

令和 5 年 8 月 30 日

独立行政法人日本学術振興会

第 39 回（令和 5 年）国際生物学賞の受賞者決定 リチャード・ダービン博士 (Dr. Richard Durbin) (英国)

独立行政法人日本学術振興会（理事長 杉野 剛）は、8 月 25 日に国際生物学賞委員会（委員長 藤吉 好則：東京医科歯科大学特別栄誉教授）を開催し、第 39 回国際生物学賞の受賞者をケンブリッジ大学遺伝学部門アル・キンディー教授 リチャード・ダービン博士（62 歳、英国）に決定しましたのでお知らせいたします。

1. 国際生物学賞について

国際生物学賞は、昭和 60 年（1985 年）に昭和天皇の御在位 60 年と長年にわたる生物学の御研究を記念するとともに生物学の奨励を図るため、生物学の研究において世界的に優れた業績を挙げ、世界の学術の進歩に大きな貢献をした研究者に授与することを目的として設けられたものです。また、本賞の 25 回目を契機に、本賞の発展に寄与されている上皇陛下の長年にわたる魚類分類学（ハゼ類）の御研究を記念し、今後の生物学の更なる発展を図ることも本賞の趣旨に追加しました。

受賞者には、賞状・賞牌及び賞金 1,000 万円が贈られます。また、秋篠宮皇嗣殿下からの贈呈品があります。

2. 受賞者について（受賞者の略歴及び授賞理由については別添資料を参照ください。）

リチャード・ダービン博士は、1960 年生まれ。2017 年からケンブリッジ大学遺伝学部門アル・キンディー教授、及びウェルカム・サンガー研究所アソシエイトファカルティメンバー。

今回の授賞対象分野は「ゲノム生物学（Biology of Genomes）」です。ダービン博士は、生物学と情報学の融合分野であるバイオインフォマティクス分野において、生物学のデータサイエンス化を支える基盤的・革新的な技術を多数開発し、さらに、数多くの国際研究プロジェクトを主導してきました。ダービン博士のこれまでの数々の業績は、ゲノム生物学における重要な発展を支えるものとして高く評価されるものです。

3. 授賞式について

授賞式は、例年 12 月頃に举行されておりますが、第 39 回授賞式の日程は後日お知らせいたします。授賞式には、秋篠宮皇嗣同妃両殿下の御臨席をお願いしています。

また、記念シンポジウムを 12 月 16 日（土）及び 17 日（日）に横浜において開催予定です。

第 39 回（令和 5 年）国際生物学賞の受賞者決定について

令和 5 年 8 月 30 日

独立行政法人日本学術振興会

独立行政法人日本学術振興会（理事長 杉野 剛）は、8 月 25 日に国際生物学賞委員会（委員長 藤吉 好則：東京医科歯科大学特別荣誉教授）を開催し、第 39 回国際生物学賞の受賞者をケンブリッジ大学遺伝学部門アル・キンディー教授 リチャード・ダービン博士（62 歳）に決定した。今回の授賞対象分野は「ゲノム生物学（Biology of Genomes）」である。

1. 選考の経過

国際生物学賞委員会のもとに、審査委員会（委員長 武田 洋幸：京都産業大学教授）が設置され、国内、国外の合計 1,659 の関係学術機関・団体及び有識者に対して推薦依頼状を送付した。これに応じ、推薦された 50 名（被推薦候補者の重複を除いた実数は 23 か国・地域、47 名）の候補者について、審査委員会は、4 回に及ぶ会議における慎重な審議の結果、リチャード・ダービン博士を受賞候補者として推薦することを決定した。

今回の決定は、この審査委員会の選考結果に基づいて行われたものである。

2. 受賞者について

氏 名 リチャード・ダービン博士
(Dr. Richard Durbin)

