

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28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
研究代表者所属・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
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
岩崎貴也	京都大学・生態学研究センター・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）

2. 日本側研究チームの研究目標及び計画概要

本研究は、日華植物区系において生態的に重要な植物種（キーストーン種）を対象にゲノム情報を解読することで、地球環境変動に対する植物応答の予測に繋げることを目的にします。具体的には、日本側はゲノム情報と生態ニッチモデリングに基づいて系統分化に影響した景観・気候要因を特定し、中国側は地域集団の動態解析を中心に研究を進めます。本研究で両国の研究者が相互補完的に日本と中国に隔離分布する植物の遺伝解析を行うことで、高い多様性を誇る日華植物区系における系統分化・遺伝的多様性の創出と維持に関与した要因を究明できます。また記述的な生物多様性研究を超えて、地域系統の適応進化を遺伝子レベルで明らかにすることで、地球環境変動に対する植物の応答に対してより正確な予想が可能になると期待されます。

3. 日本側研究チームの実施概要

平成 28 年度は日中共同で 4 回の野外調査を中国 4 地域で実施し、研究試料を採取したほか、四川大学・浙江大学でハーバリウムワークを行い中国西部における対象種の分布状況を調査した。日中で比較系統解析に用いる系統・集団試料が 28 年度に揃ったのは、イワユキノシタ・イワウチワ属・ギンバイソウ属・ツクバネウツギ属・ダイコン属・ホトトギス属であり、構成種数の多いツツジ属・ツバキ属・カンアオイ属に関しては中国国内の構成種の試料採取が完了しておらず、平成 29 年度も引き続き試料採取を実施する。

試料の解析状況については平成 28 年度内にツクバネウツギ属・ツツジ属・カンアオイ属・イワユキノシタ・ツガ属で種間での汎用性の高い EST-SSR マーカーの開発が終了し、プライマー情報を論文として出版・論文投稿段階にある。イワウチワ属・ギンバイソウ属・常緑性コナラ属・コンロンソウ・ミスミソウ属・コウゾリナ属については RAD-seq 解析を、ダイコン属ハマダイコン・ホトトギス属は MIG-seq 解析によって系統解析を実施した。