

自然科学におけるデータ生成と その解釈に伴う問題

国立遺伝学研究所

教授 斎藤 成也

《はじめに》

「科学紀元」について、一言ふれさせていただきたい。西暦とか、紀元前後とか呼ばれる年号が、現在世界で広く使われている。しかし、そのよりどころは、キリスト教の教祖であるイエス・キリストが生まれたとされている年である。しかし自然科学はいかなる宗教からも離れているべきであろう。特に私の研究している生物の進化学では、宗教と対立することもある。したがって、西暦は使うべきではない。そこで、西暦から2000年を引いて、私が提唱した紀元が、科学紀元である。この新提案は、たいいていの人から馬鹿にされているが、唯一エスペラント語の推進論者の中に支持してくれた人がいる。

私の自然観

このように、私は原理原則にたかちかえってみることが多い。そこで、世界観、自然観についても、次のような新しい自然観のもとに研究を進めている。

1. 世界は有限である。これはある意味で当たり前なのだが、数学では無限をよく使う。統計学でも、実際の現象を扱っているにもかかわらず、母集団は無限と仮定されることが一般的である。宇宙全体ですら有限なのだから、このようなのは今後打破すべきだろう。
2. すべては歴史である。つまり、この世界は1回限りの事象の連鎖である

ということだ。これも、ある意味で当たり前ののだが、自然科学では、伝統的に「繰り返し実験」が重要視され、生物の進化や地質学、あるいは宇宙論以外では、歴史性はないがしろにされてきた。ガリレオやニュートンが確立した物理学によって、これまで自然科学が引っ張られてきたということが原因していると考えられる。極端な場合には、宇宙のどこでも成立する法則だけが重要だと考えられている。現代生物学の土台骨である分子生物学の勃興期には、マックス・デルブリュックのような物理学者が参入したこともあり、「繰り返し実験」がここでも重要視された。しかし、きわめて複雑な生命現象は繰り返し実験が困難である。そして、この複雑な生物の進化では歴史性がきわめて重要である。このことは、最近になって生物のゲノム全体が明らかになってくると、分子生物学でも歴史性を尊重するようになってきた。多数の遺伝子が出現するには、長い時間がかかるからであり、歴史を意識せざるを得ないからだ。私の考えでは、現代生物学は、歴史性を重視した進化の概念によって統一されつつある。

3. **歴史は偶然に左右される。**法則の対極にあるのが偶然であるが、歴史性は偶然なしでは語ることができない。偶然にも規則性はある。誤差分布などがその例であろう。ただし、これはたたくさん繰り返した結果であり、あくまでも全体的なパターンの話なので、特定のことにも興味を持っていれば、偶然が重要になる。

4. **世界はきわめて複雑である。**このように偶然が多数関与すれば、当然世界は複雑である、ということになる。ここでは、複雑な事象の記述が重要な。また、法則というのは、実は自然界の森羅万象を記述するための便法のひとつにすぎず、人間が得意とするパターン認識能力のなせるわざである。記述をいかに単純に、短くできるかという問題の延長上に、法則はある。つまり、法則と記述は対照的なものではないのだ。重要なのは法則ではなく、記述である。

今回の講義では、以下の3種類の問題を議論する。

(1) 単純なミスから生じる誤った結果

(2) 恣意的な判断による結果の解釈

(3) 固定観念により生じた仮説の固定化

単純なミスから生じる誤った結果

(1) 「単純なミスから生じる誤った結果」の問題の具体例として、私自身がかかわった、中国の苗字分布の研究を取り上げる。15万年～20万年ほど前から地球上に広く広がった人間が、別の地域に進出して拡散していった様子を、遺伝子の違いから見ることができる(斎藤, 1997)。時間的スケールでは遺伝子よりずっと短期間しかさかのぼれないが、遺伝子と同じように親から子へと伝わるものに、「苗字」(Surname)がある。たとえば、私の苗字「斎藤」は、「尊卑分脈」などによれば、平安時代の藤原魚名に始まるので、せいぜい1000年程度の歴史しかない。日本の苗字は古いものでも万葉時代くらいまでさかのぼれる程度だろう。中国はもつと歴史が古いのので、3000年近い歴史をほこる苗字もあるようだ。

