



Evolutionary Theory for

CONSTRAINED & DIRECTIONAL DIVERSITIES

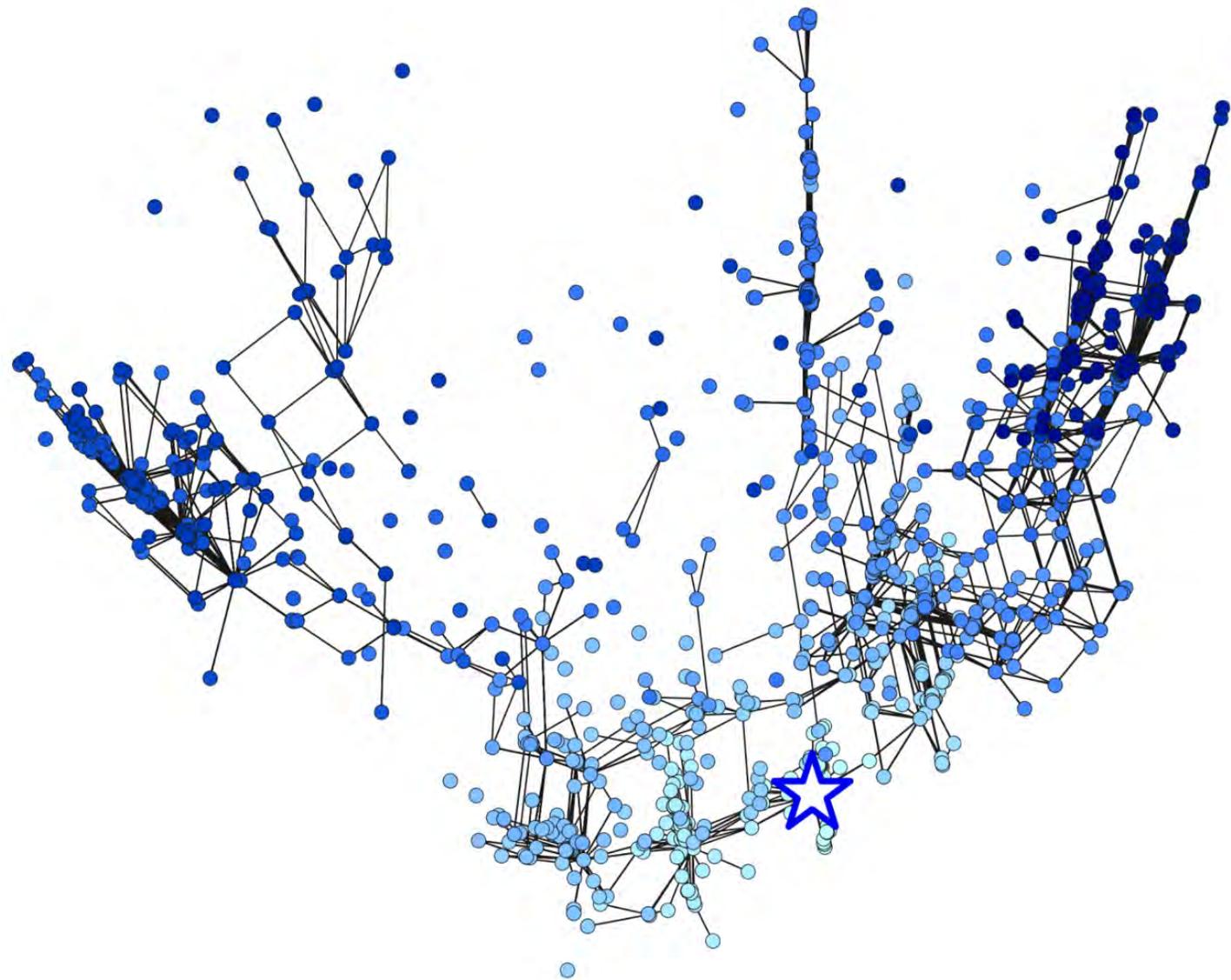
Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas

Constrained & Directional Evolution Newsletter Vol. 4 No. 5 (2020)

新学術領域研究

進化の制約と方向性

～微生物から多細胞生物までを貫く表現型進化原理の解明～



シンポジウム「システム頑健性と進化可能性」開催報告

表紙: 宿主RNAの配列多様性

うえつぎ実験中の10か所の時間での宿主RNAの配列を解析し、トップ100遺伝型について2次元平面にプロットした。うえつぎ時間は薄い色から濃い色になるほど長くなっていく。1塩基変異の遺伝型は線で結んでいる。宿主RNAは少なくとも2系列に分かれ、どちらも最後まで生き残った。

(東京大学 市橋伯一)

目次

日本進化学会 第22回年会 オンライン大会 シンポジウム S05 「システム頑健性と進化可能性」 開催報告 入江直樹、古澤力 1

進化過程の予測と制御へ向けて:大規模大腸菌進化実験の表現型・遺伝子型解析 古澤力 2

人工 RNA 複製システムにおける寄生体と共進化 市橋伯一 3

過剰発現が適応的に働く遺伝子の体系的同定 守屋央朗 4

動物ボディプランにみられる進化的慣性力の仕組みは? 入江直樹 5

生物進化と生態系変化の制約にモデル人工生態系で迫る 細田一史 6

連載エッセイ(25) 科学とSFの狭間:レプリカントの作り方(2) 倉谷滋 7

日本進化学会 第22回年会 オンライン大会 シンポジウム S05 「システム頑健性と進化可能性」 開催報告

入江直樹(東京大学)、古澤力(理研・東京大学)

