

(続紙 1)

京都大学	博士（理学）	氏名	Kenneth Keuk
論文題目	Ecological drivers of parasite transmission: Modeling infection at different scales （寄生虫感染の生態的要因：異なるスケールのモデリング）		
（論文内容の要旨）			
Infectious diseases pose a persistent threat to biodiversity and human health, a challenge intensified by the accelerating pressures of the Anthropocene. As ecosystems are reshaped by climate change, biological invasions, habitat loss, and biodiversity decline, the rules governing parasite transmission are shifting. Environmentally transmitted parasites are of particular concern because their life cycles bridge the external physical landscape and internal host biology, making them sensitive to a wide array of ecological drivers. Here, the candidate examined the mechanisms regulating parasite transmission by contrasting two systems: a simple, single-host system involving an invasive population of raccoon dogs (<i>Nyctereutes procyonoides</i>) in Yakushima, Japan, and a complex, multi-host system involving sympatric primates in the Lower Kinabatangan Wildlife Sanctuary, Borneo. Three questions guided this work: (1) do abiotic forces or host behavior dominate transmission in single-host systems? (2) how do host community structure and habitat quality shape parasite genetic diversity in complex communities? and (3) can these scale- and context-dependent drivers be integrated into a unified predictive framework? To address these questions, he combined field surveys, parasitological screening, and molecular analyses of nematode parasites. First, he tested whether communal latrine use by invasive raccoon dogs created hotspots of <i>Toxocara tanuki</i> infection. Using spatio-temporal Bayesian GLMMs, He found that infection risk was effectively decoupled from measured differences in defecation rates, contrary to expectations of density-dependent transmission driven by latrine contamination. Instead, topographical features that promote water flow, especially following intense rainfall, were linked to reduced parasite abundance, consistent with a “flushing” effect in which infective stages are washed away from deposition sites. Thus, the physical landscape can impose a hard abiotic constraint on transmission, increasing vulnerability to stochastic environmental forcing and overriding regulation by host defecation patterns. In parallel, he investigated drivers of parasite genetic diversity in the generalist nematode <i>Oesophagostomum aculeatum</i> circulating among Bornean primates. Using high-throughput sequencing to resolve diversity as Amplicon Sequence Variants (ASVs), he tested whether host diversity regulates parasite diversity. Environmental seasonality remained important, with wet seasons increasing ASV richness, but host community structure also mattered: locations with higher primate diversity supported lower parasite ASV richness, indicating a genetic dilution effect. Season, habitat quality, and host species further influenced ASV composition. These results suggest that in intact ecosystems host communities can buffer transmission by limiting proliferation of parasite lineages via less susceptible hosts. Overall, this research shows that drivers of parasitism are not fixed but depend on scale and context, reflecting both physical environments and host community structure. The findings align with a nested ecological filters model, in which parasites must pass an environmental encounter filter and a biological compatibility filter, with dominance determined by the bottleneck: in Yakushima, abiotic encounter constraints outweighed local host dynamics captured by latrine use, whereas in Borneo, seasonality and compatibility-related filters linked to habitat quality and host diversity shaped outcomes among parasite variants. Recognizing these regimes is essential for One Health surveillance, which should move beyond static prevalence snapshots toward longitudinal, multi-layered datasets that capture infection dynamics and the stability of their ecological drivers.			

(続紙 2)

(論文審査の結果の要旨)

本博士論文は、環境変化（気候変動・外来種の侵入・生物多様性低下）が寄生虫伝播に与える影響を、「どのスケールで、どの要因が支配的になるかは文脈依存で切り替わる」という視点で統合的に検討した研究である。特に、単一宿主に近い単純系（屋久島の侵入タヌキ＋環境伝播線虫）と、多宿主からなる複雑系（ボルネオの霊長類群集＋消化管線虫）を対照させ、最後に一般化枠組みへ接続している点が特色である。

第2章では、共同糞場（latrine）が感染ホットスポットになるという行動生態学的仮説を、環境条件と並べて検証した。大規模なフィールドサーベイ（糞場92か所、糞便289検体）から有病率・単位重量当たり虫卵数の分布を示し、糞場利用の強度だけでは局所的な卵密度やリスクを十分説明できないことを報告した。その上で、地形（傾斜等）と降雨が相互作用して卵を「洗い流す（flushing）」ことで、糞場由来の汚染が空間的に低減し、行動によるホットスポット形成がマスクされ得る、という機構的解釈を提示している。本章の意義は、感染リスクを宿主行動だけで説明しがちな枠組みに対し、水文・地形といった非生物過程が決定的な制約として働き得ることを、侵入種問題と結びつけて具体化した点にある。

第3章では、宿主群集の多様性が寄生虫の「遺伝的多様性」にどう影響するかを、ITS2領域のハイスループット解析により検討した。250検体を対象に、蠕虫類が実質的に *O. aculeatum* 単一であることを確認した上で、ASV（アンプリコン配列変異）を用いて多様性指標を評価した。結果として、雨季にASVリッチネスが増加し、さらに霊長類多様性が高い地点ほど雨季のASVリッチネスが低いというパターンを示し、遺伝的レベルでのdilution effectの可能性を提案している。本章の意義は、寄生虫の「種数」ではなく「系統・遺伝的多様性」に焦点を当て、季節性と群集構造の相互作用として整理した点にあり、生物多様性と感染の関係をより精緻に議論する基盤を提供している。

第4章では、伝播を「遭遇（encounter）フィルター」と「適合（compatibility）フィルター」からなる入れ子状の“生態学的フィルター”として整理し、どのフィルターがボトルネックになるかが系・スケール・状態（例えば個体群動態）により変わる、という一般化を試みている。この意義は、個別事例の羅列に留まらず、感染過程を分解して比較可能な概念枠組みに落とし込んだ点であり、将来の予測研究や管理介入（どの段階を操作すべきか）の設計にも接続し得る。

本論文は「行動・群集・環境」の階層をまたいで寄生虫伝播を説明し、社会生態学と疾病生態学の接点を、対照系と統合概念によって強く押し出した研究として評価できる。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。また、令和8年1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、その結果をもって令和8年1月22日に霊長類学・野生動物系教員会議で合格と認めた。

要旨公表可能日： 年 月 日以降