

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 岩 下 誠

シュードダクチロギルス亜科（以下、本亜科）単生虫は *Pseudodactylogyrus* と *Pseudodactylogyroides* 属の2属からなる一群である。本論文では形態および遺伝子を用いて本亜科単生虫の系統関係を推定し、また、*Pseudodactylogyrus anguillae* と *Pseudodactylogyrus bini* の2種の宿主範囲と分布域が例外的に広い理由を考察した。

1. 形態による系統関係の推定

本亜科を構成する13種について、交接器と固着器官における10形態について分岐分類法により系統関係を推定した。その結果、樹長が12ステップの1つの系統樹で、先ず *Pseudodactylogyroides* 属、次に *Pseudodactylogyrus* 属が分岐した。本亜科13種は、① *Pseudodactylogyroides apogonis*、②マレーシア産ハゼ科寄生の *Pseudodactylogyroides* 属2種、③ウナギ属寄生の *Pseudodactylogyrus* 7種とオーストラリア産ハゼ寄生種 *Pseudodactylogyrus cooloolensis*、④極東アジア産ハゼ科寄生の *Pseudodactylogyrus* 2種の4群に分けられた。

2. 核酸による系統関係の推定

(1) リボゾームRNA遺伝子による系統関係

Pseudodactylogyrus 属5種、*Pseudodactylogyroides* 属1種、外群として単生虫3種と吸虫1種について、リボゾームRNA遺伝子の18SrRNAとITSの2つの領域を用いて系統関係を推定した。系統解析は近隣結合法と最大節約法を用いた。その結果、ウナギ属寄生3種では18SrRNA遺伝子の塩基配列1975bpが決定された。ウナギ属寄生種間の違いは少なく、極めて近縁であることが示された。他の種を含めた解析では、両解析法共に、外群、(*P. apogonis*, *P. haze*, (*P. cooloolensis*, (*P. gusevi*, (*P. bini*, *P. anguillae*)))) という系統樹が構成され、*P. bini*以下 *Pseudodactylogyrus* 属が単系統であること、また、日本のマハゼ寄生 *P. haze* が *Anguilla japonica* に寄生する2種と系統的に離れていることが示された。

ITS2領域による系統解析では、18SrRNA遺伝子の結果と異なり、*P. haze* は属の異なる *P. apogonis* よりも先に分岐したが、(*P. cooloolensis*, (*P. gusevi*, (*P. bini*, *P. anguillae*))) の関係は一致した。

(2) ミトコンドリアDNAを用いた系統関係

リボゾームRNAよりも進化速度が速いとされるミトコンドリアDNAのCOI遺伝子部分配列の383bpを用いて、系統関係を推定した。その結果、リボゾームRNAの場合と同じ (*P. cooloolensis*, (*P.*

gusevi, (*P. bini*, *P. anguillae*)) の樹形を示した。

3. 種分化の道筋の考察

本亜科の種は形態と遺伝子のいずれの系統解析においても、おおむね宿主範囲と一致する4つの群に分かれ、そのなかでウナギ属寄生の *Pseudodactylogyrus* 7種とオーストラリア産ハゼ寄生の *P. cooloolensis* が1群を形成し、姉妹群にハゼ科寄生 *Pseudodactylogyroides* 属を持つことから、ウナギ属寄生種の祖先がハゼ科寄生であった可能性が示された。さらに遺伝子解析により、祖先種は *P. cooloolensis* が分かれた後、ウナギ属に宿主を転換し、*A. japonica* 寄生種祖先と *Anguilla reinhardti* 寄生種祖先に分化したことが示唆された。これは宿主の分化とともに寄生虫も分化した、すなわち共進化の結果と考えられる。

4. ウナギ属寄生種の分布

ウナギ属寄生 *Pseudodactylogyrus* spp. は淡水産であるので各地の集団が隔離されていると考えられるが、*P. anguillae* と *P. bini* は例外的に広い分布域と宿主範囲をもつ。そこで、日本3地点、中国1地点、台湾1地点、ハンガリー1地点、デンマーク1地点、アメリカ2地点で採集された虫体を比較した。

COIでは *P. anguillae* が10、*P. bini* が7のハプロタイプに、ND1では *P. anguillae* が10、*P. bini* が9のハプロタイプに分かれた。アメリカとハンガリーの *P. anguillae* のハプロタイプがアジア地域のものと同じであったことは、宿主の移動に伴うアジアからの移入である可能性が高いと考察された。一方、人為的影響が及んでいないと思われる屋久島産 *Anguilla marmorata* 寄生の *P. anguillae* は独立したハプロタイプであったことから天然水域で隔離された集団が形成されたと推察された。

以上の一連の研究の結果、シュードダクチロギルス亜科は、宿主との共進化と宿主転換により現在の種群へ分化したと推定されるが、ウナギ属魚種の間では、人為的な活動によって、本来の関係が混乱していることが明らかになった。これらの成果は、学術上、応用上貢献するところが少なくない。よって審査委員一同は、本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。