

令和 6 年 6 月 11 日現在

機関番号：13101

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2019～2023

課題番号：19K06122

研究課題名（和文）日本とアジア大陸間の相互移入に基づく植物多様性ホットスポットの形成プロセス

研究課題名（英文）Origin of plant species diversity hot spot by means of reciprocal colonization between China continent and Japanese islands

研究代表者

阿部 晴恵（Abe, Harue）

新潟大学・佐渡自然共生科学センター・准教授

研究者番号：60462272

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,400,000円

研究成果の概要（和文）：日本列島の植物種がアジア大陸での生物群集の形成に与える影響について、ツバキ属に注目した研究を行った。しかし、コロナ禍により大陸の種との関係について研究出来ない期間があったため、過去に日本列島と大陸との陸橋となった南西諸島を中心とした移出入の歴史を推定した。ツバキ属とその寄生菌との相互作用に関する調査も開始した。結果から、ツバキ節の花のサイズと均質性は鳥媒という進化的な適応と関連し、ゲノムワイドSNP解析もこれを支持した。分布変遷に関しては、日本北集団が祖先的であり、南部集団は氷期に大陸へ再移入したことが推定された。サザンカでは、石垣・西表が遺伝的多様性が高く、南琉球が祖先的集団と推定された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

この研究の学術的意義は、東アジアにおける種の進化と生態系成立への理解を深め、生物多様性の保全や自然資源管理に寄与することである。特に、植物の遺伝的多様性や分布パターンの解明は、種の保全や適応戦略の立案に役立つ。社会的には、この研究は地域社会や政府の生態系保全政策に寄与し、生態系サービスの提供や地域経済の活性化につながる可能性がある。さらに、異なる生態系間の種の相互作用の理解は、東アジアの包括的な生物多様性保全にも貢献する。

研究成果の概要（英文）：A study focused on the impact of Japanese archipelago plant species on the formation of biological communities in the Asia mainland, emphasizing the genus *Camellia*. Due to COVID-19, research on mainland species was interrupted. Therefore, the migration history between the Japanese archipelago and the mainland, focusing on the southwestern islands that once served as a land bridge, was estimated. An investigation into the interactions between the genus *Camellia* and its parasitic fungi was also initiated. Results indicated that the flower size and uniformity in the *Camellia* section are related to bird pollination as an evolutionary adaptation, supported by genome-wide SNP analysis. Distribution changes suggested that the northern Japanese population is ancestral, and the southern population re-migrated to the mainland during the glacial period. For *Sasanqua*, *Ishigaki* and *Iriomote* exhibited high genetic diversity, and the southern Ryukyu was estimated to be an ancestral population.

研究分野：進化生態学

キーワード：ユキツバキ ヤブツバキ 分布変遷 進化 送粉 日本列島の地史

## 様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

日本列島での植生史をみると、日本列島はユーラシア大陸の一部だった時代、ユーラシア大陸と結合・分断を繰り返し、造山運動で地形が複雑化してきた時代がある。特に第四期の後半、およそ 80 万年前以降は氷期と間氷期の繰り返しが顕著になる。氷期には陸域が増大し、九州は朝鮮半島もしくは 琉球 - 台湾を通じて大陸と陸続きになり、南方から植物が移入、北海道はサハリンやシベリアと陸続きになり、北方から大陸の植物が分布を拡大した。それらの種は、間氷期には分断され、種による分散能力の違いや変化する環境への耐性などによって、最終的に日本の植物の分布や植生が決定したといわれている(Ohsawa & Ide, 2011)。このため、種のソースである中国を含むユーラシア大陸は、日本列島と多くの共通種を持っている。さらに日本は、氷河期の影響が少なく生物多様性が高い地域が存在すること、島国であり固有種の割合が多いこと (Qian & Ricklefs, 2000) などから、大陸への再移入による種多様化の影響は大きいと考えられる。

氷期に大陸と地続きになってきた際の植物の移出入ルートは、上述の通り北方と南方ルートが想定されるが、北方から南下してきた種は、氷期に日本からさらに北方へ再移入するとは考えにくい。このため、相互の移出入があるのは南方ルートと推定される。具体的に、北から南方系の植物の渡来の過程は、以下のように推定される。間氷期における大陸では、南方系の植物相が北方へ向けて分布を拡大するが、海面上昇のため、日本のような島への移動は容易ではない。

