



令和 7年 11月 20日

国立大学法人島根大学
和歌山工業高等専門学校
情報・システム研究機構国立遺伝学研究所

コウモリダコの巨大ゲノムの解読に成功 ～深海生物のゲノム多様性について新たな知見～

■本研究のポイント

- ・コウモリダコ *Vampyroteuthis infernalis* の全ゲノム配列を解読し、これまでに知られている動物で3番目に大きく、頭足類(イカとタコの仲間)では最大級の約 12 Gbp (ギガ塩基対)の巨大ゲノムを持つことを明らかにした。
- ・コウモリダコのゲノムは長鎖散在反復配列(LINE)という機能のない転移因子の増幅によって巨大化しており、この特徴はタコよりもむしろイカ類に類似していた。
- ・コウモリダコのゲノム構造と核型構成は頭足類の祖先的特徴を保持しており、タコ類が大規模な染色体融合と再編成を経て進化したことを示している。
- ・これらのことから、タコはイカのような生物から進化したことが示唆される。

◆概要

コウモリダコは中生代に繁栄した古いタコの系統の生き残りで、現在は深海に生息している希少な種類です。今回日本近海で得られたコウモリダコの全ゲノム配列を世界で初めて解読しました。

コウモリダコのゲノムは、他のタコと比べて巨大化しており、想定外に巨大な 12 Gbp であることがわかりました。コウモリダコのゲノムは LINE という機能のない転移因子の増幅によって巨大化しており、この特徴はタコよりもむしろイカ類に類似しているものです。また、遺伝子シンテニー解析を用いたゲノム比較においても、タコよりもイカ類と似た痕跡が発見されました。コウモリダコはタコ類に分類されるものの、両系統に先立つ古代の遺伝的特徴を維持していることが明らかとなりました。これは現代のイカとタコ類がどのように進化してきたかを調べるミッシングリンクを埋める研究となります。

■研究の背景

コウモリダコ(*Vampyroteuthis infernalis*)は深海の中で最も謎めいた生物の一つとして知られています。暗色の体、赤や青に輝く大きな眼、腕の間に広がるマントのような膜を持つその姿から名付けられた学名は、直訳すると”地獄の吸血イカ”になりますが、見た目の物々しい名前とは裏腹に血を吸うことはなく、深海のスローライフに適応しています。彼らの主食は、上層から降る有機粒子の集合体・マリンスノーで、伸縮自在のフィラメントに粘液をまとわせ、粒子を腕の膜で集めて摂餌する様子が確かめられています。これは知られている限り、他のイカ・タコには見られない独特の採餌法です。また、コウモリダコの生息地は酸素が極端に少ない酸素極小層であり、ここで無駄なく生

き抜くため、代謝が際立って低く抑えられている特徴をもつ、興味深い生物です。系統的には、イカ（十腕形類）とタコ（八腕形類）の中間に位置するコウモリダコ型類の唯一の現生種であり、両者の分かれ目を語る鍵生物です。

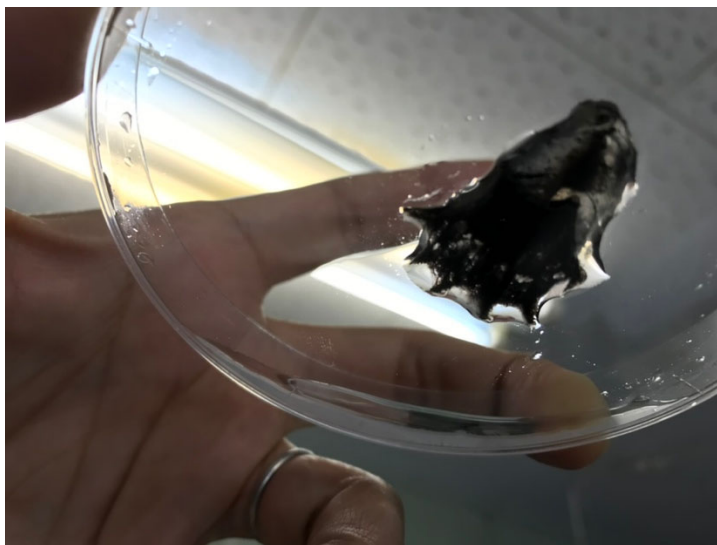


図1 この研究に用いたコウモリダコの標本

■研究の成果

今回、東海大学の実習船で得られたコウモリダコの新鮮な生体を提供してもらい、先進ゲノム解析研究推進プラットフォームの支援で、国立遺伝学研究所が持つ DNA シーケンス解析機器を用いてコウモリダコのゲノム配列を解読することに成功しました。コウモリダコのゲノムは、他のタコと比べて巨大化しており、想定外に巨大な約 12 Gbp であることがわかりました。これはヒトゲノム(30 億塩基対)の約 4 倍の大きさであり、これまでに解析された無脊椎動物のゲノムとしては最大級です。

