

## 第 23 回 遺伝学談話会報告

日時：2026年2月27日（金） 午後 13:30～15:30

場所：静岡県三島市谷田 1111  
国立遺伝学研究所講堂

第 23 回遺伝学談話会は、学会員の佐々木を世話人として、国立遺伝学研究所講堂にて開催されました。今回は、国立遺伝学研究所の角谷徹二先生（日本遺伝学会会長）と静岡大学農学部  
の坪内知美先生をお迎えし、最新の研究成果をご紹介していただくとともに、お二人が PI に至るまでの道のり（海外での研究経験、研究テーマの選び方など）についてもお話いただき、いずれのセッションも大変刺激的で学ぶところの多い会となりました。

最初のご講演では、角谷先生から「Back to the Researchers' Paradise: Two stories in Arabidopsis genetics」と題したご発表がありました。角谷先生は、シロイヌナズナをモデル生物として用いることで得られた数々の新しい発見を紹介され、特に DNA メチル化変異体の遺伝学的解析から明らかになった DNA メチル化とトランスポゾン  
の関係や、セントロメアに飛び込むトランスポゾンの解析を通じて明らかとなりつつあるセントロメア進化の仕組みなど、エキサイティングな成果をわかりやすく説明してくださいました。また、未解明の現象に挑む際には、どの研究材料を選び、どのようなアプローチを取るかが重要であることを教えていただきました。



続く坪内先生には、「Single-cell tracking of reprogramming cells induced by cell fusion」と題してご発表いただきました。分化細胞から多能性幹細胞へのリプログラミングは、一般に低効率かつ時間を要するプロセスです。リプログラミング因子導入後の細胞を長期的にモニターすることが技術的に難しいため、その分子機構や細胞周期との関係は十分に理解されていませんでした。そこで、坪内先生は、体細胞のリプログラミングを誘導可能な細胞融合実験系を用い、融合細胞を単離・追跡・評価しながら single-molecule RNA-FISH による多能性関連遺伝子の発現解析を行った結果や、細胞周期の進行と遺伝子発現パターンを対応付けることでリプログラミング効率の最適化に向けた重要な知見をご紹介いただきました。

いずれのセッションにおいても、複雑な生命現象に迫る研究の迫力を強く感じるとともに、研究者としてのキャリア形成に向けたアドバイスを得ることができました。遺伝研には留学生も多いことから、本談話会は英語で行われましたが、活発な質疑応答が行われ、大変有意義な時間となりました。