氷期になると、これらの植物相はふたたび南方へ退去するが、このとき、氷期の海面低下に伴う属島の大陸への連繫が生じ、日本などの島へも大陸の植物の移動が行われる。また、逆移入もあり得る。以上のような経過を経て、日華区系区を特徴づける種の一部が日本に移入、もしくは再移入したと考えられる。上記の背景を元に、「日本列島という島における種分化は、東アジアに置いて大陸の多様化のソースとしての普遍的な意義を持つ可能性」という「問い」を、ツバキ属を材料に日本とアジア大陸で検証する。

### 2. 研究の目的

中国大陸での生物群集の多様性形成における日本列島の役割を、大陸(本土)から島嶼環境へ移入し固有化した植物種が大陸へ再移入し、祖先種との相互作用(交雑など)を通じて種多様化の駆動力になるという仮説を元に、進化的プロセスと生態学的プロセスから実証することで、本プロセスの普遍性を証明することを目的とした。

加えて、コロナ禍において当初目的としていた国外での調査が出来なかったため、日本国内において、南西諸島を中心としたツバキ属の分子系統解析についての整理を行った。サザンカを含む分子系統には不明な点が多く、琉球列島に分布するヤブツバキ、サザンカ、ヒメサザンカの3種、さらに台湾や中国沿岸部に分布する種は、異なる節であっても近縁であるという先行研究が多い。地理的に近い種が分子系統でまとまる傾向があることから、形態及び地理情報と合わせて分子系統地理を整理したうえで系統関係や交雑の歴史を明らかにする必要がある。野生のサザンカを用いた系統学的な位置づけや、サザンカ集団間の系統関係を明らかにする目的とした。

さらにコロナ禍において、ツバキ属と花卉に特異的に寄生するツバキキンカクチャワンタケとの種間関係に関わる調査を開始したが、経過については本報告では割愛する。

### 3. 研究の方法

コロナ禍の影響で当初目的の大陸との近縁種との系統関係については、現地調査が出来なかったため、既存のサンプルやいのくち椿館(富山県南砺市)のサンプルを用いた。

#### 1. 日本列島集団及び中国祖先集団における表現形質の比較とゲノムワイド SNP 解析

日本のツバキ節の祖先種 (*Camellia chekiangoleosa*) や日本のツバキ節との表現形質を網羅的に比較することにより、形態学的側面から種の独立性と浸透交雑の可能性を考察する。花形態の比較では、東アジアから東南アジアにかけて自生するツバキ属のうち、5 節 27 種を対象に各 3 花ずつ採取し花形態の測定を行った。測定項目は、花径、花の高さ、花弁長、雄蕊の長さ、花糸合着率(おしべが合着している長さ/おしべ最大長)とした。データの解析には R 3.2.3 を用い、多重比較、クラスター分析を行った。さらに MIG-seq 法を用いた分子系統解析を行うことで、日本産ツバキ節の系統的な位置づけを行う。分子系統解析のため、MIG-seq 法を用いて塩基配列の決定および SNPs データの入手を行った。得られた SNPs データは、Stacks を用いてさらに抽出・選別し、PLINK を用いた主成分分析および RAxML を用いた系統解析を行った。

#### 2. ヤブツバキ集団間の分子系統地理学的解明(島への移入、中国への再移入時期を推定)

葉緑体 DNA の SSR 領域 8 座及び上述と同様の MIG-seq 法を用いて、ヤブツバキと近縁種を対象に 中国祖先集団、日本列島への移入集団、中国本土集団(再移入推定集団)において、祖先種と派生種を認識し、日本集団と大陸集団との分化時期を、近似ベイズモデルを用いて推定する。中国の祖先的集団から日本へ移入した時期および回数、本土(中国)への再移入時期

を分子系統学的に推定し、過去の地史的イベントと対応するかを検証する。

### 3. 野生サザンカの分子系統地理

野生集団と考えられる 157 個体について、MIG-seq による SNP データを de novo 及び *Camellia* 属の reference genome として *C. sinensis* のデータで mapping をし、RAxML、Splitstree、PCA、Admixture により系統関係や遺伝的分化を解析した。外群として同所的に生育する近縁の節のヤブツバキ (*C. japonica*) 及び *Thea* 亜属とされる *Theopsis* 節の *C. lutchuensis* を含めた。

#### 4. 研究成果

##### 1. 日本列島集団及び中国祖先集団における表現形質の比較とゲノムワイド SNP 解析

ツバキ節は花サイズが大きく、均質的であることが示された (表 1, 図 1)。花サイズは仮説の通り、また、おしべの長さについても鳥類をポリネーターとして適応している可能性が高い。さらに、ツバキ節の均質性については、起源の古い白花などの系統の種と比較すると、比較的短時間に分化した可能性が示唆された。

