

F-7 遺伝子組換え生物の開放系利用による遺伝子移行と生物多様性への影響評価に関する研究

(2) 遺伝子組換え植物の導入遺伝子の環境拡散リスクと植物多様性影響評価に関する研究

①自生集団内および集団間における遺伝子移行の評価法の開発—1. 他殖性作物について

筑波大学大学院生命環境科学研究科
筑波大学大学院生命環境科学研究科

大澤 良
林 久喜

平成15～17年度合計予算額 18,879千円

(うち、平成17年度予算額 6,197千円)

※上記の予算額には、間接経費 4,357千円を含む

[要旨]

集団内・集団間遺伝子流動に及ぼす生殖様式の影響を明らかにするために、典型的な他殖性植物である普通ソバおよび同種の自殖系統をナタネのモデル植物として用いて(1)集団内、集団間遺伝子流動の実態把握を行った。また、拡散リスク評価法の確立を目指して(2)アズキと野生種のツルマメのQTL情報に基づいた適応度を考慮した組換え遺伝子拡散のシミュレーションモデルの構築を試みた。遺伝子流動の把握では、他殖性普通ソバと他殖性普通ソバからの育成系統である自殖性普通ソバとの生殖様式の違いが集団内遺伝子流動におよぼす影響、ならびに個体ごとの開花期が集団内遺伝子流動に及ぼす影響に着目した。自殖性普通ソバの花器構造は他殖性普通ソバと変わらず、厳密な意味での自殖性というよりは他殖も可能な自家和合性であり、ナタネのモデルとなりえる。他殖性の場合には、方角によるバラツキがあるものの、近傍の20%から15m先でも5%の結実率と緩やかに減少する遺伝子流動が見られたが、自殖性においては花粉親と接している近傍個体でもわずかに3%の結実率であり、6m離れると0.2%、それ以上では遺伝子流動はほとんど認められなかった。このことは、自家和合性の付与は個体間遺伝子流動を非常に強く制約することを示唆している。また開花期の違いが遺伝子流動に及ぼす影響については、開花期間は重なっていても開花始が2週間違うだけで遺伝子交換は妨げられることが明らかになった。QTL情報を用いたモデル構築による遺伝子組換え作物の環境拡散リスク評価手法の確立を目指して、その基本モデルを構築し、シミュレーションを行った。その結果、適応関連遺伝子座近傍に遺伝子が導入された場合には、該当遺伝子が中立であったとしても連鎖引きずりによって次世代集団内に固定されることが示唆された。

[キーワード] 他殖性植物、遺伝子流動、適応度、シミュレーション、定量的リスク評価

1. はじめに

カルタヘナ議定書において挙げられている「生物多様性の保全と持続可能な利用へ及ぼす悪影響を防止するための環境リスク管理」に関する研究が必要であるとの認識が高まっている。具体的には、植物の集団間の花粉による遺伝子流動や栄養系と種子による遺伝子の移動によって新たな遺伝子が他集団の遺伝構造のなかに組み込まれる機構解明の研究が不可欠になる。GM作物が自然生態系の生物多様性に与えるリスク評価を、(1)競合上の優位性、(2)有害物質の生産性、(3)交雑性、の3点で検討されている。(1)と(2)の評価に関しては、数年間の圃場実験における調査に

よって判定ができうると考えられる。ところが、(3)の交雑性はこれらふたつとは次元を異にする問題である。GM作物が在来の近縁野生植物との交雑し、さらに、導入遺伝子とその近縁野生植物の個体群に広く浸透していくという遺伝子浸透の問題であり長期の予測が必要になる。遺伝子浸透の現象は古くから知られている問題であるが、この浸透が生物多様性に影響があるとするか否かで意見が分かれている。導入遺伝子が野生種集団に広がること自体は影響とはいえないが、該当遺伝子を持つことにより野生種集団の増殖率が変わったり、他の生物種が急速に減ったり増えたりした場合は、影響があるとみなす見方がある。これはどちらかという短期的な影響を問題とする視点であり、GM作物の許認可の審査を行う農作物分科会の見解はこちらに近い。一方、導入遺伝子が野生種集団に広がること自体に影響とする見方がある。人為的に組込んだ他種の遺伝子が野生種集団に広がることは、進化的にはおこりえないイベントであるため、短期的には変化が認められなくても長期的には従来保たれていた生態系のバランスをくずす要因になりうると考える見方である。広がること自体が潜在的なリスクを高めうる可能性があるとする意見で、長期的な影響を問題としている。現時点において、作物種ごとにどのような浸透が起こりえるのかという研究があまりにも少ないこともあり、これらのどちらを支持すべきという結論は出せない。

いずれにしてもこの遺伝子浸透による拡散リスク評価を行うには、(1)交雑性、(2)組み換え作物と野生種との雑種の適応度に基づく拡散リスク評価の研究が不可欠となる。栽培種から野生種への遺伝子浸透を調べた研究は数多くなされており、種や交配様式によって結果は様々。数十kmの範囲で交雑が認められることもあることが知られている。多くの場合、栽培種は祖先種、あるいは近縁野生種と一定頻度で交雑する。したがって、交雑程度を調査することが重要であるが、交雑することを前提にした場合には、そのリスクを低減させる研究も不可欠である。

一方、組換え遺伝子の拡散リスク評価の研究は、遺伝子流動から適応度へと研究の中心が移りつつある(Hails & Morley, 2005)。それらは、栽培種と野生種とそれらの雑種後代の適応度を調べた研究、あるいは組換え遺伝子を持つ雑種と持たない雑種間での適応度を調べた研究などである。これまでの研究は、個々の実験観察にもとづく定性的な評価であるが、今後は、モデルシミュレーションによる定量的な評価手法の開発が重要となる。これまでも島田・大村(2006)による集団遺伝学的なドリフトモデルによる拡散リスク評価の研究がなされている。しかしながら、交雑後の広まり方を予測した数少ない研究の多くは、組換え遺伝子そのものは自然選択に対してほぼ中立であると仮定し、遺伝的浮動の効果のみを考えている。しかし、たとえ組換え遺伝子そのものは自然選択に対して中立であったとしても、組換え遺伝子のすぐそばに適応度に関わる遺伝子が乗っている場合には、連鎖ひきずりによって組換え遺伝子の広がりやすさも変わるのではないかと予想される(図1)。近年では多くの作物でQTLマップが作成されており、適応度に関わる遺伝子の染色体上の位置や、その効果が分かってきている。

