

令和 5 年 6 月 19 日現在

機関番号：31308

研究種目：若手研究

研究期間：2019～2022

課題番号：19K15899

研究課題名(和文) 貝類養殖における害虫多毛類の誘引・着底・穿孔のメカニズムとその起源を探る

研究課題名(英文) Investigating the mechanisms of attraction, settlement, and boring to the host by pest polychaetes in shellfish aquaculture and their origins

研究代表者

阿部 博和 (Abe, Hirokazu)

石巻専修大学・理工学部・准教授

研究者番号：10784192

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,100,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は、貝類養殖における害虫(穿孔性)多毛類における「宿主に対する幼生の誘引・着底」と「穿孔」のメカニズムの解明と、そのような仕組みが発達してきた「進化的プロセス」の理解を目指すものであり、分子系統解析によるスピオ科多毛類の自由生活種と共生性・穿孔性種15属62種の系統関係の推定、新規共生系を示すスピオ科多毛類の2新種の記載およびこれまで系統的位置が不明なままであった *Atherospio* 属の1新種の記載と系統的位置の推定、スピオ科多毛類14属41種の浮遊幼生の形態の記載、スピオ科多毛類3属4種を対象にした自由生活種と穿孔性種における成体と幼生の発現遺伝子の種間比較を行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

厳密に宿主を認識して着底する共生性の海産無脊椎動物では、浮遊幼生の嗅覚受容体が宿主認識に重要な役割を果たしている可能性がある。本研究では、「幼生期の誘引物質に対する嗅覚受容体の変化が着底基質選択性や宿主の転換を駆動する」という仮説のもと、スピオ科多毛類の生息基質や宿主の変化プロセスに合わせた嗅覚受容体の分子的变化を追うことで、基質選択性や宿主の転換が起こる仕組みを解明することを目指したものである。このアイデアは、海産無脊椎動物における着底基質選択や宿主転換を統一的に説明できるモデルとして広く波及効果が期待でき、海洋生物の種分化や多様化のメカニズムの理解につながる可能性を秘めているといえる。

研究成果の概要(英文)：This study aims to clarify the mechanisms of "larval attraction and settlement to the host" and "boring" in pest spionid polychaetes in shellfish aquaculture, and to understand the "evolutionary process" in the development of such mechanisms. In this study, the following investigations were conducted: 1) estimation of phylogenetic relationships among 15 genera and 62 species of free-living and symbiotic/boring spionid polychaetes based on molecular phylogenetic analysis; 2) description of two new species of spionid polychaetes showing a novel symbiotic system, and the description and estimation of phylogenetic position of one new species of the enigmatic genus *Atherospio*; 3) description of the morphology of the planktonic larvae of 41 species in 14 genera of the family Spionidae; 4) interspecific comparison of gene expression profiles in adults and larvae of four free-living and boring species belonging to three genera in the family Spionidae.

研究分野：海洋生態学

キーワード：海産環形動物 貝類養殖 スピオ科 穿孔性多毛類 分子系統 発現遺伝子 ミトゲノム

1. 研究開始当初の背景

寄生・共生関係などの強い生物間相互作用は、地球上の生物多様性をもたらした大きな原動力としてよく知られている。近年では分子系統学的研究が盛んに行われるようになったことで、生物が進化してきた道筋(系統)の理解が大きく前進し、共生生物が宿主の利用パターンを変化(宿主転換)してきたプロセスについても多くの生物で明らかになってきた。海洋生物でも、様々な分類群で共生生物の興味深い宿主転換のプロセスが明らかになってきつつある。その一方で、宿主転換が起こる進化生態学的な背景についての理解はほとんど進んでいない。

海産環形動物の中には、貝類の貝殻に穿孔して(穴をあけて)生息するものがある。その代表的なグループはスピオ科に属する多毛類であり、彼らは多種多様な貝類を宿主として利用している。穿孔性多毛類は、貝殻の侵食により貝類の成長阻害や斃死を引き起こすことがあることから、貝類養殖の「害虫」として世界各地で厄介者扱いされている。現在、世界各地の貝類養殖場で問題となっている穿孔性多毛類の同定や分類の整理が進められおり、その穿孔被害の現状や、養殖用貝類の生きたままの状態での輸出入に伴う非意図的な穿孔性多毛類の移入・移出の実態が把握されつつある。その一方で、「貝殻への穿孔」という興味深い共生生態を示す穿孔性多毛類の共生生物としての側面からの研究は行われておらず、共生系確立のための生理・生態学的適応については全く理解が進んでいない。

