

令和元年6月26日現在

機関番号：13101

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2015～2018

課題番号：15K07473

研究課題名(和文) 島からの再移入仮説に基づくフォッサマグナ要素植物の形成と適応進化プロセス

研究課題名(英文) Did the reverse colonization of plants based on multiple collisions of the proto-Izu Islands produce a biodiversity hotspot region in Japan?

研究代表者

阿部 晴恵 (ABE, Harue)

新潟大学・自然科学系・准教授

研究者番号：60462272

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,800,000円

研究成果の概要(和文)：日本の植物区系で区別されるフォッサマグナ地区には、火山活動による環境条件により特異な「フォッサマグナ要素」が成立しているという考えが提唱されている。しかしながら、プレート移動によって火山島が本州に付加されることで成立した南部フォッサマグナ域においては、島嶼での進化、島の移動・付加による再移入、本州での祖先集団との再会というプロセスが、フォッサマグナ要素植物の形成に大きな影響を与えていると予測できる。このため本研究では、分子系統地理学的研究を行い仮説を検証した。その結果、広域分布種の2種では本仮説を支持する遺伝的構造が示されなかったが、ハコネコメツツジでは仮説を支持する可能性が示された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

日本における重要な植生区分であるフォッサマグナ要素の成立に至る要因を、プレート移動に基づく島からの再移入という新しい着想に基づき評価を行う点が独創性である。研究方法は、大量遺伝子データを用いることで、島からの再移入の効果を詳細に評価できること、形態系統樹、種系統樹、機能遺伝子に基づく系統樹を比較することにより、島嶼で獲得した機能の保存・消失を形態学的、遺伝学的両方の側面から評価できることが特色である。本研究は、島嶼の生物群集が大陸の生物群集に付加される過程でおこる植物の適応進化を明らかにし、群集構成種の適応進化が群集の動態へフィードバックされる過程の実証研究に繋がる研究である。

研究成果の概要(英文)：Repeated collisions between oceanic islands and mainland Japan, through movement of tectonic plates, have generated a biodiversity hotspot in Japan. As the plate continued to move, these islands collided with the main Japanese islands. This proposes a biogeographic scenario that, in the past, mainland species colonized newly forming volcanic islands and then underwent independent processes of community assembly, adaptive evolution, and speciation. When this volcanic arc collided with the mainland, these island-adapted species came into contact with their mainland evolutionary cousins.

We reported a review of the published population phylogenies of plant taxa. We formulate the hypothesis that the pattern of repeated secondary contact of mainland and island sister species, and their subsequent interactions, have generated a biodiversity hotspot in Japan.

研究分野：島嶼生物学

キーワード：フォッサマグナ要素 再移入 ヒサカキ ツバキ コメツツジ

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

フォッサマグナとは「大きな溝」を意味し、糸魚川から静岡構造線東側の地溝帯に名付けられたものである。この地溝帯の南半分の地域(以下、南部フォッサマグナ)には、この地域に分布が限られた植物が数多くある。そのため、日本の植物区系を論じる際には、この地域をフォッサマグナ地区として区別し、これらの植物をフォッサマグナ要素植物という。これらの種は第四紀の激しい気候変動のもとで、火山活動によるオープンな環境で分化した種類と考えられている(勝山ら 1997)。しかしながら、生物の進化には環境要件だけではなく、歴史的な影響が重要であり、これらの地史がフォッサマグナ要素植物を形成した要因については議論がされていない。

