

比較ゲノム解析に基づく遺伝子システムの多様化と進化機構の解明

● 齋藤成也

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所

〈研究の目的と進め方〉

ヒト化を特徴づける遺伝子変化を発見するため、系統的にヒトに近縁なチンパンジー、ゴリラ、オランウータンなどの類人猿について、順系相同な遺伝子を同時に複数種で比較している。また、遺伝的多型が種によっておよび遺伝子によってどのように異なっているのかを、ヒトとチンパンジーで比較して調べている。

〈研究開始時の研究計画〉

類人猿においては、チンパンジーは同じ計画班の藤山が作成中のBACライブラリーを、ゴリラは齋藤が作成中のフォスミドライブラリーを用いる。そのほかに、オランウータン、シロテテナガザル、ニホンザルについてもフォスミドあるいはBACライブラリーを作成する。次に、Hoxクラスター、血液型遺伝子などの遺伝子領域に的を絞って、これらのライブラリーをスクリーニングし、本ゲノム研究のシークエンスセンターのもとで、ショットガン法を用いて大規模塩基配列決定を行なう。

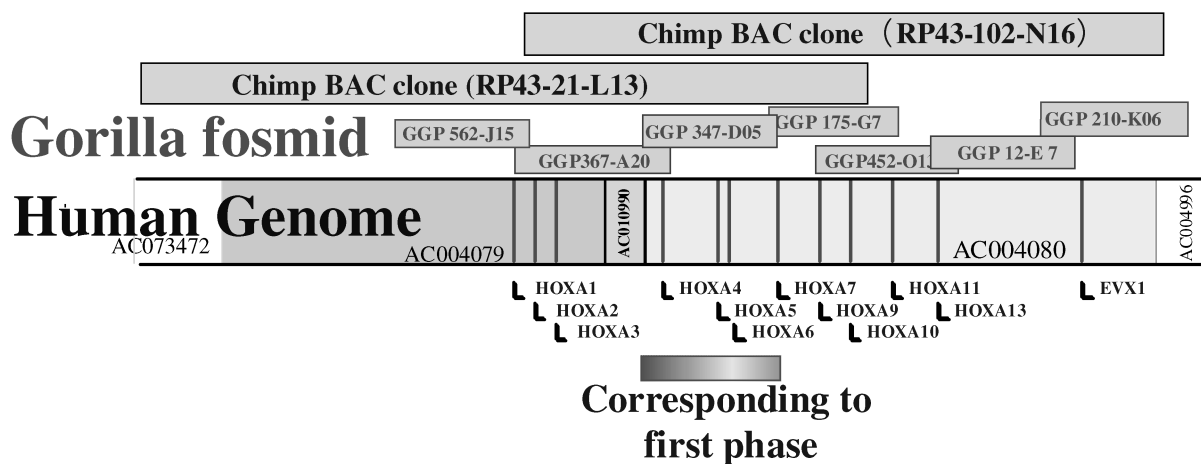
〈研究期間の成果〉

- (1) ヒトおよび類人猿において、免疫グロブリンA遺伝子のヒンジ領域が正の自然淘汰を受けていることをあきらかにした (Sumiyama et al. 2002)。
- (2) ゴリラのフォスミドクローンライブラリー構築についての論文を発表した (Kim et al. 2003)。
- (3) ヒトと類人猿における、SCA関連の3塩基リピート多型のパターンを比較した (Andres et al. 2003)。
- (4) 系統樹ネットワークを解析するための補助ソフトウェアNetViewを完成し発表した (Kryukov & Saitou 2003)。
- (5) チンパンジー22番染色体の決定と配列解析の結果に関する論文を完成し、発表した (Watanabe et al., 2004)。
- (6) ヒト、チンパンジー、ゴリラ、オランウータン4種の順系相同遺伝子103個の進化を解析した論文を完成した (Kitano et al. 2004)。
- (7) アフリカの野生チンパンジー集団の動態を知るために、現地でサンプリングした糞などからミトコンドリアDNAを抽出し、塩基配列を決定して集団間の違いを論じた (Shimada et al. 2004)。
- (8) ヒト集団におけるABO式血液型遺伝子の進化を、特にO型遺伝子に焦点をあてて検討した (Roubinet et al. 2004)。
- (9) ヒト、チンパンジー、ゴリラにおける染色体の微小転座が生じている領域について塩基配列レベルで詳細に解析した結果を論文として発表した (Shimada et al. 2005)。
- (10) ヒト上科の分子進化研究の歴史を概観し、ヒト特異的変化の抽出法について議論した (Saitou 2005)。
- (11) ヒトと類人猿において10個のタンパク質コード領域上流を比較し、その進化パターンを齧歯類と