ほとんどの穿孔性多毛類は生活史の初期に浮遊幼生期をもち、幼生は宿主となる貝類の貝殻に付着して穿孔を開始する。「穿孔性多毛類の幼生が、どのような仕組みで広い海の中で宿主となる貝類種を見つけ、付着し、固い貝殻に穴をあけることができるのか」という問いは、貝類養殖場における穿孔性多毛類の被害の防除・軽減といった害虫防除の観点のみならず、海洋共生生物の宿主選択の仕組みや共生生活への生理的適応を理解するための課題にもなる。また、「穿孔性多毛類はいったいどのような進化的プロセスで穿孔という特殊な生態を獲得したのか」という問いは、海洋生物が宿主に対する選択性や生理的適応を獲得し、自由生活から共生生活を確立するプロセスを理解するための進化生物学的な課題として提起することができる。

浮遊幼生期をもち、成体の移動能力が乏しいほとんどの海産無脊椎動物においては、幼生の着底基質選択がその種の生息場所を決定するといっても過言ではない。特に厳密に宿主を認識して着底する共生性の種においては、幼生の嗅覚受容体が宿主認識に重要な役割を果たしていることが予想される。幼生の誘引物質受容体が特定され、異なる宿主を示す近縁種間でその受容体のアミノ酸置換などの分子的变化が認められれば、「幼生期の誘引物質に対する嗅覚受容体の変化が着底基質選択性や宿主の転換を駆動する」という新規のアイデアを提案することができ、さらに、スピオ科の生息基質や宿主の変化プロセスに合わせて嗅覚受容体の分子的变化を追うことで、基質選択性や宿主の転換が起こる仕組みを解明することができるだろう。このアイデアは、海産無脊椎動物における着底基質選択性や宿主転換を統一的に説明できるモデルとして広く波及効果が期待でき、海洋生物の種分化や多様化のメカニズムの理解につながる点でも学術的意義が大きいといえる。

スピオ科の多毛類が貝殻内部に生息するという現象はこれまで多くの研究者の興味をひき、その穿孔メカニズムについては、物理的穿孔派と化学的穿孔派の間で1860年代からおよそ100年間にわたる論争が繰り返されてきた。その論争は、1969年に「物理的穿孔を担うとされていた特殊な剛毛を取り除いても穿孔可能である」ことが実験的に示されたことにより化学的穿孔派の勝利に終わったように思われたが、肝心のメカニズムについては現在まで解明されないままとなっている。穿孔性多毛類は炭酸カルシウムを主成分とする貝殻に穿孔するため、酸の体表外分泌によって穿孔を行っている可能性が高いと思われる。スピオ科多毛類には、付着性貝類の間に生息して部分的穿孔を行う種や、炭酸カルシウムをもつカイメン類と共生を行う種の存在も知られているため、各種の系統関係を明らかにし、穿孔性を獲得した前後の系統における酸分泌タンパク質の発現量・生体内局在の種間比較を行うことで、穿孔メカニズムが発達したプロセスを検証することができる可能性がある。

2. 研究の目的

本研究では、スピオ科多毛類の「穿孔メカニズム」に再びスポットを当て、「穿孔という特殊な生態を獲得した進化的プロセス」という文脈で研究の意義を捉えなおすことで、スピオ科多毛類が底生性の自由生活種から穿孔性種として貝類との共生を確立したプロセスを明らかにすること、さらに、「幼生期の嗅覚受容体の変化が誘引物質の種類の変化を介して着底基質選択性や宿主の転換を駆動する」という仮説のもと、海洋無脊椎動物幼生の誘引・着底のメカニズムと着底基質の変化や宿主転換が起こる進化生物学的背景に迫ることを目指し、スピオ科多毛類を材料として、「宿主に対する幼生の誘引・着底」と「穿孔」のメカニズムを解明するために不可欠となる、基礎的な知見を得ることを目的として以下の4つの研究を行った。

分子系統解析によるスピオ科多毛類の自由生活種と共生性・穿孔性種の系統関係の推定
スピオ科多毛類の新規共生系の探索と分類学的検討
スピオ科多毛類浮遊幼生の形態の記載
スピオ科多毛類の自由生活種と穿孔性種における発現遺伝子の種間比較

