

短報

神奈川県における地衣類の遺伝的多様性を活用した大気汚染診断

武田麻由子, 相原敬次
(環境保全部)

地域密着型共同研究 [平成 17-19 年度]

1 目的

地衣類は地衣菌と藻類からなる共生生物であり、大気汚染に対する生物指標として最も優れた生物の1つであることが知られている。中でもウメノキゴケ



(右の写真)は高濃度の二酸化硫黄 (SO_2) に感受性が高く、 SO_2 濃度が 0.02 ppm 以上の場所では個体が衰退することが報告されている。神奈川県で過去に実施した調査でも、 SO_2 濃度が 0.0085 ppm 以上の場所ではウメノキゴケの生育が確認できなかったとしている¹⁾。一方で、窒素酸化物 (NO_x) や浮遊状粒子物質 (SPM) などの大気汚染物質に対する指標性の有効性は不明である。

本研究では、平成 9 年度に神奈川県内で実施した地衣類生育分布調査をもとに、経年的なウメノキゴケの消長の状況を調べるとともに、新たな手法として遺伝的多様性を導入し、大気汚染物質に対する指標性の検証を試みた。

2 方法

2.1 ウメノキゴケの分布調査および生育環境調査

平成 9 年度に行った地衣類生育分布調査の調査地点を参考にして、神奈川県内で 140 地点を選定し、平成 17～19 年度にかけてウメノキゴケの有無を調査した。

また、調査地点近傍の一般環境大気測定局の大気環境濃度および気象状況を調査した。

2.2 ウメノキゴケの遺伝的多様性調査

ウメノキゴケ分布調査においてウメノキゴケの生育が確認された地点で、ウメノキゴケの個体を

採取した。国立環境研究所において、採取したウメノキゴケから DNA を抽出し、地衣菌および共生藻の核 rDNA (リボソーム RNA をコードしている DNA 領域) の ITS 領域を PCR を用いて増幅し、オートシーケンサーを用いて塩基配列を決定した。rDNA の ITS 領域は変異が起りやすく、遺伝的多様性の評価に適しているため、検討に用いた。決定した塩基配列に基づき、遺伝的多様性を検討した。

3. 結果と考察

3.1 ウメノキゴケの分布調査結果および生育環境調査結果

2.1 の分布調査を実施した結果を図 1 に示す。生育の確認された地点は 59 地点、生育が確認できなかった地点は 81 地点であった。

ウメノキゴケの生育が確認できなかったのは、横浜市、川崎市から県央、相模原にかけての地域と横須賀市の市街地(図1網掛け部分)であり、平成 9 年度の調査結果と大きな変化はなかった。

ウメノキゴケの生育が確認できた地点と確認できなかった地点において、大気環境および気象状況を比較したところ(表1)、生育が確認できた地点に比べ、生育確認できなかった地点は、大気中の NO_x 、二酸化窒素 (NO_2)、一酸化窒素 (NO) 濃度が高かった。他の大気汚染物質および気象状況は、両地点で差異はなかった。

NO_x は植物の生育にとってはむしろ促進的に働くことも多く、 NO_x がウメノキゴケの消長に寄与しているかは不明であるが、 NO_x と同様の挙動をする物質(例えば自動車排気ガス中に含まれる化学物質など)が、ウメノキゴケの消長に寄与している可能性が示唆された。

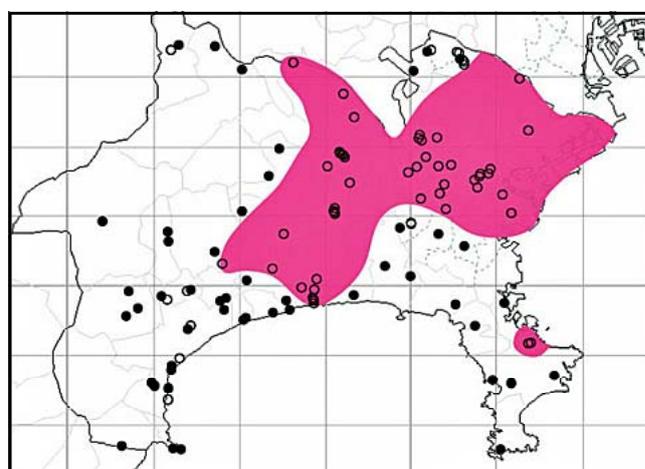


図1 神奈川県内におけるウメノキゴケの有無
(●:あり, ○:なし)

