

ヒト・ゲノム・プロジェクト

— ジョエル・デイヴィス著 『遺伝暗号地図の作製』 に近未来世界の課題を探る —

立木 教夫

目次

- 一、はじめに
- 二、ヒト・ゲノム・プロジェクトを準備した科学技術
 - (一)、地図の種類とプロジェクトの目標
 - (二)、分子生物科学革命(一)
 - (三)、分子生物科学革命(二)
- 三、ヒト・ゲノム・プロジェクトの展開
 - (一)、ヒト・ゲノム・プロジェクトのスタート
 - (二)、DOE対NIH
- 四、ヒト・ゲノム・プロジェクトとコンピュータ
 - (一)、ヒト・ゲノム・プロジェクトの進展
 - (二)、ヒト・ゲノム・プロジェクトと法律的・政治的・倫理的問題
- 五、むすび——近未来世界の課題

一、はじめに

この二、三年、「ヒト・ゲノム・プロジェクト」とか、「ヒト・ゲノム解析計画」といった言葉を耳にする機会がふえてきた。このプロジェクトは、これまで専門家を中心に学術的の会合において議論が重ねられてきたもので、

科学雑誌には何回か報告記事が載せられたことはあるものの、包括的な視野に立った日本語の解説書はまだ出版されていないようである。それゆえ、本稿では、ジョエル・テイヴィス著『遺伝暗号地図の作製——ヒト・ゲノム・プロジェクトと現代科学の選択——』(Joel Davis, *Mapping the Code: The Human Genome Project and the Choices of Modern Science*, John Wiley & Sons, Inc. 1990) を取り上げ、内容を多少詳しく紹介しつつ、議論を試みることにした。

ゲノム (genome) という言葉は、「あらゆる細胞、生物、種の核にある、染色体の半数体の一組」⁽¹⁾あるいは、「あらゆる一個の生物体を持っているDNAの総体」⁽²⁾と定義されている。

ヒト・ゲノム・プロジェクトというのは、三十億塩基対からなるヒトのDNAの総体を対象として、その配列を決定しようというプロジェクトである。このプロジェクトは、人間存在からかけ離れた対象を扱うのではなく、われわれ自身の中に埋め込まれ、われわれの存在を根底から規定しているDNAを、すべて解析することを目的としているのである。

人間は、古来常に、「私とは?」、あるいは、「汝自身を知れ」という問いと取り組んできた。いまここに取りあげるヒト・ゲノム・プロジェクトは、これらの問いにたいする現代科学の立場からの取り組みにはかならない。

その基本的な方法は、ヒトを作り上げる設計図(DNA)をまず物質的に解析し、つぎにその解析結果を情報的観点から読み取ることにより、人間存在の物質的・情報的基礎を説明しようというものである。

ヒトのゲノムが解析され、遺伝情報が解読されることにより、ヒトという生命システムは、物質的・情報的に透明化していく。この透明化は、必ずや個人のゲノムにまでおよんでくるであろう。そこには、さまざまな問題が立ち現れてくることが予測される。

このような問題を視野に入れた上で、ヒト・ゲノム・プロジェクトの全体像を概観し得るようにならされたのが、『遺伝暗号地図の作製——ヒト・ゲノム・プロジェクトと現代科学の選択——』である。

全体は九つの章から構成されている。

第一章 領域と地図

第二章 初期の成果

第三章 地図、スプライシング、そしてモラトリアム

第四章 はずみ

第五章 スモール・サイエンス、ビッグ・サイエンス

第六章 ゲノムの国際的「所有」

第七章 共同研究、論争、コンピュータ

第八章 知られざるものの形態

第九章 倫理と信頼

内容的には、全体を三部に分けることができる。第一部は、第一、二、三章からなり、ゲノム・プロジェクトを準備した科学技術を論じたものである。第二部は、第四、五、七、八章からなり、ゲノム・プロジェクトの展開を論じたものである。第三部は、第六、九章からなり、法律的・政治的・倫理的問題を論じたものである。

第二部のゲノム・プロジェクトの展開に関しては、エピソッドをまじえながら、詳細な分析がなされており、ここにサイエンス・ライターとしてのデイヴィスの苦心の跡がうかがわれる——将来、ヒト・ゲノム・プロジェクト史というようなものが研究されるときには、本書は貴重な文献として、参照されることになるだろう。また、

第三部の倫理的問題に関しても興味深い展開がなされていると思う。しかし、第一部のゲノム・プロジェクトを準備した科学技術、そして全章にわたってちりばめられている、ゲノム解析の科学技術に関する説明は、明晰であつたとも、十分であつたとも思われぬ——しかし、啓蒙書としては、ここをあまり詳しく扱つと、貴重な読者を逃すことになってしまうので、この程度に止めざるを得なかつたのかもしれないのだが。

著者アイヴィスは、これまでに、『反物質研究の最前線』を扱った *Mirror Matter: Pioneering AntiMatter Physics* (with Robert Forward), 『ヴォイジャー』を扱った *Flyby: The Interplanetary Odyssey of Voyager 2*, そして免疫機構を扱った *Defending the Body: Unraveling the Mysteries of Immunology* のほかにも、数多くの作品を発表している。

〈注〉

(1) E・A・マーティン編、太田次郎訳『ライフサイエンス辞典』朝倉書店、一九八一年。 (2) 中村桂子著『生命誌の扉をひらく——科学に拠って科学を超える——』哲学書房、一九九〇年、一〇八ページ。

二、ヒト・ゲノム・プロジェクトを準備した科学技術

(一) 地図の種類とプロジェクトの目標

ゲノム地図を作る場合、何種類かの地図が考えられていることは、すでに承知であろう。大きくは、交叉価という遺伝学的単位をもって表す遺伝学的連鎖地図 (genetic linkage map) と、核酸の長さや塩基対の数などの物理量でもって表す物理的地図 (physical map) に二分される。この物理的地図には、細胞遺伝学的地図

(cytogenetic map, 1×10^7 塩基対——これは解像度を表しており、一塩基対の位置を確定しようとするれば10個の塩基対の広がりにおいてとらえるしかないという意味)、制限酵素切断地図 (restriction map, 1×10^6 塩基対)、コスミド地図 (cosmid map, 1×10^4 から 1×10^5 塩基対)、塩基配列地図 (sequence map, 1×1 塩基対) とつた種類にわけられる。