2020年9月7日に、オンライン空間上で行われた日本進化学会 第22回年会オンライン大会において、シンポジウム「システム頑健性と進化可能性」を開催しました。領域からの進化学会シンポジウムは、同日午前中に先に行われた「表現型進化を制約しうる発生基盤(企画:上坂将弘・内田唯)」と併せて2つ目のセッションになります。COVID-19の関係でオンラインでの開催となりましたが、最大201アカウントからのアクセスがあり、チャットへの質問も盛んに書き込まれるなど、非常に活発な議論ができました。

企画趣旨

現在の進化学では、主に変異を背景としたバリエーションが自然選択や遺伝的浮動などによって集団内に広がったり消し去られたりすることで進化の過程を説明する。一方で、**genetic assimilation** に代表されるように変異が生じる前の状態、言い換えれば個々の生物がもつシステムが進化に影響を与えることも知られている。同様に表現型可塑性も、進化に影響を与えることが十分に想定されているが、保存と多様化どちらの進化的結末に寄与するのかを推定するのは難しいのが現状である。一方で、近年の理論研究から非遺伝的な表現型の揺らぎが進化的な多様化と正の相関を示すことが指摘されており、進化に対するバイアスを推定できる可能性がみえてきた。本シンポジウムでは、分子レベルから動物の進化までを対象とし、生物が持つシステム特性、特に揺らぎや頑健性といった観点から進化に与える影響を推定する研究を紹介し、討論を行いたい。

Toward prediction and control of microbial evolution: Analysis of phenotypic constraints in laboratory evolution

進化過程の予測と制御へ向けて: 大規模大腸菌進化実験の表現型・遺伝子型解析

○古澤力(理研・BDR)

生物システムは適応・進化の過程を通じて表現型を多様に変化させるが、任意の変化が可能なのわけではない。この表現型進化の拘束を理解することを目的として、本研究では自動化システムを用いて多様なストレス環境下での大腸菌進化実験を行った。この多環境・多系列の進化実験で得られたストレス耐性株について、表現型と遺伝子型の変化を網羅的に解析したところ、遺伝子発現プロファイルの変化は、比較的低次元のダイナミクスに拘束されていること示唆された。さらに、動的に選択環境にフィードバック制御を加えることにより、目的とする表現型に向けた進化軌跡を実現する手法を開発した。これらの結果に基づいて、表現型進化の拘束をどのように理解し得るか、そして進化過程の予測と制御がどのように可能となるかを議論する。

分類: 実験進化

キーワード: 進化実験、大腸菌、拘束

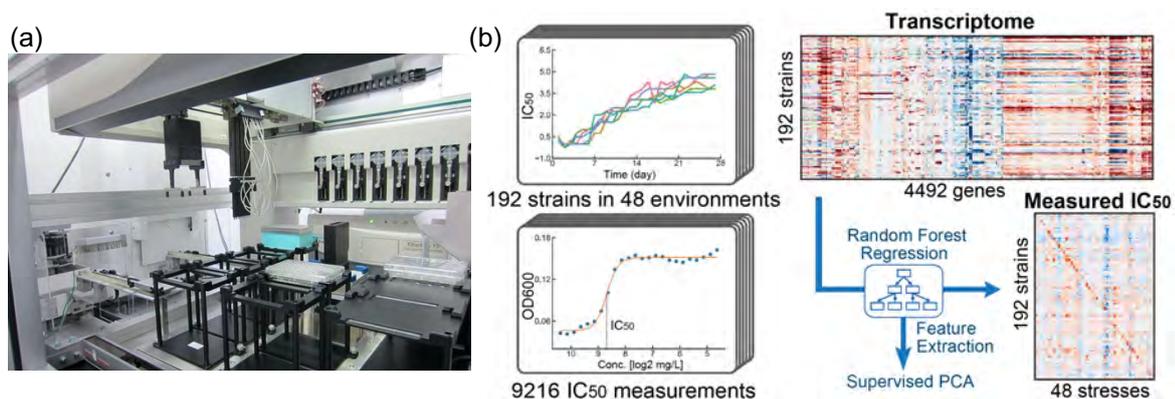


図 1 自動化システムを用いた大腸菌進化実験。(a) システムの外観。クリーンブース内に設置された自動分注器にマイクロプレートリーダーとインキュベーターが接続されている。(b) 様々なストレス環境下での進化実験を行い、得られた進化株の発現プロファイルと耐性能 (IC50) を定量し、さらにゲノム配列変化を解析した。これらの結果を解析したところ、大腸菌の表現型進化は比較的少数のパターンに拘束をされていることが示唆された。

Parasites and coevolution in an artificial RNA self-replication system

人工 RNA 複製システムにおける寄生体と共進化

○市橋伯一(東大・院総文)

