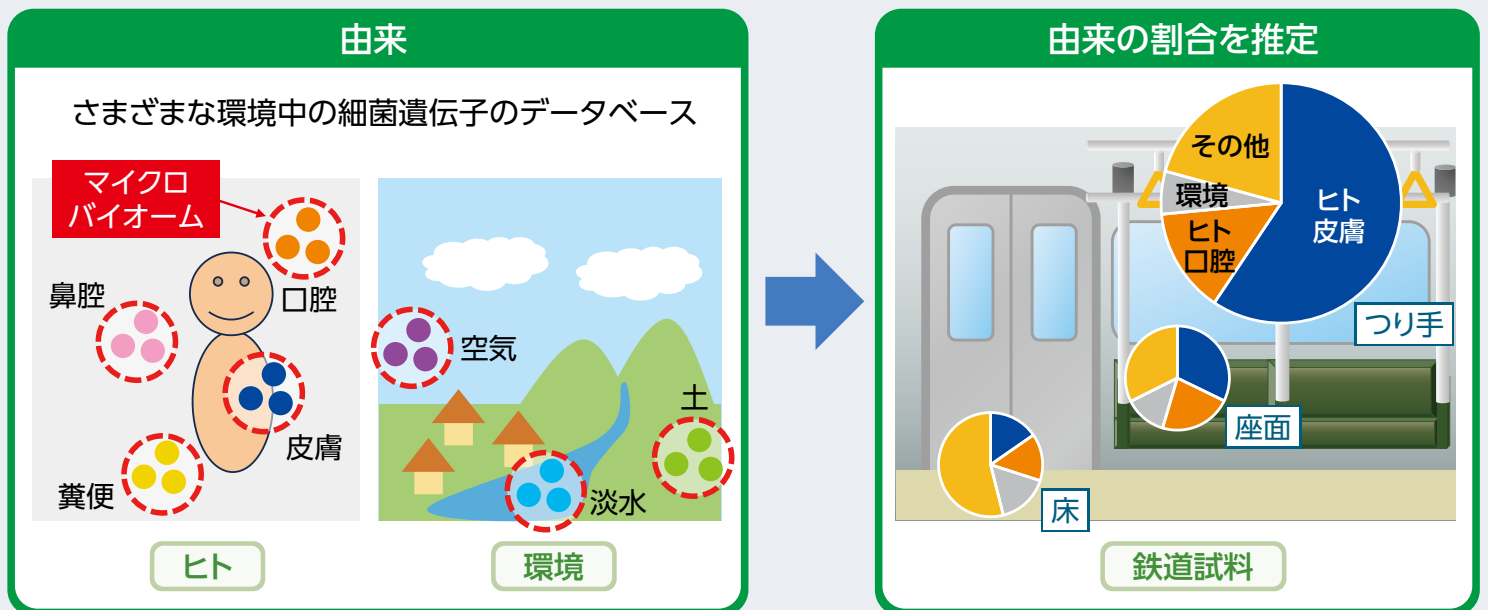


図2 由来推定のイメージ

量などを推定する手法による環境衛生モニタリングについて、車内設備調査への適用を例として紹介します。

## 環境衛生モニタリング 「微生物の見える化」

### 微生物を遺伝子で見分ける

私たちの体の内外はもとより、鉄道環境の設備表面や空気も含め、生活する環境にはさまざまな種類の微生物が存在しています。微生物はとても小さく、見た目では判別することは困難です。微生物やその仲間には細菌、真菌(カビ)、ウイルスなどがあり(ウイルスは微生物の仲間とされることもあり、ここでもそれになります)、核酸(DNA, RNA)<sup>(注)</sup>を共通してもっており、それぞれ固有の遺伝子配列をもっています(図1)。このため、この遺伝子配列の情報をもとに、その場にいる微生物を調べることが可能です。

### どんな微生物がいるかを把握する

遺伝子解析技術の発展に伴い、遺伝子配列の情報を比較的、簡便に得ることが可能となってきました。この技術を用いれば、その場に残留する遺伝子情報を網羅的に解析して、微生物の痕跡をたどり、動物や環境に棲みついている微生物を明らかにすることができます。これら

