

## 広島の新帰化植物 5. ヒメムラサキハナナ

坪田博美<sup>1,2</sup>・中原・坪田美保<sup>3</sup>・井上侑哉<sup>1,2</sup>・内田慎治<sup>2,4</sup>・向井誠二<sup>2,4</sup>

TSUBOTA, H., NAKAHARA-TSUBOTA, M., INOUE, Y., UCHIDA, S. & MUKAI, S. 2014. Notes on naturalized plants in Hiroshima Prefecture: 5. New locality and phylogeny of *Ionopsidium acaule* (Desf.) DC. ex Rchb. (Brassicaceae). Hikobia 16: 491–497.

A naturalized plant, *Ionopsidium acaule* (Desf.) DC. ex Rchb. (Brassicaceae), was collected from Hiroshima Prefecture, Honshu, southwestern Japan. The species was found growing by the road-side at a reclamation area in Hatsukaichi City. This is the first record for the species in Hiroshima prefecture. Sequences of the chloroplast ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene (cp *rbcL*) and nuclear ribosomal internal transcribed spacer (nr ITS) for this species were obtained. DNA barcoding was determined and phylogenetic analysis carried out.

*Hiromi Tsubota, Yuya Inoue, Shinji Uchida & Seiji Mukai, Miyajima Natural Botanical Garden, Graduate School of Science, Hiroshima University, Mitsumaruko-yama 1156–2, Miyajima-cho, Hatsukaichi-shi, Hiroshima 739–0543, Japan.*

*Miho Nakahara-Tsubota, Cooperative Research Fellow of Natural History Museum and Institute, Chiba, Japan, Saeki-ku, Hiroshima-shi, Hiroshima 731–5126, Japan.*

### はじめに

ヒメムラサキハナナ *Ionopsidium acaule* (Desf.) DC. ex Rchb. は、アブラナ科 Brassicaceae の一年草である。本種はポルトガル西部原産で、欧州や北米で帰化している（植村ほか 2010; Koch 2012; Caldas 2013; USDA 2014）。別名はバイオレットクレス、ダイヤモンドフラワー、あるいは学名の属名をカタカナ表記したイオノプシディウムが用いられる。本種は、観賞用に栽培されていたものが逸出したと考えられ、新潟県から山口県にかけての各地から報告がある（真崎 2004; 植村ほか 2010）。広島県については、県内のフロラについてまとめた広島県植物誌（広島大学理学部附属宮島自然植物実験所・比婆

科学教育振興会 1997）およびその補遺版（世羅ほか 2010）や広島県内の外来植物についてまとめた吉野ほか（2007）に本種の記録がないことから、広島県内では未記録種であると考えられる。今回新たに、広島県内で生育が確認され、証拠標本が得られたので広島県新産種として報告する。また、DNA バーコーディング用に葉緑体 *rbcL* 遺伝子と核 ITS 領域の塩基配列を得たので合わせて報告する。

### 材料と方法

2014年3月、広島県廿日市市でヒメムラサキハナナ *Ionopsidium acaule* (Desf.) DC. ex Rchb. の生育を確認した。本研究に用いた標本の詳細については、Appendix A に示した。本種に関する過去の文献の調査を行うとともに、採集した1個体を用いて、花卉の一部から坪田ほか（2013）の Appendix B に示した方法に従って DNA を抽出した。また、外群に用いたイヌカキネガラシ *Sisymbrium orientale* L. から DNA を抽出する際には、Tsubota *et al.* (2005) の方法を併用した。いずれの場合も、数 mm 四方の植物体を 1.5 ml チューブ内で破砕後、プロトコルに従い DNA を抽出後、抽出液を直接 PCR に用いた。PCR により、葉緑体 *rbcL* (ribulose-1,5-bisphosphate