生物のゲノムサイズ(ゲノムの DNA 量)が、その生物の複雑さや生物種によって決まるわけではなく、遺伝子の数や複雑性もゲノムサイズの大きさと比例しないことが多いです。例えば、ヒトよりもカエルのゲノムサイズが大きいといった例が知られており、C 値のパラドックスと呼ばれています。これは、ゲノムの塩基配列全体が遺伝子として機能しているわけではないことにより、生物の複雑性はゲノムサイズや遺伝子の数だけでは決まらないことを示しています。コウモリダコにおいては、他のタコ類と比べて大きく遺伝子数は変わることはなく、そのゲノムは自己のコピーを増やす性質を持つ転移因子、特に LINE が大幅に増加したことで巨大になっていることがわかりました。

その一方で、ゲノム上に並んでいる遺伝子は他のイカ・タコ類の間で驚くほど保存された構造を示していることもわかりました。ゲノム上の遺伝子の並びを比較する遺伝子シンテニー解析によると、コウモリダコの遺伝子の並びはヤリイカやソデイカといったイカ類のゲノムと一対一で対比することが可能であることが見出されました。この保存されたゲノム構造によると、コウモリダコはタコに分類されるものの、両系統に先立つ頭足類進化の最も初期段階を保持しているものと推定されます。

今回の研究結果は、巨大ゲノムを高品質に読み解くことで、タコとイカの共通祖先が従来考えられていたよりもイカに近い形態であったことが示されました。イカに近い核型の面影を保つコウモリダコゲノムを基準に据えることで、現生タコ類の染色体がどのように“派生形”へと移り変わったのかを見通すことが可能になります。このため、コウモリダコは「ゲノムの生きていた化石」ともみなすことができ、つまり進化の過去における重要な特徴を保持した古代系統の現代的な代表種であることが明らかとなりました。

■今後の展望

本研究から得られた意外な発見として、深海性の頭足類が古代に起こったゲノム進化の特徴を長年に渡って保持していたことです。これは、さらに古い系統であるオウムガイ (*Nautilus pompilius*) のゲノムにおいても同様で、保存されたゲノム構造を持つことと共通しています。つまり、深海に生息する「生きた化石」のゲノム解読は、古い時代に起こったゲノム進化の手がかりとして、現生の頭足類の急進的な進化を明らかにする比較対象と得難い情報を与えてくれます。

また、一生に一度に卵を産んで燃え尽きるイカ・タコの単回産卵と比べ、コウモリダコは休止期を挟んで何度も産卵する“反復産卵”を行うとされています。これは、深海で限られたエネルギーを小出しに繁殖へ回すための倏約の戦略と言えます。深海生物はこのような生理的な特徴を備えていることから、そこに共通の遺伝的メカニズムが存在することが期待されます。今後の展開として、低代謝や反復産卵、ゲノム巨大化を達成するための機能研究が次の研究課題となりますが、全ゲノム解読はこれらの研究のすべての基盤として用いることができます。日本近海は深海魚漁や調査が盛んなため、このような深海生物の研究を行うための貴重なサンプルを得るのに適した土地であると言えます。

■用語解説

・ゲノム解読

細胞内には DNA (デオキシリボ核酸) と呼ばれる高分子があります。ある生物がもつ DNA 上のすべての塩基配列はその生物のゲノムと呼ばれ、生物を形作るためのタンパク質の遺伝子情報や、いつどこで遺伝子発現を行うかという制御情報が、遺伝コードとして書き込まれています。生物の体の形や生物ごとの比較の研究は、ゲノムの配列を解読することから始まります。

