

調査研究終了報告書

研究分野：環境

調査研究名	生物多様性保全に向けた遺伝学的研究 ―希少植物の保全および屋上緑化への応用―
研究者名（所属） ※ 0印：研究代表者	○中村 朋史、須田 隆一、緒方 健（環境生物課）、星 良和（東海大学）
本庁関係部・課	自然環境課
調査研究期間	平成 18 年度 - 20 年度（3 年間）
調査研究種目	1. <input checked="" type="checkbox"/> 行政研究 <input type="checkbox"/> 課題研究 <input checked="" type="checkbox"/> 共同研究（共同機関名：東海大学） <input type="checkbox"/> 受託研究（委託機関名：） 2. <input checked="" type="checkbox"/> 基礎研究 <input checked="" type="checkbox"/> 応用研究 <input type="checkbox"/> 開発研究 3. <input type="checkbox"/> 重点研究 <input type="checkbox"/> 推奨研究 <input checked="" type="checkbox"/> I S O 推進研究
ふくおか新世紀計画 第3次実施計画	大項目：快適で潤いのある循環型社会づくり 中項目：地域的視野に立った快適環境の保全と創造 小項目：豊かな自然環境の保全と創造
福岡県環境総合基本計画 (P20, 21) ※環境関係のみ	柱：自然環境の保全と創造 テーマ：生物多様性の保全、希少野生生物の保護
キーワード	①生物多様性保全 ②遺伝的多様性 ③希少生物種 ④ヒートアイランド ⑤屋上緑化
研究の概要	
<p>1) 調査研究の目的及び必要性</p> <p>近年、希少生物種の個体数減少や外来種移入による遺伝子攪乱が原因とされる遺伝的多様性の低下が問題となっている。本研究ではこれまで行われてきた希少生物種の生態学的な保全活動に遺伝学的な視点を導入することにより、外見のみからでは判別しづらい生物種同士の遺伝的な差異を明らかとし、地理的由来や遺伝的多様性を評価・検討することを目的としている。また、ヒートアイランド現象の緩和策として屋上緑化などの開発が求められ、種々の研究が行われている。本研究においては、植物を用いた屋上緑化に関しても栽培手法等に関する基礎的な検討を行う。</p>	
<p>2) 調査研究の概要</p> <p>環境省カテゴリーで絶滅危惧Ⅰ類に指定されている希少植物・ミズゴケを対象種として検討を行う。ミズゴケは特異的外部形態がもたらす高い吸湿性により、湿原や湿地の基盤となる重要な植物である。しかしながら、園芸家による乱獲や大規模湿原開発により生育地の減少が懸念されている。福岡県に生育するミズゴケの遺伝的固有性を明らかにすべく、他県に生息するミズゴケを含めた幅広いサンプル収集を行い遺伝学的解析を試みる。また、ミズゴケの優れた吸湿性を活用し、屋上緑化に利用する報告があることから、福岡県での実用化の可能性についても検討を行う。</p>	
<p>3) 調査研究の達成度及び得られた成果（できるだけ数値化してください。）</p> <p>国内産ミズゴケを8種27検体収集し、その遺伝構造の解析を行った。系統解析等に繁用される4領域の塩基配列の比較検討を行ったところ、リボソームDNAのITS領域が種間解析に適していることが明らかとなった。また、4領域を結合させて行った解析からは、国内で普遍的に見られる種であるオオミズゴケにおいて地域間での明瞭な遺伝的差異が検出された。一方、ミズゴケの栽培基盤上での栽培実験においては、夏期における高温多湿や台風による植物体の飛散などにより、表面温度の測定など熱収支の検討を行えるほどの生育を得ることができなかった。</p>	
<p>4) 県民の健康の保持又は環境の保全への貢献</p> <p>福岡県内に自生する希少植物であるミズゴケの詳細な遺伝構造を明らかとした。希少植物の遺伝的多様性を評価することは種の保全戦略にとって非常に重要であり、施策への寄与も大きいと予想される。</p>	
<p>5) 調査研究結果の独創性、新規性</p> <p>これまで国内産ミズゴケの遺伝的多様性に関する報告はなく、学術的にも新規性が高い。また、都道府県レベルでの遺伝的多様性評価に関する研究は報告事例が少ないため、県独自の取り組みとしても独創性があると考えられる。</p>	
<p>6) 成果の活用状況（技術移転・活用の可能性）</p> <p>国内産ミズゴケの遺伝構造は未解析のため、本研究で得られたデータはミズゴケ保全の際に有用な情報として提供することが可能である。生物が有する遺伝子の解析技術は様々な研究への応用・展開が可能であり、平成21年度新規研究課題であるストレス遺伝子発現解析を用いた植物被害診断に関する研究においても活用していく予定である。</p>	