<sup>1</sup>739–8526 広島県東広島市鏡山 1–3–1, 広島大学大学院理学研究科生物科学専攻

<sup>2</sup>739–0543 広島県廿日市市宮島町三ツ丸子山 1156–2 外, 広島大学大学院理学研究科附属宮島自然植物実験所

<sup>3</sup>731–5126 広島県広島市佐伯区, 千葉県立中央博物館・共同研究員

<sup>4</sup>739–8524 広島県東広島市鏡山 1–1–1, 広島大学技術センター

carboxylase/oxygenase large subunit; リブローズカルボキシラーゼ・オキシゲナーゼ大サブユニット) 遺伝子の一部および核 ITS (internal transcribed spacer) 領域を増幅した。PCRには KOD FX Neo (東洋紡, 大阪) を用いた。PCRは坪田ほか (2013) の条件を一部改変し, Inoue & Tsubota (2014) で発表した条件を用いた。サイクル前の熱変性 94°C で 2 分の後, 熱変性が 98°C で 10 秒, アニールが 58°C で 35 秒, 伸長反応が 65°C で 1-1.5 分のサイクルを 45 回, サイクル後の伸長反応が 65°C で 10 分の反応条件で行った。対象とした領域を増幅するための PCR およびシークエンスの際に用いたプライマーは過去の文献で発表されているものを用いた [Tsubota *et al.* 1999, 2001; Oguri *et al.* 2003; Masuzaki *et al.* 2010; Inoue *et al.* 2011; 坪田ほか 2009, 2012, 2013; 配列については坪田ほか (2013) の Appendices C & D または広島大学デジタル自然史博物館を参照]。PCR 産物を NucleoSpin Gel and PCR Clean-up (マッハライ・ナーゲル社, デューレン) で精製後, ダイレクトシークエンスにより塩基配列を決定した。得られた塩基配列は, BioEdit 7.1.11 (Hall 1999) や MEGA 5.2 (Tamura *et al.* 2011), 配列合成のための自作のプログラムなどを用いて 1 つの配列として合成し, 国際塩基配列データベース (DDBJ/EMBL/GenBank International Nucleotide Sequence Database Collaboration; INSDC) に登録した。過去の研究で, DNA バーコーディングの際の分子系統解析の有効性が示されているため, 本研究でも系統解析を行い, その系統的位についても明らかにすることとした (坪田ほか 2013, 2014)。得られた塩基配列に対して, NCBI の DNA データベースを用いて, BLASTN 2.2.30+ (Altschul *et al.* 1990; Zhang *et al.* 2000; Morgulis *et al.* 2008) による BLAST 検索を行い, DNA バーコーディング用の情報を得た。さらに, 検索結果の中から上位の配列を FASTA 形式で保存し, 対象とした塩基配列およびその近縁種を含んだデータセットを作成した。MAFFT version 7.182 (Katoh & Standley 2013) を用いてアライメントを行った。予備的な系統解析として, MEGA を用いて近隣結合系統樹を求めた後, 外群にあたる配列を必要十分な数に絞り, ヒメムラサキハナナおよび近縁種を含んだデータセットを作成し, 系統解析を行った。外群の選定には, Busch *et al.* (2012) や Koch (2012) も参考にした。Kakusan4 version 4.0.2012.12.14 (Tanabe 2011) により塩基置換モデルを選択後, RAxML version 8.0.8 (Stamatakis 2014) を用いて最尤法で系統解析を行うとともに, ブートストラップ確率を求めた。また, BEAST

version 1.8 (Drummond *et al.* 2012) を用いて事後確率を求めた。得られたブートストラップ確率および事後確率を最尤系統樹上に示した。

## 結果と考察

### 生育場所と生育状況について

今回, 広島県廿日市市でヒメムラサキハナナ *Ionopsidium acaule* の生育が確認された (Fig. 1)。証拠標本は広島大学植物標本庫の宮島自然植物実験所のコレクション (HIRO-MY) に収蔵した (標本情報の詳細については Appendix A を参照)。生育が確認された場所は市街地の陽当りの良い路傍で, スズメノエンドウ *Vicia hirsuta* (L.) Gray やホトケノザ *Lamium amplexicaule* L., カタバミ *Oxalis corniculata* L., チチコグサモドキ *Gamochaeta pensylvanica* (Willd.) Cabrera, オオイヌノフグリ *Veronica persica* Poir., マツバウンラン *Nuttallanthus canadensis* (L.) D.A.Sutton などの春の雑草や帰化植物とともに数株が生育していた。近くに公園や官公庁などがある人為的な影響が非常に大きい場所で, 2006 年頃市街地の区画整備が行われた場所であるため, それ以降に侵入・定着したと考えられる。このような環境は広島県内の他の場所にも多く存在するため, 今後の調査で本種の他の生育地が確認される可能性が高い。



Fig. 1. *Ionopsidium acaule* (Desf.) DC. ex Rchb. (Brassicaceae). Habitat in Hatsukaichi City, Hiroshima Prefecture, southwest Japan (March 19, 2014), associated with *Vicia hirsuta* (L.) Gray (Fabaceae), *Lamium amplexicaule* L. (Lamiaceae), *Oxalis corniculata* L. (Oxalidaceae), *Gamochaeta pensylvanica* (Willd.) Cabrera (Asteraceae), *Veronica persica* Poir. and *Nuttallanthus canadensis* (L.) D.A.Sutton (Scrophulariaceae).