は、マイクロバイオーム解析やメタゲノム解析とよばれます。

マイクロバイオーム解析とは、細菌や真菌に特有の遺伝子のみについて遺伝子配列を読み取り、その情報から細菌や真菌の種類とその割合を含む全体の構成(マイクロバイオーム)を明らかにします。メタゲノム解析は、細菌や真菌だけでなくすべての遺伝子を対象として解析を行うことができるため、ウイルスやそのほかの生物も含めての解析が可能です(図1)。

昨今、このような解析が盛んに行われるようになったことで、ヒトを含む動物の皮膚、口腔、糞便などのほか、土壌、海洋、建築内環境に至る、さまざまなところに生息する微生物遺伝子の情報がデータベース化されています。このデータベースの情報と鉄道環境で検出された微生物の情報を照合・解析することで、微生物集団がどこから来たのか(由来)を推定することも可能です<sup>1)</sup>(図2)。

#### (注) 遺伝子、核酸(DNA, RNA)

遺伝子の情報はDNAという分子の配列によって決まっています。ある遺伝子が働く(発現する)際、このDNAの配列という設計図をもとに、中間物質であるRNAが合成され、これをもとに、実際に生体内でさまざまな役割を果たすタンパク質などが合成されます。

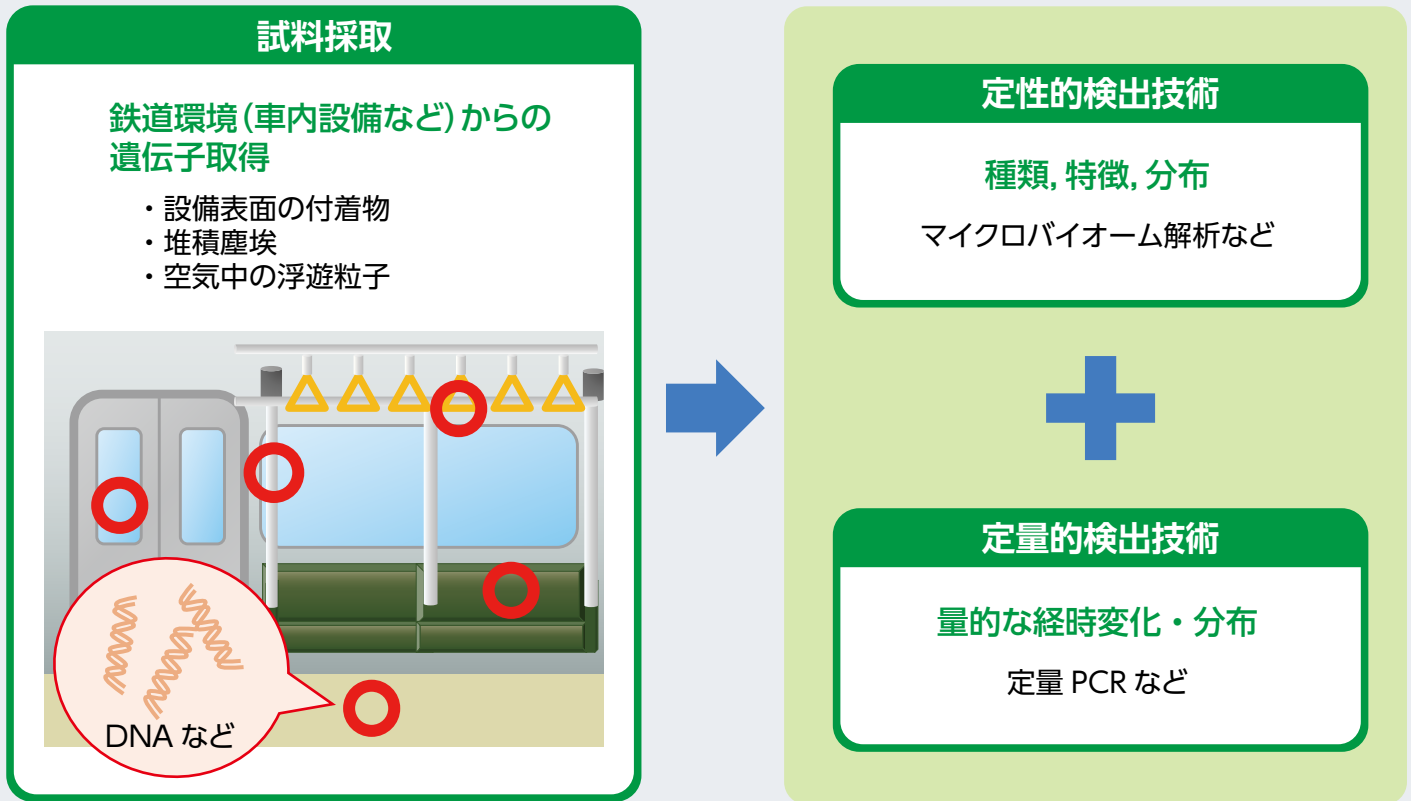


図3 鉄道における環境衛生モニタリング技術<sup>2)</sup>より一部改変

