

令和4年8月3日

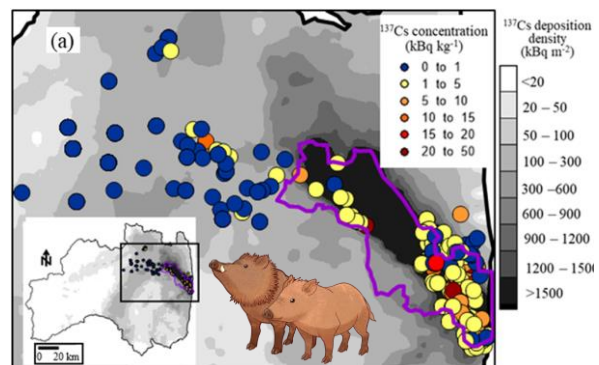
帰還困難区域のイノシシにおける被ばく線量評価および遺伝影響モニタリング

共生システム理工学類の兼子伸吾准教授およびドノヴァン・アンダーソン弘前大学被ばく医療総合研究所特任助教（研究当時福島大学大学院共生システム理工学研究科所属）を中心とする研究グループは、放射性物質によって汚染された地域に生息するイノシシを対象に、被ばく線量と遺伝的な影響について調査しました。分析の結果、イノシシの生涯被ばく線量は0.1-700mGyであったこと、事故後、数世代が経過したものの塩基配列の突然変異の蓄積は観察されないこと等が明らかになりました。

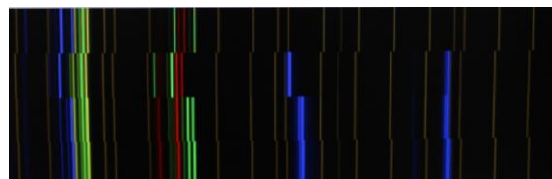
本研究成果は8月1日発行の『Environmental Pollution』誌にて発表されます。
※本研究について、8月3日午前11時開催の福島大学定例記者会見にて兼子准教授より口頭発表が行われます。

本研究のポイント

- ✓ イノシシの生涯被ばく線量は0.1-700 mGyであった。
- ✓ 内部被ばくよりも外部被ばくの影響が大きい。
- ✓ 筋肉の汚染状況は土壌の汚染状況におおよそ対応するが、例外も多い。汚染の評価には実測が必要となる。
- ✓ この地域の平均的なセシウム量を含むイノシシ肉を年間で10kg以上摂取した場合でも、年間追加被ばく線量の基準である1mSv/年を超えない。
- ✓ 突然変異が発生しやすいことで知られる部分配列において、突然変異の蓄積は観察されなかった。



イノシシの捕獲地点と筋肉中の放射性セシウム量



マイクロサテライト遺伝子座の電気泳動パターン

◎研究の背景：

2011年3月、東京電力福島第一原子力発電所の事故により大量の放射性物質が環境中に放出されました。避難地域に残された野生動物は、人間の居住基準を超える放射線に被ばくする状態で、数世代にわたって生息してきました。それらの動物における放射線被ばくの影響を評価することは、放射性物質による環境汚染が野生生物に与える影響を知るうえで重要です。なかでも事故後に急激に個体数を増加させたイノシシは、環境中の放射性物質の取り込みや生理的な影響など様々な研究の対象となってきました。

◎今回の成果：

2016年から2019年にかけて、放射性物質によって汚染された地域に生息する307頭のイノシシを対象に放射線被ばくを評価し、数世代にわたる慢性放射線被ばくに起因する生殖細胞突然変異の可能性について調査しました。捕獲されたイノシシの推定年齢や放射性セシウムの筋肉中の蓄積量、空間線量率などから生涯被ばく線量を推定した結果、最小の個体は0.1 mGy未滿、最大の個体ではおよそ700 mGyでした。今回測定したイノシシ肉（総セシウム量の平均値は5.4 kBq/kg）を日本人の年間の豚肉摂取量である12.9 kg摂取したと仮定した場合の実効線量は、年間追加被ばく線量の基準である1 mSv/年を超えませんでした。また、チヨルノービリで突然変異率の上昇が報告された部分配列であるマイクロサテライト遺伝子座^{注1}を用いた遺伝解析の結果、事故後に増加した福島のイノシシにおける部分配列パターン^{注2}の数^{注2}は増えていませんでした。