父親の苗字を息子が受け継ぐ文化では、苗字の伝達は、性染色体のひとつであり、男性だけが持つY染色体の上の遺伝子と同じパターンである。そこで、苗字の出現頻度を調べることによって、同じ苗字文化を持つ地域の中の集団間の関係を推定することができる。私は学生時代に日本の苗字の地理的分布を調べたことがある(斎藤, 1983)、数年前に中国の研究者と共同で、中国の苗字も調べたことがある(Yuanら, 1999)。表1は、中国の頻度が高い苗字ベスト10である。現代のものと宋代のものが示してあるが、両者ともそれほど違わない。このような苗字の出現頻度を、各地域(省)ごとに調べると、これらの頻度分布は、人間の移動パターンを推定することができる。米国立スタンフォード大学のグループは、中国の研究者と共同で、省ごとの苗字分布を調べて、中国の南北が大きく異なることを示した(Duら, 1992)。南船北馬という言葉もあるように、昔から中国の文化は南北で多くの違いがあったので、なんとなく納得してしまう。ところが、よく調べてみると、彼らの論文で示してある、苗字分布から見た地域間の距離データとそれから得られたはずの近縁関係の図が食い違っているのである。詳しくは、地域間の距離

一タを信じれば、台湾、福建、広東、広西の4地域がひとつのまとまり（クラスター）を作り、中国のその他の地域と大きく二分するのだ。そこで、当時私と共同研究をしていた中国科学院遺伝研究所のYuan博士にたずねたところ、スタンフォード大学でコンピュータ処理をしたときに、別のファイルを用いてしまったためではないかとのことだった。しかしその結果が、中国の南北を大きく二分するクラスターに分けるという、期待をしていた結果だったので、特に気にとめず、そのままになっていたようだ。そこで、私たちが1999年に発表した論文（Yuanら, 1999）では、正しい近縁図を示した（図1）。

これは、比較的簡単な例である。次はやややたちが悪い。

排 序 No.	宋朝 Song dynasty		現代 The present	
	姓氏 Surname	観察値 Obs.(%)	姓氏 Surname	観察値 Obs.(%)
1	王 Wang	6.67	李 Li	7.94
2	李 Li	6.08	王 Wang	7.41
3	张 Zhang	5.24	张 Zhang	7.07
4	赵 Zhao	5.07	刘 Liu	5.38
5	刘 Liu	4.49	陈 Chen	4.53
6	陈 Chen	5.42	杨 Yang	3.08
7	杨 Yang	2.33	赵 Zhao	2.29
8	吴 Wu	2.39	黄 Huang	2.23
9	黄Huang	2.19	周 Zhou	2.12
10	朱 Zhu	1.70	吴 Wu	2.05

