

報道関係者各位

国立大学法人 筑波大学

珍渦虫はもともと単純か複雑か  
—まだ続く珍無腸動物門の系統樹上の放浪—

研究成果のポイント

1. 珍無腸動物門は、左右相称動物の中で初期に分岐したグループだという説もあり、その単純な構造は、多くの動物の共通祖先の特徴を残している可能性もあります。
2. その珍無腸動物門について、新たに得られたゲノムのデータを用いて分子系統解析を行った結果、棘皮動物と半索動物からなる水腔動物と近縁であることが支持されました。
3. このことは、珍無腸動物門の単純な構造は、より複雑な祖先から二次的に単純化して進化してきたことを示唆します。

筑波大学生命環境系下田臨海実験センター中野裕昭准教授ほか、世界11カ国25名からなる研究グループは、新たに解読した珍渦虫や無腸動物のゲノムデータ等を使用した大規模なゲノム系統学的解析の結果に基づき、珍渦虫と無腸動物からなる珍無腸動物門は左右相称動物の中で初期に分岐したグループではなく、水腔動物と近縁であることを報告しました。

珍無腸動物門は、肛門、体腔、腎臓などの排出器官等を欠いた非常に単純な体を持つ海生動物です。他の動物との進化学的、系統学的関係は解明されておらず、ヒトも含む新口動物の一員であるという「新口動物説」と、左右相称動物の中で初期に分岐したグループであるという「祖先的な左右相称動物説」の2つの説が唱えられています。2016年の後者を支持する報告以来、その単純な構造は多くの動物の共通祖先の特徴を残していると考えられてきましたが、新しいデータや解析法による検討が待たれていました。本研究では新たに珍無腸動物門6種の核ゲノムデータ、および4種のトランスクリプトームデータを得て、これまでに公表されているデータと合わせてゲノム系統学的解析を行いました。その結果、珍無腸動物門は左右相称動物の中で初期に分岐したグループであるという「祖先的な左右相称動物説」は支持されず、新口動物の中でも水腔動物（棘皮動物と半索動物）と姉妹群を形成することが支持されました。

このことから、珍無腸動物門の単純な体は共通祖先の特徴を残しているのではなく、複雑な体の祖先から単純化して生じた可能性が示唆されました。今後は、本研究成果の検討・信頼性の確認が進み、珍無腸動物門の系統学的位置やその進化過程、及び左右相称動物の起源が解明されることが期待されます。

本研究は、2019年5月16日に「Current Biology」誌でオンライン先行公開されました。

\*本研究は、日本学術振興会の科学研究費補助金の支援で実施されました。

## 研究の背景

無腸動物と珍渦虫はどちらも肛門、体腔、腎臓などの排出器官を欠いた非常に単純な体制を持つ海産無脊椎動物です。

無腸動物：長い間、プラナリアなどの扁形動物門に含まれていましたが、分子系統解析の結果から、左右相称動物<sup>(注1)</sup>の中で最初に分岐した動物とみなされていました。

珍渦虫：1949年に初めて科学的に記載された際は、無腸動物同様プラナリアなどの扁形動物門に含まれていましたが、その単純な体制なために他の動物との類縁関係が長い間、謎でした。分子系統解析の結果、2003年以降は新口動物の一員であるという説が有力でしたが、2009年には、左右相称動物の中で最初に分岐した無腸動物と近縁であるという説が唱えられていました。

2011年に中野らが発表した論文では、珍渦虫と無腸動物は互いに近縁であり、新たな動物門<sup>(注2)</sup>「珍無腸動物門」を形成すること、そして、その新しい動物門は、DNAの塩基配列の大規模な解析などから、現在生きている動物の中では、むしろヒトを含む脊索動物<sup>(注3)</sup>に比較的近縁（従って、新口動物の一員）であることが示唆されました。一方で、2016年に発表された論文では、珍無腸動物門は左右相称動物の中で最初に分岐した動物であるとの報告もあり、その結果、珍渦虫や無腸動物を研究することで、左右相称動物の祖先に迫れるのではないかとみなされ、これらの動物の進化学的な研究が盛んになっていました。しかしながら、珍無腸動物と他の動物との類縁関係については、さらにデータを増やし、さらなる検討が必要であると考えられていました。