生年月日 1960 年 12 月 30 日（62 歳）

国 籍 英国

現 職 ケンブリッジ大学遺伝学部門アル・キンディー教授

略 歴

1987 年 ケンブリッジ大学 MRC 分子生物学研究所（Ph.D.）

1986 年・1988 年 キングスカレッジ生物情報処理リサーチフェロー

1988 年・1990 年 スタンフォード大学心理学部門ルシル・P・マーキー客員研究員

1990 年・1996 年 MRC 分子生物学研究所スタッフメンバー

1993 年・2017 年 ウェルカム・サンガー研究所シニアグループリーダー

2017 年・現在 ケンブリッジ大学遺伝学部門アル・キンディー教授

2017 年・現在 ウェルカム・サンガー研究所アソシエイトファカルティメンバー

栄 誉 歴

1994 年 英国王立協会ムラード賞

2004 年 英国王立協会フェロー

2004 年 英国科学技術基金（Foundation for Science and Technology）

キルグラン・ロイド卿賞（Lord Lloyd of Kilgerran Award）

2009 年 欧州分子生物学機構メンバー



2011 年 国際情報生物学会フェロー
2016 年 国際スティーブン・ホーゲンダイク賞
2017 年 英国王立協会ガボールメダル
2019 年 米国芸術科学アカデミー国際名誉会員

3. 授賞理由

第 39 回国際生物学賞の対象分野はゲノム生物学である。近年の生物学の革新的な発展を強力に推進しているのが、ゲノム解析プロジェクトに代表されるゲノム生物学であり、そこから得られる大規模データにより生物学は急速にデータサイエンス化している。

ケンブリッジ大学遺伝学部門アル・キンディー教授であるリチャード・ダービン博士は、生物学と情報学の融合分野であるバイオインフォマティクス分野において、生物学のデータサイエンス化を支える基盤的・革新的な技術を多数開発し、さらに、数多くの国際研究プロジェクトを主導してきた。ダービン博士は 400 編以上の学術論文を執筆しており、これらの論文が合計 28 万回以上引用されていることから、その功績の大きさが窺える。

ダービン博士の第一の貢献は、一見すると ATCG の 4 文字が延々と並んだ“暗号文”にしか見えない生物のゲノム配列から、その背後に隠されたさまざまな生物学的情報を読み解くために不可欠となる情報解析手法、データベース、データフォーマットなどを次々と開発してきたことである。これらの中には、Pfam、SAM/BAM、VCF、bwa といった、現代のゲノム生物学研究において欠くことができないものが数多く含まれる。間接的に恩恵を受けている場合も含めれば、分子生物学に関わるほぼ全ての研究者がその成果を利用していると言っても過言ではない。また、近年の重要な成果として、限られたゲノムデータから生物集団の歴史を推測することを可能にする強力な情報解析手法 PSMC/MSMC を開発したことも特筆される。この手法によって、人類がアフリカを離れた後にどのような集団遺伝学的な歴史をたどってきたかが明らかになるなど、ダービン博士は生物学の範囲を越えて考古学などの分野にも大きな影響を与えてきた。

ダービン博士の第二の貢献は、初めて明らかになった動物のゲノム配列である線虫ゲノム配列の解析や、ヒトゲノム配列中のタンパク質コード遺伝子の解析など、ゲノム生物学分野においてマイルストーンとなったゲノム解析プロジェクトにおいて、その中核となるデータ解析をリードしてきたことである。またダービン博士は、人間の多様性や遺伝病のメカニズムを解明する上でもっとも重要な基盤となる、人類集団の大規模なゲノム解析プロジェクトにも力を注いできた。加えて、地球上に存在する多様な生物の網羅的なゲノム配列解析を目指す国際プロジェクトにおいても、強力なリーダーシップを発揮している。

このように、ダービン博士のゲノム生物学に対する貢献は極めて大きく、その貢献がなければ、本分野は現在の姿とは大きく異なる姿になったとすらいうことができる。以上の理由より、ダービン博士が第 39 回国際生物学賞の授賞対象分野「ゲノム生物学」の受賞者として最もふさわしいと判断し、授賞を決定した。

4. 授賞式

授賞式は、12 月頃に明治記念館（東京都港区元赤坂 2 丁目 2-23）にて実施予定である。

授賞式には、秋篠宮皇嗣同妃両殿下の御臨席をお願いしている。

5. 記念シンポジウム

ダービン博士の受賞を記念して、総合研究大学院大学及び日本学術振興会との共催により、記念シンポジウムを令和5年12月16日（土）及び17日（日）に横浜において開催する予定である。受賞者の他、ゲノム生物学分野において先駆的な研究を進めている国内外の研究者が最新の研究成果について講演を行うほか、一般向けのシンポジウムも行う予定である。

