ISSN 1880-0556

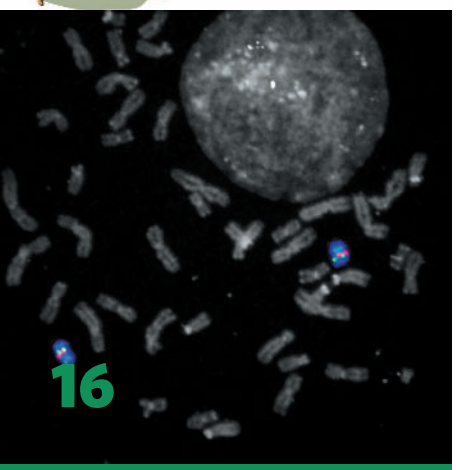
nature DIGEST

日本語編集版
OCTOBER 2005
VOL.02, NO.10
10

http://www.naturejpn.com/digest

チンパンジーゲノム概要解読

nature publishing group npg



チンパンジーゲノム

HIGHLIGHTS

02 vol. 436 no. 7053, 7054, vol. 437 no. 7055, 7056, 7057

EDITORIAL

04 2頭のトラの物語

NEWS@NATURE.COM

05 森林は期待されるほど二酸化炭素を吸収しない

06 カーボンナノチューブのトランジスタが実現

07 プリオン病の血液試験法

CHIMPANZEE GENOME SPECIAL

08 チンパンジーゲノムの概要配列が完成!

NEWS@NATURE.COM

10 チンパンジーゲノムが解読されてわかること

11 はじめて発掘されたチンパンジー化石

NEWS FEATURE

12 霊長類ゲノムから見えるヒトの進化
Carina Dennis

JAPAN NEWS FEATURE

16 日本は、「ねらいを定めて高精度に」読む戦略
西村尚子

NEWS & VIEWS

19 チンパンジーとわれわれ
Wen-Hsiung Li & Matthew A. Saunders

BUSINESS NEWS

23 伝統の箔製造技術が手中におさめた携帯電話市場
冬野いち子

NEWS FEATURE

24 惑星科学界の敏腕男
Amanda Haag

NEWS & VIEWS

26 地球で起こったことを月で見る
Bernard Marty

発行人：アントワーン・ブーケ
編集：北原逸美、セラ・ハリス
デザイン／制作：村上武
広告：浅見りの子
マーケティング：吉原聖豪

ネイチャー・ジャパン株式会社
〒162-0843
東京都新宿区市谷田町 2-37
千代田ビル
Tel. 03-3267-8751　Fax. 03-3267-8754

nature DIGEST

10

volume 2 no.10
October
www.naturejpn.com/digest

© 2005 年　ネイチャー・ジャパン
掲載記事の無断転載を禁じます。

Vol.436 | no.7053, 7054 Vol.437 | no. 7055, 7056, 7057

3 種類のホットスポットはほとんど重ならない

Hotspots aren't all equally hot

生物保護活動ではホットスポットと呼ばれる生物種の豊富な地域から、地球上で最も保護活動を必要とする地域を割り出している。ところが科学者の間では、こうした保護地域を絞り込むのにどんな種類のホットスポットが最適なのか見解が分かれている。最も適したホットスポットとは、種数が最多の地域か、それとも絶滅の危機にある種の数が最多の地域か、地域特有の種（固有種）が最多の地域か、3 種類のどれであるべきなのだろうか。

今回、既知の鳥類全種の繁殖分布域に関する世界規模の新しい調査から、答えは簡単に出ないことがわかった。I Owens たちの報告によると、3 種類のホットスポットは重なり合うところがほとんどないらしい。Owens たちは、1 種類のホットスポットだけを使って保全の優先度を決めることはできないと結論づけている。

とはいえ「ホットスポットの原則について見通しがまったく立たないわけではない。今回の研究で、固有種のホットスポットでは絶滅の危機に瀕した種の数や種の総数も多いことがわかった。固有種のホットスポットの保全に資金や人材を投入すれば、回り回って種の豊富さと絶滅の危機にある種に関するホットスポットを守ることにもなるだろう」と H Possingham と K Wilson が News and Views で述べている。

18 August 2005 Vol.436/Issue 7053
lettters p.1016, N&V p.919 参照

ヒューマンファクター：火星を視野に入れた宇宙ステーションの整備

THE HUMAN FACTOR:
Space-station planners gear up for Mars

NASA の M Griffin 新長官にとっての最優先課題は、ブッシュ大統領の新宇宙探査計画を実現することだ。それには、2020 年までに月への有人飛行、続いて火星への有人探査を行う必要がある。宇宙探査でヒューマンファクターが新たに重要視されるようになったことは、国際宇宙ステーションに重要な影響をおよぼす。国際宇宙ステーションは、例えば骨の劣化や放射線障害など、探査計画に必要な研究の多くを行うのに理想的な場所である。現状では、未完成の宇宙ステーションに向けてスペースシャトルの定期運行がいつ再開されるのかはまだわからないし、ステーションを完成させるのに十分な機材と十分な人数の宇宙飛行士がそろうのかどうかもはっきりしない。News Feature では、NASA 自体ですぐにでも問題となりそうな疑問が、T Reichhardt によって示されている。表紙は、2001 年にスペースシャトル、アトランティス号から撮影された宇宙ステーションである。（写真提供 :NASA）

18 August 2005 Vol.436/Issue 7053
news feature p. 902 参照

地球に降る宇宙塵の起源

Who you jivin' with that cosmic debris?

地球大気に突入し爆発した流星が後に残した塵の雲が見つかった。塵の微粒子は予想よりもずいぶん大きく、地表に堆積する「宇宙塵」の主な起源が、そのような爆発である可能性がでてきた。

流星物質は、太陽系に残された岩石質の小さな破片で、その大きさは岩石大から砂粒程度までさまざまである。このような天体が地球大気に突入すると、普通は高い高度で壊れて細かい砕片になり、隕石または流星と呼ばれる輝く軌跡を作り出す。こういう破砕によって大きさがほんの数ナノメートルという微粒子が作られ、それらがさらに集まって流星の「煙」になるものと広く考えられてきた。

2004 年 10 月 3 日、人工衛星が大きな流星を見つけた。この流星は、高度 56 km から 18 km まで尾を引く光の軌跡を残した。観測からは、この天体がもともと約千トンの質量をもち、TNT 火薬 13～28 キロトンに相当するエネルギーを破壊によって放出したことが示されている。このエネルギーは、1945 年に広島を壊滅させた原子爆弾と同規模かそれ以上である。

A Klekociuk たちは、この流星の通過後に上部成層圏で検出された「雲」について調べた。この雲は、爆発で生じた塵の粒子からできている。その結果、塵の粒子が 10～20 マイクロメートルの大きさであることが明らかになった。このような微粒子は、数週間にわたって大気中を降ってくることになるので、太陽光線を反射し雲中の水滴形成を促して地球の気候に影響を及ぼす可能性があるようだ。

25 August 2005 Vol.436/Issue 7054
letters p.1132 参照

花枝の系統：トウモロコシの進化と栽培化の過程

BRANCH LINE:
The evolution and domestication of maize

ほぼ 100 年前にはじめて単離されたトウモロコシの *ramosa1* 変異体は、「原始的な」イネ科植物と類似していたため、当初 *Zea ramosa* という新種であると考えられた。そして栽培化されたトウモロコシ *Zea mays* の先祖返りと見なされたために、*ramosa1* は初期の遺伝子地図では単一遺伝子座におかれている。今回、Vollbrecht らは *ramosa1* を単離し、これが花序の分枝構造を支配していることを示した。花序は花がつく部位で、これが植物の形態を決めている。よく目にするトウモロコシの穂軸には、近縁のイネ科植物の花序とは違って長枝が存在しない。*ramosa1* は転写因子をコードしているが、これはイネには見られず、ソルガムではまた異なる調節を受けており、この遺伝子はトウモロコシ栽培化の過程で強い選択を受けてきた。このことは *ramosa1* が進化のなかで占めてきた中心的な役割に合致しており、今後の作物開発にも役立ちそうだ。表紙は高度に分枝した雄穂を持つトウモロコシである *ra1* 株に生じた雌穂。

25 August 2005 Vol.436/Issue 7054
articles p.1119 参照

送信されたキュービットを安全にキャッチ

Helping a flying qubit to land safely

異なる波長の光子間で量子情報を伝送可能であることが、今週号で報告されている。この研究は、異なる量子コンピューター間で保存情報を伝送するための実用上の障害を克服し、さらに粒子の量子状態を利用して非常に高い速度でデータ処理するコンピューターの実現に向けた重要な一歩といえる。

量子スケールでのデータ保存には金属原子（通常アルカリ金属）が使われるが、このとき約 800 nm（1 nm は 10 億分の 1 m）の波長の光を必要とする。ところが、光ファイバーケーブル中を長距離伝わるのに最適な光の波長は、1,310 nm と 1,550 nm である。

S Tanzilli たちは今回、キュービット（量子ビット）形式の情報は、より長波長の光子から波長がより短かい光子へ伝送できることを示した。これは、光ファイバー内を伝わる遠距離通信キュービットが、送信先に達すると固定量子メモリーにその情報を安全に渡せることを意味している。Tanzilli たちは、また違った波長間の転送も可能だろうと述べている。

1 September 2005 Vol.437/Issue 7055
Letters p.116 参照

チンパンジーゲノムの解読

THE CHIMPANZEE GENOME

表紙は、ウガンダのキバル国立公園の大人の雌チンパンジー「ジョリー」である。この写真は 2004 年 8 月 16 日、ジョリーが

※「今週号」とは当該号を示します。

初めての子供を産む数週間前に、写真家K Langergraberが撮影したものである。今週号には、我々に最も近縁の生物の研究における画期的な進展が掲載されている。チンパンジーゲノム解読・解析共同研究体からは、チンパンジーゲノムの塩基配列の初期の解読とヒトゲノムとの比較が報告されている。この論文は、ヒトとチンパンジーが共通の祖先から分岐して以来それぞれの種を形づくってきたさまざまな変化について述べ、我々をヒトという独自の生物たらしめているもの、つまり3500万個の単一塩基置換、500万箇所の短い挿入や欠失、局所的な再編成や染色体融合を明らかにしている。またチンパンジーとヒトゲノムでの遺伝子重複を比較した論文では、病気へのかかりやすさの基盤となる可能性のある遺伝子発現の違いが明らかにされている。ヒトゲノムの研究からは、最近起こった染色体重複や遺伝子変換はサブテロメア領域に集中していることが明らかにされている。

チンパンジーとの塩基配列比較からは、ヒトの進化の過程でY連鎖遺伝子がよく保存されてきたことが明らかになった。特集の最後は我々の知識の大きな空白部分を埋めてくれる論文で、初めて見つかったチンパンジーの化石から、チンパンジーと初期のヒトが同じ環境内に生息し、そこで進化と分岐が起こったことが明らかにされている。この化石（3本の歯）はケニアの50万年前の堆積物から見つかったもので、同じ堆積物からはヒト属の化石も見つかっている。これらの論文と共に掲載されている4つのProgress（「総説」「展望」あたりでしょうか、このままでもいいかも）では、チンパンジーの文化、社会行動、心理、認知を取りあげている。他にも、チンパンジーを扱う研究についての話や、他の霊長類ゲノムプロジェクトについてのまとめ、また2つのCommentaryでは大型類人猿の研究をめぐる重要な倫理問題について考察がなされている。

1 September 2005 Vol.437/Issue 7055
news feature p.17, 20, commentary p.27, 30, progress p.52, 56, 60, 64, articles p.69, 88 94, letters p.101, 105, N&V p.50 参照

ホルモン増産は勝ち目のあるときだけ
Fin it to win it

魚類の雄では闘争によって雄性ホルモン（アンドロゲン）の増産応答が引き起こされるが、この応答が起こるか起こらないかが勝敗の見込みによって決まる例がBrief Communicationsで報告されている。R F Oliveiraたちは、カワスズメ（*Oreochromis mossambicus*）の雄では、たとえ激しい対決をした後でも勝ち負けが決まらない場合には、攻撃性を高めるアンドロゲンが増産されないことを見つけた。どうやら、自分に勝ち目がある場合にだけアンドロゲンが急増するらしい。

Oliveiraたちはカワスズメの雄を7日間隔離した後、水槽の一端に鏡を置いた。雄は、鏡に映った自分の姿を自分だと認識せず、侵入者だと思ってしだいに攻撃を強める。しかし、この勝負は当然のことながら決着がつかない。この仮想敵との戦いを行った雄ではアンドロゲン量は変化せず、鏡で自分の姿を見ていない対照用の雄と同じくらいだった。Oliveiraたちによると、これは1つの適応機構であって、雄が自分に勝負を仕掛けた相手の闘争能力をいったん相対評価して見きわめてから、ホルモン応答を増進させて自身の社会的地位を高められるようにしているのではないかという。

8 September 2005 Vol.437/Issue 7056
brief communications p.207 参照

神経伝達：神経伝達物質輸送体の構造
NEUROTRANSMISSION: Architecture of transmitter transport

ナトリウムと塩素に依存して働く神経伝達物質輸送体と近縁の細菌タンパク質の結晶構造が決定された。脳では、これらの輸送体が電気化学的勾配を用いてシナプスでセロトニンやドーパミン、γ-アミノ酪酸、グリシンといった神経伝達物質をすばやく取り込ませて神経伝達を終結させる。この細菌相同体は超好熱細菌 *Aquifex aeolicus* 由来で、ロイシン（表紙のリボンモデルの中央）を細胞膜を通して輸送している。この構造から、Na^+ イオンやロイシンの結合部位とともに、これらの結合部位への出入りを調節する「ゲート」の構造が明らかになった。構造に関する今回の知見は、薬剤設計のさまざまな面に重要である。これらの輸送体は抗うつ剤や麻薬系ドラッグなどの標的であり、またその機能障害がパーキンソン病やてんかんなどといった神経疾患に関係しているからである。

8 September 2005 Vol.437/Issue 7056
articles p.215, N&V p.203 参照

アテローム性動脈硬化症についての力の入った発見
Forceful finding about atherosclerosis

アテローム性動脈硬化症と呼ばれる心臓血管疾患では、血流が乏しい、あるいは乱れている血管領域にアテローム斑が蓄積する。血管の内側を覆っている内皮細胞は、血管壁に対する機械的ストレスの異常なパターンを何らかの方法で感知する。

M A Schwartzたちは、血管内皮細胞に発現している3つのタンパク質がこの機械的ストレスの感知に必要であることを示している。さらに、各タンパク質が、細胞内部で機械的な力を生化学的シグナルに変換する際に異なった役割を担っていることも明らかにしている。この新たな発見は、血流の乱れが内皮細胞を刺激し、アテローム斑形成を引き起こす仕組みを知る手がかりとなる。したがってこの結果は、アテローム性動脈硬化の発生をくい止める新薬の発見につながる可能性がある。

15 September 2005 Vol.437/Issue 7057
letters p.426 参照

乾癬の原因：新しいマウスモデルで謎が解ける？
WHAT CAUSES PSORIASIS ?: This new mouse model could solve the mystery

よく見られる皮膚と関節の炎症疾患である乾癬については、皮膚に作用する免疫障害（内から外仮説）、あるいは免疫に影響を及ぼす皮膚疾患（外から内仮説）など、さまざまな見方がされてきたが、適当な動物モデルが存在しなかったために発病過程の確定は困難であった。しかし今回、よいモデルが作出された。Zenzたちは、ヒトの乾癬病変では表皮角化細胞で転写因子JunBの発現が減少しているという知見からスタートし、表皮でのJunBとc-Junの誘導性欠失によって乾癬とほぼ同一の症状を発症するマウスモデルを作出した。皮膚病変は免疫細胞に関係なく発生し、関節炎は主にTNFシグナル伝達を介して起こることが遺伝的証拠からわかった。免疫細胞は単に炎症応答の増幅体として働いているらしい。表紙はJunBを発現しているヒトの表皮（赤色に染色）。

15 September 2005 Vol.437/Issue 7057
articles p.369 参照

2頭のトラの物語

Tale of two tigers

Nature Vol.436(754)/11 August 2005

論説

東南アジアの研究ハブをめざす2つの国家は、対照的な軌跡をたどった。

1965年にマレーシアとシンガポールが2つの国家に分離した直後から、両国の科学政策が生みだす実績には大きな格差が生じるようになり、それは今でも広がり続けている。

エンジニア出身の実業家Philip Yeoの巧みな指導のもと、世界で最もダイナミックな研究環境の1つがシンガポールで創出されている。同国の科学政策の責任者となったYeoが作り上げてきたシステムにより、同国のバイオテクノロジーは、未来に対して明るい希望をもてるようになった(*Nature* 2005年8月11日号 p.767参照)。シンガポール政府の表現の自由の保証に対する姿勢には若干の疑問があるものの、同国は、あまり「ひも」のついていない研究助成金と国際協力に役立つ国際的な研究環境を提供し、外国から一流の研究者と多額の企業投資の両方を引き寄せることに成功した。