2. 研究の目的

本研究では、分子マーカーなどを利用し集団内遺伝子流動の実態把握、特に空間的・時間的隔離を含めた生殖的隔離機構の解明を試みる。さらに、QTLマップ情報を元に遺伝子型から個体の表現型を再現し、自然選択や遺伝的浮動によって集団中の遺伝子頻度が変動するシミュレーションモデルを作成し、組換え遺伝子の拡散リスクを近傍のQTLの効果を検討しながら評価する手法を開発する。これらの成果は、個々の集団サイズは大きくないが多様な類縁作物種と栽培体系をもつ

従来の研究

・花粉散布距離を推定した研究がほとんどない

・入った遺伝子がどう広がるのかまで検討した研究はあまりない

・自然選択に対してほぼ中立と仮定 遺伝的浮動の効果のみ考える

・近傍のQTLをまったく考慮していない

■ 組換え遺伝子
○ 栽培種遺伝子
● 野生種遺伝子

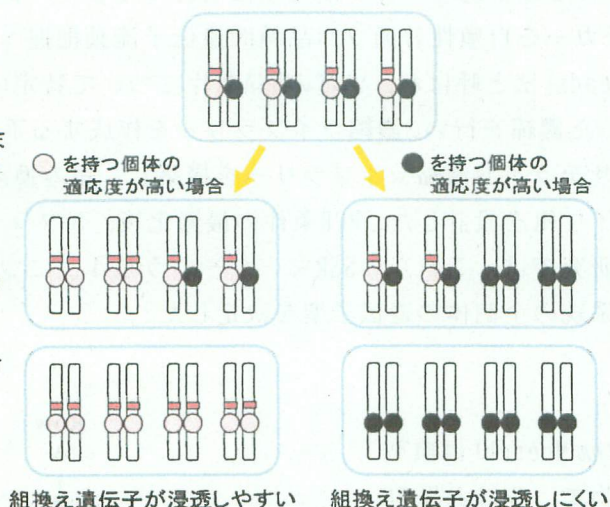


図1 連鎖引きずりによる遺伝子浸透

わが国での野外栽培の制限の適正化と効果的なモニタリング手法のデザインを構築する基礎となるものと考えられる。

3. 研究方法

(1) 生殖様式の変化が遺伝子拡散距離に及ぼす影響の解明

自殖性普通ソバの生殖様式は自家和合性であり、自殖とともに他殖もすると考えられている。遺伝子組換えナタネもこのような生殖様式を持つ植物種である(表1)。これまでの多くの植物種における遺伝子流動の把握は完全他殖性植物種を対象とするものが多く、自家和合性であり、自殖も他殖も行う植物集団内の遺伝子流動を把握した例は少ない。本研究においては今後国内栽培が予想されるナタネなど自殖性と他殖性の性質をあわせ持つ植物種における集団内・集団間遺伝子流動の把握を試みる。(1)遺伝子流動を把握するためのSSRマーカーの開発、(2)圃場内遺伝子流動の把握から構成されている。本研究に用いる同一種内に異なる生殖様式をもつ普通ソバはナタネなどのモデル植物として適している。

表1 栽培植物の生殖様式と集団間遺伝子流動

和合性程度	生殖様式	栽培種	集団間遺伝子流動
高	自殖性	イネ, 豆類, トマト etc.	少
高	自殖&他殖	ナタネ, 自殖性普通ソバ	多
低	他殖性	ライグラスなど牧草, 他殖性普通ソバ	多

① SSRマーカーの探索, 開発

遺伝子組換え植物からの非組換え植物あるいは近縁野生種への遺伝子流動を把握するための遺伝マーカーとしては極めて多型性の高いSSRマーカーが最適である。しかし、通常ゲノミックライブラリからのSSRのスクリーニングは、効率が悪く、数多くのマーカーの開発には不向きである。

岩田ら(2000)はソバにおける効率的マーカー開発手法を行ってきた。本研究では、岩田ら(2000)により開発されたSSRマーカーを自殖性普通ソバ品種間遺伝子流動把握への活用可否を検討した。本手法はMB(magnet beads)法と呼ばれ、ソバのDNA断片について特定の反復配列をターゲットとしてmagnet beadsを用いた濃縮を行い、濃縮ライブラリーを作成する手法である。岩田ら(2001)は、これによりマイクロサテライト濃縮ライブラリーを構築し、組み換えクローンより得られたシーケンスによりプライマ組を設計した。PCR条件の最適化後、5プライマ組を選び、前側プライマに蛍光標識した。本研究では、これらのSSRマーカーのうち4つについてABI3100シーケンサを用いて2つの自殖性系統の全個体の遺伝子型を決定した。

②遺伝子流動の把握

ソバ(*Fagopyrum esculentum* Moench)は典型的な虫媒による他殖性作物で、花は二異型花性を示し、結実には昆虫の媒介による長花柱花と短花柱花との間での受粉が必要である。そのため遺伝子組成は同一集団内でも雑ばくであり、近隣のソバ集団との間で容易に交雑すると言われているが、交雑する空間的な遺伝子流動の実態は明らかにされていない。大西が発見した *F. homotropicum* は自殖性の野生種で、近年、*F. esculentum*と*F. homotropicum*との交雑育種により、自殖性のソバが育成されている。本研究は遺伝子流動の実態を知る目的で、自殖性ソバ2系統を供試してドナーからの距離と交雑率との関係を調査した。