南部フォッサマグナには非常にユニークな地史が存在する。伊豆諸島は太平洋プレートの沈み込み帯に沿って、フィリピン海プレート上に形成された海洋島である。伊豆半島、丹沢山地、富士山北側の御坂山地および巨摩山地も、かつては現在の伊豆諸島と同様に島であり(以下、プロト伊豆島) 順に 50-70 万年前、約 500 万年前、600-800 万年前、1200 万年前にプレート運動によって北上し、本土(本州)に衝突・付加したと推定されている(Kitazato 1997; Hirata et al. 2010)。島は進化の実験場として知られる通り、伊豆諸島にも固有種が多く存在することが明らかになっている。島から大陸への再移入は(Bellemain and Ricklefs 2008)、海を越えた分散、海水面上の上下動による陸橋の形成・消失(陸橋島の場合)そして島そのものの大陸への衝突・付加に大きく分けられるが、つまり、プロト伊豆島で種分化をした種は、およびのルートで本土に再移入し、現在のフォッサマグナ要素植物の一部を形成していると予測される。特に分散能力が低い種はのプロセスにより再移入した可能性が高い。実際に、両生爬虫類や陸生貝類の固有種および広域分布種では、島嶼で多様化(進化)した種が大陸に再上陸したことを示す例が確認されている(長谷川 2009)。例えば、伊豆諸島および伊豆半島にのみ生息するオカダトカゲの伊豆半島集団は、伊豆諸島で固有化したものが、古伊豆半島の本州衝突によって形成されたことが証明されている(Okamoto et al. 2006; Brandley et al. 2014)。植物については、伊豆諸島およびフォッサマグナ地域を含む系統地理学的研究が少数存在するものの、島嶼での進化、島の移動・付加による再移入というプロセスを考慮した分子系統地理学的研究はなく、フォッサマグナ要素植物というユニークな植物種群の形成関係に注目した本格的な種分化や適応進化の歴史解明はこれからの大きな課題である。

2. 研究の目的

このため、本研究では、島嶼での進化、島の移動・付加による再移入というプロセスを考慮した分子系統地理学的研究を行うことで、フォッサマグナ要素植物というユニークな植物種群の形成関係に注目した本格的な種分化や適応進化の歴史解明を行うことを目的とした。本研究では、種子散布様式の異なる3種について、上記のパターンを検証した。

3. 研究の方法

3-1-1. ヒサカキ(*Eurya japonica*)の特性と材料

本州の東北以南から沖縄、朝鮮半島、中国、台湾など東アジアに広域分布する常緑性の樹木で、雌雄異株である。昆虫により花粉媒介され、種子は鳥類によって運搬される。本研究の仮説としては、散布能力の高い本種は、伊豆諸島、南部フォッサマグナ域および本州のその他の地域間において、特有の遺伝的構造がみられないと予測される。

DNA 抽出のための材料として、三宅島で6個体、伊豆大島3個体、伊豆半島6個体、佐渡島(新潟県)で9個体のヒサカキを採取し、さらに外群として母島で8個体、父島7個体のムニンヒサカキを採取し、解析に用いた。

3-1-2. DNA の抽出

葉からの DNA の抽出は、CTAB 法(hexadecyltrimethyl ammonium bromide)(Murray and Thompson 1980)により行った。手順は 1cm 四方に切った葉と、3 のジルコニアビーズを 2ml のエッペンチューブに入れ、ビーズ破砕機(Mixer Mill MM3000)により葉を粉砕した。その後、チューブ 1 本につき、CTAB(1%)300 μ l とメルカプトエタノール(2%)6 μ l、RNase(0.3%)0.9 μ l を注入し、65 で 15 分間加温した。途中で転倒混和を数回行った。その後、クロロホルムおよびイソアミルアルコールを 24:5 の割合で混合した液体を 125 μ l ずつ分注、転倒混和後、4400rpm の回転数で 30 分間遠心分離を行った。DNA が溶解している上層液を別のチューブに分注し、溶液にイソプロパノールを 200 μ l 分注、転倒混和後、4400rpm で 30 分遠心分離した。さらに 70%のエタノール沈殿で DNA を精製し、エタノールを完全に乾かした DNA に TE を 200 μ l 分注し、冷凍保存した。

3-1-3. 系統関係の解析

抽出された DNA を用い、MIG-seq (Multiplexed ISSR Genotyping by Sequencing)によるゲノムワイドの 55 座 SNP 分析を行った(Suyama and Matsuki, 2015)。系統解析には近隣接合法を用い、さらに Structure2.3.3 (Jonathan K. et al. 2000 ほか)を用いた遺伝的構造を解析した。

