

# DNAで木材腐朽菌を割り出す

- 住宅メンテナンスの新たなアプローチ -

杉山 智昭

キーワード：木材腐朽菌，メンテナンス，PCR，DNA

## はじめに

木造住宅を長持ちさせるためには、設計・施工段階で高い耐久性を付与して、施工後に適切な維持管理を行うことが重要です。

従来は住宅に使用する木材に確実な保存処理を施したり、高耐久性の樹種を用いるなど、設計段階での対策がやや重視されてきた感がありました。しかし近年では、品確法の施行により住宅メーカーの生産者責任が明確化されたことを受け、施工後のメンテナンスについても大きな関心が集まる傾向にあります。

木造住宅を大きく劣化させる原因としてはシロアリによる食害や木材腐朽菌による腐朽があげられます。

特に北海道においては寒冷な気候条件のため、シロアリによる被害よりも木材腐朽菌による腐朽被害が一般的です。

以前に比べ住宅工法や床下環境が改善されてきたこともあって、ナミダタケをはじめとした木材腐朽菌による被害は減少してきてはいますが、毎年継続的に被害の報告・問合せが林産試験場に寄せられています。

木材腐朽菌による被害を最小限に抑えるためには、腐朽が進行する以前に早期の予防・対応措置を行うことが、安全性の確保および修繕コストの面から重要です(図1)

