

(続紙 1)

| | | | |
|---|--|----|-----------------------------------|
| 京都大学 | 博士 (理学) | 氏名 | Liesbeth Martina Frias Villarroel |
| 論文題目 | Host-parasite community interactions in a human-modified habitat | | |
| (論文内容の要旨) | | | |
| <p>Parasites contribute greatly to biodiversity but we still lack coverage of parasites in wildlife across both their geographic and host ranges. My thesis uses Bornean primates and their gastrointestinal helminth parasites as a model system to: 1) describe host-parasite community associations in a key study system that lacks such information; 2) determine patterns of host specificity and generalism by exploring the extent to which parasites are shared across hosts; and, 3) identify factors that influence the diversity and distribution of parasites in a human-modified landscape – the Kinabatangan floodplain – in Sabah, Malaysia. By using several measures of parasite infection as proxies for parasite diversity and distribution, this work suggests that most parasite species infect most primate species, parasite infracommunities of nocturnal primates differ from the others, reflecting both phylogenetic and ecological constraints, and that the most abundant parasites reported within the community are soil-transmitted helminths. After cataloguing the community of parasites infecting primates in the study area, I conducted molecular analyses to characterize the genetic structure of three parasite groups with different life history traits. First, pinworms are known for their restricted host ranges and limited dispersal. Despite the morphological similarities between pinworms infecting lemurs and those infecting slow lorises (<i>Nycticebus menagensis</i>), my phylogenetic data supports a closer association between slow loris pinworms and those infecting Old World primates outside Madagascar. Such results force reconsideration of the placement of this parasite in the pinworm phylogeny. In contrast to pinworms, parasites of the genera <i>Strongyloides</i> and <i>Oesophagostomum</i> seem able to infect multiple host species and disperse widely. I show that the genus <i>Strongyloides</i> has a greater diversity than previously thought, exhibiting patterns of both host generalism and host specificity; <i>Strongyloides</i> spp. are generally shared throughout the host community except for the variant infecting slow lorises, which probably reflects a new parasite species. Conversely, parasites of the genus <i>Oesophagostomum</i> show little to no parasite genetic substructuring. Finally, I constructed statistical models to explore factors contributing to variation in STH diversity and distribution. Models show that STH richness is lower in areas with greater habitat disturbance, while primate diversity was associated with lower STH abundance. These results indicate that diverse host communities can depress parasite populations, i.e. biodiversity dilutes infection risk. At the same time, habitat disturbance may pose a threat not only to free-living species but also to the parasites that depend on them. Through a community-level approach, this thesis attempts to reduce the knowledge gap on what we currently know about primate parasitism in natural systems. In addition to cataloging the drivers of parasite diversity and distribution, understanding patterns of host specificity and generalism is critical to our ability to predict how anthropogenic change is impacting and will continue to impact host-parasite associations.</p> | | | |

(続紙 2)

(論文審査の結果の要旨)

熱帯雨林には複数の霊長類が同所的に棲息している場所があり、そこでは宿主のみならずその寄生虫をも含めたコミュニティが形成されており、特有の宿主-寄生体関係が成立していると考えられる。しかし、それら寄生虫の種間関係はおろか、各種霊長類の寄生虫相に関する報告もほとんどない。本研究は、マレーシア、ボルネオ島東部のキナバタンガン川下流の氾濫原において、同所的に棲息する野生霊長類の腸管内寄生蠕虫の調査を行い、宿主-寄生体関係を明らかにしたものである。

第1章では、宿主と寄生虫の群集生態学について膨大な引用文献を用いて概説するとともに、調査地の地理的特徴、人為的攪乱の程度、棲息する霊長類について概要をまとめた。

第2章では、夜行性の霊長類を含む同所的に棲息する7種類の霊長類について、糞便検査法をもちいて寄生虫蠕虫相を調べた。野生のミナミブタオザル、シルバールトン、メガネザルからの寄生蠕虫類の調査報告は、本研究が初めてである。虫卵の形態から種を推定した結果、昼行性霊長類の寄生蠕虫のほとんどが複数種の霊長類に寄生している、すなわちgeneralistであることが明らかとなり、特に *Strongyloides*、*Oesophagostomum*、*Trichuris*は寄生率が高かった。

第3章では、スローロリスの蠕虫に焦点を絞り、形態学的・分子遺伝学的にその特徴をしらべた。その結果、スローロリスの蠕虫は、形態的にはキツネザル類に寄生している *Lemuricola* 属とよく似ていたが、系統的にはむしろオナガザル類に寄生している *Enterbius* 属に近く、新属・新種と考えられた。

第4章と第5章では、寄生率の高かった *Strongyloides* と *Oesophagostomum* について、分子遺伝学的手法を用いて、多様性を調べた。その結果、昼行性の霊長類に寄生している *Strongyloides* はすべて *S. fuelleborni* であるが、種内で3つのグループに分かれることが明らかとなった。また、スローロリスの *Strongyloides* は、*S. fuelleborni* とは大きく離れており、むしろヒトに寄生する *S. stercoralis* と近縁であることが明らかとなった(4章)。一方、昼行性霊長類5種に寄生していた *Oesophagostomum* はすべて *O. aculeatum* であったが、*Strongyloides* の場合とは異なり、種内で明瞭なグループは認められなかった(5章)。

第6章では、*Strongyloides*、*Oesophagostomum*、*Trichuris* の3種の土壤伝搬線虫について、人為的攪乱を受けた生息環境が宿主-寄生体関係にどのような影響を与えているかを検討するため、統計モデルを作製した。その結果、それら蠕虫の寄生数は、生息域破壊による宿主の生息数の減少より、外界での生活の場となる土壌の状況に、より強く影響されることが明らかとなった。

申請者によって得られた結果は、同所的に棲息する霊長類の腸内寄生蠕虫に関する多くの新しい知見をもたらしただけでなく、宿主-寄生体関係の理解に新たな方向性を与えるものである。またこの研究は、寄生虫と宿主との共進化のメカニズムの解明にも寄与するものであり、さらには野生動物の保護管理にも貢献する学際的なものである。よって本論文は、博士(理学)の学位論文として価値あるものと認める。

平成30年12月19日、論文内容とそれに関連した事項について試問を行い、その結果、合格と認めた。なお、本論文は、京都大学学位規程第14条第2項に該当するものと判断し、当該論文の全文に代えてその内容を要約したものを公表する。