このシンガポールでの成功はYeo自身のエネルギーと影響力に依存していることに対する懸念が、一部で表明されている。しかし、ひとりのリーダーによる監督よりもまちがいなく長続きする能力主義は定着しており、そのことを示す十分な証拠がある。たった20年の間に、シンガポールには、とくにゲノミクスと癌研究に強い生物学研究の重要な地域ハブが確立されたのだった。

マレーシアも科学において確固たる役割を果たそうと試みたが、あまり成功していない(*Nature* 2005年8月4日号 p.620～621参照)。国内にバイオテクノロジー産業を構築する試みは、失敗に終わっている。なかでも最も顕著な失敗例が、クアラルンプール近郊で行われたBioValleyプロジェクトだった。相当程度の政治レベルでの折衝を経て、最先端の研究に特化することが大いにうたわれた独立系の大学が創設されたが、国際競争力を確立できずにいる。

マレーシアの抱える問題の1つは、同国生まれの中国系やインド系住民、外国人よりも同国生まれのマレー系住民を優遇する教育、雇用政策である。総人口の半数以上を占め、経済的にも社会的にもあまり恵まれていないマレー系住民に雇用の機会を確保するための措置を講じたいと考えるマレーシア政府の立場は理解できる。

しかし既存のシステムでは能力主義が十分に浸透しておらず、雇用や助成金の分配に関する意思決定が人脈によって大きく影響されることが多いとする非難の声は大きい。マレーシア政府内部でも科学政策の決定に十分な自律性は認められていない。それにBioValleyなどのプロジェクトにおいては、人材ではなくインフラストラクチャーに多額の投資がなされていた。

アジアの中で、政府の政策運営の失敗によって科学が悪影響を受けているのは、もちろんマレーシアだけではない。中国や日本、その他の諸国でも、人材面より施設面に対して過大な投資がなされる傾向、研究助成金の公正な評価における問題、近隣諸国やその他の国々からの科学者との共同研究体制が不十分なことなどがみられる。

「シンガポールは、アジアでの共同研究を盛んにさせるうえで中心的な役割を果たせるかもしれない。」

シンガポールの成功は、この点で有用なモデルとなり、アジアでの共同研究を盛んにさせるうえで中心的な役割を果たせるかもしれない。これまで東アジア諸国間での共同研究は、けっして容易なことではなかった。たとえば、アジア太平洋分子生物学ネットワーク(www.a-imbn.org)は、欧州分子生物学研究所(ドイツ・ハイデルベルク)の建設に助力した欧州分子生物学機構のような、より強固な基盤を構築しようと何年も努力を続けている。

一流の研究者を引きつけているという最近の実績からいって、シンガポールは、アジアでの共同研究を行うための理想的な場所だと考えられる。また、シンガポールは、これまで激しい競争によって数々の共同研究を頓挫させてきた中国や日本、韓国の研究者の架け橋の役割も果たせるかもしれない。それによって、Yeoがシンガポール国内での成功を勝ち取った手法の一部を他国に応用できるようになるかもしれないのだ。

森林は期待されるほど二酸化炭素を吸収しない

Trees don't suck up carbon dioxide as hoped

温室効果ガスによって森林が急成長することはない。

doi:10.1038/news050822-7/25 August 2005
Quirin Schiermeier

たとえ周囲の二酸化炭素が増えたとしても、樹木はとくに速く成長するわけではないようだ。スイスの研究者たちが発表した研究は、「二酸化炭素濃度の上昇は、植物の成長が促されることである程度は抑えられるはずだ」と広く信じられている考えを否定している。

一部の研究者の考えでは、二酸化炭素濃度が上昇すれば、植物がそれを光合成に利用して成長が活発になるという。たとえば、成長が促進されて伸び広がった草木が、過剰な二酸化炭素の一部を吸収する可能性があるというのだ。

ところが、そうではなかった。スイスのバーゼル近郊の落葉樹林の大きな区画を対象に、大量の二酸化炭素を数年間にわたって人工的に噴霧した研究によれば、そうした樹木の成長促進は確認されなかった。

スイスの樹木の場合、二酸化炭素濃度を高めても成長の促進は認められなかった。しかし、同じ結果が別の森林についても同じか否かは不明である。

「研究者や政治家のなかには、将来、二酸化炭素濃度が高くなるのは実は地球の緑化にちょうどいいくらいに思っている人たちがいるが、いいかげん目を覚ますべきときだ。温室効果の問題が解決されたわけではない」と、今回の研究を指揮したバーゼル大学の植物生態学者 Christian Körner は話す。

将来を予測

研究チームは、500 平方メートルの区画を対象に、約 10 本の成熟した落葉樹の林冠に純粋な二酸化炭素を噴霧することで、持続的に高い二酸化炭素濃度の条件を作りだした。年間 6 か月間におよぶ成長期に、工場から排出された 2 トンもの二酸化炭素を林冠に毎日散布した。この条件では、約 530 ppm の二酸化炭素を含む大気環境が再現されたことになる。これは、現在の環境に通常含まれる二酸化炭素量の約 1.5 倍だ。

しかし、4 年におよぶ実験の結果、幹や葉におけるバイオマスの増加が促進された証拠は得られなかったとする研究結果が *Science* に報告された[1]。樹木は、過剰な炭素を吸収したが、根や土壌中の微生物の呼吸を通じてすぐに放出していた。つまり、成長や光合成を促すような持続的な作用は認められなかったのだ。

研究チームは、ほかに考えられる要因を排除するために、樹木の成長にみられる自然変動の規模を、2 年間の予備実験期間中に年輪記録を使って調べておいた。また人間活動によって大きく乱されない、異なる種を含んだ中間成長期にある森林を慎重に選んだ。

だが、「期間も規模も限られた実験なので、今回得られた結果が一般化できると断言するのはまだ早い」と Körner は述べている。たとえば、今回の研究では針葉樹は対象とされていない。

また、今回用いられた過剰な炭素の一部が、樹木中ではなく土壌中に貯蔵された可能性もある。もしそうだとすれば、温暖化の進む地球上で森林がより多くの二酸化炭素を吸収する、という考え方が依然有効だということになるかもしれない。

多様な場所で実験を

Körner は、「今後は自分たちが採用した二酸化炭素散布法を使い、国際的研究チームによる監視のもとで、北方林から熱帯雨林にいたる多様な植物帯で、3 つか 4 つの大規模実験を実施すべきだ」と話す。「それが、大気組成の変化が地球上のバイオマス全体にどのような影響をおよぼすか、という基本的な疑問に決着をつけるための唯一の方法だ」。

過去に実施されたいくつかの小規模実験では、二酸化炭素濃度の上昇が植物の成長を促進するという結果が示されたこともある。たとえば、オックスフォード大学の植物生態学者 Yadvinder Mahli は、アマゾン川流域の多雨林におけるバイオマスが過去 25 年間にわずかに上昇したと報告している[2]。しかし、この実験結果を二酸化炭素濃度の上昇にどの程度結びつけられるかは不明だ。

「今回の研究は、その手法と種の混合という点で優れているが、一般的な結論を引きだすのはまだ早い。熱帯林を対象に同様の実験を直ちに行うべきだ」と Mahli は述べている。 ■

1. Körner C. *Science*, **309**. 1360 - 1362 (2005).
2. Malhi Y.. *The Carbon Balance of Forest Biomes* (eds Griffiths, H. & Jarvis, P.G.) (Taylor and Francis, Oxford).2005).

カーボンナノチューブのトランジスタが実現

Nanotech transistor powers up

カーボンナノチューブによって極微の回路が誕生するかもしれない。

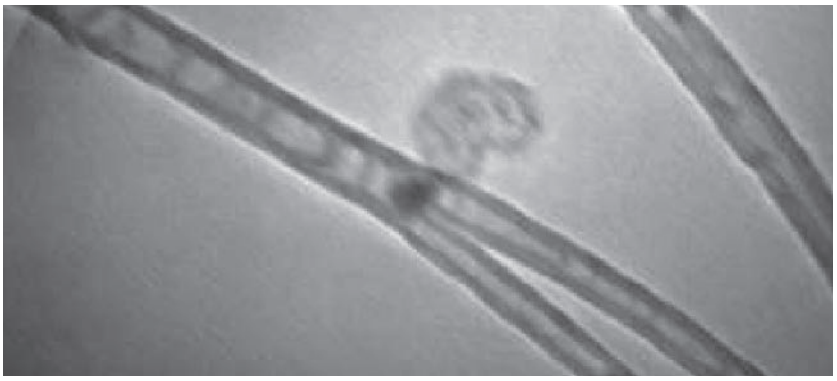
doi:10.1038/news050808-17/14 August 2005
Mark Peplow

純粋にカーボンナノチューブだけで作られた最初の電子スイッチが発表された。やがては、シリコンチップよりも動作が速く、コストが低く、サイズも小さい電子部品が実現できるかもしれない、と開発者は期待している。

このデバイスはＹ字型をしたカーボンナノチューブで、一般家庭にあるあらゆる電子装置に使われているトランジスタと同じように動作する。Ｙ字になった3本の枝のうち1つの枝からもう1つの枝へ流れる電流は、3つ目の枝にかける電圧によってオンになったりオフになったりする。このスイッチング動作は完璧だ。電流はオンかオフのどちらかで、中途半端な電流が流れることはない。

このカーボンナノチューブを開発した研究チームを率いたカリフォルニア大学サンディエゴ校の材料科学者Prabhakar Bandaru は「このカーボンナノチューブは小さく、すばらしいスイッチング動作をするので、まったく新しいトランジスタとなる可能性がある」と話す。

Bandaru たちは、まっすぐなカーボンナノチューブが成長しているときに、その容器にチタン - 鉄触媒を加えることによりＹ字型のチューブを作った。触媒粒子がカーボンナノチューブの側面にくっつくと、それが新しい枝の基礎となったという。この研究成果は *Nature Materials* に報告された[1]。



P. Bandaru / UCSD / Nat. Mater.

この小さなＹ字型のカーボンナノチューブが、電子工学に大きな一歩をしるすかもしれない。

シリコンチップの限界

従来のトランジスタはケイ素（シリコン）などの半導体材料の層から作られる。製造技術の向上により、どんどん小さいチップが実現され、デスクトップパソコンに巨大な処理能力を詰めこみ続けてきた。

しかし、部品が小さくなると電流が漏れはじめる。これが回路の過熱と電力の損失を引き起こし、一部のスイッチはオフであるべきときにオンになってしまうようになり、シリコンチップをこれ以上小さくすることはもうむずかしいのではないかと思われている。

このため科学者たちは、カーボンナノチューブをトランジスタとして動作させる方法を探している。カーボンナノチューブは炭素原子でできたシートが筒状になったもので、電気を伝える。ケイ素でできた回路よりも大きさがずっと小さく、さしわたしわずか100万分の数ミリしかない。

しかも、カーボンナノチューブはコストの安い化学的方法で作ることができ、集積回路を作るために現在使われている、層にするための面倒な作業やエッチングを行う必要もない。「このため、カーボンナノチューブを使えばもっと小さく、もっと複雑な機能をもつデバイスの開発が可能になる」と、ルンド大学（スウェーデン）の物理学者Hongqi Xu は説明する。

作製も容易

科学者たちはすでにカーボンナノチューブを使って論理回路を作っている[2,3,4]が、電荷の流れを制御するのに金属でできたゲート電極を必要とする。Xu によれば、そのようなデバイスの作製にはいくつかのステップが必要で、従来の電子工学技術とコスト面では競争できそうもないという。

しかし、「今回作製した新しいデバイスのゲート電極はカーボンナノチューブの構造の一部であり、チューブだけで必要なものがそろっている」とBandaru は説明する。さらに、「カーボンナノチューブの中心にすわる触媒粒子を調節することにより、たとえば異なる電圧で切り替えができるようにするなど、デバイスのスイッチング特性を変えることも可能だ」とも話す。

「あまりに多くの可能性が考えられるため、すっかり夢中になっている」というBandaru の研究チームは現在、枝分かれカーボンナノチューブの描くアルファベット型をさらに増やし、異なる機能をもつ可能性のあるＴ字型やＸ字型の実現も試みている。■

1. Bandaru P.R., Daraio C., Jin S. & Rao A. M. *Nature Mater.*, published online, doi: 10.1038/nmat1450 (2005).
2. Tans S. J., Verschueren A. R. M. & Dekker C. *Nature*, **393**. 49 - 52 (1998).
3. Derycke V., Martel R., Appenzeller J. & Avouris P. H. *Nan Lett.*, **1**. 453 - 456 (2001).
4. Bachtold A., Hadley P., Nakanishi T. & Dekker C. *Science*, **294**. 1317 - 1320 (2001).

プリオン病の血液試験法

Blood test detects deadly prions

新しい検査方法が見つかれば、ヒト脳疾患の隠れた拡大を防ぐことができるだろうか。

doi:10.1038/news050822-11/28 August 2005
Roxanne Khamsi

狂牛病のヒト版である新型クロイツフェルト - ヤコブ病（vCJD）の患者が、知らないうちに数千人規模に増えているのではないか。ここ数年、専門家のあいだでそんな恐れがささやかれていた。だが、新しい血液試験法が開発されたことで、実際のところが確かめられるようになるかもしれない。

今回開発されたのは、クロイツフェルト - ヤコブ病の原因となる奇形タンパク質をハムスターの血液サンプル中から検出するという、信頼性の高い方法である。この方法を使えば、わずか数日間で結果が得られる。

同じ検査方法が人間に対しても有効なら、血液バンクに保管されたストックの検査に適用されることになるだろう。現時点では、人間を対象とするそのような血液スクリーニング法は確立していない。ちなみに、クロイツフェルト - ヤコブ病で死亡した 2 人の英国人は、輸血によって感染したと考えられている。

さらに試験法の改善が進めば、食物連鎖に組みこまれる前の動物のスクリーニングに使用される可能性もある。

奇形タンパク質を捕える

まれな疾患である新型クロイツフェルト - ヤコブ病は、「プリオン」とよばれる、脳内における異常なタンパク質の形成によって引き起こされると考えられている。奇形タンパク質は、これと接触した正常なタンパク質の立体構造を変えることでその数を増やす。そしてやがては、死につながる神経変性疾患を引き起こす。

プリオンは脳内に集中して存在しており、血中には微量しか循環しないプリオンを検出するのは非常にむずかしい。対象動物がクロイツフェルト - ヤコブ病に感染しているかどうかを明らかにするには、試験に必要な脳組織を回収するために個体を殺す必要がある。

生きている個体から血液を抜き取り、これを他の動物の脳に注入することを試している研究者もいる。そして通常数か月後に、血液を注入された個体がクロイツフェルト - ヤコブ病の臨床的な症状を発現するかどうかを確認する。

しかし、テキサス大学ガルベストン校の神経科学者 Claudio Soto によると、この方法ではプリオンの存在する個体の 31% しか検出できないという。また、人間から採取した血液が種間障壁をこえてハムスターなどの実験動物で疾患を再現することができるのかは確かではない。

そこで Soto は、別の方法を探ることにした。血中にごくわずかに存在する奇形タンパク質を、検出可能な量まで増幅するという方法だ。

増幅せよ

Soto のチームは、最初の障壁をまず 4 年前に突破している。致死的なプリオンを、ハムスターの脳から採取後に増やすことに成功したのだ。

この方法ではまず、正常なタンパク質を微量の病原性タンパク質と試験管内で混合し、異常なタンパク質分子を約 30 分かけて増殖・凝集させる。次に、この凝集体に超音波をかけて、奇形タンパク質を遊離させる。そして、あとはこのサイクルを繰り返すことで奇形タンパク質を増幅させていく。

研究チームは今回、この工程を改善して自動化することに成功し、有効な試験法として確立した。製作した電子レンジほどの大きさの装置は、このサイクルを約 70 時間かけて 140 回繰り返すことができる。

18 匹の病気のハムスターと 12 匹の健康なハムスターで検証したところ、この方法で 140 サイクルを 2 回実施すると、プリオンを 50% の感度で検出することができた。140 サイクルを 6 回実施した場合は、感度は 89% にまで上昇した。また偽陽性の結果はあらわれなかったと研究チームは *Nature Medicine* に報告している [1]。

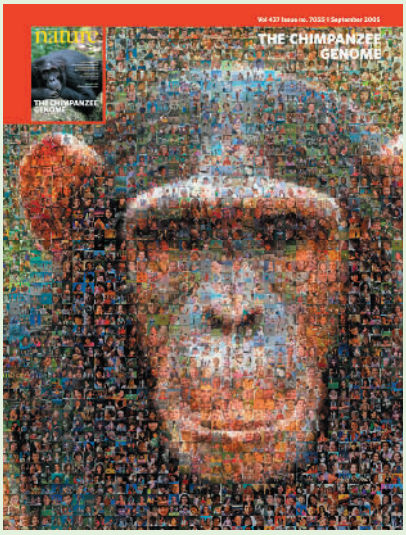
Soto は「この方法をヒトの血液を対象とした試験に適用するのに、あと半年もかからないのではないか」と述べている。だが今後もさらに多くの試験を重ねる必要であること、また、治療法が確立していない疾患のスクリーニングを実施することについて倫理的な問題があることも指摘している。「これは、だれかが解決しなければならない重要な問題です」と Soto は話す。