ア 自殖性普通ソバ集団内遺伝子流動

供試系統として、粒形に関し有翅形と三角形(卵形)の2系統を供試した。有翅形は三角形に対して優性であり、三角形のF1個体が有翅形の種子を形成することで、有翅形個体の花粉が受精したことを確認できる。有翅系統をドナーとし、試験区中央の半径1mの範囲に株間10cmで325個体播種した。レシピエントである三角系統はドナーの外周に隣接する場所に134個体、試験区中央から放射状に8列(A~H)、1列につきドナー外周から1mごとに5mまでの5箇所にそれぞれ9個体播種した(図2)。ドナーとレシピエントの開花がそろった時点で長花柱花個体を除去すると共に、それまでに開花した花および結実中の花はすべて除去した。レシピエントは個体別に収穫した。秋にレシピエントF1種子を、1個体につき最大20粒ずつ播種して結実した種子形状を観察した。交雑率はF1個体数に対する有翅形を結実したF1個体数の比率で算出した。

イ 他殖性普通ソバ集団内遺伝子流動

短花柱花個体をドナー、長花柱花個体をレシピエントとし、試験配置は自殖性と同様にした。レシピエントは試験区中央から放射状に8列(A~H)、1列につきドナー外周から1mごとに8~10m

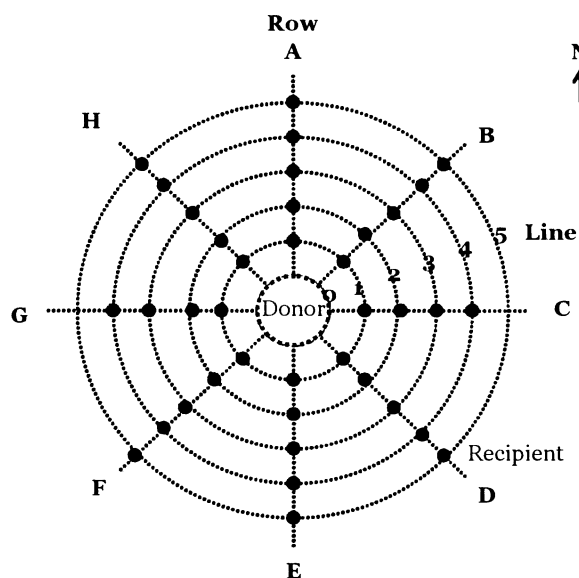


図2 圃場配置図

注:ドナーは中央の半径1mの範囲に325個体播種した。

までにそれぞれ9個体播種した。開花がそろった時点でそれまでに開花した花および結実中の花はすべて除去した。レシピエントは個体別に170個体収穫し、各個体の総開花数と結実種子数から結実率を算出して遺伝子流動程度とした。

ウ 個体間遺伝子流動に開花期の違いが及ぼす影響

秋型に近い中間型品種の”信濃1号”を用いた。筑波大学農林技術センター内の圃場に6m×2mの区画を作り、54個体を栽培した。第一花開花日の変異を広げることを目的に、通常の秋栽培よりも3ヶ月ほど早い5月26日に播種した。また、開花直前に網室を設置して中に花粉媒介昆虫を放した。個体ごとに第一花開花日を記録し、採種した。各個体のSSR遺伝子型を事前に明らかにし、各個体の結実種子の遺伝子型を決定した。これらの次世代集団に対して父性解析（CERVUS）を行い、花粉親を決定した。

③ 適応関連QTLマップ情報に基づく組換え遺伝子の拡散リスク評価

本プロジェクトにおいて解析が進んでいるアズキを例にシミュレーション研究を行うこととした。ヤブツルアズキは、田のあぜや河川敷に生育する雑草で、アズキに比べて葉が小さく蔓性であり、種子は小さく、休眠性がある。種子生産量が非常に多く、アズキの約10倍量の種子を生産する。アズキもヤブツルアズキも自殖性の植物であるが、遺伝構造の解析結果から、ヤブツルアズキ間の他殖率は約5%、アズキとヤブツルアズキ間の交雑率は約0.5%であると推定されている。このように交雑率が低いにも関わらず、両者の中間的な表現型をしめす中間体が野外でしばしば観察されており、雑種の適応度が高いのではないかと考えられている。このような交雑率をふまえて、本研究では3つの交配様式を想定した(図3)。基本モデルは、ヤブツルアズキの1個体が最初に1回だけアズキと交雑した後は、全個体が自殖のみを行うというものである。ここでは、組換え遺伝子は雑種後代にのみ伝わる。ステップ2では、これに他殖が加わり、ステップ3では、自殖と他殖をしている集団の中に、毎世代極低頻度でアズキの花粉が飛び込んでくる場合を想定する。本研究に於いては基本モデルであるステップ1の確立を目指すこととした。

