

京都大学大学院理学研究科

植物学教室年報



2024年度

植物生理学分科

研究内容の概略

本研究室では、植物が自然界で環境に適応するために進化させた、頑健かつ柔軟な生存戦略を明らかにすることを目指しています。具体的には、植物が局所的な環境シグナルを感知し、その情報をどのように細胞内で伝達するのか、さらにはその情報がどのように組織や個体全体に伝わり、最終的な生理応答を引き起こすのかを研究しています。最新のイメージング技術や、独自に開発したマイクロデバイス、遺伝子発現ネットワーク解析手法などを活用し、分子・細胞・組織・個体レベルに及ぶ多層的なアプローチにより、植物が進化の過程で獲得してきた複雑で巧妙な生物システムの全貌を解明します。

1. 接木の含む生物機構の研究

植物が全身性シグナル伝達機構をどのように発揮するのかを解明するため、私たちは2つ以上の植物を1つにつなぐ「接木」という技術を実験のツールとして活用してきました。一方で、接木そのものが引き起こす生物現象に着目し、そのメカニズムに迫る研究も行っています。

接木は、2つ以上の植物をつなぐことでそれぞれの持つ有用な性質を兼ね備えた植物を作出する方法であり、果樹や野菜などを中心に古くから農業利用されてきました。これまで接木は、近縁な植物間でしか成立せず、科が異なる遠縁な植物間では不可能であると考えられてきました。私たちはタバコ属植物をはじめとするいくつかの植物種では、遠縁な植物の接木（異科接木）が可能であるということを世界で初めて発見しました（*Science*, 2020; *Plant Cell Physiol.*, 2021; 図1左上）。また、ベンサミアナタバコ（*Nicotiana benthamiana*）の全ゲノム配列を明らかにし（*Plant Cell Physiol.*, 2023）、様々な生育ステージや接木を含む部位ごとの遺伝子発現プロファイルをグラフィカルに閲覧可能なブラウザを構築しました（*Plant J.*, 2024; 図1右上）。さらに、ゲノムデータを中心としてデータベースと解析ツール群を連携して使用できる環境をウェブサービスとして提供しています（<https://nbenthamiana.jp>）。

接木において発現が変動する遺伝子に着目することで、植物が傷を修復するときや寄生植物が宿主植物に寄生するときにも、接木と共通の分子機構が発動していることを見出しています。これらの現象に共通するイベントのひとつに自他認識がありますが、接木の細胞生物学的・遺伝学的な解析を通じて、接木境界部位におけるオートファジーの活性化や、活性酸素種の産生抑制に関与する未知の遺伝子の存在を発見しました。このように、接木という視点から、植物の自他認識に対する理解を深めることを目指しています。

切断面の細胞同士の接着と並行して、上下の植物間には維管束組織の再構築が観察されます。私たちは、遺伝子ネットワーク解析によって、異科接木においても明確に観察される道管の新規形成に寄与する遺伝子群を同定しました（*Hortic. Res.*, 2023; 図1下）。さらに、分子遺伝学的解析、バイオインフォマティクス、そして最先端のイメージング技術を駆使して、植物の接木が成立する仕組みの全貌を解明しようとしています。

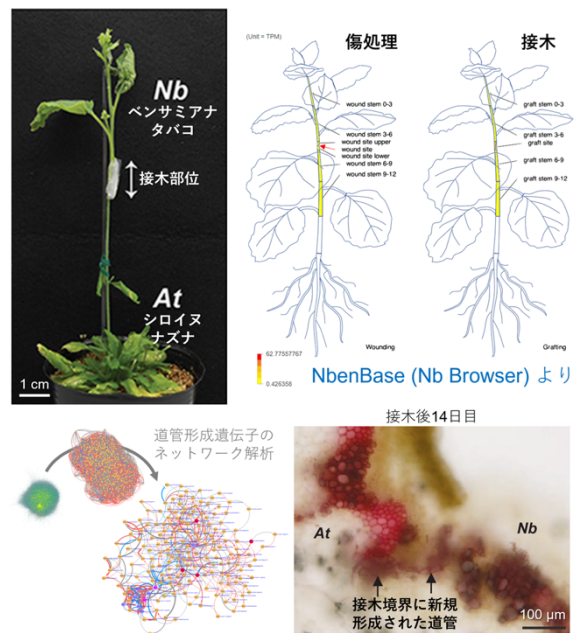


図1 異科接木において発現変動する遺伝子の網羅的同定と接木境界での道管形成に関わる遺伝子のネットワーク解析

2. 植物の全身性シグナル伝達機構と適応戦略の研究

多細胞生物は、個々に機能分化した異なる器官や組織が協調して働くことで、個体レベルでの機能を最大限に発揮していると考えられます。固着生活を送る植物は、生態系における多様な生物・非生物学的なストレスのもとで個体の適応性を高めるために、局所的に受容した環境情報に応じて局所的に応答するとともに、全身的に情報を伝えるためのシステム（全身性シグナル伝達機構）を獲得してきました（図2左）。

植物の全身性シグナル伝達は、篩管や道管といった維管束組織を介した植物ホルモン、small RNA、ペプチド、タンパク質などの分子輸送によって実現されます。例えば、花成や栄養飢餓応答、乾燥ストレス応答といった生理現象は、これらの分子移行を介して全身的に制御されていることが明らかになりつつあります。とくに陸上で繁殖圏を拡大した植物において、mRNA もまた移行性の分子として機能しており、その種類は他

原形質連絡の形成や機能の制御メカニズムを詳しく調べるために、タバコ培養細胞（BY-2 細胞）をトラップして経時的に観察することを可能にするマイクロデバイスを独自開発しました（*PLoS One*, 2022; *J. Plant Res.*, 2022; 図 3 下）。このデバイスを用いて、細胞間の物質輸送を調節する因子の作用を調べ、原形質連絡による物質輸送のメカニズムを解明したいと考えています。

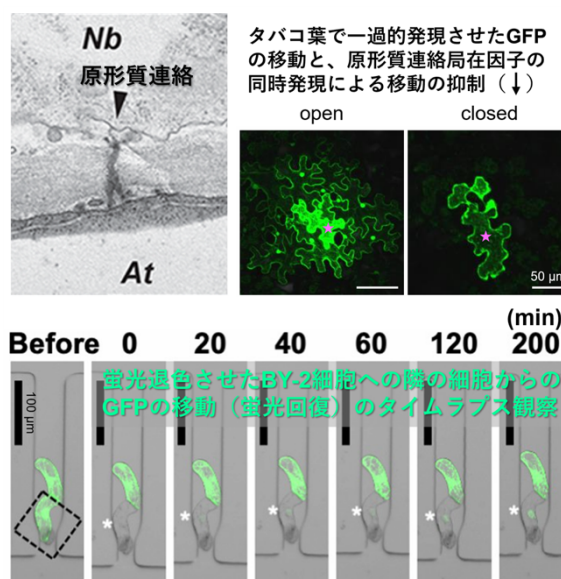


図2 篩管を介した物質の移動と移動性 mRNA による植物全身性シグナル伝達

3. シンプラスト輸送を担う原形質連絡の研究

原形質連絡は、構造が非常に微細であることからこれまで解析が困難とされてきました。さらに、植物の個体内では常に原形質連絡の形成と成熟が非同調的に起きているため、その分子機構の解明もほとんど

最近の主な発表論文

1. Kurotani K, Hirakawa H, Shirasawa K, Tagiri K, Mori M, Ramadan A, Ichihashi Y, Suzuki T, Tanizawa Y, An J, Winefield C, Waterhouse PM, Miura K, Nakamura Y, Isobe S, Notaguchi M. (2024) Establishing a comprehensive web-based analysis platform for *Nicotiana benthamiana* genome and transcriptome. *Plant J.*
2. Kawakatsu Y, Hara M, Kurotani K, Arima A, Baba Y, Notaguchi M. (2024) A multiplex microfluidic device to detect miRNAs for diagnosis of plant growth status. *Hortic. Res.* uhac323
3. Okada K, Yachi K, Nguyen TAN, Kanno S, Yasuda S, Tadaï H, Tateda C, Lee T-H, Nguyen U, Inoue K, Tsuchida N, Ishihara T, Miyashima S, Hiruma K, Miwa K, Maekawa T, Notaguchi M and Saijo Y. (2024) Defense-related callose synthase PMR4 promotes root hair callose deposition and adaptation to phosphate deficiency in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 120: 2639–2655.

4. Notaguchi M, Ichita M, Kawasoe T, Monda K, Kurotani K, Higaki T, Iba K and Hashimoto-Sugimoto M. (2024) PATROL1 functions in both shoot and root biomass increase. *Planta* 260(5): 105.
5. Kawakatsu Y, Okada R, Hara M, Tsutsui H, Yanagisawa N, Higashiyama T, Arima A, Baba Y, Kurotani K, Notaguchi M. (2024) Microfluidic device for simple diagnosis of plant growth condition by detecting miRNAs from filtered plant extracts. *Plant Phenomics* 6: 0162.
6. Kawaguchi K, Notaguchi M, Okayasu K, Sawai Y, Kojima M, Takebayashi Y, Sakakibara H, Otagaki S, Matsumoto S, Shiratake K. (2024) Plant hormone profiling of scion and rootstock cut regions and intra- and interfamilial grafted junctions in *Nicotiana benthamiana*. *Plant Signal Behav.* 19(1): 2331358.
7. Vajiravel P, Nagarajan D, Pugazhenth V, Suresh A, Sivalingam MK, Venkat A, Mahapatra PP, Razi K, Murad MA, Bae DW, Notaguchi M, Seth CS, Muneer S. (2024) Circadian-based approach for improving physiological, phytochemical and chloroplast proteome in *Spinacia oleracea* under salinity stress under light emitting diodes. *Plant Physiol. Biochem.* 207(1): 108350.
8. Seki M, Kuze Y, Zhang X, Kurotani K, Notaguchi M, Nishio H, Suzuki T, Yoshida S, Sugano S, Matsushita T, Suzuki Y. (2023) Development of a method for detecting transcription start sites with high specificity. *Nucleic Acids Res.* 52(2): e7.
9. Yawei L, Shuting W, Adhikari PB, Bing L, Shengjun L, Yue H, Hu G, Notaguchi M, Qiang X. (2023) Evolutionary assessment of SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE genes in citrus relatives with specific focus on flowering. *Mol. Hortic.* 3(1): 13.
10. Nakagami S, Notaguchi M, Kondo T, Okamoto S, Ida T, Sato Y, Higashiyama T, Tsai AY, Ishida T, Sawa S. (2023) Root-knot nematode modulates plant CLE3-CLV1 signaling as a long-distance signal for successful infection. *Sci. Adv.* 9(22): eadf4803.
11. Huang C, Kurotani K, Tabata R, Mitsuda N, Sugita R, Tanoi K, Notaguchi M. (2023) *Nicotiana benthamiana* XYLEM CYSTEINE PROTEASE genes facilitate tracheary element formation in interfamilial grafting. *Hortic. Res.* 10(6): uhad072.
12. Ofori PA, Opoku-Agyemang F, Owusu-Nketia S, Amissah N, Notaguchi M. (2023) A New Intercropping System for Cocoa Cultivation Using Erect Cassava. *Trop. Agr. Develop.* 67: 54-59.
13. Kurotani K, Hirakawa H, Shirasawa K, Tanizawa Y, Nakamura Y, Isobe S, Notaguchi M. (2023) Genome sequence and analysis of *Nicotiana benthamiana*, the model plant for interaction between organisms. *Plant Cell Physiol.* 64(2): 248-257.
14. Saito AN, Maeda AE, Takahara TT, Matsuo H, Nishina M, Ono A, Shiratake K, Notaguchi M, Yanai T, Kinoshita T, Ota E, Fujimoto KJ, Yamaguchi J, Nakamichi N. (2022) Structure-Function Study of a Novel Inhibitor of Cyclin-Dependent Kinase C in *Arabidopsis*. *Plant Cell Physiol.* 63(11): 1720-1728.
15. Jantean L, Okada K, Kawakatsu Y, Kurotani K, Notaguchi M. (2022) Measurement of reactive oxygen species production by luminol-based assay in *Nicotiana benthamiana*, *Arabidopsis thaliana* and *Brassica rapa* ssp. *rapa*. *Plant Biotechnol.* 39(4): 415-420.
16. Kurotani K, Kawakatsu Y, Kikkawa M, Tabata R, Kurihara D, Honda H, Shimizu K, Notaguchi M. (2022) Analysis of plasmodesmata permeability using cultured tobacco BY-2 cells entrapped in microfluidic chips. *J. Plant Res.* 135(5): 693-701.
17. Li Z, Wang L, He J, Li X, Hou N, Guo J, Niu C, Li C, Liu S, Xu J, Xie Y, Zhang D, Shen X, Lu L, Geng D, Chen P, Jiang L, Wang L, Li H, Malnoy M, Deng C, Zou Y, Li C, Zhan X, Dong Y, Notaguchi M, Ma F, Xu Q, Guan Q. (2022) Chromosome-scale reference genome provides insights into the genetic origin and grafting-mediated stress tolerance of *Malus prunifolia*. *Plant Biotech. J.* 20(6): 1015-1017.
18. Shimizu K, Kawakatsu Y, Kurotani K, Kikkawa M, Tabata R, Kurihara D, Honda H, Notaguchi M. (2022) Development of Microfluidic Chip for Entrapping Tobacco BY-2 Cells. *PLoS One* 17(4): e0266982.
19. Notaguchi M, Pallas V, Qiu J, Wang X. (2022) Editorial: Systemic RNA Signalling in Plants. *Front. Plant Sci.* 12: 878728.
20. Kurotani K, Huang C, Okayasu K, Ichihashi Y, Shirasu K, Suzuki T, Higashiyama T, Niwa M, Notaguchi M. (2022) Discovery of the interfamilial grafting capacity of *Petunia*, a floricultural species. *Hortic. Res.* 9: uhab056.
21. Kurotani K, Notaguchi M. (2021) Cell-to-cell connection in plant grafting – molecular insights into symplasmic reconstruction. *Plant Cell Physiol.* 62(9): 1362–1371.
22. Kawakatsu Y, Sakamoto T, Nakayama H, Kaminoyama K, Igarashi K, Yasugi M, Kudoh H, Nagano JA, Yano K, Kubo N, Notaguchi M, Kimura S. (2021) Combination of genetic analysis and ancient literature survey reveals the divergence of traditional *Brassica rapa* varieties from Kyoto, Japan. *Hortic. Res.* 8(1): 132.
23. Motomura K, Takeuchi H, Notaguchi M, Tsuchi H, Takeda A, Kinoshita T, Higashiyama T, Maruyama D. (2021) Persistent directional growth capability in *Arabidopsis thaliana* pollen tubes after nuclear elimination from the apex. *Nat. Commun.* 12(1): 2331.
24. Tsutsui H, Kawakatsu Y, Notaguchi M. (2021) A silicone micrografting chip in *Arabidopsis thaliana*. *Bio protoc.* 11(12): e4053.
25. Okayasu K, Aoki K, Kurotani K, Notaguchi M. (2021) Tissue adhesion between distant plant species in parasitism and grafting. *Commun. Integr. Biol.* 14(1): 21-23.