進化という現象を理解するためには、生物だけではなく、単純でありながら進化する能力をもつ分子システムの進化を調べることに役立つと考える。これまでに私たちは、栄養となる反応液を定期的に加えるだけで持続的に複製し勝手に進化する自己複製 RNA を開発し、その進化を解析してきた。これまでに単独の RNA を継代した場合には、変異の蓄積は徐々に遅くなり、また RNA は単系統のままだった。これに対し、今回、自然発生する寄生型の RNA との共進化実験を行った。この場合、単独進化とは異なり、変異の蓄積は止まることなくほぼ一定のペースで続き、また RNA の系統は複数に分岐し多様化することを見出した。また宿主となる RNA と寄生体となる RNA の間で進化的な軍拡競争が起きていることも見出している。以上の結果は、寄生体との共進化が宿主の進化と多様化を促進することを示す実験的な証拠である。

分類: 実験進化

キーワード: RNA、寄生体、共進化

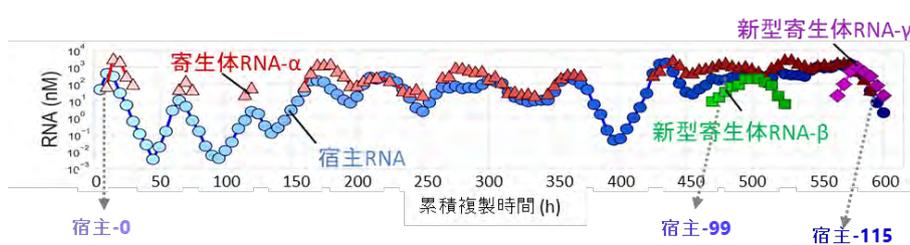


図 宿主 RNA および寄生体 RNA の濃度推移
600 時間におよぶ累積うえつき実験の結果、宿主および寄生体 RNA の濃度は複雑なダイナミクスを示した。後半には

今までと長さの異なる新型寄生体 RNA も出現した。

図 宿主と寄生体の進化的軍拡競争

うえつき実験の途中で出現した宿主および寄生体 RNA について、1 対 1 で混合しどちらがどのくらい増えるかの競争実験を行った。その結果、宿主と寄生体が同時期に存在する相手に適応していることを見出した。

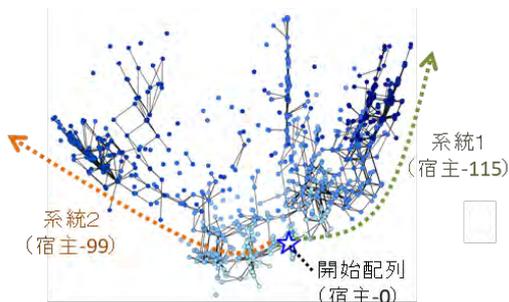
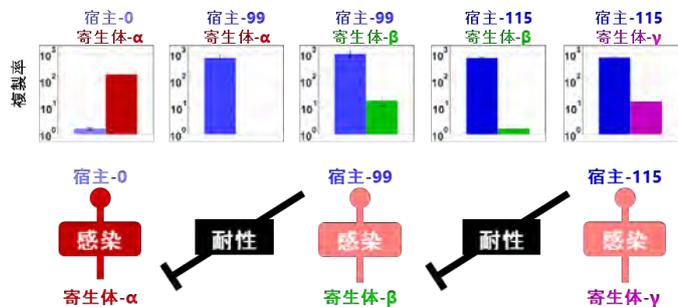


図 宿主 RNA の配列多様性

うえつき実験中の 10 か所の時間での宿主 RNA の配列を解析し、トップ 100 遺伝型について 2 次元平面にプロットした。うえつき時間は薄い色から濃い色になるほど長くなっていく。1 塩基変異の遺伝型は線で結んでいる。宿主 RNA は少なくとも 2 系列に分かれ、どちらも最後まで生き残った。

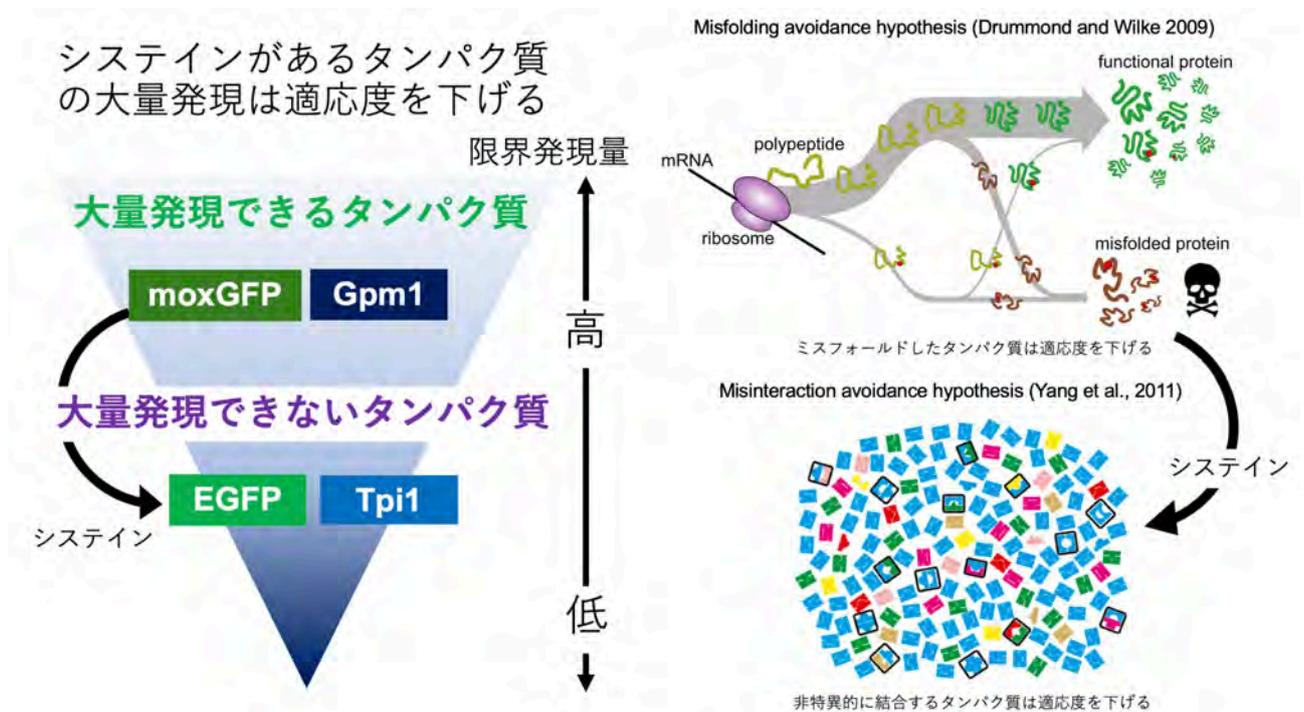
Systematic identification of genes whose overexpression is adaptive 過剰発現が適応的に働く遺伝子の体系的同定

