

PRESS RELEASE (2017-10-21)



海洋生物資源科学科

〒252-0880 神奈川県藤沢市亀井野 1866

TEL・FAX : 0466-84-3679

E-mail:sittoi@nihon-u.ac.jp

URL: <http://hp.brs.nihon-u.ac.jp/~kaiyo/index.html>

## 分子系統学的手法にもとづくヒラムシ類の系統分類

### 研究成果のポイント

- 種々のヒラムシを形態学的特徴にもとづき分類し、分子系統解析の結果と比較した。
- ヒラムシ類の分子系統は形態学的特徴にもとづく系統関係の概略と一致した。
- 本研究の結果は、ヒラムシ類を分類する際の基準になることが期待される。

### 研究成果の概要

多岐腸目ヒラムシ類は、吸盤亜目および無吸盤亜目に大別され、多種多様な形態や色彩をもつ個体が多いことから、近年では分類学とは無縁のダイバーなどが外部形態にもとづいて同定を行い、書籍や web 上に掲載するため、その分類に混乱が生じています。しかし、これまでの形態学的特徴にもとづく分類手法では、種を判別することが困難な分類群も多く存在し、またその観察には熟練した技術が求められることから、正確な種同定には専門的な知識と高度な技術が必要とされていました。そこで本研究では、より簡易で客観的な分類体系の構築を目指し、ヒラムシ類の遺伝子配列データを用いた分子系統解析を実施しました。これまでヒラムシ類に関する分子生物学的研究はほとんど行われていませんでしたが、本研究の成果から、核ゲノムにコードされる 28S ribosomal RNA (rRNA) 遺伝子の部分塩基配列を用いた分子系統解析が、ヒラムシ類の属レベルの分類に有用であることが示されました。一方で、一部の分類群（無吸盤亜目）では種レベルの分類には至らないことが明らかとなりました。これら分類群のヒラムシについては、核ゲノムコードの遺伝子よりも進化速度が比較的早いミトコンドリアゲノムコードの cytochrome-c oxidase subunit I (COI) 遺伝子の部分塩基配列を用いた分子系統解析を行うことで、より高い解像度で分類できることが明らかとなりました。本研究の結果は、今後、ヒラムシ類を分類する際の基準になることが期待されます。

## 研究成果の詳細

### (背景)

多岐腸目ヒラムシ類の分類学的研究については、わが国で 1930~1940 年代にかけて精力的に行われたのを最後に、顕著な報告はありませんでした。ヒラムシ類は、吸盤亜目および無吸盤亜目に大別され、多種多様な形態や色彩をもつ個体が多いことから、近年では分類学とは無縁のダイバーなどにより外部形態にもとづく同定が行われ、書籍や web 上で掲載されるため、その分類に混乱が生じています。近年では、フグ毒テトロドトキシンを保有する種が発見されるなど、生態学的に重要な地位の生物であることが認識されつつあります。しかしながら、積極的に調査研究対象とされることがなかったため、分子生物学的手法の導入が遅れていました。そのため、ヒラムシ類の分類学的研究は停滞し、その分布や系統関係については不明な点が多く残されています。本研究では、より簡易で客観的な分類体系の構築を目指し、ヒラムシ類を形態学的特徴にもとづいて分類した後、分子系統解析を実施して両者を比較しました。

### (研究成果)

三浦半島から伊豆半島にかけての岩礁地帯で採集したヒラムシを形態学的特徴にもとづき種同定した結果、吸盤亜目 (Cotylea) に分類される *Pseudoceros*、*Pseudobiceros*、*Thysanozoon*、*Prosthiosomum* および *Cycloporus* の 5 属、無吸盤亜目 (Acotylea) に分類される *Notoplana*、*Notocomplana*、*Pseudostylochus*、*Amemiyaia*、*Stylochus*、*Discoplana*、*Callioplana*、*Planocera*、*Leptostylochus* および *Hoploplana* の 10 属を含む、計 15 属 24 種が同定されました。

28S rRNA 遺伝子にもとづく分子系統解析を行ったところ、形態学的特徴にもとづく分類体系とほぼ一致していました (図)。ただし、無吸盤亜目では、形態学的特徴にもとづく分類で別種とされた *Notocomplana* 属の *N. japonica* および *N. koreana* を 28S rRNA 遺伝子にもとづく分子系統解析で判別することができなかつたため、ミトコンドリア DNA にコードされる COI 遺伝子にもとづく分子系統解析を行いました。その結果、両者は異なるクレードを形成し、形態学的種同定の結果と一致しました。

### (今後の展望)

ヒラムシ類の分類については、遺伝子情報がきわめて少ないため、本研究の成果は今後のヒラムシ類の分類のものさしとして利用されることが期待されます。また、ヒラムシ類の中には、*Planocera* 属のように多量のフグ毒を保有しているグループが知られています。これらヒラムシ類がフグ類の毒化に関与している可能性があるため、今後、未記載種も含めてフグの毒化に関わる分類群を探索するとともに、フグの毒化機構への関与を明らかにしていく予定です。