26. Kawakatsu Y, Sawai Y, Kurotani K, Shiratake K, Notaguchi M. (2020) An in vitro grafting method to quantify mechanical forces of adhering tissues. *Plant Biotechnol.* 37(4): 451-458.
27. Honma Y, Adhikari PB, Kuwata K, Kagenishi T, Yokawa K, Notaguchi M, Kurotani K, Toda E, Bessho-Uehara K, Liu X, Zhu S, Wu X, Kasahara RD. (2020) High-quality sugar production by osgcs1 rice. *Commun. Biol.* 3(1): 617.
28. Notaguchi M, Kurotani K, Sato Y, Tabata R, Kawakatsu Y, Okayasu K, Sawai Y, Okada R, Asahina M, Ichihashi Y, Shirasu K, Suzuki T, Niwa M, Higashiyama T. (2020) Cell-cell adhesion in plant grafting is facilitated by β -1,4-glucanases. *Science* 369(6504): 698-702.
29. Kurotani K, Wakatake T, Ichihashi Y, Okayasu K, Sawai Y, Ogawa S, Cui S, Suzuki T, Shirasu K, Notaguchi M. (2020) Host-parasite tissue adhesion by a secreted type of β -1,4-glucanase in the parasitic plant *Phtheirospermum japonicum*. *Commun. Biol.* 3(1): 407.
30. Tsutsui H, Yanagisawa N, Kawakatsu Y, Ikematsu S, Sawai Y, Tabata R, Arata H, Higashiyama T, Notaguchi M. (2020) Micrografting device for testing environmental conditions for grafting and systemic signaling in Arabidopsis. *Plant J.* 103(2): 918-929.

メンバー (2025 年 4 月 1 日現在)

- 野田口 理孝 (教授)
- 望月 伸悦 (助教)
- 永原 史織 (助教)
- 和田 晶子 (事務補佐員)
- 岩田 拓巳 (修士課程 2 年)
- 伊藤 功紀 (修士課程 1 年)
- 大山 泰生 (修士課程 1 年)
- 石原 潮人 (研究生)
- 梅澤 陽登 (学部 4 回生)

形態統御学分科

研究内容の概略

太陽光からエネルギーをえる植物は太陽の動きで生じる昼夜環境変動に対してうまく適応しなければならない。生物時計の一種である概日時計はその適応的な形質の一つとして捉えることができ、生物時計が示す時刻をうまく利用することで植物は変動環境のなかで生き抜いている。当分科では、植物の概日時計システムにおける階層性、時刻情報伝達様式、さらに時計合わせや時計の利用法を対象に、分子、細胞から個体、生態レベルまで多彩な視点から研究を進めている(図1)。さらに、時間の使い方に現れる生き物の多様性・個性についても興味をもって研究を進めている。また、小さいながらも多彩な生理学的側面を見せるウキクサ植物を材料として利用する点と生物発光レポーター系を駆使した実験をする点が当分科の特徴としてあげられる。

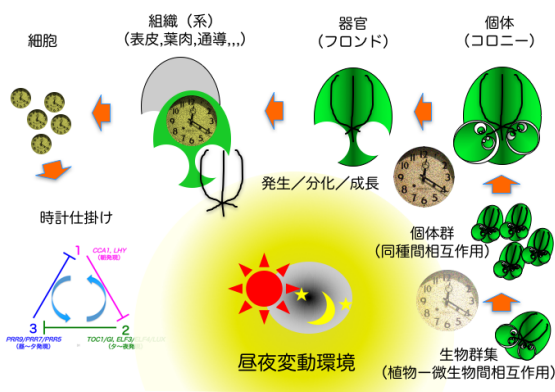


図1 植物にみられる階層性と概日時計のイメージ図(ウキクサ植物をベース)

1. 各階層の植物概日時計システムの多様性とその意義

概日時計システムは生物の計時機構を代表する普遍的なシステムであり、植物においても光エネルギー利用の最適化など非常に重要な役割をもっている。その基盤となる概日時計(振動体)は、バクテリア、真菌、動物、植物等でそれぞれ異なった構成因子で形成されているが、どの生物においても細胞単位で発振することが基本となっている。植物細胞は光受容機構を備えるため、昼夜の環境情報をもとに細胞単位で時計の時刻(針)を調節することができると考えられているが、植物個体内では個々の細胞時計は近接細胞間相互作用や長距離時刻情報伝達などを介して時空間的に制御されて働くことが想定されている。当分科では、ウキクサの仲間を材料に個々の細胞時計の動き(つまり細胞概日リズム)の測定および細胞時計の集合体で

ある植物個体(増殖期)の時計の挙動解析に成功した。ウキクサは单子葉類のサトイモ科に属し、個体サイズが小さく扁平で水面に浮いた状態で成長する。この構造的特徴から個体が増殖する状態でも、その主要部分(フロンドあるいは葉状体とよぶ)の上面が常に水平かつ水面からの距離(高さ)が一定になり、植物個体を一定の条件で高解像度に観測し続けることが可能となる。これらの特性を生かして、植物個体内の概日時計システムを単一細胞の遺伝子発現の挙動測定から解析する手法を開発した(図2)。同一個体上でも単一細胞のリズムの性質は細胞間でバラつく他、同一細胞でも恒常条件下でのサイクル毎のバラツキが非常に大きくなることを定量的に示した。さらに、概日発光リズムを示す形質転換ウキクサ(ムラサキコウキクサ: *Lemna japonica*)を材料に、増殖する植物個体における概日リズムの自律的な秩序形成にアプローチした(図3、Ueno et al. 2022)。位相(時計の時刻)の空間パターンの初期状態を出発点に、細胞時計間の局所的なカップリング(お互いの時刻を揃えようとする作用)がおこることで、それ以降の動的な位相パターンが生じることを明らかにした。さらにカップリングの程度が発生に伴い低下していくことを仮定すれば、発生/成長を伴う様々な概日リズムの秩序形成様式を説明できることを示した。局所的な細胞時計間の相互作用(カップリング)の動態が植物個体内の概日リズムの秩序形成の基本となることを提案している。一方で、細胞間の相互作用のない単離された細胞(概日発光リズムをもつシロイヌナズナ形質転換体由来)の概日リズムを細胞ごとに観測したところ、周期や安定性などの時計の重要性質は葉由来細胞と根由来細胞とは異なっていた(Nakamura, Oyama 2022)。つまり、細胞時計の基本性質は相互作用によらずに細胞種ごとに決まっていることが分かってきた。また、葉の細胞と根の細胞の大きな違いは光合成能力の有無であり、両細胞の概日リズムの周期に関する温度感受性の違いが、光合成能力の有無によることを示唆している。

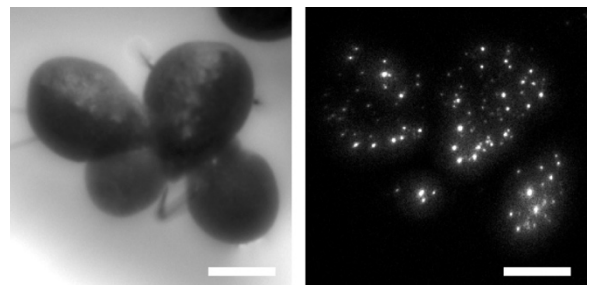


図2 パーティクルボンバードメント法で発光レポーター(*CaMV35S::PtRLUC*)を導入したムラサキコウキクサ(*Lemna japonica*)
明視野像(左)と生物発光像(右)。バーは2 mm。

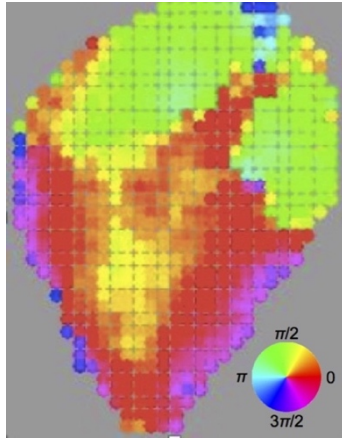


図3 連続明中で *CCA1:LUC* 形質転換ムラシコウキクサのフロンドに生じた概日時計の位相（時刻）の空間パターンの一例

色はその領域が示している概日時計の位相を表している。このフロンドは明暗条件など外部環境変化を一度も受けておらず、自発的に生じた位相パターンであり、時間の経過とともに動的に変化する。

植物個体内で細胞間の時刻情報のやり取りを含む時計の制御機構については、原形質連絡などを介した細胞間の物質のやり取りが重要であると想定されているが、情報を受けた細胞内でのどのような変化が細胞時計に影響をあたえているかについては理解が進んでいない。当分科では、同一細胞内で発光色の異なる2つのレポーター遺伝子を発現させ、それらの発光時系列データを同時に取得できる実験系を確立した(図4、Watanabe et al. 2021)。時計遺伝子 *CCA1* のプロモーター下で発現させたホタルのルシフェラーゼ (LUC: 黄緑色発光) と植物での過剰発現に頻用されるウィルス由来の *CaMV35S* プロモーター下で発現させた色変換ルシフェラーゼ (PtRLUC: 橙-赤色発光) を用いた。*CaMV35S:LUC* の発光が概日リズムを示すことは当分科の研究で明らかになっていた。これらの2つの概日リズムは同一細胞で異なる周期を示すなど発光挙動に違いが見られるのみならず、LUC の細胞発光リズムは細胞時計の動きに追従するが、PtRLUC の細胞発光リズムはその細胞がもつ時計の動きとは独立な挙動を示すことを明らかにした(Watanabe et al. 2023)。一方で、PtRLUC の発光概日リズムは細胞間の物質のやり取りを必要とするが、LUC の発光リズムは独立した細胞でも動き続けることが明らかとなった。さらに、安定性の異なるルシフェラーゼを用いた実験と理論的な研究から、*CaMV35S* プロモーター下流のルシフェラーゼ遺伝子が示す発光概日リズムはルシフェラーゼ酵素量の変動で生じておらず、発光効率で生じていることを示した (Horikawa et al. 2024)。発光効率に影響を与える生理学的反応系が組織・個体レベルで同調した概日リズムを持つと考えられ、実際に同一個体内では PtRLUC の細胞発光リズムが LUC の細胞発光リズムよりお互いに同調して動くことが明らかとなった。つまり、植物個体内では個々の細胞時計の

精度は悪くても、どの細胞もお互いに同調した生理学的リズムを作れることが分かり、植物の個体レベルの時間の使い方の一端を明らかにした。

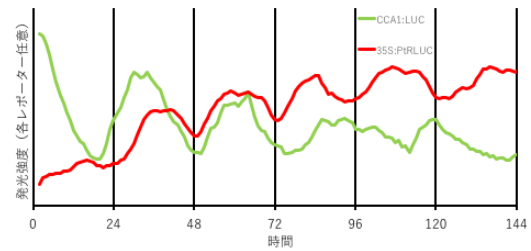


図4 同一細胞に導入された *CCA1:LUC* と *CaMV35S:PtRLUC* 由来の発光リズム例

明暗同調を経験したことのないムラシコウキクサに対して、パーティクルボンバードメント法で2つの発光レポーターを同一細胞に共導入している。発光画像取得時にそれぞれの発光色を透過しやすいフィルタを使用することで、それぞれに由来する発光強度が算出できる。2つのリズムのピーク間隔が時間とともにずれている。

2. ウキクサ植物の多彩な時間の使い方

ウキクサ植物は5属からなり、熱帯から亜寒帯まで世界中の淡水を有する地域に広く分布している。種によっては経度のみならず緯度的にも広く分布するものもある。そのため同種であっても、温度や日長変化に対して多彩な環境適応が生じていると考えられる。当分科では、世界や日本国内の様々な地域で採取され、栄養成長（クローン増殖）で維持されてきたウキクサの仲間を材料に、概日時計の性質や季節変化に応じた成長相転換様式（栄養成長から生殖成長）の多様性に注目し、植物の多彩な時間の使い方の理解を進めてきた。例えば、アオウキクサ属 (*Lemna* 属) の植物には春から初夏にかけて開花する長日性の種と夏から秋にかけて開花する短日性の種が両方存在する。イボウキクサ (*Lemna gibba*)、コウキクサ (*Lemna minor*) は前者に属し、アオウキクサ (*Lemna aequinoctialis*) は後者に属する(図5)。アオウキクサは日本の水田で一般的にみられるウキクサであるが、国内各地のアオウキクサの概日リズムの性質と花成抑制に必要な明期長（限界日長）を調べた結果、緯度が高いところほど周期が短く、限界日長が長くなる（つまり花成しやすい）傾向が明らかとなった(Muranaka et al. 2022)。このような緯度に応じた性質の傾斜（緯度クラインと呼ぶ）は他生物でも知られていたが、内在の概日時計の性質と花成の傾向を同時に調べることにより、周期の多様化が花成時期の多様化に寄与している証拠の一端を示すことができた。内在の概日時計の性質の多様化をより広範囲に調べるために、世界各地のウキクサ（8種の *Lemna* 属ウキクサと7種の *Wolffiella* 属ウキクサ）の概日リズム特性を観測した結果、*Wolffiella* 属ウキクサのリズムの自律的な概日周期性が低下していることが明らかと