○守屋央朗、佐伯望(岡大・院環境生命)

細胞内のタンパク質の発現量は生物の適応度をもっとも高めるように最適化されていると考えられる。この最適化の進化的原理の一つに「制約」がある。あるタンパク質の発現量が制約を受けていることは、その量を過剰にした際に適応度が下がることを手がかりに知ることができる。出芽酵母を用いたこれまでの私たちの研究から、プロテオームの80%以上はあまり制約を受けていない一方で、2%程度が強い制約を受けていることが分かっている。それでは、この制約は適応—進化過程ではどのように働くのだろうか？ これを知るために、私たちは酵母のプロテオームの中から過剰発現が適応的に働くものを体系的に調査する ADOPT 系を開発した。本講演では ADPOT 系で得られた過剰が適応的に働く遺伝子の性質から制約が適応—進化にどのように影響するかを議論したい。

分類: 発生・形態進化

キーワード: 発生拘束、進化発生、揺らぎ



システインを含むタンパク質の大量発現は酵母細胞の適応度を下げる。この適応度の低下は、翻訳のエラーによるミスフォールディングしたタンパク質がその他のタンパク質と非特異的に結合することにより発生すると考えられる。

What are the potential mechanisms behind phylogenetic inertia observed for the evolution of animal bodyplan?

動物ボディプランにみられる進化的慣性力の仕組みは？

○入江直樹^{1,5}、Hu Haiyan、内田唯^{2,5}、上坂将弘²、Cynthia Bradham³、倉谷滋²、Philipp Khaitovich⁴(1 東大・院理、2 理研、3Boston Univ、4Skoltech、5 東大・生物普遍性)

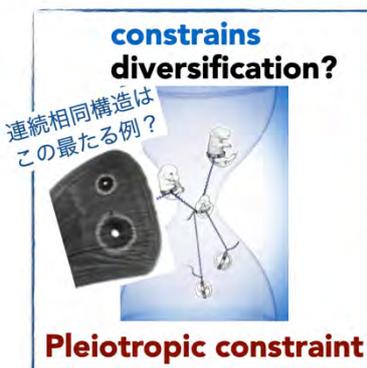
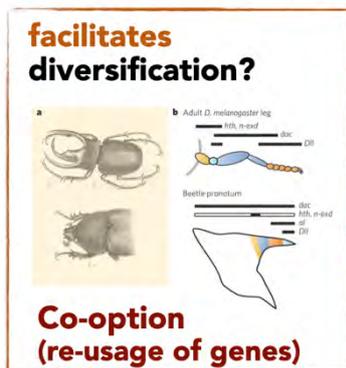
動物のボディプランは進化を通してなぜか変わりにくく、系統慣性(phylogenetic inertia)あるいは系統拘束の好例とされる。ボディプランに限らず、進化を通して変わりにくい(強固に保存される)形質は数多くあるが、系統慣性の進化的メカニズムはおそらく複合要因によるもので十分に明らかになっていない。これまでボディプランの保守性に関しては、淘汰圧による説明、あるいは単に変異が生じなかったという説明で十分だと想定されてきたが、我々の研究から、発生システムの頑健性が強固な保存に寄与している可能性が浮かび上がった。今回の発見は、変異をベースとした多型・多様性の進化という観点とは異なり、表現型システムの頑健性が進化にバイアスをかけうるという可能性を示しており、現在、詳しい仕組みに取り組んでいる。進化可能性という観点からの質疑応答・議論を楽しみにしています。

分類: 発生・形態進化

キーワード: 進化可能性、動物進化、発生拘束

Implication

遺伝子の使い回しは、進化にとって諸刃の剣か？



器官形成期の保存には、様々なプロセスに関わる多面発現遺伝子による多面拘束が寄与している可能性が示唆された。多面拘束が遺伝子発現プロファイルの多様性に働く具体的なメカニズムは不明であり、今後のさらなる研究が必要。