6. 受賞者の研究業績及び代表的著作

研究業績

リチャード・ダービン博士は、ゲノム生物学分野において革新的な技術を多数開発するとともに、数多くの国際研究プロジェクトを主導してきた。とりわけ、生物学と情報学の融合領域であるバイオインフォマティクス分野の先駆者の一人として、ゲノムデータに基づいた生物学的研究に必須となる情報解析手法、データベース、フォーマットなどを次々に開発してきた。またこれと並行して、ダービン博士は、ゲノム生物学分野においてマイルストーンとなった数々のゲノム解析プロジェクトにおいて、30年以上にわたってリーダーシップを発揮してきた。

ダービン博士のゲノム生物学における初期の重要な功績として、初めて明らかになった動物の完全ゲノム配列、すなわち線虫ゲノム配列の解析プロジェクトを、その基盤となるデータベースを開発するなどデータ解析・データ処理の観点からリードしたことが挙げられる。またダービン博士は、ゲノムデータの解析において現在でも極めて重要な、隠れマルコフモデルと呼ばれる情報解析手法に関わる一連の技術開発を行った。これらの研究成果のうち、例えばタンパク質ファミリードメインの Pfam データベースはゲノム生物学分野で現在でも広範に使われており、幅広い分子生物学研究の基盤となっている。これらの技術は、ゲノム生物学において最も重要な成果の一つであるヒトゲノム配列の解析においても活用され、重要な役割を果たした。ダービン博士は、ヒトゲノムプロジェクトにおいても、ゲノム中のタンパク質をコードする遺伝子を同定するグループを率いるなどの中心的な貢献を行っている。さらには、本分野における重要な教科書の一つ『Biological Sequence Analysis（訳書名：バイオインフォマティクスー確率モデルによる遺伝子配列解析）』を出版し、教育に大きく貢献したことも特筆される。

ヒトゲノム配列の決定後、ダービン博士は、ヒトなど単一の生物種内のゲノムの多様性を研究する集団ゲノム解析の重要性に早くから着目し、初期の酵母集団ゲノム解析研究を行うなど、一貫してゲノム生物学研究の方向性を先導してきた。また、超並列シーケンス技術がゲノム生物学に登場し、データ量が急激に増大した中で、ダービン博士は、この新技術によって生み出される膨大なデータを効率的にゲノム配列に対応づけて解析するための情報解析手法の研究に取り組み、現在もゲノム生物学分野において広く使われている bwa ソフトウェアを開発した。ダービン博士はその後、人類集団のゲノムの多様性を明らかにする 1000 人ゲノムプロジェクトや UK10K プロジェクトを共同で主導してきた。

これと並行してダービン博士は、ゲノム生物学分野におけるデータフォーマットとして標準となっている SAM/BAM や VCF フォーマットや、ゲノム配列上の変異や多型を効率的に同定するためのソフトウェアなど、ゲノム生物学における重要な情報解析手法を数多く開発してきた。さらに近年では、集団遺伝学の理論・手法開発にも貢献しており、限られたゲノムデータから集団の歴史を推測す

る強力な情報解析手法である PSMC 及び MSMC を開発した。この手法によって、非アフリカ系人類がアフリカを離れた約 5 万年前に、人類集団が集団サイズを減らすボトルネックと呼ばれる現象が起こったことが明らかになるなど、ダービン博士の功績は生物学の枠を越えて考古学などの領域へも大きな影響を与えている。さらに近年では、地球上に存在する多様な生物の網羅的なゲノム配列解析プロジェクトなどに取り組むなど、様々な国際研究プロジェクトにおいてリーダーシップを発揮しており、今後もさらなるゲノム生物学分野への貢献が期待される。