比較した (Kitano and Saitou, 2005)。

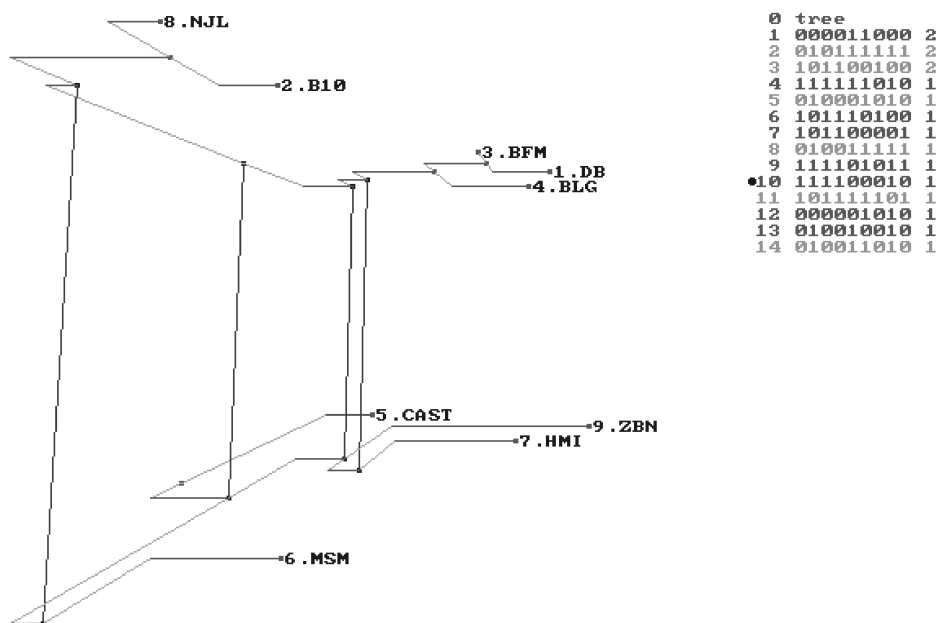
- (12) チンパンジーとゴリラのHoxAクラスター全領域の配列決定を終了した (論文を作成中)。
- (13) チンパンジーのRh式血液型遺伝子領域の配列決定を行った (データ解析中)。
- (14) チンパンジー44個体の遺伝的多型を2遺伝子座において検索した (データ解析中)。
- (15) ニホンザルゲノムのBACライブラリーを作成した、

HoxA cluster sequencing using chimp BAC and gorilla fosmid library



NetView の画面の例 (Kryukov & Saitou 2003)

NJ tree & one incompatible split #10



チンパンジーを外群としてヒトのSNPを解析して推定された、ヒトにおける塩基置換パターン (Watanabe et al. 2004)

		NEW			
		A	T	C	G
OLD	A	-	2.88 (703)	3.60 (880)	14.00 (3422)
	T	2.80 (681)	-	15.05 (3654)	3.45 (838)
	C	4.43 (747)	20.31 (3424)	-	4.51 (760)
	G	19.56 (3292)	4.53 (762)	4.88 (822)	-

ヒトを外群としてチンパンジーのSNPを解析して推定された、塩基置換パターン (Watanabe et al. 2004)

		NEW			
		A	T	C	G
OLD	A	-	3.55 (252)	3.68 (261)	12.58 (893)
	T	2.92 (206)	-	13.18 (930)	4.02 (284)
	C	5.08 (250)	19.22 (946)	-	5.24 (258)
	G	20.83 (1024)	4.37 (215)	5.33 (262)	-

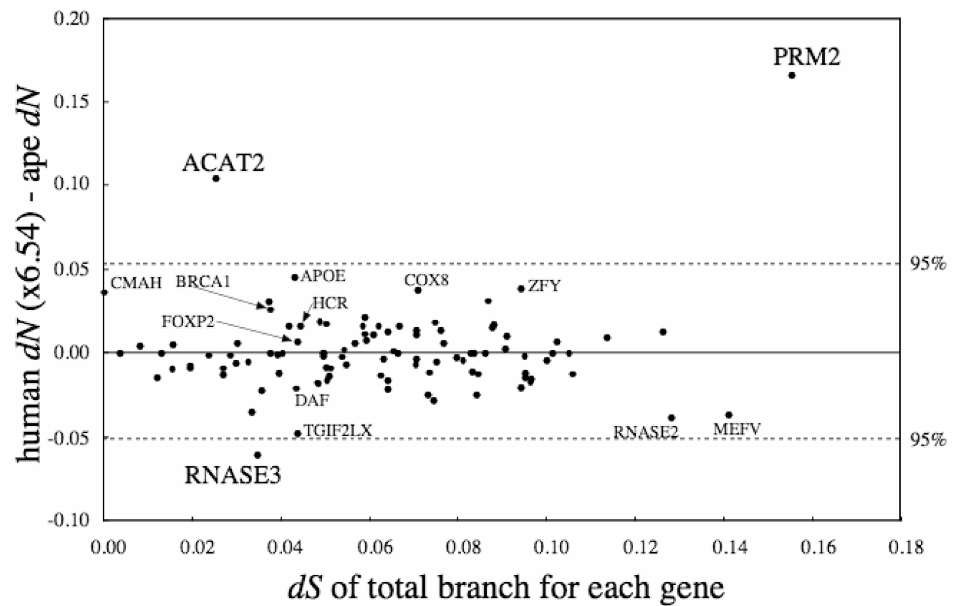
ヒト, チンパンジー, ゴリラ, オランウータン 103 個のタンパク質コード遺伝子の比較 (Kitano et al. 2004)