さて、ゲノム・プロジェクトの目標は、どのようなものであろうか。

- ① 現在の遺伝学的連鎖地図の解像度を五倍引き上げ、一センチ・モーガンを単位とした地図を完成すること。
 - ② 各染色体の物理的地図を五年以内に作製する。
 - ③ DNA断片の塩基配列決定の技術を高める。
 - ④ ヒト・ゲノムのいくつかの領域に関する塩基配列地図を作る。
 - ⑤ 膨大なデータを効率的に扱うためのコンピュータ・データベースを開発する。
- このような目標は、どのような科学技術的發展を踏まえて、構想されてきたのであろうか。

(二) 分子生物学革命 (一)

メンデルにはじまり、ヨハンセン、ミーシャー、ド・フリース、T・H・モーガン、H・J・マラーをはじめとする多くの科学者によって、生物学的・遺伝学的知識が蓄積され、ワトソンとクリックによるDNAの二重螺旋構造の解明という、分子生物学革命に到達したことはよく知られている。

そして、ワトソンとクリックによるDNAの二重螺旋構造の解明に引き続き、ニールンバーグ、オチョア、コラナらによる遺伝暗号の解読、さらには、遺伝情報の伝達機構の解明、遺伝暗号に基づくたんぱく質の合成機構

の解明、DNAの複製機構の解明といった一連の発見が続いたのである。

(三) 分子生物学革命 (二)

ここで、ゲノム・プロジェクトに直結する研究成果を生んだ人物として、次の四人を指摘することができる。

まず第一の重要人物は、ジョンズ・ホプキンス大学のヴィクター・マクシーックである。彼の『ヒトのメンデル遺伝』(Mendelian Inheritance of Man; MIM) は、ゲノム・プロジェクトに多大の影響を与えてきた。MIMは、一九八九年に第八版が出版されたが、ここには四千五百八十四個もの遺伝子座が記載されている。彼の研究は、色盲、血友病、レッシュ・ナイハン症候群をはじめとする、遺伝病の遺伝子の発見に貢献してきた。MIMのコンピュータ・データベースは、近年の研究成果を反映して、急速に増大している。

第二の重要人物は、スタンフォード大学のポール・バーグである。彼が、一九六〇年代の終わりに、原核生物やウイルスから哺乳類の細胞に研究を転じたことによって、世界を一変するような基本的技術、すなわち遺伝子の組み換え技術が実現することになったのである。

第三の重要人物は、カリフォルニア大学サンフランシスコ校のハーバート・ボイヤールとロバート・ヘミング、そして、スタンフォード大学のスタンリー・コーエンとアニー・チャンである。一九七〇年代初頭に、遺伝子クローニングの技術を完成させたのは、この人達であった。

第四の重要人物は、ケンブリッジ大学のフレデリック・サンガーと、ハーヴァード大学のウォルター・ギルバートとアラン・マクサムである。彼らの業績は、サンガー法とマクサム・ギルバート法と呼ばれる、DNAの塩基

配列決定法の確立である。

ゲノム・プロジェクトは、このような技術的發展なくしては、構想し得なかったのである。

三、ヒト・ゲノム・プロジェクトの展開

(一) ヒト・ゲノム・プロジェクトのスタート

一九八〇年から一九八六年にかけて、ゲノム・プロジェクトのスタートに向けて議論が高まっていった。ゲノム・プロジェクトの可能性と必要性が言われたところ、科学者は期待に夢を膨らませていった。しかし、その夢が現実的となるにおよんで壁にぶつかり、彼らは、プロジェクト実現の困難さをあらためて実感することとなった。

この加熱から冷却にいたった経過で、重要な出来事を五点、指摘できる。

第一は、一九八〇年に、MITのデイヴィッド・ボトスタイン、ユタ大学のレイ・ホワイトとマーク・スコールニック、そしてカリフォルニア大学のロナルド・デイヴィスが共同執筆した論文の影響である。彼らは、RFLP (restriction fragment length polymorphism; 制限酵素断片長多型) を遺伝的標識に使用してヒト・ゲノムの遺伝学的地図を作るための理論的考察をおこなったのである。当初、この論文はあまり注目されなかったが、その重要性が次第に認められ、ゲノム・プロジェクトの大きな布石となった。

第二は、一九八五年五月二十四日から二十六日にかけて、カリフォルニア大学サンタ・クルツ校のロバート・シンシャイマーが組織したサンタ・クルツ会議である。この会議で討議されたテーマは、次のようであった。

① ヒト・ゲノム解析計画は、実行可能か。

② そのようなプロジェクトをスタートさせることができるのか。
③ 資金はどうか。

④ ゲノムの塩基配列決定にたいしては、「ビッグ・サイエンス」的アプローチが適当か。
⑤ ゲノム中の「ジャンクDNA」も塩基配列を決定すべきか。

前途に解決すべき問題を数多く抱えながらも、会議の参加者たちは、ヒト・ゲノム・プロジェクトは実行可能だと感を得ていた。

第三は、エネルギー省 (Department of Energy; DOE) の保健・環境研究局 (Office of Health and Environmental Research; OHER) の局長であったチャールズ・ドライシが呼びかけた、サンタ・フェ会議である。これは、「ゲノム塩基配列決定のワークショップ」と題された国際会議であり、一九八六年三月三日から四日にかけて開催された。

なぜエネルギー省関係者が、ゲノム・プロジェクトに関心を抱いたのであろうか。それにはそれなりの理由があったのである。DOEはその前身である原子力委員会 (Atomic Energy Commission; AEC) のときから、何十年にもわたって、広範なヒト遺伝学研究——放射線が引き起こす遺伝学的突然変異の研究——を手がけてきたという背景がある。そしてドライシ自身も、彼の研究と関連して、「もし親子で、ゲノムの比較ができたならば素晴らしいことではないか。これは遺伝学的突然変異の研究にたいする強力な道具となるだろう」と確信したことが、ゲノム・プロジェクトに参入するきっかけとなったのである。

このサンタ・フェ会議では、次のような事柄が討議された。

① 技術的に見て、今世紀末までに、ヒト・ゲノムの塩基配列を決定し得るか。

② プロジェクトの費用。

③ 多大の資金を投入することになると推定されることから、アメリカ合衆国ならびにエネルギー省に、どのような利益をもたらすことになるのか。

④ いかにしてこのようなビック・サイエンス・プロジェクトを運営していくのか。

会議の雰囲気は、「われわれはロス・アラモスのマンハッタン計画や宇宙開発計画とならぶ重大な計画のスタートに立ち会っているのだ」と、表現されたことから窺われるように、熱気溢れるものであった。このサンタ・フェ会議がもととなり、一九八六年にDOEのゲノム・プロジェクトが誕生した。