なった。この属のウキクサは根や維管束系を退化させており、形態的な単純化と時間制御の単純化が同時に進んでいる可能性が示された。興味深いことに、*Wolffiella* 属のウキクサは主に低緯度地域に分布する一方で、*Lemna* 属のなかでも低緯度に分布するウキクサ種では、自律的な概日周期性が弱まっており、低緯度での時間制御の単純化が一般的に起こる可能性を示した。海洋性シアノバクテリアにおいても、自律的な概日周期性を失った *Prochlorococcus* 類は低緯度のみ分布することが知られており、概日時計の自律性と生育環境の日長変化の度合いとの関連性が明らかになりつつある。

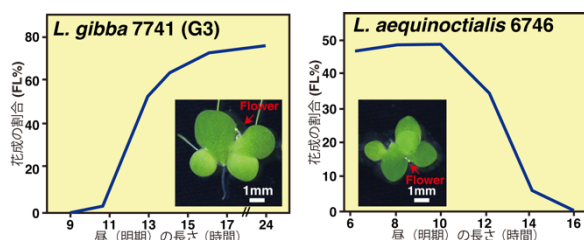


図 5 アオウキクサ属の光周期依存的な花成反応
様々な日長条件における長日性イボウキクサ (*L. gibba*) G3 株の花成の割合 (左)。24 時間周期中の昼(明期)の長さに対して花成率をプロットしてある。様々な日長条件における短日性ナンゴクアオウキクサ (*L. aequinoctialis*) 6746 株の花成の割合 (右)。

ウキクサの仲間は冬季や高生育密度・貧栄養などの悪環境期を種子の状態で切り抜ける種があるほか、デンプンを蓄積して水中に沈み休眠するタイプの種も存在する。例えば、キタグニコウキクサ (*Lemna turionifera*) は生育環境が悪化すると turion と呼ばれる休眠芽を発達させる (図 6)。当分科で、高緯度地域に分布するキタグニコウキクサは、短日処理によって休眠を誘導できることを発見した。さらに、休眠の誘導される限界日長、暗期中断の影響、生育温度との関係を明らかにし、休眠芽を用いた RNA-seq による網羅的発現変動解析を行うことで、光周期依存的な休眠誘導の分子機構の解明を目指している。

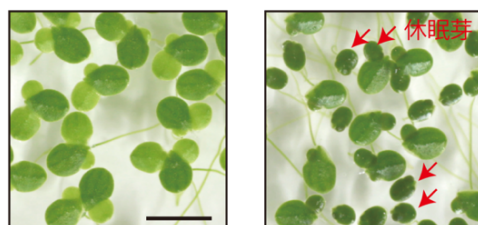


図 6 キタグニコウキクサの光周期依存的な休眠芽形成
長日条件 (15 時間明期/9 時間暗期) で栄養成長している植物 (左) と短日条件 (9 時間明期/15 時間暗期) で休眠芽を発達させている植物 (右)。スケールバーは 5 mm。矢印が発達してきた休眠芽。

3. 研究材料としてのウキクサ植物

ウキクサ植物は基礎研究から生物環境浄化、バイオマス燃料生産、機能性化合物の生産等の植物材料として期待されている。植物のバイオマス生産効率をあげる手法の一つとして、植物の成長を促進するバクテリアの利用が考えられており、それら有用微生物の選抜や応用研究のための植物材料としてウキクサは適している。当分科では、他研究室と共同で選抜法や成長促進の分子機構の解明を進めている (Khairina et al. 2021; Juma et al. 2022)。それらのバクテリアの中には昼夜応答を示すものもあり、植物表面の生態系における時間制御の可能性が示されている。

当分科は、ウキクサ植物の日本におけるストックセンター的な役割を果たしている。現在、5 属・32 種にわたる約 180 株の国内外で採取されたウキクサ野生株、形質転換の可能なコウキクサ、キタグニコウキクサについては約 350 株の遺伝子組換え体を通菌状態の継代培養によって維持している。維持しているウキクサリストの一部は以下参照 (http://cosmos.bot.kyoto-u.ac.jp/clock/research/map_duckweed.html) これらの株の永続的な維持を目的に、大学連携バイオバックアッププロジェクトのサポートのもと、ウキクサ植物の液体窒素による凍結保管 (Cryopreservation) 技術の開発を進めている (農研機構 遺伝資源研究センター 田中 大介博士との共同研究)。この技術は、種子を介さず植物体をそのままの状態ですべて永久的に保存するものであり、有用株の絶滅を防げるだけでなく、クローン増殖するウキクサにとっては、時代を超えた同一植物の比較を可能にする点でも革新的な意味を持っている。

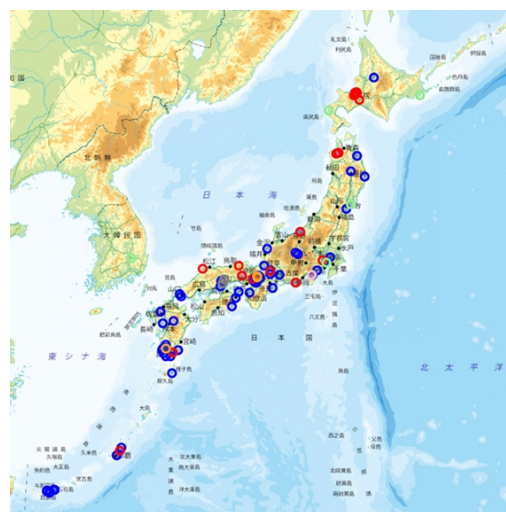


図 7 研究室で維持しているウキクサクローンの種名と採取場所

アメリカのストックセンター RDSC と連携しながら、様々なウキクサを無菌的に継代培養、または液体窒素下での凍結保存を行っている。

最近の主な発表論文

1. Horikawa, Y., Watanabe, E., Ito, S., Oyama, T. (2024) Model-based analysis of the circadian rhythm generation of bioluminescence reporter activity in duckweed. *Plant Biotech.* in press
2. Watanabe, E., Muranaka, T., Nakamura, S., Isoda, M., Horikawa, Y., Aiso, T., Ito, S., Oyama, T. (2023) A non-cell-autonomous circadian rhythm of bioluminescence reporter activities in individual duckweed cells. *Plant Physiol.* **193**, 677-688.
3. Muranaka, T., Ito, S., Kudoh, H., Oyama, T. (2022) Circadian-period variation underlies the local adaptation of photoperiodism in the short-day plant *Lemna aequinoctialis*. *iScience* **25**, 104634.
4. Isoda, M., Ito, S., Oyama, T. (2022) Interspecific divergence of circadian properties in duckweed plants. *Plant Cell Environ.* **45**, 1942-1953.
5. Nakamura, S., Oyama, T. (2022) Adaptive diversification in the cellular circadian behavior of Arabidopsis leaf- and root-derived cells. *Plant Cell Physiol.* **63**, 421-432.
6. Ueno, K., Ito, S., Oyama, T. (2022) An endogenous basis for synchronization characteristics of the circadian rhythm in proliferating *Lemna minor* plants. *New Phytol.* **233**, 2203-2215.
7. Taoka, K.-I., Kawahara, I., Shinya, S., Harada, K.-I., Yamashita, E., Shimatani, Z., Furuita, K., Muranaka, T., Oyama, T., Terada, R., Nakagawa, A., Fujiwara, T., Tsuji, H., Kojima, C. (2022) Multifunctional chemical inhibitors of the florigen activation complex discovered by structure-based high-throughput screening. *Plant J.* **112**, 1337-1349.
8. Edelman, M., Appenroth K.J., Sree K.S., Oyama T. (2022) Ethnobotanical history of duckweeds in different civilizations. *Plants* **11**, 2124.
9. Juma, P.O., Fujitani, Y., Alessa, O., Oyama, T., Yurimoto, T., Sakai, Y., Tani, A. (2022) Siderophore for lanthanide and iron uptake for methylotrophy and plant growth promotion in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. *Front. Microbiol.* **13**, 921635.
10. Watanabe, E., Isoda, M., Muranaka, T., Ito, S., Oyama, T. Detection of uncoupled circadian rhythms in individual cells of *Lemna minor* using a dual-color bioluminescence monitoring system. (2021) *Plant Cell Physiol.* **62**, 815-826.
11. Yoshida, A., Taoka, K., Hosaka, A., Tanaka, K., Kobayashi, H., Muranaka, T., Toyooka, K., Oyama, T. and Tsuji, H. (2021) haracterization of frond and flower development and identification of FT and FD genes from duckweed *Lemna aequinoctialis* Nd. *Front. Plant Sci.* **12**, 697206.
12. Acosta, K., Appenroth, K.J., Borisjuk, L., Edelman, M., Heinig, U., Jansen, M.A.K., Oyama, T., Pasaribu, B., Schubert, I., Sorrels, S., Sree, K.S., Xu, S., Michael, T.P., Lam, E. (2021) Return of the Lemnaceae: duckweed as a model plant system in the genomics and postgenomics era. *Plant Cell* **33**, 3207-3234.
13. Khairina, Y., Jog, R., Boonmak, C., Toyama, T., Oyama, T., Morikawa, M. Indigenous bacteria, an excellent reservoir of functional plant growth promoters for enhancing duckweed biomass yield on site. (2021) *Chemosphere* **268**, 129247
14. Muranaka, T., Oyama, T. The application of single cell bioluminescent imaging to monitor circadian rhythms of individual plant cells. (2020) *Methods in Mol. Biol. – Bioluminescent Imaging –* (Springer Nature), pp 231–242.
15. Kanesaka, Y., Okada, M., Ito, S., Oyama T. Monitoring single-cell bioluminescence of Arabidopsis leaves to quantitatively evaluate the efficiency of a transiently introduced CRISPR/Cas9 system targeting the circadian clock gene ELF3. (2019) *Plant Biotech.* **36**, 187–193.
16. 村中智明、小山時隆 植物個体内の単一細胞発光モニタリング (2019) 実験医学別冊『発光イメージング実験ガイド』(永井健治・小澤岳昌編) pp 145–158.
17. Okada, M., Muranaka, T., Ito, S., Oyama, T. (2017) Synchrony of plant cellular circadian clocks with heterogeneous properties under light/dark cycles. *Sci. Rep.* **7**, 317.
18. Muranaka, T., Oyama, T. (2016) Heterogeneity of cellular circadian clocks in intact plants and its correction under light-dark cycles. *Sci. Adv.* **2**, e1600500.

2024 年度学位論文

修士論文

- 堀川 湧「ルシフェラーゼレポーターを発現させたウキクサ植物の発光概日リズム生成機構の研究」

メンバー (2025 年 4 月 1 日現在)

- 小山 時隆 (准教授)
- 伊藤 照悟 (助教)
- 大坪 真樹 (研究補助員)
- 羅 迪 (Luo Di) (博士後期課程 3 年)
- 上野 稜平 (博士後期課程 3 年)
- 相磯 豪志 (博士後期課程 2 年)
- 野崎 友也 (博士後期課程 2 年)
- 堀川 湧 (博士後期課程 1 年)
- 津田 祐伍 (修士課程 2 年)
- 鳥羽 重孝 (修士課程 2 年)
- 内藤 恒太 (修士課程 1 年)
- 本多 翔 (修士課程 1 年)
- 澤崎 凌 (学部 4 回生)
- 伊藤 有希乃 (教務補佐員)

植物系統分類学

植物系統分類学学科では、4 人の教員をはじめ、大学院生など、合わせて 19 名が、野生の陸上植物を材料として、植物系統進化の研究を行っている。主に被子植物を中心に様々な形質情報（形態学的、解剖学的・発生学的形質、DNA 等の分子情報など）を統合的に解析し、植物群の系統進化過程の科学的解明を試みている。

研究内容の概略

A. 系統分類学

1. 単子葉植物の系統分類学

単子葉植物は約 2700 属 6 万 7 千種からなる分類群で、動物との相互関係を高度に築き上げたランの仲間や、体の構造を著しく退化させたウキクサの仲間を含み、形態的に多様である。有用植物も多く、世界三大作物のコムギ、トウモロコシ、イネは全て単子葉植物のイネ科に含まれる。そして、最近の分子系統解析の結果、その単子葉植物の分類は大きく変わりつつある。当研究グループでは、その変わりつつある単子葉植物の分類に関する研究を数多く行っている。

(1) 単子葉植物全体の分子系統樹の構築

以前の単子葉植物の分子系統樹は、主として *rbcL* 遺伝子を用いて構築されていたが、当研究グループは、2000 年に *matK* 遺伝子に着目して単子葉植物全体の分子系統樹を構築し、単子葉植物の目レベルの分化の順序を明らかにした。さらに、2004 年には *matK* 遺伝子と *rbcL* 遺伝子の結合データに着目して、信頼度の高い単子葉植物全体の分子系統樹の構築に成功している。現在は、単子葉植物の全属の約 1/3 にあたる 931 属の大規模分子系統樹を構築している。この研究結果は、単子葉植物の DNA バーコードの基礎データとしても活用できると考えている。

(2) 単子葉植物はいったいどんな植物から分化してきたのか

単子葉植物に最も近縁な双子葉植物はいったい何なのか。これは、昔から議論の絶えない課題であったが、未だに決着していない。形態的側面からは、長らくそれは原始的な双子葉植物であろうと考えられてきた。しかし、最近の分子系統解析では、それはむしろある程度派生的な双子葉植物ではないかという結論になりつつある。当研究グループでは、これまでとは異なるサンプリング法で、分子系統的側面からこの課題に取り組んでいる。現在のところ、単子葉植物に最も近縁な植物は、やはり原始的な双子葉植物という中