3-2-1. ヤブツバキ(*Camellia japonica*)の特性と材料

本州以南の日本全土、朝鮮半島、中国東部に分布する常緑高木で、冬期に赤い大きな花弁を持つ花をつける。鳥媒、重力または動物(げっ歯類)散布をし、自家不和合成が高い。本研究では、本種は分散能力が中程度であり、各集団に置いて、弱い遺伝構造が観察される種と予測している。

日本全国からヤブツバキとユキツバキの各分布域を網羅するように葉を採取した。なお、ヤブツバキは 58 集団、ユキツバキ 12 集団である。ヤブツバキは各集団から平均 21.9 個体、合計 1268 個体、ユキツバキは平均 27.9 個体、合計 335 個体分の葉を採集した。

3-2-2. DNA の抽出

上記 3-1-2.と同様に CTAB 法で抽出した。

3-2-3. 系統関係の解析

抽出された DNA は葉緑体 SSR の領域 Cp1(AB971682)、Cp9(AB971683)、Cp26(AB971685)、petBin(AB971685)、rps16in(AB971686)、rps16trnK(AB971687)、trnET(AB971688)、trnVndhC(AB971689)の計 8 座を用いて遺伝子型を決定した(Ueno et al. 2016)。遺伝子型の決定は Geneious8.1.2(Kearse et al 2012)を用いて行った。

決定された 8 座の遺伝子型を用いて、全 70 集団の遺伝的構造の解析を行った。集団間の遺伝的構造は BAPS6.0(Cheng et al. 2013)を用いてベイズ法を用いたクラスタリングを行った。さらに集団間の系統関係を解析するためにハプロタイプネットワークを Network4.0(Bandelt et al. 1999)を用いて解析を行った。解析個体数のうち 90%以上増幅が見られた 7 座(Cp1、Cp9、Cp26、petBin、rps16in、rps16trnK、trnET)を用いて構築した。また、ハプロタイプ多様度を Arlequin(Excoffier and Lischer 2010)によって算出した。

3-3-1. コメツツジ類の特性と材料

日本および千島列島に分布するコメツツジ類は、コメツツジ(*Rhododendron tschonoskii*)、チョウジコメツツジ(*R. tetramerum*)、オオコメツツジ(*R. trinerve*)、ハコネコメツツジ(*R. tsusioophyllum*)からなる。ハコネコメツツジは御蔵島、神津島、伊豆半島、丹沢地域に生育するフォッサマグナ固有種である。これらのコメツツジ類は、小型の樹形、他の種が生育しないような風衝地・寒冷地の岩場に先駆的に生育するといった特徴を持っている。このような生育地は火山性・非火山性の山岳上部に成立するため、コメツツジ類は多くの場合山岳上部に自生する。コメツツジ類は昆虫媒介、風散布という散布様式を持ち、広範囲に分布できる分散能力を有する可能性があるものの、生育適地は上記の通り限られているため、遺伝的構造が一番みられやすい可能性が高い候補種である。

本材料は日本全国の 26 集団計 104 個体(1 集団あたり 4 個体)と外群として最近縁種ウンゼンツツジ(*R. serpyllifolium*)2 集団計 4 個体を使用した。

3-3-2. DNA の抽出

DNA の抽出は DNeasy Plant Mini Kits (Qiagen 社)を使用し、プロトコルの通り抽出した。

3-3-3. 系統関係の解析

抽出された DNA は、葉緑体 DNA 5 領域(trnL-F, trnL intron, trnS-G, trnG intron, rpl32-trnL)についてキットを用いて PCR 反応を行い、PCR 産物は、ExoSAP-IT(GE Healthcare UK、Buckinghamshire)を使用して精製しシーケンス反応のテンプレートとして使用した。シーケンス反応には、BigDye Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems、California)を使用し、ABI 3130xl 全自動シーケンサー (Perkin Elmer/Applied Biosystems、California)で解析した。塩基配列データは、MEGA v5 (Tamura et al.2011)を使ってその整合性を検討した。

