

2026 年 8 月 7 日

報道関係者各位

慶應義塾大学
福井県立大学

次世代の透明モデル生物「ヨーロッパザラボヤ」の全ゲノムを解読

―被囊類 38 種を横断比較する新ゲノムデータベース「TUNOME」を構築、世界の比較進化研究を加速―

慶應義塾大学大学院理工学研究科後期博士課程の紫藤拓巳（研究当時、現・琉球大学理学部研究員）、福井県立大学の西辻光希准教授、慶應義塾大学理工学部生命情報学科の堀田耕司准教授らの研究グループは、北里大学未来工学部の榊原康文教授、岡浩太郎教授らと共同で、脊椎動物（ヒトを含む）に最も近縁な動物群である「被囊類※1（ホヤのなかま）」のうち、透明な胚をもつ侵略的外来種ホヤ *Ascidrella aspersa*（和名：ヨーロッパザラボヤ）について、高品質な全ゲノム配列を解読しました。

研究グループはさらに、すでに公開されている他の被囊類のゲノム情報を集約し、ヨーロッパザラボヤを含む計 38 種・3 綱の被囊類についてそれぞれの「遺伝子の設計図」（遺伝子モデル※2）を高精度に再構築しました。さらに、これらのリソースを誰でも横断的に比較できる統合ゲノムデータベース「TUNOME（チュノーム）」として公開しました。被囊類のゲノムをこれほど大規模かつ広範囲に比較した研究は、これまで行われていませんでした。

比較解析から、被囊類のゲノムは、サイズが種間で最大約 17 倍も異なり、塩基組成（GC 含量※3）も大きく違うなど、ひとつの動物群でありながら際立って多様であることが分かりました。また、サルパ類（タリヤ綱）などで DNA を修復する遺伝子の一部が共通して失われていることや、ヨーロッパザラボヤが遺伝子のコード領域（CDS）において被囊類のなかで最も高い GC 含量をもつことなど、綱ごとに特徴的なゲノム進化を遂げてきた様子が明らかになりました。さらに、ヨーロッパザラボヤは紫外線で傷ついた DNA を修復する「ヌクレオチド除去修復（NER）」に関わる遺伝子がとりわけ卵で高く発現していることも発見しました。

本成果は、これまでゲノム情報が乏しかった「非モデル生物」を含む被囊類を対象にして、生物の発生や進化のしくみや生体透明性の進化を探るための重要な基盤となるものです。本研究成果は、2026 年 8 月 4 日に国際学術誌『*BMC Genomics*』に掲載されました。

1. 研究の背景：身近な「やっかいもの」が、発生研究の有望なモデルに

ホヤやサルパ、オタマボヤなどを含む「被囊類※1」は、ヒトを含む脊椎動物に最も近縁な「姉妹群」とされ、私たちのからだづくりの起源や進化を考えるうえで重要な動物群です。なかでもホヤは、胚発生が速く、細胞数が少なく、ゲノムもコンパクトなため、発生生物学のモデル生物として広く使わ

れてきました。

近年は、胚が透明で、生きたまま細胞の動きを丸ごと観察できるホヤの一種 *Phallusia mammillata* が新しいモデルとして注目されています。しかし、この種はヨーロッパの特定の海域にしか分布しないため、他の地域では別の「透明な胚をもつホヤ」が求められていました。

その有力候補が、世界中の沿岸に分布するヨーロッパザラボヤ (*Ascidella aspersa*) です。日本では近年ホタテやカキの養殖ロープなどに付着するため、養殖業の「やっかいもの」（侵略的外来種）として知られていますが、その卵や胚はおよそ9割の光を通すほど透明で、発生・分子研究において非常に魅力的な性質をもっています。研究グループはこれまでに、この種の標準発生段階表や三次元の胚発生画像データ、効率的な受精法等を整備してきました。一方で、分子・遺伝子解析の土台となる「高品質なゲノム情報」は、これまで存在しませんでした。