### 微生物がどれくらいいるかを把握する

環境衛生を維持していくためには、たとえば清掃・消毒や抗菌などの何らかの対策を行った前後での、種類や由来の情報のほか、定量的な情報も必要です。この情報は、知りたい微生物のもつ特定の遺伝子を対象に、一定の面積や空間容積あたりの遺伝子の量を測定することで微生物の量を推定することができます。解析技術としては、**定量PCR**<sup>④</sup>（リアルタイムPCRやデジタルPCR）が用いられます。

私たちは、鉄道の環境衛生の維持・向上をより効果的、効率的に行えるようにするため、日々

連続的に利用されている鉄道の営業合間に採取した試料を前述の手法で解析し、設備表面や空間中に存在する微生物の状況を推定する環境衛生モニタリングを提案しています<sup>2)</sup>（図3）。

### 車内設備表面の微生物

#### 車内設備の調査例

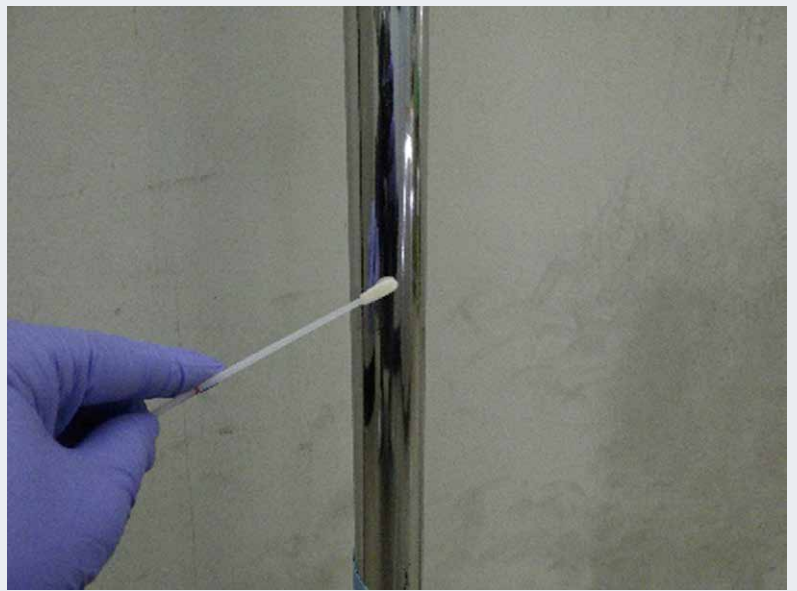
実際に営業運転している通勤車両の車内設備表面のふき取り試料や塵埃<sup>じんあい</sup>試料を対象として（図4）、前述した手法のうち、細菌を対象としたマイクロバイーム解析と由来の推定手法の適用を検討しました。営業運転中の車内の微生物

#### ④ 定量PCR（デジタルPCR, リアルタイムPCR）

ポリメラーゼ連鎖反応（PCR）を用いて、標的とする遺伝子の量を測定する方法です。PCRにより標的の遺伝子を増幅させ、DNAに結合する蛍光試薬を作用させると、増幅度合により蛍光量も増加します。この蛍光量の測定により、標的とした遺伝子の量を定量します。デジタルPCRは絶対値の測定が可能であるのに対し、リアルタイムPCRは相対量の測定を行うため、検量線を用いて絶対値を算出したり、試料間の相対比較を行うことができます。