今回は腐朽初期での対処を行う上で要求されている

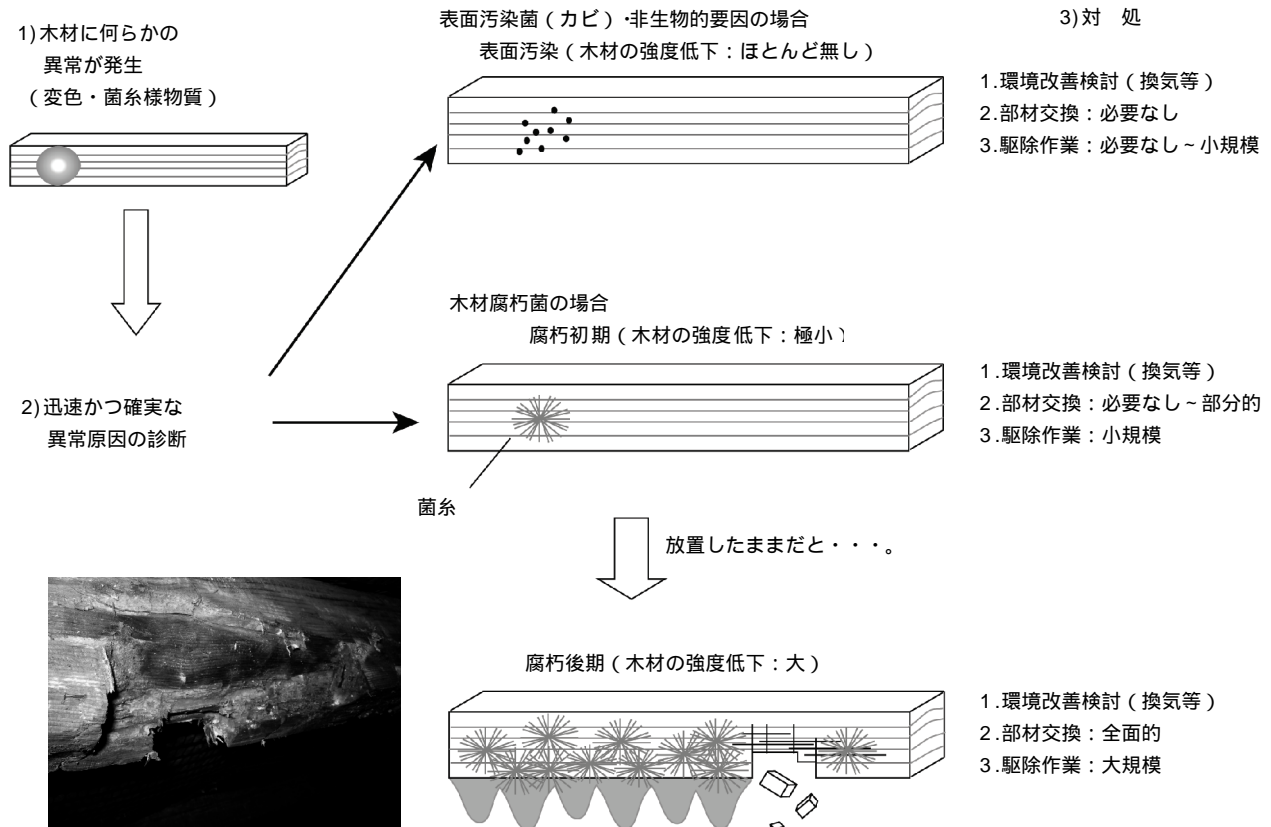


図1 腐朽進行状況によるメンテナンスの比較

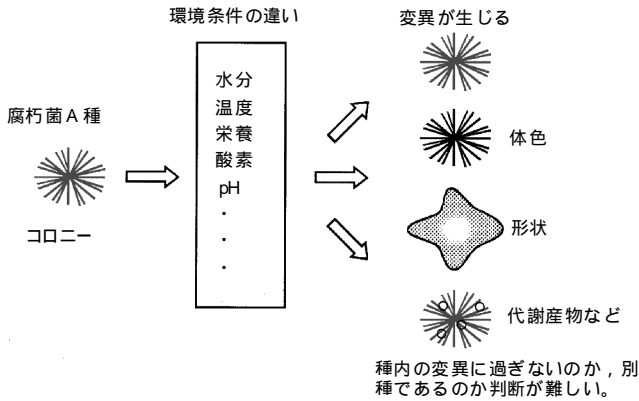


図2 環境要因による種内変異

木材腐朽菌の迅速かつ客観的な同定方法としてDNAを用いた分析技術について紹介します。

### 従来の同定方法が抱える問題

現在、木材腐朽菌の同定は主に、その形態や生理的特徴を比較することによって行われています。しかしこの方法は以下のような問題を抱えています。

菌の単離や培養に時間がかかる (数週間～数か月)

環境条件や成長過程により形質が大きく変動する (図2)

比較する形質に明確な差が認められない場合がある (図3)

このように、環境や成長過程によって変化する形質を用いて、確実な指標となる比較形質に乏しい木材腐朽菌の同定を行う際には、観察者の主観によって誤った結果が導かれる可能性も考えられます。

### DNAを指標とした同定技術

近年、分子生物学の飛躍的な発展により、ウイルスからヒトにいたるまで生物種をDNAレベルで比較することができるようになりました。最近では新聞やテレビなど、一般的なメディアにおいても、「DNA鑑定」などといった言葉が頻繁に取り上げられるようになってきています。このDNAを用いた同定技術には次のような特徴があります。

結果を早く入手することができる (1日～数日)

環境条件や成長過程に影響されない。

例えば、カエルについて成体とオタマジャクシ、卵には大きな形態の差がありますが、「生命の設計図」DNAを比較した場合、遺伝情報に変化はありません。

形態で判別しにくい (はっきりとした差が認めら

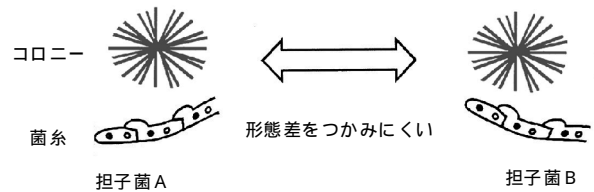
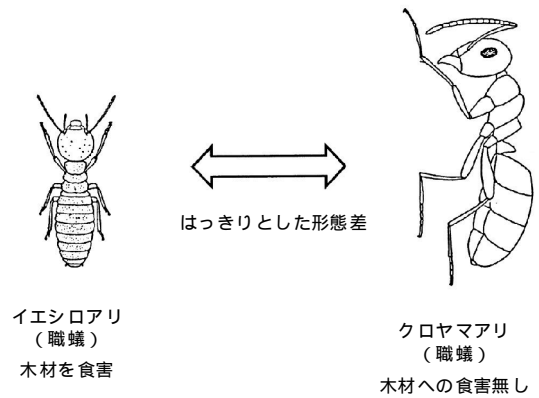


