

## 2025年度日本遺伝学会木原賞候補者推薦書

推薦者:長田 直樹 (北海道大学 大学院情報科学研究院 准教授)

受賞候補者:斎藤 成也 (国立遺伝学研究所 名誉教授)



### ・ 略 歴

1975年3月 福井県立藤島高等学校 卒業  
1979年3月 東京大学理学部生物学科人類学課程 卒業  
1981年3月 東京大学大学院理学系研究科修士課程人類学専攻 修了(理学修士)  
1982年10月 米国テキサス大学ヒューストン校 生物医科学大学院 入学  
1986年9月 同上 修了 (Ph.D.)  
1987年4月 日本学術振興会 特別研究員(PD)  
1989年2月 東京大学理学部 生物学科人類学教室 助手  
1991年1月 国立遺伝学研究所 進化遺伝研究部門 助教授  
1992年10月 総合研究大学院大学 生命科学研究科遺伝学専攻 助教授(併任)  
1995年10月 日本遺伝学会より 奨励賞 受賞  
2002年3月 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門 教授  
2002年4月 総合研究大学院大学 生命科学研究科遺伝学専攻 教授(併任)  
2005年10月 日本学術会議第20期 会員(兼任)  
2006年4月 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻 教授(兼任)  
2008年10月 日本学術会議第21期 会員(兼任)  
2011年10月 日本学術会議第22期 会員(兼任)  
2013年8月 日本進化学会より 学会賞 受賞  
2018年4月 文部科学省新学術領域研究「ヤボネシアゲノム」領域代表(～2023年3月)  
2019年10月 琉球大学医学部 特命教授(～2022年3月)  
2022年3月 国立遺伝学研究所教授を定年退職  
2022年4月 国立遺伝学研究所 名誉教授  
2022年4月 国立遺伝学研究所 斎藤成也研究室 特任教授(～2024年3月)

### ・ 研究題目

(和文) 分子系統解析法とゲノム進化学への先駆的貢献

(英文) Pioneering Contributions to Molecular Phylogenetics and Genome Evolution

### ・ 推薦理由

斎藤成也氏はこれまで、分子進化学における系統樹推定手法の開発を始めとし、比較ゲノム解析、種を超えた非コード保存配列(CNS)の進化、日本列島人の起源に関する集団遺伝学解析等、多方面にわたり遺伝学に多大な貢献を成し遂げてきた。

特筆すべきは、斎藤氏が1987年に発表した近隣結合法の開発である(Saitou and Nei 1987, MBE)。いうまでもなく、世界で最も広く用いられている系統推定アルゴリズムであり、2025年4月におけるGoogle Scholarでの総引用回数は74,326回で、突出している。Nature 514:550-553 (2014) で紹介されたWeb of Scienceでの引用数Top 100 papersでは、全科学分野中20位にランクされ、日本人著者としてトップである。近隣結合法は分子進化・ゲノム解析の急速な発展を支える基盤技術となったと言える。

斎藤氏は統計手法の開発だけでなく、実際の分子、ゲノムデータを用いた比較ゲノムや系統解析の分野においても多くの功績を残し、多くの人材の育成にもかかわってきた。血液型に関連する遺伝子の分子進化解析およびそれらに起こる組換えを考慮した系統関係の推定(Kitano et al. 2012, MBE, 他)、遺伝子重複と遺伝子変換に関する研究(Ezawa et al. 2010, MBE, 他)、霊長類や植物におけるCNSの進化に関する研究(Babarinde et al. 2016, MBE, 他)など、多岐にわたる分野で顕著な功績を残し、分子進化、ゲノム進化学に多大な貢献を行ってきた。

さらに、斎藤氏はヤボネシア(日本列島)人の起源に関して、アイヌと琉球諸島人の遺伝的近縁性を古典的なマーカー(Omoto and Saitou 1997, Am J Phy Anthropol)やゲノムワイドな多型データ(Jinam et al. 2012, J Hum Genet)を用いて示すなどの功績をあげてきた。世界で初めて縄文人のゲノム配列を決定した神澤秀明氏は斎藤氏に師事し、学位論文にて三貫地貝塚出土の縄文人ゲノムを発表している(Kanzawa et al. 2017, J Hum Genet)。2018年度に、新学術領域「ヤボネシアゲノム」を立ち上げ、2023年度まで領域代表として分野の牽引を行った。このプロジェクトは、遺伝学、考古学、言語学から多数の研究者が参加した分野融合的なものであり、古代ゲノムの解析結果を含め、ヤボネシア人の起源に関する従来の定説を修正するような大きな成果がいくつも発表された。その成果は多くのテレビ番組や雑誌でもいくども取り上げられており、社会的なインパクトも非常に大きいものであった。