Distribution of Genes According to Tree Topology

Topology	No. genes*	dS for human branch
Hum-Chimp	34 (49)	0.0053 ± 0.0009
Chimp-Gorilla	10 (25)	0.0157 ± 0.0032
Human-Gorilla	14 (21)	0.0059 ± 0.0012
Trichotomy	45 (8)	---

*Numbers in parentheses are UPGMA trees included for trichotomy case.

ヒト, チンパンジー, ゴリラ, オランウータン 103 個のタンパク質コード遺伝子の比較 (Kitano et al. 2004)



ヒト, チンパンジー, ゴリラ, オランウータン103個のタンパク質コード遺伝子の比較 (Kitano et al. 2004)

Genes showing significantly different nonsynonymous changes between Human lineage and Ape lineages

Gene	n-Human	n-Ape	A.I.	dN x dS	Dist.
BRCA1	17	40	*** (NS)	↑ *	NS
APOE	6	7	*** (NS)	NS	NS
PRM2	8	14	*** (**)	NS	↑ *
HCR	7	17	* (NS)	NS	NS
FOXP2	2	1	* (**)	↑ *	NS
ZFY	2	1	* (NS)	NS	NS
DAF tree A	2	28	NS (-)	↓*	NS
DAF tree B	5	27	NS (-)	NS	NS
ACAT2	2	2	NS (-)	NS	↑ *
RNASE3	1	27	NS (-)	NS	↓*

A.I. = Acceleration Index of Zhang et al. (2002)

List in parentheses are when mouse was used as outgroup.

〈国内外での成果の位置づけ〉

研究を立ち上げたころは、まだ世界的に類人猿とヒトのゲノムの大規模比較は始まっていなかったもので、小規模な塩基配列の比較でも高い独自性を得ていたが、その後ヒトゲノム配列決定が一段落した2002年以降には、巨大な塩基配列決定がどんどん進んでしまった。国内的には、理化学研究所のグループが中心となったチンパンジー22番染色体の塩基配列決定チームに参加し、国際共同研究を推し進めることができた。

〈達成できなかったこと、予想外の困難、その理由〉

チンパンジー全体のゲノム配列を決定すべく、研究費獲得をめざしたが、理解を得られず、22番染色体のみの配列決定にとどまった。その後、米国のグループが全ゲノムショットガン法により、チンパンジーゲノムの80%以上を決定した。

〈今後の課題〉

ゲノム塩基配列の決定は今後も重要だが、塩基配列の比較解析の結果は、あくまでも統計的な推定であり、それが示唆する生物学的メカニズムや現象が本当かどうかは、なんらかの実験で検証する必要がある。どのような実験をすればいいかが、ヒトという実験不可能な生物に着目している研究者の悩みである。技術的な大躍進が期待される。

〈研究期間の全成果公表リスト〉

1) 論文

1. Kitano T. and Saitou N. (2005) Evolutionary conservation of 5' upstream sequence of nine genes between human and great apes. *Genes and Genetic Systems*, vol. 80, pp.225-232.
2. Saitou N. (2005) Evolution of hominoids and the search for a genetic basis for creating humanness. *Cytogenetic and Genome Research*, vol. 108, pp. 16-21.
3. Shimada M., Kim C.-G, Kitano T., Ferrell R.E., Kohara Y., and Saitou N. (2005) Nucleotide sequence comparison of a chromosome rearrangement on the human chromosome 12 and corresponding ape chromosomes. *Cytogenetic and Genome Research*, vol. 108, pp. 83-90
4. Shimada M., Hayakawa S., Hamle T., Fujita S., Hirata S., Sugiyama Y., and Saitou N. (2004) Mitochondrial DNA Genealogy of Chimpanzees in Nimba Mountains and Bossou, West Africa. *American Journal of Primatology*, vol. 64, pp. 261-275.
5. Andres A.M., Soldevila M., Lao O., Volpini V., Saitou N., Jacobs H.T., Hayasaka I., Calafell F., and Bertranpetit J. (2004) Comparative genetics of functional trinucleotide tandem repeats in humans and apes. *Journal of Molecular Evolution*, vol. 59, pp. 329-339.
6. Duan J., Martinez M., Sanders A.R., Hou C., Saitou N., Kitano T., Mowry B.J., Crowe R.R., Silverman J.M., Levinson D.F., and Gejman P.V. (2004) Polymorphisms in the Trace Amine Receptor 4 (TRAR4) Gene on Chromosome 6q23.2 Are Associated with Susceptibility to Schizophrenia. *American Journal of Human Genetics*, vol. 75, no. 4, pp. 624-638.
7. The International Chimpanzee Chromosome 22 Consortium [H.Watanabe, A.Fujiyama, M.Hattori, T.