物の状況を知るためには、営業運転の合間の短時間で解析に必要な量の試料を採取する必要があります。そこで、営業運転の合間の車両を対象に、採取箇所を選定するとともに、採取量、試料中の微生物遺伝子の検出・解析条件や手順を整理しました。

通勤車両のモニタリング結果からは、手すりやつり手などの乗客が直接接触れる設備は、マイクロバイームが類似しており、床はこれらとは異なることが示されました。同定された細菌の種類は、床が599種と最も多く、手すりやつり手はそれより少ないことがわかりました(図5)。また、微生物の由来を推定したところ、手すりやつり手においては、ヒト由来微生物の割合が多いことがわかりました(図6)。これらの定性的な知見に加え、定量PCRにより、微生物の量的な分布やその経時的な変化を把握するための調査も進めています。



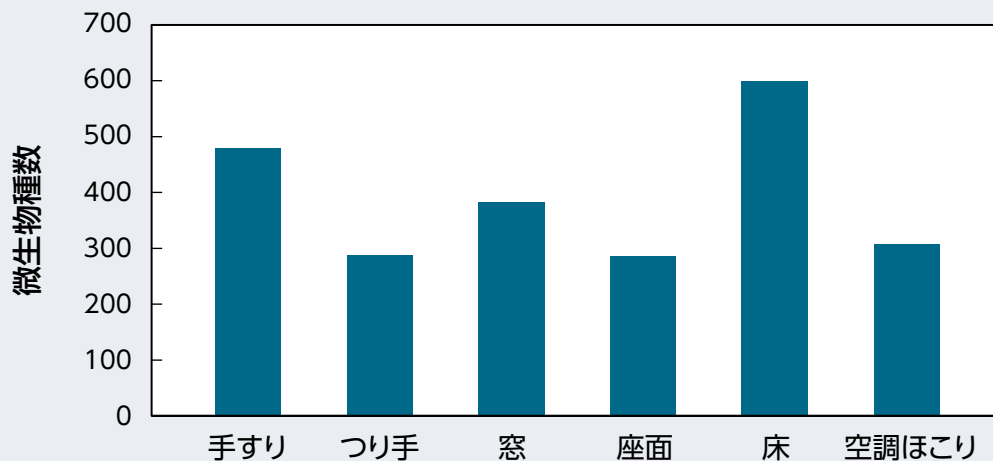
スワブ(綿棒)での拭き取り



かき集めによる塵埃の捕集

図4 試料採取のイメージ<sup>2)</sup>より一部改変

図5 同定された微生物種数<sup>2)</sup>



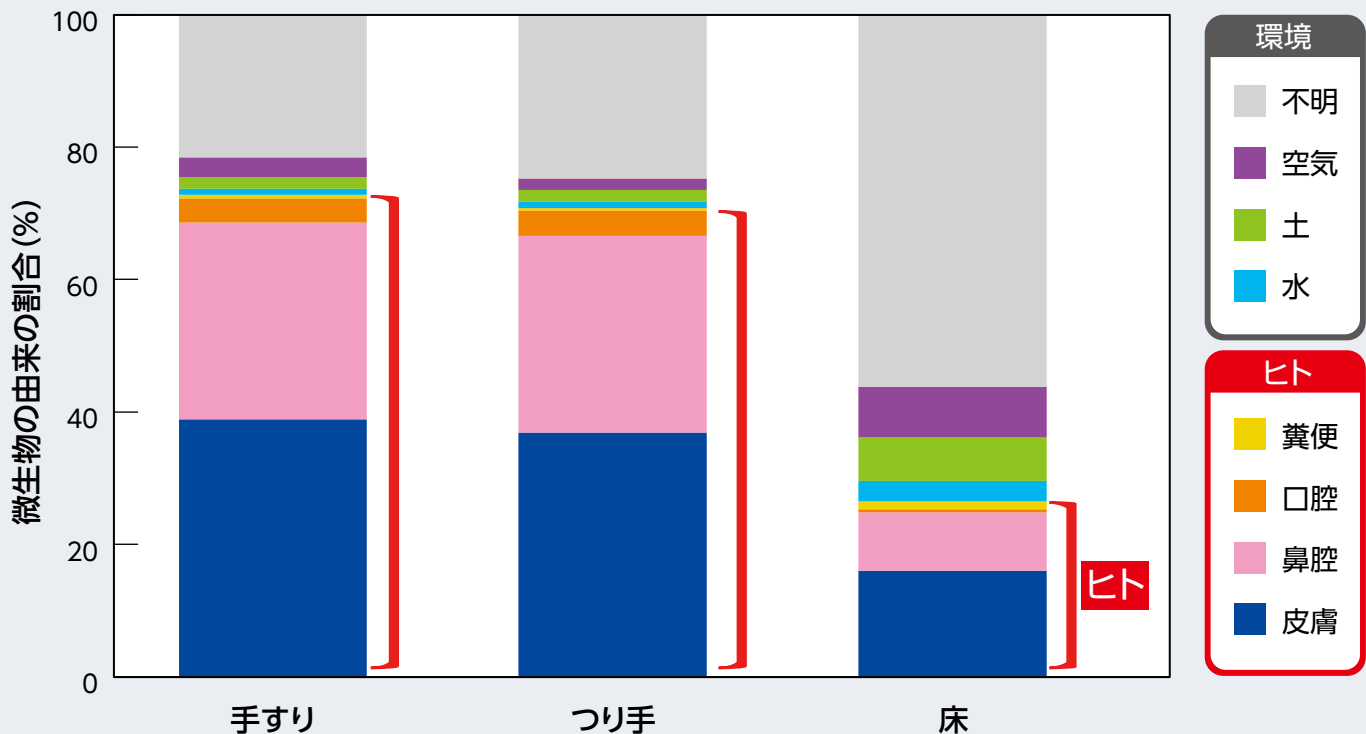


図6 通勤車両における微生物の由来の推定例<sup>2)</sup>より一部改変