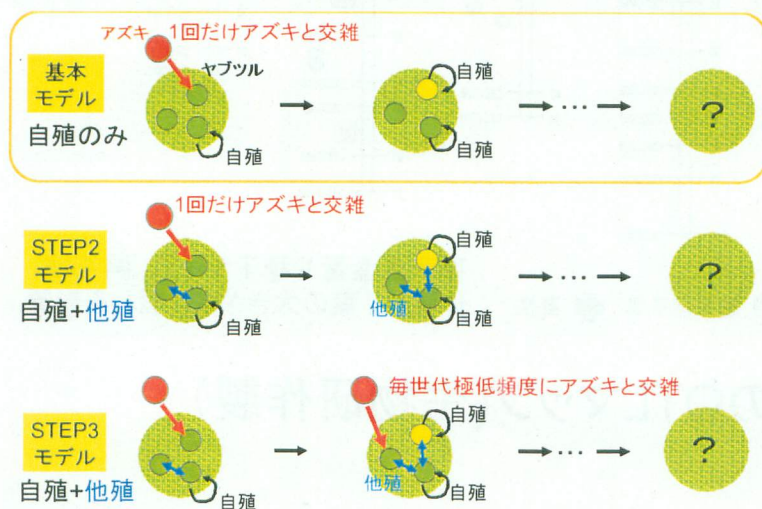


図3 想定した3種類の交配様式

アズキとヤブツルアズキとの間では、すでにF2集団をもとにQTLマップが作成されており、種子生産量や種子サイズ、開花期、休眠性、葉の大きさ等に関わるQTLの情報が分かっている(図4)。これらのQTLの中から、総種子重に関わる3つのQTLに注目した。これらのQTLは、4番、5番、9番連鎖群にあり、それぞれの遺伝子の効果が明らかになっている(図5)。表からLG4とLG9でアズキの遺伝子をホモ接合で持っている個体は、総種子重が小さくなり、逆にLG5でアズキの遺伝子をホモ接合で持つ個体は、総種子重が大きくなることが分かる。この遺伝効果を元に、遺伝子型値を求める。さらに、自然選択は遺伝子型ではなく表現型にかかるため、環境分散を考慮して個体の表現型を再現した。各個体の表現型は、平均が遺伝子型値、分散は両親系統の環境分散から推定した正規分布に従う乱数としました。その個体の適応度を推定した。総種子重と総種子数は非常に相関が高いので、それらの回帰式を用いて総種子重から適応度の指標である総種子数を推定した。

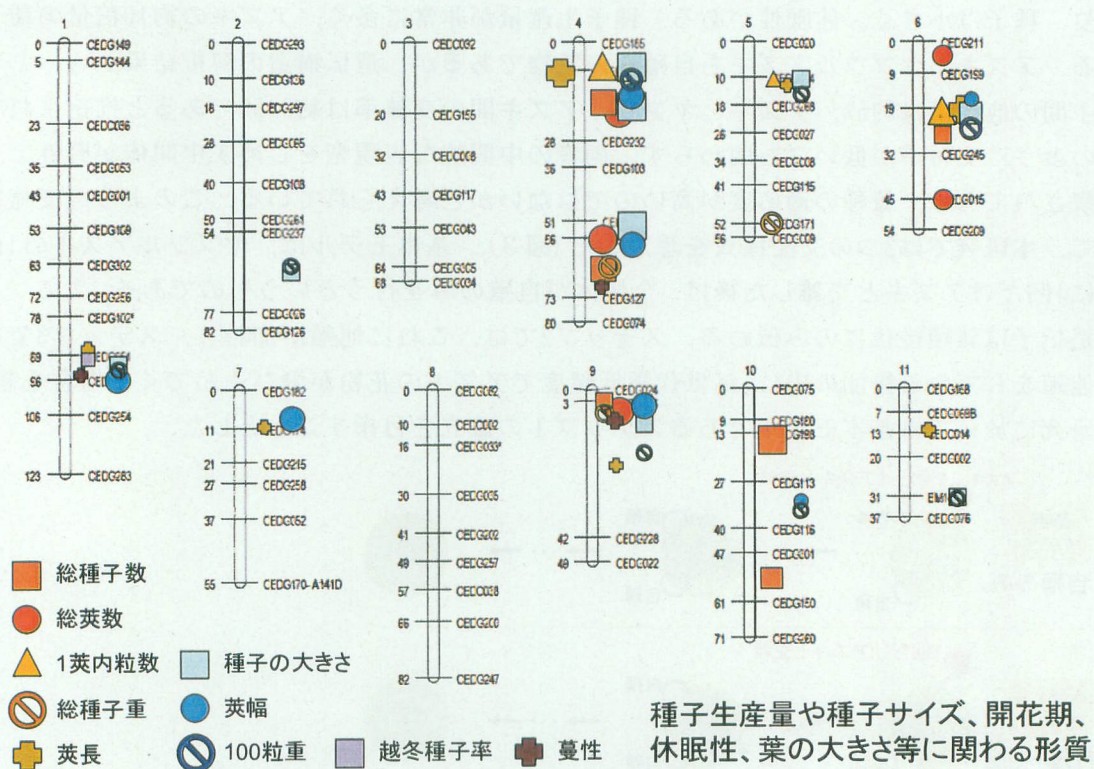


図4 F2集団からのQTLマップ(生物研作製)