ケース・ウエスタン・リザーブ大学（オハイオ州クリーブランド）の米国プリオン病病理監視センターの所長 Pierluigi Gambetti は、「大半のブレークスルーがそうであるように、最終的に勝利を宣言するためには、他の研究室による検証を待たなければなりません」と語る。同氏は、ハムスターの脳に病原性プリオンを最初に注入する際に刺し傷が生じ、これが血流中へのプリオンの拡散を促す可能性を指摘している。このような通常とは異なる環境が、試験法の感度を高めている可能性があるというのだ。

いずれにせよ、この新しい試験法は、どれほど多くの隠れたクロイツフェルト - ヤコブ病保因者が英国内にいるのかを知るのに役立つかもしれない。それがわかれば将来の発症率の予測が可能になるだろうし、製薬会社が治療法の開発に投資をはじめることも考えられるだろう。 ■

1. Castilla J., Saa P. & Soto C. et al. *Nature Med.*, advanced online publication doi:10.1038/nm1286 (2005).

チンパンジーゲノムの概要配列が完成！



このモザイク写真は、Leslie Gaffney と Eric Lander の作品で、Runaway Technology, Inc. が、Robert Silvers の PhotoMosaic を使って制作した（ハーバード大学ブロード研究所とマサチューセッツ工科大学のご好意による）。

これまでに、一見、ヒトと大きく異なっているように見える生物が、実は驚くほど似ていることが、ゲノム配列情報によって数多く明らかにされてきた。控えめに見積もっても、ヒトとげっ歯類の遺伝子は約 88% が共通で、ニワトリの遺伝子とは 60% が共通している。「類似性」という言葉をより緩やかに使えば、ホヤの遺伝子の最大 80% は、なんらかの形態でヒトの遺伝子にもみられる。そのため、いまだに「私たちがヒトであるのは、何があるからなのか」という疑問に答えられていないのも、もっともなことだといえる。ゲノミクスを使ってこの疑問を探求する際には、着眼点を変えて、ヒトに最も近い現存の動物種であるチンパンジーを調べる必要がある。ヒトとチンパンジーの DNA は 98% 以上共通しており、遺伝子はほとんど共通であることから、ヒトとヒト以外の動物の類似点ではなく、細かな相違点を調べるための出発点として、チンパンジーは最も適している。

このたび、アメリカを中心とする国際チーム、チンパンジーゲノム解読・解析共同研究体が普通種のチンパンジーである *Pan troglodytes* のゲノム概要解読に成功した。これを記念し、*Nature*2005 年 9 月 1 日号では、約 70 ページにわたる特集記事を掲載し、各方面から好評を得た。*Nature Digest*10 月号では、本誌同号からチンパンジーの歴史年表、News Feature「霊長類ゲノムから見えるヒトの進化」、News and Views「チンパンジーとわれわれ」、*Nature* のオンライン・ニュースサイト（news@nature.com）から「チンパンジーゲノムが解読されてわかること」「はじめて発掘されたチンパンジー化石」、さらに日本独自の取材記事「日本は、『ねらいを定めて高精度に』読む戦略」をチンパンジーゲノム・スペシャルとして掲載する。

チンパンジー概史

ヒトに最も近い現存動物種であるチンパンジーには、人類学から遺伝学にいたるさまざまな分野の研究者が独特の魅力を感じている。今回のゲノム配列解読という画期的な成果によって、ヒトとチンパンジーの関係は最高潮に達したといえるが、ここでは、その歴史を振り返ってみよう。

今から 500 万～700 万年前

チンパンジーの起源

ヒトとチンパンジーの最終共通祖先は四足歩行していたと考えられている。二足歩行のヒトと思われる最古の化石は、今から 600 万～700 万年前のものとされるが、DNA 塩基配列解析では、今から約 500 万年前にヒトとチンパンジーの系統が分かれたことが示されている。

今から 100 万～200 万年前

喜びは 2 倍に

チンパンジー（*Pan troglodytes*）は、ボノボ（*Pan paniscus*、別名ピグミーチンパンジー）につながる系統から分岐した。

1641 年　これがチンパンジーなの？

オランダの解剖学者 Nicolaas Tulp が、初めて正式に類人猿を記述した。ただし、この時の実験動物がチンパンジーだったのか、ボノボだったのか、オランウータンだったのかは、歴史資料から明らかではない。

1699 年　表面的に似ているだけではない

英国の医師 Edward Tyson は、チンパンジーであることが確認された動物の解剖記録を初めて発表した。彼の所見は Tulp の所見と同じで、チンパンジーの解剖学的特徴がヒトと非常によく似ていることが指摘されていた。

1739 年　まるで生き写し

フランスの画家 Louis Gérard Scotin が、チンパンジーを描いた。これが、ヨーロッパに輸入された最初の生きたチンパンジーだったのかもしれない。

1775 年　洞穴に住んでいた？

troglodytes という種名が、ドイツの人類学者 Johann Friedrich Blumenbach によって作りだされた。これは、中世のアフリカのおそらくは神話上の洞穴居住者の人種名に由来している。この名前を選んだ理由は、明らかになっていない。

1816 年　神の名前が属名に

ドイツの自然科学者 Lorenz Oken は、*Pan* をチンパンジーの属名として初めて使った。この名は毛深い、ギリシャの農村部の神にちなんでいる。

1863 年　同じ階級だ！

ヒトと類人猿は同じ階級（霊長目）とすべきだ、と Thomas Henry Huxley が論じた。

1871 年　人類の起源

「種の起源」に続く本書の中で、Charles Darwin は、ヒトはアフリカの大型類人猿に最も近いという考え方を発表した。

1917年　問題なし

ドイツの心理学者Wolfgang Köhlerは、捕獲されて囲いの中で飼育されているチンパンジーが、ロープに吊るされたバナナを箱と棒を使って手に入れるという課題を行い、問題を解決するようすを記述した。

1961年　宇宙に飛びだす

NASA

4歳のチンパンジーHamは、宇宙空間で6分以上の無重力を経験し、点滅する光に対応してレバーを動かした最初のチンパンジーとなった。

1964年　チンパンジーの技術開発

JANE GOODALL INST.

*Nature*に発表されたJane Goodallの研究論文において、野生のチンパンジーが道具を作り、使うことが示された。この研究では、チンパンジーが小枝から道具を作って、白アリを捕えるようすが観察された。

1967年　近い親戚

Vincent SarichとAllan Wilsonは、*Science*に発表した研究論文で、血液タンパク質の研究に基づいて、ヒトに最も近い動物種はアフリカの大型類人猿だと主張した。また、彼らは、ヒトのタンパク質に対する抗体が最もよく交差反応するのは、チンパンジーとゴリラのタンパク質であることを見いだした。

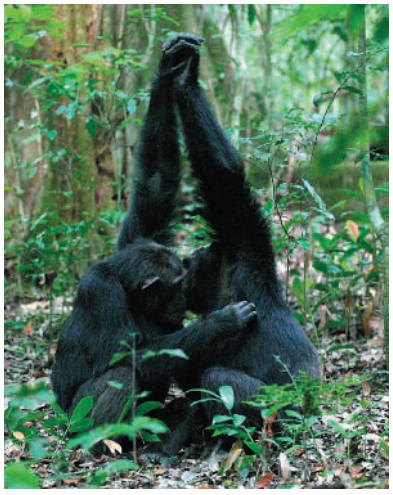
1970年　あら、ハンサムね

チンパンジーは、鏡にうつった自分の像を認識することが明らかにされた。これについて、Gordon Gallupは、一定レベルの自己認識の証拠だと解釈した。その後の研究で、ボノボ、ゴリラとオランウータンが「鏡の中の自分」を認識していることが実証された。しかし、他の霊長類については実証されていない。

1978年　バナナをちょうだい

Sue Savage-Rumbaughたちは、抽象的コミュニケーション能力についての研究論文を*Science*に発表した。2匹のチンパンジーが記号を学び、それを使って、相手に対して食物を求めたのだ。

1978年　マハレに入りては…



K. LANGERGRABER / UNIV. MICHIGAN

William McGrewとCaroline Tutinは、タンザニアのマハレに生息するチンパンジーの「社会慣習」を初めて記述した。チンパンジーは「相手の手をつかむグルーミング行動」をしたが、そこから100キロ離れたゴンベに生息するチンパンジーは、そのような行動をしなかった。

1984年　ペアになる

Charles SibleyとJon Ahlquistは、ヒトとチンパンジーのDNA鎖がどれほど容易に「補完的な」対を形成するかを調べた。この実験では、両者のゲノムの98.4%が類似していることが示された。

1997年　さあ、はじめよう

Edwin McConkeyとMorris Goodmanが、チンパンジーとヒトのゲノムを比較することを初めて公式に協力をよびかけ、これをヒトゲノム進化プロジェクトとよんだ。

1998年　多様性ばんざい！

Ajit Varkiの研究チームは、ヒトとチンパンジーの遺伝的類似性ではなく、遺伝的差異に関する詳細な研究を初めて行い、CMP-シアル酸ヒドロキシラーゼの遺伝子の一部が、チンパンジーにあって、ヒトにないことを明らかにした。CMP-シアル酸ヒドロキシラーゼという酵素は、細胞表面分子を1つの形態から別の形態に変える機能がある。

2002年2月　ゲノム解読の主張

チンパンジーのゲノム配列を解読すべきだと主張する白書が、米国立ヒトゲノム研究所（NHGRI）に提出された。

2002年5月　ゴーサイン

NHGRIは、チンパンジーゲノムの配列解読が優先課題であると宣言した。

2002年8月　なぜしゃべっても意味不明なのか

Svante Pääboの研究グループが*Nature*に発表した研究論文で、言語構音やその他の言語能力にとって重要な遺伝子*FOXP2*が、チンパンジーとヒトで異なっていると報告した。

2002年10月　それほど「類人」じゃない

ヒトとチンパンジーのゲノムの比較において、Roy Brittenは、欠失と挿入を初めて考察の対象に加えた。彼は、ヒトとチンパンジーのDNAは95%が共通で、これまでに考えられていたレベルよりも低いと主張したが、この95%という数字については論争があり、決着がついていない。

2003年12月　最初の概要配列の発表

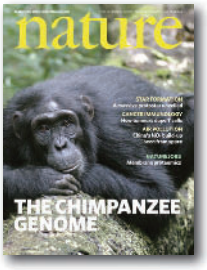
NHGRIが、チンパンジーゲノムの第1回の概要配列を発表した。

2004年5月　一丁あがりっ…

日本の共同研究体が、チンパンジーの22番染色体（ヒト21番染色体に対応する）の配列を*Nature*に発表した。

2005年9月　チンパンジーゲノム

チンパンジーゲノムの概要配列が*Nature*で発表された。



チンパンジーゲノムが解読されてわかること

Chimpanzee joins the genome club

私たちヒトと類人猿とのちがいが遺伝子配列の比較から見えてくる。

doi:10.1038/news050829-9/31 August 2005
Michael Hopkin

遺伝学者がチンパンジーゲノムの解読を終えた。ヒトに近い類人猿の仲間の配列が解読されたことにより、ヒトはなぜヒトであるのかという、古くからの問題に答えが出される可能性がある。

米国が主導するチンパンジーゲノム解読・解析研究共同体は *Nature* 9月1日号にその配列を発表し[1]、早くもヒトとチンパンジーとの比較に着手している。チンパンジー *Pan troglodytes* の配列をヒトゲノムと重ね合わせると、ヒトDNAには自然選択によって厳密に形成されたとみられる領域が6か所発見された。そのなかには、最も人間らしい形質「言語能力」に重要であることが知られている遺伝子を含むものがある。

研究共同体のメンバーでワシントン大学医学系大学院（米国シアトル）に所属するEvan Eichlerは「チンパンジーとヒトの差の研究に、本当に重要と考えられる遺伝子領域が絞りこまれた」と語る。

リストの仲間入り

これでチンパンジーもゲノム配列解読が行われた者たちの大きなリストに加わった。このゲノム解読済みリストには、多数の細菌や病原体、マウス、イネ、およびイヌなどのペット動物を含めて数百種がおさめられている。また、モルモット、イエネコ、および種々の寄生虫やカビなど、さまざまな種がこれから解読されようとしている。

チンパンジーゲノム解読・解析研究共同体は、今や定番となった全ゲノムショットガン配列決定法で配列を組み上げた。ここでは、ヒトと同程度のコード数約30億塩基というチンパンジーゲノム全体を細断、各部分の塩基配列を決定し、コンピューターでそれを再び組み上げた。

ヒトゲノムが2001年に解読されてからは、それまでに比べてコストが下がり作業も簡単になったが、それ以前は10年以上の期間で何億ドルもの資金投入が余儀なくされていた。チンパンジーゲノムにかかったのは、5000万ドル（約55億円）程度である。

データの約98%は、ヤーキーズ国立霊長類研究センター（米国アトランタ）に住んでいたクリントという1頭のチンパンジーの血液検体に由来している。クリントは今年1月、心不全ため24歳の若さで死んだ。ちなみに通常、チンパンジーは50歳代まで生きるものが多い。

意外に差がある？

クリントのDNAから、いったい何がわかるのか。なにより、ヒトとチンパンジーは考えられてきたほど近縁ではないようだ。これまでの大まかなDNA比較によると、両者の配列は98.5～99%同じだとされていた。DNAコードのちがいは、単一塩基のレベルでみると3500万か所であり、それが全配列の約1.2%になると考えれば確かにそうなる。

しかしEichlerによれば、差はそれ以外にもあるのだという。Eichlerは、ヒトとチンパンジーの配列は重複部分を多数もっており、その分散のしかたがそれぞれ異なっているという分析を別に発表した[2]。そういった領域を考慮に入れると、差はさらに2.7%上積みされるため、「1.2%という数字は、お粗末なほど不正確なものだ」とEichlerは話す。

差の多くは免疫系に関与する遺伝子にみられる。このことについてEichlerは、「ヒトとチンパンジーがそれぞれの進化の過程で、互いに異なる病気に直面してきたからではないか」と説明している。

フレッド・ハッチンソン癌研究センター（米国シアトル）のBarbara Traskの研究チームは、ヒトで遺伝子の重複が最も多いのが染色体の末端に近いサブテロメア領域であることを発表している[3]。Traskは「この領域については不明な点が多く、十分な理解が進めばヒトの進化に関してさらに情報がもたらされる可能性がある」と語る。

Yerkes National Primate Research Center

クリントという名前の1頭のチンパンジーの血液試料から、ゲノムデータの98%がもたらされた。

しかし、ヒトはなぜヒトであるのかという観点からは、ヒトゲノムのなかでも、ヒトどうしでは差がほとんどなくチンパンジーとの差が多い、数百の遺伝子を含む6領域が最も注目される。これは、それらの領域がヒトの進化に重要なかかわりをもっていたということである。Eichlerは「明瞭な言語を生みだすのに重要な *FOXP2* という遺伝子が、そのなかの1領域に含まれていることは興味深い」と話す。

これこそがヒトと類人猿とを隔てているものなのだろうか。だがEichlerは現時点で期待が高まりすぎるのを戒め、「これが核心であるとは考えにくいが、核心の一部をついているとは思う」と語っている。■

1. Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium *Nature*, **437**. 69-87 (2005).
2. Cheng Z., *et al. Nature*, **437**. 88-93 (2005).
3. inardopoulou E. V., *et al. Nature*, **437**. 94-100 (2005).