また、分子進化学、ゲノム進化学について多くの教科書を著している。著書 Introduction to Evolutionary Genomics (Springer 2016)は国際的教科書として定評があり、第2版まで発行されている。その他、遺伝学を普及するための一般向け著書も多数ある。

以上を要するに、斎藤氏は分子系統解析の基盤となる近隣結合法を創出し、世界の進化遺伝学の標準を築いた。また、ヒトや動物のゲノム多様性研究、日本列島人の起源に関する研究を先導し、日本発の研究成果を数多く世界へ発信している。教育面・社会貢献面でも顕著な実績を重ね、遺伝学の学術的発展と社会への寄与を体現する研究者である。これらの功績により木原賞受賞者として最もふさわしいと確信し、ここに強く推薦する。

## 2025年度日本遺伝学会奨励賞候補者推薦書

推薦者：一柳 健司（名古屋大学 大学院生命農学研究科 教授）

受賞候補者：北尾 晃一（名古屋大学 大学院生命農学研究科 研究員(学振PD)）

### ・ 略 歴

|                 |                               |
|-----------------|-------------------------------|
| 2013年4月-2017年3月 | 京都大学農学部資源生物科学科                |
| 2017年4月-2019年3月 | 京都大学大学院医学研究科医科学専攻修士課程         |
| 2019年4月-2023年3月 | 京都大学大学院医学研究科医学専攻博士課程、博士(医学)取得 |
| 2020年4月-2023年3月 | 日本学術振興会特別研究員(DC1)             |
| 2023年4月-現在      | 名古屋大学大学院生命農学研究科 研究員(学振PD)     |



### ・ 遺伝学会における活動歴

|          |                               |
|----------|-------------------------------|
| 2022年-現在 | 遺伝学会会員                        |
| 2023年-現在 | 遺伝学若手の会スタッフ                   |
| 2021年9月  | 第93回大会ワークショップ発表               |
| 2022年3月  | ISEGB2022 派遣学生                |
| 2022年9月  | 第94回大会一般演題発表                  |
| 2024年9月  | 第96回大会ワークショップ発表               |
| 2025年3月  | 第5回遺伝学会春の分科会「若手遺伝研究者のリアル」企画担当 |

### ・ 研究題目

(和文) 転移因子に由来する遺伝子の多様性と進化の研究

(英文) Studies on diversity and evolution of transposable element-derived genes

### ・ 推薦理由

2025年日本遺伝学会奨励賞の候補者として北尾晃一博士を推薦いたします。ゲノム進化には内在性レトロウイルスやLINE、SINE、DNAトランスポゾンなどの転移因子の活動が大きく関わっています。転移因子の種類や挿入位置は生物間で大きく異なり、生物多様性の遺伝的な基盤となっています。転移因子が宿主進化に及ぼす仕組みとして、転移因子がコードする遺伝子が宿主の機能遺伝子へと転用されることが挙げられます。例えば、哺乳類の胎盤における栄養膜細胞の細胞融合には内在性レトロウイルスのenv遺伝子に由来するsyncytin遺伝子のタンパク質が寄与しています。しかし、転移因子が宿主遺伝子へと進化する過程やモデル生物以外におけるその多様性は依然として未解明です。北尾博士は、比較ゲノム解析と分子生物学的実験を組み合わせることで、この謎に挑んでいます。

大学院では、京都大学医生物学研究所にてsyncytin遺伝子の遺伝子発現機構に関する研究を行いました。それまで、ヒトのsyncytin遺伝子群であるsyncytin-1とsyncytin-2の発現には内在性レトロウイルスに由来するプロモータが重要であることが知られていましたが、彼は転写後制御に着目し、3'非翻訳領域に存在する新規エレメントのSPREがタンパク質発現に重要であることを報告しました(Kitao et al. 2019 *J Gen Virol*)。さらに、SPREの遺伝子発現促進活性を測るレポーター系とゲノム配列解析により、SPREが3つの短い配列モチーフで構成される配列であること、SPREが哺乳類の内在性レトロウイルスに普遍的に存在しており、ヒト以外の哺乳類の胎盤で機能するsyncytin遺伝子の発現に関与していることを見出しました(Kitao et al. 2021 *Retrovirology*)。これは、内在性レトロウイルス由来遺伝子が宿主遺伝子へと進化する過程の理解において転写後制御配列の重要性を示す研究成果です。