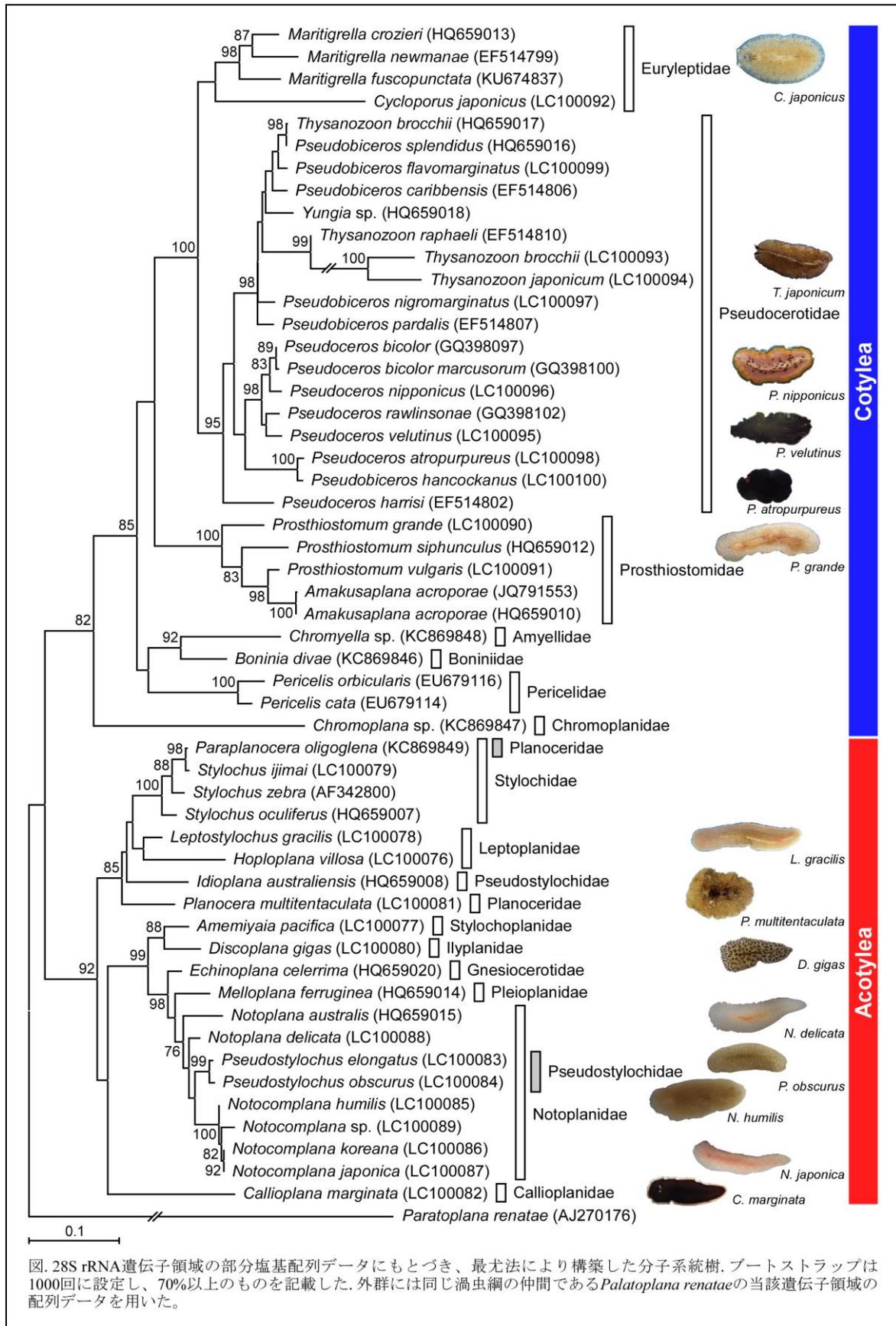


図. 28S rRNA遺伝子領域の部分塩基配列データにもとづき、最尤法により構築した分子系統樹。ブートストラップは1000回に設定し、70%以上のものを記載した。外群には同じ渦虫綱の仲間である*Palatoplana renatae*の当該遺伝子領域の配列データを用いた。

## 発表論文の概要

### 研究論文名

A molecular framework for the taxonomy and systematics of Japanese marine turbellarian flatworms (Platyhelminthes, Polycladida) (<http://www.int-res.com/abstracts/ab/v26/p159-167/>)

### 著者

Tadasuke Tsunashima (綱島忠相 日本大学大学院生物資源科学研究科 修士2年生)

Morio Hagiya (萩谷盛雄 日本大学生物資源科学部海洋生物資源科学科 研究員)

Riko Yamada (山田理子 日本大学大学院生物資源科学研究科 修士2年生)

Tomoko Koito (小糸智子 日本大学生物資源科学部海洋生物資源科学科 専任講師)

Nobuaki Tsuyuki (露木伸晃 日本大学生物資源科学部海洋生物資源科学科 学部4年生)

Shin Izawa (伊澤 心 日本大学生物資源科学部海洋生物資源科学科 学部4年生)

Keita Kosoba (小蕎圭太 東京海洋大学大学院海洋科学技術研究科 修士2年生)

Shiro Itoi (糸井史朗 日本大学生物資源科学部海洋生物資源科学科 准教授)

Haruo Sugita (杉田治男 日本大学生物資源科学部海洋生物資源科学科 教授)

公表雑誌 : Aquatic Biology 26 巻、159–167 頁

公表日 : 2017 年 9 月 5 日 (オンライン版 ドイツ時間)

## お問い合わせ先

日本大学生物資源科学部海洋生物資源科学科 増殖環境学研究室

准教授 糸井史朗 (いといしろう)

TEL/FAX 0466(84)3679 E-mail: [sitoi@nihon-u.ac.jp](mailto:sitoi@nihon-u.ac.jp)

文責 : 増殖環境学研究室 准教授 糸井史朗