- D.Taylor, A.Toyoda, Y.Kuroki, H.Noguchi, A.BenKahla, H.Lehrach, R.Sudbrak, M.Kube,S.Taenzer, P.Galgoczy, M.Platzer, M.Scharfe, G.Nordsiek, H.Blocker, I.Hellmann, P.Khaitovich, S.Paabo, R.Reinhardt, H.-J.Zheng,X.-L.Zhang, G.-F.Zhu, B.-F.Wang, G.Fu, S.-X.Ren9, G.-P.Zhao, Z.Chen, Y.-S.Lee, J.-E.Cheong, S.-H.Choi, K.-M.Wu, T.-T.Liu, K.-J.Hsiao, S.-F.Tsai, C.-G.Kim, S.Oota, T.Kitano, Y.Kohara, N.Saitou, H.-S.Park, S.-Y.Wang, M.-L.Yaspo, and Y.Sakaki] (2004) DNA sequence and comparative analysis of chimpanzee chromosome 22. *Nature*, vol. 429, No. 6990, pp. 382-388.
8. Roubinet F.,Despiau S.-P., Calafell F.,Jin F., Bertanpetit J., Saitou N. and Blancher A.(2004) Evolution of O alleles of the human ABO blood group gene. *Transfusion*, vol. 44, no. 5, pp. 707-715.
 9. Imanishi T. and many other authors including Saitou N. and Sugano S. (2004) Integrative annotation of 21,037 human genes validated by full-length cDNA clones. *PLoS Biology*, vol. 2, issue 6, pp. 1-20.
 10. Nakajima T, Wooding S, Sakagami T, Emi M, Tokunaga K, Tamiya G, Ishigami T, Umemura S, Munkhbat B, Jin F, Guan-Jun J, Hayasaka I, Ishida T, Saitou N., Pavelka K, Lalouel JM, Jorde LB, and Inoue I. (2004) Natural selection and population history in the human angiotensinogen gene (AGT): 736 complete AGT sequences in chromosomes from around the world. *American Journal of Human Genetics*, vol. 74, no. 5, pp. 898-916.
 11. Kitano T., Liu Y.-H., Ueda S., and Saitou N. (2004) Human specific amino acid changes found in 103 protein coding genes. *Molecular Biology and Evolution*, vol. 21, no. 5, pp. 936-944.
 12. Takahashi A., Liu Y.-H., and Saitou N. (2004) Genetic variation versus recombination rate in a structured population of mice. *Molecular Biology and Evolution*, vol. 21, pp. 404-409.
 13. 0404082158: Tachikui H., Saitou N., Nakajima T.,Hayasaka I., Ishida T., and Inoue I. (2004) Lineage specific homogenization of the polyubiquitin gene among human and great apes. *Journal of Molecular Evolution*, vol. 57, pp. 737-744.
 14. Sakaki Y, Watanabe H, Taylor T, Hattori M, Fujiyama A, Toyoda A, Kuroki Y, Itoh T, Saitou N., Oota S, Kim CG, Kitano T, Lehrach H, Yaspo ML, Sudbrak R, Kahla A, Reinhardt R, Kube M, Platzer M, Taenzer S, Galgoczy P, Kel A, Bloecker H, Scharfe M, Nordsiek G, Hellmann I, Khaitovich P, Paabo S, Chen Z, Wang SY, Ren SX, Zhang XL, Zheng HJ, Zhu GF, Wang BF, Zhao GP, Tsai SF, Wu K, Liu TT, Hsiao KJ, Park HS, Lee YS, Cheong JE, Choi SH;Chimpanzee Chromosome 22 Sequencing Consortium. (2003) Human versus chimpanzee chromosome-wide sequence comparison and its evolutionary implication. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol.* vol. 68, pp. 455-460.
 15. 0404082154: Kryukov K., Saitou N. (2003) Netview: application software for constructing and visually exploring phylogenetic networks. *Genome Informatics*, 14, 280-281.
 16. 0404082149: Kim C.-G, Fujiyama A., and Saitou N. (2003) Construction of a gorilla fosmid library and its