代表的な論文及び著書

1. “Towards complete and error-free genome assemblies of all vertebrate species” Rhie A, [121 authors], Howe K*, Myers EW*, **Durbin R***, Phillippy AM*, Jarvis ED*. *Nature* 592:737-746 (2021)
2. “Haplotype-aware graph indexes”, Sirén J, Garrison E, Novak AM, Paten B, **Durbin R**. *Bioinformatics* 36:400-407 (2020)
3. “Variation graph toolkit improves read mapping by representing genetic variation in the reference”, Garrison E, Sirén J, Novak AM, Hickey G, Eizenga JM, Dawson ET, Jones W, Garg S, Markello C, Lin MF, Paten B, **Durbin R**. *Nat Biotechnol.* 36:875-879 (2018)
4. “Whole-genome sequences of Malawi cichlids reveal multiple radiations interconnected by gene flow”, Malinsky M, Svardal H, Tyers AM, Miska EA, Genner MJ, Turner GF, **Durbin R**. *Nat Ecol Evol.* 2:1940-1955 (2018)
5. “Health and population effects of rare gene knockouts in adult humans with related parents”. Narasimhan VM, [33 authors], **Durbin R***, van Heel DA*. *Science* 352:474-7 (2016)
6. “The UK10K project identifies rare variants in health and disease”, UK10K Consortium, Walter K, Min JL, Huang J, Crooks L, Memari Y, McCarthy S, Perry JR, Xu C, Futema M, Lawson D, Iotchkova V, Schiffels S, Hendricks AE, Danecek P, Li R, Floyd J, Wain LV, Barroso I, Humphries SE, Hurles ME, Zeggini E, Barrett JC, Plagnol V, Richards JB, Greenwood CM, Timpson NJ, **Durbin R***, Soranzo N*. *Nature* 526:82-90 (2015)
7. “Efficient haplotype matching and storage using the positional Burrows-Wheeler transform (PBWT)”, **Durbin R**. *Bioinformatics* 30:1266-72 (2014)
8. “Insights into hominid evolution from the gorilla genome sequence”, Scally A, (67 others), Tyler-Smith C, **Durbin R**. *Nature* 483:169-175 (2012)
9. “Inference of human population history from individual whole-genome sequences”, Li H, **Durbin R**, *Nature* 475:493-6 (2011)
10. “Efficient construction of an assembly string graph using the FM-index”, Simpson JT, **Durbin R**. *Bioinformatics*. 26:i367-73 (2010)
11. “A map of human genome variation from population-scale sequencing”, 1000 Genomes Project Consortium (**Durbin R** corresponding author). *Nature* 467:1061-73 (2010)
12. “The Sequence Alignment/Map (SAM) Format and SAMtools”, Li H, Handsaker B, Wysoker A, Fennell T, Ruan J, Homer N, Marth G, Abecasis G, **Durbin R**, 1000 Genomes Data Processing Group *Bioinformatics* 25:2078-9 (2009)

13. "Fast and accurate short read alignment with the Burrows-Wheeler transform", Li H and **Durbin R**. *Bioinformatics* 25:1754-1760 (2009)
14. "Population genomics of domestic and wild yeasts", Liti G*, Carter DM*, Moses AM, Warringer J, Parts L, James SA, Davey RP, Roberts IN, Burt A, Koufopanou V, Tsai IJ, Bergman CM, Bensasson D, O'Kelly MJ, van Oudenaarden A, Barton DB, Bailes E, Nguyen AN, Jones M, Quail MA, Goodhead I, Sims S, Smith F, Blomberg A, **Durbin R***, Louis EJ*. *Nature* 458:337-341 (2009)
15. "Initial sequencing and analysis of the human genome". International Human Genome Sequencing Consortium. *Nature* 409:860-921 (2001) (lead author for section on protein coding genes)
16. "Genome Sequence of the Nematode *C. elegans*: A Platform for Investigating Biology", The *C.elegans* Sequencing Consortium. *Science* 282:2012-2018 (1998) (lead author for the sequence analysis section)
17. "Biological Sequence Analysis: probabilistic models of proteins and nucleic acids", **R.Durbin**, S.Eddy, A.Krogh, G.Mitchison. *Cambridge University Press* pp1-344 (1998).
18. "Pfam: A Comprehensive Database of Protein Families Based on Seed Alignments", E.L.L. Sonnhammer, S.R. Eddy, **R. Durbin**, *Proteins* 28:405-420, (1997)
19. "The ACEDB genome database", **R Durbin** and J Thierry-Mieg, pp 45-56 in "*Computational Methods in Genome Research*", ed S Suhai, Plenum (1994)
20. "RNA sequence analysis using covariance models", *SR Eddy* and **R Durbin**, *Nucleic Acids Research* 22:2079-2088 (1994)

<参考>

○ 国際生物学賞 (International Prize for Biology)