遺伝子の使い回しをすればするほど、進化しにくくなる？

(Cost of complexity? [Fisher 1930])

Toward understanding constraints in evolution and ecosystem changes using model synthetic ecosystems

生物進化と生態系変化の制約にモデル人工生態系で迫る

○細田一史¹、村上なおみ¹、瀬尾茂人²、長田穰³、松田秀雄²、近藤倫生⁴、古澤力^{5,6}

(1 阪大・国共、2 阪大・院情、3 水産機構・資源研、4 東北大・院生、5 東大・院理、6 理研・BDR)

もし、過去によらず今の生態系の状態をくまなく見れば、各生物の進化の方向や、それによる生態系全体の変化の方向が予測できてしまうのだとすれば、なんと楽しいことだろうか。そんな無茶な、という気もするが、理論的にはまんざらでもないらしい。これを実験で確かめないなど有り得ないだろう。そのためにも、モデル生物である大腸菌の培養のように、世界中で再現でき、一度に何千という条件を試験できて、かつ、生態系らしい複雑性をもつ、モデル生態系が必要である。私達はこれを構築し、生態系の確率的挙動などが観察されたので紹介する。そして、まだ明らかではないが、ある時点の生態系の揺らぎの方向と、生物進化の影響かもしれない生態系の長期的変化の方向、および、温度変化による生態系変化の方向の関係の結果も報告する。モデル生態系は今後も改善を続け、誰でも、生物の中も外も全部見える、小さく大量の実験世界として定着させたい。

分類:生態・環境

キーワード:人工生態系、実験進化、制約

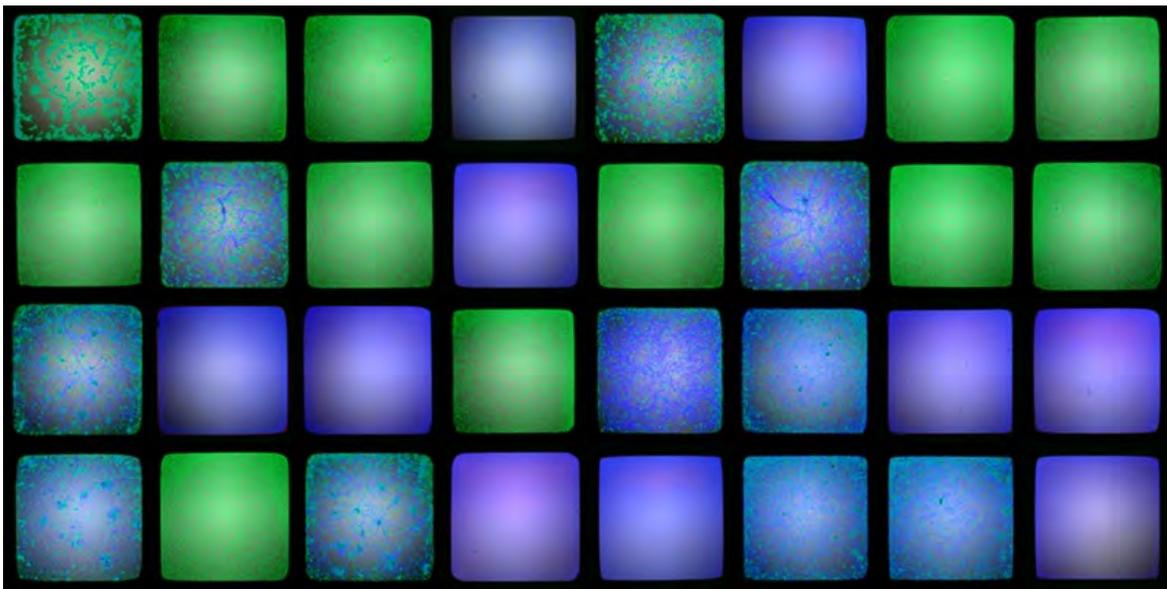


図:紹介した結果。同じ実験条件で開始した32個の人工生態系が異なる疑似定常状態に至っている。

科学とSFの狭間：レプリカントの作り方

倉谷 滋

かつて数学の世界でも、レプリカント作製に似た科学哲学の問題が持ち上がったことがある。いわゆる「四色問題」(四色定理ともいう)、あらゆる地図を塗り分けるのに、四色あれば充分かという、あの有名な問題である。

■ 四色問題との類似点

1976年、アップルとハーケンがコンピュータを用いてこの予想が正しいことを「証明」した。彼らは4年かけてあらゆる地図を2000あまりのパターンにまとめ、それらすべてが4色で塗り分けられることを総当たりの示したのである。これに対し、幾人かの数学者達が、「これが数学の定理の証明として許容できるのか」と異議を唱えた。四色定理が正しいことは分かったが、それを数理的に論理立てて証明することはまだできていないというのである。言い換えると、「なぜ、平面に描かれたあらゆる地図が、四色で塗り分けられることができるのか」を、まだ我々は「理屈として」知らないのだ。「CAN」は必ずしも「WHY」に答えてくれない。さらに、ひょっとしたらそれを理解する方法が存在しないという可能性すらある。たしかに、総当たりで調べるより方法がない場合、それが数学の問題になり得ないという考え方はある。同じ理屈で、SNPデータから人物の顔を正確に予測できるコンピュータプログラムに、ザリガニのゲノム情報をSNPセットとして与えたとき、それを正しく「ザリガニだ」と言い当てるかという思考実験を試みるのも有意義だ。賭けても良いが、そのコンピュータにはそんなことはできない。「DNAがどのように特定の形に帰結するか」について、そもそもこのAIは何も「理解してはいない」のだから。

