

アエラムック「人類学がわかる」用原稿

人類進化を遺伝子から探る

斎藤 成也 (国立遺伝学研究所)

われわれはだれでも、「自分」とはなにかを知りたいと思っているのではないだろうか。ここでいう「自分」には、宇宙全体から、生命、動物、哺乳類、霊長類、生物としての人間、あるいは社会のなかの人間まで、いろいろなレベルがある。そのなかでここで取り上げるのは、人間が他の生物から変化して独自の生物となっていく道筋をたどる、人類進化の問題である。この宇宙における人間の特殊性という断続面と、霊長類をはじめとする他生物との連続面の微妙に重なり合う場所が、人類進化なのである。もっとも、この人類進化の問題が中心に位置する「自然人類学」では、人間と他生物との連続性の方をずっと重視する。それに対して、「文化人類学」では人間の特殊性のみを考慮することが一般的である。このため、両「人類学」の興味は別々の方向を向いている。いずれにせよ、人類進化の問題は、これまでもそうだったが、今後ますます重要な研究テーマとなっていくことは間違いない。

人間も生物の一員である以上、その進化は生物進化の一般法則にしたがっているはずである。生物進化の根本は、自己複製をくりかえす遺伝子DNAが突然変異を蓄積して少しずつ変化してゆくことだ。このプロセスは、30億年以上前の生命の誕生以来、連綿として続いてきている。すなわち、人間でもアリでもバクテリアでも、みな等しく巨大な生命進化の歴史を背負っているのだ。この事実、私はいささかぞっとすることがある。すべての生命が長い進化の賜物であることは、今日ではゆるぎない事実である。しかし、この事実はわずか最近百年ほどのあいだにようやく確立してきたのである。これは、われわれ人間がいかにか自分たちをこの宇宙の中で特別視し続けてきたか、ということの証しかもしれない。

遺伝子が親から子、子から孫へと確実に伝えられてゆく性質を利用して、それぞれの生命が来た道すじを解き明かすことができる。人類進化の研究も例外ではない。かつて、生物の進化を研究することは、化石を発掘することとほとんど同じ意味にとられていた。たしかに、現在でも進化の直接の証拠のひとつとして、化石はきわめて重要である。しかし、掘り出された貴重な化石が、生物進化のどこに位置づけられるか、はっきりできないこともよくあるのである。これに対して、現在地球上に生きている生物の遺伝子を調べる場合には、それらの遺伝子には必ず共通祖先があるので、なにがしか意味のある結果を示すことができる。また化石の場合、ほしいと思うものが発掘で簡単に発見できるとは限らないのに対して、遺伝子の研究は、材料となる生物さえ手に入れば、あとは実験室での勝負である。人間をひとり調べるのだったら、簡単だ。自分の血を少し採って、そのなかの白血球にあるDNAを調べればよい。ひとりでは心配なら、まわりの人間のDNAを使えばよい。人間以外の特殊な生物に興味がある場合には、今地球のどこかにいることがわかっていれば、そこにいけばよい。その生物を手に入れないければ話は始まらないので、これは言うほど簡単ではないが、化石を発見するよりは、ばくち性はずっと低い。

遺伝子DNAは生物のなかに満ち満ちているので、DNAの研究には血液でも

髪の毛でも唾液でも精液でもなんでも用いることができる。最近は糞も使われている。このとっかかりのところは、なまなましくて、いかにも「いきもの」をあつかっているという気分がする。私はDNAをとるために自分の子供の胎盤を用いたことがある。最初はべったりとした暗赤色の物体を切り刻み、ジュースに入れてどろどろにする。その後、いろいろな生化学的処理をして、精製された無色透明のDNAがほんのわずかだけ試験管のなかに残る。こうしてDNAという化学物質にしてしまえば、あとは人間のDNAであれ、野原に咲く花のDNAであれ、同じである。違っているのは、4種類の塩基（A, G, T, C）の並び方だけだ。しかし、その並び方の違いが、掛け値なしで人間か否かを決定しているのだ。

