



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Taxonomy and Phylogeny of Acanthocephala from Japanese Fishes
Author(s)	北, 悠樹
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(理学)
Dissertation Number	甲第16752号
Issue Date	2026-03-25
DOI	https://doi.org/10.14943/doctoral.k16752
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/99597
Type	doctoral thesis
File Information	Yuki_Kita_abstract.pdf, 論文内容の要旨 https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/



学 位 論 文 内 容 の 要 旨

博士の専攻分野の名称 博士（理 学） 氏 名 北 悠樹

学 位 論 文 題 名

Taxonomy and Phylogeny of Acanthocephala from Japanese Fishes
(日本産魚類に寄生する鉤頭虫類の系統分類学的研究)

この論文は、日本の海産および汽水産魚類に寄生する鉤頭虫について、特に古鉤頭虫綱内の主要高次分類群の系統関係に焦点を当て、総合的かつ体系的な再評価を行ったものである。日本では鉤頭虫研究の歴史は長いものの、多くの種の新記載が不十分であったこと、現代的な再記載が限られていたこと、さらに科レベルを横断した分子データが不足していたことから、分類体系は長く不安定な状態にあった。これらの問題を解決するために、本研究では広範な地点および宿主からの標本採集、それらの詳細な形態観察、及び新規に取得した塩基配列情報を統合した多遺伝子およびミトコンドリアゲノム解析を組み合わせ、包括的な検討を行った。学位論文は4章から成り、第1章では鉤頭虫類の体系学・体制・生態・病原性に関する概説を述べた。第2章は分類学的記載、第3章は分子系統解析を扱っており、第4章では本論文を総括した。博士課程在学中、私は古鉤頭綱11種に関する10報の論文を発表し、それぞれの種に関して光学顕微鏡および走査電子顕微鏡に基づく形態記載と分子データを提示した。このうち3種は新種であり、そのうち1種はカエル寄生性であるため、本論文第2章には含めていない。第2章では、残る10種の魚類寄生性鉤頭虫に加え、未公表データに基づく12種の形態的特徴を整理した。これら計22種は、鉤頭動物門内の2綱・3目・11科・15属にまたがる多様な分類群を含んでいる。この過程で、私は3科の分類学的標徴（判別文）を改訂し、さらに標本こそ扱っていないものの、1科と2属についても標徴の再検討を行った。未公表の12種の中には、これまで十分に情報が蓄積されてこなかった種群も含まれている。また、*Cavisoma magnum*、*Rhadinorhynchus laterospinosus*、*Sclerocollum neorubrimaris*を日本から初めて記録し、それぞれの既知の地理的分布域を大きく拡張する結果となった。吻の鉤の配置、体幹部の棘列、セメント腺の数と形態、卵殻構造といった形態的特徴を比較検討したところ、従来高次分類に用いられてきた形質の一部は、それまで想定されていた以上に系統的な情報を保持していることが明らかになった。一方で、明らかに収斂によって複数の系統で独立に獲得されたとみられる形質も存在し、特定の形質が進化史を忠実に反映していない可能性が示唆された。特に体幹部の棘配列やセメント腺の構造は、深い分岐の解明に役立つものの、いくつかの状態は収斂の影響を受けやすいことが判明した。以上の結果から、第2章は日本産海産鉤頭虫の分類学的基盤を大きく刷新し、形態と分子情報の統合的理解の重要性を改めて示すものとなった。第3章では、古鉤頭虫綱内の科間関係をめぐる長年の不確実性に取り組んだ。従来の形態に基づく分類体系は、研究者ごとに重視する形質が異なり、互いに矛盾する系統仮説が提示されてきた。また、シトクロムcオキシダーゼI・18S rRNA・28S rRNAといった伝統的な少数遺伝子座に基づく分子解析では、多くの科の位置づけは明らかになったものの、系統樹の基部に近い箇所での分岐順序に関する信頼性の高い系統仮説には至らなかった。そこで本研究では、日本各地で採集した複数種について上記3遺伝子座の配列を新たに取得するとともに、8種のミトコンドリアゲノムを解読した。その中には、Isthmosacanthidae および Transvenidae の世界初のミトコンドリアゲノム情報も含まれている。これらを基盤として、アミノ酸配列、タンパク質コード遺伝子の塩基配列、ミトコンドリア遺伝子と核 rRNA 遺伝子を統合した複数のデータセットを構築し比較解析を行ったところ、特に核 rRNA 領域を含むデータセットが、最も安定性の高い系統樹を生成することが明らかとなった。この結果、Rhadinorhynchidae、Cavisomatidae、Transvenidae、Micracanthorhynchinidae からなる堅固な系統群が再現され、歴史的に扱いが難しかった科間関係が整理された。また、新たに解析に加わった *Sclerocollum*

neorubrimaris は、Transvenidae の分類学的位置づけを初めて明確にする重要な手がかりとなった。さらに、*Metarhadinorhynchus lateolabracis* は Polymorphida の初期分岐系統として安定的に位置づけられ、この科の進化的位置が初めて確証された。一方で、Polymorphida 内部の深い分岐関係は依然として解明が進まず、急速な放散が起きた可能性、あるいはミトコンドリアゲノムだけでは十分な系統情報が得られない可能性が示唆された。本群の内部関係を解明するためには、より幅広い分類群のサンプリングに加え、トランスクリプトームや核ゲノムなどの積極的な導入が不可欠である。本研究で得られた重要な知見として、すべての解析において Echinorhynchida が Polymorphida に対して側系統となることが挙げられる。これは、長く支持されてきた形態分類体系と矛盾する結果であり、体幹部の棘やセメント腺の配置、吻の形態的特徴といった古典的に分類形質として用いられてきたものの多くが収斂により形成されたものである可能性を示している。本論文ではこれらの分類体系を形式的に改訂することまでは行わなかったものの、得られた系統学的枠組みは、形態形質の再評価や真の共有派生形質の同定に向けた基盤として重要である。以上のように、本論文の二つの章は、海産魚寄生性鉤頭虫の体系学および高次系統関係に対する統合的な再検討を提供する。第2章は日本産相の分類学的基盤を刷新し、第3章は古鉤頭虫綱における最も信頼性の高い系統枠組みの一つを提示した。詳細な形態情報と分子情報の統合により、本研究は鉤頭虫の多様性・進化・分類体系の理解を大きく前進させ、今後の形態学的・分子系統学的・生態学的研究に向けた安定した基盤を提供するものである。