ツバキ節の鳥媒シフトによる種分化を想定すると、その進化的な駆動力として予測されるのは冷温帯への進出である。ツバキ属はアジア大陸の温帯林を中心に広く分布するが、その種の多様性の中心は中国南部であり、冬期を中心に開花する。ツバキ節は地理的に北に分布する種が多いが、冬期は昆虫類の発生が制限されるため、恒温動物の鳥媒介に適応した形質が、有利な突然変異として急速に集団中に広まり、ツバキ節への種分化という急速な進化をもたらしたと考えられた。

MIG-seq 法を用いたゲノムワイド SNP 解析に基づく分子系統樹では、同じクレード内に多様な花形質の種、言い換えれば多様な節が含まれ、花形質と分子系統的一致が見られなかった。PCA では金花茶節とそれ以外の節に大きく分かれ、分子系統樹と同様にツバキ節は多様な節の中に含まれた (図 2)。金花茶節と比較するとツバキ節は PC 1 のプラス側にかたまることから、ポリネーターシフトによる急速な進化が起きたと考えられた。ユキツバキやユキツバキと形質に近い *C. chekiangolelsa* はツバキ節の中に位置づけられ、祖先的な系統であることが示された。このため、虫媒形質のツバキ節は、鳥から虫へ再度ポリネーションシフトが起こったのではなく、虫媒の祖先的な系統であることが示された。なお、日本のツバキ節の進化については次項にまとめる。

ツバキ科 *Theaceae* 145 種について、中国全体における種の多様性パターンを形成する環境要因と進化の動態 (種分化時間と多様化率) を評価した Rao et al. (2018) によると、全体の種の多様性は環境変数、特に土壌 pH と有意に関連していることを報告している。一方節レベルで見ると、種多様性は系統発生的な構造と関連している。

以上のことから、ツバキ属の中で鳥媒介形質を持つ種は、共通祖先から急速に種分化したのではなく、気候などの環境条件によって、異なる系統から発生した可能性が示された。

##### 2. ヤブツバキ集団間の分子系統地理学的解明

cpSSR8 座と MIG-seq による SNPs の解析から、ほぼ一致した結果が得られ、遺伝的構造は南方寄りと北方寄りのヤブツバキ、およびユキツバキの 3 つのクラスターに分けられた。さらに、中国の近縁種を含む 3 種の系統関係を推定したところ、ヤブツバキはユキツバキと中国の近縁種 *Camellia chekiangoleosa* よりも派生的な位置づけとなった。ADMIXTURE1.3.0 を用いてヤブツバキ種内の遺伝的構造を推定したところ、(1)日本の北寄り集団と(2)日本の南寄り集団、(3)中国沿岸と韓国の集団、(4)沖縄と台湾の集団に分けられた (図 3)。それらの集団間の交雑個体を除外し、Approximate Bayesian computation (ABC) によるデモグラフィック解析を行ったところ、まず、沖縄・台湾の集団と日本の北寄りの集団が分岐し、その後日本の南寄り集団が北寄り集団から分かれ、さらに最終氷期後に中国・韓国集団が南寄り集団から分かれたと推定された。つまり、中国と韓国の集団は日本の南寄り集団から大陸へ南下した集団と予測され、生息適地推定の結果とも一致した。また、日本の北寄り集団は、従来は最終氷期に南下した集団からその後の間氷期に北上した派生的な集団と考えられることが多かったが、むしろ本州に遺存する祖先的集団であることが示唆された (図 3)。