また、2002年にカタユウレイボヤ (*Ciona intestinalis* type A) のゲノムが報告されて以降、多くのホヤ類でゲノムが解読されてきました。しかし、その多くは遺伝子の注釈（アノテーション）が付いておらず、不完全な遺伝子モデルも多かったため、被囊類全体を見渡して比べる「包括的な比較解析」はこれまで行われていませんでした。

2. 研究の内容・成果

(1) 透明な胚をもつホヤ *Ascidella aspersa* の高品質ゲノムを解読

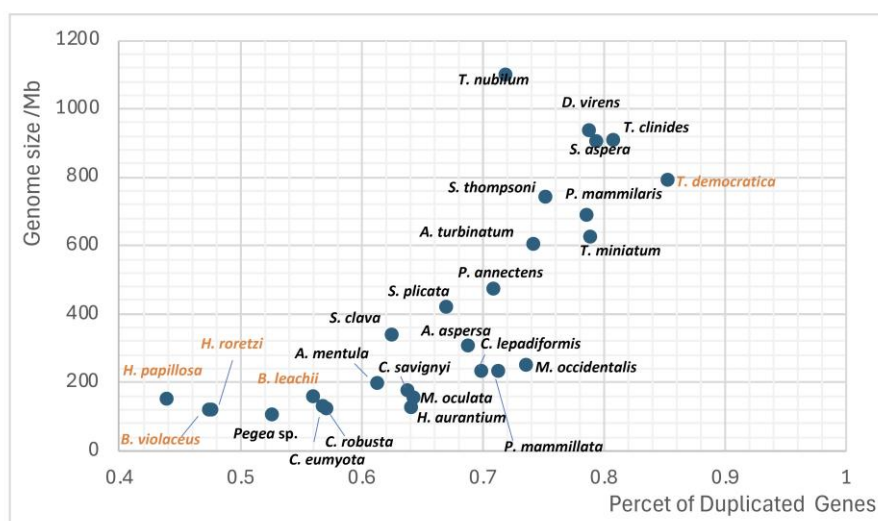
研究グループは、ゲノムを長く読み取れる配列（PacBio）と正確に読み取れる配列（Illumina）を組み合わせる手法で、*A. aspersa* のゲノムを解読しました。その結果、得られたゲノム配列は約3億650万塩基対（306.5 Mb）であり、その生物が本来そろえているはずの遺伝子セットの96.9%を含む高品質なものでした（BUSCO_{※4}による評価）。さらに、9種類の成体組織と6つの発生段階の胚から得た遺伝子発現情報も組み合わせることで、24,504個の遺伝子からなる遺伝子モデル（KAS25モデルと命名）を構築しました。このうち18,636個には機能の注釈を付けることにも成功しました。

(2) 38種・3綱の被囊類ゲノムを再構築し、新たな系統仮説と遺伝子の増減を解明

研究グループは、公開されている被囊類のゲノムを集め、*A. aspersa* を含む計38種について遺伝子モデルを再構築しました。その結果、データの品質は既存の公開モデルと比べて平均15.2%向上し、34種のうち27種で高い完全性（BUSCO 80%以上）を達成しました。

これらをもとにした系統解析を行ったところ、これまで研究が続いてきた被囊類内のグループ間の関係について、新たな系統仮説が得られました（図1）。たとえば、ホヤ類のなかで *Ascididae*（ナツメボヤ科）と *Perophoridae*（マメボヤ科）が姉妹群であるという、これまでの大規模な分子系統解析では示されていなかった関係が示唆されました。また、遺伝子ファミリーの増減を調べたところ、多くの系統では遺伝子が増える傾向にある一方、*Botrylloides* 属やサルパ類（タリア綱）では遺伝子ファミリーの「縮小」が目立つことが判明しました。