間結果が出ている。この真偽について、そして、原始的な双子葉植物のいったいどれが単子葉植物に最も近縁なのかについて、現在さらに研究を進めている。

(3) ユリ科の分割

ユリ科 (広義) は、約 3500 種を含み、単子葉植物の中で 4 番目に種数の多い科である。形態的にも大変多様で、単子葉植物であるにもかかわらず、木になるものの、網状脈の葉をもつもの、2 数性や 4 数性の花をもつものを含む。当研究グループは、上述の単子葉植物全体の分子系統樹を用いて、そのユリ科 (広義) を少なくとも 5 つの科に分割しなければならないことを見出した。それらは、チシマゼキショウ科、サクライソウ科、キンコウカ科、ユリ科 (狭義)、クサスギカズラ科である。現在は、オゼソウ科をサクライソウ科から独立させるか、ユリ科 (狭義) とクサスギカズラ科をさらに細分化するかについて、研究を進めている。

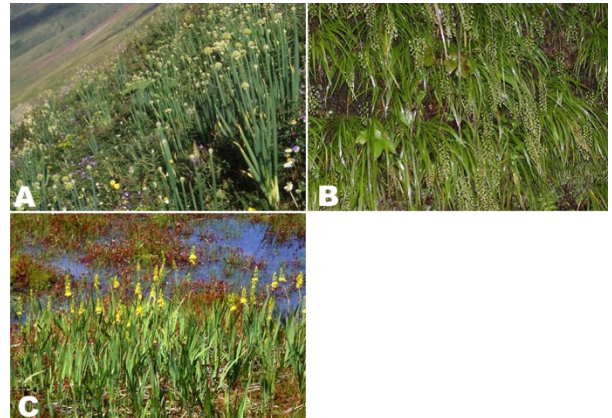


図 1 いろいろなユリ科 (広義) 植物

A: ネギの原種と言われている *Allium altaicum*. B: ハナゼキショウ *Tofieldia nuda*. C: キンコウカ *Narthecium asiaticum*

(4) チシマゼキショウ科の系統と分類

チシマゼキショウ科は、単子葉植物の中で形態的に原始的な植物として注目されてきたが、当研究グループは、葉緑体の *trnK* 遺伝子領域 (*matK* 遺伝子を含む)、*trnL* 遺伝子領域、*trnL-F* 遺伝子間領域と核の ITS 領域に基づいて、チシマゼキショウ科に含まれるチシマゼキショウ属とイワショウブ属の全 15 種のうち 14 種の分子系統解析を行った。その結果、これまでハナゼキショウとされてきた植物は、実は異なる 3 種 3 変種の寄せ集めであったことを見出した。

(5) 日本産ヤマノイモ属の系統

ヤマノイモ属は雌雄異株のつる植物であるが、当研究グループは、日本に自生、または野生化しているヤマノイモ属 17 種全種を含めたヤマノイモ属 142 種の分子系統解析を行った。その結果、つるの巻く方向、葉序、葉の切れ込み、雄花の花被片の開き方などが分類形質として重要である可能性を見出した。

(6) 日本産ホシクサ属の系統

ホシクサ属は雌雄同株異花の 1 年生または多年生草本である。当研究グループは、日本に自生しているホシクサ属約 40 種のうち、19 種の分子系統解析を葉緑体 DNA 領域 (7998 bp) と核 DNA 領域 (843 bp) に基づいて行い、両者を比較した。その結果、日本産ホシクサ属の進化の過程において、少なくとも 2 度の chloroplast capture が起ったことが示唆された。「苞や萼片の白短毛」や「花序内での雌花と雄花の開花順序」などの特徴は、葉緑体系統樹ではなく、核系統樹に沿って変化したことがわかった。



図 2 ニッポンイヌノヒゲ *Eriocaulon taquetii*

(7) スゲ属の分類地理

スゲ属 (カヤツリグサ科) は世界に約 1700 種、日本には 200 種が分布する大きな属であり、国内においても現在も多くの新分類群が報告され続けている。この属のうち、特に日本において多様な分化がみられるミヤマカンスゲ群について細胞生物地理学的な解析を含む詳細な生物地理学的研究を進めている。ツルミヤマカンスゲについてはタイプ標本の再検討の結果、新学名の提案を行った。その他、ハリスゲ類の 1 新種の報告、雑種タカオスゲの新産地報告とレクトタイプ指定を行った。

2. 双子葉植物の系統分類学

基部被子植物に含まれ、形態的に原始的な双子葉植物であるコショウ科とセンリョウ科の系統分類を研究している。このうちコショウ科のサダソウ属では、葉緑体 DNA 領域 (10483 bp) と核 DNA 領域 (603 bp) に基づく系統関係が一致せず、花序をつける茎が花後も枯れずに伸長するという特徴や葉序は、上述のホシクサ属でみられた場合と同様に、核系統樹に沿って変化したと考えられたが、逆に、茎下方の葉が若い段階から厚くなるという特徴や地下茎の形質は葉緑体系統樹に沿って変化していることが判明した。分岐年代

推定の結果、incomplete lineage sorting を仮定するほど短期間に分岐が進んだとは考えにくく、現在、この核系統樹と葉緑体系統樹の不一致の要因と茎下方の葉が若い段階から厚くなるという特徴や地下茎の形質が葉緑体系統樹に沿って変化した原因の解明に取り組んでいる。

B. 形態学・解剖学・発生学

被子植物の雌雄生殖器官の発生と進化：この数十年間のあいだに分子系統解析の研究が大きく進展し、植物の分類システムもまた大きく変わりつつある。その結果、被子植物では 479 科が認められるようになったが、この数は過去最高の数であると同時に、今後もまだ増える可能性がある。その一方、どの科がどのような特徴を持つのか、それを明らかにするための個々の科の形態的特徴に関する研究の必要性が急速に高まっている。なかでも雌雄生殖器官の発生学の研究が世界でも急速に進み、重要な発見や観察結果の報告が相次ぐようになっている。当研究室でも、新たな分類システムを立証する形態的特徴の探索のために、さまざまな植物群について、雌雄生殖器官の発生学の研究を行ってきた。

C. 生物多様性に関する研究

日本が属する東アジアから東南アジア熱帯地域にかけては赤道域から温帯域にわたって連続的に湿潤な気候に恵まれ、世界でも最も生物多様性の高い生物群集を有する地域の一つとなっている。京都大学ではこの地域に何度も調査隊を派遣し、多くの学術標本資料を集積し植物多様性の解明に取り組んでいる。

1. 東アジアから東南アジアのユリ科とその近縁科の多様性

当研究グループは、東アジアから東南アジアのユリ科とその近縁科の分類を研究してきており、これまでに 1 新属、14 新種、6 新変種を発表してきた。2000 年には、Flora of China のユリ科部分を発表し、中国には 55 属 715 種のユリ科が自生することを報告した。Flora of Japan については、2016 年に、ユリ科、ヤマノイモ科、ビャクブ科、キンバイザサ科の部分を発表している。Flora of Thailand のユリ科とその近縁科については、2017 年にシュロソウ科 (広義ユリ科の一部) の部分を発表し、現在、その他の科について研究を進めている。



図 3 タイの植物調査

2. 熱帯林の構造と植物の多様性

ボルネオ各地の熱帯林に多数設置された永久方形区から得られた樹木の多様性情報に基づいて、熱帯林の構造と樹木の多様性パターンに関する総合的な解析が国際的な協力のもとで進められている。また、インドネシアとの共同研究である Heart of Borneo 調査の一環として、西カリマンタン州カプアス川上流域 (Betung-Kalihun 国立公園) の植物相調査を行った。その他、東南アジアの各地におけるベルト・トランセクト法を中心とした熱帯植物の種多様性解析に関する共同研究に参画している。

D. 生物地理学

生物の分布パターンは種によって大きく異なる。複数の大陸にまたがる広域分布種から隔離分布種、地域固有種まで実に多様である。生物の分布域形成過程を解明するためには、各々の種の移動分散の歴史や地史を明らかにし、さらには種間の相互作用を調べるなど、多面的なアプローチが必要となる。当研究グループでは、系統地理学的・集団遺伝学的なアプローチを軸に、様々な陸上植物の生物地理の解明を試みている。

1. 汎熱帯海流散布植物の系統地理

汎熱帯海流散布植物は地球上で最大級の分布域を持ち、世界の熱帯・亜熱帯の海岸に遍く分布している。汎熱帯海流散布植物の起源と分布域形成過程を解明するために、アオイ科フヨウ属やヒルギ科ヤエマヒルギ属の植物に着目した全球規模での遺伝解析を行ってきた。その結果、共通の地理的障壁としての南北アメリカ大陸の存在や、長距離種子散布を介した種分化、姉妹種の分布域の二次的接触が明らかとなった。現在、全球的に分布する集団が様々なレベルに分化していること、その分化の要因が種子分散、地理的隔離、局所適応の組合せであることを、ゲノム解析によって明らかにしようとしている。

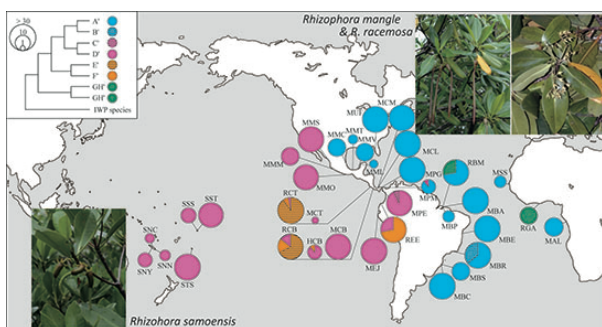


図4 ヒルギ属の長距離散布と集団分化

2. 日本の海浜植物の系統地理

日本列島には様々な海浜植物の分布北限と南限が存在することから、日本の海浜は、植物の分布域形成過程の最前線を観察する上で適した場所である。これ

までに太平洋沿岸を中心に分布するハマボウ（アオイ科）やヒロハマツナ（アカザ科）に着目して、分布域形成過程の解明や集団ごとの遺伝的多様性の偏りについて解析を進めている。ハマボウと近縁種の比較から、ハマボウの遺伝的多様性が著しく低いことを明らかにし、最終氷期以降の急速な分布拡大が、現在の遺伝構造に大きく影響している可能性を示唆した。

3. 島嶼生物地理

小笠原諸島、チリ共和国のファンフェルナンデス諸島、スペインのカナリー諸島において、固有種の起源と島間の集団分化に関する研究を行っている。複数の植物種に着目し、分子系統解析による島嶼環境への侵入過程を解明を行い、さらに種子散布様式の変化や種間相互作用などの生態学的なアプローチを行うことで、島嶼生物地理の総合的な理解を目指している。また、小笠原諸島においては、生物地理の全貌把握の一環として植物相の調査も実施しており、2017年には南硫黄島学術調査にも参加した。

E. 種生物学

生物は種ごとに異なる特徴を持っている。それぞれの種が持つ特徴が、どのような進化的過程を経て獲得されてきたのか、また、どのようにして維持されているのかを明らかにすることは、現在の生物多様性の形成過程を理解する上で重要となる。当研究グループでは、様々な陸上植物に着目して、生活史進化（繁殖様式や性表現）や種分化機構の解明を行っている。

1. 性表現に関する研究

植物の性は多様である。花レベルでは雌花・雄花・両性花だが、個体レベルでは雌株、雄株、両性株（両性花のみ、雌花+雄花、雌花+両性花、雄花+両性花など）、集団レベルでは更に複雑になる。また、時期によって性を变化させる植物も少なくない。ユリ科のケイビランは雌雄異株とされてきたが、形態的に異なる2種類の両性花を持つ植物である可能性が出てきた。現在、その生態的意義や種の取扱いについて研究を進めている。

2. 海洋島における種分化機構の解明

海洋島には独自の進化を遂げた固有種が数多く見られることから、海洋島は種分化過程を解明する上で適した実験場である。小笠原諸島の固有樹種モンテンボクを対象に、系統解析、形態比較、種子散布実験を行い、本種が広域分布する海流散布植物のオオハマボウから種分化し、その過程で種子の海流散布能力を喪失したことを明らかにした。また、同諸島に固有の全寄生植物ハマウツボの宿主特異性の進化も研究している。さらに、韓国の鬱陵島やチリ共和国のファンフェルナンデス諸島においても国際共同研究を推進し、種分化様式の違い（適応放散と非適応放散）と遺伝構造との関連についても調べている。

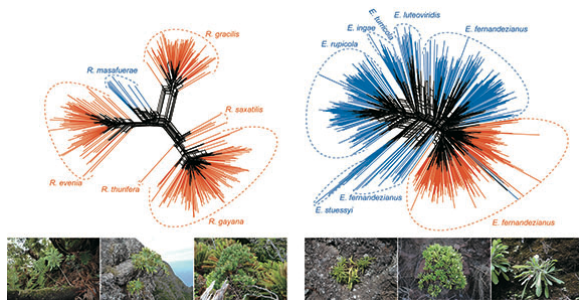


図 5. ファンフェルナンデス諸島で適応放散した固有種群

最近の主な発表論文

1. Takahashi, K. T., Fuse, S., Noda, H., Yano, O., Ikeda, H., Yooprasert, S., Poopath, M., Rajbhandari, K. R., Yang, Y. P. and Tamura, M. N. 2025. Biosystematic studies of *Carex* (Cyperaceae) IV. Phylogenetic analysis and infrageneric classification of the basal lineages of *C.* subg. *Carex*. Acta Phytotax. Geobot. 76: 21–49.
2. 小畑弘己・村上由美子・永益英敏. 2025. 羊頭窪貝塚出土土器の圧痕調査. In: 宮本一夫(編), 遼東半島將軍山積石塚の研究, pp. 77–114. 雄山閣, 東京.
3. Watanabe, S. T., Hayashi, K., Arakawa, K., Fuse, S., Takayama, K., Nagamasu, H. and Tamura, M. N. 2024. Biosystematic studies on *Lilium* (Liliaceae) II. Evolutionary history and taxon recognition in the *L. maculatum* – *L. pensylvanicum* complex in Japan. Taxon 73: 447–474.
4. Masuda, R., Noda, H., Shintaku, K., Lee, N. S., Fuse, S. and Tamura, M. N. 2024. Biosystematic studies on the genus *Polygonatum* (Asparagaceae) VI. *Polygonatum* × *hizenense* and *P.* × *sefuriense*, two new hybrids from Japan. Acta Phytotax. Geobot. 75: 97–111.
5. Lee, C.-K., Fuse, S., Poopath, M., Pooma, R., Tagane, S., Yang, Y. P., Tobe, H. and Tamura, M. N. 2024. Biosystematic Studies on Commelinaceae (Commelinales) II. Phylogeny and floral evolution in *Murdannia*. Acta Phytotax. Geobot. 75: 51–69.
6. Tamura, M. N., Shintaku, K., Yooprasert, S. and Fuse, S. 2024. *Ophiopogon phluangensis* (Asparagaceae), a new species from Thailand. Acta Phytotax. Geobot. 75: 11–14.
7. Tagane, S., Yooprasert, S., Chamchumroon, V., Suphuntee, N., Fuse, S. and Tamura, M. N. 2024. An additional record for Rhamnaceae in Thailand. Thai Forest Bull., Bot. 52: 89–91.
8. Iwata, H., Ito, T., Park, J.-S., Kokubugata, G., Kakezawa, A., Kurosawa, T., Nishimura, A., Noda,

H., and Takayama, K. 2024. Intraspecific divergence in a coastal plant, *Euphorbia jokinii*, at a major biogeographic boundary in East Asia. Amer. J. Bot. 111: e16327.