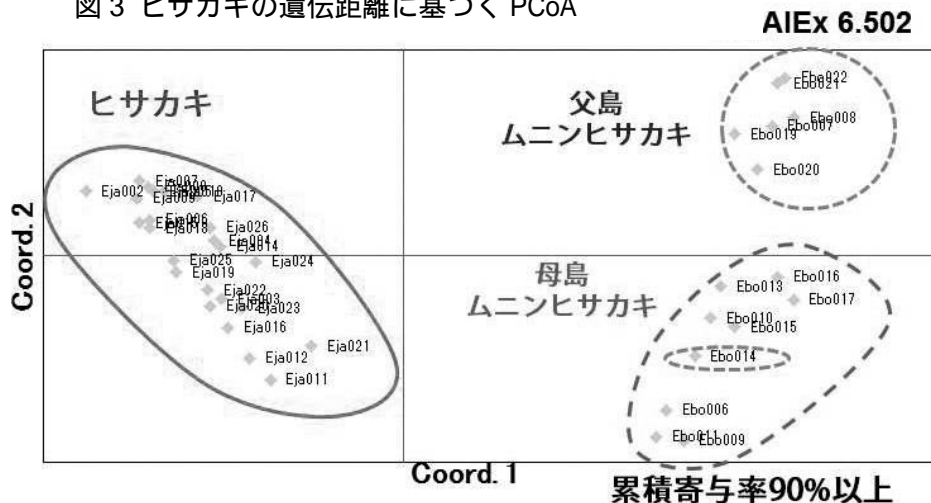
4. 研究成果

4-1. ヒサカキ

MIG-seq 解析の結果、ヒサカキに固有の SNP が 103 座、ムニンヒサカキに固有の座が 38 座、両種について共通の座が 27 座、計 168 座の SNP が得られた。このため、本解析は共通座 27 座で行った。遺伝的距離に基づく PCoA 解析および Structure 解析の結果、ヒサカキとムニンヒサカキ間および父島のムニンヒサカキ、母島のムニンヒサカキ間に特有の遺伝的構造がみられたものの、ヒサカキ集団間是一个の遺伝的構造にまとめ、遺伝子流動が頻繁に起こっていることが予測された。さらに近隣接合法に基づく系統解析の結果でも、ヒサカキ集団間では遺伝的分化は見られなかった。ヒサカキで得られた全 130 座において解析された遺伝的多様性の指標をみると、集団内の遺伝的多様性は高い傾向にあり、集団間の差は見られなかった。遺伝的変異は、82%は集団内の個体間にあり、集団間では

4%であった。以上をまとめると、伊豆諸島、伊豆半島（本州）、佐渡島間は頻繁に遺伝子流動があり、再移入の検出はできなかった。

図3 ヒサカキの遺伝距離に基づく PCoA



4-2. ヤブツバキ

BUPS6.0では、各集団の遺伝的構造はユキツバキとヤブツバキの北グループ、ヤブツバキの南グループの3つのクラスターに分けられた。伊豆諸島から伊豆半島にかけては主にヤブツバキ北グループに位置付けられ、各集団での遺伝子流動が頻繁に起こっていることが予測された。近隣接合法に基づく系統解析でも、ヤブツバキ集団での遺伝的分化は確認されなかった。このため、本種では再移入仮説は支持されなかった。なお、伊豆大島では園芸品種が人為的に植えられている影響か、ユキツバキの遺伝子型も確認された。