図3 比較形質による制限  
木材保存学入門より一部転載

れない生物種を客観的に比較することができる。

以上のようにDNAを指標とする同定法は、従来の方法に対して、生物を迅速かつ客観的に比較することができるため、信頼性の高い結果を期待することができます。

### PCR法によるナミダタケの同定

ポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) 法とは、DNAを合成する酵素と「プライマー」と呼ばれる短い人工合成DNA断片を用いて、極少量のサンプルDNAから目的とするDNA領域を大量に増幅する技術です。この技術には様々な応用法<sup>1)</sup>がありますが、今回は北海道において住宅に被害を与える代表的な木材腐朽菌の一種であるナミダタケをDNAレベルで同定することを目的としてPCR法を試みました。なお、分析にあたっては、ナミダタケのDNAだけを特異的に増幅するように「プライマー」の設定を行っています。

まず表1のナミダタケ、未同定の担子菌およびクロコウジカビから、一般的な方法を用いて増幅の「もと」となるDNAの抽出を行いました (写真1)。この「もと」となるDNAから、ナミダタケに特異的なDNA領域をPCR法によって増幅し電気泳動して観察を行ったのが写真2です。写真2の電気泳動像から、各サンプル

表1 分析サンプル

サンプル	由来
1. ナミダタケ	森林総合研究所保存株
2. 未同定担子菌	被害を受けた住宅より分離 (1982)
3. 未同定担子菌	被害を受けた住宅より分離 (1987)
4. クロコウジカビ	(財)発酵研究所保存株



写真1 抽出されたDNA

のDNAがナミダタケに特異的なプライマーにより増幅されていることがわかります。標準株と同一のDNA増幅が観察されたため、被害を受けた住宅から分離された2つのサンプルについても、DNAレベルでナミダタケと同定することができました。

また、比較のため分析に加えられたクロコウジカビについては今回用いたプライマーによって増幅が見られず、ナミダタケと区別されることが示されています。

おわりに

今回の結果から、木造住宅のメンテナンス現場で子実体が確認されない場合においても木材の表面に付着している少量の菌糸をPCRで分析することにより、DNAレベルで木材腐朽菌の同定を行うことが可能と考えられます。

木造住宅のメンテナンスには必ずしも高額の工事が

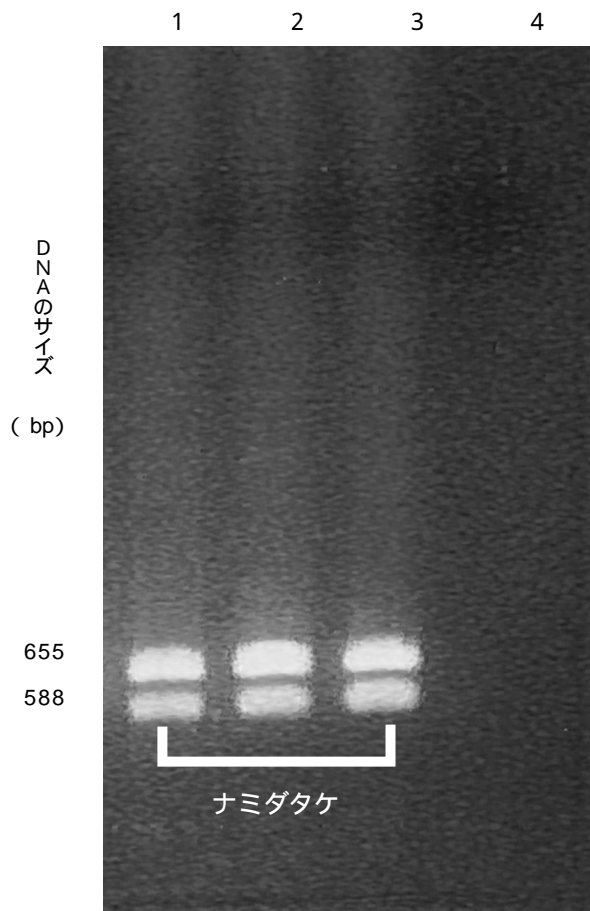


写真2 PCR増幅産物の電気泳動像  
1: ナミダタケ標準株, 2, 3: 未同定担子菌, 4: クロコウジカビ

必要になるとは限りません。適切な状況把握により、わずかな費用でも効果的なメンテナンスを行うことが可能です。今回紹介したPCR法を用いた木材腐朽菌の同定方法が木造住宅の適切なアフターケアを行う上で、判断の一助となれば幸いです。

参考資料

- 1) 杉山智昭ほか6名：日本木材学会北海道支部講演集，第34号，7-10(2002).
- 2) “木材保存学入門”，社 日本木材保存協会 (1992).  
林産試験場 耐朽性能科)