

第十八回国際生物学賞受賞者

根井 正利 博士
Dr. Masatoshi Nei

生年月日 1931年1月2日 (71歳)

国 種 籍 アメリカ合衆国

現 職 ペンシルベニア州立大学教授

連絡先 Institute of Molecular Evolutionary
Genetics
Pennsylvania State University
328 Mueller Lab,
University Park, PA 16802
USA



略歴	1953年 宮崎大学卒業
	1959年 京都大学より農学博士を取得
	1958~1962年 京都大学助手
	1960~1961年 ロックフェラー財団フェロー (カリфорニア大学及びノースカロライナ州立大学)
	1962~1969年 放射線医学総合研究所研究員
	1969~1972年 ブラウン大学準教授・教授
	1972~1990年 テキサス大学(ヒューストン校) 教授
	1990~現在 ペンシルベニア州立大学教授
	1990~現在 ペンシルベニア州立大学分子進化遺伝学研究所所長

栄誉歴	1977年 日本人類遺伝学会賞
	1989年 日本遺伝学会名誉会員
	1990年 アメリカ芸術科学アカデミーフェロー (Fellow, American Academy of Arts and Sciences)
	1990年 日本遺伝学会木原賞
	1993年 米国科学振興協会会員 (Fellow, American Association for the Advancement of Science)
	1996年 日本人類遺伝学会名誉会員
	1997年 米国科学アカデミー会員 (Member, National Academy of Sciences, USA)
	2000年 日本組織適合性学会名誉会員

研究業績 根井博士は、現在の分子進化生物学の理論的な基礎を築いた中心人物の一人である。博士の貢献は、生物集団の遺伝的な多様性の程度、生物種間の進化的な関係、生物種が共通祖先から分岐した時間、自然淘汰が働いている遺伝子領域の特定など、今までに実験的手法ではわかり得なかった進化的に重要な知見を、さまざまな統計的な手法を研究開発し分子レベルのデータに応用することによって、定量的に推定する方策を新しく開拓したことである。このことにより、博士は、進化生物学に分子レベルの最新のデータを常に取り組みながら、ともすると概念だけの議論に始終しそうな仮説を定量的に検証することが可能な実証科学としての「分子進化生物学」の誕生とその確立に大きく寄与した。

生物集団の進化的歴史と遺伝的距離の研究

根井博士が研究開発して世界的に最もよく知られている統計的手法は、生物集団間の遺伝的な差を「遺伝的距離」として明確に定義し、DNAやタンパク質などのデータから推定する方法である。博士によって1972年に提唱されたこの方法は、タンパク質やDNAの個体間の差異である多型データから人類を含む生物集団の起源や祖先から分岐した時期などを推定することを可能とし、「ネイの遺伝的距離」という名で世界中の関係分野のほとんどの研究者にいそしまれ、現在でも頻繁に使われている。

1974年には、博士が自身で新しく開発した遺伝的距離を人類集団に応用して、ヨーロッパ人とアジア人やアフリカ人の平均的な遺伝的な差異はわずか10%程度しかないことを明らかにするとともに、ヨーロッパ人とアジア人がアフリカ人と分岐したのがおよそ10万年前で、ヨーロッパ人とアジア人が分かれたのが約5万年前であることを推定した。このことは、現代人の起源がアフリカにあることを示唆する最初の証拠となった。

DNAレベルの進化に関する統計的手法の研究

博士は、1970年代後半から、早くもDNA配列データに注目し、DNAレベルから生物進化を追跡する数学的モデルの研究に乗り出した。1980年代の中頃に

は、アミノ酸の変化を伴う塩基の変化と伴わない変化を定量的に推定する統計的手法を考案し、自然淘汰が強く働いている遺伝子領域の特定に応用できることを提唱した。この方法は、多くの研究者に使われ続けている。

DNAとタンパク質の系統関係の研究

1980年代から、博士は、DNAやタンパク質などの分子レベルのデータを用いて、遺伝子の系統関係を明らかにする数学的理論を構築する研究を始めた。特に、博士と共同研究者は、遺伝子の系統樹と生物の系統樹の理論的関係を世界で初めて明らかにし、実験研究者が解釈に困った多くの観察結果を論理的に説明できる基礎を提供した。また、博士は、当時の大学院生の一人とともに、「近隣結合法」とよばれる分子系統樹の作成法を考案し、世界で最もよく使われる系統樹作成法となった。

免疫システムに関与する遺伝子の進化の研究

1988年には、博士は、臓器移植などの拒否反応に関与する主要組織適合性複合体遺伝子群に注目し、これらの遺伝子群が人類集団で大きな多様性を持つ謎を、ウイルスや細菌などの外敵から防御するためにDNAレベルで特別な進化様式をとることによって非常に大きな多様性が維持されるという説明で解けることを明らかにした。後に、この進化様式は人類だけでなく脊椎動物一般にもみられることが明らかになっている。

また、一般に免疫システムに関与する遺伝子のように、似たような遺伝子がゲノム上に多重に並んで存在するいわゆる多重遺伝子族では、遺伝子重複が生じた後遺伝子はそれぞれ独立に長く生き残ったり消失したりする「生死過程」という進化パターンを示していることを明らかにした。

これらの博士の業績は、現代の分子進化生物学の理論的な枠組みを構築する基盤となっており、この分野の発展に多大な貢献をした。