表1：宋朝と現代中国における頻度の高い苗字ベスト10。Yuanら(1999)より。

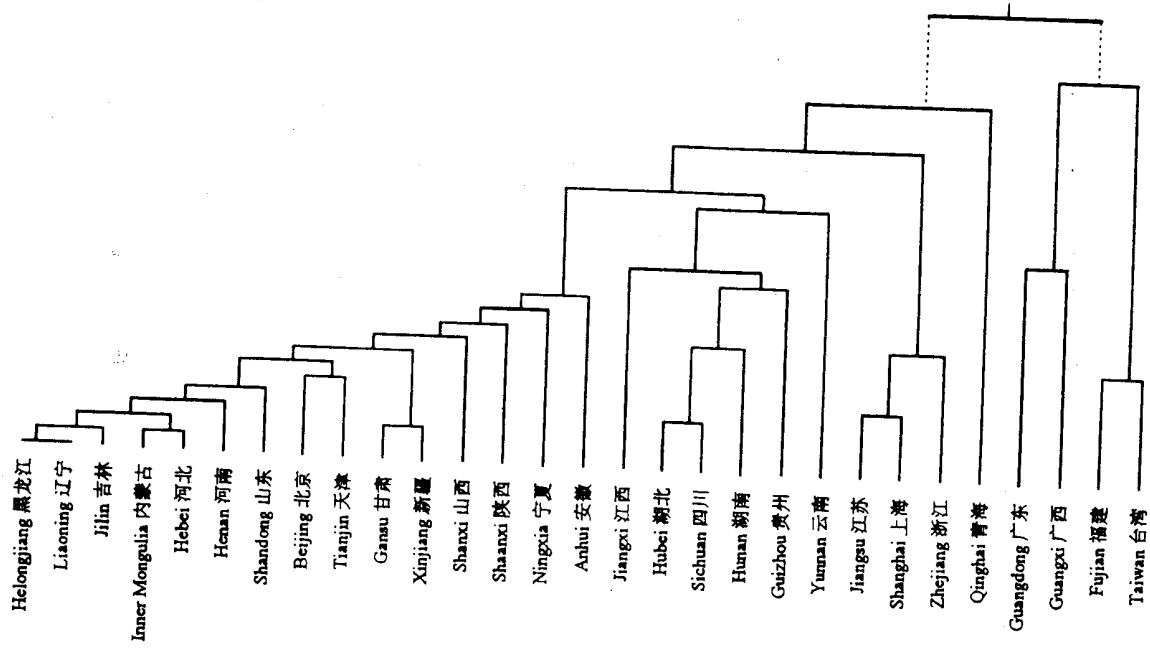


図1：現代中国の苗字分布から見た28省のあいだの近縁関係。Yuanら(1999)より。

恣意的な判断による結果の解釈

(2) 「恣意的な判断による結果の解釈」の問題の具体例として、分子進化における進化速度の一定性に関する議論を考えてみる。「分子進化」とは、DNAやタンパク質など、生物の持つ高分子が長い進化の過程で変化してゆくことを調べる分野である。DNAはその二重らせん構造が生み出す「半保存的複製」により、もとの分子の正確なコピーを2個生み出すが、まれに突然変異が生じると、その変化は正確に子孫分子に伝わってゆく。まさに、ダーウィンが指摘した「変更を伴う継承」という進化の本質を担っているのが、DNAなのである。実験室の中で決定することのできるDNA分子の変化が、古生物学や地質学で推定される生物種の分岐した時代にはほぼ比例しているということがわかり、あたかも時計として使うことができるといので、「分子時計」と名付けられた(斎藤,1997を参照されたい)。

人類集団の進化のような、最近10万年という短い時間を考える時には、突然変異の蓄積する速度が小さいため、別の尺度である、集団間の遺伝距離と分岐年代を比較する。これらの間にも正の相関があり、ある意味で「分子時計」が成り立つ。

ここで再び、(1)で批判したスタンフォード大学のグループが発表した論文をとりあげよう。彼らは、人類進化でも分子時計が成り立つと主張し、次のように考古学的データ(上の古生物学データに対応する)と集団的分岐年代を対応させている。アフリカ人と非アフリカ人の分岐年代(92,000年前)は、イスラエルのカフゼー洞窟遺跡の年代が用いられ、コーカソイドと北東アジア人およびアメリカインディアンの分岐年代(35,000年前)には、ヨーロッパにおいてネアンデルタール人が消滅し、新人の出現した年代が使われている。一方、オーストラリアへの人類の進出は少なくとも4万年前と考えられているので、これをオーストラロイドと東南アジア人の分岐年代の下限としている。また、人類の新大陸への進出は、チリのモンテヴェルデ遺跡のデータによると33,000年前にさかのぼりうるが、定説ではもっと最近であるとされているので、北東アジア人とアメリカインディアンの分岐は、15,000年前から35,000年前としている。

スタンフォード大学のグループは、これらの年代がそれに対応する遺伝距離とほぼ比例関係にあると主張している。しかし、この主張をただちに受け入れるわけにはいかない。たとえばこれらの考古学的年代の推定値が正しいとしても、それらの年代が遺伝距離データをもとにして作られた系統樹のどの位置と対応するかについては、研究者のあいだで見解の相違があり得るからである。系統樹の分岐点を恣意的に考古学的年代に対応させれば、進化速度が一定だと主張するのはたやすいからだ。詳しくは、斎藤(1993)を参照されたい。

一言付け足しておくが、このようにスタンフォード大学のグループをあれこれ批判するのは、彼らの研究を尊重しているからである。このグループの中心であるキヤヴァリア・スフォルザ博士について、私が紹介した文章(斎藤,1995)を参照されたい。同様の論理を展開していると私が考える「分子時計」の研究に、オサムシの分子系統がある。これについては、最近、大澤ら(2002)が膨大な研究結果を日本語の本で出版している。オサムシの仲間には、カブトムシやカミキリムシ、コガネムシと同じ昆虫の中の甲虫に属するが、大部分の種は羽がないので飛ぶことができない。このため、歩いて移動するしかないで、種々の分岐が地理的な分断に対応していると考えられている。昆虫は脊椎動物と違ってほとんどよい化石が発見されていないので、山脈や河川の形成のような地理的現象を種々の分岐年代に対応させようというのである。しかし、地理的事象がいかにかに正確に年代測定されようと、それとオサムシの種々の分岐が対応するのかは、必ずしも一意的に決まるものではない。このため、オサムシの研究者のあいだでは、分子時計の傾き(進化速度)について、現在でも論争が続いている。