### 3. 野生サザンカの分子系統地理

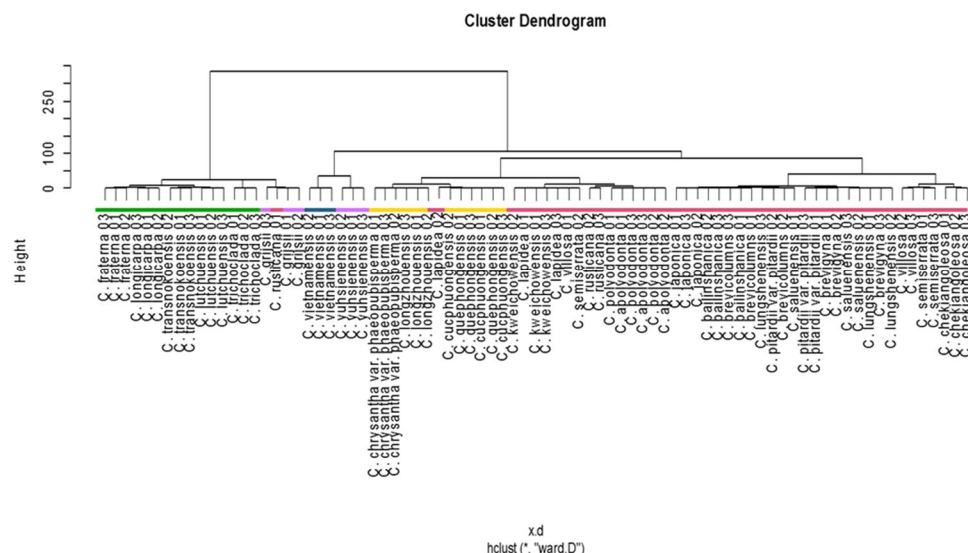
茶の Reference genome での mapping と de novo での SNP 検出を行い、de novo, r0.5 を採用した分子系統解析の結果、種間は明確に区別されたものの、ヤブツバキよりも *C. lutchuensis* が系統的に近縁であり、*C. lutchuensis* は近年の GRIN 分類の結果と同様に、*Camellia* 亜属に含まれる可能性が高いことが示唆された。サザンカ種内では、屋久島を含む九州地方、奄美大島、沖縄本島、石垣島・西表島、の 4 つの集団に区別された。九州地方では、屋久島の個体が本土個体との分化が見られたが、下甑島は本土と同じ集団に分けられた。DIYABC-RF を用いて集団動態を推定した結果、九州のサンプル数が多いものの、遺伝的多様性や集団サイズは石垣・西表が多く、南琉球が祖先的集団と推定された (図 3)。本研究の結果から、地理的には、台湾の sect. *Paracamellia* のタイワンサザンカ (*C. bravistyla*) から種分化したことが予測されたが、今後台湾や大陸を含めた近縁種との網羅的な解析が必要となる。

表 1 ツバキ属の花形態の網羅的な比較

Section	Petal color	Species	No. of samples	length of flower diameter (mm)			stamen length (mm)			Rate of filament coalescence (%)			Location and Data ref.
				Mean	±SD	SD	Mean	±SD	SD	Mean	±SD	SD	
Chrysantha	Yellow	<i>C. longzhouensis</i>	3	40.90	1.21	cdh	39.60	1.25	ab	51.17	0.04	bgh	Inokuchi Tsubaki Kan
		<i>C. chrysantha</i> var. <i>phaeopubisperma</i>	3	48.80	5.63	bcdh	39.00	3.58	ab	57.61	0.07	ag	
		<i>C. quephongensis</i>	3	38.93	3.33	cdh	32.97	0.86	acd	44.63	0.06	fghi	
		<i>C. cucphuongensis</i>	3	36.67	3.66	dh	33.13	2.97	acd	39.26	0.00	gj	
Theopsis	White	<i>C. lutchuensis</i>	3	27.53	5.53	gh	14.20	1.22	gh	45.73	0.04	efghi	
		<i>C. transnokoensis</i>	3	41.03	1.76	cdh	20.70	0.75	eh	40.63	0.02	gi	
		<i>C. trichoclada</i>	3	23.00	1.14	h	11.53	1.12	h	24.93	0.10	jk	
Longipedicellata	White	<i>C. fraterna</i>	3	32.87	1.35	fh	19.87	0.32	eh	56.53	0.02	agh	
		<i>C. longicarpa</i>	3	33.73	2.31	efh	23.87	0.96	defg	63.00	0.04	abcdf	
Oleifera		<i>C. vietnamensis</i>	3	96.90	3.83	a	18.77	0.49	fh	17.00	0.02	k	
Paracamelliisa		<i>C. yuhsienensis</i>	3	96.73	3.50	a	13.53	0.61	gh	60.50	0.05	abcdf	
		<i>C. grijsii</i>	3	61.93	9.10	bcd	11.87	0.78	h	38.11	0.06	gi	
Camellia	Red	<i>C. brevignyana</i>	3	64.60	8.49	bcd	29.70	1.92	abef	64.65	0.03	abcde	
		<i>C. lungshenensis</i>	3	61.27	7.83	bcd	32.93	2.45	acd	72.19	0.03	a	
		<i>C. bailinshamica</i>	3	62.40	1.74	bcd	34.07	1.91	acd	70.48	0.01	ab	
		<i>C. brevicolumnis</i>	3	66.30	7.48	bcd	36.50	2.65	ac	72.43	0.05	a	
		<i>C. kweichowensis</i>	3	60.10	0.36	bcd	31.07	1.29	abe	50.06	0.02	egh	
		<i>C. villosa</i>	3	61.43	6.70	bcd	34.43	0.38	acd	46.95	0.00	dghi	
		<i>C. polyodonta</i>	3	63.23	7.78	bcd	26.23	1.27	cef	40.51	0.02	gi	
		<i>C. saluenensis</i>	3	59.87	12.32	bcd	30.60	2.52	abe	67.38	0.05	abc	
		<i>C. lapidea</i>	3	53.43	5.45	bcd	33.17	3.76	acd	36.91	0.09	hj	
		<i>C. semiserata</i>	3	54.33	9.76	bcd	40.60	5.21	a	53.91	0.03	agh	
		<i>C. pitardii</i> var. <i>pitardii</i>	3	68.17	3.32	ac	33.73	1.96	acd	66.43	0.09	abcd	
		<i>C. apolyodonta</i>	3	62.77	6.66	bcd	26.07	1.70	cef	39.37	0.02	gi	
		<i>C. chekiangoleosa</i>	3	78.60	8.69	ab	28.33	2.24	bcef	37.91	0.04	gi	
		<i>C. japonica</i>	52	52.25	12.66	cd	34.59	4.58	ab	62.50	0.07	abc	Abe and Miura et al. (2019)
<i>C. rusticana</i>	59	60.48	10.98	bc	15.97	2.71	gh	33.86	0.07	ij			