というわけで、ファインマンの警句にはこう付け加えなければならないようだ。「作ることができたからと言って、それを理解したことにはならない」と。しかし、逆に誰かからこう

問われるかも知れない。「では、お前の言う理解とは、そもそもいかなるものなのか」と。

■ 還元主義的生物学

たとえば、生物学者の考えるゲノムの仕組みはだいたい以下のようなものだ。それぞれの遺伝子には、タンパク質をコードしたコーディング領域に加え、細胞の内外の情報・分子の分布に応答する種々のエレメントが付随しており、それによって、転写・翻訳の条件、あるいは発生文脈が決まる。ひとつの遺伝子産物は構造蛋白として機能するか、さもなければ他の遺伝子制御に関わる因子となり、このようにして遺伝子同士を繋ぐ遺伝子制御のネットワーク(GRN)が立ち現れる。それは、発生時期や、生物の状態、あるいは胚体中の細胞の位置によってさまざまに形を変え、それぞれの細胞は、さまざまな分子レベル情報の総合の結果として独特のGRNを樹立し、結果、独特の細胞型へと分化する。発生過程において、受精卵は卵割を繰り返し、その運動に従って個々の細胞がおおよそどの場所に落ち着くかが決まり、そのなかから三胚葉が形成されるとともに、形態形成の「要」となるモルフォジェネティック・センターが成立する。それは、周囲の細胞を誘導しつつ、胚体に基本的な極性を与えてゆくとともに、基本的な器官原基の配置をも導く。かくして、細胞の中の分子・遺伝子の間に張り巡らせたのと同様な、高次レベルのネットワークが胚体にもでき上がり、それが安定的に器官原基や組織、そして細胞型の分化を導いてゆく……。

このような、システムとしての生物体やそのゲノムには、目的論的に構築されたシステムが階層的に見出され、それが因果連鎖をなすことの発見が機械論的理解として認識されてきた。デカルトやラ・メトリに始まる「機械としての生物体」が、高度に階層化された構造として認識され、それが還元論的に突き詰め

られた結果、得られた知見の集積が、いま現代生物学の理解の中核をなしている。したがって、「理解とは何か」は詰まるところ、この因果連鎖的機械論的システムを過不足なく記述することこそ求められるが、実際の発生過程に関わる遺伝子・分子の数は極めて多く、それらの機能の統合によって特定の表現型を導くということまではできていない。

1990年代に脚光を浴び、ニュースライン＝フォルハートらにノーベル賞をもたらした「分子遺伝発生生物学」は、表現型を介した形態形成遺伝子のスクリーニングや、逆遺伝学的な機能解析による、形態形成遺伝子の機能の証明を主眼とした方法論であった。そしてそれは多くの成果をもたらした。いま、当時「発生生物学黄金時代」と呼ばれる所以である。が、その後、研究が網羅的に多数の遺伝子・分子を対象とするようになってからは、具体的な形を作る要因をわずかひとつか数個の因子には帰着できないという現実が明らかになってしまった。結果として、「個々の因子の機能には還元できないが、多数の因子が協調的に作用することにより、特定のパターンが必然的にもたらされる」現象に対し「創発」という概念が持ち出されるようになった。したがって、この創発はそもそも、機械論、還元論的な概念構築の中からは浮かび上がっては来ない（半ば否定的に）。が、それを綿密な実験によって、個々の因子の相互作用に落とし込めるかもしれないという希望的観測はまだ存在する。はたして、このように機械論・還元論的な研究方針を貫くことによって、いつか「ゲノムを理解する（本当の意味で解読する）」ことは可能となるのだろうか。仮にそれが可能であるとしても、その成就を21世紀前半に見ることは到底できないような気がしてならない。

■ 方法論の発展

実は、その不可能性はもう半分見えているのではなからうか。そもそも目的論的に構築されたシステムの階層として理解された「からくり」の記述が生物学的理解であり、その完遂が生物学の勝利だというのなら、あらゆる「本物の創発現象」は、つねにその理解の外にあることになる。それでもなお「現在、創発現象の中味は解剖できていないが、今後抜本的な技術の革新により、すべてが還元主義的・機械論的枠組み、すなわち<エンジニアリング

という思想>の中で説明可能となるはずだ」と考えるべきなのだろうか。ただし、それすらもいつかは頭打ちになるかも知れない。

1990年代中盤、マウスにおいて遺伝子の特定の破壊や改変が可能になってしばらくした頃、「すべての遺伝子の機能が解明され、その制御の仕組みが理解されたなら、それをコンピュータ上でシミュレートし、モニターの上でアフリカツメガエルやマウスを作り出すことも可能となるはずだ」と信じていた若い研究学徒が多くいた。その後、ゲノムがいくつもの動物で読み終わり、多くの主立った制御遺伝子の機能も解明されたが、モニターの上に胚らしきものが作られた試しはない。それどころか、発生初期の個々の細胞における遺伝子発現は、かつて予想もされなかったほど複雑怪奇であることが次第に分かってきた。ならば、どの理解の枠組みにおいて、いったい何を新たに理解しようというのか。