表1 調査地点近傍の大気環境濃度および気象状況

	ウメノキゴケあり 地点の平均	ウメノキゴケなし 地点の平均
NOx (ppb)	33.6	38.9
NO ₂ (ppb)	20.8	24.0
NO (ppb)	12.7	14.9
SPM (ng/m ³)	29.5	29.6
Ox (ppb)	21.2	20.8
SO ₂ (ppb)	4.1	4.1
HUM (%)	68.2	67.8
TEMP (°C)	15.7	15.4

一方 SO₂ 濃度は十分に低く、ウメノキゴケの消長に寄与する濃度ではなかった。大村ら²⁾が静岡市で行った調査においても、SO₂ 濃度の低下に伴いウメノキゴケの分布が回復してきた地域がある一方、道路建設による交通量の増加によりウメノキゴケが消滅した地域があることが明らかになっている。

3. 2 ウメノキゴケの遺伝的多様性調査結果

採取したウメノキゴケ 123 個体より DNA を抽出し、地衣菌および共生藻の rDNA の ITS 領域を増幅し、塩基配列を決定した。その結果、地衣菌ではこれまで I 型～IX 型までの 9 タイプが検出されているが、神奈川県内では 7 タイプが確認され、I 型が最も多かった。共生藻ではこれまで 29 タイプの遺伝子型が検出されているが、神奈川県内では 22 タイプが確認され、A15 型が 46 個体、A01 型と A04 型がそれぞれ 20 個体と多かった。共生藻の遺伝型および出現数を表 2 に示す。共生藻の遺伝型の方が変異に富んでいるため、遺伝的多様性の検討には共生藻の遺伝型を用いた。

表 2 共生藻の遺伝型および出現数

藻型	A01	A02	A03	A04	A07		
個体数	20	2	7	20	5		
藻型	A08	A13	A15	A18	A21		
個体数	2	1	46	2	3		
藻型	A22	A23	A24	A25	A26		
個体数	1	1	1	2	1		
藻型	B2	D3	E1	E4	E5	E6	F3
個体数	2	1	1	1	1	2	1

遺伝的多様性の解析の結果、横浜市～川崎市周辺はウメノキゴケの分布そのものがなく、県中央部は分布がないか、あっても高い頻度の遺伝子型のウメノキゴケ(表2の A15 など)のみが出現し、県西部および三浦半島は低い頻度の遺伝子型のウメノキゴケ(表2の B～F など)も出現していることがわかった。中でも寺院が多い小田原市、鎌倉市はいろいろな遺伝子型のウメノキゴケが共存し、また三浦半島は平野部とは系統的に異なるウメノキゴケが存在していることがわかった。これらの遺伝的多様性の違いは、大気中の NOx 濃度と負の相関を示した。

4 まとめ

- 1) 神奈川県内の 140 地点において、ウメノキゴケの生育確認と試料採取を実施した。その結果、生育の確認された地点は県北西部および三浦半島周辺の 59 地点であった。生育が確認できなかった地点は横浜市、川崎市から県央、相模原にかけての 81 地点であった。生育が確認できた地点より 123 個体のウメノキゴケを採取した。
- 2) ウメノキゴケの生育が確認できなかった地点の SO₂ 濃度の平均値は 24.0 ppb であり、生育の確認できた地点の SO₂ 濃度の 20.8 ppb より高いことがわかった。その他の大気汚染物質および気象状況については、差が認められなかった。
- 3) 採取したウメノキゴケについて、地衣菌および共生藻の核 rDNA の ITS 領域の塩基配列を決定し、遺伝的多様性解析を行った。その結果、地衣菌では 7 タイプが確認され、共生藻では 22 タイプが確認された。共生藻の遺伝型を用いて遺伝的多様性と大気汚染物質濃度との関係を調べた。その結果、遺伝的多様性は NOx 濃度と負の相関を示し、ウメノキゴケの有無だけでなく、共生藻の遺伝的多様性も大気汚染物質(特に NOx 濃度)の指標として有効であることが示された。

参考文献

- 1) 増田智美(神奈川県臨海地区大気汚染調査協議会): 大気汚染学会講演要旨集, 35,304(1994)
- 2) 大村嘉人ら: 静岡市清水区におけるウメノキゴケの長期モニタリングと大気汚染の変遷, 大気環境学会誌, 43(1), 47-54(2008)

(発表・特許等)

第 47 回大気環境学会年会