

日本—中国 国際共同研究「第1回生物遺伝資源分野」 ～生物多様性の形成機構解明および保全のためのゲノミクス～ 平成29年度 年次報告書	
研究課題名（和文）	日華植物区系区の暖温帯林におけるキーストーン植物の系統多様化と遺伝的変異分布パターンの時空間解析
研究課題名（英文）	Spatial-temporal dimensions and underlying mechanisms of lineage diversification and patterns of genetic variation of keystone plant taxa in warm-temperate forests of Sino-Japanese Floristic Region (SJFR)
日本側研究代表者氏名	井鷲 裕司
所属・役職	京都大学農学研究科・教授
研究期間	平成27年11月1日～平成31年3月31日

1. 日本側の研究実施体制

氏名	所属機関・部局・役職	役割
井鷲裕司	京都大学・農学研究科・教授	研究解析の総括
阪口翔太	京都大学・人間環境学研究科・助教	隔離分布種の比較系統解析
青木京子	京都大学・農学研究科・研究員	常緑木本植物の系統・集団遺伝解析
岩崎貴也	京都大学・生態学研究センター・研究員	草本植物の系統・集団遺伝解析
渡辺洋一	千葉大学・園芸学研究科・研究員	ツツジ科低木の系統・集団遺伝解析
阿部晴恵	新潟大学・農学研究科・教授	ツバキ属の系統解析
James Worth	森林総合研究所・森林遺伝学領域・研究員	ゲノムワイド SNP データを用いた適応遺伝マーカーの開発
石川直子	東京大学・総合文化研究科・研究員	ゲノムワイド SNP データを用いた適応遺伝マーカーの開発
永益英敏	京都大学・博物館・教授	標本・データベースを駆使した分布情報の収集と形質データベースの構築

玉木一郎	岐阜県立森林科学アカデミー・講師	地域集団の存続可能性解析（希少固有種・交雑現象を含む）
水澤玲子	福島大学・人間発達文化学類・准教授	クサギ属の系統解析
韓慶香	京都大学・人間環境学研究科・大学院生	ダイコン属の系統解析
高橋大樹	京都大学・人間環境学研究科・大学院生	カンアオイ属の系統解析

2. 日本側研究チームの研究目標及び計画概要

平成 29 年度は日本・中国での野外調査を継続しながら、構成種数が多くまだ十分なタクソンサンプリングが行われていない植物群（ツバキ属・カンアオイ属など）を中心に解析試料を充実させる。東アジア暖温帯域での多様化が著しいこれらの属については、本地域で記載されている種の 80%以上を網羅する系統解析を目標とする。次いで、系統分化に関係する景観要因解析では、平成 29 年度は各種についてゲノムの数千か所を網羅する遺伝マーカーの開発と、このマーカーを利用した環境関連ゲノム領域の検出を目標とする。地域集団の存続可能性解析においては、遺存分布する種群を対象に、過去の気候的制約が分布形成にどう影響したのかをモデル推定する。標高傾度に沿って分布する種群では、環境適応に関連するマーカーの開発を進めて温暖化に伴う分布変化の予測精度を向上させる。

3. 日本側研究チームの実施概要

平成 29 年度は日中共同で 4 回の野外調査を中国 5 地域で実施し、研究試料を採取した。解析に必要な系統・集団試料が 29 年度に揃ったのは、クサギ属・ツバキ属・ツツジ属・コブシ属である。加えて、当初計画にはなかったが、日本と中国に隔離する種群として、オチフジ・コウゾリナ・ヒメカクラン・ヒメフタバラン・サガリラン・ヤドリコケモモを収集することができた。イワユキノシタ属・コウゾリナ属・イワウチワ属・ギンバイソウ属・アカガシ亜属・クサギ属については、ゲノムワイド遺伝マーカーによる日中の系統・種分化分析が完了した。東アジアの幅広い気候区に分布するコンロンソウでは、ドラフトゲノムを活用することでマクロ気候要素との関連があるゲノム領域を特定することができた。また種間での交雑による局所適応研究では、コブシ属とシャクナゲ類で浸透性交雑の状況を解明することができた。