- PCR screening system. *Genomics*, vol. 82, pp. 571-574.
17. 0303312335: Osawa M., Kaneko M., Horiuchi H., Kitano T., Kawamoto Y., Saitou N. and Umetsu K. (2003) Evolution of the cystatin B gene: implications for the origin of its variable dodecamer tandem repeat in humans. *Genomics*, vol. 81, pp. 78-84.
 18. 0303312343: Duan J., Wainwright M.S., JComeron J.M., Saitou N., Sanders A.R., Gelernter J., and Gejman P.V. (2003) Synonymous mutations in the human dopamine receptor D2 (DRD2) affect mRNA stability and synthesis of the receptor. *Human Molecular Genetics*, vol. 12, no. 3, pp. 205-216.
 19. 0301242130: Andres A.M., Soldevila M., Saitou N., Volpini V., Calafell F., and Bertranpetit J. (2003) Understanding the dynamics of Spinocerebellar Ataxia 8 (SCA8) locus through a comparative genetic approach in humans and apes. *Neuroscience Letters*, vol. 336, pp. 143-146.
 20. Oota S. and Saitou N. (2002) NJML+P: A Hybrid Algorithm of The Maximum Likelihood and Neighbor-Joining Methods Using Parallel Computing. *Proceedings of Genome Informatics*, vol. 13, pp. 434-435.
 21. 0301242120: Sumiyama K., Saitou N. and Ueda S. (2002) Adaptive evolution of the IgA hinge region in primates. *Molecular Biology and Evolution*, vol. 19, no. 7, pp. 1093-1099.
 22. Fujiyama A., Watanabe H., Toyoda A., Taylor T.D., Itoh T., Tsai S.-F., Park H.-S., Yaspo M.-L. Lehrach H., Chen Z., Fu G., Saitou N., Osoegawa K., de Jong P.J., Suto Y., Hattori M., and Sakaki Y. (2002) Construction and Analysis of a Human-Chimpanzee Comparative Clone Map. *Science*, vol. 295, No. 5552, pp. 131-134.
 23. Noda R., Kim C.-G., Takenaka O., Ferrell R. E., Tanoue T., Hayasaka I., Ueda S., Ishida T., and Saitou N. (2001) Mitochondrial 16S rRNA sequence diversity of hominoids. *Journal of Heredity*, vol. 92, pp. 490-496.
 24. Kaneko M., Nishihara S., Narimatsu H., and Saitou N. (2001) The evolutionary history of glycosyltransferase genes. *Trends in Glycoscience and Glycotechnology*, vol. 13, no. 70, pp. 147-155.
 25. Misu S., Iizuka T., Kawanishi Y., Fukami K., and Saitou N. (2001) CAMUS DB for amino acid sequence data. *Genome Informatics 2001*, pp. 502-503.
 26. Osawa M., Yuasa I., Kitano T., Heinke J., Kaneko M., Saitou N., and Umetsu K. (2001) Haplotype analysis of human alpha2-HS glycoprotein (fetuin). *Annals of Human Genetics*, vol. 65, no. 1, pp. 27-34.
 27. Sanders A.R., Cao Q., Taylor J., Levin T.E., Badner J.A., Cravchik A., Comeron J.M., Saitou N., Del Rosario, Salvi A.D.A., Walczyk K.A., Goldin L.R., Mowry B.J., Levinson D.F., Crowe R.R., Silverman J.M., and Gejman P.V. (2001) Genetic Diversity of the Human Serotonin Receptor 1B (HTR1B) Gene. *Genomics*, vol. 72, pp. 1-14.
 28. Sumiyama K., Kitano T., Noda R., Ueda S., Ferrell R., and Saitou N. (2000) Gene diversity of chimpanzee ABO blood group genes elucidated from exon 7 sequences. *Gene*, vol. 259, pp. 75-79.
 29. Kitano T. and Saitou N. (2000) Evolutionary history of the Rh blood group-related genes in vertebrates. *Immunogenetics*, vol. 51, no. 7, pp. 856-862.
 30. Noda R., Kitano T., Takenaka O., and Saitou N. (2000) Evolution of the ABO blood group gene in Japanese macaque. *Genes and Genetic Systems*, vol. 75, no. 3, pp. 141-147.
 31. Kitano T., Noda R., Sumiyama K., Ferrell R. E., and Saitou N. (2000) Gene diversity of chimpanzee ABO blood group genes elucidated from intron 6 sequences. *Journal of Heredity*, vol. 91, no. 3, pp. 211-214.
 32. Kikuchi M., Misu S., Imanishi T., and Saitou N. (2000) CAMUS DB: Development of structural database for homology search. In Miyano S., Shamir R., and Takagi T. (eds.), "Currents in Computational Molecular Biology", Universal Academy Press, Tokyo, pp. 80-81.
 33. Saitou N. (2000) Programs for constructing phylogenetic trees and networks of closely related sequences. In Iwatuiki.K. (ed.), "IIAS International Symposium on Biodiversity", International Institute for Advanced Studies, Kyoto, pp. 45-50.
- 2) データベース/ソフトウェア
類人猿ゲノム計画Silver
(<http://sayer.lab.nig.ac.jp/~silver/index-j.html>) : 類人猿の遺伝子の塩基配列のリスト, 類人猿の遺伝子に関する文献リスト, その他
- 3) 特許など
なし
- 4) その他顕著なもの
日本語による総説
34. 斎藤成也 (2005) ゲノムの進化的解析. 連載「ゲノム進化学の展開」第9回. *数理科学*, 43巻7号, 64-70.
 35. 斎藤成也 (2005) ゲノム解析の諸法. 連載「ゲノム進化学の展開」第8回. *数理科学*, 43巻6号, 77-83.
 36. 斎藤成也 (談) (2004) 類人猿とヒトの遺伝子の違いは何だろう. *理戦*, 80号, 52-61.
 37. 斎藤成也 (2005) ゲノムとは. 連載「ゲノム進化学の展開」第7回. *数理科学*, 43巻4号, 68-75.
 38. 斎藤成也 (2005) 系統ネットワークを用いた配列間関係の表現. 連載「ゲノム進化学の展開」第6回. *数理科学*, 43巻3号, 60-66.
 39. 斎藤成也 (2005) 形質状態データから系統樹を作成する方法. 連載「ゲノム進化学の展開」第5回. *数理科学*, 43巻1号, 64-72.
 40. 北野誉・斎藤成也 (2004) 血液型の謎. *新潟医学会雑誌*, 118巻11号, 594-597.
 41. 斎藤成也 (2004) 近隣結合法をはじめとする距離行列法. 連載「ゲノム進化学の展開」第4回. *数理科学*, 42巻12号, 60-67.
 42. 斎藤成也 (2004) 系統樹とは (その2). 連載「ゲノム進化学の展開」第3回. *数理科学*, 42巻10号, 72-78.
 43. 斎藤成也 (2004) 『ゲノムと進化—ゲノムから立ち昇る生命—』. ワードマップシリーズ, 新曜社.
 44. 斎藤成也 (2004) 言語能力の遺伝的基礎. *大航海*, 52号, 114-121.
 45. 斎藤成也 (2004) 系統樹とは (その1). 連載「ゲノム進化学の展開」第2回. *数理科学*, 42巻9号, 68-74.
 46. 瀬名秀明・斎藤成也 (2004) 類人猿のゲノムで探る人間らしさの起源 (対談). 瀬名秀明編『科学の最前線で研究者は何を見ているのか』, 52-70. (日経サイエ