## 研究内容と成果

本研究では、新たに珍渦虫1種 (*Xenoturbella bocki*) と無腸動物5種 (*Symsagittifera roscoffensis*, *Meara stichopi*, *Nemertoderma westbladi*, *Pseudaphanostoma variabilis*, *Praesagittifera naikaiensis*) の核ゲノムの情報、及び珍渦虫1種 (*X. bocki*) と無腸動物3種 (*S. roscoffensis*, *Paratomella rubra*, *Isodiametra pulchra*) のトランスクリプトーム<sup>(注4)</sup>のデータを得て、これらのデータと、これまでに公表されているデータを合わせて、大規模なゲノム系統学的解析を行いました。また、長枝誘引<sup>(注5)</sup>の原因となるような遺伝子や種を除外するなど、より正確な系統関係を求めるような工夫も行いました。その結果、珍無腸動物門は左右相称動物の中で最初に分岐した動物である説ではなく、新口動物の一員である水腔動物（棘皮動物と半索動物）<sup>(注6)</sup>と近縁である説が支持されました（図1）。

## 今後の展開

珍無腸動物が左右相称動物の中で最初に分岐した動物であるという説に基づいて、その単純な体は左右相称動物の祖先の単純な体を保持していると考えられ、多くの研究や議論がされてきました。しかし、本研究で支持されたように、珍無腸動物が水腔動物の姉妹群であった場合、その単純な体は、体腔や肛門などを持っていた、より複雑な体の祖先から、いろいろな器官を失うことで生じてきたことが示唆されます。従って、これまで珍無腸動物門の研究成果を元に提唱されてきた左右相称動物の起源や進化に関する仮説は、すべて見直しが必要になります。

また、複雑な祖先からの単純化は、これまでに寄生性や固着性、または1mm以下のとても微小な動物では報告されているものの、珍無腸動物はどれにも当てはまりません。珍無腸動物を研究することで、新たな動物の単純化の機構がわかるかもしれません。

しかし、珍無腸動物の系統学的位置がこれで決着がついたわけではないと考えます。例えば、本研究成果では、新口動物の単系統性が支持されていません。このこと自体は脊索動物、水腔動物、珍無腸動物、

旧口動物の分岐が進化上、比較的短期間で起こったことを示しているかもしれませんが、さらなる検討が必要です。今後、珍無腸動物門のゲノム情報をさらに充実させることや、ゲノム系統学的手法をより発展させること、及び珍無腸動物門の形態学や発生学的知見を増やすことで、珍無腸動物の系統学的位置やその進化過程、及び左右相称動物全体の祖先が解明されることが期待されます。それに貢献できるよう、2017年に中野らが新種として報告した、日本近海に生息する珍渦虫 *X. japonica*<sup>(注7)</sup>の研究も継続して行っていく予定です。