国際生物学賞は、昭和 60 年 (1985 年) に昭和天皇の御在位 60 年と長年にわたる生物学の御研究を記念するとともに生物学の奨励を図るため、生物学の研究において世界的に優れた業績を挙げ、世界の学術の進歩に大きな貢献をした研究者に授与することを目的として設けられたものである。また、本賞の 25 回目を契機に、本賞の発展に寄与されている上皇陛下の長年にわたる魚類分類学 (ハゼ類) の御研究を記念し、今後の生物学の更なる発展を図ることも本賞の趣旨に追加した。

受賞者には、国際生物学賞 (賞状、賞牌及び賞金 1,000 万円) を授与する。

○ 昭和天皇の生物学御研究と国際生物学賞賞牌

昭和天皇は、長年にわたり相模湾において生物学的調査をお続けになられたが、その間、腔腸動物・ヒドロ虫類に属するカゴメウミヒドラ科 2 種、即ちカゴメウミヒドラとキセルカゴメウミヒドラの標本を御採集になった。このうち、後者のキセルカゴメウミヒドラについては新属新種として御記載になった。昭和天皇は、これらの種の外部形態、内部形態、生活環、分類上の位置などについて、くわしく御研究になり、それによって本科についての知見が著しく増大した。

これらの種は、いずれも扇状の群体を形成し、枝は何度も分岐し、所々で枝の一部が融合連結している。本科、とくにキセルカゴメウミヒドラの群体の一部がメダル上に図案化されている。

地金は黒四分一 (銅・銀・金の合金) という日本独自の銅合金を用い、文様は、幅の広い部分は 22 金、狭い部分は純金の象嵌で表している。デザインは、吉田左源二東京芸術大学名誉教授によるものである。



昭和天皇が相模湾で御採集になり、新属新種として命名記載された有鞘類のキセルカゴメウミヒドラ



国際生物学賞 賞牌

デザイン：吉田 左源二

(東京芸術大学名誉教授)

制作：飯野 一郎

(東京芸術大学名誉教授)

○これまでの受賞者

- 第1回 (昭和 60 (1985) 年、授賞分野は「系統・分類学を中心とする生物学」)
エドレッド・ジョン・ヘンリー・コーナー博士 (英国)
ケンブリッジ大学名誉教授
- 第2回 (昭和 61 (1986) 年、授賞分野は「系統・分類学を中心とする生物学」)
ピーター・ハミルトン・レーブン博士 (米国)
ミズーリ植物園長
- 第3回 (昭和 62 (1987) 年、授賞分野は「発生生物学」)
ジョン・バートランド・ガードン博士 (英国)
ケンブリッジ大学教授
- 第4回 (昭和 63 (1988) 年、授賞分野は「集団生物学」)
木村 資生博士 (日本)
国立遺伝学研究所名誉教授
- 第5回 (平成元 (1989) 年、授賞分野は「海洋生物学」)
エリック・ジェームズ・デントン博士 (英国)
英国海洋生物学協会研究所 (プリマス) 元所長
- 第6回 (平成 2 (1990) 年、授賞分野は「行動生物学」)
マサカズ・コニシ博士 (米国)
カリフォルニア工科大学教授
- 第7回 (平成 3 (1991) 年、授賞分野は「植物を中心とする機能生物学」)
マーシャル・デヴィッドソン・ハッチ博士 (オーストラリア)
オーストラリア連邦科学産業研究庁主任研究員
- 第8回 (平成 4 (1992) 年、授賞分野は「比較生理学」)
クスト・シュミットニールセン博士 (米国)
デューク大学教授
- 第9回 (平成 5 (1993) 年、授賞分野は「生態学」)
エドワード・オズボーン・ウィルソン博士 (米国)
ハーバード大学教授
- 第10回 (平成 6 (1994) 年、授賞分野は「系統・分類を中心とする生物学」)
エルンスト・マイア博士 (米国)
ハーバード大学名誉教授
- 第11回 (平成 7 (1995) 年、授賞分野は「細胞生物学」)
イアン・リード・ギボンス博士 (英国)
ハワイ大学教授
- 第12回 (平成 8 (1996) 年、授賞分野は「生殖の生物学」)
柳町 隆造博士 (日本)
ハワイ大学教授
- 第13回 (平成 9 (1997) 年、授賞分野は「植物科学」)
エリオット・マーチン・マイエロヴィツ博士 (米国)
カリフォルニア工科大学教授
- 第14回 (平成 10 (1998) 年、授賞分野は「多様性の生物学」)
オットー・トーマス・ソルブリーグ博士 (米国)
ハーバード大学教授
- 第15回 (平成 11 (1999) 年、授賞分野は「動物生理学」)
江橋 節郎博士 (日本)
日本学士院第2部部長、東京大学名誉教授、岡崎国立共同研究機構生理学研究所名誉教授
- 第16回 (平成 12 (2000) 年、授賞分野は「発生生物学」)
シーモア・ベンザー博士 (米国)
カリフォルニア工科大学教授