ハプロタイプネットワークを見ると、伊豆諸島ではハプロタイプ多様性が高くなった。重力および動物散布で分散するヤブツバキは、本州では分散能力が低いものの、伊豆諸島などの島嶼域では、海流散布などの影響で遠隔地からの移入も盛んに行われるため、結果として島嶼域での遺伝的多様性が高くなったと予測された。このことから、島からの移入が本土における遺伝的多様性に貢献する可能性が推察された。このため、南部フォッサマグナ域の集団サンプルを増やし、島環境が本土の遺伝的多様化に影響を与えているのかを検証する必要がある。

4-3. ハコネコメツツジ

最節約ネットワークの結果、大きく東日本コメツツジグループ、西日本コメツツジグループ、オオコメツツジグループ、ハコネコメツツジグループに区別された。この結果は、東日本、西日本と区別されていなかったコメツツジの、これまでの分類とは異なる。伊豆諸島および箱根・丹沢地域に生育するハコネコメツツジは、地理的には離れている祖先的な東日本コメツツジグループから分化していることが明らかになった。このため、古伊豆島や伊豆諸島が成立した古い時代に移入し、島嶼環境で種分化したものと考えられる。さらに、箱根・丹沢地域と分布が接しているオオコメツツジともハプロタイプの共有が確認されなかったことから、当該地域の集団は本州で分化したものではなく、島の衝突により本州に移入した可能性が指摘された。また、祖先種とは交雑していない可能性が高い。

4-4. 総合考察と今後の課題

分散能力の異なる広域分布種の2種(ヒサカキ・ヤブツバキ)は、本州と伊豆諸島間での遺伝子流動が起こっており、本仮説を支持する遺伝的構造が示されなかった。一方で、ハコネコメツツジでは仮説を支持する可能性が示された。このため、ハコネコメツツジについてはRAD-seq (Restriction Associated DNA tag sequencing)を行い、得られたSNPデータを用いABC(Approximate Bayesian Computation)解析によるデモグラフィック推定を行う予定である。これにより、どの集団からどの集団が分かれたのかをモデルによって推定することが出来る。さらに集団が分化した分岐年代推定することにより、丹沢山塊が本州に衝突したと推定される500万年前に、伊豆諸島集団との分化が起こったのかを分岐年代推定し、地質学的推定と、遺伝学的な推定が一致するかを検証する。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計2件)

1. Kameoka, S., Y. Murai, K. Ohashi, H. Sakio, H. Abe, D. Takahashi, K. Nagasawa and H. Setoguchi, (2019) Relationships among flower color polymorphism, feeding by visiting insects, and seed production in *Hepatica nobilis* var. *japonica*. Bull. Natl. Mus. Nat. Sci., Ser. B, 45: 17-27.
2. Kameoka, S., Sakio, H., Abe, H., Ikeda, H., Setoguchi, H. (2017) Genetic structure of *Hepatica nobilis* var. *japonica*, focusing on within population flower color polymorphism. Journal of Plant Research. Volume 130, Issue 2, pp 263-271

〔学会発表〕(計36件)