±SD indicates standard deviations. One-way ANOVA was performed for each measurement item, and significant differences (SD) in the mean values among groups were calculated using Tukey's method ( $P < 0.05$ ). Non-capital letters indicate statistical (in)significance in a concise way: if treatment groups share the same non-capital letter, then the differences between the groups are not statistically significant.

図 1 ツバキ属の花形態のクラスター解析



Flower diameter, stamen length, and rate of filament coalescence were measured for each of three individuals, and the obtained measurements were standardized for cluster analysis using the Euclidean square distance and Ward's method. The color scheme for each section is as follows: red for sect. *Camellia*, purple for sect. *Paracamellia*, blue for sect. *Oleifera*, green for sect. *Longipedicellata* and sect. *Theopsis*, and yellow for sect. *Chrysantha*.

図2 ゲノムワイド SNP に基づくツバキ属の PCA 解析の結果

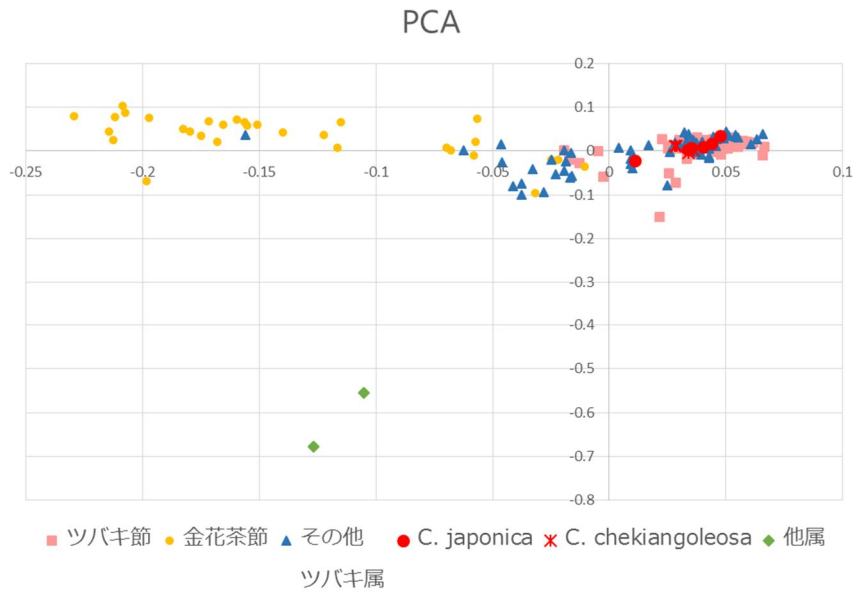
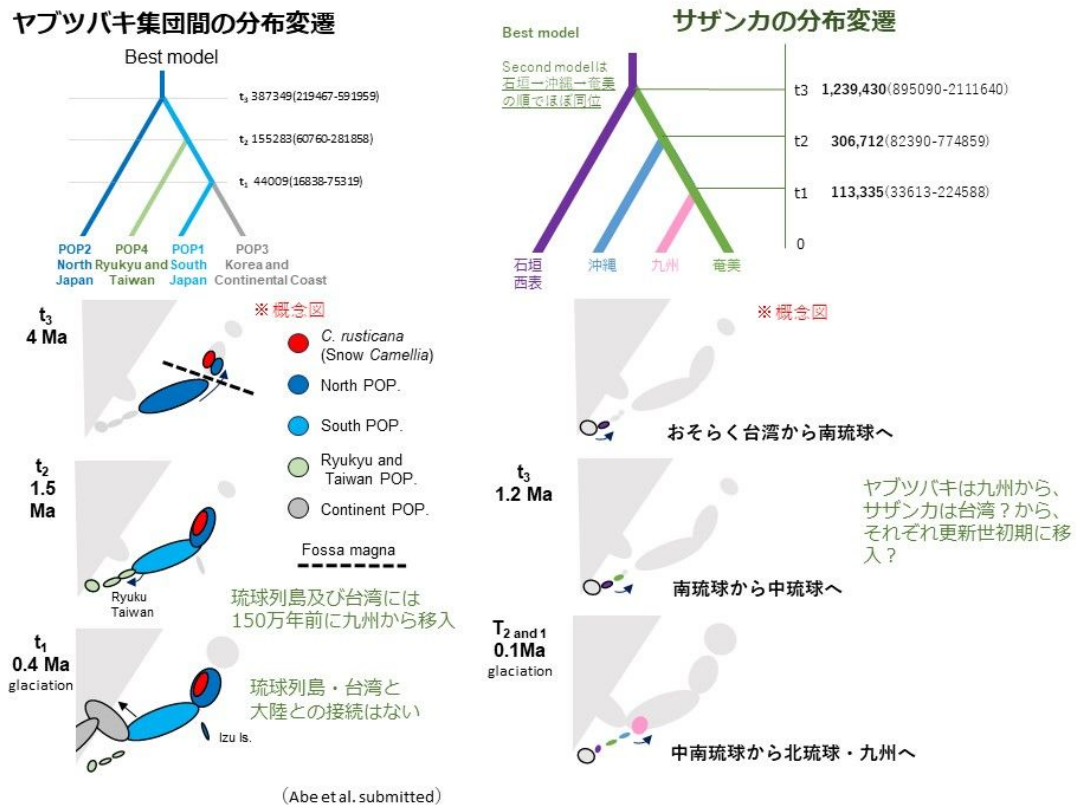