第四は、一九八六年三月七日に『サイエンス』誌に発表されたガルベッコの「ガン研究における転換点——ヒト・ゲノムの塩基配列決定——」と題する論文の影響である。ガルベッコは、ヒトのガンを研究しようというのであれば、ヒト・ゲノムの塩基配列を決定すべきであり、これにより、新たなガン治療の方法も見えてくるだろうと論じた。そしてまた、これは、遺伝病の診断・治療にも大きく貢献することになるであろうこと、そのためには、国家的な取り組みが必要であり、さらには国際的な取り組みが必要である、と強調した。

第五は、一九八六年五月二十八日から六月四日にかけて、コールド・スプリング・ハーバー研究所においてジエイムズ・ワトソンが組織した、「ホモ・サピエンスの分子生物学」と題するシンポジウムである。このシンポジウムの分科会において、ポール・バーグとウォルター・ギルバートが議長となり、ガルベッコ論文の提案を検討することになった。

この分科会では、はじめから強い反対意見が述べたてられた。サンタ・クルツ会議やサンタ・フェ会議の明るい熱気溢れる感じとはまったくちがってきた。なぜだろう。それは、参加者が研究費の分配問題を意識するよう

になったからである。これにはずみをつけたのが、ギルバートの議論である。彼は、めくら減法に塩基配列決定を手がけるなら、一塩基対の解析に一ドルの費用がかかるゆえ、ヒト・ゲノムを解析するには、三十億ドル必要だと、黒板に、“\$3,000,000,000”と、数字を書きつけたのである。人々は、この金額の大きさに衝撃をうけ、議論は、ゲノム・プロジェクトの科学的側面はそっちのけで、もっぱら政治的・経済的側面に移ってしまった。彼らは、もし、ゲノム・プロジェクトに多大の費用が投入されるようなことになれば、自分たちが得ている連邦政府からの研究費は削減されるのではないかと、不安を感じ取ったのである。

ゲノムの塩基配列決定に反対するものはいなかったが、それをいつどのように着手するかについては、反対意見がだされた。国立ガン研究所のマクシン・サンガーは、今すぐに全面的なゲノム・プロジェクトに取り組む必要はないと主張し、ホワイトヘッド研究所のデイヴィッド・ボルチモアは、遺伝子の塩基配列決定地図ではなく、もっと解像度の粗い物理的地図の作製に取り組むべきだと反対した。

さらにまた、エネルギー省の保健・環境研究局のデイヴッド・スミスの発言が、大きな波紋を呼び起こした。彼は、先のサンタ・フェ会議の熱気は、エネルギー省の高官に好印象を与え、諮問委員会が組織されつつあるとして、DOEは、ゲノム・プロジェクトにたいし研究費を支給することにした。おそらく、三年間で二千万ドル程度は支給されることになるだろう、と述べた。この発言が、参加者の神経を刺激したのである。彼らは、直感的に、ゲノム・プロジェクトのリーダーシップは、生物科学系の国立衛生研究所 (NIH) か純学術系の全米科学財団 (NSF) がとるべきだと感じたのである。これにたいしスミスは、NIHやNSFにはこのようなビッグ・サイエンスを組織するノウハウがない、うちこそ適任なのだと主張した。

このコールド・スプリング・ハーバーにおける会議で、何らかのコンセンサスが得られたとしたら、それは、

当面、大規模なゲノムの塩基配列決定プロジェクトを差し控え、四万塩基対程度のコスミド地図のようなものをまず作製しようということである。

ゲノム・プロジェクトをめぐる状況は、「春から一挙に凍てつく厳冬へと」、逆戻りしてしまったのである。

〈注〉

- (1) Botstein, David et al. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*, 7, 314-31.
- (2) Dulbecco, Renato. 1986. Turning point in cancer research: Sequencing the human genome. *Science*, 7, 1055-56.

I) DOE対NIH

この時期、ゲノム解析の技術はどのようなレベルに到達していたのであろうか。

カリフォルニア工科大学のロイド・スミスとリロイ・フッドは、手作業で行っていたDNA断片の塩基配列決定を自動化する研究に取り組み、アプライド・バイオシステム社の資金援助を得て、一九八五年、DNA塩基配列決定装置を開発した。これは四種類の蛍光色素、アルゴンイオン・レーザー、そして、サンガーのDNA断片の塩基配列決定法をスピード・アップするためのコンピュータを組み合わせたものである。この装置は、手作業では一週間以上かかる解析を、一晩でやってしまう。また、一塩基対あたり五十セント以下と、コストの引き下げも実現したのである。

このような技術的状況下で、紀元二千年までにゲノムの解読を完了するというのであれば、どのようなことが問題になるであろうか。ポイントは次の二つに絞られる。

第一は、どのような手順で目標に到達するかということである。例えば、ビッグ・サイエンスのプロジェクトを組むのか否か、といったことである。

第二は、どのような地図を作るかということである。解像度の低いものから高いものまで、さまざまな地図が考えられるからである。

一九八六年七月二十三日、NIHで、「ヒト・ゲノムに関する情報交換討論会」と題する会合が開かれた。アメリカ、イギリス、日本、そして、ヨーロッパから、研究者が参加した。この会議では、ポール・バーグがゲノム・プロジェクトの構想を述べ、注目を集めている。彼の構想は、短期間のうちに実用的成果を生み出すようプロジェクトを構造化すべきだとして、次のような二段階の構想を示した。

第一段階は、四万塩基対長の重複コスミドを利用して物理的地図を作ることであり、二千万ドルの資金を投入し、三年間で完成させる。

第二段階は、三十億塩基対の位置を明示した「究極的な地図」の作製である。この地図作りにはどのくらいの時間がかかるのかは、投入される資金、人員によって変化してくることであり、予想不可能であるとした。

この先にさらに第三段階があると指摘したのは、ウォルター・ギルバートである。それは、「ヒト・ゲノムの完全な理解」である。すなわち、約十万個あると予想されているヒトの遺伝子が、どのようなタンパク質を作りだしているのか、それらタンパク質はどのような働きをしているか、どのような遺伝子と遺伝子（あるいは遺伝子集団）の相互作用を通して、一個の受精卵が個体に成長していくのか、といった一連の問題の解明である。

ゲノム・プロジェクトの予算規模は、十五年間で三十億ドルと見込まれているが、この予算規模で行われるプロジェクトはビッグ・サイエンスということになるのだろうか。ビッグ・サイエンスか否かは、当然のことであるが、何に比べてビッグなのか否かをいわなければならぬ。比較のために、いくつか例を挙げてみよう。