◎懸念された突然変異の上昇はなかった：

チヨルノービリのツバメを対象とした研究では、配列パターンに変化が生じやすい部分配列の解析によって、突然変異率の上昇を報告しています。対象区域のミラノで2%だった突然変異率は、事故後のチヨルノービリでは7.2%と報告されました。そのため、事故後の福島においても、突然変異率の上昇や新たに生じた変異の顕著な蓄積が心配されてきました。もし、チヨルノービリでの研究のように新たな突然変異が発生している場合、事故後に生じた新しい配列パターンの蓄積が福島のイノシシでも確認されるはすです。しかし本研究の結果からは、事故前の推定集団と事故後の集団で配列パターンの数に違いは認められませんでした。このことから、福島のイノシシにおいては、チヨルノービリで指摘されたような顕著な突然変異率の上昇や新規配列パターンの蓄積は確認されず、将来の遺伝的組成にも影響はないと言えます。

これらの結果は、事故後のイノシシにおいてDNA損傷の増加が認められなかった先行研究（Cunningham et al. 2021）とも矛盾しません。総合的な被ばく線量評価とともに遺伝的な影響についてデータが得られたことは、事故の生物学的影響を理解するうえで重要です。また、一連の研究結果は、一部の海外メディア等において過大に評価されることのある事故後の生物影響について、直感的に理解しやすいデータを提供しています。

【掲載誌・論文】

- ・掲載誌：「Environmental Pollution

エンバイロメンタル ポリューション」(エルゼビア)

(<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749122005735?via%3Dihub>)

- ・公開日：2022年8月1日

- ・タイトル : Radiocesium accumulation and germline mutations in chronically exposed wild boar from Fukushima, with radiation doses to human consumers of contaminated meat (福島産イノシシの慢性被曝による放射性セシウムの蓄積と生殖細胞突然変異、およびイノシシ肉摂取時の実行線量推定)

- ・著者 :

Donovan Anderson¹・兼子伸吾^{2,3}・Amber Harshman⁴・奥田 圭⁵・高木俊人²・Sarah Chinn⁶・James C. Beasley⁶・石庭寛子³・難波謙二^{2,3}・Thomas G. Hinton^{3,7}

- ・著者の所属 :

¹ 弘前大学被ばく医療総合研究所(当時:福島大学共生システム理工学研究科所属)

² 福島大学 共生システム理工学類

³ 福島大学 環境放射能研究所

⁴ Oak Ridge National Laboratory

⁵ 広島修道大学 人間環境学部

⁶ University of Georgia

⁷ Norwegian University of Life Sciences



(お問い合わせ先)

福島大学 共生システム理工学類 准教授・兼子伸吾

電話 : 024-548-5254 メール : skane@sss.fukushima-u.ac.jp

弘前大学 被ばく医療総合研究所 事務室

電話 : 0172-39-5401 メール : jm5401@hirosaki-u.ac.jp

【用語説明】

注1) マイクロサテライト遺伝子座

ゲノム上にみられる、1~数塩基の短い配列 (Simple Sequence Repeat) の繰り返し数の多型を評価できる部分。SSR マーカーともいわれる。多型性が高く生物の個体や株の遺伝的特定(クローン解析)や血縁解析ができることから、集団遺伝学、分子生態学、科学捜査などにも用いられる他、放射線被ばくによる突然変異の検出にも用いられてきた。

注2) 部分配列パターンの数

ここでは分析したゲノム中の場所(遺伝子座)において観察された塩基配列のパターンの数を示す。対立遺伝子の数。突然変異によって配列に変化が生じると対立遺伝子の数は増加する。