図3 ABC 解析に基づくヤブツバキとサザンカの分布変遷の推測図



## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計9件（うち査読付論文 8件/うち国際共著 3件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Watanabe Yoichi, Ichiro Tamaki, Sang-Hun Oh, Koichi Uehara, Nobuhiro Tomaru, Harue Abe	4. 巻 110(4)
2. 論文標題 The evolutionary history of rice azaleas ( <i>Rhododendron tschonoskii</i> alliance) involved niche evolution to a montane environment.	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 American Journal of Botany	6. 最初と最後の頁 e16166
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/ajb2.16166	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Kazutoshi Masuda, Hiroaki Setoguchi, Koki Nagasawa, Shun K. Hirota, Yoshihisa Suyama, Kazuhiro Sawa, Shigeru Fukumoto, Masae I. Ishihara, Harue Abe, Hayato Tsuboi, Tsuguoki Tango, Sayoko Mori, Shota Sakaguchi	4. 巻 10.1002/ajb2.16275
2. 論文標題 Genetic consequences of Last Glacial Holocene changes in snowfall regime in <i>Arnica montana</i> populations: A plant confined to heavy-snow areas of Japan	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 American Journal of Botany.	6. 最初と最後の頁 16275
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/ajb2.16275	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 松倉君予, 堀田崇仁, 阿部晴恵	4. 巻 27(4)
2. 論文標題 ツバキ菌核病菌ツバキキンカクチャワントケの ツバキ属樹種自生地における生息密度と宿主選好性	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 樹木医学研究	6. 最初と最後の頁 187-193
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Harue ABE, Hiroki MIURA and Rui KATAYAMA	4. 巻 20
2. 論文標題 A Comprehensive Comparison of Flower Morphology in the Genus <i>Camellia</i> , with a Focus on the Section <i>Camellia</i> .	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Journal of Integrated Field Science (JIFS)	6. 最初と最後の頁 2-9
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Ishii Naohiro I., Hirota Shun K., Tsunamoto Yoshihiro, Matsuo Ayumi, Abe Harue, Suyama Yoshihisa	4. 巻 37
2. 論文標題 Extremely low level of genetic diversity in <i>Gentiana yakushimensis</i> , an endangered species in Yakushima Island, Japan	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Plant Species Biology	6. 最初と最後の頁 315 ~ 326
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/1442-1984.12383	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Harue Abe, Hiroki Miura, Yoshitaka Motonaga	4. 巻 online first
2. 論文標題 Quantitative classification of <i>Camellia japonica</i> and <i>Camellia rusticana</i> (Theaceae) based on leaf and flower morphology	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Plant Diversity	6. 最初と最後の頁 online first
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.pld.2020.12.009	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 W. Yoichi, M. Takahashi, A.J. Nagano, K. Uehara, H. Abe	4. 巻 online first
2. 論文標題 Evolutionary effects of geographic and climatic isolation between <i>Rhododendron tsusiophyllum</i> populations on the Izu Islands and mainland Honshu of Japan	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Heredity	6. 最初と最後の頁 online first
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41437-021-00417-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Harue Abe	4. 巻 52
2. 論文標題 Speciation of the sect. <i>Camellia</i> based on Pollinator shift.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 International camellia journal	6. 最初と最後の頁 85-87
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Watanabe Yoichi, Tadashi Minamitani, Sang-Hun Oh, Atsushi J. Nagano, Harue Abe, Tomohisa Yukawa	4. 巻 134
2. 論文標題 New taxa of <i>Rhododendron tschonoskii</i> alliance (Ericaceae) from East Asia	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 PhytoKey 134:97-114, 2019	6. 最初と最後の頁 97-114
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/jbi.12924	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