ワトソンとクリックがDNAの二重螺旋構造を解明したときには、おそらく、数万ドルの費用しかかかっていないだろう。NASAがボイジャー二号を打ち上げたときは、十七年で十億ドルであった。これらと比較するならば、明らかにゲノム・プロジェクトはビッグ・サイエンスということになる。しかし、さらに大きな研究プロジェクトが存在する。それらは、十年間で四百億ドルを費やしたスペース・ステーション・プログラム、十年間で二百四十億ドルを費やして人間を月面に送り込んだNASAのプログラム、現在進行中の超伝導超大型粒子加速器——超伝導磁石を用いた超大型の陽子衝突型加速器——は六十億ドルである。

このような比較を踏まえるなら、ゲノム・プロジェクトは、ビッグ・サイエンスというよりも、「小さなビッグ・サイエンス」あるいは「大きなスモール・サイエンス」と呼ぶほうが、適切である。生物科学では、このように大規模なプロジェクトが組まれたことはなかったが、ほかをみてみれば、それほど法外な予算規模というわけでもないことが明らかとなった。

ゲノム・プロジェクトをビッグ・サイエンスとして推進していく場合、DOEの方がNIHよりも、断然有利である。前者はこれまで、いくつもビッグ・サイエンス・プロジェクトをこなして来たからである。それに引き換え、NIHはまったくそのような経験を有していないのである。

DOEは、デライシとデイヴィッド・スミスを先頭に、保健・環境研究諮問委員会から出された、年二億ドルのプログラムを検討していた。彼らは、自分達こそ、ゲノム・プロジェクトの主導権を握るにふさわしいと考え

ていた。

NIHは、一九八七年段階で、すでに遺伝子地図作りに三億ドル以上の研究費を投入していた。ヒト・ゲノムの地図作りには、この三分の一が当てられていた。この時点では、伝統的に個人のスモール・サイエンスに關与してきたNIHは、ゲノム・プロジェクトのような大規模なプロジェクトに取り組むことを、望んでいなかった。彼らが最も恐れたことは、ゲノム・プロジェクトが、NIHの他のプログラムから研究費を吸い上げてしまいうのではないかということであった。それにもかかわらず、NIHはゲノム・プロジェクトの主導権を、DOEに握られたくないと考えていた。

一九八七年段階で、まもなくNIHのゲノム・プロジェクトを率いることになるジェイムズ・ワトソンは、次のような提案を行っている。

① 官僚は、関連機関によってなされたゲノム・プロジェクトの仕事の調整に携わってはならない。調整は科学者によってなされなければならない。

② このような大規模な科学的・技術的プロジェクトは、主導機関なしには推進できない。ゲノムはただ一つであり、一つの主導機関しか必要ない。

ワトソンは、科学諮問委員会を設立するために代表的研究者を集めて会議を行い、どこが主導機関となるべきかを検討した。一九八七年から一九八八年にかけて、DOEとNIHの熾烈なロビー活動が続く中、一九八八年二月、NIHの所長ジェイムズ・ワインガーテンは、NIH内にヒト・ゲノム研究部門を設立すると発表した。コールド・スプリング・ハーバー研究所所長のジェイムズ・ワトソンが、研究部門の責任者を兼任することになり、ゲノム・プロジェクトの主導権はNIHが握ることとなったのである。

(三) ヒト・ゲノム・プロジェクトとコンピュータ

ジェイムズ・ワトソンがNIHのヒト・ゲノム研究部門の責任者に就任した後、一九八九年一月、NIHの諮問委員会で、次のように述べた。

「このプロジェクトは、ちょうど高エネルギー物理学における巨大粒子加速器の建設と似ている。完成までには、長い時間がかかる。加速器の場合ように、完成後、何十年にもわたり、新たな発見を生み続けることになるだろう。しかし、加速器の場合とは異なり、ゲノム・プロジェクトは、完成前に多くの成果をもたらしてくれるだろう。」

ワトソンはゲノム・プロジェクトを十五年計画で考えている。プロジェクトはすでにスタートし、遺伝学的連鎖地図の作製と新技術の推進を手がけている。ゲノムの物理的な塩基配列決定をより推進し、遅くとも一九九四年迄には、一センチ・モーガン地図を完成することになっている。

ゲノム・プロジェクトには、大腸菌、ショウジョウバエ、マウス、そしてアラバドプシスという植物のゲノム解析を含めている。自然は、同一の遺伝子セットを何回も何回も繰り返し利用する——進化的保守性(evolutionary conservatism)——という特色をもっているからである。他の種類の動植物の遺伝子に関する知識を得ておくことは、ヒトをより深くまたより速やかに理解することにつながるのである。

一九八九年四月、ワシントンDCで開かれた会合で、ワトソンは、大規模な地図作製と塩基配列決定を行うには、各国に別々の染色体を割り当てるのがよいとの見解を明らかにした。こうすることが政治的にも、経済的にも有効だというのである。例えば、ある染色体が「カナダの染色体」だということになれば、カナダ政府はより

多くの資金をそのプロジェクトに投入するだろうし、国家の威信にかけてプロジェクトを推進していくだろう。このようなやり方は、各国の研究機関に情報センタ―的特色を付与し、国際的により強い共同研究体制を生み出すことになるだろう、というのである。

このようなワトソンの考え方を好ましく受け止めたのは、ゲノムに関する基礎研究で協力体制をとりつつあった、国際的薬品会社である。もちろん反対の立場に立つ人達もいる。イギリスのシドニー・ブレナーは、ゲノム・プロジェクトの「バルカン化」を引き起こしかねないと危惧を表明し、代替案として、世界に三つか四つの地域的なセンタ―を確立することを提案した。

NIHのように、ゲノム・プロジェクトを十五年で完了しようというのであれば、どうしてもコンピュータと自動解析機が重要な役割をはたすことになる。

ゲノム・プロジェクトの地図作製者が注目しているコンピュータは、シンキング・マシンの社のコネクション・マシーンである。これをDNAの自動解析機に連結することによって、塩基配列決定を高速化できると考えられている。

生物学者とコンピュータの専門家の出会いは、すでに一九八八年十二月にサンタ・フェ研究所が主催したセミナーで実現している。このセミナーは、コンピュータと遺伝学的塩基配列決定の接点を求めて開催されたものであった。ここでは、データ・プーリングが話題となり、ゲノムの塩基配列データを管理する三大拠点を、ロス・アラモスのジェンバンク、ハイデルベルグのEMBLデータ・ライブラリー、そして三島のDNAデータ・バンクとすることになった。そして研究者は、自分の研究室のコンピュータ・ワークステーションからそれらの拠点にアクセスできることとなったのである。ゲノム・プロジェクトは、生物学、遺伝学にコンピュータ革命をもた

らしつつある。

四、ヒト・ゲノム・プロジェクトの進展

ヒト・ゲノムの物理的塩基配列を決定することはたやすい、難しいのは、その分析である。すなわち、長いDNA鎖を解読し、そこにパターンの存在を発見し、それを遺伝子へと翻訳していくことである。

