P5W3-1

魚類寄生シュードダクチロギルス亜科単生虫の種分化について ○岩下 誠¹、Craig J. Hayward²、小川和夫¹ (¹東大大学院・農学生命科学・魚病、²韓国・忠北大・獣医・魚類疾病)

シュードダクチロギルス亜科単生虫は*Pseudodactylogyrus* 属3種と*Pseudodactylogyroides* 属3種の計6種からなり、極東地域のニホンウナギ、マハゼ、ネブツダイ、および東南アジアのハゼ科魚類から報告されている。近年、新たにオーストラリア、パプアニューギニア、日本産のウナギ属魚類から6種が、またオーストラリア産のハゼ科魚類から1種が発見された(記載準備中)。今回、形態学的手法および分子生物学的手法を用いて、本亜科の単生虫の系統関係を推定し、本亜科構成種の成立と種分化について検討した。

本亜科構成種13種の10種類の形態について検討し、分岐分類法により系統関係を推定した。また、*Pseudodactylogyrus* 属7種、*Pseudodactylogyroides* 属1種の Internal Transcribed Spacer 2 領域の塩基配列を調べ、系統関係を推定した。

形態による系統解析の結果、本亜科の種は、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魚類寄生種とオーストラリア産ハゼ科魚類寄生種の群は、姉妹群にハゼ科魚類寄生の*Pseudodactylogyroides*属を持つことから、ウナギ属魚類寄生種の祖先はハゼ科魚類寄生種であったことが示唆された。さらに遺伝子解析の結果より、*Pseudodactylogyrus*属の祖先種はオーストラリア産ハゼ科魚類寄生種が分化した後、ウナギ属魚類の祖先種に宿主を転換し、その後のウナギ属魚類の種分化と適応放散に従って、ニホンウナギ寄生種の祖先とオーストラリア産寄生種の祖先に分化したことが示唆された。このように宿主転換と共進化により、本亜科の構成種は成立したと考えられる。

P6W3-5

スリランカに棲息する肺吸虫の分子系統解析 ○石上盛敏¹、Wijitha Paranagama²、R.P.V.J. Rajapakse²、N.U.Horadagoda²、吾妻健¹ (¹高知医大・医・環境保健、²Dept. Vet. Para-Clinical studies, Univ., Peradeniya)

2000年8月に、Peradeniya大学のRajapakse博士らとの共同研究で、スリランカでの肺吸虫に関する調査およびそのDNA解析を行ったのでこれを報告する。スリランカの肺吸虫は、現在、*P. compactus* (Dissanaikeら, 1962)、*P. westermanni* (Kannangaraら, 1969)、*P. macrorchis* (Kannangara, 1969)および*P. siamensis* (Kannangaraら, 1969)の4種が報告されている。今回調査した地域は、島の中央部のKandy周辺、北西部のKottukachchiya周辺および北東部のMinneriya周辺で、これら三地域の小川や水田でカニ(*Paratelpusa Ceylonensis*)を採取し、感染の有無を調べた。カニの肺吸虫感染率は、Kandyの近くのHedeniyaが63.3%で最も高く、その他の地域は0-11.5%であった。また、その感染部位は全てカニの内臓(hepatopancreas)であった。得られたメタセルカリアの形状は、楕円型のもの(長径557 μm、短径327 μm)が多く、完全に球形をしたものは見つからなかった。メタセルカリア一頭体ずつからDNAを抽出し、PCR法でミトコンドリアDNAのCOI領域と核DNAのITS2領域を増幅し、これらの塩基配列と他の肺吸虫のデータを用いて系統樹解析を行った。今回得られた塩基配列には二つのハプロタイプあり、その一つは、タイの*P. siamensis*とクラスターをなし、もう一方は*P. siamensis*と*P. westermanni*とからなるクラスターのアウトグループとなった。この結果より、前者はスリランカの*P. siamensis*と推定されるが、しかし、後者に関しては、現段階ではまだ成虫を得られていないので不明である。