### 形態的特徴

今回、広島県で確認された個体の特徴を以下に記す。

ヒメムラサキハナナ *Ionopsidium acaule* は一年草とされるが、野外での観察では6月末には枯死していた。このことから、他のアブラナ科植物同様に秋から冬に発芽して春に開花する越年生の草本と考えられる。植物体は高さ3–5 cm。茎は短く直立し、中程かやや基部に近い所で数回分岐する。植物体は無毛。葉は短い茎に束生する。葉は長さ6–8 mmで、長い葉柄をもち、葉身と葉柄が明瞭。葉身は楕円形から腎形で、鋸歯は無いかわずかにあり、長さ2–3 mm、幅3–4 mm。葉柄は長さ4–5 mm。2月下旬–4月に開花。花は長い小花柄の先端に1つだけ付き、径6–8 mm、雌蕊が1本、雄蕊6本、花弁4枚、萼片4枚のアブラナ科で見られる構造。花は植物体の大きさの割に大きく、目立つ。花柄は1–2.5 cm。花弁は白色から薄紫色。開花後すぐに果実が成長する。果実は成熟すると軍配型で、長さ2–5 mm。類似種

として同様に園芸利用されるムラサキナズナ属の植物 *Aubrieta* spp. があげられるが、日本ではまだ逸出の報告がない。今回確認された植物体は、Stace (2010) や植村ほか (2010) のヒメムラサキハナナの記載と一致した。

### DNA バーコーディングと系統的位置

本研究では、葉緑体 *rbcL* 遺伝子と核 ITS 領域の塩基配列を決定し、DNA バーコーディングを行った。また、外群として用いるためイヌカキネガラシについても配列を決定した。得られた塩基配列のアクセッション番号は LC003310, LC003311, LC003517, LC003518 である。今回得られた配列を用いて、データベースの検索を行い、登録された配列とアライメントを行い比較するとともに、系統解析を行った。

得られた *rbcL* 遺伝子の塩基配列について BLAST 検索を行い、上位 250 配列を得た。検索の結果、ビットスコア (Max score) の値が最大となったのは *Cochlearia acaulis* と登録された FN594827 であった。