a



b

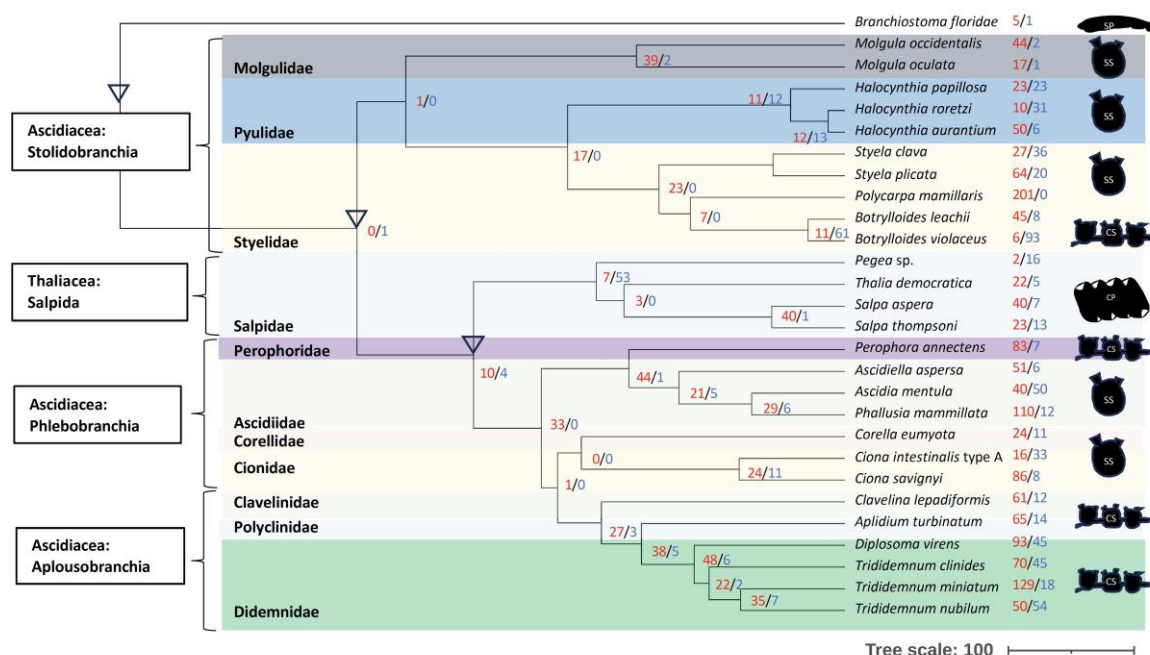


図 1：被囊類の系統樹と遺伝子の重複・遺伝子ファミリーの増減。(a) 遺伝子の重複の割合（横軸）とゲノムサイズ（縦軸）の関係。約 90% 以上の高品質な遺伝子モデルが得られた 28 種を示す。ゲノムが大きい種ほど重複遺伝子が多い傾向がみられる。(b) 28 種の被囊類と外群（ナメクジウオ *Branchiostoma floridae*）について、385 個の単一コピー遺伝子をもとに最尤法で推定した系統樹。科ごとに色分けし、各系統の生活様式（SS：単体・固着、CS：群体・固着、SP：単体・浮遊、CP：群体・浮遊）を右側のシルエットで示す。各枝で急速に増加（赤）または減少（青）した遺伝子ファミリーの数を示す。

(3) ゲノムサイズと塩基組成（GC 含量）は、ひとつの動物群とは思えないほど多様

再構築した 38 種のゲノムを比較したところ、ゲノムサイズは最小 64.3 Mb から最大 1,100 Mb まで約 17 倍もの幅がありました。また、GC 含量^{※3}もゲノム全体で 25.3~42.7% と大きく異なり、被囊類というひとつの動物群でありながら際立った多様性をもつことが明らかになりました（図 2）。なかでも *A. aspersa* は、ゲノム全体の GC 含量は平均程度であったものの、遺伝子のコード領域（CDS）の GC 含量

が 47.1%と 38 種のなかで最も高いという、際立った特徴を示しました。さらに、同じアミノ酸を指定するコドンの使い方（コドン使用バイアス※5）も、近縁な他のナツメボヤ科とは異なる独特の傾向を示しました。

