OUKA
The University of Osaka
Institutional Knowledge Archive

Title	HOST SWITCHING IN DICYEMIDS
Author(s)	中島, 大暁
Citation	大阪大学, 2026, 博士論文
Version Type	VoR
URL	https://doi.org/10.18910/105654
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

https://ir.library.osaka-u.ac.jp/

The University of Osaka

様式３

論　文　内　容　の　要　旨

氏　　名　（　　中島　大暁　　）	
論文題名	HOST SWITCHING IN DICYEMIDS (ニハイチュウのホストスイッチ)

論文内容の要旨

二胚動物門ニハイチュウ（Dicyemida）は、底生の頭足類軟体動物、特にタコ類およびコウイカ類の腎嚢内に生息する内部共生生物として、最も一般的かつ最も特徴的な存在である。
通常、単一の宿主個体内には 2 種または 3 種のニハイチュウ類が共存しており、ほとんどのニハイチュウ類は高度な宿主特異性を示す。
一般に、宿主特異的な寄生生物は、分散や新規宿主への定着を妨げる生態学的障壁によって、利用可能な宿主種の範囲が制限されるため、反復的な共進化（co-speciation）の結果として、宿主と寄生者の系統関係は一致すると予想されることが多い。
しかし実際には、宿主と寄生者の系統が一致しない事例が頻繁に認められており、これは宿主転換、絶滅、その他のマクロ進化的過程によって説明される。
本研究では、ニハイチュウ類の進化史およびそれらと頭足類宿主との関係を、宿主と寄生者の系統を比較することによって検討した。
日本近海に分布する底生頭足類 20 種、すなわち 十腕形上目Decapodiformes に属する 8 種および 八腕形上目 Octopodiformes に属する 12 種からニハイチュウ類を採集した。
ミトコンドリア cytochrome c oxidase subunit 1（COI）遺伝子の全長配列を用いて、Dicyemidae 科に属する 4 属を代表する 37 種のニハイチュウ類について分子系統樹を再構築した。
COI アミノ酸配列解析に基づいて推定された系統樹は一貫して、ニハイチュウ類が 3 つの主要クレードに分かれることを示した。
さらに、最も種数が多く一般的に認識されている 2 属である Dicyema および Dicyemennea が、それぞれ単系統群を形成しないことが明らかとなった。
これらの結果は、形態形質に基づく現行の分類体系が、これら 2 属の進化的関係を適切に反映していないことを示している。
加えて、系統パターンは、ニハイチュウ類の分化および種形成が単一の宿主種内で頻繁に生じ、同一宿主内に近縁種が集積することを示唆している。
さらに、本研究で再構築された系統関係は、Octopodiformes と Decapodiformes という 2 つの主要な頭足類系統群間、あるいはそれぞれの系統群内において、複数回の宿主転換が生じた可能性を示している。
これらの知見を総合すると、ニハイチュウ類の多様化は、厳密な宿主―寄生者共進化のみによって進行したのではなく、宿主内種分化と宿主転換が組み合わさった過程によって進行してきたと考えられる。
本研究は、多数のニハイチュウ類種および属を対象とした分子系統解析に基づき、頭足類宿主との関係を含めたニハイチュウ類の多様化過程を評価した初めての包括的研究である。

様式 7

論文審査の結果の要旨及び担当者

氏　名	（ 中島　大暁 ）	
論文審査担当者	（職）	氏　名
	主 査　教 授	古屋　秀隆
	副 査　教 授	志賀　向子
	副 査　准教授	今井　薫

論文審査の結果の要旨

申請者が研究対象とした二胚動物門ニハイチュウ類（Dicyemida）は、底棲性頭足類の腎嚢に寄生する特異な多細胞動物である。本類は、動物の中でも最小限の細胞数によって体が構成され、明瞭な組織分化や器官を欠くことから、長らく動物の起源や多細胞化の過程を考察する上で重要な研究対象とみなされてきた。一方で、その極端に単純な体制は寄生生活に適応した結果として生じた退化形態であるとの見解も示され、ニハイチュウ類の進化的位置づけをめぐる議論はおよそ 150 年にわたって続いてきた。近年の研究により、ニハイチュウ類の単純な体制は、寄生生活への適応に伴う著しい形態的単純化の結果であると結論づけられている。しかしながら、ニハイチュウ類がいかなる自由生活性の祖先を起源とするのか、また頭足類を宿主として選択して以降、現在に至るまでの進化過程については、依然として不明な点が多く残されている。

本研究は、イカ類およびタコ類を含む頭足類が共通祖先から種分化していく過程において、ニハイチュウ類がいつ、いかなる頭足類系統を宿主として獲得したのか、また頭足類の種分化プロセスの中で、両者がどのような関係性を築きながら共進化あるいは独立的に種分化してきたのかを明らかにすることを目的とした。

本研究で解析したニハイチュウ類は、Dicyemidae 科に属する 4 属（*Dicyema*、*Dicyemennea*、*Dicyemodeca*、*Pseudicyema*）にわたり、ニハイチュウ類の主要系統を広く網羅している。系統解析には、ミトコンドリア COI 遺伝子全長配列に基づく分子系統解析を用い、主要クレードの同定ならびに属間関係の再構築を初めて包括的に示した。

本研究は、ニハイチュウ類を代表する Dicyemidae 科 4 属（*Dicyema*、*Dicyemennea*、*Dicyemodeca*、*Pseudicyema*）の系統的位置を明確にし、150 年以上にわたり用いられてきた伝統的な形態学的分類手法が、必ずしも遺伝的関係を正確に反映していないことを示した点に大きな意義がある。本成果は、ニハイチュウ類の分類体系の再編成を強く示唆するものであり、同分類群の分類学的基盤を大きく前進させる重要な知見である。

さらに本研究の特筆すべき点として、宿主情報を分子系統樹上に統合することにより、ニハイチュウ類の進化が単純な宿主との共種分化のみでは説明できないことを明らかにした点が挙げられる。すなわち、宿主内での種分化に加えて、高頻度の宿主転換を伴いながら進行してきた進化過程を、分子系統学的に実証した。とりわけ、頭足類の主要分類群である *Octopodiformes* と *Decapodiformes* をまたぐ宿主転換の存在を明らかにしたことは、寄生生物における宿主特異性への適応が、従来想定されていた以上に動的であることを示唆する重要な成果である。また、寄生生物は共種分化を基本としつつも、特定の宿主への過度な依存による共倒れ的絶滅を回避するため、機会があれば感染可能な他の宿主へと移行する柔軟な進化的性質を有することが、本研究により明確に示された。

以上の研究成果は、これまで十分に検討されてこなかったニハイチュウ類の系統進化像を分子系統学的解析によって再構築するとともに、寄生生物の宿主利用戦略およびその進化過程を理解する上で、重要な学術的貢献をなすものである。よって、本論文は博士（理学）の学位論文として十分価値あるものと認める。