9. Vélez-Esperilla, F., Takayama, K., Takegami, M., and Yamanaka, M. 2024. 1110. *Hibiscus glaber* Matsum. ex Nakai. Curtis's Bot. Mag. 41: 331–340.
10. Nagamasu, H., M. Yamanaka, N. Yasue. 2024. 1118. *Dendrocacalia crepidifolia* (Nakai) Nakai. Curtis's Bot. Mag. 41: 415–424.
11. Cooper, D. L. M. and the other 352 authors including Nagamasu, H. (220th) 2024. Consistent patterns of common species across tropical tree communities. Nature 625: 728–734.
12. 高橋晃太郎・S. Yooprasert・M. Poopath・布施静香・田村 実. 2024. タイにおける植物調査で採集されたカヤツリグサ科植物 I. タイ北西部地域. 莎草研究 26: 61–70.
13. Takahashi, K. T., Oda, J., Fuse, S., Yano, O., Lu, Y.-F., Jin, X.-F. and Tamura, M. N. 2023. Biosystematic Studies of *Carex* (Cyperaceae) III. Phylogenetic analyses of the *Carex filipes* complex (sect. *Paniceae*) in East Asia, with reference to morphology, karyology and taxonomy. Acta Phytotax. Geobot. 74: 71–103.
14. Fuse, S., Sirimongkol, S., Pooma, R. and Tamura, M. N. 2023. A New Species of *Curculigo* (Hypoxidaceae) from Thailand. Acta Phytotax. Geobot. 74: 29–32.
15. Tagane, S., Souladeth, P. and Tamura, M. N. 2023. *Smilax bolavenensis*, a new species of Smilacaceae from southern Laos. Phytotaxa 585: 55–60.
16. Yamazaki, Y., Kajita, T. and Takayama, K. 2023. Spatiotemporal process of long-distance seed dispersal in a pantropically distributed sea hibiscus group. Molec. Ecol. 7: 1726–1738.
17. Nishimura, A. and Takayama, K. 2023. First record of potential bird pollination in the holoparasitic genus *Orobancha* L. Plant Species Biol. 38: 6–17.
18. 田村 実. 2023. 第 20 回 日本植物分類学会賞受賞記念論文 単子葉植物の系統と分類を知りたくて. 植物地理・分類研究 71: 1–14.
19. 嶋田正和・坂井建雄・園池公毅・田村 実・中野賢太郎・成川 礼・湯本貴和・和田 洋(監修). 2023. 改訂版 フォトサイエンス生物図録. 320 pp. 数研出版, 東京.
20. 高橋晃太郎. 2023. 果胞の微細形態に基づくナスタマツリスゲ(カヤツリグサ科)の分布範囲の調査. 莎草研究 25: 1–14.
21. 高橋晃太郎・矢野興一. 2023. ヒメジュズスゲ(カヤツリグサ科)タイ産地の生育状況とシカによる食害状況の調査. 莎草研究 25: 25–28.
22. 西村明洋・右田裕基・高山浩司. 2023. 小笠原諸島固有寄生植物シマウツボの弟島での発見. 小

- 笠原研究年報 46:25–29.
23. 永益英敏. 2023. 水損植物標本レスキュー. In: 岩崎奈緒子・佐藤崇・中川千種・横山操 (編), 文化財と標本の劣化図鑑, p. 21. 朝倉書店, 東京.
 24. Takahashi, K. T., Noguchi, T., Oda, J., Fuse, S. and Tamura, M. N. 2022. Biosystematic studies of *Carex* (Cyperaceae) II. *Carex nasuensis*, a new species from Japan. Acta Phytotax. Geobot. 73: 107–118.
 25. Ito, G., Fuse, S., Akamatsu, T. and Tamura, M. N. 2022. *Allium schoenoprasum* var. *tangoense* (Amaryllidaceae), a new variety from Kyoto Pref., Japan. Acta Phytotax. Geobot. 73: 141–146.
 26. Nakagawa, H., Nagamasu, H., Nemoto, S., Fuse, S., Ebihara, A. and Shutoh, K. 2022. *Leymus komarovii* (Triticeae, Poaceae) in Japan. Acta Phytotax. Geobot. 73: 151–157.
 27. Kobayashi, Y. H., Fuse, S. and Tamura, M. N. 2022. Biosystematic studies on the family Piperaceae (Piperales) II. Incongruence between plastid and nuclear ITS phylogenetic trees of *Peperomia* subgenus *Micropiper* and revision of the section-equivalent groups based on ITS data. Acta Phytotax. Geobot. 73: 183–193.
 28. Lee, C.-K., Fuse, S., Poopath, M., Pooma, R. and Tamura, M. N. 2022. Phylogeny and infrafamilial classification of Commelinaceae (Commelinales). Bot J. Linn. Soc. 198: 117–130.
 29. Noda, H., Fuse, S., Yamashita, J., Poopath, M., Pooma, R. and Tamura, M. N. 2022. Phylogenetic analysis of *Dioscorea* (Dioscoreaceae) from Japan and adjacent regions based on plastid and nuclear DNA sequences, with special reference to the taxonomic status of selected taxa. Bot J. Linn. Soc. 198: 186–214.
 30. Stuessy, T. F., Crawford, D. J., Greimler, J., Lopez-Sepulveda, P., Ruiz, E. A., Baeza, C. M. and Takayama, K. 2022. Metamorphosis of flora and vegetation during ontogeny of the Juan Fernandez (Robinson Crusoe) Islands. Bot. J. Linn. Soc. 199: 609–645.
 31. Noda, H., Nishimura, A., Kato, H., Naiki, A., Xiao, W., Martinez, M., Marutani, M., McConnell, J. and Takayama, K. 2022. Multiple origins of two *Ochrosia* (Apocynaceae) species endemic to the Bonin (Ogasawara) Islands. Molec. Phylogenet. Evol. 171: 107455
 32. 嶋田正和・坂井建雄・塩川光一郎・鈴木 誠・園池公毅・田村 実・仲田崇志・中野賢太郎・成川礼・湯本貴和・和田 洋・板山 裕・大野智久・岡本元達・久保田一暁・佐野寛子・田中秀二・中井一郎・中垣篤志・中村厚彦・中村哲也・鍋田修身・大森茂樹・早崎博之・矢嶋正博・数研出版株式会社編集部. 2022. 生物. 440 pp. 数研出版, 東京.
 33. Takahashi, K. T., Oda, J., Fuse, S. and Tamura, M. N. 2021. Biosystematic studies of *Carex* (Cyperaceae) I. Molecular phylogenetic analysis of the *C. macroglossa* complex with reference to variation in morphology, chromosomal features and species delimitation. Acta Phytotax. Geobot. 72: 81–92.
 34. Watanabe, S. T., Hayashi, K., Arakawa, K., Fuse, S., Nagamasu, H., Ikeda, H., Kuyama, A., Suksathan, S., Poopath, M., Pooma, R., Yang, Y. P. and Tamura, M. N. 2021. Biosystematic studies on *Lilium* (Liliaceae) I. Phylogenetic analysis based on chloroplast and nuclear DNA sequences and a revised infrageneric classification. Acta Phytotax. Geobot. 72: 179–204.
 35. 野田博士・木下 覺・梅林正芳・布施静香・田村 実. 2021. カイナンカンガレイ(カヤツリグサ科)の雑種性の検証—染色体数と塩基配列の観点から—. 植物地理・分類研究 69: 117–126.
 36. Ohgane, T., H. Akiyama, H. Suzuki-Azuma and H. Nagamasu. 2021. Phylogenetic study of the genus *Pohlia* (Mielichhoferiaceae, Bryophyta) based on chloroplast DNA sequences. Bryophyte Diversity & Evolution 44: 48–60.
 37. Takayama, K., Tateishi, Y. and Kajita, T. 2021. Global phylogeography of a pantropical mangrove genus *Rhizophora*. Sci. Rep. 11: 7228.
 38. 嶋田正和・坂井建雄・園池公毅・田村 実・中野賢太郎・成川 礼・湯本貴和・和田 洋 (監修). 2021. フォトサイエンス生物図録, 新課程. 304 pp. 数研出版, 東京.
 39. Noda, H., Yamashita, J., Fuse, S., Pooma, R., Poopath, M., Tobe, H. and Tamura, M. N. 2020. A large-scale phylogenetic analysis of *Dioscorea* (Dioscoreaceae), with reference to character evolution and subgeneric recognition. Acta Phytotax. Geobot. 71: 103–128.
 40. Noda, H., Fuse, S., Yamashita, J., Pooma, R., Poopath, M., Tobe, H. and Tamura, M. N. 2020. A revised infrageneric classification of Old World species of *Dioscorea* (Dioscoreaceae). Acta Phytotax. Geobot. 71: 187–199.
 41. Murakami, S., Takayama, K., Fuse, S., Hirota, S. K., Koi, S., Ideno, T., Yamamoto, T. and Tamura, M. N. 2020. Recircumscription of sections of the genus *Hemerocallis* (Asphodelaceae) from Japan and its adjacent regions based on MIG-seq data. Acta Phytotax. Geobot. 71: 1–11.
 42. Nishimura A., Fuse, S., Tamura, M. N., Kato, H. and Takayama, K. 2020. DNA barcoding reveals evolutionary changes in host specificity of a parasitic plant, *Orobanche boninsimae* (Orobanchaceae), endemic to the Bonin (Ogasawara) Islands. Pacific Sci. 74: 87–97.

43. Oda, J., Naito, A., Ohmori, H., Ichikawa, M., Yamawaki, K., Suzuki, H. and Nagamasu, H. 2020. A taxonomic study of *Chrysosplenium album* (Saxifragaceae) in the Kii Peninsula, Japan. *J. Jap. Bot.* 95: 193–210.
44. Camara-Leret, R. and the other 98 authors including Nagamasu, H. 2020. New Guinea has the world's richest island flora. *Nature* 584: 579–583.
45. Dodd, A. N., Harper, H., Hiscock, S. J., Koch, M. A., Kudoh, H., Oyama, T., Schumacher, K., Shimada, T. and Tamura, M. N. 2019. Self-organizing researcher networks in plant sciences. *Plants, People, Planet* 1: 44–47.
46. Kobayashi, Y. H., Fuse, S. and Tamura, M. N. 2019. Biosystematic studies on the family Piperaceae (Piperales) I. Plastid DNA phylogeny and chromosome number of *Peperomia* subgenus *Micropiper*. *Acta Phytotax. Geobot.* 70: 1–17.
47. Oda, J., Fuse, S., Yamashita, J. and Tamura, M. N. 2019. Phylogeny and taxonomy of *Carex* (Cyperaceae) in Japan I. C. sect. *Rarae*. *Acta Phytotax. Geobot.* 70: 69–85.
48. Takayama, K., Tsutsumi, C., Kawaguchi, D., Kato, H. and Yukawa, T. 2019. Rediscovery of *Liparis hostifolia* (Orchidaceae) from Minami-iwo-jo Island of the Bonin (Ogasawara) Archipelago, Japan, and its identification using molecular sequences from a herbarium specimen collected more than 100 years ago. *Acta Phytotax. Geobot.* 70: 149–158.
49. 永益英敏・邑田 仁 (編集代表) .2019.国際藻類・菌類・植物命名規約 (深圳規約) 2018, 日本語版.xxxvi+254 pp. 北隆館, 東京. (日本植物分類学会国際命名規約邦訳委員会 訳・編集)
50. Tobe, H., Huang, Y.-L., Kadokawa, T. and Tamura, M. N. 2018. Floral structure and development in Nartheciaceae (Dioscoreales), with special reference to ovary position and septal nectaries. *J. Plant Res.* 131: 411–428.
51. 田村 実. 2018. 生物の多様性を考える—生態学と分類学: 植物の分類. 所収: 京大発! フロンティア生命科学 (編: 京都大学大学院生命科学研究科), pp. 310–318. 講談社, 東京.
52. Lee, C.-K., Fuse, S. and Tamura, M. N. 2017. Biosystematic studies on Commelinaceae (Commelinales) I. Phylogenetic analysis of *Commelina* in eastern and southeastern Asia. *Acta Phytotax. Geobot.* 68: 193–198.
53. Trias-Blasi, A., Suksathan, P. and Tamura, M. N. 2017. Melanthiaceae. In: Santisuk, T. and Balslev, H. (eds.), *Flora of Thailand*, vol. 13 (3), pp. 520–524. The Forest Herbarium, Department of National Parks, Wildlife and Plant Conservation, Bangkok.
54. 永益英敏. 2017. ハイノキ科・クロタキカズラ科. 所収: 改訂新版日本の野生植物 4 (編: 大橋広好・門田裕一・邑田仁・米倉浩司・木原浩), pp. 208–212, 263–264. 平凡社, 東京.
55. Eguchi, S. and Tamura, M. N. 2016. Evolutionary timescale of monocots determined by the fossilized birth-death model using a large number of fossil records. *Evolution* 70: 1136–1144.
56. Fuse, S. and Tamura, M. N. 2016. Biosystematic studies on the genus *Heloniopsis* (Melanthiaceae) I. Phylogeny inferred from plastid DNA sequences and taxonomic implications. *Nord. J. Bot.* 34: 584–595.
57. Tamura, M. N. 2016. Hypoxidaceae; Stemonaceae; Liliaceae: General, Tofieldia, Triantha, Petrosavia, Japonolirion, Narthecium, Metanarthecium, Aletris, Anticlea, Gagea, Lloydia, Tulipa, Erythronium, Clintonia, Streptopus, Disporum, Dianella, Barnardia, Comospermum, Polygonatum, Convallaria, Reineckea, Rohdea and Aspidistra. In: Iwatsuki, K., Boufford, D. E. and Ohba, H. (eds.), *Flora of Japan*, vol.IVb. Angiospermae: Monocotyledoneae (b), pp. 69–85, 88, 102–106, 118, 125–130, 139–140, 149–150, 152–161. Kodansha, Tokyo.
58. Tamura, M. N. and Fujita, N. 2016. Liliaceae: *Hosta*. In: Iwatsuki, K., Boufford, D. E. and Ohba, H. (eds.), *Flora of Japan*, vol.IVb. Angiospermae: Monocotyledoneae (b), pp. 140–147. Kodansha, Tokyo.
59. Yamashita, J. and Tamura, M. N. 2016. Liliaceae: *Asparagus*, *Liriope* and *Ophiopogon*; Dioscoreaceae. In: Iwatsuki, K., Boufford, D. E. and Ohba, H. (eds.), *Flora of Japan*, vol.IVb. Angiospermae: Monocotyledoneae (b), pp. 147–149, 161–166, 171–179. Kodansha, Tokyo.
60. Fuse, S. 2016. Liliaceae: *Heloniopsis*; Amaryllidaceae. In: Iwatsuki, K., Boufford, D. E. and Ohba, H. (eds.), *Flora of Japan*, vol.IVb. Angiospermae: Monocotyledoneae (b), pp. 88–91, 167–170. Kodansha, Tokyo.
61. 田村 実. 2015. チシマゼキシショウ科・キンコウカ科・イヌサフラン科・クサスギカズラ科. 所収: 日本の野生植物 改訂新版 1 (編: 大橋広好・門田裕一・邑田 仁・米倉浩司・木原 浩), pp. 112–114, 141–142, 163–164, 246–260. 平凡社, 東京.
62. 田村 実・高橋 弘. 2015. ユリ科. 所収: 日本の野生植物 改訂新版 1 (編: 大橋広好・門田裕一・邑田 仁・米倉浩司・木原 浩), pp. 168–177. 平凡社, 東京.
63. 田村 実・布施静香. 2015. ツユクサ科. 所収: 日本の野生植物 改訂新版 1 (編: 大橋広好・門田裕一・邑田 仁・米倉浩司・木原 浩), pp. 265–268. 平凡社, 東京.
64. 布施静香. 2015. ヒガンバナ科. 所収: 日本の野生植物 改訂新版 1 (編: 大橋広好・門田裕一・