1. 阿部晴恵, 菅尚子, 本間航介, 崎尾均 新潟大学佐渡演習林における森林教育実践と今後の展望. S10-2, 第130回日本森林学会大会, 新潟, 2019年3月
2. 片山瑠衣, 松尾歩, 廣田峻, 陶山佳久, 阿部晴恵 ツバキ節を中心とする形態比較および MIGseq を用いた分子系統解析. P1-068, 第130回日本森林学会大会, 新潟, 2019年3月
3. 内木翔大, 阿部晴恵, Yoichi Hasegawa, 松尾歩, 陶山佳久, 崎尾均 佐渡島の多雪環境がヒノキアスナロの樹形と群落構造に与える影響. P1-104, 第130回日本森林学会大会, 新潟, 2019年3月.
4. 小濱宏基, 阿部晴恵, 森口喜成 ツバキ2種(ユキツバキとヤブツバキ)のクローン構造と遺伝的多様性の比較. P1-072, 第130回日本森林学会大会, 新潟, 2019年3月.
5. 小池南, 松尾歩, 廣田峻, 岸田治, 陶山佳久, 阿部晴恵 佐渡島と本州におけるヤマアカガエルの遺伝的分化の検証. P1-222, 第130回日本森林学会大会, 新潟, 2019年3月
6. 小林郁奈, 松尾歩, 廣田峻, 陶山佳久, 阿部晴恵 島嶼環境においてヒメネズミはオニグルミを採食するのか? P1-223, 第130回日本森林学会大会, 新潟, 2019年3月
7. 阿部晴恵, 塩崎大, 廣田峻, 陶山佳久, 長谷川雅美 mtDNA 及びゲノムワイド SNP に基づくモリアオガエルの分子系統. P2-356, 第66回日本生態学会, 神戸. 2019年3月
8. 伊藤翔, 長谷川雅美, 飯田碧, 阿部晴恵 シマヘビの食性に関する先行研究と佐渡島におけるシマヘビのハゼ食について. P1-398 第66回日本生態学会, 神戸. 2019年3月
9. 内木翔大, 松尾歩, 陶山佳久, 長谷川陽一, 阿部晴恵, 崎尾均 多雪がヒノキアスナロの樹形と遺伝構造に与える影響. P1-028, 第66回日本生態学会, 神戸. 2019年3月
10. Harue Abe, Hiroki Miura, Rui Katayama, Yoshitaka Motonaga, Yu Matsuki, Yoshihisa Suyama, Saneyoshi Ueno Speciation of Japanese *Camellia* based on Pollinator shift. The 6th Taiwan-Japan Ecology Workshop, Tainan, Taiwan 2018年11月
11. Shota Naiki, Harue Abe, Hitoshi Sakio Effects of heavy snow adapted the forest structure of *Thjopsis dolabrata* var. *hondae* in Sado Island. The 6th Taiwan-Japan Ecology Workshop, Tainan, Taiwan 2018年11月
12. Harue Abe, Hiroki Miura, Rui Katayama, Yoshitaka Motonaga, Yu Matsuki, Yoshihisa Suyama, Saneyoshi Ueno Speciation of Japanese *Camellia* based on Pollinator shift. The 2nd East Asian plant diversity and conservation conference in Kyoto, Japan 2018年11月
13. 小濱宏基, 阿部晴恵, 上野真義, 森口喜成新潟県におけるツバキ属遺伝資源の花形質および遺伝的特性の評価 第129回日本森林学会大会 高知 2018年3月
14. 亀岡慎一郎, 崎尾均, 阿部晴恵, 阪口翔太, 瀬戸口浩彰, ミスミソウの繁殖成功は集団内における花色頻度の影響を受けるのか? 日本植物分類学会第17回大会, 金沢. 2018年3月
15. 片山瑠衣, 阿部晴恵 *Camellia* 節の花形態の比較. 第65回日本生態学会, 札幌 2018年3月
16. 阿部晴恵, 渡辺洋一, 長谷川雅美 プレート移動に基づく島嶼からの植物の再移入が本土における種多様化に与える影響. 第65回日本生態学会, 札幌 P3-175, 2018年3月
17. 亀岡慎一郎, 若林智美, 三井裕樹, 田中啓介, 村井良徳, 岩科司, 大橋一晴, 阿部晴恵, 崎尾均, 瀬戸口浩彰 ミスミソウの花色は何故多様なのか. 第65回日本生態学会, 札幌 企画集會 T14-4 2018年3月
18. 小沼拓矢, 綱本良啓, 阿部晴恵, 中村 剛, 陶山佳久 MIG-seq 分析によるキタダケソウ属3種の種識別と遺伝的集団構造解析 第49回 種生物学シンポジウム, 福井 2017年
19. 阿部晴恵 渡辺洋一, 長谷川雅美 分散能力の異なる樹木の遺伝的構造の比較 - 南部フォッサマグナを中心に - 2017年日本生態学会中部地区大会, 新潟
20. 片山瑠衣, 三浦弘毅, 阿部晴恵 ヤブツバキとユキツバキの送粉様式と種子生産の比較 2017年日本生態学会中部地区大会, 新潟
21. Harue Abe, Hiroki Miura, Yoshitaka Motonaga, Yu Matsuki, Yoshihisa Suyama, Saneyoshi Ueno Speciation of the sect. *Camellia* based on Pollinator shift_ focusing on Japanese *Camellia*. The XIX international Botanical Congress, Shenzhen, China T2-46-21 (P0264) 2017.7
22. 片山瑠衣, 阿部晴恵 「ヤブツバキとユキツバキの送粉様式と種子生産の比較」日本生態学会第64回大会, 東京, 2017年3月
23. 阿部晴恵 「噴火が送粉メカニズムに与えた影響 - メジロとツバキ (シンポジウム)」 日本生態学会第64回大会 2017年3月
24. 渡辺洋一, 永野惇, 上原浩一, 阿部晴恵 「広義コメツツジ類の系統地理解析から明らかになった高山への適応進化史」 日本植物分類学会第16回大会 2016年3月
25. 亀岡慎一郎, 崎尾均, 阿部晴恵, 瀬戸口浩彰 「ミスミソウの多様な花色に関わる遺伝子の集団内多型」 日本植物分類学会第16回大会 2016年3月
26. 亀岡慎一郎, 崎尾均, 阿部晴恵, 瀬戸口浩彰 「ミスミソウの異なる花色が有する生態的特性」 第80回日本植物学会, 沖縄, 2016年9月
27. Harue ABE and Masami HASEGAWA, Impacts of volcanic activity on bird pollination system in an island ecosystem. II International Conference on Island Evolution, Ecology, and Conservation, Portugal, 2016年7月
28. 阿部晴恵, 須貝杏子, 松木悠, 陶山佳久 伊豆から小笠原諸島におけるヒサカキの遺伝的構造 第63回日本生態学会 仙台 2016.3
29. 津野 きりこ, 阿部晴恵 ニホンジカの生息数増加が他の哺乳類の増減に与える影響 第63回日本生態学会 仙台 2016.3
30. 亀岡慎一郎, 崎尾均, 阿部晴恵 ほか オオミスミソウにおける訪昆虫の色彩認識能力と花色多型の関係. 第63回日本生態学会 仙台 2016.3
31. 三浦弘毅, 上野真義, 阿部晴恵 形態・生態・遺伝から考えるヤブツバキとユキツバキの種分化 第63回日本生態学会 仙台 2016.3