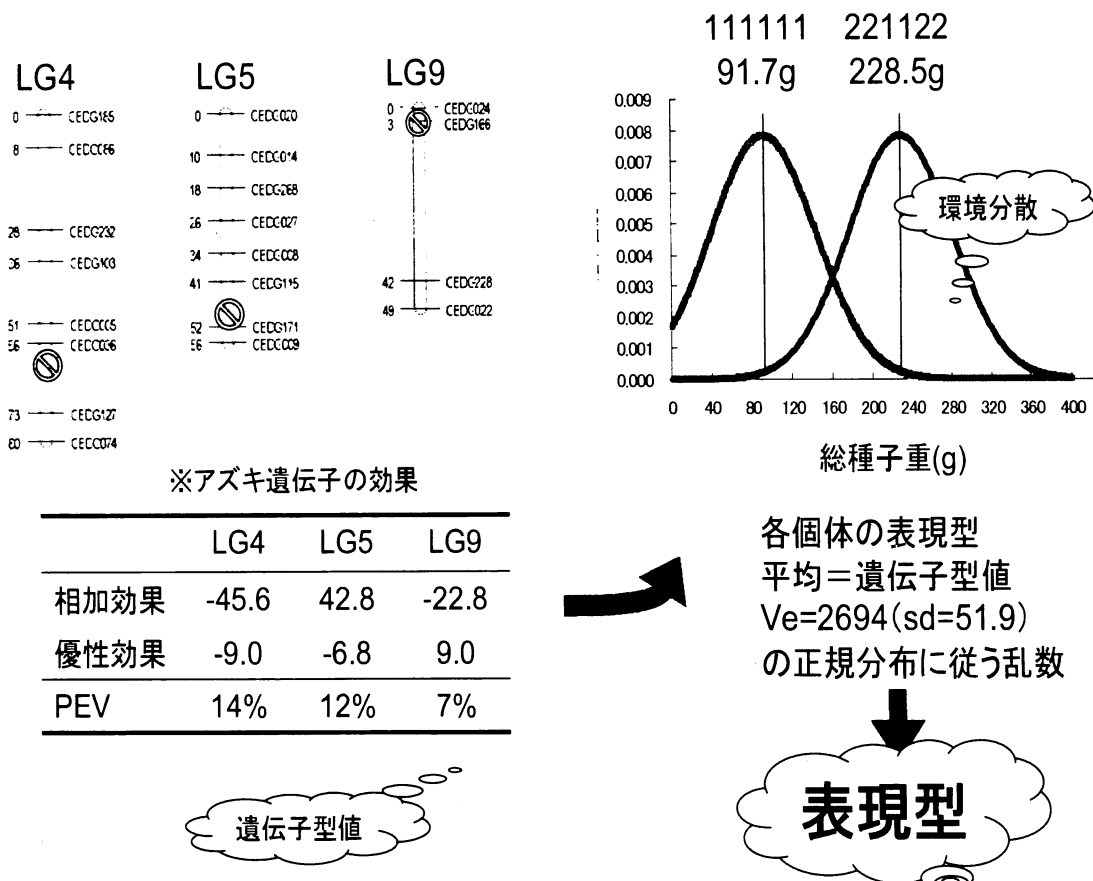
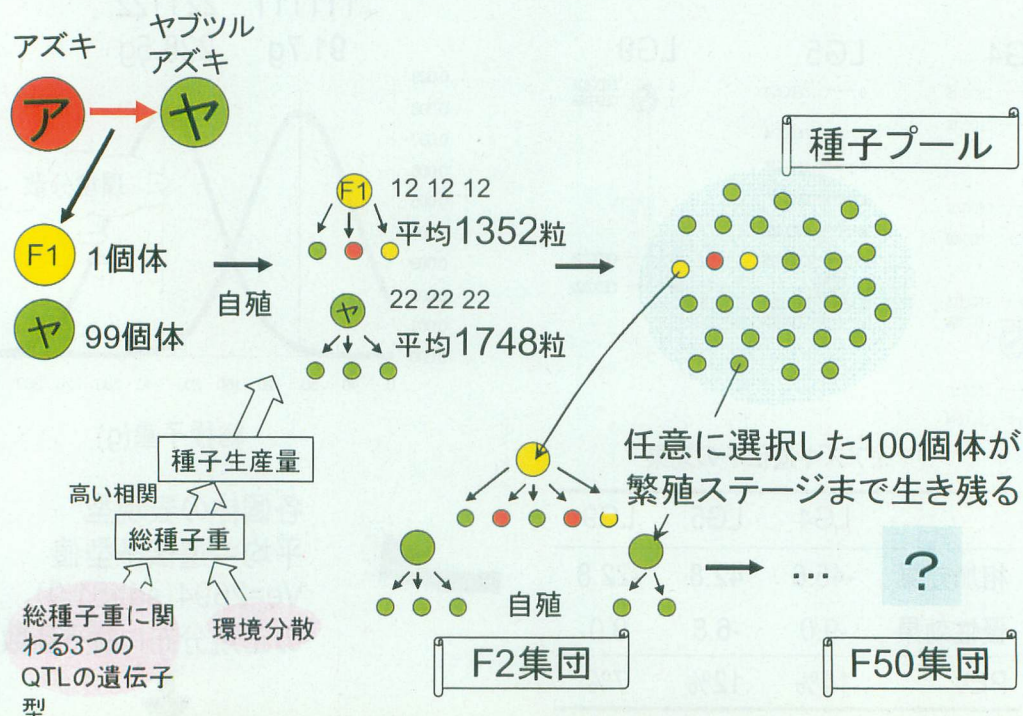


図5 総種子重に関わるQTLから個体の表現型を再現する

次に、総種子重に関わるアズキ遺伝子が野性種集団にどのくらい残るかをシミュレーションした (図6)。ヤブツルアズキが99個体いる集団中にF1が1個体だけいる場合を想定し、ヤブツルアズキもF1以降の後代も、自殖のみを行なうとした。種子生産量は、先ほど示した方法を用いて総種子重に関わる3つのQTLの遺伝子型と環境分散から推定する。F1個体は平均して1352粒を、ヤブツルアズキは平均して1748粒の種子を作ることになる。そうしてできた種子プールから任意に選択した100個体が次の繁殖ステージまで生き残ると仮定する。このような過程を50世代まで繰り返す、それを1試行として、100回繰り返す、100回の試行中でアズキの遺伝子が残っている試行の割合を残存率として求めた。

最後に、このような動きを示す総種子重QTLの近傍に組換え遺伝子が座乗していた場合に、組換え遺伝子の残存率が連鎖引きずりによってどう変わるのかを調べた。適応関連 QTLから10~30cM離れたところに組換え遺伝子が乗っている場合を仮定し、先ほどのシミュレーションを用いて、F2からF50世代までの組換え遺伝子の残存率の推移を求め、連鎖がない場合と比較した。



100試行中アズキ遺伝子が残っている試行の割合(=残存率)を求める

図6 総種子重に関わるアズキ遺伝子は野生種集団にどのくらい残るか？

4. 結果・考察

(1) SSRマーカーの開発

① 普通ソバSSRマーカーの開発

岩田ら(2000)により開発されたSSRマーカー4種について、自殖性系統間多型を各系系統あたり30個体で調査した(表2)。1303と1407の2マーカーは花粉親では固定しており、種子親には認められなかったことから遺伝子流動のマーカーとして利用できることがわかった。しかし、他のマーカーは両系統内に多型が認められたが、種子親個体間遺伝子流動を把握するには不十分であった。

(2) 遺伝子流動の把握

① 自殖性普通ソバにおける遺伝子流動

交雑試験期間、気温が高く推移し最低気温20℃以上の日が続いた。平均開花総数はドナーが1863個/個体、レシピエントが8848個/個体で、平均結実数はドナーが5.2個/個体、レシピエントが137.8個/個体であった。交雑率は方位による差はみられなかった。一方、距離別では隣接区(0.3m)で1~3%, 3m区で0.2~3%, 9mを越えると0%であった(図7)。また、遺伝子流動を表す関数 $P=Ae^{-kd}$ (Ohsawa et al 1993, Ohsawa and Ukai 1997)で近似すると、 $k=-0.378$, $A=3.27$ が得られ、自殖性ソバにおける遺伝子流動は、距離による制約が極めて強いことが示唆された。

