

News&Trend

地下に眠る天然水素は「宝の山」か？
遺伝子編集でマウスの性逆転に成功

Interview

齋藤 諒（理化学研究所）

MIT Technology Review

Published by KADOKAWA / ASCII

Vol.

89

2026.09

テクノロジーが問い直す

新しい「自然」



003

特集

テクノロジーが問い直す 新しい「自然」

004

「ネアンデルタール人」は
あなたの中に存在するのか？

010

「一番ましな悪い選択肢」
人工芝の安全性をめぐる論争

019

海底22メートルの泥で掘り起こす
北極点の過去と未来

022

「騒音」という無自覚な自然破壊
人間はやめられるか？

029

ゴーストウルフを追って——
脱絶滅企業が揺さぶる「種」の概念

041

U35 イノベーターの軌跡 #41

齋藤 諒（理化学研究所）

生物が持つ仕組みを人類の道具に変える遺伝子工学者

044

News&Trends

地下に眠る数兆トン、天然水素は本当に「宝の山」なのか
オスのマウスからメス作製、遺伝子編集で性逆転に成功
宙返りに酔拳も、家族連れで賑わう上海の口ボ祭り

●本PDFに収録した記事の情報は原則として、初出時の情報です。記事中の初出日をご確認ください。

●WebサイトのURLやソフトウェアのバージョン等は予告なく変更されている場合があります。

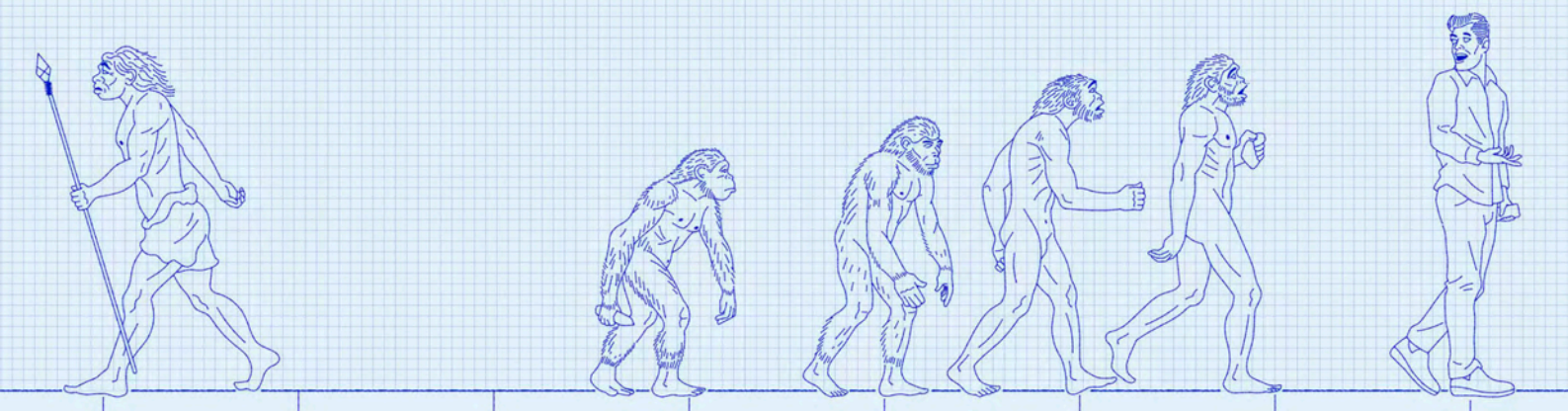
●本PDFは情報の提供のみを目的としています。本PDFを運用した結果について、著者およびMIT Technology Review Japan/株式会社角川アスキー総合研究所は一切の責任を負いません。

●本PDFに登場する会社名、商品名は該当する各社の商標または登録商標です。本PDFでは®マークおよびTMマークの表示を省略しています。

テクノロジーが問い直す 新しい「自然」

人間がテクノロジーで自然をどう改変し、その上にどんな生活を築いてきたか——本誌はずっとそれを記録してきた。だが、記録が積み上がるほど、問いは足元に返ってくる。絶滅した種を復元し、気候にまで介入しようとしている現代において、「自然」とは何を指すのか。手つかずの自然を守るという発想は、守るべきものがもう残っていないとき、まだ成り立つのか。世界をより「自然」らしくするために、技術を使って介入すべきなのか。これらの問いを携えて、新しい「自然」を探求する。