### 環境衛生モニタリングの活用

環境衛生モニタリングの適用先として、鉄道環境における清掃・消毒作業の効率化、抗菌・抗ウイルス機能をもつ設備導入に向けた具体的な根拠の提供が考えられます(図7)。例えば、感染症を引き起こす病原体は、感染者がせきやくしゃみをしたり、飛沫が付着した手で設備を利用したとき、通常唾液中や皮膚上に生息するヒト由来の微生物とともに設備へ移ることが想定されます。普段から生息しているヒト由来微生物を指標として、鉄道環境の病原体の分布や乗客から乗客へ移る量の推定を行うことにより、感染経路や機会を検討し、将来的にさまざまな条件下での微生物の状況を予測していく上での知見を得ることができると考えます。先

に紹介した調査により、乗客が直接触れる設備において、ヒト由来微生物の割合が高いという推定結果が得られましたが、より詳細な解析により、位置により口腔由来の細菌の割合が異なることも把握しつつあります。このような知見は、感染機会の抑止のために重点的に対策すべき箇所の抽出に活用できる可能性があると考えています。

### 今後の展開

超高齢社会に伴い、鉄道においても、省人化・省力化が検討されており、車両や駅のメンテナンスを行う上で、合理的な清掃・消毒計画の策定なども課題となります。具体的には、清掃・消毒の必要性の判断や汚れにくい設備の開発などが考えられます。環境衛生モニタリングでは、