邑田 仁・米倉浩司・木原 浩), pp. 240–245. 平凡社, 東京.

65. 戸部 博・田村 実 (編著). 2012. 新しい植物分類学 I・II (監修: 日本植物分類学会). 講談社, 東京.

最近の受賞

- 増田 理子・野田 博士・新宅 和憲・布施 静香・田村 実「第 19 回日本植物分類学会論文賞: Biosystematic studies on the genus *Polygonatum* (Asparagaceae) VI. *Polygonatum* $\times$ *hizenense* and *P.* $\times$ *sefuriense*, two new hybrids from Japan. Acta Phytotax. Geobot. 75: 97–111 (2024).」(2025 年 3 月)
- 李 忠建・布施 静香・戸部 博・田村 実「第 19 回日本植物分類学会論文賞: Biosystematic Studies on Commelinaceae (Commelinales) II. Phylogeny and floral evolution in *Murdannia*. Acta Phytotax. Geobot. 75: 51–69 (2024).」(2025 年 3 月)
- 高橋 晃太郎・布施 静香・田村 実「第 18 回日本植物分類学会論文賞: Biosystematic studies of *Carex* (Cyperaceae) III. Phylogenetic analyses of the *Carex filipes* complex (sect. *Paniceae*) in East Asia, with reference to morphology, karyology and taxonomy. Acta Phytotax. Geobot. 74: 71–103 (2023).」(2024 年 3 月)
- 増田 理子・布施 静香・野田 博士・田村 実「Best Poster Award, East Asian Plant Diversity and Conservation 2023: Plastome phylogeny and karyotype evolution of *Polygonatum* (Asparagaceae).」(2023 年 10 月)
- 高橋 晃太郎・布施 静香・田村 実「第 17 回日本植物分類学会論文賞: Biosystematic studies of *Carex* (Cyperaceae) II. *Carex nasuensis*, a new species from Japan. Acta Phytotax. Geobot. 73: 107–118 (2022).」(2023 年 3 月)
- 渡邊 誠太・布施 静香・永益 英敏・田村 実「第 16 回日本植物分類学会論文賞: Biosystematic studies on *Lilium* (Liliaceae) I. Phylogenetic analysis based on chloroplast and nuclear DNA sequences and a revised infrageneric classification. Acta Phytotax. Geobot. 72: 179–204 (2021).」(2022 年 3 月)
- 田村 実「第 20 回日本植物分類学会賞: 単子葉植物の系統分類学」(2021 年 3 月)
- 野田 博士・布施 静香・田村 実「第 15 回日本植物分類学会論文賞: A large-scale phylogenetic analysis of *Dioscorea* (Dioscoreaceae), with reference to character evolution and subgeneric recognition. Acta Phytotax. Geobot. 71: 103–128 (2020).」(2021 年 3 月)
- 西村 明洋「2019 年度笹川科学研究奨励賞: 海洋島の根寄生植物シマウツボにおける生態と

宿主特異性進化の実態」(2020 年 4 月)

- 高山 浩司「第 14 回日本植物分類学会論文賞: Rediscovery of *Liparis hostifolia* (Orchidaceae) from Minami-iwo-io Island of the Bonin (Ogasawara) Archipelago, Japan, and its identification using molecular sequences from a herbarium specimen collected more than 100 years ago. Acta Phytotax. Geobot. 70: 149–158 (2019).」(2020 年 3 月)
- 小林 千浩・布施 静香・田村 実「第 14 回日本植物分類学会論文賞: Biosystematic studies on the family Piperaceae (Piperales) I. Plastid DNA phylogeny and chromosome number of *Peperomia* subgenus *Micropiper*. Acta Phytotax. Geobot. 70: 1–17 (2019).」(2020 年 3 月)

2024 年度学位論文

博士論文

- 高橋 晃太郎「Taxonomic reexamination of *Carex* subg. *Carex* (Cyperaceae) from East and Southeast Asia (東アジア・東南アジア産スゲ属スゲ亜属 (カヤツリグサ科) の分類学的再検討)」

修士論文

- 増田 理子「アマドコロ属 (クサスギカズラ科) の系統解析と核型進化」

メンバー (2025 年 4 月 1 日現在)

- 田村 実 (教授)
- 布施 静香 (教授)
- 野田 博士 (特定助教)
- 永益 英敏 (教授) (総合博物館)
- 門川 朋樹 (教務補佐員)
- 小林 千浩 (教務補佐員)
- 高橋 晃太郎 (教務補佐員)
- 有井 宏子 (事務補佐員)
- 新宅 和憲 (博士後期課程 3 年)
- Fernando Vélez-Esperilla (博士後期課程 3 年)
- 増田 理子 (博士後期課程 1 年) (学振 DC1)
- 小林 智 (修士課程 2 年)
- 塚本 佳生 (修士課程 2 年)
- 虎太 華穂 (修士課程 2 年)
- 平井 鈴音菜 (修士課程 2 年)
- 家田 英明 (修士課程 1 年)
- 安川 慧士 (修士課程 1 年)
- 菊岡 慶太郎 (学部 4 年生)
- 山本 直 (学部 4 年生)

植物分子生理学分科

研究内容の概略

本研究室では、植物が示す驚異的な環境適応能力の分子基盤として、環境刺激に応答したゲノム規模の遺伝子発現制御、およびその結果もたらされるプロテオームの多様化やオルガネラの機能分化、また細胞・組織・器官間で行われる長距離シグナル伝達などの過程に着目し、それらの現象を遺伝子、タンパク質および細胞レベルで研究しています。その際、ゲノム科学、分子遺伝学、分子生物学、生化学、細胞生物学、植物生理学などの手法を複合的に駆使し、多面的なアプローチによって研究を展開しています。

1. 転写開始点選択の仕組みと遺伝子機能の多面性

生物の複雑さはプロテオームの多様さに依存しますが、ある1つの生物種が持つ遺伝子の数には限りがあります。そこで、より高度な生命活動を営むためには、機能の異なる複数のタンパク質を1つの遺伝子から生み出す仕組みが必要となります。

転写開始点選択とは、1つの遺伝子内に存在する複数の転写開始点から、長さの異なる mRNA 分子が転写される現象のことであり、選択的スプライシングと並んで、プロテオームの拡大に貢献しうる機構として知られています。しかしながらこれまで、プロテオームに対するインパクトは小さいと考えられていたため、その重要性は軽んじられてきました。

私たちは最近、植物の主要な光受容体であるフィトクロムが、シロイヌナズナにおいて 2,000 を超える遺伝子に直接働きかけそれらの転写開始点を変化させること、これに伴い約 400 のタンパク質の細胞内局在が光によって変化すること、そしてそれらタンパク質の細胞内局在変化が植物の様々な光環境への適応に寄与することを発見しました (Ushijima et al., Cell 2017) (図 1)。

これらの発見は、転写開始点選択という現象が、転写・スプライシング・翻訳と並び、真核生物のセントラルドグマにおける新たな普遍的過程として、プロテオームの機能的な多様化に少なからず寄与することを強く示すものであります。そして同規模の転写開始点変化は、フィトクロムシグナルに限らず、ありとあらゆるシグナルにより、真核生物において共通の分子機構で引き起こされるものである可能性が高いと考えられます。

そこで私たちは、モデル植物であるシロイヌナズナを用いて、フィトクロムによる転写開始点制御をモデルケースとしてその分子機構を解明することで、真核生物に普遍的な新規遺伝子発現制御機構を明らかにし、セントラルドグマに新たな一過程を付け加えるこ

とを目指します。その結果として近い将来、生物の教科書の書きかえが行われるものと期待されます。

また、様々な環境刺激に応じて転写開始点が変わることによって、同じ1つの遺伝子から、これまで知られていなかった機能とは全く異なる機能を持ったタンパク質が生じるケースが、次々と明らかになってきました。そこで今後私たちは、さらに多くの遺伝子について、転写開始点の切り替えによって発揮される遺伝子機能の多面性を明らかにし、多くの遺伝子が持つ「裏の顔」を暴くことで、プロテオームの未開領域の開拓を進めます。

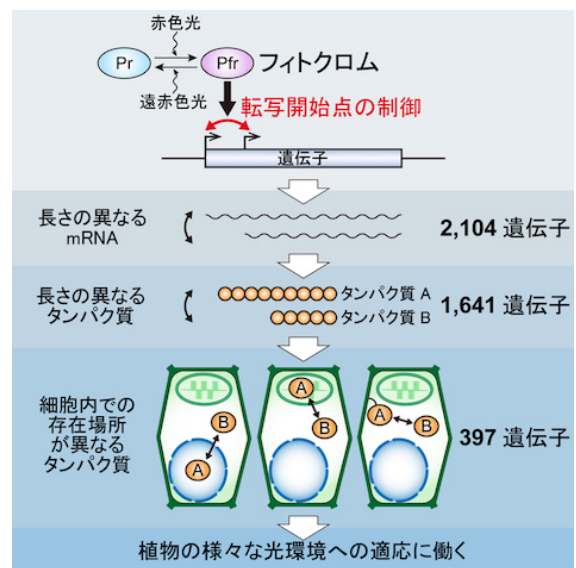


図 1. フィトクロムによる転写開始点制御

2. 植物の芽生えにおける環境応答の解析

種子植物の芽生えは、発芽後に種子に蓄えられた栄養を使って成長し、光合成能力を獲得します。この過程は「実生の確立 (seedling establishment)」と呼ばれ、従属栄養成長から独立栄養成長への成長相の転換です。この成長ステージの移行には、貯蔵物質や植物ホルモンなどの内的要因と、光や水分、ミネラルなどの外的要因 (環境要因) が関わっています (図 2)。

これまでの先行研究で、モデル植物シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) の一部の変異体は、ショ糖を含まない固形培地で発芽させると、ある割合で実生の確立に失敗し、子葉 (芽生えの初期の葉) を広げたステージで成長が止まってしまう芽生えが生じることが分かっていました (図 3)。この芽生えの成長停止の原因は、脂質などの栄養不足や代謝の異

常が考えられていましたが、詳しいことは分かっていませんでした。

最近の私たちの研究から、ショ糖を含まない固形培地での芽生えの成長停止は、固形培地のゲル濃度を高くしたり、培地の表面にプラスチックシートを敷くことで和らげられ、植物の地上部と培地との接触が引き金になっていることが明らかになってきました。さらに、この成長停止は、シロイヌナズナの一部の変異体だけでなく、野生型でも起こる可能性のある普遍的な環境応答であることが分かりました。

大地に根を張る動かない植物は、周囲の環境に適応する能力をもっています。この研究は、植物がどのように環境に適応しているのかについて新しい理解をもたらし、今後の研究で植物が環境に適応するメカニズムをさらに解き明かす手がかりになると期待されます。

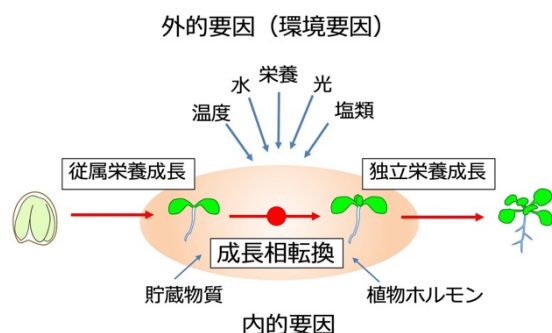


図 2. 芽生えにおける成長相の移行過程

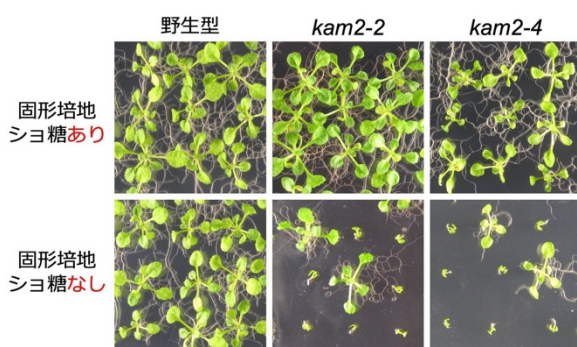


図 3. ショ糖欠乏培地で成長停止する *kam2* 変異体

最近の主な発表論文

1. Takagi J, Takahashi H, Moriya KC, Nagano M, Fukao Y, Ueda H, Tamura K, Shimada T, Hara-Nishimura I. (2025) Plant-specific tail-anchored coiled-coil protein MAG3 stabilizes Golgi-

associated ERESs to facilitate protein exit from the ER. *Commun Biol.* **8**(1), 358, doi: 10.1038/s42003-025-07602-1.