- ンス, 2003年6月号, 94-99)
47. 斎藤成也・隅山健太 (2004) Hox遺伝子クラスターの進化—脊椎動物の誕生からヒトまで—. 実験医学, Vol. 22, No. 12, 1677-1683.
 48. 北野誉・斎藤成也 (2004) 類人猿とヒトのゲノム進化研究. 生体の科学, [特集] 分子進化学の現在, 55巻3号, 252-256.
 49. 斎藤成也 (2004) はじめに。連載「ゲノム進化学の展開」第1回. 数理科学, 42巻7号, 64-70.
 50. 隅山健太・斎藤成也 (2004) HOX遺伝子. 榑佳之・笹月健彦・油谷浩幸編『ヒトゲノム—生命システムの理解と医学への展開—』, 91-93. 中山書店.
 51. 斎藤成也 (2003) 第4章: 遺伝子の多様性. 西田利貞・佐藤矩行編著『新しい教養のすすめ・生物学』, 73-88. 昭和堂.
 52. 0404082212: 斎藤成也 (2003) 霊長類ゲノムの進化. 五條堀孝編著『ゲノムからみた生物の多様性と進化』, 171-176. シュプリンガー・フェアラーク東京.
 53. 0404082213: 斎藤成也 (2003) ゲノム進化. 田村隆明・山本雅編『分子生物学イラストレイテッド改訂第2版』, 348-350. 羊土社.
 54. 0404082216: 瀬名秀明・斎藤成也 (2003) 時空の旅: 類人猿のゲノムで探る人間らしさの起源.
 55. 斎藤成也 (2002) 霊長類の比較ゲノム解析—現状と展望—. 学術月報, 55巻12号, 1163-1166.
 56. 斎藤成也 (2002) 配列から遺伝子の進化を探る. 菅原秀明編『あなたにも役立つバイオインフォマティクス』, 32-36. 共立出版.
 57. 斎藤成也 (2002) 『にげん進化考』1~15. 日本経済新聞, 4/7/2~7/14/2連載.
 58. 斎藤成也 (2002) 配列からの遺伝子系統樹解析を役立てるには? 蛋白質核酸酵素, 47巻9号, 1240-1242.
 59. 斎藤成也 (2002) 第3章: ヒトゲノムと類人猿ゲノムの比較から人間の独自性を探る. 長谷川真理子編著『ヒト, この不思議な生き物はどこから来たのか』, 201-221. ウェッジ選書.
 60. 斎藤成也 (2002) 意識の進化と遺伝子進化. 総研大ジャーナル, No. 1, 48-53.
 61. 斎藤成也 (2002) ヒトと類人猿の違いをゲノムから探る. 日経サイエンス, 1月号, 36-43.
 62. 斎藤成也 (2002) 比較ゲノム解析を中心とする進化ゲノム学の展望. 情報処理, Vol. 43 No. 1, 16-21.
 63. 斎藤成也 (2001) 類人猿ゲノム計画. 平凡社ネットで百科, デジタル百科, 10月号.
 64. 斎藤成也 (2001) 霊長類ゲノムの比較解析. 蛋白質核酸酵素, 46巻16号 2481-2485.
 65. 斎藤成也 (2001) 配列から遺伝子の進化を探る. 蛋白質核酸酵素, 46巻10号, 1410-1413.
 66. 斎藤成也 (2001) ヒトにいたるゲノム進化. 榑佳之・小原雄治編『ゲノムから個体へ』, 180-192. 中山書店.
 67. 斎藤成也 (2001) ヒトと類人猿のゲノム比較から人間の独自性を探る. 「特集: ゲノム研究から見た21世紀の生命科学」. 細胞工学, 20巻1号, 65-69.
 68. 斎藤成也 (2001) ヒトゲノム計画は今. 『ヒトゲノム最前線』, 別冊化学, 12-21. 科学同人.
