

## 論文審査の結果の要旨

氏名 倉島 陽

本論文は、板鰓類（サメ類・エイ類）の消化管に寄生する条虫類（サナダムシ類）が、どのように進化し多様化を遂げてきたのかを、系統分類学的な手法で明らかにしたものである。

本論文はイントロダクション、第 1 章の分子系統解析に基づく吸葉目の分類学的再検討、第 2 章の吸葉目幼生の同定および発生、ディスカッションから構成されている。

イントロダクションでは、研究対象としている扁形動物門条虫綱吸葉目における分類学的変遷と従来の研究手法についてとりまとめ、分類学的混乱が生じている原因をつまびらかにしており、吸葉目の進化を明らかにするためには本研究のオリジナリティーである数多くの種を含んだ分子系統解析が必要であることを述べている。また、吸葉目の幼生は形態による同定が不可能であったため、吸葉目寄生虫の生活史についてはほとんど情報が知られていなかったが、幼生の同定にも数多くの種を含んだ分子系統解析が非常に有効な手段となり得ることに触れている。

第 1 章では、分子系統解析に基づく吸葉目の分類学的再検討を行っている。日本周辺の多様な板鰓類を多数採集して寄生虫検査を行った結果、多種の吸葉目標本を得て、それらの形態を緻密に観察するとともに、*ssrDNA* および *lsrDNA* 領域の塩基配列を得ることに成功した。これまではわずかな属・種のみで系統解析されていたため、多くの属・種が分類学的な位置が不詳であったが、これら不詳であった属・種の所属を解明することができ、系統を基準とした吸葉目の分類体系を初めて明らかにした。その結果、吸葉目が 17 属から構成されていることがわかり、これまでの不完全な形態学的な属の定義を改めることができた。また、日本周辺からは吸葉目は 14 種が報告されているに過ぎなかったが、実際には 15 属 47 種が分布していることが明らかになり、日本周辺海域の吸葉目寄生虫相が極めて多様であることを見いだした。

第 2 章では、第 1 章で成し遂げた DNA 塩基配列のライブラリを活用するこ

とにより、lsrDNA および mtDNA COI 領域の分子系統解析により、7種の幼生を同定することに成功した。正確な幼生の同定によって、吸葉目は硬骨魚類、軟体動物、甲殻類といった多様な中間宿主を利用していることが明白となり、それらの中間宿主が終宿主である板鰓類に捕食されることにより終宿主へ移動するという、吸葉目の生活史の一部を理解することができた。また、同一種内での幼生から成体への成長に伴う形態の変化を明らかにした。

ディスカッションでは、これらの分析結果に基づき、吸葉目寄生虫が多様化してきた過程を、宿主との関係で論じている。吸葉目の進化においては、寄生虫が他の宿主へと移動する宿主転換が、重要な進化的イベントの一つであることを推測しており、従来、宿主と共に種分化をとげる共種分化ばかり注目されてきた寄生虫の進化に、新しい視点を投げかけている。

第1章と第2章で明らかにされた結果は重要なものであり、吸葉目の系統分類学および多様性生物学の分野に大きく貢献する可能性が認められる。

なお、本論文第1章の一部（*Calliobothrium shirozame* の記載）は、清水俊哉、間野伸宏、小川和夫、藤田敏彦との共同研究であるが、論文提出者が主体となって、観察、分析および記載をおこなったもので、論文提出者の寄与が十分であると判断する。

これらのことから、博士（理学）の学位を授与できると認める。