長大なDNA鎖からパターンを発見するという仕事に、TRW社が国防総省のために開発した高速データ発見チップが利用できることを見抜いたのは、リロイ・フードの研究室にいたティム・ハンカピラーであった。このチップの信頼性は高性能スキャナ―以上で、特定の情報パターンを確実に認識することができた。リロイ・フードの研究室は、TRWにアプライド・バイオシステム社(ABI)との接触をとらせた。

DNAの塩基配列から遺伝子と思われるパターンを探すための方法はいくつかあるが、ハンカピラーとフードの研究室では、ソフトによる解決ではなくハードによる解決を目指した。TRWのスーパー・チップは、DNAの特徴を一千万/秒で拾いあげることができるのである。ロス・アラモス国立研究所の研究員が、一千塩基対の遺伝子をジェンバンクにある三千万塩基対と照合したところ、VAXミニ・コンピュータでは十日、Crayスーパー・コンピュータでは一日、そしてスーパー・チップを搭載したSun3では、わずか十分であった。ABIはスーパー・チップを搭載したコンピュータを、まもなく、四万ドルで提供するとしている。ちなみに、コネクション・マシンの場合、各コンピュータが二百万ドルと、非常に高価である。

一九八九年のコールド・スプリング・ハーバー研究所で主催された会議で、染色体地図作製に関する新たな方法が二つ発表された。

第一のウォード／リッチャーの方法は、DNA断片に蛍光染料を貼付するものである。従来、放射性分子で目印をつけていたものを、蛍光染料に変えただけであるが、これによって放射性物質を扱うやっかいな手間が省け、危険性がなくなり、写真感光に必要な時間が短縮され、正確度が十倍ほど上がり、八種類の色の異なる標識を同時に利用できるようになった。一月もかかっていた作業が、一晩で行えるようになった。この手法によれば、十分な設備と六名の人員からなるチームが四組あれば、五年間で、一センチ・モーガンの解像度をもつゲノム地図を完成できることになる。

第二のコックス／メイヤーの方法は、X線で染色体を断片化し、切断点の地図をつくるというものである。これはすでに見いだされていた手法を改良したものである。現在のところ、染色体上の部位が判明した遺伝子は一千七百、これは全体の遺伝子の約二パーセントに相当している。

一九八九年六月、NIHのゲノム・プロジェクトに関する第二回会合が、ベセスタで開催された。この会議では、ゲノム地図作製に関する「国家計画」(National Plan)が討議され、ゲノム・プロジェクトの全体的ゴール、倫理的問題、データ操作、科学的組織と行政的組織の問題などが取り上げられた。ワトソンは、ゲノム・プロジェクトに関する米国の計画を確定し、一九九〇年春までに実施したいという考えであった。

一九八九年の中頃、農務省(USDA)と全米科学財団(NSF)が、ゲノム・プロジェクトへの参入を示唆した。両者とも、関心は植物にあったのである。

一九八九年の終わり頃には、ゲノム・プロジェクトは成果を生みだしてきた。レイ・ホワイトと彼のグループは、解像度は粗いが有益なヒト染色体のRFLPによる遺伝学的地図を作製し、染色体別に出版した。また、囊

胞性繊維症(cystic fibrosis; CF)の遺伝子が確定された。ポール・バーグが構想したことく、ゲノム・プロジェクト関連の研究から、速やかに実用的結果が得られるという状況が実現してきたのである。

CF遺伝子の発見は、治療の可能性をめぐる議論へと発展していった。正常な肺と正常な粘液を作り出すには、正常な遺伝子が一つあればよいことが判明している。それゆえ、二組みの遺伝子のうちの、一方を正常なもので置き換えてやればよいことになる。一つの方法は、遺伝子工学で改変したウイルスの利用である。正常な遺伝子を正しい位置に送り込んだ後、ウイルスは死ぬように設計しておくのである。CF基金では、すでにこのような遺伝子手術に関する研究にたいし、研究費の提供をおこなっている。

一九八九年四月、DOEのヒト・ゲノム運営委員会は、NIHのワトソンとエルク・ジョーゲンをアクティヴ・オブザーバーとして迎えた。DOEとNIHは、国家計画を立案するための合同企画委員会を招集することに同意した。両者は、一九八九年の八月と九月に会合を開き、一九九〇年二月に議会へ提出するための計画を作成したのである。また、両者は、ゲノム・プロジェクトのコンピュータとデータベースに関係していたグループの併合を実現した。このような歩み寄りにもかかわらず、一九八九年の終わりには、思わぬ障害が立ち現れてきた。

遺伝子地図作製に当たっていた研究者は、はじめから、短期的目標は、一センチ・モーガンの解像度をもつ遺伝学的連鎖地図を五年以内に完成することとしていた。ゲノム・プロジェクトに関する主要な論文には繰り返しこのことが記されてきたし、NIHやDOEが立案した五か年計画にもこのことは記されていた。この目標は、一千五百万ドル／年の費用で、五年以内に完成し得るとされていた。

一九八九年十二月のNIHのゲノム諮問委員会で、メイナード・オルソンが正面切って一センチ・モーガン地図の実現可能性を問うた。これにたいするNIHのゲノム研究センターの答えは、地図作製を強力に推進してこ

なかったこと、しかも、特定の病気にたいする特定の遺伝子を探すという誘惑にかられて、地図作製は腰砕けになつてしまったことを認めるものであった。現在、地図作製に取り組んでいるペーサーでは、一センチ・モーガンの解像度をもつた遺伝学的連鎖地図を、予定の期限内に完成させることはできないことが明らかになった。

四、ヒト・ゲノム・プロジェクトと法律的・政治的・倫理的問題

(一)、ヒト・ゲノムの著作権問題と国際協力

一九八七年、ウォルター・ギルバートは、ポリゲン社の代表取締役のジェフリー・ウェイルズとともにゲノム社を創設し、ヒト・ゲノムの解読を手がけ、著作権を請求し、その情報に市場価格を付して販売すると発表した。このときギルバートは、十年間でヒト・ゲノムの解読を完了する予定だと述べている。この数字は、塩基配列決定が自動化され、一日で百万塩基対相当の解読が可能となれば、実現するはずであった。さらにまた、三年もすればゲノムの一部を販売できるようになるだろうとも述べたが、これも実現していない。しかし、ギルバートのこのような考え方は、科学界に大きな反響を引き起こした。