[学会発表] 計24件(うち招待講演 1件/うち国際学会 5件)

1. 発表者名 真野温人・阿部晴恵・中川清太郎・渡辺洋一
2. 発表標題 2つの生育環境を持つ遺存固有種オサバグサの遺伝的構造と生存史
3. 学会等名 日本植物分類学会第23回大会(仙台)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 田口裕哉・高橋大樹・伊東拓朗・田金秀一郎・菅原峻太・小栗恵美子・阿部晴恵・陶山佳久
2. 発表標題 邦産ビャクシン属ネズミサン節における網羅的分子系統地理解析
3. 学会等名 日本植物分類学会第23回大会(仙台)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 阪口翔太・長澤耕樹・増田和俊・渡辺洋一・廣田峻・陶山佳久・高橋大樹・沢和浩・堀江健二・坂田ゆず・坪井勇人・柳田宏光・白井伸和・石原正恵・福本繁・藤木大介・阿部晴恵・瀬戸口浩彰
2. 発表標題 多雪植物群集の遺伝的分化 :25 種の比較系統地理解析で探る地理隔離と種特性の影響
3. 学会等名 日本植物分類学会第23回大会(仙台)
4. 発表年 2024年



1. 発表者名 張 瑞琪, 阿部 晴恵
2. 発表標題 ホタルブクロの花色多型を規定する要因
3. 学会等名 71回日本生態学会大会 (ESJ71)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 阪口 翔太, 長澤 耕樹, 増田 和俊, 渡辺 洋一, 廣田 峻, 陶山 佳久, 高橋 大樹, 沢 和浩, 堀江 健二, 坂田 ゆず, 坪井 勇人, 柳田 宏光, 白井 伸和, 石原 正恵, 福本 繁, 藤木 大介, 阿部 晴恵, 瀬戸口 浩彰
2. 発表標題 多雪植物群集の遺伝的分化を探索: 25種を対象とした比較系統地理解析
3. 学会等名 71回日本生態学会大会 (ESJ71)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 Harue Abe, Saneyoshi Ueno, Ayumi Matsuo, Shun Hirota, Hiroki Miura, Monghuai Su, Yunguang Shen, Yoshihisa Suyama, Zhonglang Wan
2. 発表標題 Evolutionary History of Camellia Section in Japan
3. 学会等名 Island Biology 2023 Italy (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Yoichi Watanabe, Ichiro Tamaki, Sang Hun Oh, Atsushi J. Nagano, Keio Univ.), Tomohisa Yukawa, Tadashi Minamitani, Koichi Uehara, Nobuhiro Tomaru, Harue Abe
2. 発表標題 The evolutionary history of rice azaleas (Rhododendron tschonoskii alliance) involved niche evolution to a montane environment.
3. 学会等名 East Asian Plant Diversity and Conservation Symposium (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 渡邊謙太、阿部晴恵、水澤玲子、安藤温子、平岩将良、丑丸敦史
2. 発表標題 古くて新しい島の生物学：島に生きる動植物の織りなす物語を読み解く」12月2-3日（土・日）企画者：
3. 学会等名 種生物学会シンポジウム和文誌編集委員会企画シンポジウム
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 安藤 温子，渡邊 謙太，阿部 晴恵，水澤 玲子，平岩 将良
2. 発表標題 日本から発信する島嶼生物学5 - dispersal ecology-
3. 学会等名 71回日本生態学会大会 (ESJ71)自由集会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 堀田 崇仁，松倉 君子，阿部 晴恵
2. 発表標題 ツバキ亜属に寄生するツバキキンカクチャワнтаケの環境適応
3. 学会等名 第70回日本生態学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 阿部 晴恵，松尾 歩，陶山 佳久
2. 発表標題 日本列島におけるホタルブクロの系統地理
3. 学会等名 第70回日本生態学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Harue Abe, Saneyoshi Ueno, Ayumi Matsuo, Shun Hirota, Hiroki Miura, Monghuai Su, Yunguang Shen, Yoshihisa Suyama, Zhonglang Wang
2. 発表標題 Evolution of the genus <i>Camellia</i> based on the biological interaction and the historical background
