



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Taxonomy and phylogeny of Anthuroidea (Crustacea: Isopoda) and its parasites
Author(s)	白木, 祥貴
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(理学)
Dissertation Number	甲第16754号
Issue Date	2026-03-25
DOI	https://doi.org/10.14943/doctoral.k16754
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/99599
Type	doctoral thesis
File Information	Shoki_Shiraki_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 白 木 祥 貴

学 位 論 文 題 名

Taxonomy and phylogeny of Anthuroidea (Crustacea: Isopoda) and its parasites
(ウミナナフシ類（甲殻亜門等脚目）およびその寄生虫の系統分類学的研究)

ウミナナフシ類は、等脚目ウミナナフシ上科に属する小型水生甲殻類の一群であり、細長いからだ、からだの後端が花のように広がった尾扇という構造をもつことで特徴づけられる。淡水域や汽水域にも生息するが、多くの種は海産で、潮間帯から 6500 m までの深海域から知られている。本群には、私が研究を開始した 2020 年時点で 6 科 62 属 600 種以上が含まれていた。本論文では、第 1 章でウミナナフシ類に関する総説をまとめたのち、第 2 章で日本産ウミナナフシ類の分類学的研究を、第 3 章ではフィリピン産ウミナナフシ類の分類学的研究を、第 4 章ではウミナナフシ類の寄生虫に関する成果を、第 5 章ではウミナナフシ上科の分子系統学的研究をまとめた。

第 2 章では、日本各地で採集調査を実施して得られた標本の形態観察を行い、8 新種 (*Anthomuda iriomotensis*, *Malacanthura seisuia*, *Mesanthura sol*, *Expanathura monile*, *Kupellonura tamago*, *Cruranthura viridis*, *Deltanthura palpus*, *Paranthura oriens*) を記載した。これらは、1 日本初報告科、1 新属 (*Deltanthura*)、5 日本初報告属を含む。これにより、日本産ウミナナフシ相は、研究開始時点での 5 科 10 属 39 種から 6 科 16 属 47 種へと増加した。加えて、*Mesanthura miyakoensis* での発生段階ごとの模様の変化を調べ、本属における模様の分類形質としての有用性を調べた。また、*Paranthura japonica* の食性も調査し、甲殻類を捕食することを明らかにした。

第 3 章では、フィリピン・ミンダナオ島での採集調査で得られた 2 新種 (*Amakusanthura camiguinensis*, *Sauranthura liangaensis*) を記載した。これにより、フィリピン産ウミナナフシ相は、研究開始時点での 2 科 2 属 2 種から 2 科 4 属 4 種に増えた。

私の研究以前は、ウミナナフシ類を宿主とする寄生虫としては等脚目ヤドリムシ類、フクロムシ類、吸虫類のみが知られていた。4-1 章では、Cabiropidae 科のヤドリムシ類を初めてウミナナフシ類から発見し、新属 *Anthuroniscus* の設立と、その 3 新種 (*Anthuroniscus shimomurai*, *Anthuroniscus dentatus*, *Anthuroniscus latus*) の記載を行った。4-2 章では、2 種目となるウミナナフシ寄生性フクロムシ類を発見し、*Duplorbis changeling* として新種記載した。4-3 章では、河口に多産するウミナナフシ類 *Cyathura muromiensis* から初となる吸虫類を発見し、*Microphallus* sp. として報告した。

ウミナナフシ類において分子情報の利用は遅れており、分子系統解析が実施されたことはなかった。第 5 章では、ウミナナフシ類の全 6 科を含む日本産 37 種を対象に、4 遺伝子マーカー (18S rRNA 遺伝子, 28S rRNA 遺伝子, 16S rRNA 遺伝子, チトクローム c 酸化酵素サブユニット I 遺伝子,) に基づき、世界初となる分子系統解析を行った。その結果、大きく 5 つのクレードが検出された。また、全 6 科のうちスナウミナナフシ科とハラナガウミナナフシ科の単系統性は適度に、あるいは完全に支持された。一方で、他の 4 科の単系統性は支持されなかった。