はじめて発掘されたチンパンジー化石

First chimp fossil unearthed

50 万年前のチンパンジーの歯の化石が、ヒトとチンパンジーに分かれて進化したわけを解き明かす。

doi:10.1038/news050829-10/31 August 2005
Michael Hopkin

東アフリカのほこりだらけの荒れ地を掘っていた古生物学者が、チンパンジーとして初めての化石を発見した。歯がわずかに 3 本というささやかな収穫ではあるが、現在のチンパンジーにつながる進化の道のりを示す、初の確かな証拠である。

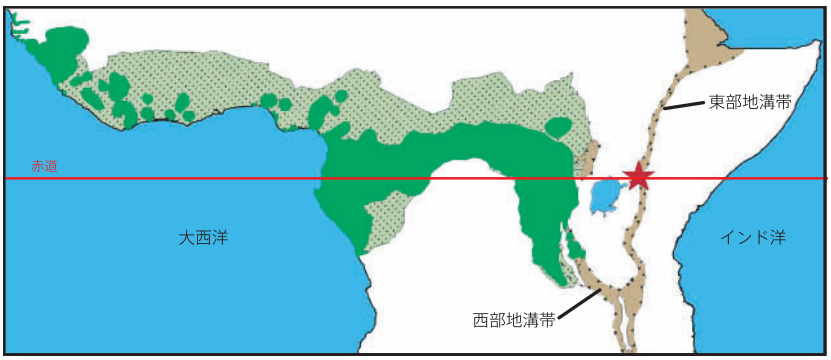
この発見はチンパンジーそのものの進化に光を当てるだけでなく、ヒトの進化についても新たな疑問を生みだしている。チンパンジーとヒトはかつて考えられていたように、物理的に隔離されたことで別の進化の道をたどったわけではないようなのだ。

同僚の Nina Jablonski とともにケニアのバリンゴ湖付近で今回の発見をした、コネチカット大学の人類学者 Sally McBrearty は「チンパンジーの化石がこれまで長い間ずっと発見されてこなかったことに苛立ちを覚えていた」と話す。ヒトの化石が東アフリカで多数発見されているのに対して、チンパンジーの進化を物語る実例がないとは、納得のできない話だった。

McBrearty は「死体が残りにくい高温多湿の密林地域にチンパンジーが住んでいたことも、これまでチンパンジーの化石がなかなか見つからなかった一因だ」と語る。一方、ヒトは骨が比較的腐りにくいサバンナに、何千年も住んでいたと考えられている。

大地溝帯

これまで、チンパンジーは大地溝帯の東には渡らず、アフリカ西部および中部の密林にとどまっていたと考えられてきた。そして、この物理的隔離こそがチンパンジーとヒトの祖先の対照的な進化の道のりにつながったのだという考えさえあった。しかし今回、McBrearty は大地溝帯の東側にチンパンジーの痕跡を発見した。



アフリカの赤道付近。緑色は現在のチンパンジーの生息地域、点描 (緑色) は過去に生息していた地域を示す。★は今回、初めてチンパンジーの化石が発見された、Kapthurin 塁層 (ケニア) の位置を示す。

「つまり、チンパンジーとヒトが別々の進化の過程を歩むことになった経緯について、これまでとは別の説明が必要となったことを意味している」と McBrearty は話す。チンパンジーが密林だけではなく半乾燥地域にも住んでいたことがわかり、サバンナへの移動がヒトの直立歩行をもたらしたとする単純な考え方ではもはや説明がつかない。

McBrearty と Jablonski は 9 月 1 日号の *Nature* で、見つかったチンパンジーの歯が約 50 万年前のものであると発表している [1]。それが現在のチンパンジー *Pan troglodytes* と同一種のものであるのか、それともすでに絶滅した名もない祖先のものであるのか、現時点では決めることができない。「絶滅したチンパンジー種がたくさんあったとしても不思議ではない」と McBrearty は話す。

もし今回の歯が現在のチンパンジーと同一種のものだとすれば、この種が長く続いているということになる。それに対して、現在のヒト属ホモ・サピエンスは歴史上に姿をあらわしてからまだ 20 万年程度である。しかし、さらに以前にあらわれたヒト属ホモ・エレクトゥスは約 100 万年にわたって存在していたと考えられている。

祖先探し

「この化石は、500 万～700 万年前に存在したチンパンジーとヒトの共通祖先に関する情報を与えてくれるほど古いものではない」とハーバード大学（米国マサチューセッツ州ケンブリッジ）の人類学者 Daniel Lieberman は指摘するが、「さらに古い手がかりが発見されるのではないかという期待がでてきた」と語る。

McBrearty は、「西アフリカの密林にはさらに多くのチンパンジーがいた可能性があるものの、化石は乾燥した東部のサバンナの方に多く残っているのではないか」と考えている。「(これまで) だれも探していなかっただけのことだ」。

McBrearty は 12 月にケニアに戻って発掘を再開する予定だ。焼けつくような赤道の暑さではあるが、乾燥した 12 月は傷みやすい化石を探すのに絶好の時期である。

1. McBrearty S. & Jablonsk N. G. *Nature*, **437**. 105 - 105 (2005).

Branching out

霊長類ゲノムから見えるヒトの進化

Nature Vol.437(17-19)/1 September 2005

PictureArts/newscom

チンパンジーゲノムの概要配列の完成は大きな第一歩だ。しかし、ヒトの親せきである霊長類のゲノムの解読がさらに進めば、ヒトがどのように進化してきたかなど、もっとたくさんのことが明らかになると Carina Dennis が報告する。

チンパンジーゲノムが解読された。「夢が叶ったわ、生きているうちに霊長類のゲノムが解読されるとは想像もしていなかった」と、ニューヨーク州立大学オールバニー校の進化生物学者 Caro-Beth Stewart はいう。チンパンジーゲノムの概要配列が完成しただけでなく[1]、近く完成するオランウータンとアカゲザルなど、ほかの霊長類のゲノム配列も続々と得られる見込みだ。そんな状況に彼女は今、興奮を隠しきれない。

その彼女を含め、霊長類のゲノムをいくつか調べて比較していけば、私たちヒトの進化やほかの霊長類の進化についての根本的な疑問が解明されるのではないかと期待する研究者は多い。たとえばこんな疑問がある。ヒトと類人猿とそのほかの霊長類のちがいのもとは何なのか。霊長類のこれまでの進化は、私たちの祖先のゲノムの物理的構造と内容がいったいどのような特徴をもっていたからなのか。こうした研究を行えば、進化そのもののしくみについてもさらに深く理解できるようになるのだろうか（p13-14 の図を参照）。

チンパンジーは、現存する動物のなかで私たちヒトに最も近く、そのゲノム解読は大きな第一歩だ。だがチンパンジーとヒトのゲノムは、上記のような疑問の多くに明確な答えを出すにはあまりにも似すぎているという指摘がある。コーネル大学（ニューヨーク州イサカ）の Andrew Clark は「ヒトとチンパンジーがこれほど似ていることにはがっかりした」という。ヒトには存在し、チンパンジーではなくなっている DNA 配列が、ヒトの進化の過程でつけ加わったものなのか、単にチンパンジーでは失われただけのものなのかを知ることはむずかしい。

もう 1 つの問題は、見つかった DNA 配列のちがいには意味があると即座にはいい切れないことだ。カリフォルニア大学サンディエゴ校の Ajit Varki の説明によると、「これはとても驚きものかもしれないと思える DNA 配列のちがいを見つけたとしよう。しかし、後でわかってみると、それは 1 つの種のなかでの自然な変異なのかもしれないのだ」という。チンパンジーの DNA は、その

程度に関しては議論の余地があるものの、人間と同じように個体ごとに異なっている。DNA 配列の多様性の最大幅を知るためには、さまざまな亜種のさらにたくさんのチンパンジーの配列を解読する必要がある。さらに、チンパンジーゲノム配列はまだ概要にすぎない。見つかったちがいが確かなものだとするためには、チンパンジーの DNA 配列をさらに改善し、ヒトゲノムでの完全に磨き上げられた基準にまで引き上げて比較される必要がある。この作業は現在行われている。

しかし、DNA のどの変化がヒトやチンパンジーに特有のものかという疑問を解明したいなら、そのほかの霊長類のゲノムとの比較も必要だ（p19 の News and Views 参照）。まず手はじめとして、旧世界ザルの一種であるアカゲザルのゲノム配列の公開が予定されている。今年すでにアカゲザルのゲノム配列の予備的なアセンブリー（組み立て）が公のデータベースで公開されている。さらに改善されたバージョンが、今年末までに公開されるはずだ。アカゲザルのゲノムが先んじて解読されたのは、アカゲザルが生物医学研究で広く使われているからである[2]。アカゲザルゲノムは、現代のチンパンジーとヒトのゲノムのちがいが、約 600 万年前に共通の祖先から分かれた後に、それぞれの系統で生じたものかどうかを知るのに役立つだろう。

アカゲザルも有用な基準となるのはまちがいないが、ヒトやチンパンジーなどと共通する祖先からアカゲザルが分岐したのは約 2500 万年前のことなので、ヒトとチンパンジーが分かれた後に起きた遺伝的変化を見つけるための理想的な研究対象とはいえない。「（アカゲザルへの枝分かれ後も）多くの変化があった。何が起きたのかを知るのはむずかしいだろう」と Varki は話す。

ヒトのゲノムがどのように進化したかをさらに理解するため、ヒトやチンパンジーとは十分に異なっているものの、アカゲザルよりももっと最近になって枝分かれした霊長類を調べたいと研究者たちは考えている。「その条件に明らかにあてはまるのはオランウータンだ」と Varki はいう。オランウータンはチンパンジーと同じく大型類人猿で、チンパンジーやヒトの共通祖先から約 1200 万年前に分岐した。オランウータンのゲノムは現在解読中で、概要配列は来年早々にまとまる見込みだ。米国エネルギー省合同ゲノム研究所（カリフォルニア州ウォルナットクリーク）の Eddy Rubin 所長は「ヒト、チンパンジー、オランウータンに共通だがアカゲザルでは異なっている配列が見つかれば、大型類人猿とほかの霊長類を区別するゲノムの特徴を知る貴重な手がかりとなるだろう」と語る。

またそのほかの研究者にとって、チンパンジーに続いてゲノム解読が最も期待される霊長類といえばゴリラだろう。ゴリラは、チンパンジーの次に私たちヒトに近い霊長類で、ゴリラゲノムの一部はチンパンジーゲノムよりもヒトに近いとされる[3]。ドイツのライプチヒにあるマックスプランク進化人類学研究所の Svante Pääbo は「ゴリラのゲノム配列は、ゴリラ、チンパンジー、ヒトにいたった種がどのように形成されたかを理解するのに役立つと思われる」と話す。

一般的にいって、ある霊長類のゲノム配列がヒトに近ければ近いほど、より最近になってヒトに備わった特徴を知るのに役立つ。比較に使える種は多いほどよい。たとえば、DNA 上のある位置の配列が、もしもオランウータン、ゴリラ、チンパンジーはすべて同じでヒトだけ異なっていたとしたら、その変化はヒトの系統に分かれた後ごく最近になって生じたものだと遺伝学者はかなり自信をもっていえるだろう。英国のケンブリッジに近いウェルカムトラスト・サンガー研究所の Jane Rogers によると、「今年 10 月にゴリラゲノムの解読を始めるつもりだ。概要配列は 2 年ほどで公開されると思う」という。

ルーツを掘り下げて

霊長類の系統樹の最も若い枝に取り組む研究者がいる一方で、最も初期の霊長類のゲノムがどうだったかを知ろうと、系統樹の根を掘り下げて調べている研究者もいる。分子古生物学者たちはこの目標に向け、主要な各系統をそれぞれ代表するような霊長類のゲノムを解読したいと考えている。新世界ザルであるマーモセットのゲノム解読ははじまったばかりだ。国立情報学研究所（東京都千代田区）の藤山秋佐夫は「キツネザルのゲノム配列もほしい」という。藤山は昨年、チンパンジー染色体の解読を最初に行ったチームの一員だ[4]。霊長類のうち、キツネザル亜目はサルや類人猿にいたる枝よりも早くにあらわれた。「現代のヒトの染色体が、私たちの祖先からどのように進化してきたかをたどることに関心をもっている」と藤山は話す。

カリフォルニア大学サンタクルーズ校の David Haussler たちは、さらに過去にさかのぼって調べたいと考えている[5]。彼らは、7500 万年をこえる昔、恐竜の時代のころに生きていた胎盤ほ乳類の祖先のゲノムを推測するため、さまざまな動物の配列データを分析している。「私たちの目標は、胎盤ほ乳類の祖先から現代の人間へいたるまでの DNA 変化の完全な歴史を再現することだ」という Haussler は、胎盤ほ乳類の祖先のゲノムを再構築し、それをヒトの配列と比較すれば、私たちの祖先から現代のヒトにまでいたる進化において、鍵となった遺伝的変化がずっとわかりやすくなるはずだと説明する。また、「ゲノム解読される霊長類がさらに増えていけば、ヒトの進化のプロセスにおける未解明な部分の詳細を詰めていくのに役立つはずだ」とも話す。彼の研究チームは今、胎盤ほ乳類の祖先の推測 DNA 配列の最初の概要を組み立てている。そして「予備的ではあるが、少なくとも計算上は組み立てが可能であることを示す結果が得られた」と Haussler はいう。

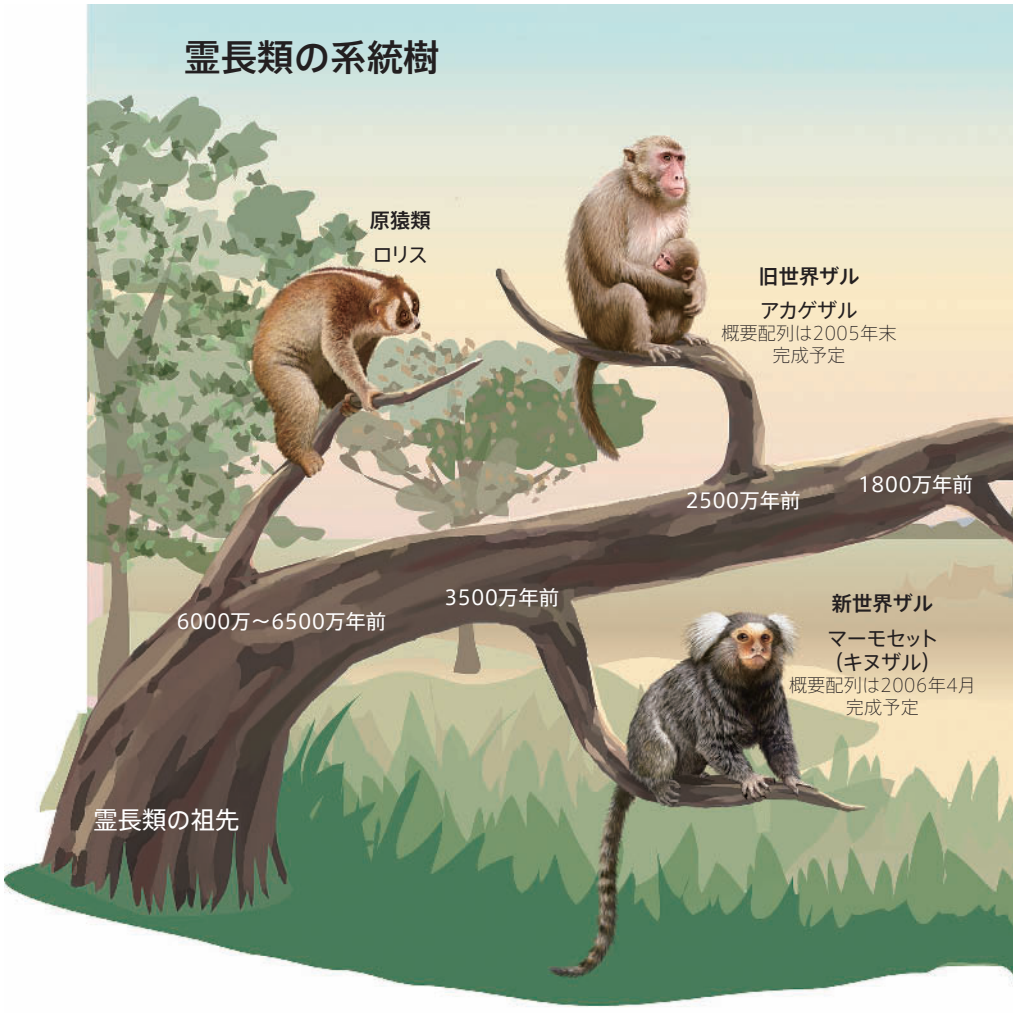
霊長類の系統樹を過去へとさかのぼることは、ゲノムがどのように進化し、ゲノムのなかの遺伝子がどのように働くのかという問題の理解にもつながる。ニューヨーク大学の分子人類学者 Todd Disotell によると、大型類人猿と共通の祖先をもつテナガザルはかなり変わったゲノムをもっている。テナガザルの染色体は、ほかの類人猿の染色体よりも速く変化し、進化してきたらしい。「テナガザルのゲノムは、まるでミキサーの中に入れられていたかのようだ」と Disotell は話す。テナガザルの DNA はヒトやチンパンジーと内容はほとんど同じにみえるが、その配列は全体がすっかりかき回されている。「染色体上で新しい位置にある遺伝子の機能が、どう変化しているかを調べるのはおもしろい課題になる」と Disotell は述べる。

テキサス農工大学の William Murphy も、テナガザルゲノムによって提起されたヒントにひかれている。彼の研究チームは、8 種の大きく異なるほ乳類のゲノム配列を比較することで、ほ乳類の祖先のゲノムの染色体構成を再現した。その結果、重複配列が染色体の再編成を促進することがみえてきた。染色体の再編成は、新種の発生につながる可能性のある遺伝的変化をもたらす。「もしテナガザルでも同じことがいえるなら、ゲノムの再編成のしくみに関するヒントが得られるかもしれない」と Murphy はみている。