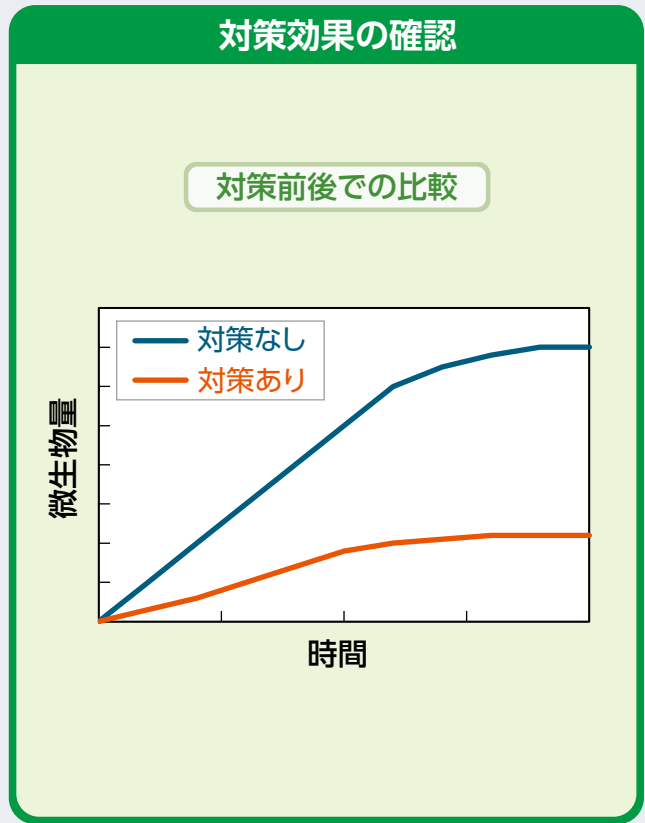
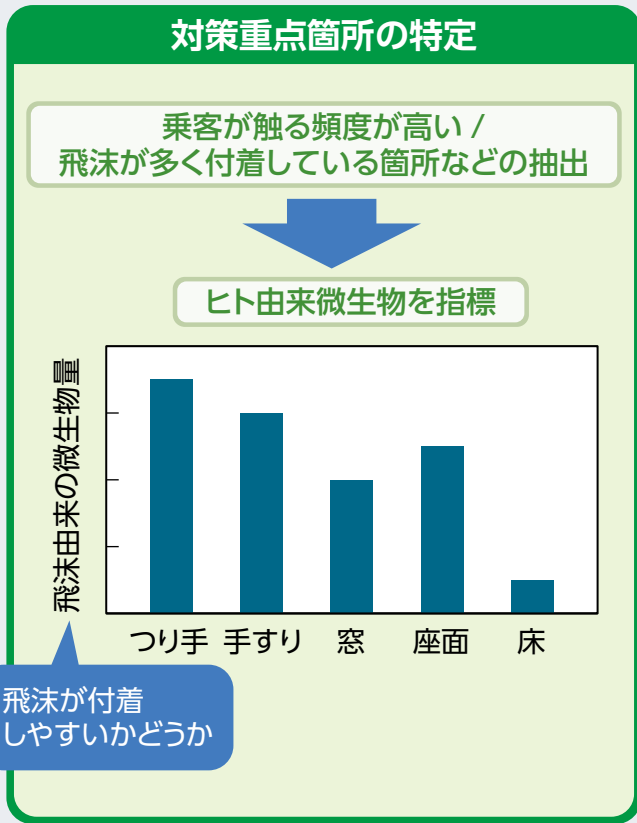


図7 手法の活用例のイメージ

設備の利用形態や季節、利用状況により、車内設備に付着する微生物の構成や量の変化の把握が可能です。このようなデータを収集しつつ、実験的検討と組み合わせることで鉄道環境での微生物の動態を推定し、鉄道の環境衛生の維持・向上を支援するための評価手法の構築を目指していきます。また、得られるデータに基づき正しい情報を提供することで、より安心して利用できる鉄道環境づくりが可能となると考えています。

### おわりに

鉄道の設備表面のふき取り試料や塵埃試料中の遺伝子情報に基づき、微生物の状況を「見える化」し、予測する、環境衛生の維持・向上に向けた取り組みについて紹介しました。鉄道の

ような公共交通機関において、このような取り組みはほとんど例がありません。まだ課題はあるものの、新しい視点を導入することで、新興・再興感染症なども含めた社会や環境の変化へのより適切な対応など、鉄道の環境衛生の維持・向上に貢献できると考えます。 **RRR**

### 文献

- 1) Dan Knights, et al. : Bayesian community-wide culture-independent microbial source tracking, Nat. Methods, Vol.8, No.9, pp.761-763, 2011
- 2) 吉江幸子, 池畑政輝, 川崎たまみ, 京谷隆, 潮木知良 : マイクロバイオーム解析を用いた列車内の環境衛生評価のための基礎研究, 鉄道総研報告, Vol.36, No.1, pp.23-28, 2022