3. 学会等名 the 20th International Symposium on Integrated Field Science “Biodiversity and Phylogeography” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 岩崎 貴也, 谷川, 阿部 晴恵, 網本 良啓, 陶山 佳久, 高山 浩司, 加藤 英寿, 尾関 雅章
2. 発表標題 関東中部地方から伊豆諸島、南硫黄島、トカラ列島に生育するタマアジサイ類の分子系統地理解析
3. 学会等名 日本植物学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Takahito Hotta, Kimiyo Matsukura, Harue Abe
2. 発表標題 Fungal succession along the senescence and decomposition of <i>Camellia rusticana</i> leaves -Evaluation of interaction between fungal species
3. 学会等名 Plant Microbiota Research Network (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 阿部晴恵
2. 発表標題 佐渡の自然環境はどのように成立したのか？ 生き物のかたちや遺伝子から見た佐渡島のアイランド・シンドローム
3. 学会等名 日本島嶼学会気仙沼大島大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 多田民生、阿部晴恵
2. 発表標題 佐渡島と本州間における花の形質と訪花昆虫の比較
3. 学会等名 日本生態学会第69回大会福岡
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 指村奈穂子, 阿部晴恵ほか
2. 発表標題 佐渡島におけるヤマトグサ ( <i>Theligonum japonicum</i> ) の分布と環境条件の関係
3. 学会等名 日本生態学会第69回大会 福岡
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 阿部 晴恵, 上野 真義, 松尾 歩, 廣田 峻, 陶山 佳久, 三浦 弘毅, Yunguang SHEN, Monghuai SU, Zhonglang WANG
2. 発表標題 ヤブツバキとユキツバキの分子系統地理
3. 学会等名 日本生態学会第69回大会 福岡
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 堀田崇仁, 松倉君予, 松尾歩, 阿部晴恵
2. 発表標題 ユキツバキの葉の経時的変化における菌類群集の遷移 - 菌種間相互作用の検討
3. 学会等名 日本生態学会第69回大会 福岡
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 阿部晴恵, 蓑和冴文, 三浦弘毅
2. 発表標題 ヤブツバキとユキツバキの交雑帯における形質と遺伝的構造の比較
3. 学会等名 日本進化学会第22回大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 堀田崇仁, 松倉君予, 松尾歩, 阿部晴恵
2. 発表標題 ユキツバキ落葉分解に関わる菌類相の遷移 – 内生菌の関与と菌種間相互作用の検討 –
3. 学会等名 第68回日本生態学会大会E03-03
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 蓑和冴文, 三浦弘毅, 阿部晴恵
2. 発表標題 ユキツバキとヤブツバキの交雑履歴がどのように花形質多型に影響を及ぼすのか
3. 学会等名 第67回 日本生態学会大会 (2020年名古屋)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 阿部晴恵, 三浦弘毅, 片山瑠衣, 上野真義, 陶山佳久, 松尾歩, 王仲朗
2. 発表標題 ポリネーションシフトに基づくツバキ節の種分化
3. 学会等名 第67回 日本生態学会大会 (2020年名古屋)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Harue Abe, Rui Katayama, Hiroki Miura, Wang Zhonglang
2. 発表標題 Speciation of the sect. Camellia based on Pollinator shift in Japanese Islands
3. 学会等名 Island Biology 2019 (国際学会)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 阿部晴恵	4. 発行年 2022年
2. 出版社 ペリかん社	5. 総ページ数 272
3. 書名 ヤブツバキとユキツバキの交雑帯における形質と遺伝的構造の比較 74-76 奥びわ湖山門水源の森	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------