固定観念により生じた仮説の固定化

では次に、(3)「固定観念により生じた仮説の固定化」の問題の具体例として、ヒト、チンパンジー、ゴリラの系統関係について考えてみることにする。数学的にいうと、3種類の可能性がある。ヒトの系統が最初に分かれた場合、チンパンジーまたはゴリラの系統が最初に分かれた場合であ

る。それぞれ、残りの2種(チンパンジーとゴリラ、ヒトとゴリラ、ヒトとチンパンジー)が系統的により近いことになる。

伝統的には、チンパンジーとゴリラがより系統的に近く、ヒトの系統はもっと前に分岐したというパターンが、化石や現生種の形態の比較から支持されてきた。ところが、タンパク質やDNAという分子を比較する研究から、ヒトとチンパンジーが系統的に近く、ゴリラの系統が最初に分かれたというパターンが支持されるようになった(斎藤, 2002を参照されたい)。現在では、化石など形態の研究者も大部分はこのパターンを支持している。

形態の研究者が長い間、チンパンジーとゴリラが系統的に近いという現在の知識から見たら「間違った」パターンを支持していたのは、ひとつにはナックル歩行をこれら2種がするのに対して、ヒトは、少なくとも現在の我々はしていないという点である。また、おそらくヒトは特別だと思いたくて、なるべくヒトを他の生物から早め早めに分岐して独自の道を歩んだ、特別の存在だと思いたいという観念があったのではなかろうか。

《おわりに》

このような、ヒトが特別だという考え方は、自然科学、特に人間を調べ自然人類学では厳につつしむべきである。この意味で、人間の持つ意識もまた、その大部分は他の生物と共通点があるのは当然であり、さらに生命と無生命には明確な境界線がない以上、心と体はつながっている、すなわち「心身一元論」が論理的に導かれることになる。われわれの「こころ」は「からだ」があっただけで存在するものであり、なにか特別のものではないとする考えだ。これは人間中心主義をある意味で否定している。一方で、心身一元論はこの宇宙全体と自分を直接つないでくれる考えもある。なぜなら、素粒子や原子や分子から私たちの意識にいたるまで、同じ原理でずっとつながっているというのだから(斎藤, 1997より)。

今回は、あまりまとまりのある話ではなかったが、どの部分でも共通するのは、「懐疑論」である。うまそうな話を聞いたら、ほんとかな?と思う

べきだ。自分自身の生産したデータや自分自身が考え出した仮説も、いったん疑う必要がある。それが自然科学にとどまらず、学問のあるべき姿ではなかろうか。

引用文献

- Du R., Yuan Y., Hwang J., Mountain J., and Cavalli-Sforza L.L. (1992) Chinese surnames and the genetic differences between North and South China. *Journal of Chinese Linguistics*, Monograph Series No. 5, 93p.
- 大澤省三、蘇智慧、井村有希 (2002) 「DNAでたどるオサムシの系統と進化」. 哲学書房.
- 斎藤成也 (1983) 苗字資料による国内の移住パターン推定の試み. *人類学雑誌*, 91巻3号, 309-322頁.
- 斎藤成也 (1993) 人類集団の系統復元—その緩慢な道のり. 馬場悠男編, 別冊日経サイエンス「現代人はどこからきたか」, 81-87頁. 日経サイエンス社.
- 斎藤成也 (1995) カヴァーリースフォルトツァ博士について. ルーカ&フランチェスカ・カヴァーリースフォルトツァ著「わたしは誰、どこから来たのか」, 467-472頁. 三田出版会.
- 斎藤成也 (1997) 「遺伝子は35億年の夢を見る—バクテリアからヒトの進化まで—」. 大和書房.
- 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頁. ウェッジ選書.
- Yuan Y. D., Jin F., Zhang C., and Saitou N. (1999) The Study of the Distribution of Chinese Surnames and the Diversity of Genetic Population Structure in the Song Dynasty (本文は中国語). *Acta Genetica Sinica*, vol.26, pp. 187-197.