表2 花粉親と種子親集団内SSR遺伝子座多型頻度

遺伝子座					
1303	種子親	花粉親	1407	種子親	花粉親
a	0.516	0.000	a	0.260	0.000
b	0.000	1.000	b	0.024	0.000
c	0.032	0.000	c	0.008	0.000
d	0.048	0.000	d	0.704	0.000
e	0.450	0.000	e	0.000	1.000
1322	種子親	花粉親	1582	種子親	花粉親
a	0.000	0.500	a	0.008	0.017
b	0.016	0.000	b	0.492	0.567
c	0.024	0.000	c	0.016	0.000
d	0.000	0.036	d	0.024	0.000
e	0.490	0.357	e	0.430	0.000
f	0.460	0.000	f	0.008	0.417
g	0.079	0.000	g	0.032	0.000

アルファベットは対立遺伝子を示す

② 他殖性普通ソバにおける遺伝子流動

距離クラスによる平均の結実率の推移を調べたところ、花粉源からの距離が大きくなるにつれて結実率が緩やかに低下していた（図7）。また、方角による差が大きいため距離クラスごとの分散は大きいことが明らかとなった。これまで生井(1986)は他殖性普通ソバの遺伝子流動を網室内で調査し、同様な傾向を明らかにしているが、網室内で花粉媒介昆虫として人工飼育のシマハナアブを利用した場合には、花粉源から240cm離れた箇所では主茎花房に3粒程度であった。本研究の結果、野外では他殖性普通ソバの花粉源を中心とした花粉流動は少なくとも10m以内では差異は無いことが明らかとなった。花粉流動は植物の個体密度、気温、花粉媒介昆虫の種類などにより大きく影響を受けることが明らかであり、本研究の結果が、すなわち普通ソバの遺伝子流動範囲であると結論することは誤りである。おそらくレシピエント範囲を広げれば、それに伴い遺伝子流動は長く尾を引くと予想できる。本研究のように線状ではあるが連続分布した場合と点在している場合は明確に区別しなければならない。本結果は栽植密度が高い場合の個体を中心とした遺伝子流動の様相として理解したほうが良いと考える。しかし、自殖性普通ソバとの比較において、自家受粉も他家受粉も可能な同様な形態の花を持つ種でも、自家和合性程度により花粉流動が著しく制約を受けることは示唆された。

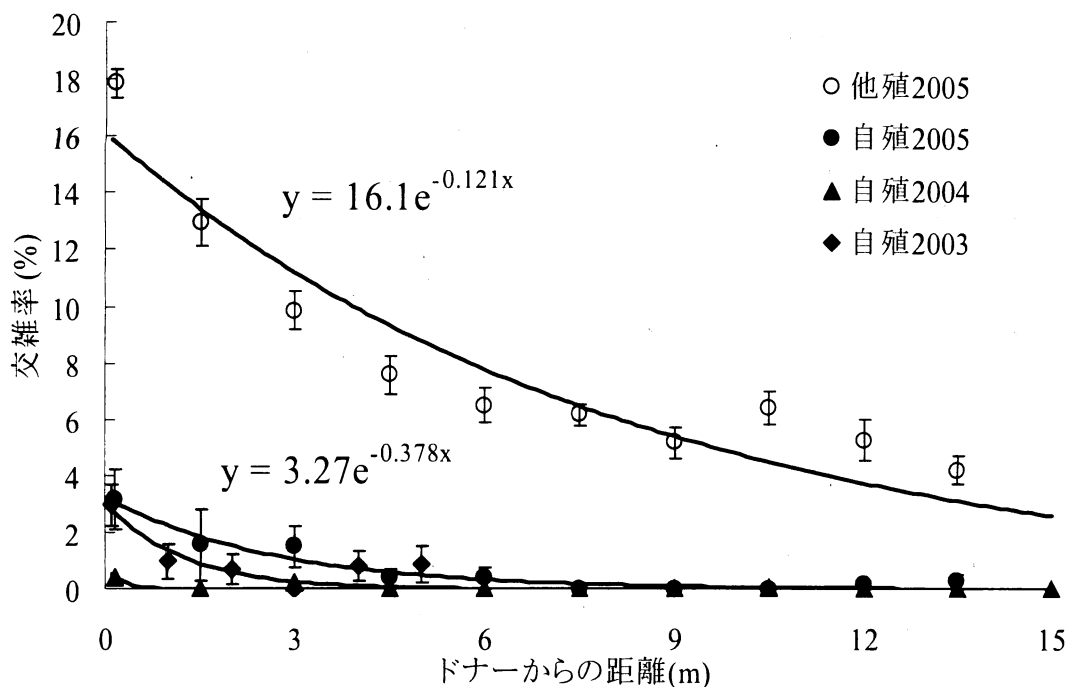


図7 自殖性ソバおよび他殖性ソバにおける遺伝子流動

③ 個体間遺伝子流動に開花期の違いが及ぼす影響

次世代個体が、どのような開花日を持った親同士の交配によって生じたものかを表1に示した。縦の列は種子親の第一花開花日を示し、上に行くほど開花期は早くなる。一方、横の列は花粉親の第一花開花日を示し、左に行くほど開花期は早くなる。また、数字は、実際に交配が起きた組合せを示している。したがって、同類交配が起きているとすると、対角線上に数字が乗ることになる。早咲き個体は7月2日以降に第一花を咲かせた個体とはまったく交配せず、6月28日から7月1日までの間に第一花を咲かせた個体には、比較的広い範囲で遺伝子流動が起きていた。これらの結果から、早咲き個体と遅咲き個体との間には遺伝子流動の時間的制約が生じており、同類交配が行われているといえる。また、集団が無作為交配をしている場合、早咲き個体同士が交配する確率は1%であったが、本実験ではすべての交配の3.4%は早咲き個体同士の交配によって生じていることから、本集団では無作為交配が生じていないといえる。