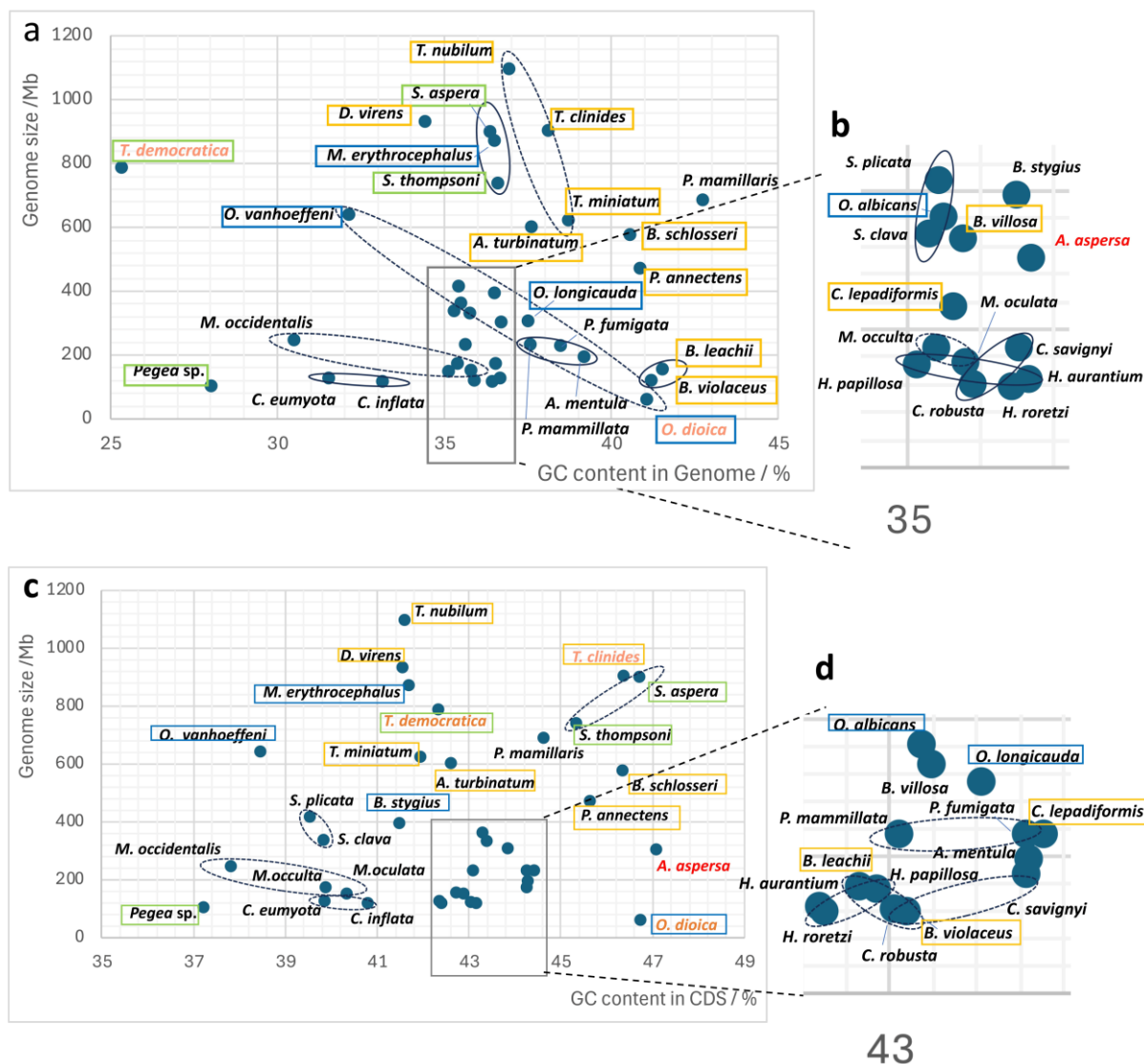


図 2：ゲノムサイズと GC 含量の多様性。(a) 38 種の被囊類について、ゲノム全体の GC 含量（横軸）とゲノムサイズ（縦軸）をプロットしたもの。(b) (a) の密集部分の拡大図。(c) 遺伝子のコード領域（CDS）の GC 含量とゲノムサイズの関係。(d) (c) の密集部分の拡大図。被囊類のゲノムサイズは約 17 倍、GC 含量も 25.3~42.7%と大きく異なる。*A. aspersa*（赤字）は、コード領域の GC 含量が 38 種のなかで最も高い（47.1%）という際立った特徴をもつ。種名は各系統の分類・生活様式に応じて色分けした四角形で示す。囲いなし：単体・固着（ホヤ綱）、黄枠：群体・固着（ホヤ綱）、青枠：単体・浮遊（オタマボヤ綱）、緑枠：群体・浮遊（タリヤ綱）。