染色体が壊れて再びつながった場合、そのしくみやそれに関係する分子機構の手がかりが配列の中に残っている可能性がある。テナガザルゲノムは再編成が何度も起こっているので、再編成に関係する機構の痕跡を見つけやすいかもしれない。今年すでに米国立ヒトゲノム研究所（メリーランド州ベセズダ）は、こうした再編成が起こった場所のいくつかを見つける目的で行う、テナガザルゲノムの短区間の解読に研究資金を出すと発表した。

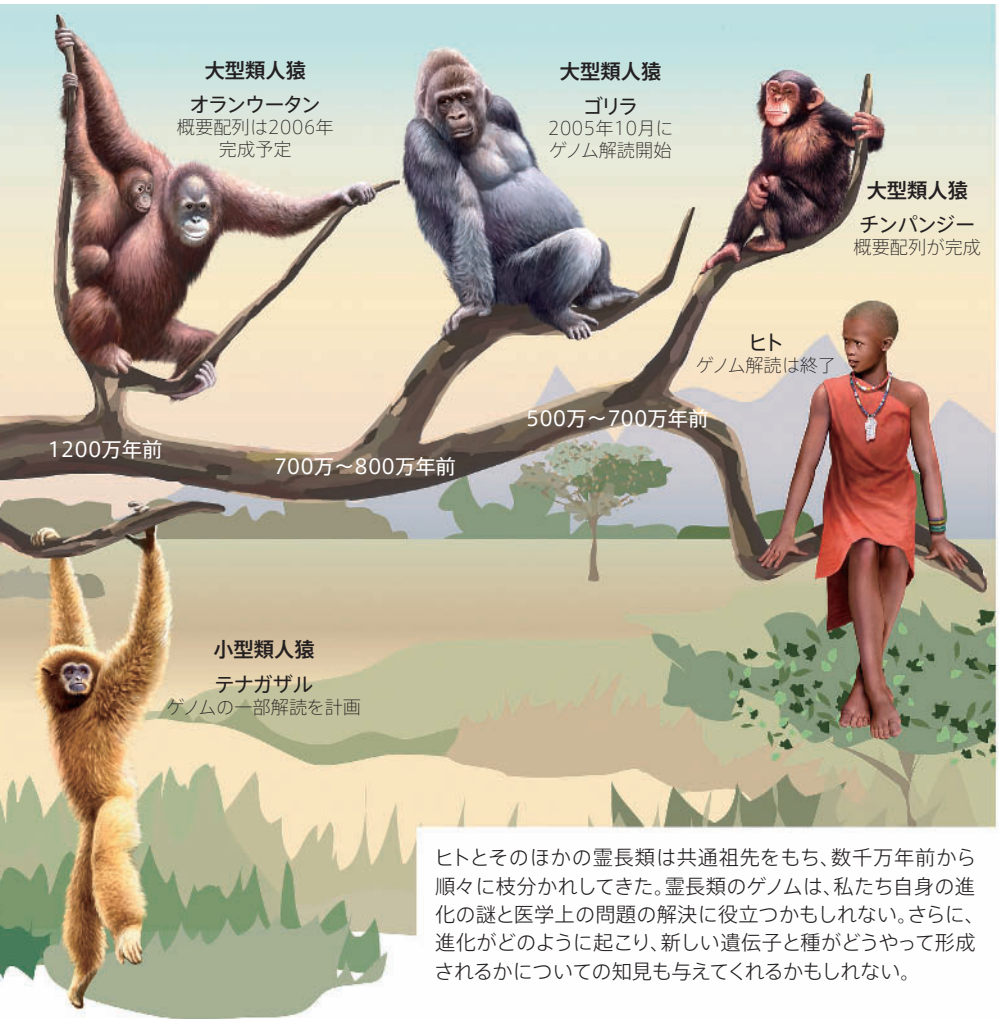
このようなゲノムの構造変化は、ヒトの進化を推し進める重要な力だったのかもしれない。チンパンジーゲノムの概要配列から、チンパンジーゲノムが重複のためにヒトと異なっているのは、ゲノムの 2.7% だったことが明らかになった。一方、単一塩基対のちがいはゲノムの 1.2% だった[6]。重複のような構造変化は新しい遺伝子が誕生する「ホットスポット」であることが多い。しかし、ヒトがどのように進化してきたのかについて最も大きな影響をおよぼしたのが、単一塩基対の置換なのか、構造変化なのかをはっきりさせることはまだできない。ワシントン大学シアトル校の Evan Eichler は「当てずっぽうで推測することなんてできない」と話す。

結局、明らかになってきたのは、霊長類ゲノムはいろんなやり方で形作られてきたということだ。変化には、単一塩基対の置換もあったし、配列の挿入、欠失、重複などの構造的変化もあった。そして定期的に、転移因子（寄生的な DNA 配列）が感染し、ゲノム中に広がっただろう。転移因子は非コード領域にたまる傾向があった。加えて、ゲノム全体は規則正しいペースで変化するわけではない。多くの霊長類のゲノム配列を比較することにより、さまざまなゲノム領域がどんな速度でどのように進化してきたかが明らかになるだろう。



病気の理解にも

霊長類のゲノムが教えてくれるのは、興味深い歴史の話だけではない。たとえば、人間がかかる病気についての貴重な知見も得られる。Rubin は、似かよったゲノムを比較して、ジャンク



月本佳代美

ヒトとそのほかの霊長類は共通祖先をもち、数千万年前から順々に枝分かれしてきた。霊長類のゲノムは、私たち自身の進化の謎と医学上の問題の解決に役立つかもしれない。さらに、進化がどのように起こり、新しい遺伝子と種がどうやって形成されるかについての知見も与えてくれるかもしれない。

DNA から機能遺伝子と調節配列を見つけだす方法を考案した。「系統発生学的シャドーイング」と名づけられたこのテクニックでは、ヒトを含む多種の霊長類の DNA 配列を比べる。比較的最近の進化を通じて、多くの種で同じままである DNA 領域を見つけることを目的とする。こうした領域は、その正しい配列が霊長類の生存に非常に重要であるがために進化によっても変更されることがなかったと考えられる。Rubin らのチームはまず、アポリポタンパク質 A の生産を調節する、霊長類特有の配列を見つけるのにこの方法を使った。アポリポタンパク質 A の調節が狂うと、アテローム性動脈硬化症にかかりやすい[7]。Rubin らは今、血中のコレステロール調節に関係している、低密度リポタンパク質受容体遺伝子の重要な調節遺伝子を探している。

Rubin は「対象となる霊長類を注意深く選べば、ひとにぎりの種のゲノムだけで最も興味深い遺伝因子を見つけることが可能になる」と話す。「ヒトに加えて、旧世界ザルのアカゲザルとコロブス、新世界ザルのマーモセット（キヌザル）、ティティ、クモザルのゲノムがそろえば、霊長類における遺伝的多様性のほとんどがとらえられるだろう」と Rubin はいう。

チンパンジーゲノムに期待しているのは分子生物学者だけではない。霊長類の祖先はヒトとちがって、化石をほとんど残さなかったようだ（p19 の News and Views 参照）。おそらく、化石化には不利な環境で死んだためだろう。ニュージーランドのパーマーストンノースにあるマッシー大学の David Penny は「人間がその化石を残すのに都合のよい場所で進化してきたことは、私たちにとってすごく幸運なことだ」と話す。霊長類の化石がほとんどないのは、ある霊長類の系統がいつ枝分かれしたかや、分かれたときの集団の個体数、60 属を超える現存霊長類の系統学的関係についての疑問がなかなか解決できないということになる[8]。そのなかで霊長類のゲノム配列がもっとたくさんそろえば、分岐の時期を正確に決め、系統学上の矛盾を解決するのに役立つだろう。

ゲノム解読にも限界はある。「ゲノム配列からわかることにも限度がある」と Penny は話す。霊長類間の配列のちがいを理解するには、まずその前に異なる組織での遺伝子発現に関する情報や、家系や個体群内での遺伝的変異に関する情報を知っておくことが必要だ。また、絶滅の危機に瀕する動物から倫理的な方法でサンプルを得るむずかしさもあると研究者たちは話す。「冷凍庫には死んだゴリラの小片があるが、これは理想的なものではない」と Rogers はいう。野生の類人猿は絶滅の恐れがあり、その血液や組織は人間に飼われている集団か野生のなかで死んだ動物から集めなければならない。「研究の機会は急速に失われている。私たちに残された時間はもう少ない」と Eichler は話した。■

Carina Dennis は *Nature* のオーストラレーシア担当特派員。

1. The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium, *Nature* **437**, 69 87 (2005).
2. Cyranoski, D. *Nature* **418**, 910 912 (2002).
3. Chen, F.-C. & Li, W.-H. *Am. J. Hum. Genet.* **68**, 444 456 (2001).
4. The International Chimpanzee Chromosome 22, Consortium *Nature* **429**, 382 388 (2004).
5. Blanchette, M., Green, E. D., Miller, W. & Haussler, D. *Genome Res.* **14**, 2412 2423 (2004).
6. Cheng, Z. *et al. Nature* **437**, 88 93 (2005).
7. Boffelli, D. *et al. Science* **299**, 13911394 (2003).
8. Goodman, M., Grossman, L. I. & Wildman, D. E. *Trends Genet.* **21**, 511517 (2005).

チンパンジー染色体の電子顕微鏡写真。青く光っているのが22番染色体。

日本は、「ねらいを定めて高精度に」読む戦略

西村尚子（サイエンスライター）

理化学研究所ゲノム科学総合研究センター

日本はアメリカに先立ち、2004年、チンパンジー22番染色体の完全解読に成功した。日本とアメリカでは、霊長類ゲノム研究の手法や考え方にどのようなちがいがあるのだろうか。

「チンパンジーゲノムの全体像がみえたのは、世界で初めてのこと。非常にエイキサイティングだ」。今回のアメリカ、ワシントン大学を中心とするチームの成果に対して、日本の専門家の多くは、まず、そうコメントした。そのうえで、「精度が99%しかない点に対しては、彼らが用いた全ゲノムショットガン法の限界ともいえるが、少しがっかりという気もする」との声も聞かれた。

2004年、日本は、ドイツ、中国、韓国、台湾の5か国と国際チームを組み、チンパンジーの22番染色体を99.998%という驚くべき高精度で読み終えている。このときの日本チームは、ヒトゲノムプロジェクトの時に21番染色体を担当したメンバーとほぼ同じ。2004年の成果は、同年5月27日発行の*Nature*に掲載され[1]、「ヒト化への道筋を照らす、世界初の成果」との報道が各国でなされた。

先行した日本、追い上げたいアメリカ

「ヒトゲノムの解読が進むなか、日本は早い段階でチンパンジーゲノムを解読する必要性を感じていた」。そう話すのは、ゲノム生物学が専門で、日本のチンパンジーゲノム解読の第一人者である、国立情報学研究所の藤山秋佐夫教授だ。

藤山教授は、2002年に、ヒトとチンパンジーのゲノムの差がわずか1.23%であることを突き止めている[2]。このときには、チンパンジーの3亜種のうち、ベルス亜種に属する雄の試料を使って、1番から23番、X、Yにいたる全染色体のBACライブラリーを作成し、それぞれのBACクローンの両端500塩基対を解読した。そのうえで、ヒトゲノムデータから該当部分を拾いだし、ヒトとチンパンジーの両者の配列を比較したのだ。BACライブラリーとは、抽出したゲノムDNAを制限酵素でバラバラに切断し、各断片をBAC（バクテリア人工染色体）に組みこんで増やしたもの。一度作ってしまえば、ライブラリーとして保持しているかぎり、さまざまな研究に使うことができる。

並行して、2001年に日本チームは前述の計5か国でコンソーシアムを作り、本格的なチンパンジーゲノム解読の方もスタートさせていた。一方のアメリカは、ヒトゲノム完全解読後も、「エンコード計画」を立ち上げることで、さまざまな生物ゲノムの解読を進めていた。「ただし、アメリカは、はじめはチンパンジーゲノムに興味を示さなかった。ところが、日本のプロジェクトを耳にしたとたんに態度を一変させ、チンパンジーの全ゲノムを読むといいだした」。藤山教授は、当時をそう振り返る。

日本は、ねらいを定めて高精度に

チンパンジーのゲノムを読むにあたり、日本などの国際チームは、すでに詳細な解析を終えているヒト21番染色体に対応する「チンパンジー22番染色体」にねらいを定めた。限られた予算でやりくりするため、その解読手法も、多くのスーパーコンピューターとばく大な費用を必要とする全ゲノムショットガン法ではなく、コンパクトな「階層的ショットガン法」を採用した。

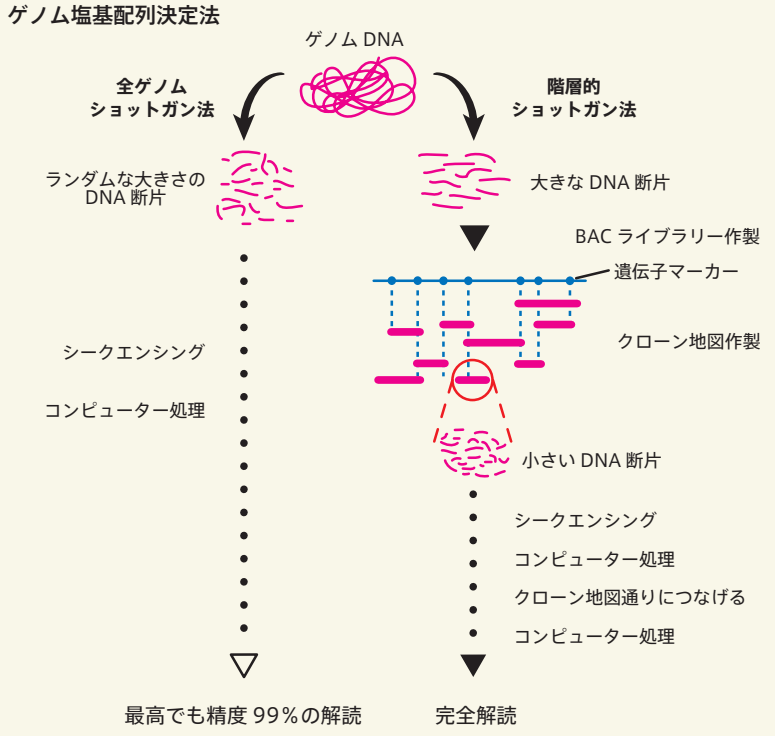
ゲノム試料として使われたのは、藤山博士が用いたのと同じベルス亜種に属する、3個体の雄から採取されたリンパ芽球細胞。そのうち、日本チームは、京都大学霊長類研究所で暮らすゴンの試料を用いることになった。

階層的ショットガン法は、ヒト21番染色体の解読でも用いられた方法だ。まず、抽出したゲノムDNAを制限酵素でバラバラに切断し、各断片をBACに組み込んで、BACライブラリーを作成する。その後、すでに得られている遺伝子マーカーを用いて、染色体上に各遺伝子の位置関係を示した物理地図を作成し、この物理地図を手がかりに、各断片のクローンを順番通りにならべたクローン地図を構築する。実は、このクローン地図こそが、高精度データ獲得の鍵で、この後は、各断片の配列を読んでクローン地図通りにつなげていけばよい。すると、最後には全配列が組み上がる。

手作業の多い階層的ショットガン法は、車でいうとマニュアル車にたとえることができる。これに対し、今回、アメリカを中心としたチームが用いた全ゲノムショットガン法は、オートマ車だといえる。全ゲノムショットガン法は、かの有名なグレイグ・ベンターが編み出した方法で、全ゲノムを最初からランダムな短い断片に切断し、各断片の配列を端から読んで、スーパーコンピューターの力を駆使してつないでいくというものだ。

パワフルな全ゲノムショットガン法では、きわめて短い時間に、ある程度の精度の配列が決定できる。ただし、同じ塩基配列が何度もあらわれる反復配列などの位置を正確に決めることがむずかしいという短所を合わせもつ。また、配列を組み立てる最終段階で、そのあやまりを修正する作業を繰り返し行わなくてはならず、そこにばく大な費用がかかる。しかもばく大な費用をもってしても、断片のゲノム上の位置を決められずにギャップとして残る部分が出ることは避けられない。

「安価だという理由で、階層的ショットガン法を選んだが、各国で分担するには、BACライブラリーを使う階層的ショットガン法の方が都合がよく、しかも高精度なデータが得られた」。日本チームのメンバーの一人、国立遺伝学研究所の斎藤成也教授は、そう話す。



ゲノムの塩基配列を読む方法には、全ゲノムショットガン法と階層的ショットガン法がある。前者はDNAを短く切って、各断片の塩基配列をランダムに読み取り、それをコンピューターの力でつないでいくという方式。後者は断片がどこのものかを整列させておいて、順序を追いながらその塩基配列を読み取ってつないでいく方式。解読のスピードは前者、精度は後者がまさる。

