2026 年 10 月 9 日

報道関係者各位

国立大学法人筑波大学
国立大学法人京都大学
国立大学法人東京大学大学院新領域創成科学研究科
国立大学法人山形大学
国立研究開発法人海洋研究開発機構
東北大学・海洋研究開発機構 変動海洋エコシステム高等研究所
国立大学法人東北大学

栄養もエネルギーも自分でつくらない微生物「スクナ古細菌」を発見

これまでに知られている古細菌の中で最も小さなゲノムを持つ種を発見しました。この古細菌は、栄養やエネルギーをつくる遺伝子をほぼ失っている一方、自らの遺伝情報を複製し機能させる能力を保持しています。生物がどこまで単純になれるのかを考える上で、重要な手がかりとなる発見です。

他の生物に依存して生きる微生物では、不要となった遺伝子が失われ、ゲノム（遺伝情報の総体）が小さくなります。その究極の形であるミトコンドリアや葉緑体では遺伝子の消失が進み、自らの遺伝情報を働かせたり複製したりする能力まで宿主細胞に委ねており、独立した細胞とは言えません。こうした能力を保ちつつ、生物がどこまで遺伝情報を削減できるのかは、よく分かっていませんでした。

本研究チームは、海洋性微生物を対象とした単細胞ゲノム解析の過程で、未知の古細菌のゲノムを見いだしました。その大きさは 23.8 万塩基対で、これまで解析された古細菌ゲノムでは最小です。この古細菌は既知のどの古細菌とも遺伝的にかけ離れており、そのゲノムの小ささから、日本神話に登場する極小の神にちなんで *Candidatus* Sukunaarchaeum mirabile（スクナ古細菌）と名付けました。海洋の遺伝子配列データからは、近縁と見られる配列も多数見つかり、これまで見落とされてきた系統の存在が示されました。スクナ古細菌のゲノムでは、栄養やエネルギーをつくる遺伝子がほとんど失われている一方、遺伝情報を働かせ複製するための主要な遺伝子は保持されていました。本研究は、生物が自らの遺伝情報を働かせ複製する能力を保ちながら、どこまで単純になれるのかを考える上で重要な手がかりとなるものです。

研究代表者
筑波大学 計算科学研究センター
中山 卓郎 助教
京都大学 大学院農学研究科
原田 亮 特定研究員
東京大学 大学院新領域創成科学研究科
西村 祐貴 助教
山形大学 理学部理学科
野村 真未 助教
海洋研究開発機構 生命地球科学研究部門 海洋生命圏研究プログラム／
東北大学・海洋研究開発機構 変動海洋エコシステム高等研究所（WPI-AIMEC）／東北大学
矢吹 彬憲 主任研究員／WPI-AIMEC 研究員／教授

研究の背景

生物はどこまで単純になれるのか。この問いは、生物が生き、そして子孫を残すために最低限どれだけの遺伝情報を必要とするのかという命題に関わるものです。この問いへの手がかりは、他の生物に依存する微生物の実例から得られてきました。こうした微生物では、不要となった遺伝子が失われ、ゲノム[注1)]が小さくなることが知られています。その究極の形が、我々の細胞に存在するミトコンドリアや植物の葉緑体です。これらの細胞小器官は、それぞれ異なる細菌に由来するため、独自のゲノムを保持しています。いずれも、宿主となる細胞に役立つ機能を有しますが、自らの遺伝情報を働かせたり複製したりする能力自体は宿主細胞に頼るようになっており、独立した細胞とは言えない存在です。遺伝情報からタンパク質がつくられ（発現）、遺伝情報が複製されて次世代に受け渡される（複製）という流れはセントラルドグマ[注2)]と呼ばれますが、他者の助けなしにセントラルドグマを駆動できる「遺伝的自律性」を保持しつつ、生物はどこまで遺伝情報を削減できるのかを考えるには、手がかりが不足していました。

研究内容と成果

本研究チームは、海洋性の渦鞭毛藻を対象とした単細胞ゲノム解析[注3)]の過程で、既知のいずれの生物とも一致しない小さな環状の DNA 配列を見いだしました。解析の結果、この配列は古細菌[注4)]に属する未知の生物のゲノムであることが分かりました。その大きさは 23.8 万塩基対で、従来最小とされてきた古細菌ゲノムの半分以下です。タンパク質をコードする遺伝子の数は 189 個でした（ヒトでは約 2 万個）。また、系統解析から、既知のどの古細菌からも遺伝的にかけ離れていること、古細菌分類でこれまでに提唱されたどの門[注5)]にも含まれないことが示唆されました。このゲノムの小ささから、日本神話に登場する極小の神である少名毘古那（スクナビコナ）にちなんで *Candidatus* Sukunaarchaeum mirabile（スクナ古細菌）と命名しました。さらに、海洋環境の遺伝子配列データを探索したところ、スクナ古細菌に近縁と見られる配列が多数見つかり、海洋には見落とされてきた新たな古細菌の多様性が存在することが示されました（参考図）。