むしろ、個々の分子のレベルでシミュレーションを立ち上げようというのではない。あるいは、個々の細胞のレベルでもまだ情報量が多すぎるだろう。1990年代の目標では、おそらく胚の中の区画やコンパートメントといった、独特の遺伝子発現を共有する領域が、他の領域とどのように相互作用し、影響し合うか、そしてその結果としてどのように複雑なパターンが現出するか、というレベルのことだった（今でもその仕事はまだ完全には終わっていない）。そうでもしなければ、とても一匹のマウスをモニターの上に出現させることなど適わなかっただろう。なにしろ、哺乳類の毛の一本でさえ、すでにかなり大規模な多細胞構造なのだから。

これと少し良く似た話をボルヘスが紹介している。その昔、地図作成技術が完成の域に達したある帝国があったという。その地図は精度が向上するにつれて巨大になり、ついには帝国と同じサイズの帝国の地図が出来てしまった。時が経ち、無用のものとなったそれは打ち捨てられ、浮浪者が棲むだけの断片しか残らなかったという。学問の厳密さは、時として目的を見失ってしまうのだ。

いずれにせよ、先に述べた希望的観測には、90年代当時におけるジェネティック・エンジニアリングのイメージが垣間見える。「全ゲノム」というと一見、膨大な量のデータを予想

させるが、それは高々百科事典で数千冊分、しかも塩基の種類が四つしかないから、漢字を用いた百科事典で数えるなら数セット程度のものであろう。それは、1メートル立方程度の水をピペットマンで1マイクロリッターずつ汲み上げていく回数にも近いレベルの話だ。しかし、ヒトの身体を構築する個々の細胞の内部構造、組織構築や解剖学的構成のすべてを電子顕微鏡レベルの解像度で余すことなく記述しようとすれば、とてもそんなレベルでは済まないのである。膨大なのはゲノムではない。そこから読み出され、帰結する「パターン」の方なのだ。「創発」は、そこにこそ宿る事象なのである。

これについては、1986年のSF映画『ザ・フライ』がよい喩えになる。この映画の中では、主人公の物理学者が「物体をプラズマ状態に分解、別の場所で再構成することによって物質転送をする」という実験をおこなっている。ある日、転送ポッドの中にハエが一匹入り込んでいたのに気づかず、自分の身体で人体実験をしてしまった博士は、ハエと分子遺伝学的レベルで融合してしまい、それ以来、日に日に「蠅男」に変身してゆく。そんな物語である。

物質転送に先立って、ポッドのスキャナーは、内部の物体を分子レベルで走査するのだが、そのときコンピュータは、博士とハエを構成するすべての細胞と、その中にあるすべての核ゲノム、細胞内小器官、細胞質中の内容物その他諸々を余すことなく分子・原子レベルで記録しなければならない。ヒトゲノムどころではない、途轍もない情報量である。それが仮にできたとして、転送実験のあとのデータ分析において、博士の横にいた第二の物体、すなわちハエがモニター上に映し出されるまで、一体どれだけの段階の縮約とイメージ縮小をおこなわなければならないのか。

映画の中では、DNAの分子構造からズームアウトした瞬間、すぐにハエの物の剛毛が映し出されていたが、ここで省略された中途段階こそがすなわち、「遺伝子がどのように動物の身体を構築してゆくのか」、つまり「発生」と一言で呼ばれる世にも不可思議なブラックボックス過程の結果の総体なのである。それが映画の中ではすっ飛ばされているわけだ。言い換えるなら、先に問題としたほとんどの創発現象が、ないものとされているのである。

思えば、アリストテレス以来、「卵」というひとつの細胞が「わずか20日」で一羽の「雛」になってしまう不思議なプロセスの謎を追究して早や2400年、人類はまだこの過程の謎を、とりわけその本質の部分を理解できていない。ならば、タイレル社の社長、タイレル博士はそれを理解しているというのだろうか。あるいは、セバスチャンはどうなのか。

■ タイレル・コーポレーションの方針

一方で、進化生物学は、目的論的に理論を構築することはない。言い換えるなら、生物の身体やゲノムがどのような姿をしていようと、それを構築した創造主のようなものではなく、目的もなく、したがって機械論的なロジックも見出すことはできない。そこには適応の論理が見出されるだけのことであり、それを導くのは表現型を介して淘汰を受けた結果として、生き延びてきたゲノムであり、それによって結果する表現型なのであると考える。ここでは、創発現象はあって当たり前のことであり、そもそも明瞭な形態形成遺伝子のようなものすら期待されてはいない。

不思議なのは、分子・遺伝子の働き方や発生プロセスの中に、階層的なパターンがちらほらと見えているという事実だ。同様に、進化生物学者がもっとも不思議に思っているのは、この世の多様性や複雑性が決して一様ではなく、何か意味ありげにムラを示していることなのだ。進化過程によって成立した生物に、なぜ「システム・バイオロジー」のような研究戦略を適用することが、たとえ限界付きであってもなお可能なのかという原理的な疑問も同じ根を持っている。むしろ、それは不可能なはずなのである。造物主なきところにシステム、つまり「ある機能を果たすためにデザインされた装置」があるはずないのだから。この齟齬こそが、最も不可解な謎なのである。