高精度データがもたらしたもの

数十から数百塩基対の配列が、さまざまな部位で繰り返しあらわれる反復配列は、多くの生物種でみられ、ヒトやチンパンジーなどの霊長類では、とくに多いといわれる。日本などの国際チームは、BACクローンをていねいに地図上に並べていくことで反復配列の場所も正確に決め、99.998%という高精度のデータを得た。

その結果、「22番染色体のゲノムサイズが約4649万塩基対で、272個の遺伝子が含まれていること」、「ヒト21番染色体では偽遺伝子（配列は生体内で機能する遺伝子ときわめて似ているが、機能をもつタンパク質をコードしていないDNA配列）になっているのに、チンパンジー22番染色体では遺伝子として機能しているものがあること」などが明らかにされた。なかでも特筆すべきなのは、ヒト21番染色体とチンパンジー22番染色体との詳細な比較を行ったことで、6万8000か所にもおよぶDNA断片の挿入や欠失部位のちがいを明らかにしたことだ。

挿入も欠失も、生物が進化する過程でしばしば起きる現象だとされている。ただし、チンパンジーとヒトを比較しただけでは、ある配列が「ヒトで挿入したものなのか」、あるいは「ヒトで欠失したものなのか」は判断できない。日本などの国際チームは、挿入や欠失の部位に対応するゴリラとオランウータンのゲノム配列をも調べ、これらを丹念に比較する作業を行った。

こうして得られたのが6万8000か所の挿入と欠失部位だが、さらに詳細にみることで、挿入部分の多くはSINE、LINE、LTRなどとよばれる反復配列で、ある例外を除き、これらの反復配列は

ヒトでもチンパンジーでもほぼ同じ割合でみられることがわかった。その例外的な配列とは、SINEの一種である「Alu」とよばれる反復配列。ヒト21番染色体ではAluが75か所にみられたのに対し、チンパンジー22番染色体では10か所しかみられなかったのだ。

SINE、LINE、LTRなどは、自らをコピーしてゲノムの別の部位に転移していく「レトロポゾン」の一種だと考えられている。真核生物のゲノムには、多くのレトロポゾンが入りこんでおり、ヒトでは実にゲノムの40%以上がレトロポゾンで占められている。分子系統学では、こうしたレトロポゾンの増幅を、系統関係を推定するために利用することもある。

長年レトロポゾンの研究を続けている、東京工業大学の岡田典弘教授は、「レトロポゾンの多くはゲノムのゴミでしかないと思うが、なかには進化や種分化に寄与したものもあるのではないか」と考えている。こうした考えに否定的な科学者もいるが、白黒をつける決定的な証拠はまだ得られていない。

アメリカの成果に対する日本の評価

冒頭でも述べたとおり、今回のアメリカを中心とするチームの成果について、日本の専門家の多くは、部分的な情報しか得られていなかったチンパンジーゲノムの全体像を浮かび上がらせたことを高く評価している。そのうえで、理化学研究所ゲノム科学総合研究センターの榊佳之センター長は「ヒトとチンパンジーの単一塩基の置換率が全ゲノムで1.2%だったこと、両者の遺伝子を比べたときにヒトで進化スピードが高いと思われるものが約3%あることなど、私たちの22番染色体解読で得た結果と矛盾しない結果を出してくれた」と話す。ただし一方で、「日本は、アメリカと多少、考え方が異なる」とも話す。日本の専門家は、ヒトとチンパンジーがきわめて近い関係にあるので、ゲノムも高精度で読まなくてはならないと考えているのだ。

ヒトゲノム解読以降、日本のゲノム研究予算は減り続けている。藤山教授は、「今回の解読では、アメリカから参加を求める声がかからなかったが、仮に求めがあったとしても、日本には参加するだけの資金力がなかっただろう」という。藤山教授は、現在の日本人研究者が使っている生物ゲノム情報の多くがアメリカによってもたらされたものであることに危機感を抱いており、「ゲノム情報が生物学の重要な基礎であることを認識すべきだ」と主張する。

斎藤教授も「日本にはゲノム配列の決定を科学研究だと思わない研究者が多く、十分な予算もつかないために、欧米に大きく水を開けられている」と危惧し、榊センター長は「もう一度しきりなおし、重要だと思われる生物について、ゲノム配列を読むための日本の体制を再構築するべきではないか」と考えている。

ヒトを理解するための道とは？

このようにチンパンジーゲノムが解読されるのは、いうまでもなく、「何がヒトをヒトたらしめているのか」、「ヒト化はどのようにして起きたのか」といったことを理解するためだ。合わせて、ヒトとチンパンジーの間で、免疫システムや病気に関わる遺伝子の変異などを調べ、医学的に応用していくことも期待される。

ヒト化の解明という点では、「今回の成果だけでは十分ではない」というのが、日本における大筋の意見のようだ。しかし、ヒト化に関係しそうな領域を絞りこんで詳細に解析するには、おおまかではあるにしろ、全体像が必要となる。斎藤教授は「今回の成果で、今後の基盤が整備された」とし、藤山教授も「得られたゲノム情報は、すでに一般公開されており、ヒト化解明のための道を大きく広げたといえる」と話す。

ただし、もはや「ある特定の遺伝子がヒト化を進めた」と考える研究者は、あまりいないようだ。国立科学博物館人類研究部の篠田謙一博士も、「タンパク質を作りだすための遺伝子変化がヒト化をもたらしたのではなく、遺伝子の発現のタイミングを制御する調節領域の変化が重要だったのではないか」と話す。

ヒト化解明への道はなお遠いが、ただ1つ確実なのは、過去の人類に起きたゲノム変化を推定するには、現存する霊長類のゲノムを比較するしか術がないということだ。実際、今回のアメリカを中心とするチーム、および、昨年の日本などの国際チームの比較解析によって、染色体の末端に近いサブテロメア領域で、遺伝子の重複や再編成などの変化が起きやすいことが示唆された。こうした領域は、ゲノムの進化に関わるホットスポットとして、さらなる解析が急がれる。

「生き物の歴史は染色体にある。今後は比較的早くに分岐したキツネザルやニホンザルなどの霊長類についても、ある程度のゲノム情報を手に入れたい」と藤山教授。斎藤教授も、「オランウータンやゴリラのゲノム配列、およびヒト集団内の遺伝的多型の解析を総合的に行う必要がある」とし、自らの研究室で、チンパンジーとゴリラにおけるRh式血液型遺伝子やHox遺伝子群（多細胞生物の体の前後軸を決める一連の遺伝子）の塩基配列を解読している。

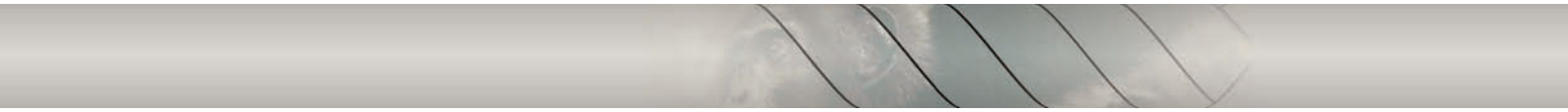
アメリカは、次の霊長類として、すでにオランウータンの全ゲノムを読みはじめている。日本チームは、22番染色体に続いて、チンパンジーのY染色体を完全解読終了しており、現在、論文を投稿中だ。一方で、藤山教授らはオランウータンのライブラリーを作っているところでもあり、「今度は、ヒトゲノム計画のときのように、日米で再び協力できるかもしれない」とも話す。民族どうしの紛争やテロの絶えない国際社会だが、全人類が協力してこそ、ヒト化解明への道が開けると信じたい。

1. The International Chimpanzee Chromosome 22 Consortium, *Nature* **429**, 382-388 (2004)
2. Fujiyama, A. *et al*, *Science* **295**, 131-134 (2002)

The chimpanzee and us

チンパンジーとわれわれ

Wen-Hsiung Li & Matthew A. Saunders



チンパンジーゲノム概要配列の発表は、特別に重要なできごとだといえる。このゲノムは、ヒトの生物学的性質や進化を解明するための情報の宝庫となるからだ。

Nature Vol. 437(50-51)/1 September 2005

われわれヒトが系統的に最も近縁なチンパンジーとこれほど異なっているのは、いったいどんな遺伝情報の変化のおかげなのだろうか。研究意欲をかきたてるこの問題を解こうと、何十年も前から取り組みが行われてきたが、*Nature* 2005 年 9 月 1 日号に発表されたチンパンジーゲノムの概要配列[1]はその解明に向けた大きな一歩となる。ゲノム解析の対象となった種はナミチンパンジー（*Pan troglodytes*）で、その姉妹筋にあたる種はピグミーチンパンジー（別称ボノボ、*Pan paniscus*）だけである（図 1）。

今回の概要配列から、ヒトゲノムとチンパンジーの DNA 塩基配列は 2～3% しかちがわないことがわかる。とはいえ、それぞれのゲノムは約 30 億塩基対からなるのだから、塩基対にして数千万個ものちがいに相当する。重要な相違が何かを判断する 1 つの手だては、われわれホモ・サピエンスに特異的な進化上の変化を見つけだすことだ。もう 1 つは、両者のゲノムの塩基配列に残る「正の自然選択」の刻印を探すことである。概要配列の論文[1]および同時掲載の論文[2-4]では、この 2 つの手法や他の比較解析法を取り上げている。

塩基配列をつなぎ合わせて全ゲノム配列を完成させるには、塩基配列を幾重にも読み取らなければならない。今回のチンパンジーゲノム概要配列では、読み取った塩基配列の全長は全ゲノム量のおよそ 3.5 倍で、この数字はヒトやマウス、ラットなど他のゲノムの最初の報告例よりも小さい。それでも今回の概要配列は、チンパンジーとヒトの両ゲノムの総体的なちがいをみるのに大いに役立つ。この新しいデータから、両者のゲノムは塩基置換からみるとわずか 1.23% しかちがっていないことがわかる。この数値は、ゲノムからランダムに選んだそれぞれ 500 塩基対ほどのわずか 53 領域から得た従来の算定値[5]と一致する。

両者の塩基配列の分岐（相違）の程度はゲノムの領域によって差があり、これはおそらく、細胞分裂に際して変異が起こる率や、選択による制約、染色体対どうしの塩基配列交換（「組み換え」という）の率が、領域によって異なるためである。分岐の程度が最も大きいのはY染色体で、最も小さいのはX染色体である。これは予想どおりで、Y 染色体が雄にしかなく、雄は雌より生殖細胞系列の変異率が高いのに対して、X 染色体は雌雄両方に運ばれるためだろう。

自然選択はおもにタンパク質レベルで働くと一般に考えられている。このため、タンパク質コード領域での塩基の置換は通常、2 通りに分類される。つまり、「同義置換」（アミノ酸を変化させない置換）と「非同義置換」（アミノ酸を変化させる置換）である。あるコード領域が選択による強い制約を受けている場合、非同義的な塩基置換率（K_A）は同義的な塩基置換率（K_S）よりも有意に低くなるはずである。すなわち、K_A/K_S 率は 1 未満となるはずである。一方、ある遺伝子が選択により非常に弱い制約を受けるか持続的な正の選択を受けた場合、K_A/K_S 率は 1 に近くなるか、1 を超える可能性がある。

ヒトとチンパンジーで 13,454 対の遺伝子を比較すると[1]、K_A/K_S の平均は 0.23 となり、もっと限られたデータセットからこれまでに比較算定されたヒトとチンパンジー（0.63）[6]やヒトとヒヒ（0.34）[7]の値よりもずっと低い。この比率は、マウスとラットの比較から算定された値（0.13）の 2 倍である。これはおそらく、霊長類のように個体群サイズが比較的小

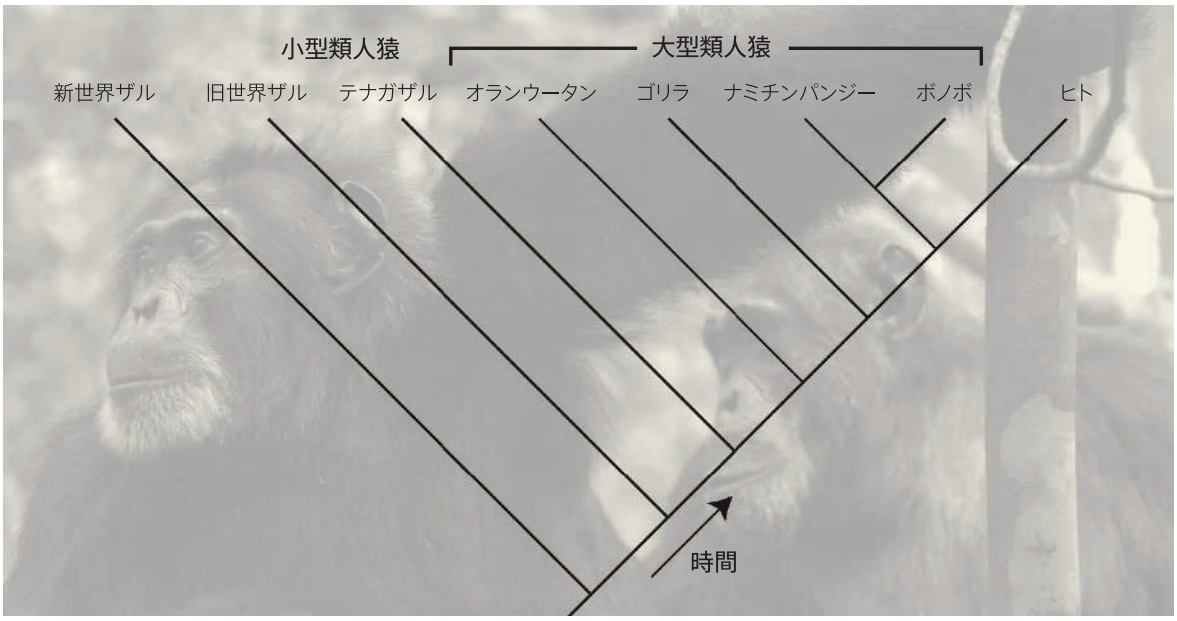


図 1 高等な霊長類どうしの進化上の類縁関係。チンパンジー系統とヒト系統の分岐はおよそ 600 万年前に起こった。系統分岐の時間は線の長さに対応していない。

さい種では、浄化選択（有害な変異を排除する選択作用）があまり有効に働かないためだろう。重要なのは、この 0.23 という値が、ヒト間の多様性に関するデータから得られた K_A/K_S（およそ 0.20～0.23）に近く、ヒト系統に生じた有利な変異の割合は従来の算定値[7,8]よりも低いことが示唆される点だ。しかし、合計して 585 個の遺伝子（ランダムに起こるよりも多い）は、非コード塩基配列における塩基置換率（K_I）よりも高い K_A を示す。最も高い K_A/K_I の例としては、グリコフォリン C やグラニュリシン、プロタミン、セミノゲリンといった免疫や生殖に関係するタンパク質の遺伝子が挙げられる。

重複、挿入、欠失

塩基配列の分岐の程度を定量化する場合は単一塩基置換を考慮するのが一般的だが、DNA 分節の挿入 / 欠失（略してインデル [indel] という）や最近起こった重複を考慮した場合、ヒトとチンパンジーのゲノムの相違はもっと大きくなる（それぞれ 3% と 2.7%）。挿入 / 欠失の 3 分の 1 をこえるものが反復配列のせいであり、およそ 4 分の 1 は転位因子（転位性遺伝因子）による。転位因子とは、別のゲノム領域に移動できる DNA 配列のことで、主な種類として Alu 因子（長さ約 300 塩基対の短い転位性塩基配列）と L1 因子（長い転位性塩基配列）の 2 群がある。

ヒトゲノムには 7,000 個ほどの Alu 因子があるが、チンパンジーゲノムには 2,300 個ほどしかなく、チンパンジーでは Alu 因子があまり活発に動かないことがうかがわれる。しかし L1 因子は、従来の推定ではチンパンジーのほうが 2～3 倍活発だとされていた[9]が、今回、両者のゲノムで同じくらい活発なことがわかった。こうした相違が機能面にどんな重要性をもつのかは、まだ不明である。最近の分節重複（20 メガ塩基以上の長さで配列同一性が 94% をこえるもの）は、どちらのゲノムにも共通してみられる[2]。しかし、ヒトの重複分節のおよそ 33% はヒトに特異的だが、チンパンジーの重複分節のうちチンパンジーに特異的なのは 17% しかない。興味深いことに、ヒトに特異的な重複領域にある遺伝子のおよそ半数は、チンパンジーと比べて遺伝子発現にかなりのちがいがみられ、ほとんどの場合はアップレギュレーション（増産・機能亢進）を受けている。

ヒトの遺伝的多様性

チンパンジーゲノムの情報が得られたことで、ヒトの遺伝的多様性に関する既存の大量データを進化の研究にいかすことができる。これにより、ヒトの遺伝的多様性が大昔の祖先でどんな状態だったかを知ることも可能となり、ヒト集団内の遺伝子頻度データの助けを借りて、ヒトに最近（といっても 25 万年前よりも後のことだが）起こった正の選択の「痕跡」を見つけだせるかもしれない。選択的に中立であれば、新しい変異体が高頻度であらわれることはめったになく、種間の分岐の度合いは種内の遺伝的多様