- 第17回（平成13（2001）年、授賞分野は「古生物学」）
 ハリー・ブラックモア・ウィットントン博士（英国）
 ケンブリッジ大学名誉教授
- 第18回（平成14（2002）年、授賞分野は「進化生物学」）
 根井 正利博士（米国）
 ペンシルベニア州立大学教授
- 第19回（平成15（2003）年、授賞分野は「細胞生物学」）
 井上 信也博士（米国）
 ウッズホール海洋生物学研究所勲功科学者
- 第20回（平成16（2004）年、授賞分野は「系統・分類を中心とする生物学」）
 トーマス・キャバリエースミス博士（英国・カナダ）
 オックスフォード大学教授
- 第21回（平成17（2005）年、授賞分野は「かたちの生物学」）
 ナムーハイ・チュア博士（シンガポール）
 ロックフェラー大学教授
- 第22回（平成18（2006）年、授賞分野は「時間生物学」）
 サージ・ダアン博士（オランダ王国）
 グローニンゲン大学教授
- 第23回（平成19（2007）年、授賞分野は、「遺伝学」）
 デビッド・スウェンソン・ホグネス博士（米国）
 スタンフォード大学名誉教授
- 第24回（平成20（2008）年、授賞分野は、「生態学」）
 ジョージ・デイビット・ティルマン博士（米国）
 ミネソタ大学教授
- 第25回（平成21（2009）年、授賞分野は、「感覚の生物学」）
 ウィンスロー・ラッセル・ブリッグス博士（米国）
 カーネギー研究所植物学部門名誉部門長
- 第26回（平成22（2010）年、授賞分野は「共生の生物学」）
 ナンシー・アン・モラーン博士（米国）
 イェール大学教授
- 第27回（平成23（2011）年、授賞分野は「発生生物学」）
 エリック・ハリス・デヴィッドソン博士（米国）
 カリフォルニア工科大学教授
- 第28回（平成24（2012）年、授賞分野は「神経生物学」）
 ジョセフ・アルトマン博士（米国）
 パデュー大学名誉教授
- 第29回（平成25（2013）年、授賞分野は「進化生物学」）
 ジョセフ・フェルゼンシュタイン博士（米国）
 ワシントン大学教授
- 第30回（平成26（2014）年、授賞分野は「系統・分類を中心とする生物学」）
 ピーター・クレイン博士（英国）
 イェール大学教授
- 第31回（平成27（2015）年、授賞分野は「細胞生物学」）
 大隅 良典博士（日本）
 東京工業大学フロンティア研究機構名誉教授
- 第32回（平成28（2016）年、授賞分野は「多様性の生物学」）
 スティーブン・フィリップ・ハッベル博士（米国）
 カリフォルニア大学ロサンゼルス校卓越教授
- 第33回（平成29（2017）年、授賞分野は「海洋生物学」）
 リタ・ロッシ・コルウェル博士（米国）
 メリーランド大学特別名誉教授、ジョンズホプキンス大学特別名誉教授

第34回（平成30年（2018）年、授賞分野は「古生物学」）

アンドリュー・ハーバート・ノール博士（米国）

ハーバード大学フィッシャー記念教授

第35回（令和元（2019）年、授賞分野は「昆虫の生物学」）

ナオミ・エレン・ピアス博士（米国）

ハーバード大学ヘッセル教授

第36回（令和2（2020）年、授賞分野は「環境応答の生物学」）

篠崎 一雄博士（日本）

理化学研究所環境資源科学研究センター特別顧問

第37回（令和3（2021）年、授賞分野は「ヒト進化の生物学」）

ティモシー・ダグラス・ホワイ特博士（米国）

カリフォルニア大学バークレー校統合生物学教授

第38回（令和4（2022）年、授賞分野は「魚の生物学」）

塚本 勝巳博士（日本）

東京大学名誉教授