スクナ古細菌のゲノムからは、栄養やエネルギーを産生する遺伝子はほぼ検出されず、生存に必要な物質は他の生物に全面的に依存していると予想されました。その一方で、ゲノムの複製、転写、翻訳を担う装置、すなわちセントラルドグマを駆動する機構は、その主要な構成要素のほとんどが保持されていました。昆虫の細胞内に共生する細菌には、スクナ古細菌と同等またはそれ以上にゲノムが縮小したものが知られています。しかし、これらは、ゲノムが小さくなっても宿主が必要とする栄養を生産する遺伝子を保持し続けている一方、ゲノムが縮小する進化の過程でセントラルドグマに関わる遺伝子も失い、その機能を宿主に補われていると考えられています。従って、スクナ古細菌は昆虫細胞内共生細菌とは異なる進化の道筋をたどっており、その遺伝子構成は、生物の遺伝的自律性を保ちつつ、他のすべてを削ぎ落とした状態に近いと考えられます。

今後の展開

本研究は、「生物はどこまで単純になれるのか」という問いに重要な手がかりをもたらすものです。スクナ古細菌には宿主に役立つ遺伝子が見当たらない一方、ゲノムの約 4 分の 1 を機能未知の巨大な膜タンパク質[注6)]の遺伝子が占めています。寄生性の古細菌にも宿主への侵入に関わる巨大な膜タンパク質があることから、スクナ古細菌は寄生的な生物である可能性があります。宿主に利益をもたらす共生細菌とは異なり、寄生的な生物では失った機能を宿主に補ってもらうことは期待しにくく、スクナ古細菌にとってセントラルドグマを担う仕組みは、独立した細胞として存在し続けるために手放せない最後の要素なのかもしれません。一方でスクナ古細菌について現在判明しているのはゲノム配列のみです。今後、宿主

の特定や細胞の直接観察などを通じて、スクナ古細菌を含む系統群の生態や特徴の解明を進める予定です。

参考図

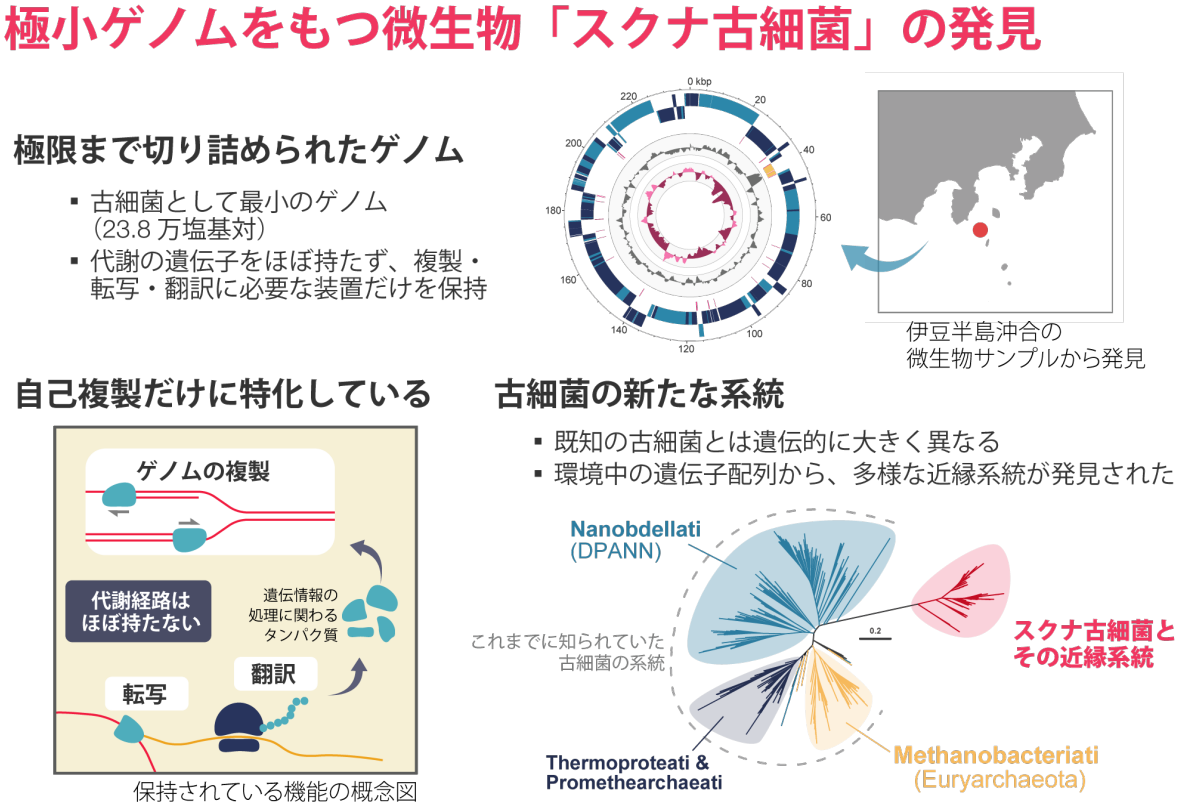

図　本研究の概要図

上図：スクナ古細菌のゲノムマップ（左）と採集地（右）。ゲノムマップは 23.8 万塩基対の環状ゲノム上の遺伝子配置などを表す。

左下図：スクナ古細菌のゲノムに保持されている機能の概念図。代謝に関わる遺伝子をほとんど持たない一方、ゲノムの複製、転写、翻訳を担う装置の主要な構成要素を保持している。