(4) 統合データベース「TUNOME」を構築し、DNA 修復遺伝子の欠失や胚の透明性に関わる候補遺伝子を発見

研究グループは、38 種すべてのゲノム配列・遺伝子モデル・機能注釈・オーソログ（共通祖先に由来する遺伝子）解析の結果を集約し、誰でも横断的に検索・比較できる統合ゲノムデータベース「TUNOME（チュノーム）」を構築・公開しました（図 3）。本データベースでは、遺伝子名やドメイン名などから検索でき、*A. aspersa* の遺伝子発現量の表示、ゲノムブラウザ、38 種すべてに対する一

括の相同性検索（BLAST）なども行うことができます。

この TUNOME を使った解析から、オタマボヤ綱やサルパ類（タリア綱）などでは、DNA を修復するしくみ※6 に関わる遺伝子の一部が進化の過程で共通して失われていることが判明しました。これらの遺伝子の欠失は、これらのグループでみられるゲノムサイズや GC 含量の大きなばらつき、他の綱より速い進化速度と関係している可能性があります。さらに、ホヤ類のなかでも *Ascididae* 固有の遺伝子グループを抽出したところ、*A. aspersa* の卵で強く発現する遺伝子が多数見つかりました。とくに、紫外線で傷ついた DNA を直す「ヌクレオチド除去修復（NER）」に関わる遺伝子が卵で高く発現しており、透明で紫外線に弱いと考えられる卵を守る役割をもつ可能性が示唆されました。