3. 研究の方法

分子系統解析によるスピオ科多毛類の自由生活種と共生性・穿孔性種の系統関係の推定

スピオ科内には、穿孔性種以外にも、附着性貝類の間隙で部分的に穿孔する種や、岩や附着生物の間隙に生息する種、ホヤ類・カイメン類・シャミセンガイ類などの他の生物に共生して生息する種、海底の砂質や泥質中に埋在于して生息する種（底生生活種）など、実に多様な生活様式を示す種が存在する。核 DNA の 18S rRNA, 28SrRNA, ミトコンドリア DNA の 16S rRNA 遺伝子領域を対象として塩基配列を取得し、スピオ科の網羅的な分子系統解析を行うことにより、穿孔性種の科内での系統的位置を明らかにした。また、スピオ科多毛類の *Polydora onagawaensis*, *Polydora neocaeca*, カギノテスピオ *Boccardiella hamata*, コオニスピオ *Pseudopolydora paucibranchiata*, *Spio pigmentata*, *Malacoceros* sp. *Scolelepis* sp., ヤマトスピオ *Prionospio japonica* の 7 属 8 種でミトコンドリア DNA の全長配列の解析を行い、その遺伝子配置について検討を行った。

スピオ科多毛類の新規共生系の探索と分類学的検討

日本国内においてスピオ科多毛類のフィールド調査を行い、これまで知られていない共生系の探索を行った。採集されたスピオ科多毛類は 80% エタノールで固定し、実体顕微鏡および生物顕微鏡を用いて同定を行った。同時に、DNA 解析を行い、系統的な位置の推定を行った。新たに発見された未記載種は、新種として記載を行った。

スピオ科多毛類浮遊幼生の形態の記載

沿岸域の動物プランクトン群集中にはスピオ科多毛類の幼生がしばしば大量に出現することが知られており、それらを形態学的特徴から種同定することが可能になれば、フィールドから採集した幼生を実験に用いることが可能となり、浮遊幼生期をもつほとんどの海産無脊椎動物に共通した発生・発達の過程でありながらも未解明な部分が多い「浮遊幼生の誘引・着底」という現象の仕組みを明らかにすることにつながる。本研究では、宮城県沿岸域から採集したプランクトンサンプルからスピオ科多毛類の幼生を単離し、DNA 解析によって成体のリファレンス配列と照合することに種同定を行った。同定された幼生は生時の写真を撮影するとともに形態的特徴を記録し、その形態の記載を行った。

スピオ科多毛類の自由生活種と穿孔性種における発現遺伝子の種間比較

異なる生活様式を示す近縁種の幼生と成体を材料に、全転写産物 (mRNA) の網羅的な発現量の定量比較 (RNA-seq) を行うことで、幼生の誘引・着底に関わる嗅覚受容体と酸分泌タンパク質の探索を行った。解析では、貝類穿孔性として *Polydora onagawaensis*, カキ類の附着面の間隙中に生息する種としてカギノテスピオ *Boccardiella hamata*, 底生性の自由生活種としてドロオニスピオ *Pseudopolydora* cf. *kempi* とアミメオニスピオ *Pseudopolydora bassarginensis* の 3 属 4 種を用い、それぞれ浮遊幼生と成体で合計 8 試験区を設定した。

4. 研究成果

分子系統解析によるスピオ科多毛類の自由生活種と共生性・穿孔性種の系統関係の推定

本研究では、穿孔性の他、間隙性、共生性、埋在于性など多様な生活様式を示すスピオ科多毛類 15 属 62 種における 18S, 16S rRNA の 2 遺伝子領域の塩基配列を取得し、スピオ科で初となる分子系統解析の成果を論文として報告した (Abe & Sato-Okoshi 2021)。ML 法による分子系統解析の結果、10 属では単系統性が支持され、いくつかの属では単系統性が疑われる結果となった。また、Spioninae 亜科とその内群の Polydorini 族の単系統性が支持された一方で、Neriniinae 亜科の単系統性は否定される結果となった。穿孔性や間隙性、共生性を示す種は、スピオ科の中で最も派生的なクレードに位置づけられた Polydorini 族のみで見られたことから、埋在于性の生活様式

はスピオ科の中で祖先的な形質状態であると推定された。Polydorini 族内では、より派生的な位置を占めるクレードで穿孔性種の割合が増加することから、Polydorini 族内で間隙性や共生性など多様な生活様式が独立に複数回獲得されると同時に、生活様式を変えながら徐々に穿孔能力が獲得されていった事が示唆された。