2. 守屋 健太, 嶋田 知生. (2024) 陸上植物の組織形成を制御する bHLH 型転写因子の機能進化. *Plant Morphol.* **36**(1), 69-76.
3. Chen Y, Nishimura K, Tokizawa M, Yamamoto YY, Oka Y, Matsushita T, Hanada K, Shirai K, Mano S, Shimizu T, and Masuda T. (2024) Cytosolic heme catabolism by alternative localization of heme oxygenase 1 in plant cells. *Plant Physiol.* **195** 2937-2951, doi: 10.1093/plphys/kiae288.
4. Seki M, Kuze Y, Zhang X, Kurotani KI, Notaguchi M, Nishio H, Kudoh H, Suzaki T, Yoshida S, Sugano S, Matsushita T, Suzuki Y. (2024) An improved method for the highly specific detection of transcription start sites. *Nucleic Acids Res.* **52**(2):e7, doi: 10.1093/nar/gkad1116.
5. Hosokawa C, Yagi H, Segami S, Nagano AJ, Koumoto Y, Tamura K, Oka Y, Matsushita T, Shimada T. (2024) The Arabidopsis katamari2 Mutant Exhibits a Hypersensitive Seedling Arrest Response at the Phase Transition from Heterotrophic to Autotrophic Growth. *Plant Cell Physiol.* **65**(3) 350-361, doi: 10.1093/pcp/pcad156.
6. Shimada T, Moriya KC. (2024) Co-option of stomatal bHLH genes drives development of the seta in Marchantia. *Nature Plants.* **9**, 207-208.
7. Kobayashi H, Murakami K, Sugano SS, Tamura K, Oka Y, Matsushita T, Shimada T. (2023) Comprehensive analysis of peptide-coding genes and initial characterization of an LRR-only microprotein in Marchantia polymorpha. *Front Plant Sci.* **13**, 1051017.
8. Moriya KC, Shirakawa M, Loue-Manifel J, Matsuda Y, Lu YT, Tamura K, Oka Y, Matsushita T, Hara-Nishimura I, Ingram G, Nishihama R, Goodrich J, Kohchi T, Shimada T. (2023) Stomatal regulators are co-opted for seta development in the astomatous liverwort Marchantia polymorpha. *Nature Plants.* **9**, 302-314.
9. Kozuka T, Oka Y, Kohzuma K, Kusaba M. (2023) Cryptochromes suppress leaf senescence in response to blue light in Arabidopsis. *Plant Physiol.* **191**, 2506-2518.
10. Takeda T, Shirai K, Kim YW, Higuchi-Takeuchi M, Shimizu M, Kondo T, Ushijima T, Matsushita T, Shinozaki K, Hanada K. (2023) A de novo gene originating from the mitochondria controls floral transition in Arabidopsis thaliana. *Plant Mol Biol.* **111**, 189-203.
11. Hu S, Li B, Wu F, Zhu D, Zouhar J, Gao C, Shimada T, Rojo E, Hara-Nishimura I, Jiang L, Shen J. (2022) SPlant ESCRT protein ALIX coordinates with retromer complex in regulating receptor-mediated sorting of soluble vacuolar proteins. *Proc. Natl Acad Sci USA* **119**, e2200492119.
12. Yagi H, Tamura K, Matsushita T, Shimada T. (2021) Spatiotemporal relationship between auxin

- dynamics and hydathode development in Arabidopsis leaf teeth. *Plant Signal. Behav.* **16**, 1989216.
13. Yagi H, Nagano AJ, Kim J, Tamura K, Mochizuki N, Nagatani A, Matsushita T, Shimada T. (2021) Fluorescent protein-based imaging and tissue-specific RNA-seq analysis of Arabidopsis hydathodes. *J Exp. Bot.* **72**, 1260-1270.
 14. Sakoda K, Yamori W, Shimada T, Sugano SS, Hara-Nishimura I, Tanaka Y. (2021) Higher Stomatal Density Improves Photosynthetic Induction and Biomass Production in Arabidopsis Under Fluctuating Light. *Front Plant Sci.* **11**, 589603.
 15. Nomoto M, Skelly MJ, Itaya T, Mori T, Suzuki T, Matsushita T, Tokizawa M, Kuwata K, Mori H, Yamamoto YY, Higashiyama T, Tsukagoshi H, Spoel SH, and Tada Y. (2021) Suppression of MYC transcription activators by the immune cofactor NPR1 fine-tunes plant immune responses. *Cell Rep.* **37**, 110125.
 16. Izuishi Y, Isaka N, Li H, Nakanishi K, Kageyama J, Ishikawa K, Shimada T, Masuta C, Yoshikawa N, Kusano H, Yazaki K. (2020) Apple latent spherical virus (ALSV)-induced gene silencing in a medicinal plant, *Lithospermum erythrorhizon*. *Scientific Rep.* **10**, 13555.
 17. Takagi T, Kimori Y, Shimada T, Hara-Nishimura I. (2020) Fluorescent protein-based imaging and tissue-specific RNA-seq analysis of Arabidopsis hydathodes. *iScience* **23**, 101265.
 18. Ichino T, Maeda K, Hara-Nishimura I, Shimada T. (2020) Arabidopsis ECHIDNA protein is involved in seed coloration, protein trafficking to vacuoles, and vacuolar biogenesis. *J Exp. Bot.* **71**, 3999-4009.
 19. Ishishita K, Higa T, Tanaka H, Inoue SI, Chung A, Ushijima T, Matsushita T, Kinoshita T, Nakai M, Wada M, Suetsugu N, and Gotoh E. (2020) Phototropin 2 contributes to the chloroplast avoidance response at the chloroplast-plasma membrane interface. *Plant Physiol.* **183**, 304-316.
 20. Matsushita T. (2019) Regulation of alternative splicing by phytochromes. *Methods Mol. Biol.* **111**, 189-203.
 21. Ishikawa K, Tamura K, Fukao Y, Shimada T. (2019) Structural and functional relationships between plasmodesmata and plant endoplasmic reticulum-plasma membrane contact sites consisting of three synaptotagmins. *New Phytologist.* **226**, 798-808.
 22. Sakaguchi J, Matsushita T, and Watanabe Y. (2019) DWARF4 accumulation in root tips is enhanced via blue light perception by cryptochromes. *Plant Cell Environ.* **42**, 1615-1629.
 23. Nakazaki A, Yamada K, Kunieda T, Tamura K, Hara-Nishimura I, Shimada T. (2019) Biogenesis of leaf endoplasmic reticulum body is regulated by both jasmonate-dependent and independent pathways. *Plant Signal. Behav.* **14**, 1622982.
 24. Shimada TL, Shimada T, Okazaki Y, Higashi Y, Saito K, Kuwata K, Oyama K, Kato M, Ueda H, Nakano A, Ueda T, Takano Y, Hara-Nishimura I. (2019) HIGH STEROL ESTER 1 is a key factor in plant sterol homeostasis. *Nature Plants* **5**, 1154-1166.
 25. Maeda K, Kunieda T, Tamura K, Hatano K, Hara-Nishimura I, Shimada T. (2019) Identification of periplasmic root-cap mucilage in developing columella cells of Arabidopsis thaliana. *Plant Cell Physiol.* **60**, 1296-1303.
 26. Yoshinari A, Hosokawa T, Amano T, Beier MP, Kunieda T, Shimada T, Hara-Nishimura I, Naito S, Takano J. (2019) Polar Localization of the Borate Exporter BOR1 Requires AP2-Dependent Endocytosis. *Plant Physiol.* **179**, 1569-1580.
 27. Nakazaki A, Yamada K, Kunieda T, Sugiyama R, Hirai MY, Tamura K, Hara-Nishimura I, Shimada T. (2019) Leaf endoplasmic reticulum bodies identified in Arabidopsis rosette leaves are involved in defense against herbivory. *Plant Physiol.* **179**, 1515-1524.
 28. Ishikawa K, Tamura K, Shimada T. (2018) Subcellular localisation of an endoplasmic reticulum-plasma membrane tethering factor, SYNAPTOTAGMIN 1, is affected by fluorescent protein fusion. *Plant Signal. Behav.* **13**, e1547577.
 29. Sugano SS, Nishihama R, Shirakawa M, Takagi J, Matsuda Y, Ishida S, Shimada T, Hara-Nishimura I, Osakabe K, Kohchi T. (2018) Efficient CRISPR/Cas9-based genome editing and its application to conditional genetic analysis in Marchantia polymorpha. *PLoS One* **13**, e0205117.
 30. Ishikawa K, Tamura K, Ueda H, Ito Y, Nakano A, Hara-Nishimura I, Shimada T. (2018) Synaptotagmin-Associated Endoplasmic Reticulum-Plasma Membrane Contact Sites Are Localized to Immobile ER Tubules. *Plant Physiol.* **178**, 641-653.
 31. Shimada T, Kunieda T, Sumi S, Koumoto Y, Tamura K, Hatano K, Ueda H, Hara-Nishimura I. (2018) The AP-1 Complex is Required for Proper Mucilage Formation in Arabidopsis Seeds. *Plant Cell Physiol.* **59**, 2331-2338.
 32. Shimada T, Fuji K, Ichino T, Teh OK, Koumoto Y, Hara-Nishimura I. (2018) GREEN FLUORESCENT SEED, to Evaluate Vacuolar Trafficking in Arabidopsis Seeds. *Methods Mol Biol.*, **1789**, 1-7.
 33. Shimada T, Takagi J, Ichino T, Shirakawa M, Hara-Nishimura I. (2018) Plant Vacuoles. *Annu Rev Plant Biol.* **69**, 123-145.
 34. Ushijima T, Hanada K, Gotoh E, Yamori W, Kodama Y, Tanaka H, Kusano M, Fukushima A, Tokizawa M, Yamamoto YY, Tada Y, Suzuki Y, Matsushita T. (2017) Light controls protein localization through phytochrome-mediated alternative promoter selection. *Cell* **171**, 1316-1325.
 35. Sakai Y, Sugano SS, Kawase T, Shirakawa M, Imai Y, Kawamoto Y, Sugiyama H, Nakagawa T, Hara-Nishimura I, Shimada T. (2017) The chemical

- compound bubblin induces stomatal mispatterning in Arabidopsis by disrupting the intrinsic polarity of stomatal lineage cells. *Development* **144**, 499-506.
36. Wang Q, Zuo Z, Wang X, Gu L, Yoshizumi T, Yang Z, Yang L, Liu Q, Liu W, Han Y, Kim J, Liu B, Wohlschlegel JA, Matsui M, Oka Y, Lin C. (2016) Photoactivation and inactivation of Arabidopsis cryptochrome 2. *Science* **354**, 343-347.
 37. Shikata H, Hanada K, Ushijima T, Nakashima M, Suzuki Y, Matsushita T. (2014) Phytochrome controls alternative splicing to mediate light responses in Arabidopsis. *Proc Natl Acad Sci USA*. **111**, 18781-18786.
 38. Sugano SS, Shimada T, Imai Y, Okawa K, Tamai A, Mori M, Hara-Nishimura I. (2010) Stomagen positively regulates stomatal density in Arabidopsis. *Nature* **463**, 241-244.

