# 科学研究費補助金研究成果報告書

平成22年 5月 6日現在

研究種目:基盤研究(C) 研究期間:2007~2009 課題番号:19570023

研究課題名(和文)琵琶湖固有カワニナ類の寄生虫感受性に対する集団の遺伝的構造の影響の

解明

研究課題名(英文)The effect of genetic structure of Semisulcospira spp. endemic to Lake

Biwa on the susceptibility to a digenean Genarchopsis spp.

#### 研究代表者

浦部 美佐子 (URABE MISAKO ) 滋賀県立大学・環境科学部・准教授

研究者番号:50263421

研究成果の概要(和文):琵琶湖産カワニナ類に広く寄生する吸虫 Genarchopsis goppo は、地域によって利用する宿主が異なっている。感染実験および分子系統解析の結果、本種には隠蔽種が存在することが判明し、それぞれ異なる宿主特異性を持つことが示された。また、宿主の琵琶湖産カワニナ類においては、地域個体群間で感受性の差は見られなかった。これらの結果から、琵琶湖における G. goppoとカワニナ類の宿主-寄生者関係における共進化の速度は遅く、基本的には両者の種分化に伴うことが判明した。

また、当初の目標であった遺伝的多様性の定量は、宿主側の種間にかなりの遺伝的浸透がみられることが示唆される(約10%の個体にその痕跡が見られる)結果となり、ハプロタイプ等による単純な量的比較は困難であることが判明した。今後、交雑による遺伝子の多様化と感染耐性との関連性を明らかにすることが課題である。

研究成果の概要 (英文): An parasitic digenean *Genarchopsis goppo*, which parasitizes almost all species of the freshwater snails (genus Semisulcospira) in Lake Biwa, shows some variations in host specificity among localities. As the result of experimental infections and molecular phylogenetic analysis, at least two cryptic species were discovered in Lake Biwa and one of the tributaries. The susceptibility of a host species did not vary among local populations. This result suggests that the host-parasite association between *G. goppo* and *Semisulcospira* is the consequence of their speciation.

The molecular genetic study suggested the presence of genetic penetration among host species. Therefore, their genetic diversity cannot be compared simply by the haplotypes. The genetic divergence through interbreeding and its effect on the susceptibility are the goal of the further studies.

### 交付決定額

(金額単位・円)

|         |             |          | (金領甲位:円)    |
|---------|-------------|----------|-------------|
|         | 直接経費        | 間接経費     | 合 計         |
| 2007 年度 | 1, 400, 000 | 420, 000 | 1, 820, 000 |
| 2008年度  | 700, 000    | 210, 000 | 910, 000    |
| 2009年度  | 500, 000    | 150, 000 | 650, 000    |
| 年度      |             |          |             |
| 年度      |             |          |             |
| 総計      | 2, 600, 000 | 780, 000 | 3, 380, 000 |

研究分野:生物学

科研費の分科・細目:基礎生物学 生態・環境

キーワード: 進化生態、寄生、系統、遺伝的多様性

#### 1. 研究開始当初の背景

カワニナ類は,琵琶湖内で唯一の適応放散を とげた生物群であり,15種もの固有種が存在 する。琵琶湖内でカワニナ類のみが多様化を 遂げるに至った理由は,核型の多様性がみら れることがその一因であるが,生態学的な理 由についてはまだ明らかにされていない。

カワニナ類に寄生する吸虫類は、宿主の生殖能力をうばうことによって、宿主の適応進化に重大な影響をあたえると考えられる。宿主と寄生者の一般的な進化ダイナミクスに関しては、多くの理論的・実験的な研究があり、最近の研究では、宿主と寄生者の個体群間の分散能力に差がある場合、分散能力の高い方が地域的な局所適応を起こすことがわかっている。このことから、宿主の個体群間分散能力が寄生虫よりも低い場合には、寄生虫個体群の方は宿主の地域個体群にそれぞれ局所的に適応し、地域ごとに遺伝的に異なる集団が形成されると予測される。

しかし、現在までの琵琶湖産のカワニナ類と寄生虫(吸虫類)の感染率に関する知見は、上記の予測とは一致しない。カワニナ類はすべて直達発生で、プランクトン幼生期を持たないため、分散能力は低いと予測される。それに対して、寄生虫は終宿主である脊椎動物によって卵が散布されるため、分散力が高い。しかし、理論的研究から得られている予測に反し、固有カワニナ類は、同所的に分布している非固有種と比較して一般的に感染率が低い。また固有種に特異的な吸虫は発見され

ていない一方で、非固有種に特異的に感染する吸虫は存在する(Urabe, 2003)。このことから、寄生虫と琵琶湖固有貝類の共進化関係は、通常の理論の仮定にあてはまらない、特異な関係である可能性がある