右下図：23S rRNA 遺伝子に基づく古細菌の系統樹。海洋の環境中の遺伝子配列から見つかった近縁配列を含む。スクナ古細菌とその近縁系統（赤）は、既知の古細菌とは遺伝的に大きく異なる一つのまとまりを形成する。ゲノムマップおよび系統樹は、原著論文（Current Biology）の図を改変したもの。

用語解説

注１）　ゲノム

生物が持つ遺伝情報の総体。DNA の塩基配列として記録されており、その大きさは塩基対（DNA を構成する塩基のペア）の数で表される。ヒトのゲノムは約 30 億塩基対からなる。

注２）　セントラルドグマ

DNA に記録された遺伝情報が RNA に写し取られ（転写）、RNA の情報をもとにタンパク質が合成される（翻訳）という、遺伝情報の流れに関する基本原理。DNA が複製されて次世代に受け渡される過程とあわせ、すべての細胞生物に共通する仕組み。

注３）　単細胞ゲノム解析

環境中から１個の細胞を取り出し、その中に含まれる微量の DNA を増幅して塩基配列を解読する手法。培養が難しい微生物のゲノムも調べることができる。本研究では、海洋中の渦鞭毛藻の細胞 1 個を対象

に解析したところ、そこに共在するスクナ古細菌を含む複数種類の微生物のゲノムも同時に得られた。

注４） 古細菌

細菌（真正細菌）、真核生物（細胞核を持つ生物）と並んで、生物を大きく三つに分けたグループ（ドメイン）の一つ。細菌と同じく核を持たない微小な単細胞生物だが、遺伝情報の複製や発現の仕組みは、細菌よりもむしろ真核生物に近い。高温や高塩濃度などの極限環境に生息するものが知られる一方、海洋や土壌などにも広く分布する。

注５） 門

生物分類の階級の一つで、界の下、綱の上に位置する。共通の祖先から分かれた大きなまとまりを指す。例えば、ヒトは脊索動物門に属する。

注６） 膜タンパク質

細胞を包む膜に埋め込まれた、あるいは膜に結合したタンパク質。物質の輸送、外部からの信号の受け取りや他の細胞との接着など、細胞の内と外をつなぐ役割を担う。

研究資金

本研究は、科研費（JP16H06280、20H03305、21K15131、22KJ0401、23K27226、24K09587、26KJ0177）、日本学術振興会 二国間交流事業（BPI06050）、科学技術振興機構（JST）革新的 GX 技術創出事業（GteX）（JPMJGX23B2）、公益財団法人発酵研究所（G-2025-2-067）、文部科学省 世界トップレベル研究拠点プログラム（WPI）、日本学術振興会 海外特別研究員制度、英国王立協会 International Exchanges（IEC/R3/233066）の支援を受けて実施されました。

掲載論文

【題　名】 A hidden archaeal lineage with an ultra-reduced genome retaining only its replicative core
（複製の中核的機能のみを残した超縮小ゲノムを持つ、見過ごされてきた古細菌系統）
【著者名】 Ryo Harada, Yuki Nishimura, Mami Nomura, Akinori Yabuki, Kogiku Shiba, Kazuo Inaba, Thorsten Allers, Yuji Inagaki, and Takuro Nakayama
【掲載誌】 *Current Biology*
【掲載日】 2026 年 10 月 9 日
【DOI】 10.1016/j.cub.2026.09.042

問合わせ先

【研究に関すること】
中山　卓郎（なかやま　たくろう）
筑波大学 計算科学研究センター　助教
URL: https://trios.tsukuba.ac.jp/researcher/0000004542

【取材・報道に関すること】
筑波大学計算科学研究センター　広報・戦略室

E-mail: pr@ccs.tsukuba.ac.jp

京都大学 広報室 国際広報班
E-mail: comms@mail2.adm.kyoto-u.ac.jp

東京大学 新領域創成科学研究科 広報室
E-mail: press@edu.k.u-tokyo.ac.jp

山形大学 総務部 総務課 秘書広報室
E-mail: yu-koho@jm.kj.yamagata-u.ac.jp

海洋研究開発機構 企画部門 事業推進部 報道室
E-mail: press@jamstec.go.jp

東北大学・海洋研究開発機構　変動海洋エコシステム高等研究所（WPI-AIMEC）社会対話・共創担当
E-mail: aimec-comm@grp.tohoku.ac.jp