 69. 斎藤成也 (2001) ヒト遺伝子の多様性と進化. 菅野純夫編集『ゲノム医学がわかる』, わかる実験医学シリーズ, 115-120. 羊土社.
 70. 斎藤成也 (2000) 序論. 「特集: 人類の起源と進化をDNAレベルで探る」. 蛋白質核酸酵素, 45巻16号, 2567-2570.
 71. 斎藤成也 (2000) 類人猿ゲノム計画Silver. 「特集: 人類の起源と進化をDNAレベルで探る」. 蛋白質核酸酵素, 45巻16号, 2604-2611.
 72. 斎藤成也 (2000) 霊長類のゲノム計画. 学術月報, 53巻10号, 1082-1086.
 73. 野田令子・斎藤成也 (2000) チンパンジーとニホンザルにおけるA B O式血液型遺伝子の進化. 霊長類研究, 16巻2号, 157-167.
 74. 斎藤成也 (2000) 類人猿ゲノム計画. 霊長類研究, 16巻2号, 169-175.
 75. 斎藤成也 (2000) 遺伝子からみた人類の起源. 国立科学博物館ニュース, No. 376, 11-13.
 76. 斎藤成也 (2000) ヒトゲノム計画はいま. これまでの経緯とポスト・ヒトゲノム計画への道すじ. 化学, Vol.55, No.4, 12-17.
 77. 斎藤成也 (2000) 類人猿ゲノム—Silver計画. 科学, 4月号, 231-233.
 78. 斎藤成也 (2000) 遺伝子系統樹から生物進化を捉える. 動物遺伝育種シンポジウム組織委員会編, 『家畜ゲノムと新たな家畜育種戦略』, 401-406. 畜産技術協会.
- 招待講演
2004年
79. ゲノム進化—生命を統合的に理解するための出発点. 葉山セミナー. 総合研究大学院大学葉山キャンパス, 12月21日.
 80. 哺乳類を例とした比較ゲノム解析の諸手法. 第21回資源生物科学シンポジウム. 岡山大学資源生物科学研究所主催. 倉敷市立美術館講堂, 12月18日 (土).
 81. 人間への進化の過程を遺伝子でたどる. 国立遺伝学研究所の公開講演会. 東京お台場, 平成プラザ, 10月16日 (土).
 82. 近縁な塩基配列の系統ネットワークを構築するSSJ法とその可視化ソフトPhloxes. 日本遺伝学会第76回大会 (一般講演; 斎藤成也ら). 大阪大学, 吹田, 9月27日.
 83. 遺伝子の系統樹と系統ネットワーク. 第3回「数学者のための分子生物学入門」. けいはんなプラザ, 9月25日.
 84. 環境としてのゲノム. 三島市民環境大学. 日本大学国際関係学部, 三島, 8月27日.
 85. A B O式血液型遺伝子を中心とする糖転移酵素遺伝子の進化. FCCA第9回糖質若手フォーラム, 特別講演. 東京大学薬学部, 東京, 7月9日.
 86. 日本における類人猿資源の遺伝学への利用—特に比較ゲノム解析について—. 日本霊長類学会 (自由集会) フロイデ犬山, 犬山, 7月2日.
 87. 人間へとたどるゲノムの進化. スーパーサイエンスハイスクール講義. 山梨県立甲府南高等学校, 甲府, 6月4日.
 88. 近隣結合法の開発とその後の発展. 第12回木原記念財団学術賞受賞講演. 横浜市立大学木原生物学研究所, 横浜, 5月21日.
 89. 遺伝子とゲノムから見た生物の進化. 日本機会学会, 第23回バイオサロン. 信濃町煉瓦館, 東京, 4月2日.
 90. 霊長類の比較ゲノム解析. ゲノム科学研究集会. 名古屋観光ホテル, 名古屋, 2月13日.
 91. D N Aから見たヒトの進化史. サイエンス講演会. 山梨県立科学館, 甲府, 1月31日.
 92. 人間性の基礎を与えるヒトゲノム中の遺伝子—霊長類