#### 2. 研究の目的

琵琶湖固有カワニナ類とその吸虫の系において、宿主および寄生者の個体群内・個体群間の遺伝的多様性が感受性の進化にあたえる影響について明らかにするため、分子マーカーを用いて宿主(琵琶湖固有種と非固有種からそれぞれ数種ずつを対象とする)と寄生虫のそれぞれの個体群内および個体群間の遺伝的多様性の比較を行い、多様性の保持の程度、および個体群間の遺伝的交流の程度について明らかにする。次に、実験室内で、宿主を一定数の寄生虫卵に暴露して感染の成立を調べ、感受性の定量化をおこなう。これらの結果から、宿主であるカワニナ類の系統関係を考慮しつつ、遺伝的多様性と感受性の関連の比較を行う。

#### 3. 研究の方法

琵琶湖およびその集水域から、代表的なカワニナ類の胎貝保有メスを採集し、実験室内で稚貝を取り、感染実験に供する。実験室内で得た稚貝に、Genarchopsis goppo卵(琵琶湖北部産ヌマチチブ、および河川産カワヨシノボリから採集)を同数ずつ投入して摂取させ、3ヶ月飼育した後に解剖して感染の成立を

確かめる。採卵後の寄生虫体、および感染実験に用いた貝の軟体は、遺伝的解析用サンプルとして保存する。

琵琶湖内外の複数地点から G. goppoを採集し、一部は定法 どおり永久 プレパラートとして 形態観察に供する。残りはmtDNAの塩基配列 解析により、地域集団内および集団間におけるハプロタイプの分布パターンから、集団構造を明らかにするとともに、分子系統樹の作成によって、形態(成虫の体サイズおよび保有卵数)の違いが種または亜種レベルの判別 形質として有効かどうか検討する。

mtDNAで集団構造の分析に十分な変異量が得られない時は、核DNAでの多型探索に変更する。

寄生虫と貝各種の地域集団において,集団内 および集団間の遺伝的多様性の比較を行い, 多様性の保持の程度,および個体群間の遺伝 的交流の程度について明らかにする。この結 果と,実験的に得られた貝の感受性の結果と を合わせて,宿主種ごとに系統関係を考慮し た比較を行い,宿主および寄生者の個体群 内・個体群間の遺伝的多様性が感受性の進化 にあたえる影響について考察を行う。

#### 4. 研究成果

Genarchopsis goppoには、当初想定されていなかった隠蔽種が存在することが判明した。2つの隠蔽種のうち、琵琶湖内に生息する種は、琵琶湖固有カワニナ類にのみ感染できることが判明し、この寄生虫もまた琵琶湖固有種であることが示唆された。河川に生息する隠蔽種は、同じ河川から採取したカワニナと、琵琶湖固有種のうちタテヒダカワニナ種群に属する種に感染性を示した。

また、琵琶湖固有カワニナ類においては、地域個体群間で感受性の差は見られなかった。これらの結果から、琵琶湖における G. goppoとカワニナ類の宿主-寄生者関係における共

進化の速度は遅く、基本的には両者の種分化に伴うことが判明した。しかし、G. goppo およびカワニナ類とも、現在までに系統関係は明らかになっていないため、宿主-寄生者関係がどのような経路をたどって形成されたかは不明である。

また、当初の目標であった遺伝的多様性の定量は、宿主側の種間にかなりの遺伝的浸透がみられることが示唆される(約10%の個体にその痕跡が見られる)結果となり、マーカー遺伝子による単純な量的比較は困難であることが判明した。しかし、このことは、交雑による遺伝子の多様化と感染耐性との関連性という新たな課題を生み出した。

### 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕(計1件)

①<u>浦部美佐子</u>(2010) 絶滅のおそれのある 淡水生物の寄生性蠕虫類。寄生虫分類形態談 話会会報 26: 4-12. (査読なし)

### 〔学会発表〕(計3件)

①浦部美佐子(2009) 魚類吸虫 Genarchopsis goppoの隠蔽種と第一中間宿主における特異性.第56回日本生態学会、岩手県立大学②浦部美佐子・三浦収(2009) 琵琶湖と周辺河川のハゼ科魚類における Genarchopsis goppoの隠蔽種。第78回日本寄生虫学会、法政大学

③<u>Urabe, M</u>. (2009) Susceptibility of snails forming a species flock to the trematode infection. The 10<sup>th</sup> International Congress of Ecology. Brisbane.

## 6. 研究組織

## (1)研究代表者

浦部 美佐子 (URABE MISAKO) 滋賀県立大学・環境科学部・准教授

研究者番号:50263421