脊椎動物のゲノム解読が急速に進んだことを受けて、彼は新規の転移因子由来遺伝子の探索にも取り組んでいます。単孔類(カモノハシとハリモグラ)は卵生哺乳類であり、哺乳類の進化を理解する上で重要な系統です。前述の通り、哺乳類の胎盤の進化には内在性レトロウイルス由来遺伝子が深く関わっていますが、胎盤を持たない単孔類における内在性レトロウイルス由来遺伝子は不明でした。彼はカモノハシとハリモグラに存在するウイルス様配列を比較解析することにより、単孔類にのみに存在しレトロウイルス逆転写酵素に由来するRTOM遺伝子ファミリーを発見しました(Kitao et al. 2022 *Virus Evol*)。さらに内在性レトロウイルス以外の転移因子にも着目した研究も行っています。LINE-1は脊椎動物ゲノムにおいて特に数の多い転移因子の一つですが、内在性レトロウイルスとは異なり、宿主遺伝子へと進化した例はほとんど知られていませんでした。彼は、脊椎動物ゲノムから予測されたタンパク質データベースを網羅的に探索することにより、LINE-1がエキソン化し、選択的スプライシングによって宿主遺伝子との融合タンパク質を生み出す例を報告しました(Kitao et al. 2025 *Genome Res*)。例えば、心臓特異的に発現するMYL4遺伝子には鳥類・爬虫類系統特異的なスプライシングバリエーションが存在しており、LINE-1とMYL4の融合タンパク質であるLyosinがコードされています。MYL4の通常バリエーションが心臓で発現するのに対し、Lyosinバリエーションは精巣でしか発現しません。これは、生物が転移因子を利用する新たなメカニズムとして選択的スプライシングの重要性を示唆する点で注目しています。

これらの研究に加えて、霊長類におけるSyncytinタンパク質の比較解析(Shoji, Kitao et al. 2023 *FEBS Open Bio* 北尾氏がco-first)やハリモグラにおける新規内在性レトロウイルスの活発な侵入(Kitao et al. 2023 *Mol Biol Evol*)など、転移因子と宿主の進化における発見を次々と報告しております。彼はまだポストドクではありますが、上記のいずれの研究においてもコンセプトの立案から実験遂行まで主導的な役割を担っており、今後、研究環境が変わっても変わらず生産的に活躍すると予想されます。転移因子によるゲノム機能の多様性解明はこれから大いに発展が予想される研究領域であり、その中で北尾氏はさらにこの分野を発展させる重要な研究者へと成長することが大いに期待されます。

また、遺伝学会では2023年に若手の会が発足して様々な活動を始めましたが、北尾氏はその準備段階から若手の会の活動に参画しており、近い将来、遺伝学会の中核を担う人物になると思われます。

このように、研究における誠実性や学究性、研究成果、学生への指導力、学会活動のどの点においても、北尾氏は優れた若手研究者であり、日本遺伝学会奨励賞に推薦申し上げます。



## 2025年度日本遺伝学会奨励賞候補者推薦書



推薦者:佐渡 敬 (近畿大学農学部 生物機能科学科 教授)

受賞候補者:大畑 樹也 (国立大学法人 浜松医科大学 分子生物学講座 学内講師)

### ・ 略 歴

#### [学歴]

1998年03月 東邦大学 理学部 生物学科 卒業  
1998年04月 東邦大学大学院 理学研究科 生物学専攻 入学  
2000年03月 東邦大学大学院 理学研究科 生物学専攻 修了  
2000年04月 千葉大学大学院 自然科学研究科 生物資源科学専攻 入学  
2003年03月 千葉大学大学院 自然科学研究科 生物資源科学専攻 修了(理学博士)

#### [職歴]

2003年04月～2006年03月 国立遺伝学研究所人類遺伝研究部門JSTさきがけ研究員(ポスドク)  
2006年04月～2006年07月 国立遺伝学研究所人類遺伝研究部門遺伝学普及会特別研究員(ポスドク)  
2006年08月～2009年09月 オーストリア分子病理研究所(IMP)ウツグループ(ポスドク)  
2009年10月～2012年08月 英国ケンブリッジ大学幹細胞研究センター(CSCR ウツグループ(研究員))  
2012年09月～2022年11月 浜松医科大学 分子生物学講座 助教  
2022年12月～現在 浜松医科大学 分子生物学講座 学内講師(称号)現在に至る

### ・ 遺伝学会における活動歴

大畑樹也、保木裕之、佐々木裕之、佐渡敬

*Xist*発現制御におけるプロモーター領域のアンチセンス転写の意義

2005年9月 第77回日本遺伝学会 一般口演(口頭発表)国立オリンピック記念青少年総合センター、渋谷区、東京都  
ベストペーパー賞受賞

大畑樹也

マウスES細胞における*Xist*の発現抑制機構の解析

2014年9月 第86回日本遺伝学会 一般口演(口頭発表)長浜バイオ大学、長浜市、滋賀県

Ohhata T, Tamura Y, Wutz A, Kitagawa M

Homologous recombination is reduced in female embryonic stem cells by two active X chromosomes.