McKibillo



Story

1

テクノロジーが問い直す 新しい「自然」

「ネアンデルタール人」は あなたの中に存在するのか？

「内なるネアンデルタール人」は、私たちが自分自身を語るための物語になった。うつ、糖尿病、新型コロナの重症化——さまざまな疾患との関連が報告され、遺伝子検査会社はその「度合い」まで数値化した。だが、その前提となる交配説は本当に正しいのか。2人の研究者が、定説を支える仮定そのものを問い直す。

by Ben Crair (科学・旅行ライター)

お

そらく、このような考え方をどこかで耳にしたことがあるだろう。

私たちの多くには「内なるネアンデルタール人」がいる、という説である。すなわち、約4万5000年前にホモ・サピエンスが初めて欧州に到達した際、額が広く体格のがっしりした近縁種であるネアンデルタール人と出会い、やがて交配が起こった。その結果、現在では一部の人が少量のネアンデルタール人DNAを保有している、というわけだ。

このDNAは、人類進化研究における21世紀最大級の発見の1つといってよい。さまざまな形質や健康状態との関連が指摘されており、スウェーデンの遺伝学者スバンテ・ペーボのノーベル賞受賞にもつながった。

しかし2024年、フランスの2人の集団遺伝学者が、この広く受け入れられてきた説の根幹に疑問を投げかけた。

当時トゥールーズ大学の同僚であったルネ・チキとレミ・トゥルネビーズは、同じゲノムパターンに対して別の説明を提示した。彼らによれば、「内なるネアンデルタール人」説の根拠には、ある統計的仮定がある。それは、人類、ネアンデルタール人、その祖先が、巨大な大陸規模の集団

内でランダムに交配していたという仮定である。つまり、南アフリカの人物が西アフリカや東アフリカの人物と交配する確率は、自身のコミュニティ内の人物と同程度だった、という前提である。

しかし、考古学・遺伝学・化石の証拠はいずれも、ホモ・サピエンスがアフリカで、砂漠や山脈、文化的障壁によって分断された小規模集団の中で進化したことを示している。人々は時にそれらの障壁を越えて移動したが、多くの場合は同一集団内で配偶関係を築いていた。

このような動態は「母集団構造」と呼ばれる。構造がある場合、遺伝子は集団内で均一に広がるのではなく、特定の場所に偏在したり、別の場所では完全に欠如したりする。ヒトの遺伝子プールは、巨大なプールというよりも、潮の満ち引きによって連結と分断を繰り返す潮だまりの複雑なネットワークに近い。

この動態は進化生物学の基礎となる数学を大きく複雑化させる。進化生物学は長らく、限られたデータから一般原理を導くために、ランダム交配などの仮定に依存してきた。しかし構造を考慮すれば、現代人がネアンデルタール人とDNAを共有する理由は、種間交配を仮定しなくて

も説明可能であるとチキは述べる。

「ほとんどの種は、空間的に複雑に構造化されている」とチキは言う。彼は20年以上にわたり母集団構造を研究し、キツネザルやオランウータン、島嶼性鳥類も調査してきた。「この分野の問題は、代替シナリオと明確に比較しないことだ」（ペーボはコメント要請に応じなかった）。

チキとトゥルネビーズの主張は母集団構造に関するものではあるが、その本質は方法論に関する議論である。すなわち、現代の進化科学が、コンピューターモデルや統計的手法を用いて膨大な遺伝データをどのように解釈しているかという問題である。

こうした懸念を抱く科学者は彼らだけではない。「人々は、私たちがゲノムの進化過程を本当に理解しており、何が起きたかを説明する高度なアルゴリズムを構築できると考えています」と、ケンブリッジ大学の集団遺伝学者ウィリアム・アモスと言う。彼は「内なるネアンデルタール人」説の批判者でもある。しかしアモスは、それらのモデルは「しばしば誤っている単純な仮定に基づいています」と付け加える。

そして、もしその仮定が誤っているのだとすれば、問題は単なる1つ

の進化の謎にとどまらない。

種を越えた熱情の 魅惑的な物語

2010年、ペーボの研究室は驚異的な成果を成し遂げた。4万年前のネアンデルタール人の骨細胞の核からDNAを抽出することに成功したのである。DNAは死後急速に分解されるが、研究チームは3個体から十分な量を回収し、40億塩基対から成るネアンデルタール人の全ゲノムのドラフト配列を作成した。

チームは研究の一環として、ネアンデルタール人のゲノムと、世界各地の現代人5名のゲノムを比較する統計的検定を実施した。その結果、アフリカ系以外の現代人が、40万年以上前に分岐したネアンデルタール人と少量のDNAを共有していることが判明した。このDNAは、アフリカ系現代人や、私たちに最も近い現存近縁種であるチンパンジーとは共有されていなかった。