参考図

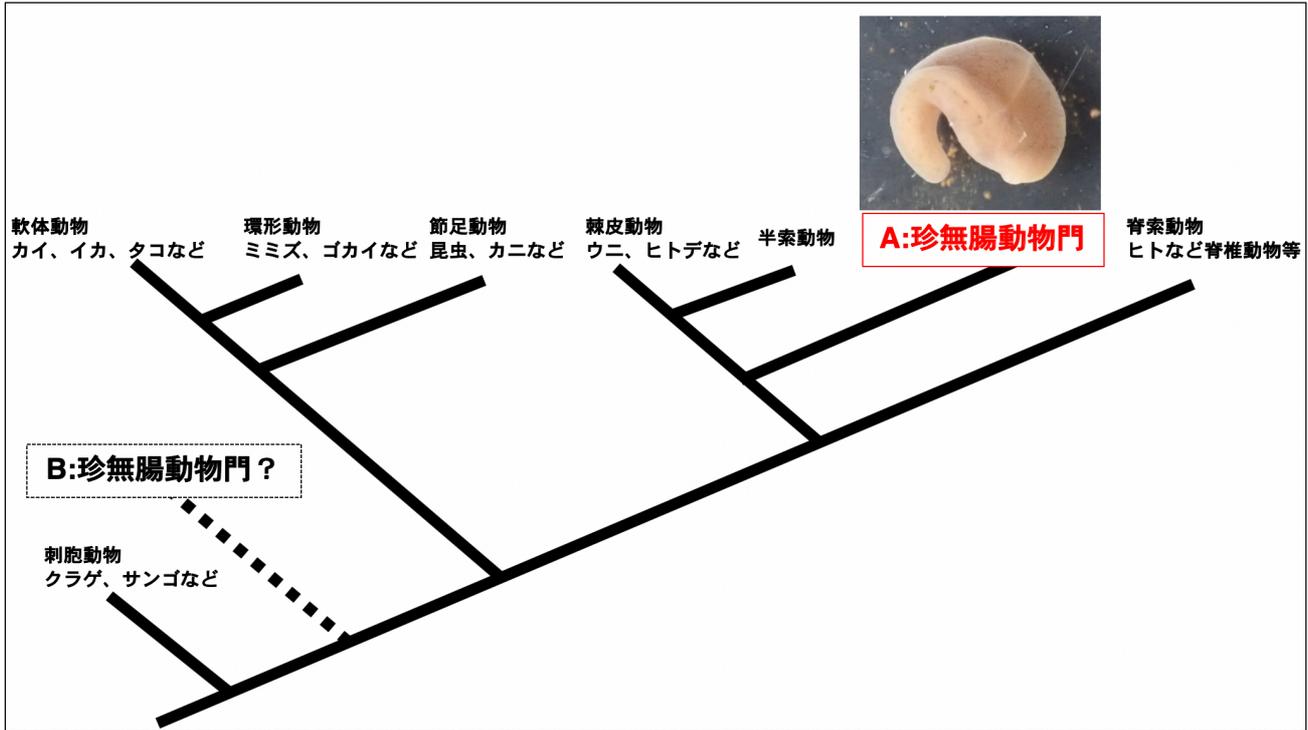


図1：珍無腸動物門と他の動物との類縁関係。本研究では、現在生きている動物の中で、棘皮動物や半索動物に近縁であるという説(A)が支持された。それに対し、2016年の論文等では、左右相称動物の根元で分岐した動物であるという説(B)が提唱されていた。写真は日本近海に生息する珍渦虫 *Xenoturbella japonica*。

用語解説

注1) 左右相称動物

脊椎動物を含め、現在地球上に存在する多くの動物が含まれるグループ。現在約35の動物門が存在するとされているが、左右相称動物に含まれないのは4つだけである（海綿動物、クシクラゲなどの有櫛動物、センモウヒラムシなどの平板動物、クラゲ、イソギンチャク、サンゴなどの刺胞動物）。

注2) 珍渦虫と無腸動物からなる新しい動物門「珍無腸動物門」を提唱した論文。

Philippe H, Brinkmann H, Copley RR, Moroz LL, Nakano H, Poustka AJ, Wallberg A, Peterson KJ & Telford MJ. Acoelomorph flatworms are deuterostomes related to *Xenoturbella*. *Nature* 470: 255–258 (2011) doi:10.1038/nature09676

注3) 脊索動物

いわゆる脊椎動物と、ホヤを含む尾索動物、ナメクジウオを含む頭索動物からなるグループ。

注4) トランスクリプトーム

ある時点で細胞のなかに存在しているすべてのRNAのこと。これを調べることで、その細胞で働いている遺伝子を知ることができる。

注5) 長枝誘引

進化速度が速い（ゲノム上の塩基配列が他と比べて多く変化してきた）動物や遺伝子では、分子系統解析の際に正しい系統関係が示されないこと。

注6) 棘皮動物と半索動物

棘皮動物にはウニ、ナマコ、ヒトデなどが含まれる。半索動物にはギボシムシなどが含まれる。

注7) 日本近海に生息する珍渦虫の新種 *Xenoturbella japonica* を報告した論文。

Nakano H, Miyazawa H, Maeno A, Shiroishi T, Kakui K, Koyanagi R, Kanda M, Satoh N, Omori A & Kohtsuka H. A new species of *Xenoturbella* from the western Pacific Ocean and the evolution of *Xenoturbella*. *BMC Evolutionary Biology* 17: 245 (2017)

doi:10.1186/s12862-017-1080-2

掲載論文

【題名】 Mitigating Anticipated Effects of Systematic Errors Supports Sister-Group Relationship between Xenacoelomorpha and Ambulacraria

（系統誤差の予想される影響を軽減することで、珍無腸動物門と水腔動物の姉妹群関係が支持される）

【著者名】 Herve Philippe（フランス）他 24 名（日本の機関所属の著者は 3 機関計 3 名）

【掲載誌】 Current Biology（DOI: 10.1016/j.cub.2019.04.009）

問合わせ先

中野 裕昭（なかの ひろあき）

筑波大学 生命環境系 下田臨海実験センター 准教授