2023年9月 第95回日本遺伝学会 一般口演(口頭発表)熊本県民交流館パレア、熊本市、熊本県

大畑樹也、関田洋一

ワークショップ8 哺乳類の生殖細胞と初期胚のダイナミックなエピゲノム変化

2024年9月 第96回日本遺伝学会 ワorkshopオーガナイズ 高知工科大学、高知市、高知県

### ・ 研究題目

(和文)X染色体不活性化を担う*Xist*遺伝子座のアンチセンス制御

(英文)Antisense regulation at the *Xist* locus underlying X-chromosome inactivation

### ・ 推薦理由

2025年度の遺伝学会奨励賞に大畑樹也氏を推薦させていただきます。彼は2003年3月に千葉大学大学院自然科学研究科を修了し、同年4月より、当時国立遺伝学研究所人類遺伝研究部門(佐々木裕之研究室)の助教であった私がJSTさきがけ研究「タイムシグナルと制御」の支援を受け採用したポスドクで、3年余り私との研究に参画しました。大学院時代、彼はDNA修復の研究を行っていましたが、ポスドクになるタイミングを分野を変える一つのチャンスととらえ、以前より関心を持っていたエピジェネティクスへの方向転換を考え、その候補の一つとしてX染色体不活性化の研究を行っていた私のプロジェクトに応募したと聞いています。彼は約3年の研究期間で、筆頭著者として3報の論文を発表しました(Ohhata T et al., *Genesis*, 2004; Ohhata T et al., *Cytogenet Genome Res*, 2006; Ohhata T et al., *Development*, 2008)。2008年、*Development*に掲載された「X染色体不活性化を司る*Xist*遺伝子を制御するアンチセンス遺伝子*Tsix*に関する研究」は彼のメインテーマで、日本遺伝学会第77回大会(2005年)において口頭発表した際には、ベストペーパー賞に選出されました。そして、その成果こそが、その後の彼の研究の方向性を決定づける研究になりました。

彼は、*Tsix*による*Xist*のアンチセンス制御機構に関する成果をより発展させるためのプロジェクトを当時オーストリア分子病理研究所(IMP)で研究室を主宰していたAnton Wutzに提案し、その内容が認められポスドクとして、2006年8月からの6年を彼の研究室で過ごしました。マウスとES細胞を用いて、当時の最先端の遺伝子改変や発現誘導系を駆使した研究を展開していたWutz研究室のテクノロジーを自分の実験系に利用するのが彼の狙いでした。実験系の確立には苦労したようですが、当初からの目標であった*Tsix*発現誘導マウスを作製し、*Tsix*の機能は時期・細胞系譜特異的に制御されていたことを明らかにしました(Ohhata T et al., *Genes Dev*, 2011)。また、X染色体の不活性化と再活性化のサイクルについての総説も発表しています(Ohhata T and Wutz A, *Cell Mol Life Sci*, 2013)。

Wutzとの信頼関係を確立した彼は、2012年9月に国立大学法人浜松医科大学、分子生物学講座(北川雅敏教授)の助教として帰国してからも*Tsix*の機能解析の研究を推進し、*Tsix*によるアンチセンス制御にヒストン修飾の一つであるH3K36me3が関与していることを見出し(Ohhata T et al., *Mol Cell Biol*, 2015)、さらに留学中に開発していた*Tsix*誘導細胞を用いて、*Tsix*によって*Xist*プロモーターがヘテロクロマチン化されるダイナミクスを明らかにしました(Ohhata T et al., *Cell Rep*, 2021, 添付論文1)。一方で、公共のRNA-seqデータ等からアンチセンスRNAを網羅的に自動抽出するプログラムCCIVRを開発し、*Tsix*型アンチセンス制御の一般性を示し(Ohhata T et al., *Sci Rep*, 2022, 添付論文2)、さらに非オーバーラップ型アンチセンスRNAも抽出できるように機能を拡張したCCIVR2の開発にも成功しています(Suzuki M et al., *Sci Rep*, 2023, 大畑氏が責任著者)。

このように、大畑氏は*Xist*遺伝子座のアンチセンス制御機構に着目し、独自のこだわりを持って続けてきた研究により、重要な成果をあげ続ける一方で、その制御機構の一般性についても評価するなど、広い視野を持ってアンチセンスRNAの制御機構の解明に注力しています。昨年の第96回大会ではワークショップを企画するなど遺伝学会の活動にも積極的で、今後も日本の遺伝学発展のために尽力してくれることが大いに期待できる、奨励賞にふさわしい人材と考えますのでご高配のほどよろしくお願いいたします。