7 属 8 種のスピオ科多毛類でミトゲノム全長配列を取得し、遺伝子配置の解析を行った結果、Neriniinae 亜科の *Malacoceros* 属、*Scolelepis* 属、*Prionospio* 属では環形動物の多くの系統で保存されているミトゲノムの遺伝子配置と一致した。Spioninae 亜科に含まれる Polydorini 族の *Polydora* 属と *Boccardiella* 属、*Pseudopolydora* 属の 3 属では、それとは大きく異なる遺伝子配置が発見された。この Polydorini 族のミトゲノム遺伝子配置は、環形動物の既知の遺伝子配置と比べて類似度が低く、過去に大規模な遺伝子配置の再配列が生じたと推察された。Spioninae 亜科の *Spio* 属では Neriniinae 亜科の遺伝子配置と一致したことから、この大規模なミトゲノム遺伝子配置の再配列は Polydorini 族の祖先系統で生じたと考えられ、その遺伝子配置が Polydorini 族内で共有されているものと判断された。この結果は Polydorini 族の単系統性を強く裏付けるものであり、上述の分子系統解析の結果を支持する結果となった。

また、ミトコンドリアゲノム各遺伝子領域の進化速度を検討するため Pairwise p-distance の種間における分布を比較した結果、NADH や ATP、シトクロム b、シトクロム c 酸化酵素の rRNA 遺伝子を除く各遺伝子では、Polydorini 族の 3 属で他種と遺伝的距離が遠く、進化速度が速いことが推察された。ミトゲノムの 13 のタンパク質コード遺伝子と 2 つの rRNA 遺伝子を用いた系統解析では、Polydorini 族の種はすでにミトゲノム遺伝子の進化速度が速いことが報告されているイバラカンザシ *Spirobranchus giganteus* (カンザシゴカイ科) とクレードを形成し、スピオ科が単系統群とならなかったことから、スピオ科の環形動物内での系統的位置については信頼できる結果は得られなかった。これまで、スピオ科の多毛類では、COI 遺伝子の塩基配列に基づく系統樹は実際の系統を反映していないことが指摘されていたが、このミトコンドリア遺伝子を使用した場合の系統推定の困難さは、系統間の遺伝子進化速度の違いに起因していると考えられた。

スピオ科多毛類の新規共生系の探索と分類学的検討

日本各地でスピオ科多毛類のフィールド調査を行った結果、これまで知られていない共生系を示す 2 種の未記載種を発見し、新種として記載した。1 種目は、有明海や八代海に生息するシャミセンガイ類 (腕足動物) の殻に棲管を付着させて共生する種、*Polydora lingulicora* である。本種は、環形動物として初めて腕足動物と絶対的な共生関係が示された種であり、濾過摂食者である宿主の偽水管に棲管を開口させることで、宿主が作る水流を利用して懸濁物を摂食すると考えられている (Abe & Sato-Okoshi 2020)。

2 種目は、伊豆大島と和歌山県に生息するホヤ類の被嚢に穿孔して共生する種、ホヤノポリドラ *Polydora tunicola* である。本種も、ホヤ水の穿孔付近に棲管を開口させる傾向があり、宿主が作る水流を利用して懸濁物を摂食すると考えられている。多毛類とホヤ類の共生関係は、これまでシリス科の 2 種のみで知られ、そのうちの 1 種はホヤの被嚢に穿孔する唯一の多毛類として知られていた。ホヤノポリドラは被嚢穿孔性多毛類として世界で 2 例目の種であり、被嚢内部に U 字型の孔道を作って生息することが明らかとなった (Abe et al. 2022)。

また、第 5 剛毛節に変形剛毛をもつという共通の特徴から、かつて Polydorini 族との類縁性が推測されていたものの系統的位置が不明なままであった *Atherospio* 属の未記載種を国内から発見し、新種として記載するとともに、分子系統解析により Polydorini 族との近縁性を検討した。*Atherospio* 属は、現在 2 種の名義種から構成されているスピオ科に属する小さな属であり、形態的特徴の類似性から *Pygospio* 属と近縁のグループであると考えられている。*Atherospio* 属と *Pygospio* 属、そして近年設立された *Aciculaspio* 属の 3 属は総称して *Pygospio*-*Atherospio* グループと呼ばれており、現在 9 種から構成されている。過去の研究で行われてきた形態形質や再生産、発生の様式に基づく系統解析では、*Pygospio*-*Atherospio* グループがいくつかの独特な形態的特徴をもつために、スピオ科内で独立した系統であるという結果が得られており、DNA データベースにも遺伝子情報が登録されていないことからも科内の他の属との系統関係はよく分かっていない。本研究により岩手県広田湾小友浦、三重県英虞湾、鹿児島県屋久島から採集された標本から取得した核 18S、28S、ミトコンドリア 16S rRNA 遺伝子領域の塩基配列に基づく ML 法による分子系統解析を行った結果、*Atherospio* 属の多毛類は *Scolelepis* 属と *Dispio* 属で構成されるクレードと姉妹群を形成し、初めて系統的位置が推定されるとともに、Polydorini 族との類縁性が改めて否定された (Abe & Kan 2022)。