32. 亀岡慎一郎, 崎尾均, 阿部晴恵 ミスミソウの色素成分と、訪花昆虫の色覚との関係 植物分類学会 2016.3
33. 亀岡慎一郎, 崎尾均, 阿部晴恵, 村井良徳, 大橋一晴, 瀬戸口浩彰 ミスミソウの訪花昆虫相ならびに色彩識別能力と花色の関係 日本植物学会第79回大会 新潟 2015.9
34. 阿部晴恵 佐渡島では何故花が白くなるのか? ホタルブクロに見る島の生物の特殊化 新潟大学佐渡3施設森里海公開シンポジウム 2016.2
35. 亀岡慎一郎, 崎尾均, 阿部晴恵, 村井良徳, 大橋一晴, 瀬戸口浩彰 ミスミソウの訪花昆虫相ならびに色彩識別能力と花色の関係 日本植物学会第79回大会 新潟 2015.9
36. 阿部晴恵 島からの再移入に基づく種多様化プロセスの解明 NGS 現場の会第4回研究会 つくば, 2015.7

〔図書〕(計0件)

〔産業財産権〕

出願状況(計0件)

取得状況(計0件)

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1)研究分担者

研究分担者氏名: 陶山 佳久

ローマ字氏名: Yoshihisa SUYAMA

所属研究機関名: 東北大学

部局名: 農学研究科

職名: 准教授

研究者番号(8桁): 60282315

(2)研究協力者

研究協力者氏名: 渡部 洋一

ローマ字氏名: Yoichi WATANABE