解析したゲノムの著作権を取ることについてギルバートは、著作権請求を考えているのは、ゲノムそのものではなく、アデニン、チミン、シトシン、グアニンといった塩基の並び方についてであり、これは文字の並べ方で著作権を取り、音楽記号の配列の仕方でも同様のことではないか、と論じた。はじめ反発を招いたこの考え方に賛成する研究者も増えてきた。つまり、遺伝情報は誰もが解析できるわけではないし、解析のためには高価な機械も必要なことであるから、遺伝子の塩基配列を解析したことの報いは、その仕事を成し遂げた人に与えられてしかるべきだといふのである。もし著作権が取れるようになれば、難病と関係する遺伝子座を発見した人は、

その遺伝子の塩基配列を著作権登録することによって、大金を手になることになるだろう。

ハワード・ヒューズ医学研究所のジョージ・カーヒルは、遺伝子情報そのものの著作権は取れないが、DNAの塩基配列データを提供するときのフォーマット——どのような形式で情報を提供するかということ——については、著作権を請求できると考えている。

これにたいし、ヒトの遺伝情報は、本質的に公共の領域に属しているとする立場もある。イェール大学のフランク・ラドルは、遺伝情報は非常に大切なものであるから、個人や会社が著作権を取るとか、特許を取るとかといったことはすべきではないとして、このような動きは「非常に不快」だと述べた。

ロバート・クック・テイカーは、ゲノム・プロジェクトは国家的資源であり、これまで生物科学界や利益目的で企業がおこなってきたプロジェクトとは性格を異にしているとして、皆が利用できるようにすべきであり、そのためにはデータの共有が最重要である、たとえ所有権つきのデータであろうとも、共有していかなければならない、と述べた。

もし科学的情報の流通に不自由をきたし、新情報が即座に入手できないような状況が生まれてくれば、良き科学的研究は不可能となる。情報や知識にたいする開放性こそ、科学を豊かにしてきたものである。もしこの開放性が失われるようなことがあれば、科学は死んでしまうだろう。

一九八八年四月、テクノロジ・アセスメント局 (OTA) はロバート・クック・テイカーをプロジェクト・リーダーとしたOTAレポート、「われわれの遺伝子地図を作る——ゲノム・プロジェクト、どのくらいの規模で、どのくらいの速度で実施するのか——」^[1]を作成した。このOTAレポートは、ゲノム・プロジェクトの推進役は、DOEよりもNIHのほうが適任だと示唆した——このことが一年もしないうちに実現したことは、すでに述べ

た。また、ヒトのほかに、線虫、マウス、そして大腸菌などを対象としたゲノム・プロジェクトの必要性、さらに、研究費に関する示唆もおこなっている。

ゲノム・プロジェクトをめぐる世界の状況は、どのようであったのだろうか。当初、世界の国々は、アメリカがゲノム・プロジェクトの主導権を握ることにたいし、それほど強い関心を示さなかった。唯一の例外は日本で、日本の研究者たちは、一九八八年迄に、百万塩基/日を達成するゲノム解析機を作り、第二十一番目の染色体の解析を手がける予定だと述べていた。ところが、わずか二年もたたないうちに、ゲノム・プロジェクトは世界中に広がった。政治的意味を孕みながら、国家の威信をかけて取り組むという雰囲気が出てきたため、国際的な調整機関が必要となってきた。

ヒト・ゲノム機関 (Human Genome Organization; HUGO) の構想が一九八八年四月三十日に話し合われ、同年の九月六・七日に、スイスのモントルーに設置されたのも、このような状況を反映してのことであった。これはちょうどヒト・ゲノムの問題に関し国連的役割を果たす機関である。ここで、HUGOの目的と機能を明らかにしておこう。

- ① ヒト・ゲノム研究を調整し、関連技術に関する国際的な訓練プログラムを提供する。
- ② ゲノム研究に関するデータ、サンプル、関連技術の交換を調整する。
- ③ マウスのようなモデル動物で並行した研究をおこない、それをヒト・ゲノム・プロジェクトと連動させていく。
- ④ 公開討論会を行い、ゲノム・プロジェクトの倫理的、社会的、そして商業的意義をとりあげたガイド・ライオンを作成する。

これらの目的を達成するために、いくつかの活動をおこなう。

- ① 大規模な地図作りと塩基配列決定をおこなう地域センターの計画。このセンターはまた、データベース、DNAクローンの収集、細胞系譜、生物的反応物といったことの調整をおこなう。
- ② 地域センターができるまで、ネットワークングおよびデータや生物的サンプルの配分を監督する。
- ③ ヒト・ゲノム・マッピングのワークショップや他の国際会議の組織および資金提供を援助する。
- ④ トレーニング・フェローシップ、教育過程、そしてワークショップを通して、国際的な知識および研究技術の交換を支援する。

- ⑤ ゲノム研究を支持する政府機関および他の機関に専門的助言を提供する。
- ⑥ 定期的にゲノムをめぐる活動報告をまとめ、配布する。

一九八八年十月、スペインのヴァレンシアでゲノム・プロジェクトの国際協力に関する会議が開かれ、UNESCOよりも、国際的情報センターとしてのHUGOを支持する宣言が採択された。

UNESCOは、ゲノム研究の倫理的側面と第三世界の科学者の役割の増大に焦点をあてる、すなわち、国際的研究の調整役においてリーダーシップをとるという計画で、前進している。UNESCOのフェデリコ・マヨールは、一九八九年に顧問団を設立し、同年十月、ゲノム・プロジェクトに関する計画書を、UNESCOの一般会議に提出した。

イギリスは、一九八八年の初め、ヒト・ゲノムの塩基配列決定と地図作製に関する研究を調整するための特別委員会を設立し、ボドマーとブレナーが推進役となった。イギリスは新たな遺伝子の発見というよりも、すでに同定されている遺伝子の位置を正確に決定することに勢力を集中している。このような行き方は、遺伝病研究を

大いに支援することになるだろう。まずはじめにやることは、すでに明らかにされているヒト・ゲノム——全体の約十パーセント——の編集である。一九八九年には、医学研究審議会 (Medical Research Council: MRC) の臨床研究センターにコンピュータ化された大規模なデータベースを確立する計画が発表された。

今はなきソヴィエト連邦では、ソ連科学アカデミーが、一九八八年にヒト・ゲノム・プロジェクトに着手することを発表した。彼らは人間をめぐらゆる研究を統合する「人間研究所」の構想をもっていた。

そのほか、フランス、イタリアも独自の動きを開始した。西ドイツの場合、統一プロジェクトは存在していない。ドイツにはナチ時代の苦い経験があり、ゲノム・プロジェクトにたいしては慎重である。緑の党などは、すでに反対の声をあげている。

また、EECの動きもある。

日本の行き方は、国際的に孤立的で閉鎖的色彩が濃いと見られている。⁽²⁾

〈注〉

(1) MAPPING OUR GENES The Genome Projects.