性の程度と相関しているはずである。現在の諸解析では、およそ600万年前に分かれたヒト属（*Homo*）とチンパンジー属（*Pan*）の2系統間の分岐の度合いから予想される値よりも変異が有意に少ないゲノム領域は、6か所しか見つかっていない。つまり、これらの各領域はヒトで正の選択が最近働いたことを意味する。こうした手法の威力は、旧世界ザルやオランウータン（どちらのゲノム解析も現在進行中）などチンパンジーよりも遠縁にあたる霊長類のゲノム概要配列が完成すれば、一段と高まるだろう[10]（図1、p11 News Feature参照）。

ヒトをヒトたらしめるものとは？

どんな遺伝的変化のおかげで、われわれはヒトとして今ここにいるのかという問題は、上記の問題に比べるとはるかにやっかいだ。ヒトとチンパンジーのゲノムは非常によく似ているが、考慮すべき塩基の相違はおよそ3500万個、挿入/欠失が500万か所、そして多数の染色体再編成がある。これらの変化の大部分は生理的な影響をさほどおよぼさないだろうから、大きな脳容量や二足歩行、脳の発達（言語能力を含む）といった「ヒトらしさ」の特徴を生みだすゲノムの相違を突き止めることは、今もなお気が遠くなるほどの難題である。ヒトとチンパンジーの系統が分かれてから間もないことを考えると、ヒトをチンパンジーや他の大型類人猿から区別する身体的な「表現型」の相違の一部は、影響の大きい少数の変異で生じたと思われる。

「ヒトらしさの形質」の進化を説明する説としては現在、有力なものが3つある。タンパク質の進化、「less-is-more」（遺伝子の減少が豊かさをもたらす）説[11]、そして、遺伝子の活性を制御するゲノム領域の

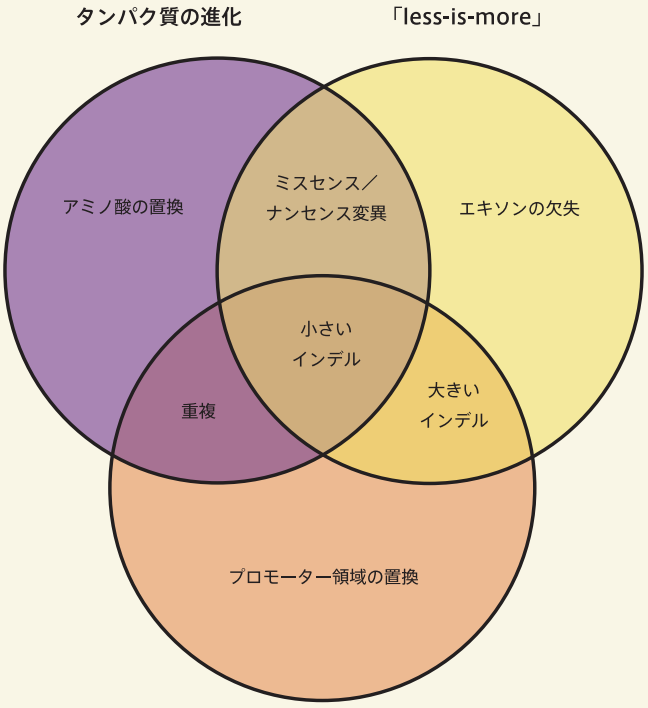


図2 ヒトに特異的な形質を生じた遺伝的な基盤を説明する仮説。3つの仮説（タンパク質の進化、「less-is-more」、遺伝子調節の進化）をそれぞれ円で表し、進化上の変化の基盤となりうる仕組みや過程を書きこんである。ミスセンス変異はアミノ酸の種類を変化させる。ナンセンス変異はアミノ酸を指定するコドンを終止コドンへと変化させて、DNAからの転写を未完成状態で終結させてしまう。インデル（indel）はDNA分節の挿入/欠失のこと、エキソンはタンパク質の情報をコードする塩基配列部分のこと、プロモーター領域は各種の方法で遺伝子の活動状態を調節する領域のことである。

変化[12]である（図2）。ヒトとチンパンジーの両ゲノムの予備解析から、これら3つの作用の相対的な寄与度を知るためのいくつかの手がかりが得られる。

では第1に、タンパク質の進化を考えてみよう。「ヒトらしさ」に貢献したアミノ酸変化は、急速に進化するタンパク質で見つかるのだろうか。K_A/K_Sが1をこえる遺伝子のほとんどは、想定されるヒトらしさの形質にかかわる生理過程に関与していない。実際、脳の機能やニューロンの活動に関係する遺伝子はK_A/K_S値が平均に満たないのである。K_A/K_S値の高い遺伝子の大部分は、宿主-病原体相互作用や免疫、生殖に関係するものだ。この傾向は、ラットやマウスその他の哺乳類でもみられる。このことから考えると、タンパク質の進化はヒト固有の形質の進化にさほど寄与していないのかもしれない。ただしこの可能性を捨てる前に、アミノ酸の置換を何度もこうむった遺伝子では、K_A/K_S分析で偏った値が出ることを念頭に置かねばならない。免疫や生殖に関与する遺伝子はとりわけ、こうした置換の影響を受ける。しかし、ほんの数回の変化の結果、これらの変化がきわめて有利なものであるために「選択による急速普及」（selective sweep; 選択圧により急速に集団内に広まること）をとげた遺伝子では、K_A/K_S値に重要な痕跡が残っていないだろう。たとえば、高度に保存されたFOXP2タンパク質（遺伝子転写因子の一種）に起こったわずか2つのアミノ酸変化が、ヒトの発話能力に関与した可能性もある[13]。結局のところ、ヒトとチンパンジーのタンパク質進化に挿入/欠失や遺伝子重複がどんな役割を果たしたかは、まだほとんど解明が進んでいない。

第2の「less-is-more」説では、ある種のヒトらしさの形質には、「類人猿の原型」の形質に機能欠損型の変異が起こったという特徴があると考える。例としてあげられるのは、体毛の薄さや、幼年期の形質の一部が成人になっても保存されていること、頭蓋骨の拡張などである。こうした機能欠損型の変異は、非同義置換や挿入/欠失、コード領域の消失、遺伝子まるごとの欠失によって起こりうるだろう。チンパンジーとの比較解析によって、コード領域に破壊的な挿入/欠失のあるヒト遺伝子が53個見つかっており、こうした遺伝子をヒトらしさにかかわる興味深い表現型に結びつけることもできそうである[14-16]。挿入/欠失は、とくにこれらの変異がヒトらしさの進化について提案されている他の2つのメカニズムにも影響をおよぼしうることを考えると、ヒトとチンパンジーの表現型の相違に関与する大きな要因だと考えて差し支えないだろう（図2）。

第3に、ヒトとチンパンジーの表現型の相違は、主として遺伝子調節領域の変化から生じたとする長年の仮説がある。今回の解析[1]では、この問題に詳しく取り組んではいない。というのも、こうした領域を突き止めることは知っての通りまだむずしいからだ。調節領域に関する現在の知識の大部分は、類縁関係の離れた生物種どうしの類似性を見つけだすことから得たものである。この問題への取り組みは、ゲノム比較解析の枠組み内で、チンパンジーゲノム塩基配列との比較や機能を確認できるマイクロアレイ発現研究とともに、旧世界ザルなどの近縁な種どうしで保存されている調節領域を特定することによって[17]進めていけるだろう。遺伝子調節領域がらみの進化を説くこの仮説は現在、検証するのが最もむずかしい。だが、われわれが類人猿の生物学に対してヒトの生物学をどれくらい知っているかを鑑みれば、この仮説は最も期待がもてるかもしれない。

塩基配列の解読された脊椎動物ゲノムのリストに今回、チンパンジーゲノムの概要配列が加わったことは胸躍る出来事である。この概要配列は、ヒトの生物学や進化を解明するのにヒトゲノムそのものについで役立ってくれる。しかし、このデータがあってもまだなお、ホモ・サピエンスと大型類人猿を隔てる主な特徴がいったいどんな遺伝的変化によって作りだされるのかについては、たくさんの疑問が残されたままである。この壮大なプロジェクトの次の段階では、個々の領域や遺伝子をさらに詳しく調べて、ゲノムレベルで今回明らかになった一般的なパターンを詳細に読み解くことが必要だろう。■

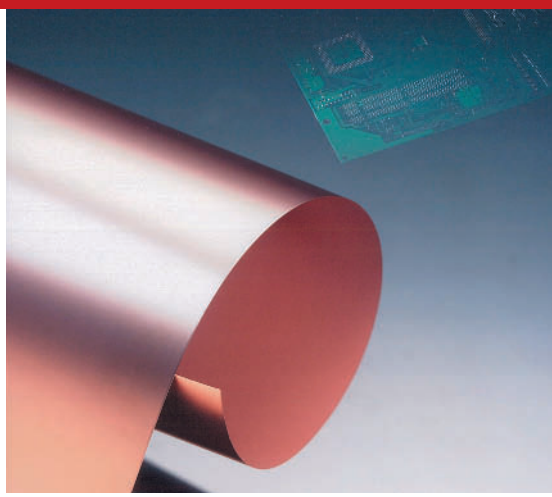
シカゴ大学（米）、Wen-Hsiung Li & Matthew A. Saunders

1. The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium, *Nature* **437**, 69 87 (2005).
2. Cheng, Z. *et al. Nature* **437**, 88-93 (2005).
3. Linardopoulou, E. V. *et al. Nature* **437**, 94-100 (2005).
4. Hughes, J. F. *et al. Nature* **437**, 101-104 (2005).
5. Chen, F. C. & Li, W.-H. *Am. J. Hum. Genet.* **68**, 444-456 (2001).
6. Eyre-Walker, A. & Keightley, P. D. *Nature* **397**, 344-347 (1999).
7. Fay, J. C., Wyckoff, G. J. & Wu, C. I. *Genetics* **158**, 1227-1234 (2001).
8. Clark, A. G. *et al. Science* **302**, 1960-1963 (2003).
9. Mathews, L. M., Chi, S. Y., Greenberg, N., Ovchinnikov, I. & Swergold, G. D. *Am. J. Hum. Genet.* **72**, 739-748 (2003).
10. http://www.genome.gov/10002154.
11. Olson, M. V. & Varki, *A. Nature Rev. Genet.* **4**, 20-28 (2003).
12. King, M. C. & Wilson, A. C. *Science* **188**, 107-116 (1975).
13. Enard, W. et al. *Nature* **418**, 869-872 (2002).
14. Stedman, H. H. et al. *Nature* **428**, 415-418 (2004).
15. Hahn, Y. & Lee, B. *Bioinformatics* **21**, I186-194 (2005).
16. International Human Genome Sequence Consortium. *Nature* **431**, 931-945 (2004).
17. Boffelli, D. *et al. Science* **299**, 1391-1394 (2003).

伝統の箔製造技術が手中におさめた携帯電話市場

Ancient foil maker wraps up mobile-phone market

Nature Vol.436(775)/11 August 2005
冬野いち子



福田金属箔粉工業

1980 年頃までの技術を基盤とするハイテク企業は、ほとんど存在しない。ましてや、今から 305 年前に作りだされた伝統工芸なんて役に立つはずがないと思われていた。ところが、17 世紀末以来順調に事業を展開してきた日本の同族会社が、この 8 月に、金属箔粉事業で日本政府から賞を受けた。今日、金属箔の最終用途は、ほとんどが携帯電話なのである。

福田金属箔粉工業が 1700 年に京都で創業したとき、その事業内容は、豪華な屏風や陶器に金箔や銀箔の複雑な柄をつけるという、今日にも通ずるものであった。その後、同社は、技術の進歩や市場の変化を注視することで、急成長する携帯電話産業向けの銅箔ロールで世界をリードするサプライヤーとなった。

「福田金属箔粉工業は、長い歴史をもっているが、（特筆すべきことは）むしろ同時に、技術や経営で独自の領域を拓いていったことだ」。こう語るのは、京都に近い立命館大学の経済学部教授で同社をよく知る長島修だ。

未公開会社の福田金属箔粉工業の昨年の売上高は 360 億円に達し、現在の従業員数は約 1,000 人。事業拠点は、主に京都と蘇州（中国）に集中している。同社では、1,000 種類の金属粉、200 種類の箔など多種多様な金属製品を製造している。これらの製品は、自動車部品から食品包装にいたるさまざまな製品に使われている。その中で、おそらく最もめざましい成功をおさめていると思われるのが携帯電話用銅箔部品の世界市場で、同社は、40% のシェアを誇っているという。

去る 8 月 4 日、福田金属箔粉工業は、その卓越した技能、そして伝統技術を情報時代に見事に融合させたことに対して賞を受け、小泉純一郎首相から賞状などを受け取った。

「売れると思った製品が実際に売れるとは限らない。むしろ、意図しないで拡大しているものが多い。研究・技術基盤があったからこそ、我が社の製品は、新たな要望に応えることができた」。林泰彦社長は、こう語った。

もともと化学エンジニアだった林社長は、同社に入社するまでは金属粉に興味をもっていたが、入社後はほぼ銅箔一筋の会社人生となり、銅箔を手に取って振るだけで、その品質を判定する技能を身につけるまでになった。今、ようやく新種の金属粉の発明という夢の実現に取り組めるようになった、と林社長はいう。

金属粉の場合、「重要なのは粒子の大きさと形だ」と林社長は説明する。彼の会社では、金属粉の粒径を約 1～250 ミクロンの範囲内で調整できる。サイズや形状を少し変えるだけでも、金属粉の特性に大きな影響が出る。たとえば、金属粉が圧縮され、加熱されたときに粒子同士が接着するかどうかという特性である。

福田金属箔粉工業の研究者とエンジニアには、年間約 8 億円の研究開発予算が与えられており、日本全国の大学や研究機関と共同研究を行っている。たとえば、京都大学で表面光化学を研究する川崎三津夫助教授とは、最近、銅合金を使って、直系 0.1 ミクロン未満のナノスケール微粒子を作りだした。この場合、粒子を有機溶媒に入れておいて、レーザーで照射し粉砕するという製法が用いられた。

今後の懸念事項の 1 つとして、同社の上層部たちは、日本の大企業との技術者の奪い合いを挙げる。また、中国や韓国、台湾の企業との競争も激しくなってきている。将来、成長を続けるためには、燃料電池のような新規市場を精力的に開拓するとともに製品開発の加速が重要になると、林社長はみている。「我が社は組織的にマンネリ化してきた。新しいモノを生みださなくては」と同社長はいう。 ■

冬野いち子は *Nature* のアジア・パシフィック担当記者。

A man with a mission

惑星科学界の敏腕男

Nature Vol.436 (618-619) / 4 August 2005

2015 年、冥王星に初めての探査機が到着する。「ニューホライズン」と名づけられたこの無人探査機計画は、惑星科学者 Alan Stern が大切に育ててきたものだ。Amanda Haag が取材した。

宇宙探査の世界では、苦労が報われるのが遠い先の話であるのはよくあることだ。探査機が打ち上げられてから科学的な成果の発表につながるまで、10 年やそれ以上かかる場合もある。

Alan Stern は、米航空宇宙局（NASA）が 2006 年 1 月に打ち上げる予定の、冥王星とさらにその向こうの冷たい世界を探索するというニューホライズン計画の PI（主任研究者）である。彼は、上層大気での実験を行うためにジェット戦闘機で飛んだことや、彗星を訪れる探査機を送りだしたこともあり、スペースシャトルのミッションスペシャリストの資格ももつ。と同時に、惑星科学の世界における最精鋭で創造的なグループの 1 つである、サウスウエスト研究所ボールダー支所（コロラド州）の研究グループを率いている。

47 歳の「宇宙中毒患者」である Stern のさまざまな業績のなかでも、冥王星探査は最もよく知られたものになりそうだ。彼は、この探査計画の必要性を、何年もの間ほとんどたったひとりで訴えてきた。彼がニューホライズンという形で計画を復活させるまでの 12 年間、さまざまな冥王星探査機に予算がついてはキャンセルされてきた。しかし、計画が復活してもまだ一息つくわけにはいかなかった。ニューホライズンの実現は予算しだいということになり、その予算獲得をめぐる闘いがさらに 2 年間続いたのである。彼は半ば冗談で「この探査機は、太陽系を横切るよりも、ワシントン環状道路を抜け出るのに長い時間かかったよ」と話す。

子供時代の Stern は、すぐに宇宙の魅力にとりつかれた。1960 年代のたいていの子どもたちがそうだったように、アポロ宇宙計画にとても感動して育ったという。10 代になると、彼は典型的な「宇宙おたく」になった。「それもかなり筋金入りのね」と冗談めかして振り返る。しかし、宇宙に魅了されても、それが学校の成績に常に結びつくわけではなかった。テキサス州ダラスの厳しい私立の男子高校を卒業し、テキサス大学オースティン校で自由を楽しんだ。あまりに楽しみすぎてほとんど退学処分になりそうになり、自ら大学を退学した。そして半年のあいだ、港湾労働者として働く日々が過ぎ、もう一度大学に挑戦することを決意した。