スピオ科多毛類浮遊幼生の形態の記載

主に宮城県沿岸海域で採集されたスピオ科多毛類の浮遊幼生の形態および DNA 解析に基づく分類学的検討を行った結果、*Aonides* 属、*Boccardia* 属、*Boccardiella* 属、*Dipolydora* 属、*Laonice* 属、*Paraprionospio* 属、*Poecilochaetus* 属、*Polydora* 属、*Prionospio* 属、*Pseudopolydora* 属、*Rhynchospio*

属, *Scolecopsis* 属, *Spio* 属, *Spiophanes* 属に属する 14 属 41 種が同定された。このうち, 27 種は成虫の配列を一致し, 種レベルで同定され, 残りの種は成体との対応が不明であったことから属レベルでの同定にとどまった。浮遊幼生の形態的特徴については, 目の色や数, 体全体の形, 色素の種類や配置が属や種間で最も顕著な違いを見せることが明らかとなった。これらの種・属レベルでの形態的な差異をもとに, スピオ科多毛類浮遊幼生の属・種までの検索表を作成し, 論文として発表を行った (Abe & Sato-Okoshi 2021)。これにより, 幼生の宿主への誘引, 着底と穿孔のメカニズムを明らかにするための実験を行う際に, フィールドから採集した幼生を実験に用いることを可能とするための浮遊幼生の形態的特徴の情報が整理されたと言える。

スピオ科多毛類の自由生活種と穿孔性種における発現遺伝子の種間比較

幼生の宿主への誘引の際に機能する嗅覚受容体の探索と, 穿孔メカニズムの推定のために, 3 属 4 種の成体と幼生で発現遺伝子解析を行った結果, 成体と幼生で発現量の異なる遺伝子が検出された。

幼生の誘引・着底に関わる受容体としては, 嗅覚受容体が属するとされる G タンパク質共役受容体 (GPCR) が関係している可能性が考えられる。発現遺伝子のアノテーションの結果, 数多くの GPCR が検出され, そのうちの多くは幼生で顕著に発現量が高かった。

穿孔メカニズムとしては, 穿孔性多毛類が炭酸カルシウムを主成分とする貝殻に穿孔するため, 酸の体表外分泌によって穿孔を行っている可能性が高いと思われる。酸分泌のメカニズムとしては, 多くの生物で「炭酸脱水酵素による酸 (水素イオン: H^+) の産生 ($CO_2 + H_2O \rightarrow H_2CO_3 \rightarrow H^+ + HCO_3^-$)」と「プロトンポンプによる酸の能動的分泌」という共通の仕組みが知られているため, 穿孔性多毛類でも同様に, 炭酸脱水酵素やプロトンポンプが酸分泌タンパク質として働いていると予想される。発現遺伝子のアノテーションの結果, 炭酸脱水酵素とプロトン輸送関連遺伝子が数多く検出され, 炭酸脱水酵素では一部の細胞質性炭酸脱水酵素 (CA-II) と分泌型炭酸脱水酵素群 (CA-VI) が穿孔性種の成体でのみ顕著に発現量が高かった。プロトン輸送関連遺伝子については, 穿孔性種でのみ顕著に発現量が高いものがいくつか確認されたが, いずれの遺伝子も成体と幼生の間での発現量の差は大きくなかった。

これらの GPCR や炭酸脱水酵素, プロトン輸送関連遺伝子の一部はそれぞれ幼生の誘引・着底や穿孔のメカニズムに関わっている可能性があると考えられ, 今後, 詳細に検討する価値があるだろう。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計6件（うち査読付論文 6件/うち国際共著 2件/うちオープンアクセス 5件）