最近の受賞

1. 守屋 健太、嶋田 知生「令和 5 年度日本植物形態学会平瀬賞（論文賞）：Moriya KC, Shirakawa M, Loue-Manifel J, Matsuda Y, Lu YT, Tamura K, Oka Y, Matsushita T, Hara-Nishimura I, Ingram G, Nishihama R, Goodrich J, Kohchi T, Shimada T. (2023) Stomatal regulators are co-opted for seta development in the astomatous liverwort *Marchantia polymorpha*. *Nature Plants*. **9**, 302-314.」
（2023 年 9 月）

2024 年度学位論文

修士論文

- 島 考元「シロイヌナズナにおける順遺伝学を起点とした ECT11 の分子機能解析」

メンバー (2025 年 4 月 1 日現在)

- 松下 智直（教授）
- 嶋田 知生（講師）
- 岡 義人（助教）
- 神山 佳明（日本学術振興会特別研究員 PD）
- 井上 亜美（技術補佐員）
- 三嶋 文（技術補佐員）
- 河本 恭子（教務補佐員）
- 三星 亮太郎（博士後期課程 3 年）
- 村上 吉朗（博士後期課程 2 年）
- 古賀 大翔（修士課程 2 年）
- 岩島 亜季（修士課程 2 年）
- 元谷 涼太郎（学部 4 回生）

植物分子遺伝学分科

研究内容の概略

1. 光合成電子伝達の調節に関する研究

(1) 葉緑体プロトン駆動力制御の研究

光化学系 I サイクリック電子伝達は半世紀以上前に発見されたが、その生理機能は不明であった。シロイヌナズナの変異株の解析から、高等植物では、PGR5 タンパク質に依存する経路と NDH 複合体に依存する経路が存在し、特に PGR5 依存経路は、光合成と葉緑体を過剰な光から守る反応に重要な役割を果たすことが明らかになった(図 1)。サイクリック電子伝達は、葉緑体チラコイド膜を介したプロトン駆動力の大きさを調節するが、さらにプロトン駆動力の成分(プロトン濃度勾配と膜電位)を調節する装置や電子伝達のブレーキについて研究を行っている。

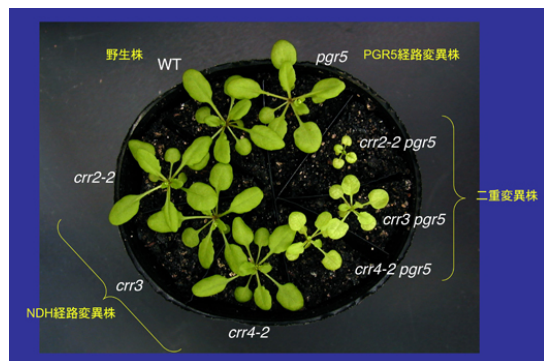


図 1 光化学系 I サイクリック電子伝達を完全に欠く二重突然変異株は正常に生育できない

野生型(WT)と PGR5 経路変異株(*pgr5*)、NDH 経路変異株(*crr2-2*, *crr3*, *crr4-2*)、PGR5 経路と NDH 経路両方を欠く二重突然変異体(*crr2-2 pgr5*, *crr3 pgr5*, *crr4-2 pgr5*)。

(2) NDH 複合体の構造、機能、進化、アセンブリの解析

NDH 複合体はシアノバクテリアに由来し、葉緑体で光化学系 I サイクリック電子伝達を触媒する。私たちは、NDH 複合体のサブユニット遺伝子の発現調節および複合体アセンブリに関する研究を行っている。また陸上植物の進化の過程で、構造と機能の変化の相関を研究している。

2. 葉緑体遺伝子発現調節機構の解明

葉緑体は独自のゲノムを持つオルガネラであるが、その遺伝子発現調節は、核コード遺伝子が行なっている。私たちはクロロフィル蛍光イメージングの手法で、葉緑体遺伝子発現調節が異常な変異株を多数単離、解析してきた。遺伝子発現調節の主役を担うのが配列特

異的な RNA 結合活性を持つ PPR タンパク質である。私たちは PPR タンパク質による RNA 編集、RNA 安定化、翻訳制御の分子機構、生理機能の解明を目指して研究を行っている。

トウモロコシなどの C₄ 植物は、細胞によって異なる葉緑体を作ることで、効率の良い光合成を実現している。そのためには、葉緑体遺伝子の組織特異的発現の必要がある。私たちは、その分子機構の解明を目指している。

3. 植物ミトコンドリアや葉緑体のユニークな転写後調節—RNA 編集機構

陸上植物のミトコンドリアと葉緑体には RNA の特定のシチジン(C)をウリジン(U)へと変換するユニークな RNA 編集が存在する。この機構は植物に必須であり、オルガネラゲノムコードの遺伝子機能は、この編集を経てはじめて正常に発現する。植物オルガネラの RNA 編集因子である PPR タンパク質の基本構造は N 末端側に配列特異的に RNA に結合する PPR ドメインをもち、C 末端に C を U に変換する DYW デアミナーゼドメインをもつ。私たちは DYW ドメインの立体構造解析に世界ではじめて成功した。DYW ドメインは他のシチジンデアミナーゼ酵素には存在しないゲーティング(門)ドメインをもち、これがスイッチのように動くことでその活性が制御されることが分かってきた。現在、私たちは、PPR ドメインの塩基配列特異性や DYW デアミナーゼ活性を制御する分子機構に加えて、PPR タンパク質を含む多数のタンパク質が形成する RNA 編集複合体の分子機構をより包括的に明らかにしたいと考えている。また最近オルガネラゲノムの任意の位置に変異を導入できる新たな技術を用い、ミトコンドリアや葉緑体の遺伝子発現調節機構のより多角的な理解を目指している。

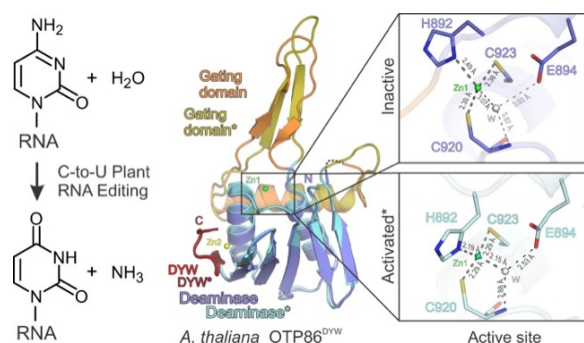


図 2 RNA 編集酵素 DYW ドメインの立体構造

DYW ドメインの内部にあるゲーティングドメインがスイッチのように動くことで、亜鉛を含む活性中心の構造が変化し、酵素が活性化される(Nature Catal. 2021 より)。

4. 植物幹細胞の分化、増殖を制御する仕組みにせまる

植物の幹細胞とはどういうものなのか？未分化な状態とは何であるのか？幹細胞らしさの獲得や維持、あるいは喪失はどのように制御されているのか？これらは、植物の発生を理解する上で重要な問題であるが、分子レベルでの解明にはほとんど至っていない。植物幹細胞の分化、増殖の制御に関わる遺伝子を単離同定し、解析している。

CUV 遺伝子は、パン酵母からヒト、植物に広く保存されているスプライシング因子 *Prp16* オーソログをコードする。*CUV* が、オーキシン生合成や極性輸送、受容、応答に関わる遺伝子の発現を遺伝子特異的、組織特異的に促すこと、オーキシンを介した根端分裂組織の維持などに関わることを明らかにしている。また、葉脈形成の鍵のひとつがオーキシンの局所的な生合成にあること、オーキシンの生合成場所（オーキシン生合成の鍵酵素の発現場所）はオーキシンの極性輸送によって決められているのではないことを明らかにしている。

NOV 遺伝子は、2729 アミノ酸からなる新規核タンパク質をコードし、オーキシンを介した細胞分化・器官形成、幹細胞の維持などに関わる。一方、植物幹細胞らしさの抑制に関わる新規遺伝子として、*VAH* を同定している。*VAH* は、複数の *WOX* 遺伝子の発現を負に制御し、幹細胞領域の制限に関わる。これまでに、*NOV* も *VAH* もエピジェネティック遺伝子発現制御に関わることを明らかにしている。*NOV* と *VAH* は幹細胞について真逆と言える役割を持つことから、エピジェネティック遺伝子発現制御についても異なる役割を持つと考え研究を進めている。*NOV* と *VAH* を比較しつつ解析することにより、幹細胞らしさの分化制御だけでなく、エピジェネティック遺伝子発現制御の理解も深まると期待している。

最近の主な発表論文

1. Frink, B., Burger, M., Yarkoni, M., Shevtsov-Tal, S., Zer, H., Yamaoka, S., Ostersetzer-Biran, O., & Takenaka, M. (2024). *PCISI*, encoded by a pentatricopeptide protein co-expressed gene, is required for splicing of three mitochondrial *nad* transcripts in angiosperms. *Plant Cell Physiol.*, **65**, 1474-1485.
2. Kobayashi, R., Yamamoto, H., Ishibashi, K., Shikanai, T. (2024) Critical role of cyclic electron transport around photosystem I in the maintenance of photosystem I activity. *Plant J.* **118**, 2141-2153.
3. Shikanai, T. (2024) Molecular genetic dissection of the regulatory network of proton motive force in chloroplasts. *Plant Cell Physiol.* **65**, 537-550.
4. Bayer-Császár, E., Jörg, A., Härtel, B., Brennicke, A., Takenaka, M. (2024) The Gating Domain of MEF28 is Essential for Editing Two Contiguous

Cytidines in *nad2* mRNA in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physiol.* **65**, 590-601.

5. Ogawa, Y., Iwano, M., Shikanai, T., Sakamoto, W. (2023) FZL, a dynamin-like protein localized to curved grana edges, is required for efficient photosynthetic electron transfer in *Arabidopsis*. *Frontiers Plant Science* **14**, 1279699.
6. Yamamoto, H., Cheuk, A., Shearman, J., Nixon, P.J., Meier, T., Shikanai, T. (2023) Impact of engineering the ATP synthase rotor ring on photosynthesis in tobacco chloroplasts. *Plant Physiol.*, **192**, 1221-1233.
7. Zhou, Q., Yamamoto, H., Shikanai, T. (2023) Distinct contribution of two cyclic electron transport pathways to P700 oxidation. *Plant Physiol.* **192**, 326-341.
8. Toma-Fukai, S., Sawada, Y., Maeda, A., Shimizu, H., Shikanai, T., Takenaka M., Shimizu, T. (2023) Structural insight into the activation of an *Arabidopsis* organellar C-to-U RNA editing enzyme by active site complementation. *Plant Cell* **35**, 1888-1900
9. Maeda A., Takenaka S., Wang T., Frink B., Shikanai T., Takenaka M. (2022) DYW deaminase domain has a distinct preference for neighboring nucleotides of the target RNA editing sites. *Plant J.* **111**, 756-767.
10. Basso, L., Sakoda, K., Kobayashi, R., Yamori, W., Shikanai T. (2022) Flavodiiron proteins enhance the rate of CO₂ assimilation in *Arabidopsis* under fluctuating light intensity. *Plant Physiol.* **189**, 375-387.
11. Zhou, Q., Wang, C., Yamamoto, H., Shikanai T. (2022) PTOX-dependent safety valve does not oxidize P700 during photosynthetic induction in the *Arabidopsis pgr5* mutant. *Plant Physiol.* **188**, 1264-1276.
12. Kato, Y., Odahara, M., Shikanai T. (2021) Evolution of an assembly factor-based subunit contributed to a novel NDH-PSI supercomplex formation in chloroplasts. *Nat. Commun.* **12**, 3685.
13. Takenaka, M., Takenaka, S., Barthel, T., Frink, B., Haag, S., Verbitskiy, D., Oldenkott, B., Schallenberg-Rüdinger, M., Feiler, C.G., Weiss, M.S., Palm, G.J., Weber, G. (2021) DYW domain structures imply an unusual regulation principle in plant organellar RNA editing catalysis. *Nature Catal.* **4**, 510-522.
14. Higashi, H., Kato, Y., Fujita, Y., Iwasaki, S., Nakamura, M., Nishimura, Y., Takenaka, M., Shikanai, T. (2021) The pentatricopeptide repeat protein PGR3 regulates the translation of *petL* and *ndhG* by binding their 5'UTRs. *Plant Cell Physiol.* **62**, 1146-1155.
15. Yamamoto, H., Sato N., Shikanai, T. (2021) Critical role of NdhA in the incorporation of the peripheral arm into the membrane-embedded part of the chloroplast NADH dehydrogenase-like complex. *Plant Cell Physiol.* **62**, 1131-1145.

16. Kneuper, I., Teale, W., Dawson, J., Tsugeki, R., Katifori, E., Palme, K., Ditengou, F. A. (2021) Auxin biosynthesis and cellular efflux act together to regulate leaf vein patterning. *J. Exp. Bot.*, **72**, 1151-1165.
17. Basso, L., Yamori, W., Szabo, I., Shikanai, T. (2020) Collaboration between NDH and KEA3 allows maximally efficient photosynthesis after a long dark adaptation. *Plant Physiol* **184**, 2078-2090.
18. Okegawa, Y., Basso, L., Shikanai T., Motohashi, K. (2020) Cyclic electron transport around photosystem I contributes to photosynthetic induction with Thioredoxin *f. Plant Physiol.* **184**, 1291-1302.
19. Yamamoto, H., Shikanai, T. (2020) Does the *Arabidopsis proton gradient regulation 5* mutant leak protons from the thylakoid membrane? *Plant Physiol.* **184**, 421-427.
20. Small, I., Schallenberg-Rüdinger, M., Takenaka, M., Mireau, H., Ostersetzer-Biran, O. (2020) Plant organellar RNA editing: what 30 years of research has revealed. *Plant J.*, **101**, 1040-1056.
21. Tsugeki, R., Terada, S. (2015) The *Arabidopsis* ortholog of the DEAH-box ATPase Prp16 influences auxin-mediated development. *Plant Signaling Behavior*, **10**, e1074369.
22. Tsugeki, R., Tanaka-Sato, N., Maruyama, N., Terada, S., Kojima, M., Sakakibara, H., Okada, K. (2015) CLUMSY VEIN, the *Arabidopsis* DEAH-box Prp16 ortholog, is required for auxin-mediated development. *Plant J.*, **81**, 183-197.

2024 年度学位論文

博士論文

- Brody Frink 「*Arabidopsis thaliana* における PPR タンパク質関連オルガネラ RNA プロセッシング」

メンバー (2025 年 4 月 1 日現在)

- 鹿内 利治 (教授)
- 竹中 瑞樹 (准教授)
- 槻木 竜二 (助教)
- 東 遥香 (特定助教)
- Deborah Schatz-Daas (博士研究員)
- 間宮 章仁 (博士研究員)
- 王 騰華 (博士後期課程 3 年)
- 小林 亮平 (博士後期課程 3 年)
- 金澤 晴樹 (博士後期課程 2 年)
- Xie Jingchan (博士後期課程 1 年)
- Ji Jingxiu (修士課程 2 年)
- 與那嶺 宝冬 (修士課程 2 年)
- 松本 健弘 (修士課程 1 年)
- 竹中 佐知 (技術補佐員)
- 久留 知里 (事務補佐員)

2025年4月

京都大学大学院理学研究科 生物科学専攻 植物学系

606-8502 京都市左京区北白川追分町

(075) 743-4090, <http://www.biol.sci.kyoto-u.ac.jp/botany/>

表紙の図：Flora Japonica (von Siebold and Zuccarini, 1835–1870; 植物学教室所蔵) より

(記載名) *Prunus mume* Sieb. et Zucc.

(現在の学名) *Prunus mume* Sieb. et Zucc.

(和名) ウメ