遺伝子を調べるこれまでの研究によって、人間にもっとも近い生物は、アフリカに住むチンパンジーであることがわかっている。ゴリラはその次だ。この「近さ」というのは、チンパンジーがもっとも人間らしいしぐさをするからなどといった、わかりやすそうに見える基準に基づくものではない。無味乾燥な、遺伝子DNAの違いをもとにしている。しかし、遺伝子の変化する速度（分子進化速度）はほぼ一定であることがわかっているため、この単純な比例関係から、遺伝子の変化量を進化してきた時間に置きかえることができるのである。現在では、ヒトの祖先とチンパンジーの祖先は、今からおよそ5～6百万年前にたもとをわかったと推定されている。これは、人類の文明が始まってから数千年しかたっていないのに比べると、おそろしく長い年月だが、生物の歴史から見れば、つい最近のことである。たとえば、われわれ動物と植物は、およそ10億年前に分かれたし、人間やチンパンジーの属する霊長類と犬や猫の属する食肉類は、およそ1億年前に分かれている。

人間の進化系統で生じた独自の遺伝的変化の総数

それでは、人間の祖先がチンパンジーの祖先と分かれたあとの5～6百万年間に、どれくらいの遺伝子DNAの変化があったのだろうか。現在の人間とチンパンジーを比べると、遺伝子全体では約1.4%の違いがある。これは人間への進化系統と、チンパンジーへの進化系統のそれぞれで蓄積した変化の合計であり、両者の共通祖先から現在の人間までの道筋だけの変化を考えると、その半分の0.7%だ。うーん、少ない、というのが、普通の感想であろうし、そう思う研究者も多い。しかし変化の総数を考えると、まったく逆の感想になるだろう。というのは、人間もチンパンジーも、遺伝子DNAの全体はだいたい同じ大きさであり、総塩基数にしておよそ60億個である。これらの遺伝子は、父親と母親からほぼ半分ずつ、似たようなセット（「ゲノム」と呼ぶ）が伝えられるので、半分の30億個にあたる「ゲノム」を考えてみよう。ちなみに、この30億個全部を調べようというのが、現在世界中で始められている「ヒトゲノム計画」である。ヒトゲノム30億個の0.7%は、2100万個。こうなると、莫大な数ではないか。人間というのは、なるほど他の生物とたくさん違っているところがあるのだなと、なにやらほっとするわけである。

ところが、ヒトゲノムの中の大部分（95%以上）はまともな遺伝子ではなく、「がらくたDNA」と呼ばれる、毒にも薬にもならない領域なのである。生物は多種多様な機能を有するタンパク質から構成される「機械」だと考える立場の人々からすると、このような機能を持たない「あそび」の部分だらけであるとは、とても信じられないかもしれない。しかし、あたりまえだが、生物は「機械」では

ない。文字どおりの「機械」が、人間という造物主の明確な目的のもとに設計され、作られるのに対して、生物は無目的な突然変異が膨大な進化時間を経てできあがってきた、すぐれて歴史的な存在なのである。従来の進化論では、生物が生きてゆくのに都合のよい突然変異が選ばれていった（自然淘汰論）というメカニズムを造物主の意図と置き換えることによって、生物進化を説明していた。しかし現在では、既存の遺伝子とあまり機能には違いのない突然変異が、偶然の力によって生き残ってゆく（中立論）というメカニズムが、進化の主流を占めていることがわかっている。この考え方からすると、ゲノムのなかに「あそび」があるのは、当然予想されることなのである。

さて、ヒトゲノムから「がらくたDNA」を除いた部分は、全体の二十分の一以下、塩基の個数でいうと1億5千万個以下である。その0.7%は、105万個となるが、実は、「あそび」の部分はこのなかにもまだある。生物の活動に重要なタンパク質の性質はそのアミノ酸配列で決まっているが、その情報を握っているDNAの領域をふつう「遺伝子」とよんでいる。しかしこれははなはだあいまいな概念であり、ヒトゲノムの場合、アミノ酸の情報を持っていない塩基の部分（イントロンなど）もたくさんかかえこんでいる。したがって、「がらくたDNA」を取り除いて残ったこの105万個の塩基の変化の中には、アミノ酸配列を変化させるものはそう多くない。ざっと見積もって、せいぜい十分の一だろう。つまり、人類進化で意味のありそうな、タンパク質の総アミノ酸変化は、約10万個程度となる。

タンパク質のユニットであるアミノ酸は20種類あるが、それらのなかで性質がよく似ているものもある。すると、あるアミノ酸がそれと似たアミノ酸に変化しても、そのタンパク質全体の性質はほとんど影響を受けない場合があると予想できるが、たしかにそのとおりであることがわかっている。このような変化の割合を考慮すると、タンパク質の機能のある程度変化させるような、「あそび」とはもはや呼ぶことができないアミノ酸の変化は、さらに一桁さがって約1万個となる。この中にこそ、直立二足歩行、大脳の巨大化、薄い体毛といった「人間性」の基礎をもたらした遺伝子の変化があると考えられる。

