

Regenerative Enclosed Life Support Module Simulator 内における空中浮遊細菌の多様性と群集構造の解析

細谷 直史

キーワード：閉鎖空間、空中浮遊細菌、日和見感染菌、クローンライブラリー法、多様性、群集構造

1. 背景と目的

Regenerative Enclosed Life Support Module Simulator (REMS) はアメリカ航空宇宙局 (National Aeronautics and Space Administration : NASA) を中心に建設されている国際宇宙ステーション (International Space Station : ISS) の実寸大模型である。内部では乗組員によって、定期的な運動、調理、身の除菌作業など ISS 内と同様の活動が行われている。宇宙空間に滞在する宇宙飛行士の免疫機能は著しく低下する。このため、ISS 内では、乗組員の健康維持・病気の予防等のための、日和見感染菌を含めた空中浮遊細菌の管理が重要な課題となっている。これまでに、居住空間の空中浮遊細菌については、プレートカウント法によって多様性や群集構造の解析がなされてきた。しかし、この方法は、ある特定の条件上で増殖可能な微生物を検出する方法であり、総合的な多様性や群集構造を明らかにすることには向かない。本研究では、微生物多様性を、網羅的かつ高感度に検出可能であり、微生物群集構造を推定することのできるクローンライブラリー法を用いて REMS 内の空中浮遊細菌の多様性および群集構造を明らかにすることを目的とした。

2. 実験方法

2005 年の 2~4 月の各月に、9 つの異なる地点において採取された計 27 の空気サンプルから、既報の結果を参考に Colony Forming Unit (CFU) / 細胞内 ATP (サンプル中に含まれるグラム陽性菌とグラム陰性菌の組成比を示唆する) の高いもの、低いもの、中間的なものを各月毎に 3 サンプル計 9 つのサンプルを選択した。サンプルから直接 DNA を抽出し、PCR により 16S rDNA の部分配列約 1,400 塩基を増幅させた後、PCR 産物をベクターに挿入し、大腸菌にトランスフォームして、クローンライブラリーを作成した。RFLP 解析および配列決定を行うことによって、空中浮遊細菌の同定および群集構造解析を行った。

3. 結果

クローンライブラリー法を用いることによって REMS 内から、グラム陽性細菌 23 種、グラム陰性細菌 (、 - プロテオバクテリア) 22 種が検出された。これは、プレートカウント法で、12 種のグラム陽性細菌、5 種のグラム陰性細菌 (- プロテオバクテリア) が検出された結果と比較して遙かに多い。また、検出された細菌の中には、病原性が知られている細菌 (*Acidovorax*, *Acinetobacter*, *Moraxella*, *Micrococcus*, *Staphylococcus*) も含まれていた。またいずれの月も、ライブラリーに占めるグラム陰性細菌の割合が 75 % 以上であり、プレートカウント法で得られている結果と大きく異なった。また、群集構造の主要種は、サンプル採取した月、場所によって異なっていた。

4. 考察

クローンライブラリー法を用いたことにより、REMS 内にはこれまでにプレートカウント法では検出されていなかったさまざまな細菌が存在することが明らかになった。その中には、いくつかの日和見感染菌が含まれていることがわかった。今後は、REMS で得られた本研究結果に基づき、クローンライブラリー法を用いて ISS 内の空中浮遊菌の多様性を精査するとともに、これまでは検出されてこなかった日和見感染菌の動態を明らかにする必要がある。さらに、乗組員への影響等を評価し、それら日和見感染菌の増加を迅速に検出し、除去する空中浮遊菌衛生管理システムの開発が必要となると考えられる。