How Big, How Fast? (レポートは邦訳が出版された。)

米国議会技術評価局 (OTA) 報告書、監修渡辺格、訳

伊藤敏雄、『Newton special issue ヒト・ゲノム解析計画

——遺伝情報を解読する巨大プロジェクトの全容』教育

社、一九九〇年。

(2) 日本がどの方向にみられているのか (Sung) とした

する参考としては、ロジャー・レーウィン (Roger Lewin)

「ワトソン博士、ゲノム計画と日本を語る」『科学』岩波

書店、Vol. 60, No. 6, June 1990, pp. 415-418. を参照せ

られた。

(二) 倫理と人間にたいする信頼

ヒト・ゲノムの塩基配列を解明することは、倫理的に不快なことだと感じている人は多い。彼らは、「人には、知ってはならないことがある」という。ある種の知識は本質的に不道德かつ邪悪であって、そのような知識を保有することは、不道德的なことなのだと言張している。

この「知ってはならないこと」は、時代と共に変化してきた。例えば、わずか四五〇年前には、死体を解剖することは重大な罪だとされていた。身体内部の働きに関する知識を得ることは禁じられていたのである。これにたいし、一五四三年、アンドレアス・ヴェサリウスは『人体の構造についての七つの本』を著し、当時の絶対的教義を打ち破った。その九十年後には、ガリレオが、新たに発明された望遠鏡を使って天空を観測し、地球が宇宙の中心ではないことを明らかにした。彼もまた、「知ってはならないこと」に挑戦したのである。そのためガリレオはローマで異端審問にかけられることになったのである。また、核爆発に関する知識も、「知ってはならないこと」であったとする人がいる。これと同様の非難が、遺伝の科学にも向けられているのである。

単にヒト・ゲノムの塩基配列を決定することに関しては、何ら不道德的なことはない。不道德的だという非難は、遺伝学者、分子生物学者、医者が、ゲノムの一部を遺伝工学的に改変しようとするときに生じてくる。あるいはまた、胎児の遺伝学的知識を踏まえて中絶をおこなおうとするときに生じてくる。遺伝情報とコンピュータが連結し、情報処理が高速化されれば、道徳的・倫理的問題はさらに複雑化してくるだろう。

しかし、ゲノム・プロジェクトが、多くの人々の健康に関して、非常な利益をもたらすであろうこともまた、疑いの余地のないことである。ゲノム地図作製をめぐらゆる倫理的議論では、このような治療上の事実もきちんと押えておかなければならない。すでにゲノム・プロジェクトの副産物として、囊胞性繊維症の遺伝子、多重硬化症

の遺伝子、色素性網膜炎の遺伝子などが発見され、北米でよくみられる結腸ガン (familial adenomatous polyposis: FAP) の診断テストが開発されている。

FAPの診断テストを開発したのは、レイ・ホワイトのグループである。FAPはいくつかの遺伝学的出来事が生じてはじめて発現してくるもので、第十二番目の染色体に突然変異が生じているのが以上ある。その他の変化は、第十七番目、第二十二番目の染色体に生じている。FAPの診断テストでは、第五番目の染色体上の VN5.8 という標識を探す。FAP遺伝子あるいは遺伝子群はこの標識のごく近傍に位置しており、受精時の染色体交叉でも切断されることはない。テストが陰性であれば、FAPの心配はないことになる。陽性であれば、FAPにかかる可能性が高いということになる。ところが、発病までには、数年から数十年の猶予がある。それゆえ、このような遺伝的傾向性をもった人々は、食事とライフスタイルを変えることによって、結腸ガンにかかる可能性を大いに減少させることができるのである。

ゲノム解析がもたらすこのような恩恵とともに、医学や倫理の問題にあたる深刻な影響も忘れてはならない。遺伝学的異常や遺伝病の遺伝子がより多く発見され、地図が作製されていけば、新たな診断テストが開発され、妊娠した夫婦の間で利用されていくだろう。ますます多くの人々が、深刻な倫理的ディレンマに直面することになる。深刻な先天異常を示すことがわかっていている胎児を中絶すべきか否か。「深刻」とはどの程度のことをいうのかも一つ問題であろう。もし中絶をしないで子供が生まれ、奇形のまま成長し、親にたいする恨みの感情を強く抱いていたとしたら、「不当な生」(wrongful life)を告訴できるのだろうか。医師もまた、深刻な問いに答えなければならぬ。もし医師が妊婦に、選択肢の一つとして、遺伝的スクリーニングの機会を提供せず、しかも遺伝的欠陥をもった子供が生まれてきたとしたら、この女性は、この医師を医療過誤をもって告訴できるのだろうか。

か。もし、ある妊婦が、胎児の遺伝検査をうけることを拒否し、その子供が遺伝病をもって生まれてきた場合、医師は医療過誤をもって告訴されるのだろうか。この子供は、医師を、「不当な生」をもたらしたとして裁判に持ち込むことができるのだろうか。医師は、遺伝検査を拒否した女性の治療を、倫理的正当性をもって、拒否できるのだろうか。遺伝子診断でより多くの欠陥が見つかるようになればなるほど、このような問題はさらに複雑化してくる。

「遺伝子手術」あるいは「遺伝子移植」とよばれる遺伝工学も、倫理的に大きな問題を孕んでいる。体細胞操作と生殖細胞操作に二分される。レイ・ホワイトによれば、体細胞操作にゲノム・プロジェクトの情報が大きく利用されるということはないだろうという。なぜなら、遺伝子がどのような働きをしているのか、あるいは、生物学的システムがどう作用しているか、といった知識を基礎として、薬が開発され——この面においては、ゲノムプロジェクトの情報が利用されることになる——、そのような新薬によって、遺伝病を治療したり制御できるようにになると見込まれているからである。例えば、ガン抑制遺伝子のスイッチを入れるような薬が開発されてくるだろう。いずれにせよ、体細胞の遺伝子操作は、その人一代にしか影響が及ばないこともあり、倫理的に重大な問題が生じてくるようなことはないものと考えられている。

生殖細胞操作では、深刻な倫理的問題が生じてくる。レイ・ホワイトは、ヒトの生殖細胞操作は、人体実験 (human experimentation)における承諾の基準を侵害することになると指摘している。生殖細胞の持主、すなわち親は、生殖細胞に変化を加えることにたいし、承諾を与えることができる。しかし、実験対象とされているその人の子孫は、承諾を与えることができないのである。ホワイトは、しかし、これも生殖細胞操作の絶対的障壁とはならないだろうと見ている。遺伝情報に関するわれわれの知識や理解は、究極的には、生殖細胞操作が実験