残念ながら現在の生物学は、これらの目に見える「かたち」の変化を制御している遺伝子の謎をまだ解き明かしてはいない。この四半世紀における分子生物学の発展によって、遺伝子DNAのふるまいがかなりわかってきたが、まだ生物の「かたち」を決める仕組みの解明には至っていない。しかし、現在ショウジョウバエやマウスなどの生物を用いてこれらの研究が進められているので、そう遠くない将来に、人間の「かたち」を決定する遺伝子もすこしずつ明らかにされてゆくだろう。そうすれば、遺跡から発掘された人骨の形態が、どのような遺伝子の変化によってもたらされたのかを推定することも、夢物語ではないのである。

はじめのほうで述べたように、DNAは自己複製を続けながら常に突然変異を蓄積しているが、これは現在でも進行中である。したがって、同じ人間同士を比べても、そのなかの遺伝子にはすこしずつ違いがある。もちろん、人間にもっとも近いチンパンジーとのDNAの違い（1.4%）よりも、人間のなかの違いはずっと小さく、0.1%程度である。遺伝子のレベルでは、「個人差」といったところでこの程度のものなのである。ある意味では、他人は自分とほとんど同一のコピーだと言えよう。この見方でゆけば、チンパンジーやゴリラはおろか、霊長類すべてがわれわれの兄弟であり、その他の動物はいとこやまたいとこ程度、植物は少し遠い親類、バクテリアがかなり昔に分家した親戚、という感覚になる。ただし、ここでも30億個の塩基からなるヒトゲノムの全体を考えれば、自分と

あかの他人との違いは300万個前後ということになる。今のところ個人個人のDNAの違いをまるごと調べることは困難なので、ゲノムのなかのごく少数の遺伝子を用いて、個体差を調べる研究が進められている。

コンピュータの利用

このように、ゲノム内の多数の遺伝子を調べると、膨大なデータが蓄積されるので、これらの整理をするためにはコンピュータの助けを借りることになる。多数のデータを統一された形式で整理したものを「データベース」と呼ぶが、今日では、様々なタイプの遺伝子データベースが作られている。さらに、それらのデータから遺伝子間の進化距離などのいろいろな統計量を計算するのにも、コンピュータを用いる。また、コンピュータのなかで遺伝子の進化を模倣する研究（シミュレーション）もよく行なわれる。生物の進化は一回限りの歴史現象なので、このようなシミュレーションによって、進化の「実験」を行なうのである。

ところで、多数の遺伝子を比較する場合には、可能な系統関係が爆発的に増加する「組み合わせ爆発」と呼ばれる現象がある。たとえば、たった10個の遺伝子を比較する場合でも、3445万9425種類の系統関係が可能である。このため、比較する遺伝子の数が多い場合には、現在最高速度のスーパーコンピュータを用いても、正しい系統関係を掘り当てするのに、宇宙の年齢の何倍もの計算時間が必要となるなどといった状況があたりまえである。最近の人類進化学では、ミトコンドリアという細胞内の小器官に存在する小さなDNAを調べる研究がさかに行なわれている。そこでは、100個以上のミトコンドリアのDNAを一度に比較して、それらのあいだの系統関係を推定することも試みられている。これは途方もない可能性の干し草の中から、真の系統関係という針を探し出すことであり、大きなチャレンジだ。いかに効率よく探し出すかについて、現在精力的に研究が進められている。

もっとも、人類進化の最大の謎は、系統関係などではない。自分自身を含む全宇宙まで認識してしまった「メタ宇宙」としての存在であるわれわれ人間が、いかに進化の過程で出現したかが問題なのだ。それには、「人間性」を規定する遺伝子群の研究がきわめて重要である。近い将来、ヒトゲノム計画によって人間の遺伝子の全容が明らかになれば、今度はチンパンジーゲノム計画の出番だ。なぜなら、両者を精密に比較することによってはじめて、どのような遺伝子のどの部分の変化が人類の出現に重要であったかがわかるからである。それにいたる道はまだ遠いが、着実に歩みは始まっている。

(おわり)