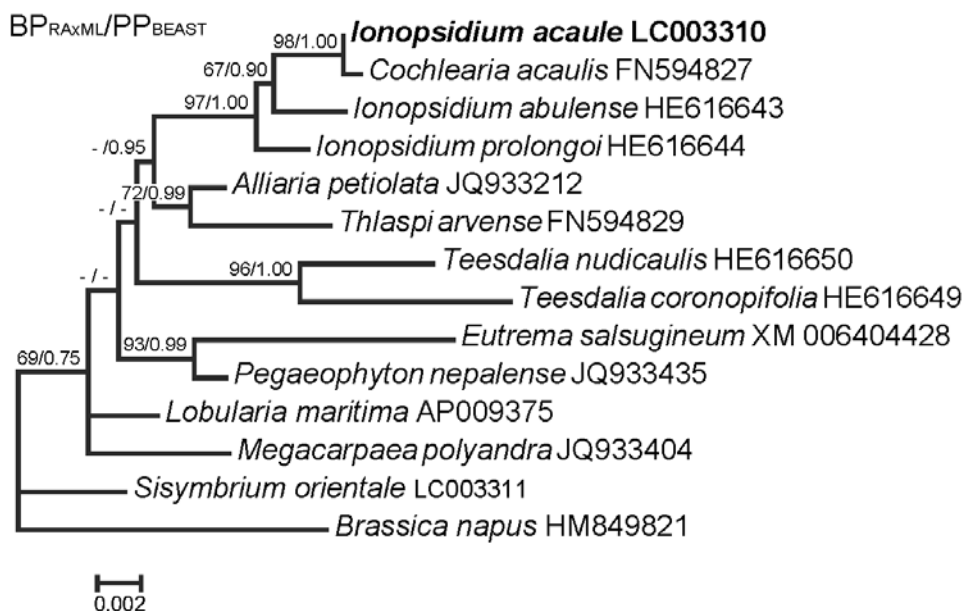


Fig. 2. Phylogenetic tree based on analysis of the chloroplast ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large-subunit (*rbcL*) gene sequence, depicted by the program RAXML version 8.0.8 (Stamatakis 2014). Supporting values more than 50% obtained by the program RAXML for bootstrap probabilities (BP) with 10,000 replicates and BEAST version 1.8 (Drummond *et al.* 2012) for Bayesian posterior probabilities (PP) are shown on or near each branch (BP/PP; in %). The root is arbitrarily placed on the branch leading to *Sisymbrium orientale* L. (LC003311) and *Brassica napus* L. (HM849821) following the other phylogenetic tree based on the neighbor-joining (NJ) method by MEGA version 5.2 (Tamura *et al.* 2011) with ca. 250-sequence dataset for the Brassicaceae (not shown).