比較ゲノム研究から。「ゲノム」4領域成果公開シンポジウム「生命システムの理解をめざして」。コクヨホール，東京，1月26日。

2003年

93. 近縁種の比較ゲノム解析。第2回「数学者のための分子生物学入門」。けいはんなプラザ，9月1日。
94. 系統関係を乱す生物学的要因と系統ネットワーク。第2回「数学者のための分子生物学入門」。けいはんなプラザ，8月31日。
95. 人類の起源と分子進化（第2回）。東京大学総合研究博物館平成14年度公開講座「人類進化史研究の最前線：化石と分子と先史」。東京大学総合研究博物館，東京，2月13日。
96. 人類の起源と分子進化（第1回）。東京大学総合研究博物館平成14年度公開講座「人類進化史研究の最前線：化石と分子と先史」。東京大学総合研究博物館，東京，1月30日。

2002年

97. DNAから探る人類の進化。三島市図書館講演会。三島市図書館，12月15日。
98. 類人猿とヒトのゲノムを比較する。上野動物園主催学術講演会。科学博物館，東京，11月30日。
99. 遺伝子における人間の多様性。第40回全国大学保健管理研究集会。国立オリンピック記念青少年総合センター，東京，10月16日。
100. HoxAクラスターを中心とする霊長類の比較ゲノム解析。特定研究Cゲノム4領域合同班会議。ポートピアホテル，神戸，8月22日。
101. メタ宇宙になった人間。日本進化学会東京大会2002，公開講演会。中央大学理工学部，東京，8月2日。
102. ヒトと類人猿の比較ゲノム解析からヒト独自性を探る。日本霊長類学会年会シンポジウム。東京大学農学部，東京，7月21日。
103. ヒトへの進化過程における遺伝子の自然淘汰パターン。福井医科大学，松岡，5月23日。
104. 糖転移酵素遺伝子群の分子進化学的解析。第1回比較グライコーム研究会。東京医科歯科大学，東京，4月27日。
105. ヒトと類人猿の比較ゲノム解析からヒト独自性を探る。研究集会「霊長類遺伝子に関する総合的研究」。国立遺伝学研究所ゲストハウス，三島，3月27日。
106. Hoxクラスターを中心とする霊長類の比較ゲノム解析。研究集会。国立遺伝学研究所ゲストハウス，三島，2月28日。

2001年

107. ヒトと類人猿の比較ゲノム解析からヒト独自性を探る。第24回日本分子生物学会年会シンポジウム「種形成と生物多様性の分子機構」。パシフィコ横浜，横浜，12月11日。
108. 環境の変化と人間の進化。日本大学市民公開講座，三島市文化会館，三島，10月17日。
109. ゲノムから立ち昇る生命。「禅と生命科学」公開講演会。花園大学，京都，10月13日。
110. 霊長類ゲノムGEMINIプロジェクト。第210回CBI研究講演会：「CIB・DDBJのゲノムへの取り組み」。国立遺伝学研究所，三島，9月20日。
111. ゲノム情報生命学。第11回遺伝医学セミナー。仙台，9月15日。
112. ヒトと類人猿の比較ゲノム解析。特定研究Cゲノム4領域合同班会議。神戸，8月24日。
113. 35億年の夢を追い求めて～遺伝子の研究が人類の未

来へ贈るもの～。三島異業種交流会主催講演会。三島プラザホテル，三島，3月8日。

114. 類人猿ゲノムデータはヒトゲノム多様性研究へどのように貢献できるのか。「ヒトゲノム多様性」研究会。国立遺伝学研究所，2月23日。
115. DNAから生物進化を遡る。頭頸部外科学会ランチョンセミナー，パシフィコ横浜，横浜，1月27日。