機械論的レベルでの解答や理解が期待できないとなれば、進化の性質を理解するという方針に頼るほかはない。つまり、特定の表現型に至る人為的淘汰にも似たプロセスで、DNAを選別しているようにしか思えない。何を言っているかということ、タイレル社は、十中八九、AIのディープ・ラーニングを利用しているとしか思えないのである。おそらくそ

の技術的パッケージは、求められた表現型をDNA配列の形にするという有り難い機能を備えていることだろう。質問事項にチェックを入れ、それに該当するレプリカントの顔かたちをモニターに映し出し、クライアントのOKをもらう。そのうえで、コンピュータはそれを実現するDNA配列を提示する。しかし、それはその配列をもとに進行する発生過程のすべてをシミュレートしているわけではない。むしろ、これまでのデータに基づいて、どのSNPの組み合わせがどの程度の身長で、どんな顔になるかを、最大の期待値に基づいてピックアップしているに過ぎない。その結果がどれだけクライアントを満足させるかは分からないが、営業アンケート結果は新たなデータとして記録され、次のビジネスを有利に導くことになるだろう。これならば、21世紀のうちに何とかできそうだ。

ファインマンの哲学に沿った「生命のエンジニアリング」とは、現実の生物の設計思想をすべて知ることであり、それは間接的に、その生物を設計したもの（エンジニア）がいることを含意する。その中から創発という概念が出てきたのなら、それは設計者の意図の中になかったはずのものであり、したがってそれを作ったものもないということになる。しかし、その創発こそがまさに形を作っているのである。その特定の創発現象を導くのが、いわゆる「自己組織化」と言われている過程なのである。

淘汰はつねに表現型を足がかりにする。そして、その表現型と線形に相関するものが機械論的な過程ではなく、むしろ特定の分子に還元できない自己組織化の過程であるなら、発生プロセスにおいて直接「淘汰の手」が及ぶ対象（表現型進化研究の世界ではこれを、「発生的応答規準」と呼ぶ）もまた、特定の自己組織化過程、つまり創発的現象なのである。ゲノムはそのような過程を機械論的に導いているのではなく、単にそれを安定的な形に「固めて」いるだけなのだ。おそらく。

我々が情報と呼ぶものは、表現型とゲノムにおいて異なったロジックの世界に属している。遺伝的に伝えられるゲノム情報は、むしろ自己組織化のプロセスそのものではない。むしろ、その下地となる境界条件のひとつに過ぎない。一方で自己組織化はゲノム情報よりもはるかに、我々が目に見る表現型の方に近い。

ならば、発生的応答規準と結びついているのは、特定の自己組織化プロセスなのだと認識した方がよい。それを特定のパターンに導くゲノム情報の選別方法をタイレル社は掴んだはずなのである。しかも、子孫を残せるほど完璧に。そしてそれを、ウォレス社は必死になって追いかけていたわけだ。

目的を伴ったように見える部分も、伴わないように見える部分も、ひとしく淘汰過程によってシェイプアップされてきたものに他ならず、そのシェイプアップ過程を生物学者は進化と呼ぶ。これがいかに不思議であろうと、魔法のように見えようと、その理解が拒まれているように思えてならないのは、人間が、とりわけ生物学者が、明確な還元論的・機械論的ロジックとしてしかものを理解しないという悪癖を持つがためであり、それを科学の謎と呼んで良いのかどうか、そもそも原理的レベルで真剣に問われていないからに他ならない。つまり、「答えは明確に存在するが、それに辿り着く論理的な道があるかどうかまでは保証されていない」のだ。自然は必ずしも、人間が科学と呼ぶ方法で理解可能なようには作られていないのだ。

AIがはじき出した理想的SNPセットは、ある意味、四色問題において70年代のコンピュータが出力した、「四色で塗り分けられた地図のバリエーションのセット」と良く似る。そして、生物学の領域でも、数学の領域でも、さらにAI研究の領域でも、このような方法論を良しとしない研究者は常におり、彼らは科学に関して同質の純粋な哲学を共有している。人間は自然の内訳を理解していない。しかし、にもかかわらず原因と帰結だけは掴んでいる。つねに結果だけは確実に存在し、そしてそれだけが有意義なのだ。そして、進化をドライブした自然選択と全く同じロジックが、まさにここにあることに気が付かねばならない。いま示唆されているのはどうやら、「理解することは永遠にできないが、必ずそうなるという確実な現象だけは存在し、そしてそれこそが、まさにその不可知の故に美しいのだ」という、この世界の素晴らしくもまた、絶望的な性質なのである。果たしてそれが本当に正しいこの世の姿なのかどうか、これを書いている私自身にもまだ分からない。

<おわり>

Constrained & Directional Evolution Newsletter Vol. 4 No. 5

発行：2020年9月15日

発行者：新学術領域研究「進化の制約と方向性～微生物から多細胞生物までを貫く表現型
進化原理の解明～」(領域代表者 倉谷 滋)

編集：Constrained & Directional Evolution Newsletter 編集委員会(編集責任者 深津 武馬)

領域 URL：<http://constrained-evo.org/>