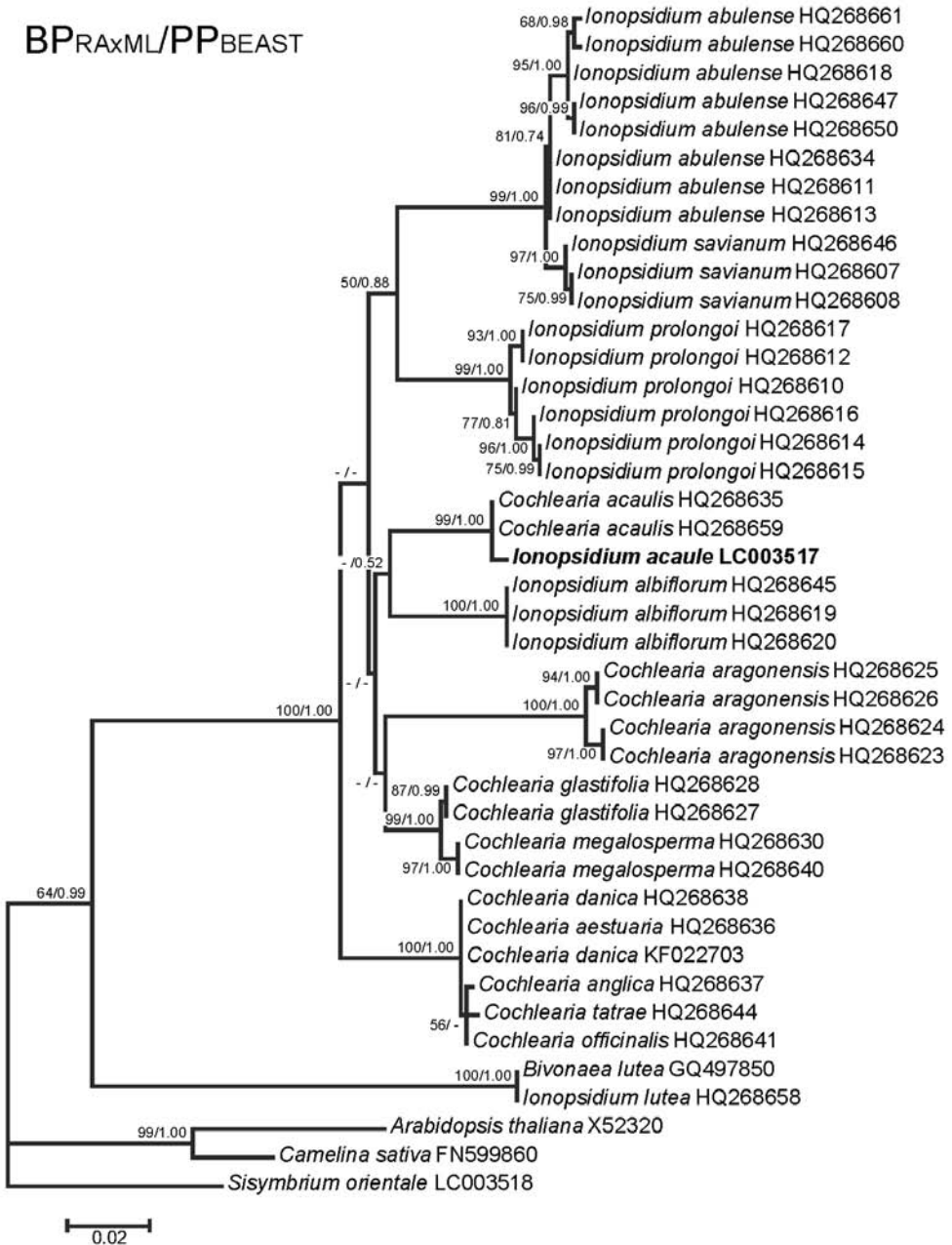


Fig. 3. Phylogenetic tree based on analysis of the nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region, depicted by the program RAXML version 8.0.8 (Stamatakis 2014). Supporting values more than 50% obtained by the program RAXML for bootstrap probabilities (BP) with 10,000 replicates and BEAST version 1.8 (Drummond *et al.* 2012) for Bayesian posterior probabilities (PP) are shown on or near each branch (BP/PP; in %). The root is arbitrarily placed on the branch leading to *Sisymbrium orientale* L. (LC003518), *Camelina sativa* (L.) Crantz (FN599860) and *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. (X52320) following the other phylogenetic tree based on the neighbor-joining (NJ) method by MEGA version 5.2 (Tamura *et al.* 2011) with ca. 250-sequence dataset for the Brassicaceae (not shown).

アライメントの後、近隣結合系統樹を計算し、近隣に位置した 11 配列と外群を加えた合計 14 配列からなるデータセットについてモデル選択を行った。その結果、Codon Partitioned Equal Mean Rate が選択された。選択されたモデルにもとづいて、RAxML を用いて最尤系統樹を計算し、ブートストラップ確率も計算した。また、BEAST を用いて事後確率を計算した。得られた最尤系統樹を Fig. 2 に示した。その結果、データベースに登録されていた FN594827 の配列と姉妹群になり、系統解析からも *Ionopsidium acaule* [syn. *Cochlearia acaulis*] と同定された。今回得られた塩基配列と FN594827 の配列とを比較したところ、1 塩基の変異が 1 か所と 1 塩基の長さのギャップが 3 か所認められた。しかしながら、ギャップについては、検索結果で上位に含まれた他の配列では確認されなかった。

得られた ITS 領域の塩基配列について BLAST 検索を行い、上位 250 配列を得た。検索の結果、ビットスコア (Max score) の値が最大となったのは *Camelina sativa* と登録された FN599860 のであった。それに続いて、*Cochlearia acaulis* と登録された HQ268659 と HQ268635 の値が高かった。アライメントの後、近隣結合系統樹を計算し、近隣に位置した 36 配列と外群を加えた合計 42 配列からなるデータセットについて、RAxML を用いて最尤系統樹を計算した。また、RAxML を用いてブートストラップ確率を、BEAST を用いて事後確率を計算した。得られた最尤系統樹を Fig. 3 に示した。その結果、データベースに登録されていた FN594827 の配列と姉妹群になり、ヒメムラサキハナナ *Ionopsidium acaule* [syn. *Cochlearia acaulis*] と同定された。今回得られた塩基配列と HQ268659 と HQ268635 の配列とを比較したところ、それぞれ 1 塩基の変異が 3 か所認められ、種内変異が確認された。

以上の結果から、今回確認された植物は DNA バーコーディングの結果でもヒメムラサキハナナ *Ionopsidium acaule* であることが確認された。

#### 侵入の時期と今後の消長について

ヒメムラサキハナナは、原産地がポルトガルの西海岸であるが、それ以外の西欧州や北米に移入している (Koch 2012)。本種の日本における帰化植物としての報告は、真崎 (2004) が山口県新産として和名とともに報告したものが最初と考えられる。植村ほか (2010) によれば、観賞用に栽培されていたものが逸出したと考えられるものが新潟県から山口県にかけての各地から報告されている。本種は一般的

な植物図鑑にほとんど掲載されていない。また、全国の帰化植物の分布をまとめた清水・濱崎 (2006) や国内の帰化植物について文献にもとづいてまとめた太刀掛・中村 (2007) でも本種が取り上げられていないことから、比較的最近逸出し、日本国内に定着したものと考えられる。実際、本種は園芸用途で近年利用されており、実際に園芸店等で販売されている例が見られる。また、今回生育が確認された株は現地に侵入して間もないと考えられる環境で、植栽内ではないものが見つかった場所の生育状況から考えて、過去に植栽されたものから逸出した可能性が高い。あるいは、ミチタネツケバナ *Cardamine hirsuta* L. のように植栽された街路樹等の根鉢に由来する可能性もある。本種は植物体が数 cm 程度と小型で、生育期間が比較的短いことなどから記録が少ないと考えられる。ヒメムラサキハナナは耐寒性があることや、園芸利用される植物であること、他のアブラナ科植物は数年で広い範囲に広がる例があることなどから考えて、日本でも今後急速に分布を広げる可能性がある。本種について、現時点では日本での生育情報が少ないが、今後の消長を継続調査していく必要がある。