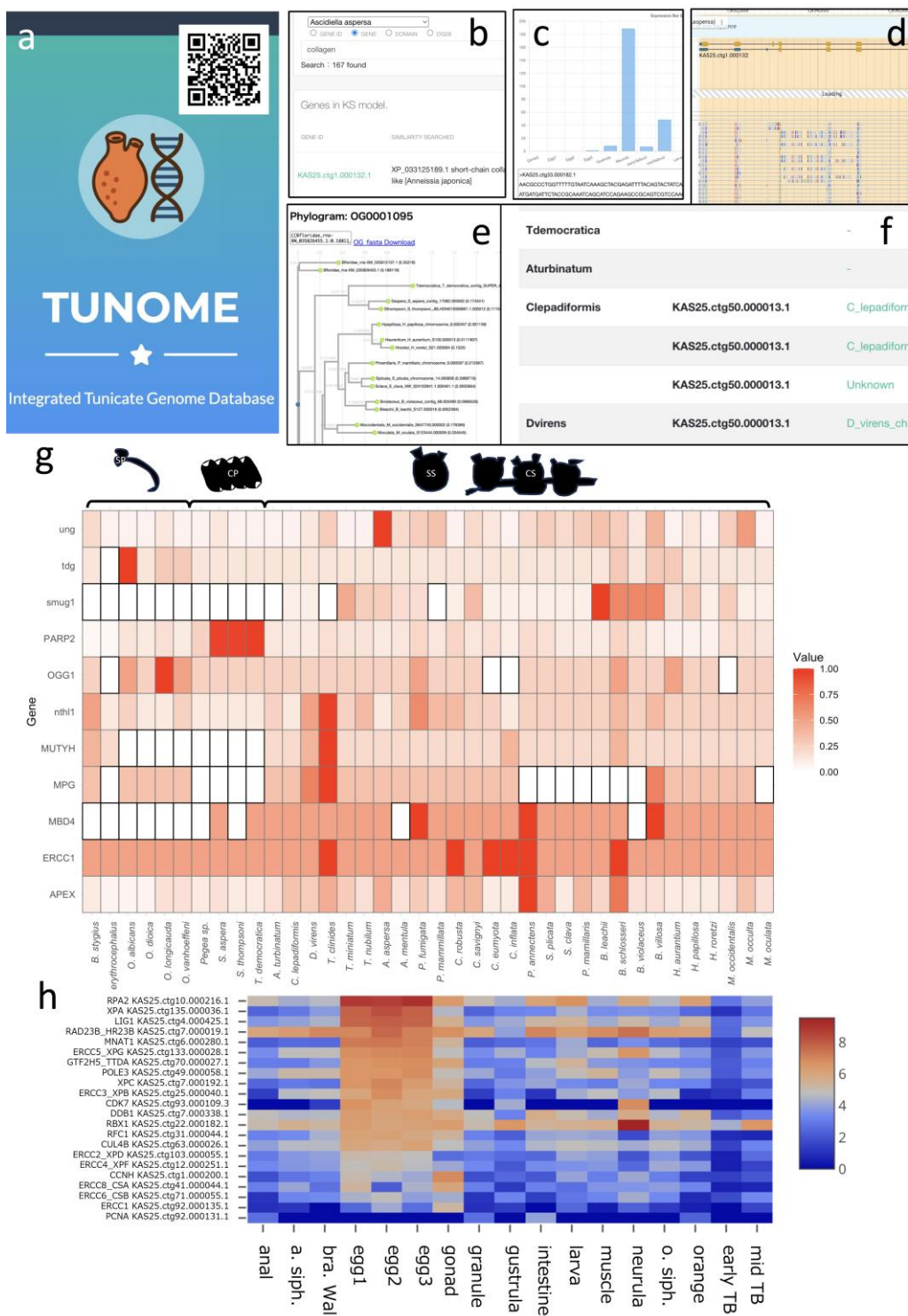


図3：統合ゲノムデータベース「TUNOME」とDNA修復遺伝子の解析。(a) TUNOMEのトップページ(PC・スマートフォン対応)。(b) 38種すべての遺伝子モデルの機能注釈を検索できるページ。(c) *A. aspersa*の遺伝子発現量の表示。(d) ゲノムブラウザ。(e) 選んだ遺伝子を含むオーソログ群の系統樹。(f) 38種すべてに対して一度に相同性検索(BLAST)ができる結果ページ。(g) 塩基除去修復(BER)に関わるDNA修復遺伝子の各種における保有状況。黒枠の白いマスは、その種が対応する遺伝子(構築した遺伝子モデル中に)もたないことを示す。オタマボヤ綱・タリア綱・シロボヤ科などで特定の遺伝子の欠失がみられた。(h) *A. aspersa*の各器官・各発生段階におけるNER遺伝子の発現量(log2変換したTPM)。卵で高く発現している。

3. 今後の展望

本研究は、これまでゲノム情報が乏しく研究が難しかった「非モデル生物」を含む被囊類を、分子・遺伝子レベルで研究するための基盤を整えました。誰でも使えるTUNOMEデータベースは、生態・進化・発生(eco-evo-devo)を橋渡しする比較研究を大きく後押しすると期待されます。

とくに、養殖の「やっかいもの」でありながら透明な胚をもつ*A. aspersa*の高品質ゲノムは、ヨーロッパ以外の地域でも使える「透明な胚をもつホヤ」のモデル生物化を後押しします。今後は、本研究で見えてきた胚の透明性に関わる候補遺伝子のはたらきの解明や、被囊類における多様なゲノム進化のしくみ・その生態的な意義の解明が期待されます。

【用語説明】

※1 被囊類(ひのうい、Tunicata)：ホヤ・サルパ・オタマボヤなどを含む海洋動物のグループ。ヒトを含む脊椎動物に最も近縁な「姉妹群」とされ、進化や発生のしくみを探るうえで重要。約3,000種が知られ、ホヤ綱(Ascidacea)、タリア綱(Thaliacea、サルパなど)、オタマボヤ綱(Appendicularia)の3つの綱に分けられる。