段階を抜け出て、治療段階に到達すると考えられるからである。この段階に到達すれば、子孫の承諾という問題はなくなるであろう。問題は、科学や医学が、現在の段階からそのような段階にまで、長い道程を歩んでいかななくてはならないことである。それがどのような形で実現してくるのかは、誰にも分からない。

OTAREポートは、ゲノム・プロジェクトに関する倫理問題を、次のように指摘している。

- ① 誰が、データ・バンクにある地図画された情報や決定された塩基配列の情報に、アクセスすべきなのか。
- ② 地図作製や塩基配列決定の努力によって生みだされてきた知識を統御し、情報にアクセスするためには、どのような倫理的考察が必要とされるか。
- ③ 個人の遺伝的アイデンティティにたいする財産権は、個人に属するのか、それともヒトという種に属するのか。

④ 遺伝情報は誰が所有するのか。

ゲノム・プロジェクトの倫理問題では、さらに個人の感情に密着した面も指摘されている。

ジェイムズ・ワトソンは、次のように述べている。「もしアルツハイマー病を理解しようとするなら、できるだけ速やかに第二十一番目の染色体の塩基配列を決定することだ。できるだけ速やかにそれをやらないということは、倫理的でないし、無責任だ。」子供をテイザックス病やレッシュユナイハン病でなくした人、囊胞性繊維症にかかり自分の粘液で息をつまらせ命をなくした子供の親、あるいは、親や祖父母をハンチントン舞踏病やアルツハイマー病でなくした人なら誰でも、そのような病気が、一日も早く、少しでも治療可能となることを歓迎するはずである。二十年以上にわたって、遺伝工学と倫理の問題を考えてきたワトソンは、NIHのゲノム・プロジェクトの研究費の $\frac{1}{3}$ (六百万ドル/年×十五年)を、ヒト・ゲノムの地図作製に関連する倫理的問題の研究に当

てよと主張している。かつて生物医学倫理の研究にこのような大金が投ぜられたことはなかった。

ヒト・ゲノム・プロジェクトの成果により、われわれはある重要な点において平等であることが明らかになるであろう。つまりわれわれは、遺伝的に不完全だという点において完全に平等だということである。われわれは、もしそれがわれわれの子供において二組揃うなら、致死的となるような劣性遺伝子を平均五個、抱えていると推定されている。

ある医療倫理学者は、ゲノム・プロジェクトはわれわれの欠陥を大切にすることを教えてくれることになるだろう、と述べた。われわれは、「私は完全ではありません。私はごくふつうの人間です」と書いた小さなカードを財布にに入れて携帯し、ちよいちよいそれを取りだして読み直すことが必要であろうとも、指摘している。

ジョエル・デイヴィスは最後に、われわれ自身にたいする信頼、他者にたいする信頼、われわれの中にある過去、過ち、成功に学ぶ能力にたいする信頼、高慢ではなく謙虚になることのできる能力にたいする信頼を語ることによって、本書を結んでいる。

デイヴィスは、ゲノム・プロジェクトを前向きに受け止める立場に立っている。

五、むすび——近未来世界の課題

ヒトのDNAをすべて解析するという作業は、遠からず実現するであろう。ジョエル・デイヴィスは、五十年後には、皆、自分のゲノム・カードをもつようになるだろうと予測している。ゲノム・カードが実現するしないは別として、ゲノムの解析をとおして、物質的・情動的に規定されているヒトの設計図を、より明確に知ることができるようになることは確かである。ヒトという生命システムは透明化していく。ヒト・ゲノム・プロジェクト

トをとおして解明された内的情報は、高度情報化社会の情報ネットワーク網に乗せられ、高速処理されることにより、個人個人の一生をコンパクトに予測できるようになるだろう。

このような科学技術は、人間社会をどのようなところへと導いていくことになるのだろうか。また、そのような社会において、重要となる人間的資質はなにであろうか。

この問題を考えるにあたって重要なポイントは、ゲノム解析により、人間は等しく不完全であることが判明してきたということである。人間はお互いに不完全だということをよく心得ておかなければならない。不完全性にたいする寛容さ、謙虚なところといったものが、人間の内的情報が解明されてくる近未来世界においては、不可欠の人間の資質となるであろう。

科学技術がさらに進歩すれば、わずかな欠陥遺伝子もふくめ、すべての欠陥遺伝子を治療することができるようになるかもしれない。しかし、たとえそのようなことになっても、人間は生きている限り、つねに宇宙線を浴び続けているのであるし、環境からは遺伝子に有害な物質を取り込んでくるのであるから、完全無欠な遺伝子を保持し続けるというようなことは不可能である。生きている限り、必ずや不完全性をしよいこむことになるのである。また、完全でなくても、充実した生を実現する可能性は十分に残されているのである。医学的な治療可能性を高めると同時に、個人レベルにおいても、また、社会レベルにおいても、人間の不完全性を認め、エラーにたいするトレランスをいかに高めていくかが、近未来社会の重要課題の一つである。

人間は、自己の内的情報の解明に着手したときから、そこに見いだされる情報をよりよく扱うことのできる、道徳的英知を必要とするようになったのである。

〈参考文献〉

注で触れたもの以外に、筆者が目にした邦文文献を年代順に並べ、参考に供することにする。

1. 『ヒトの遺伝子地図と男女の差』『科学』岩波書店、Vol. 58, No. 2, Feb. 1988, pp. 75-76.
2. ロジャー・ノーウイン「ヒトゲノム解析計画」『科学』Vol. 59, No. 11, Nov. 1989, pp. 757-760.
3. 清水信義「ヒトゲノム解析計画——日本の現状と展望」『科学』Vol. 60, No. 2, Feb. 1990, pp. 66-67.
4. ロジャー・ノーウイン「まじむたのヒトゲノム計画」『科学』Vol. 60, No. 11, Nov. 1990, pp. 778-781.
5. 中村桂子「生命誌の扉をひらけ——科学に挑んで科学を超える——」(哲学書房 一九九〇年)の第五章「ヒトゲ

ノム・プロジェクト」。

6. 渡辺格監修・山口雅弘著『生命科学の新しい流れ』(同文書院、一九九一年)の第六章「ヒト・ゲノム(遺伝子)解析計画」。

また、外国の文献もいくつか紹介しておくことにしよう。

1. Jerry Bishop and Michael Waldholz, *Genome*, Simon and Schuster, 1990.
2. Lois Wingerson, *Mapping Our Genes*, Dalton, 1990.
3. *Bioethics*, Vol. 5, No. 3, July 1991, Basil Blackwell.
4. *Bioethics*, Vol. 5, No. 4, October 1991.