#### 謝辞

本研究で用いたプライマーの一部は、科研費 MEXT/JSPS (23770089) の助成を受けたものである。シークエンスは広島大学自然科学研究支援開発センター生命科学実験部門生命科学機器分析部で行われた。シークエンス配列の登録については日本 DNA データバンク (DDBJ) にお世話になった。文献調査では山口県立山口図書館にお世話になった。また、Tasmanian Museum and Art Gallery の R. D. Seppelt 博士には、英文校閲いただくとともに、内容についてご教示頂いた。心より感謝申し上げます。

#### 引用文献

- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W. & Lipman, D. J. 1990. Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215: 403–410.
- Busch, A., Horn, S., Mühlhausen, A., Mummenhoff, K. & Zachgo, S. 2012. Corolla monosymmetry: evolution of a morphological novelty in the Brassicaceae family. *Mol. Biol. Evol.* 29: 1241–1254.
- Caldas, F. B. 2013. *Ionopsidium acaule*. The IUCN Red List of Threatened Species, Version 2014.1. <www.

- iucnredlist.org>. (2014年7月22日閲覧)
- Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D. & Rambaut, A. 2012. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Mol. Biol. Evol.* 29: 1969–1973.
- Hall, T. A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.* 41: 95–98.
- 広島大学理学部附属宮島自然植物実験所・比婆科学教育振興会(編). 1997. 広島県植物誌. 832 pp. 中国新聞社, 広島.
- Inoue, Y. & Tsubota, H. 2014. On the systematic position of the genus *Timmiella* (Dicranidae, Bryopsida) and its allied genera, with the description of a new family Timmiellaceae. *Phytotaxa* 181: 151–162.
- , Tsubota, H., Kubo, H., Uchida, S., Mukai, S., Shimamura, M. & Deguchi, H. 2011. A note on *Pottia intermedia* (Turner) Fühnr. (Pottiaceae, Bryopsida) with special reference to its phylogeny and new localities in SW Japan. *Hikobia* 16: 67–78.
- Katoh, K. & Standley, D. M. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Mol. Biol. Evol.* 30: 772–780.
- Koch, M. A. 2012. Mid-Miocene divergence of *Ionopsisidium* and *Cochlearia* and its impact on the systematics and biogeography of the tribe Cochlearieae (Brassicaceae). *Taxon* 61: 76–92.
- 真崎 博. 2004. 山口県産高等植物についての新知見. 山口県植物研究会会報 3(1): 8–11 + figs. 4–6.
- Masuzaki, H., Shimamura, M., Furuki, T., Tsubota, H., Yamaguchi, T., Mohamed, A. M. H. & Deguchi, H. 2010. Systematic position of the enigmatic liverwort *Mizutania* (Mizutaniaceae, Marchantiophyta) inferred from molecular phylogenetic analyses. *Taxon* 59: 448–458.
- Morgulis, A., Coulouris, G., Raytselis, Y., Madden, T. L., Agarwala, R. & Schäffer, A. A. 2008. Database indexing for production MegaBLAST searches. *Bioinform.* 24: 1757–1764.
- Oguri, E., Yamaguchi, T., Tsubota, H. & Deguchi, H. 2003. A preliminary phylogenetic study of the genus *Leucobryum* (Leucobryaceae, Musci) in Asia and the Pacific based on ITS and *rbcL* sequences. *Hikobia* 14: 45–53.
- 世羅徹哉・坪田博美・松井健一・浜田展也・吉野由紀夫. 2010. 広島県植物誌補遺. 広島市植物公園紀要 28: 1–74.
- 清水建美・濱崎恭美. 2006. 都道府県別帰化植物分布表. In 近田文弘・清水建美・濱崎恭美(編), 帰化植物を楽しむ, pp. 165–237. トンボ出版, 大阪.
- Stace, C. 2010. *New Flora of the British Isles*, 3rd ed. 1266 pp. Cambridge University Press, Cambridge.
- Stamatakis, A. 2014. RAxML Version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinform.* 30: 1312–1313.
- 太刀掛優・中村慎吾(編). 2007. 改訂増補帰化植物便覧. 676 pp. 比婆科学教育振興会, 庄原.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. & Kumar, S. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol.* 28: 2731–2739.
- Tanabe, A. S. 2011. Kakusan4 and Aminosan: two programs for comparing nonpartitioned, proportional, and separate models for combined molecular phylogenetic analyses of multilocus sequence data. *Mol. Ecol. Resour.* 11: 914–921.
- Tsubota, H., Nakao, N., Arikawa, T., Yamaguchi, T., Higuchi, M., Deguchi, H. & Seki, T. 1999. A preliminary phylogeny of Hypnales (Musci) as inferred from chloroplast *rbcL* sequence data. *Bryol. Res.* 7: 233–248.
- , Akiyama, H., Yamaguchi, T. & Deguchi, H. 2001. Molecular phylogeny of the genus *Trismegistia* and related genera (Sematophyllaceae, Musci) based on chloroplast *rbcL* sequences. *Hikobia* 13: 529–549.
- , Takahashi, K., Nakahara, M., Mohamed, H. & Deguchi, H. 2005. A simple procedure for DNA isolation using small quantities of lichen thallus. *Lichenology* 4: 25–28.
- 坪田博美・久保晴盛・向井誠二. 2009. 広島県宮島近海で見つかったヤマトウミヒルモ *Halophila nipponica* J.Kuo について. *Hikobia* 15: 339–347.
- ・———・武内一恵・中原・坪田美保・井上侑哉・内田慎治・向井誠二. 2012. 広島の帰化植物 3. トゲヂシャとマルバトゲヂシャ. *Hikobia* 16: 197–202.
- ・———・大野彰洋・井上侑哉・中原・坪田美保・武内一恵・松井健一・内田慎治・向井誠二. 2013. 広島の帰化植物 4. イヌカキネガラシおよびその近縁種. *Hikobia* 16: 321–334.
- ・井上侑哉・中原・坪田美保・内田慎治・向井誠二. 2014. 標本同定のツールとしての DNA バーコーディング—植物標本の例—. 広島大学総合博物館研究報告 [印刷中].
- 植村修二・勝山輝男・清水矩宏・水田光雄・森田弘彦・廣田伸七・池原直樹(編・著). 2010. 日本帰化植物写真図鑑, 第2巻, Plant invader 500種. 579 pp. 全国農村教育協会, 東京.
- USDA. 2014. PLANTS Database of Natural Resources Conservation Service in United States Department of Agriculture. <<http://plants.usda.gov/core/profile?symbol=IOAC2>>. (2014年7月22日閲覧)
- 吉野由紀夫・太刀掛優・関 太郎. 2007. 広島県におけ