表3 個体間遺伝子流動に及ぼす開花期の違いの影響

		←早			花粉親の開花日					遅→						計
		6/24	6/25	6/26	6/28	6/29	6/3	7/1	7/2	7/3	7/4	7/5	7/8	7/9		計
種子親の開花日	早	6/24	3		5											8
		6/25				2		5								7
		6/26		2	7											9
		6/28		3	2	9	2	9	1	1	2			3		32
		6/29		3	6	4		7	1							21
		6/3			1	2			2					2		7
		7/1	2	1	4	4		2	5				1	2		21
		7/2			3	3		4						1		11
		7/3			5								1			6
		7/4			1	1	1	1								4
		7/5			1			5								6
		7/8			1					2				1		4
遅	7/9					3		3					2	1	9	
															計 145	

④ 適応度を考慮した組換え遺伝子拡散のシミュレーションモデルの構築

図8の横軸は世代を、縦軸は残存率を表している。網線で囲まれた部分は、中立遺伝子の残存率の95%信頼区間を表している。LG5では、アズキ遺伝子の適応度が高いため、中立遺伝子よりもアズキ遺伝子の残存率が高いことが分かった。一方、アズキ遺伝子の適応度が低いLG4では、中立遺伝子よりも速く集団中からアズキの遺伝子が消失した。また、アズキ遺伝子の適応度がやや低いLG9では、中立遺伝子と同程度の残存率であった。また、LG5について、集団中のアズキ遺伝子頻度の変化を見ると、残存した10回の試行すべてでアズキの遺伝子頻度が世代を追うごとに増加し、最後には1に固定していることが分かった。すなわち、この遺伝子座では、100回中90回の試行ではアズキ遺伝子が消失するが、残りの10回では逆にアズキ遺伝子に固定すると推定された。

図9は各QTLから10cMのところにある組換え遺伝子の残存率を示している。LG5から10cMのところにある組換え遺伝子は、連鎖がない場合よりも残存率が高く、逆に、LG4から10cMのところにある組換え遺伝子は連鎖がない場合よりも集団中から速く消失した。これらの結果をまとめると、網線部分は連鎖がない場合よりも組換え遺伝子が残りにくいところを、濃灰色部分は逆に残りやすいところを示している。実際には、これらの領域には、他のQTLも乗っているため、それらの効果や他殖率を考慮すると今回推定された残りやすさは多少変わると予想されるが、近傍のQTLの効果によって組換え遺伝子の残りやすさが変わることは明らかである。現在の技術では、組換え遺伝子の挿入箇所を制御できないという問題がある。また、現在の安全性審査では、挿入位置に関する情報の提供義務がない。しかし、今回の結果から今後は組換え遺伝子の染色体上の位置や近傍のQTLの効果も考慮しながら拡散リスクを評価すべきではないかと考えられる。

