

■ 隅 啓一 情報学プリンシプル研究系 教授

【タイトル】

遺伝子から見えてくる生物進化

【本文】

生物の形態は実にバラエティーに富んでいます。そうした形態がどのように形作られてきたのかに興味があり、遺伝子と形態の相関関係について情報学的手法を使って研究しています。遺伝子の配列を比較するという地道な作業ですが、単なる配列データからその役割を見つけることによって、遺伝子の利用につなげることができる研究だと考えています。

遺伝子は進化する

生物の進化は多くの場合、形態の変化を伴いますが、それは遺伝子の変化によって引き起こされています。つまり、遺伝子も進化しているのです。

かつて生物はその形態によって分類され、進化のプロセスも説明されていました。20世紀に入って遺伝子が調べられるようになってからは、同じ働きをする遺伝子どうしがどのくらい似ているかで分類されるようになりました。さらに、生物の全遺伝情報であるゲノムが知られるようになった今は、ゲノムを比べる分類法が主流です。この方法は情報量が多いことから、得られる結果の正確性という点でたいへん優れています。遺伝的には遠い関係の生物どうしても、例外的に一部の遺伝子がよく似ていることがあるからです。

こうした分類法の変化によって、生物のグループ分けはガラリと変わりました。1つには、今まで不可能とされてきたバクテリアの細かい分類ができるようになりました。また、外見は似ていても、まったく異なるルーツを持つ生物がいることもわかってきました。アルマジロとセイザンコウは、鎧のような硬い背中と長い舌を使って虫を食べる様子が非常によく似ていますが、遺伝的には遠い関係にあります。

動物が動物たるゆえん

私は、たくさんの動物ゲノムを解析することで、動物への理解を深めようとしています。その1つは、動物と動物以前の生物との違いの解明です。現在、いちばん単純な動物は海綿だとされています。一方、もっとも動物に近い原生生物は立襟鞭毛虫（たてえりべんもうちゅう）です。両者を比べることで、動物が誕生するのに必要だった遺伝子がわかるはずですが。

動物の中でも、特に哺乳類については親戚関係を調べています。今から1億年ほど前、ネズミのような姿をしていた哺乳類は急激に多様化しました。1億年は、生物の進化からみるとほんの短い時間です。あまりにも短期間に多様化が起こったために、細かな親戚関係を知ることは難しいとされてきました。それが、ゲノムを比較すればわかるかもしれません。こうした研究の中からは、例えば「体毛」の成分であるケラチンをつくる遺伝子群のように、哺乳類で大きな進化をとげた遺伝子の存在も明らかになってきています。

ゲノム解析からは、本当にたくさんの情報が得られます。こうした結果の蓄積によって、「今いる生物にかつて何が起こったのか？」を説明できる日がくると思っています。

(取材・構成 池田亜希子)