る外来植物の現状とその問題点. 比婆科学 224: 1–18.

Zhang, Z., Schwartz, S., Wagner, L. & Miller, W. 2000.  
A greedy algorithm for aligning DNA sequences. J.  
Comput. Biol. 7: 203–214.

#### インターネットリソース

広島大学デジタル自然史博物館. プライマー一覧.  
[https://www.digital-museum.hiroshima-u.ac.jp/~main/  
index.php/PCR\\_primers](https://www.digital-museum.hiroshima-u.ac.jp/~main/index.php/PCR_primers) (2014年7月7日閲覧)

2014年10月1日受理

#### Appendix A. Specimens examined.

*Ionopsidium acaule* (Desf.) DC. ex Rehb., Iconogr.  
Bot. Pl. Crit. 7: 26, 1829.

Japanese name: Hime-murasaki-hanana.

**JAPAN, Honshu, Hiroshima Pref.: Hatsukaichi-shi, Shingu:** *H. Tsubota* & *M. Nakahara-Tsubota* s.n. in hb. HIRO-MY 94858 (19 March 2014, HIRO-MY), DNA voucher for accession numbers LC003310 for cp *rbcL* gene and LC003517 for nr ITS region.

*Sisymbrium orientale* L., Sp. Pl.: 666, 1753.

Japanese name: Inu-kakine-garashi.

**JAPAN, Honshu, Hiroshima Pref.: Aki-gun, Kaita-cho:** *H. Tsubota* & *A. Ohno* s.n. in hb. HIRO-MY 94863 (1 May 2014, HIRO-MY), DNA voucher for accession numbers LC003311 for cp *rbcL* gene and LC003518 for nr ITS region.