1. 著者名 Abe Hirokazu, Sato Okoshi Waka	4. 巻 1015
2. 論文標題 Molecular identification and larval morphology of spionid polychaetes (Annelida, Spionidae) from northeastern Japan	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 ZooKeys	6. 最初と最後の頁 1~86
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3897/zookeys.1015.54387	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 ABE HIROKAZU, SATO-OKOSHI WAKA	4. 巻 19
2. 論文標題 Novel symbiotic relationship between a spionid polychaete and Lingula (Brachiopoda: Lingulata: Lingulidae), with description of Polydora lingulicola sp. nov. (Annelida: Spionidae)	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Zoosymposia	6. 最初と最後の頁 103~120
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.11646/zoosymposia.19.1.13	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Malan, A., Williams, J.D., Abe, H., Sato-Okoshi, W., Matthee, C.A., Simon, C.A.	4. 巻 In press
2. 論文標題 Clarifying the cryptogenic species Polydora neocaeca (Annelida: Spionidae): a shell-boring invasive pest of molluscs from locations worldwide	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Marine Biodiversity	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 ABE HIROKAZU, HOSHINO OSAMU, YAMADA KAZUYUKI, OGINO TETSUYA, KAWAIDA SHUN, SATO-OKOSHI WAKA	4. 巻 5159
2. 論文標題 A novel symbiotic relationship between ascidians and a new tunic-boring polychaete (Annelida: Spionidae: Polydora)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Zootaxa	6. 最初と最後の頁 1~22
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.11646/zootaxa.5159.1.1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Abe Hirokazu, Kan Kotaro	4. 巻 10
2. 論文標題 Phylogenetic position of the enigmatic genus <i>Atherospio</i> and description of <i>Atherospio aestuarii</i> sp. nov. (Annelida: Spionidae) from Japan	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 PeerJ	6. 最初と最後の頁 e13909 ~ e13909
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7717/peerj.13909	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Sato-Okoshi Waka, Okoshi Kenji, Abe Hirokazu, Dauvin Jean-Claude	4. 巻 31
2. 論文標題 Polydorid species (Annelida: Spionidae) associated with commercially important oyster shells and their shell infestation along the coast of Normandy, in the English Channel, France	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Aquaculture International	6. 最初と最後の頁 195 ~ 230
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10499-022-00971-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計10件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 3件)

1. 発表者名 阿部博和
2. 発表標題 環形動物の環：幼生研究から広がる分類・生態・進化学
3. 学会等名 2021年日本ベントス学会・日本プランクトン学会 合同大会 日本ベントス学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 阿部博和, 伊藤 萌, 中嶋信美, 小林元樹
2. 発表標題 スピオ科多毛類 (環形動物門) 4種のミトコンドリアゲノム解析：系統的位置の推定と遺伝子配置の再配列
3. 学会等名 日本動物学会 第91回大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Sato-Okoshi, W, Okoshi, K, Dauvin, J.-C, Abe, H
2. 発表標題 Polydroid species (Annelida, Spionidae) associated with calcareous substrates from Normandy, France
3. 学会等名 13th International Polychaete Conference (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Abe, H, Yamada, K, Hoshino, O, Ogino, T, Kawaida, S, Sato-Okoshi, W
2. 発表標題 A novel symbiotic relationship between ascidians and an undescribed tunic-boring polychaete (Annelida: Spionidae: Polydora)
3. 学会等名 13th International Polychaete Conference (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 阿部博和
2. 発表標題 多様化・進化研究の材料としてのスピオ科多毛類
3. 学会等名 2019年日本ベントス学会・日本プランクトン学会合同大会 自由集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 阿部博和
2. 発表標題 日本産Spio属(環形動物門:スピオ科)の分類学的再検討
3. 学会等名 2019年日本ベントス学会・日本プランクトン学会合同大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Abe, H, Kondoh, T, Sato-Okoshi, W
2. 発表標題 Identification guide to the planktonic larvae of marine annelids in Japan
3. 学会等名 The Fourth Asian Marine Biology Symposium (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Sato-Okoshi, W, Abe, H, Kobayashi, G, Hsieh, H.-L, Chen, C.-P
2. 発表標題 Survey of the family Spionidae (Annelida) in North Taiwan
3. 学会等名 The Fourth Asian Marine Biology Symposium
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 海上智央・加藤雅文・青木美鈴・多留聖典・鈴木孝男・荒井美穂子・阿部博和・伊藤萌・金谷弦
2. 発表標題 石川県七尾湾海岸のベントス相
3. 学会等名 2019年日本ベントス学会・日本プランクトン学会合同大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 阿部博和・菅孔太郎
2. 発表標題 国内におけるAtherospio属未記載種（環形動物門：スピオ科）の報告とその系統的位置
3. 学会等名 2022年日本プランクトン学会・日本ベントス学会合同大会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
--	---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------