

# ナンキョクオキアミに寄生する原生生物真グレガリナの分子系統学的解析

高橋邦夫<sup>1</sup>、斎藤憲二<sup>2</sup>

<sup>1</sup> 国立極地研究所

<sup>2</sup> 国立遺伝学研究所

## Phylogenetic analysis of eugregarinid protozoan *Cephaloidophora pacifica* within the digestive tract of Antarctic krill

Kunio T. Takahashi<sup>1</sup> and Kenji Saito<sup>2</sup>

<sup>1</sup>National Institute of Polar Research

<sup>2</sup>National Institute of Genetics

The Antarctic krill, *Euphausia superba*, is a key species in pelagic food webs of the Southern ocean. The gregarined protozoan, *Cephaloidophora pacifica* Avdeev (Order Eugregarinorida, Family Cephaloidophoridae), has previously been found in the digestive tract of Antarctic krill. Their heavy infections in the mid-gut gland are pathogenic and significantly compromise host nutrition. Therefore, their parasites have the potential to physiologically harm the host causing reduced growth. *C. pacifica* was placed among the eugregarines exclusively on the basis of morphological features and part of their developmental biology in the host digestive tract. Their phylogenetic position has not been analyzed yet. Recently, studies of small subunit ribosomal DNA (SSU rDNA) proved to be highly informative for phylogenetic studies and species identification. Sequences of SSU rDNA have also been used extensively to examine the phylogenetic relationships among apicomplexan parasites. The objective of the present study was to determine phylogenetic relationship between *C. pacifica* and other gregarine and apicomplexan parasites, based on the sequences of SSU rDNA.

ナンキョクオキアミ (*Euphausia superba*) の消化管内に寄生する原生生物真グレガリナ (*Cephaloidophora pacifica*) は南極海に普遍的に分布し、その寄生数は宿主の体サイズに起因することが明らかとなっている。彼らの大量寄生は宿主の中腸腺や消化管内壁に損傷を与えることが認められており、宿主の栄養摂取や消化効率のような生理的に害を及ぼすことで、成長を阻害している可能性がある。*C. pacifica* は形態学的特徴および宿主の消化管内における挙動から、真グレガリナ (Eugregarinorida) に属するとされている。近年、遺伝子情報を用いた正確な種同定として small subunit ribosomal DNA (SSU rDNA)を用いた系統解析が注目されている。これまでに SSU rDNA の分析手法は真グレガリナが属するアピコンプレックス類の系統的關係を調査する目的で広く用いられてきている。そこで本研究では SSU rDNA を用いて *C. pacifica* と他のグレガリナ属、またアピコンプレックス類との間の正確な分子系統学的關係を決定することを目的とし、遺伝子解析を実施した。