P7

日本住血吸虫グループの地理的起原についての考察 ○吾妻健、石上盛敏(高知医科大学環境保健学)

George M. Davis (1980, 1992)は日本住血吸虫の起原について以下のような非常に興味ある説を発表した。1. *Schistosoma* 属住血吸虫とその貝相はパンゲア分裂以前のゴンドワナ大陸で進化し、現在アフリカ、インド、南米として知られる、中生代のゴンドワナ大陸で共進化を開始した、2. アジアの住血吸虫と貝はインド大陸プレートによってアジア大陸に導入され、日本住血吸虫の祖先となった、3. 一部の住血吸虫と*Biomphalaria*は南米大陸によって南米に導入された。一方、最近Snyder & Locker (2000)はリボソームRNAの28S領域をもとに日本住血吸虫のアジア起原説を提唱したが、アジア産のインディカム住血吸虫グループについてはアフリカから移動したとの見解をとった。我々は、この数年、日本住血吸虫の起原について解析を行ってきたが、上述のインディカム住血吸虫グループ4種(*S. indicum*、*S. spindale*、*S. nasale*、*S. incognitum*)のDNA塩基配列(核DNA-ITS2と28SおよびミトコンドリアDNA-COI)の解析を通して以下のことを明らかにした。1. *S. indicum*、*S. spindale*、*S. nasale*の3種は日本住血吸虫グループとは遠縁でむしろアフリカのビルハルツ住血吸虫グループやマンソン住血吸虫グループに類縁性が高い、2. *S. incognitum*はインディカム住血吸虫グループではかなり初期に分岐し、インディカム住血吸虫グループとアフリカ産の2グループの共通祖先種である可能性がある、3. インディカム住血吸虫グループはmonophyleticではない、4. これら結果はDavis (1980, 1992)の説およびSnyder & Locker (2000)の説を説明できない。今回はこれまでの解析を総合して住血吸虫属はアジア起原であり、住血吸虫はアジアからアフリカに向かって進化した可能性について考察する。

P8

ニュージーランド産アラの鰓付近より得られた*Philometroides*属線虫について ○荒木 潤¹、新妻 淳²、山崎裕子¹、高橋一郎³ (¹目黒寄生虫館、²横浜検疫所、³帝京大・医・中央電顕)

成田検疫所において1994年～1995年に検査された、ニュージーランドのアラとして輸入されている魚(ハブカ: *Polyprion oxygeneios*)の鰓付近に線虫が見つかり、精査した結果、*Philometroides*属の線虫と同定されたので、その形態について報告する。虫体は、70%エタノールで固定・保存されており、鏡検時にゲータ氏液で透過して観察した。走査型電子顕微鏡による観察も行った。虫体は宿主の鰓を検査する際に見つかり、おそらく鰓付近の血管内に寄生していたのではないと思われる。得られた虫体は合計7匹で、全て雌成虫。体長57～88mm(以下mm)、最大体巾0.83～0.98。頭端付近を除く体表には、乳頭状の顕著な突起(cuticular boss)が認められる。頭部乳頭は何個か存在するようであるが、側面からは明確には観察できない。現在走査電顕像から検討中である。食道長1.56～1.80。前端付近がやや膨大する。神経輪は頭端から0.22～0.26mmに位置する。食道に沿って神経輪と食道後端の間に大きく位置を占める1個の食道腺細胞が観察される。食道胃部はごく短く、0.06～0.08。陰門は認められず、体の大部分を幼虫の充満した子宮が占め、その両端すなわち体前端と後端から体中央に向かって卵巣が伸びる。卵巣は長く、前後卵巣とも10mmを越す。幼虫の体長0.50～0.53。肛門が開いているかどうかは不明瞭であるが腸の後端が辛うじて体後端の少し前に観察されるものもある。以上の形態から、今回の線虫は*Philometroides*属と同定された。*Philometra*属あるいは*Philometroides*属の線虫は普通体巾に対して体長が非常に長いのが特徴であるが、今回の線虫は短く、既知種とは異なるものと思われる。