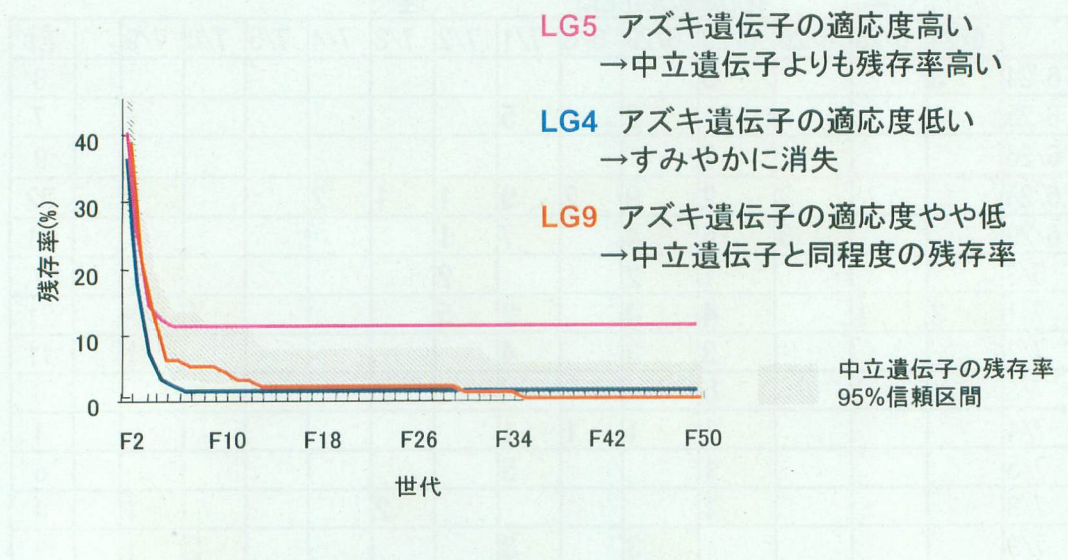


図8 QTLそのものの動き

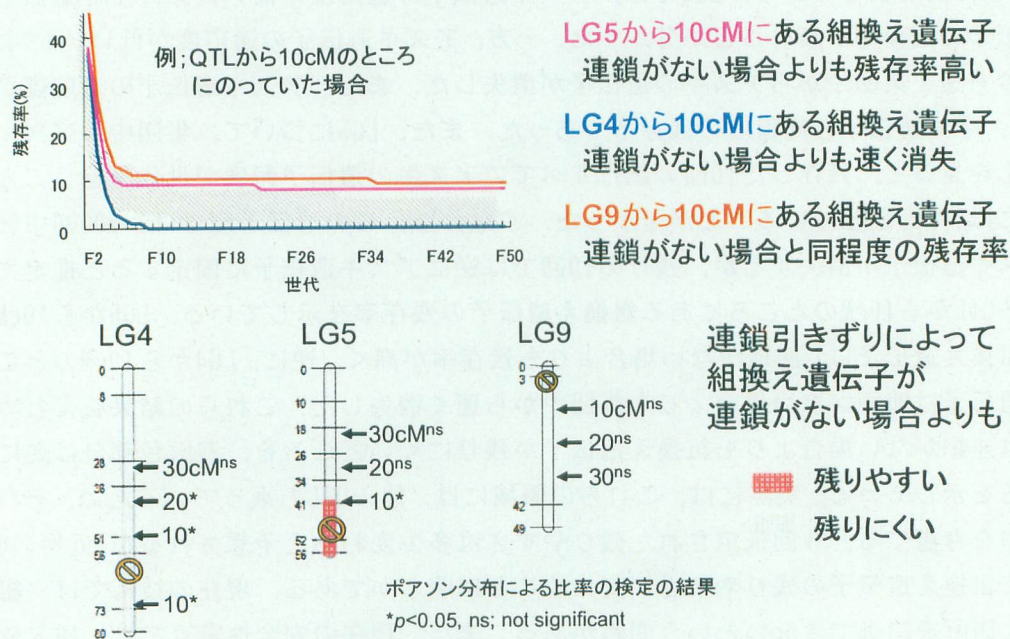


図9 組換え遺伝子の動き

5. 本研究により得られた成果

花粉媒介昆虫の飛来頻度や結実時の気温など実験環境の差異による影響があったとしても、自家和合性の付与は個体間遺伝子流動を他殖性に比べ非常に強く制約することが明らかとなり、同一種内での生殖様式の違いが遺伝子流動に及ぼす影響は極めて大きいことが示された。また、基本的なモデルではあるが組換え遺伝子の浸透モデル作成に際しては、それ自身の適応度ではなく、染色体上の挿入位置が重要であることが示唆された。

6. 引用文献

- 1) 岩田・大澤・津村(2000) 育種学研究 2 (別 1), 39.
- 2) 岩田・井門・吉村・津村・大澤(2001) 育種学研究 3 (別 2), 310.
- 3) Ohsawa, R. N. Furuya and Y. Ukai (1993) *Heredity* 71: 64~73
- 4) Ohsawa, R. and Y. Ukai (1997) *Genes & Genetic Systems* 72: 283~290
- 5) Hails & Morley (2005) *TREE*, 20, 245-252
- 6) 嶋田・大村(2006) 遺伝 3: 54-59

7. 国際共同研究等の状況

特に記載すべき事項は無い。

8. 研究成果の発表状況

(1) 誌上発表 (学術誌・書籍)

<学術誌 (査読あり)>

- (1) Kitamoto, N., Ueno, S., Takenaka, A., Tsumura, Y., Washitani, I. and Ohsawa, R. (2006), Effect of flowering phenology on pollen flow distance, and the consequences for spatial genetic structure within a population of *Primula sieboldii* (Primulaceae). *Amer. J. Bot.*, 93: 226-233
- (2) Ueno, S., Kitamoto, N., Ohsawa, R., Tsumura, Y. and Washitani, I. (2005), Nine additional microsatellite markers for *Primula sieboldii* E. Morren *Conservation Genetics Technical Notes*, 6: 1063-1064.
- (3) Iwata, H., Imon, K., Tsumura, Y. and Ohsawa, R., (2005) Genetic diversity among common buckwheat (*Fagopyrum esculentum*) cultivars in Japan as determined from AFLP and SSR markers and quantitative agronomic traits. *Genome*; 48: 367-377.
- (4) Kitamoto, N., Honjo, M., Ueno, S., Takenaka, A., Tsumura, Y., Washitani, I. and Ohsawa, R., (2005) Spatial genetic structure among and within populations of *Primula sieboldii* growing separate streams. *Mol. Ecol.* 14: 149-157.
- (5) 北本尚子, 上野真義, 津村義彦, 鷺谷いづみ, 大澤良 (2005) 絶滅危惧植物サクラソウ (*Primula sieboldii*) におけるマイクロサテライトマーカーの開発 保全生態学研究, 10: 47-51

<学術誌（査読なし）>

「なし」

<書籍>

「なし」

<報告書類等>

「なし」

（２）口頭発表

- (1) Hayashi, H., Y. Wang and C. Campbell (2004) Gene flow in self-pollinating Buckwheat. *Advances in Buckwheat Research*. 355-359.
- (2) 林 久喜 (2005) 自殖性ソバの花粉流動. 農作業学会.
- (3) 林 久喜, Clayton G. CAMPBELL. (2005) 自殖性ソバにおける遺伝子流動. 日作記. 73 (別1): 212-213. 2004.
- (4) Ishiuchi, M., R. Ohsawa (2005) Temporal restriction of gene flow under long-day condition within common buckwheat population 10th International Congress of SABRAO. Abstract G15.
- (5) Kitamoto, N., R. Ohsawa, S. Ueno, Y. Tsumura, A. Takenaka, I. Washitani The effect of flowering phenology on pollen flow distance and genetic structure within a population of *Primula sieboldii* (PRIMULACEAE) 10th International Congress of SABRAO. Abstract C16.
- (6) 北本尚子, 伊勢村武久, 加賀秋人, 黒田洋輔, 大澤良 (2005) QTL情報に基づく遺伝子浸透の解析: 栽培アズキと野生アズキの総種子重に関わるQTLの挙動を例に 第37回種生物学シンポジウム
- (7) 北本尚子, 伊勢村武久, 加賀秋人, 黒田洋輔, 大澤良 (2006) 適応関連QTLマップ情報に基づく組換え遺伝子の拡散リスク評価 育種学研究 8 (別1): 244
- (8) 北本尚子, 伊勢村武久, 加賀秋人, 黒田洋輔, 大澤良 (2006) QTL情報を用いた組換え遺伝子の拡散リスク評価: 栽培アズキとヤブツルアズキの種子生産性に関わるQTLの挙動から 第53回日本生態学会大会講演要旨集: 218.

（３）出願特許

「なし」

（４）受賞等

「なし」

（５）一般への公表・報道等

「なし」

9. 成果の政策的な寄与・貢献について

生殖様式による遺伝子流動制御の可能性を示唆できた。また、組換え遺伝子の拡散リスクの

定量的評価に資する、「QTLマップ情報に基づいたシミュレーションモデル」のプロトタイプの作成およびシミュレーションに必要な情報の明確化ができた。今後のリスク評価において適応度を考慮したモデルの必要性を提言できた。