※2 遺伝子モデル(gene model)：ゲノム配列のどこに遺伝子があり、どのようなタンパク質をコードしているのかを予測・記述した「遺伝子の設計図」。比較やデータベース化の土台となる。

※3 GC含量(GC content)：DNAを構成する4種類の塩基(A、T、G、C)のうち、グアニン(G)とシトシン(C)が占める割合。生物やゲノムの領域によって異なり、ゲノム進化を反映する指標となる。

※4 BUSCO：ゲノムや遺伝子モデルに、本来そろっているはずの遺伝子セットがどれだけ含まれているかを調べ、完全性(品質)の目安とする指標。

※5 コドン使用バイアス(codon usage bias)：同じアミノ酸を指定する複数の同義コドンのうち、特定のコドンが偏って使われる傾向。生物ごとに特徴がある。

※6 DNA修復：紫外線などで傷ついたDNAを細胞が修復するしくみ。塩基除去修復(BER)やヌクレオチド除去修復(NER)など複数の経路がある。

【原論文情報】

題名：Genomic resources of *Ascidella aspersa* and comparative analysis across tunicates reveal class-level features and evolutionary diversification

(和訳)：ヨーロッパザラボヤのゲノムリソースおよび、ホヤ類全体にわたる比較解析により明らかになった綱レベルの特徴と進化的多様化

著者名：Takumi T. Shito, Vasanthan Jayakumar, Koki Nishitsuji, Yoshie Nishitsuji, Shimon Kawai, Shunsuke O. Miyasaka, Kotaro Oka, Yasubumi Sakakibara, Kohji Hotta

掲載誌：BMC Genomics

DOI/論文URL：<https://doi.org/10.1186/s12864-026-13124-9>

データ公開：ゲノム配列・アセンブリ：BioProject 登録番号 PRJNA1345923/遺伝子モデル・タンパク質配

【研究資金】

本研究は、日本学術振興会（JSPS）科研費（21H00440、23H04717、24K02038、25H01799、22J22628、25KJ0268）、慶應義塾大学自然科学研究教育センター、KLL 慶應義塾大学先導研究センター、公益財団法人 水産無脊椎動物研究所（IKU2021-02）、慶應義塾大学博士課程学生研究支援プログラム（潮田記念基金）、公益信託エスベック地球環境研究・技術基金の支援を受けて実施されました。

【謝辞】

本研究で報告したヨーロッパザラボヤの高品質ゲノムアセンブリに不可欠であったショートリードゲノムシーケンスを実施してくださった、沖縄科学技術大学院大学（OIST）の佐藤矩行教授に深く感謝いたします。また、試料採集にあたり、東北大学（女川フィールドセンター）、北海道立総合研究機構（函館水産試験場・中央水産試験場）の皆さまにご協力いただきました。また、多くの研究者の皆さまから貴重な助言・試料をいただきました。

※ご取材の際には、事前に下記までご一報くださいますようお願い申し上げます。

※本リリースは文部科学記者会、科学記者会、各社科学部等に送信させていただいております。

【本リリースに関するお問い合わせ先】

・研究内容についてのお問い合わせ先

慶應義塾大学 理工学部 生命情報学科 准教授 堀田耕司（ほった こうじ）

TEL：045-566-1700 FAX：045-566-1789 E-mail：khotta@bio.keio.ac.jp Twitter/X：[@HottaKohji](https://twitter.com/HottaKohji)

公立大学法人福井県立大学 海洋生物資源学部 先端増養殖科学科 准教授 西辻光希（にしつじ こうき）

TEL：0770-52-7305 (内線 405) FAX：0770-52-7306 Email：nishitsuji@g.fpu.ac.jp Twitter/X：[@2shitsuJI](https://twitter.com/2shitsuJI)

・本リリースの配信元

慶應義塾広報室

TEL：03-5427-1541 FAX：03-5441-7640 E-mail：m-pr@adst.keio.ac.jp <https://www.keio.ac.jp/>

公立大学法人福井県立大学 かつみキャンパス企画サービス室

TEL：0770-52-7305 FAX：0770-52-7306 E-mail：kt-jimu@g.fpu.ac.jp <https://www.fpu.ac.jp/>