

アオコ構成藍藻におけるミクロシスチン毒性株の解析

のぐちたかひこ、しのはら あずさ、にしざわあきと、なかのともよ、はらだけんいち、あさやまむねひこ、しらい まこと
 ○野口貴彦^{1,2}、篠原 梓、西澤明人、中野智世³、原田健一³、朝山宗彦、白井 誠

茨城大・農、¹東京農工大・連合農学、²鯉淵学園、³名城大学・薬

【目 的】

湖沼における毒性アオコの発生は、世界中で深刻な環境問題となっている。毒性藍藻の検出は主に化学的及び免疫学的な手法によるミクロシスチンの検出により行われている。しかし、これまでに60種以上の構造の異なるミクロシスチンが同定されており、これらの方法による検出には問題があると考えられている。近年、ミクロシスチン合成遺伝子が解明されたことから毒性株を遺伝情報を用いて簡便に検出することが可能となってきた。しかし湖沼環境におけるミクロシスチン毒性株発生機構についてはほとんど分かっていない。本研究では2002年に日本各地で発生したアオコを採取し、遺伝情報による毒性株の発生状況を調査するとともに毒性株のミクロシスチン合成遺伝子群の遺伝子構造の解析を目的とした。

【方 法】

アオコは昆陽池(兵庫県伊丹市)、阿木川ダム(岐阜県恵那市)、諏訪湖(長野県)、塘路湖(北海道川上郡)より採取した。アオコからのミクロシスチン合成遺伝子(*mcyC*、*mcyB-C*、*mcyG-H*)の検出は特異的なプライマーセットを用いたPCRによりおこなった。単藻株はアガロース平板法により分離し、単藻株からの*mcy* 遺伝子検出は*mcyG* プローブによるゲノミックサザンハイブリダイゼーションにより行った。ミクロシスチン合成遺伝子群の遺伝子構造は、各遺伝子間に設定したプライマーセットによるPCRにより解析した。

【結果と考察】

アオコゲノムDNAのPCR解析の結果、昆陽池、諏訪湖及び塘路湖より得られたサンプルでは何れの*mcy* 遺伝子の増幅バンドも認められた。一方、阿木川ダムのアオコでは増幅シグナルが弱く、また*mcyB-C*の増幅バンドは観察されなかった。阿木川ダムではアオコ中の毒性株の割合が低いか、あるいは合成遺伝子の相同性に違いがある可能性が考えられた。そこで単藻株を分離し、ゲノミックサザン解析したところ、*mcyG*(+)株の割合は昆陽池 14 株/64 株、阿木川ダム 0 株/20 株、諏訪湖 4 株/30 株、塘路湖 1 株/20 株であった。このことは阿木川ダムではアオコ中の毒性株の割合が低いこと示している。現在、得られた *mcyG*(+)株のミクロシスチン合成遺伝子群の遺伝子構造の解析を進めている。

E-mail ta-noguchi@mail.koibuchi.ac.jp