再び大学へ

Stern はトレードマークの熱心さでもって、すぐに 2 つの学士と 2 つの修士の学位を取った。航空宇宙産業で 2 年間を過ごし、やがて学究的生活を職業の選択肢と考えるようになった。そして 1983 年、コロラド大学ボールダー校の大気宇宙物理学研究所で仕事を得た。まもなく、ハレー彗星を調べる目的で、スペースシャトル「チャレンジャー号」に搭載される、紫外線分光計 1 対を作る作業を手伝うのがメインの仕事の 1 つとなった。そしてその計画が進むにつれ、工学よりも純粋科学の方に引きつけられるようになる。「宇宙科学者になりたいと決心した」。ボールダーの中心街にあるオフィスで、とがったフラットアイアン山脈の美しい眺めを見ながら、私は彼のそんな経歴に耳を傾けた。

しかし、ハレー彗星観測装置を乗せたチャレンジャー号は 1986 年 1 月 28 日の打ち上げ直後に爆発し、米国の宇宙計画はストップする。観測計画への彼の期待もくじかれた。「私たちがしていたすべての仕事が、数年間延期されるように思えた」。1 か月足らずのち、彼は大学院に戻ることを決めた。

米国中から研究者を集める

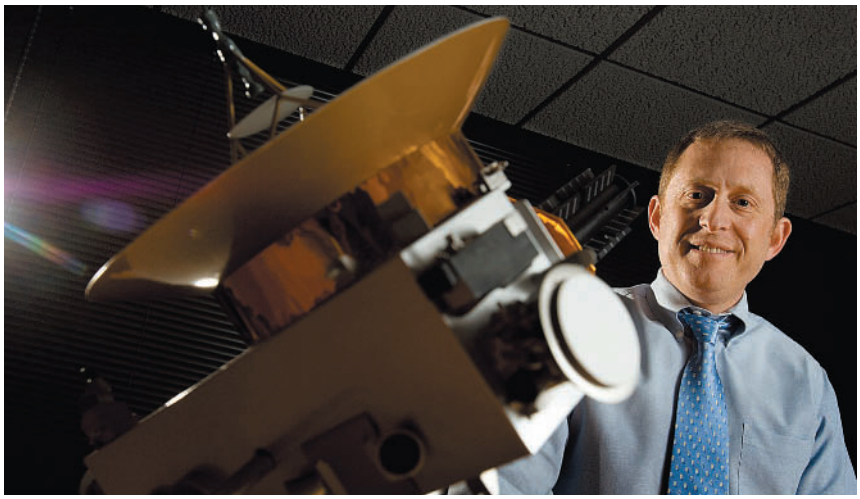
わずか 3 年でコロラド大学で博士号を取得した Stern は、その後 2 年足らずで、サウスウエスト研究所のテキサス州サンアントニオにある本部に、惑星科学グループを立ち上げるために雇われた。サンアントニオのこの研究所は当時、強力な宇宙科学研究グループを擁していることですでによく知られていたが、惑星科学についてはまだ無名だった。「どの研究機関に行ったとしても、自分の研究が優先されるようになるまで普通 10 年や 15 年、列をなして待つことになるものだ。しかし、サウスウエスト研究所の惑星科学部門にはその順番待ちの列がなかった。成功するかしないかは自分しだい。わくわくすると同時に恐ろしい気もした」と彼は話す。

Stern はたくさんの研究奨励金を獲得し、提案した宇宙探査計画観測装置案も多数が採用された。しかし、サンアントニオにはある重要な要素が欠けていることに気づいた。研究が活発な大学と、惑星科学専門家のコミュニティだ。当時、サンアントニオに来ることに関心をもつ新人研究者はほとんどいなかった。1993 年にあったあるパーティーで、Stern は 3 人の優秀な惑星科学者と隣り合わせた。彼らは、サウスウエスト研究所からのオファーを断っていた。ワインが豊富に振る舞われはじめると、彼らは Stern にこう話したという。「もし、あなたがボールダーか、あるいはどこか別の研究の活発な大学があるような場所で研究をしていたら、私たちはサウスウエスト研究所に加わっていたと思うよ」。Stern は「それはまるで神のお告げのようなものだった」と振り返る。

このとき Stern は、自分が心に描く、時代を画するような惑星研究グループを作るために大きく踏みださなければならないことを確信した。彼と、彼の上司である磁気圏科学者 James Burch は、サウスウエスト研究所の Martin Goland 所長のところへ直行した。Goland は、最終的に Stern の申し入れを受け入れるまでに 2 回、彼をオフィスから追い返している。それから 11 年。Stern が開設したサウスウエスト研究所ボールダー支所は、科学者 2 人からはじまって今では 40 人をこえる規模にまで成長し、惑星科学と太陽物理学に関する広範囲の研究分野をカバーしている。

この研究部門を拡大するため、Stern は米国中からえり抜きの科学者を引き入れた。彼は、小惑星の専門家 Dan Durda を、ジェット戦闘機を使って空から天体観測を行うことを約束して誘いこんだ。Stern と Durda はその後、観測に有利な高度 1 万 7000 メートルから太陽近くの小惑星を研究するための高性能望遠鏡を完成させた。サウスウエスト研究所ボールダー支所に加わって以来、Durda の研究は「できると考えたこともなかった」領域にまで広がったという。余暇にほら穴のダイビングを楽しむ彼は今、木星の衛星エウロパの氷の下を調べる技術をサウスウエスト研究所の協力で開発している。彼はその実地訓練のため、観測ロボットをメキシコの深いドリーネ（石灰岩地方に生ずるすりばち状のくぼ地）の中に下ろしている。

Stern は、この研究部門を彼独特の計算に基づいてデザインした。彼の 1 つの夢は、学際的な研究部門を作り、大学に伝統的に根づく問題にとらわれないようにすることだった。研究資金には、制約の少ない研究奨励金をあてた。最も重要なのは、研究所内で縄張り争いがないよう計画されていることだ。どの研究グループも、常に同じ場所にかたまって研究することは許されていない。「ここでは、席を求めてみんな常に動きまわり、互いが研究している横を通りすぎることになる」。その結果、「ここは本当に知的なエネルギーに満ちている場所で、研究所のホールを歩けば、自分でも気がつかないうちにおもしろいプロジェクトに引きこまれてしまうことになる」と同支所で地球型惑星の進化を研究している科学者 David Grinspoon はいう。



K.MOLONEY

冥王星で見つけるもの

制約の少ない研究奨励金ベースの仕事は、一時的なポストとみなされることが多い。しかし、サウスウエスト研究所ボールダー支所の研究者の多くはライバルの研究所からポストの申し出を受けたにもかかわらず、ひとりもよそに移っていくことはなかった。コロラド大学の天体物理学者で Stern の博士号アドバイザーのひとりだった Michael Shull は「この研究所の繁栄は、ありうるだろうと思われていたのをはるかにこえたサクセスストーリーだ。」という。

Stern は、研究部門をさらによいものにしようと工夫をこらす以外にも、冥王星の先の氷で覆われた世界にある、彗星などの研究で忙しい。太陽からおよそ 50 億～80 億キロにあるこの遠い領域はカイパーベルトとよばれ、冥王星やその衛星カロンのほかにも、軌道を回る冷たい天体がたくさんあることがわかった。「ここは太陽系の屋根裏部屋のようなもので、あらゆる種類のものが詰めこまれている。たとえば、小さなものから並みの大きさのものまで、20 年前には予想もされていなかった、ばく大な数の『惑星』がある」と彼は話す。

Stern は、2008 年末か 2009 年初めに月を訪れる、NASA の「ルナ･リコネサンス･オービター」（月探査衛星、LRO）の準備にも取り組んでいる。彼はこの探査機の紫外線分光計の PI である。また、2014 年初めに彗星に到着する、欧州宇宙機関（ESA）の彗星探査機「ロゼッタ」の紫外線分光計の PI でもある。そしてすべてがうまくいけば、2015 年にニューホライズンが冥王星とカロンの上空を飛ぶことになる。「2010 年代は、私にとってとてもすばらしい 10 年になるはずだ」と彼は話す。

研究者として非常に精力的に働きながらも、Stern は夫として、3 人の子どもの父親としての務めも果たしている。私が彼と会った最初の日、一番上の娘 Sarah が初めての車を買うのについていくため、急いで外に出るところだった。週末には 3 人の子どもとそれぞれの時間を過ごす。

Stern は、冥王星にいったい何を期待しているのだろう。冥王星探査計画の初期の検討が具体化していた 1993 年の会議で、科学者たちは冥王星がどんな謎を秘めているかについて自分の予測を書き、封筒に入れて封をした。これは探査機が冥王星にたどり着いたときに開けられる。Stern は「自分の予測の内容を話してはいけないことになっているのだが、あなたには話そう」といってくれた。

私はどきどきしながら身を乗りだした。「予測は 2 語ですべて。『何か驚くべきもの（something wonderful）』、と書いた。太陽系のなかで同じものは 1 つとしてない。だから私たちはいつも、何かきわめて驚くべきものを知ることになるんだ」。■

Amanda Haag は米国コロラド州ボールダーのフリーランスライター。

On the Moon as it was on Earth

地球で起こったことを月で見る

Bernard Marty

月の表面は地球初期の歴史の記録を保有しているのだろうか。最近発表された月の表層砂の分析に基づくと、どうやらそうらしいのだが、卓抜な発想によりこの考えを検証することができそうだ。

Nature Vol. 436(631-632)/4 August 2005

核のゆっくりとした冷却と核の内側部分の結晶化の結果出現した地球ダイナモによって、地球磁場が発達し、地球表面は地球外物質や宇宙線から守られるようになった。地球ダイナモのメカニズムや出現時期はまだわかっていないが、小嶋稔たち[1]は新しい観点からこの問題に取り組むことができると述べている。

小嶋たちは、アポロ計画によって回収された月の表層砂から得られた地球化学的データの新たな解釈をもとに考察している。地球ダイナモが動きだす前は、地球大気上層部からイオンが逃げだし、太陽が放出するいわゆる太陽風中のイオンとともに、月の表層砂にインプラントされた。しかし、この過程は地球磁場の出現とともに終わり、その後は太陽風がもたらすイオンが、月の表層砂にインプラントされるイオンの大部分を占めるようになったというのだ。このモデルにしたがえば、月の表層砂中に閉じこめられている揮発成分の組成は、太古の地球大気と太陽風が混じったものになる。両者の相対的な割合は地質年代によって変わるので、これら2つの生成源の組成だけでなく、地球ダイナモがはじまった時期の解明に展望が開ける。

月は形成時には高温であったため、地球の大気や海洋にあるような「揮発成分（たとえば、水素、炭素、窒素、希ガス）」が全体として枯渇している。しかし、月の表層砂には揮発成分が豊富にあり、月の外にその供給源があることを示している。供給源のうち2つは明らかである。

第一の供給源は、月には地殻運動がないことから生じるものだ。つまり、惑星形成の初期段階が終わった後、月の表面は「惑星物質」の連続的な衝突を受けて進化した。この惑星物質は太陽からのものとは異なる揮発成分組成をもち、太陽ではなく、さまざまな大きさの小惑星や彗星に由来する。惑星物質に閉じこめられた揮発成分の一部は蒸発し、砂粒の表面に再び閉じこめられた。第二の供給源は太陽風中のイオンで、月表面の砂粒へ数十ナノメートルという特徴的な深さに直接インプラントされた。この成分は、月の表層砂とアポロ宇宙船の宇宙飛行士が太陽に曝露したアルミ箔の両方に見つかっている（図1）。両方の試料に含まれるヘリウム、ネオン、アルゴン（これらの元素だけが実験中に分析できた）の同位体組成はまったく同じで、月の表層砂に含まれる希ガス成分は、太陽風に由来するものが大部分を占めていることを示している。

しかし、他のいくつかの成分、とくに窒素はこの描像に当てはまらない[2]。窒素には2つの同位体 ^{14}N と ^{15}N がある。その存在比は、地球ではほとんどの場合2%以下のばらつきしかないのに対して、月の表層砂では30%以上もばらつきがある。太陽または太陽コロナ内の核過程で、月の表層砂中の窒素同位体存在比のばらつきを説明できるようなものは知られていない。しかも、月の表層砂中の窒素は太陽風中の希ガスよりも豊富に存在する。この窒素同位体と窒素原子の多さを太陽風だけでは説明できないといわれている[3,4]。

5年前、技術の進歩によって可能になった月の砂粒の分析によって、太陽風中の窒素成分は地球の窒素

と比べて、^{15}N が 24% 以上も少ないことが明らかになった[5]。これは月の表層砂中の豊富な ^{15}N は「惑星」に起源があることを示すものだった。この点で、惑星間の塵粒子はとくに有望な候補である。このような粒子のフラックスは地球への地球外物質のフラックスの大部分を占め、太陽風に比べて ^{15}N に富んでいるからである。

今回、小嶋たち[1]は別の解釈を提案した。^{15}N の豊富な月の表層砂は、月が現在よりも近く、そして地球磁場が形成されていなかったため、地球からイオンが逃げることができたときに、地球大気からもたらされたというのだ。この仮説は、2 つの供給源の混合から生じる同位体の相関関係に基づいている。供給源の 1 つは、重水素が存在せず（星の重水素燃焼ステージで消費されてしまうため、太陽に重水素はほとんどない）、^{40}Ar（太陽ガスは ^{36}Ar が占めている）と ^{15}N の少ない太陽の成分である。もう 1 つの供給源は、重水素（海洋からもたらされる）と、^{40}Ar（^{40}K の崩壊によって地球で作られる）を含み、^{15}N の豊富な大気の成分である。小嶋たちはこのモデルが必要とする大気中の核種のフラックスを計算し、地球化学的な観測結果と矛盾しないことを見いだした。

NASA/JOHNSON

図 1 月のフィールドワーク。バズ・オルドリンが「太陽風収集装置」のアルミ箔を設置している。

この解釈は、希ガス成分と安定同位体成分のばらつきをある程度説明でき、月の表層砂の組成を説明するのに必要な供給源の強度と矛盾しない。しかし、惑星間の塵粒子も太陽風と比べて重水素と ^{15}N が豊富であり、地上観測の結果を外挿して推定した塵粒子のフラックスは、月の表層砂に必要な量の重水素と窒素を供給できる（^{40}Ar の存在は代案として、月内部からの脱ガスで説明される）[6]。もう 1 つの問題は、小嶋たちの提案では ^{15}N の豊富な窒素と ^{40}Ar の豊富なアルゴンには密接な関係があることが求められているに対して、^{15}N の少ない表層砂は ^{15}N の多い表層砂よりも、（^{36}Ar と比べて）^{40}Ar の量が多い傾向にあるということである。実際には、月の表層砂は 3 つの供給源の寄与を反映している可能性があり、そのために同位体比の変化傾向があいまいになる。地球大気由来の成分は、時がたつとフラックスが急激に変化し、惑星間の塵粒子のフラックスも、時間とともに変化する可能性があるが、太陽風由来のフラックスはほぼ一定である。

それにもかかわらず、小嶋たちの仮説は示唆に富むものであり、検証可能であるという長所がある。まず、太陽風に含まれる軽元素の同位体組成はまだよくわかっていない。しかし、Genesis 計画で 27 か月間曝露されたターゲットの分析によって、同位体組成の明確化が進展するだろう。次に、小嶋たち[1]が指摘するように、月の裏側はその歴史のほとんどのあいだ地球の方を向いていなかったため、月の裏側の表層砂は、地球大気に由来する揮発成分をほとんど含んでいないと思われる。月の裏側の探査は、将来行われる月探査計画の優先事項となると期待される。また、隕石の一部は月の裏側が起源である可能性があり、有望な分析対象である。

私たちは今後の成り行きを見守るべきだ。しかし、この仮説が正しいとわかった場合、地球磁場の歴史、生命の進化や初期地球の環境条件と関連している可能性の研究に新しい道が開かれる。■

CRPG（仏）、Bernard Marty

1. Ozima, M. *et al. Nature* **436**, 655–659 (2005).
2. Kerridge, J. F. *Rev. Geophys.* **31**, 423–437 (1993).
3. Geiss, J. & Boschler, P. *Geochim. Cosmochim. Acta* **46**, 529–548 (1982).
4. Wieler, R., Humbert, F. & Marty, B. *Earth Planet. Sci. Lett.* **167**, 47–60 (1999).
5. Hashizume, K., Chaussidon, M., Marty, B. & Robert, F. *Science* **290**, 1142–1145 (2000).
6. Marty, B., Hashizume, K., Chaussidon, M. & Wieler, R. *Space Sci. Rev.* **106**, 175–196 (2003).