・次世代シーケンス解析

動物のゲノムはヒトでは30億塩基対にも及びます。これらの並び順をすべて解読するためには、さらにその30~50倍以上の膨大な情報が必要になります。DNA の高速な解読技術がないとゲノム解読を行うことはできません。2006 年以降に登場した次世代シーケンサーとよばれる革新的な DNA の解読装置により、DNA の解読スピードは劇的に速くなり、一度に大量の DNA を解読することが可能となりました。本研究では、国立遺伝学研究所が備えるパシフィックバイオサイエンス社のシーケンサーを用いて解読を行いました。

・頭足類

現生のイカ・タコの仲間を総称して、頭足類と呼びます。動物の分類でいうと、軟体動物門の頭足綱に属する仲間です。最も祖先的な種として、生きた化石として知られるオウムガイがいます。オウムガイやすでに絶滅したアンモナイトは、立派な貝殻を持っていますが、イカやタコの仲間は高速で泳ぐことに適応し、貝殻を退化もしくは完全に消失しました。ごく初期のイカやタコの祖先の化石は多く発見されており、その中でもコウモリダコ類は白亜紀に大量の化石が見つかることから、イカ・タコの仲間の初期進化を知る上で重要な種となっています。

・ゲノム巨大化

ゲノム巨大化とは、細胞内のゲノムが通常の生物よりも大幅に大きくなる現象です。これは主に、トランスポゾン (動く遺伝子) のような、機能を持たない「反復配列」がゲノム中に大量に蓄積されることによって引き起こされます。イモリなどの両生類や、肺魚類のような古代魚のような巨大ゲノムを持つ生物の研究が進み、その巨大化の仕組みや生物の多様な特徴との関連が明らかになってきてい

ます。

■研究プロジェクトについて

本研究は、島根大学生物資源科学部附属センター海洋生物科学部門(隠岐臨海実験所)の吉田真明 教授と和歌山工業高等専門学校のスティアマルガ・デフィン准教授、およびウィーン大学の Oleg Simakov 教授が主責任者で、サンプル採取から進化解析、遺伝子シンテニー解析を主導しました。加えて、東京大学大学院理学系研究科の大学院生で和歌山工業高等専門学校卒業生の廣田主樹氏、ウィーン大学の Emese Tóth 氏、今 琴氏、今 鉄男氏、国立遺伝学研究所の豊田敦特任教授、藤英博特命准教授、情報・システム研究機構の野口英樹教授、宮澤秀幸氏、寺内真氏(ゲノム解析担当)も共同で研究に参画しました(研究当時)。

本共同研究は、2025 年 10 月 23 日に英文論文誌 iScience にオンライン版が掲載されました。この研究は、文部科学省科学研究費助成事業(19K12424, 22K06340, 23K11511)、先進ゲノム支援事業(PAGS)(22H04925)、武田科学財団(2023 年)、笹川科学研究助成(2024 年)、および高等工業専門学校 KOSEN GEAR 5.0 Project の助成を受けて実施しました。

■論文情報

論文タイトル: Giant genome of the vampire squid reveals the derived state of modern octopod karyotypes (吸血イカの巨大ゲノムが明らかにした現代のタコ類の核型における派生状態)

著者: 吉田 真明^{*1}, Emese Tóth^{*2}, 今-南條 琴^{*2}, 今 鉄男^{*2}, 廣田 主樹^{*3,*4}, 豊田 敦^{*5}, 藤英博^{*5}, 宮澤 秀幸^{*6}, 寺内 真^{*6}, 野口 英樹^{*6}, スティアマルガ・デフィン^{*3}, Oleg Simakov^{*2}

^{*1} 島根大学生物資源科学部 ^{*2} ウィーン大学 ^{*3} 和歌山工業高等専門学校

^{*4} 東京大学総合博物館 ^{*5} 国立遺伝学研究所 ^{*6} 情報・システム研究機構

掲載誌: iScience

URL: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2025.113832>

■本件の連絡先

〈研究に関すること〉

島根大学 生物資源科学部附属生物資源教育研究センター

教授 吉田 真明

Mail: mayoshida@life.shimane-u.ac.jp

和歌山工業高等専門学校 生物応用化学科

准教授 スティアマルガ デフィン

Mail: davin@wakayama-nct.ac.jp

〈報道に関すること〉

島根大学 企画部 企画広報課 広報グループ

Mail:gad-koho@office.shimane-u.ac.jp

国立遺伝学研究所 広報室

Mail:prkoho@nig.ac.jp

和歌山工業高等専門学校

総務課 総務・企画係

Mail:kikaku@wakayama-nct.ac.jp