ペーボのチームはこれを、アフリカから拡散したホモ・サピエンスがネアンデルタール人と交配した証拠と解釈した。「ネアンデルタール人は完全には絶滅していません」と、ペーボは2010年にBBCに語っている。「私たちの一部の中で、わずかに生き続けているのです」。

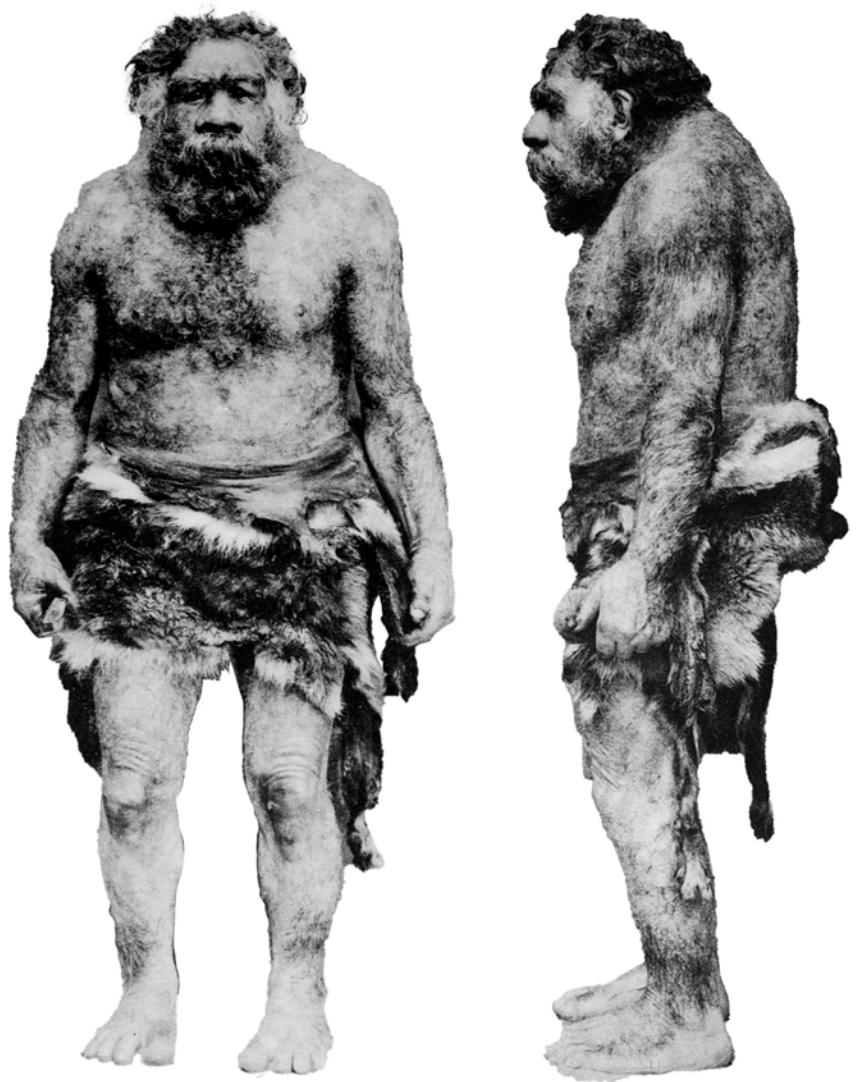
この発見はそれ自体で画期的なものであったが、それ以上に重要なのは、従来のコンセンサスを覆した点である。これより10年以上前の1997年、ペーボははるかに少量のネアンデルタール人DNAを解析していたが、その際にはミトコンドリアから抽出したDNAを用いていた。そのDNAはホモ・サピエンスのミトコンドリアDNAと十分に異なっ

ていたため、彼のチームは、両種の間には「ほとんど、あるいはまったく交雑がなかった」と慎重に結論づけていた。

しかし2010年以降、「混交 (admixture)」という考え方は事実上の定説となった。『サイエンス』や『ネイチャー』といった一流学術誌では、「内なるネアンデルタール人」に関する研究が相次いで発表された。ホモ・サピエンスはネアンデルタール人DNAの流入がなければ欧州やアジアの寒冷環境に適応できなかったと主張する研究者もいた。また、ペ

ーボの手法を応用して、デニソワ人と呼ばれる絶滅したヒト属の一群や、アフリカにおける謎めいた「幽霊系統」との交雑の痕跡を見つけた研究も現れた。さらに、生物学者たちは同様の検定手法を用いて、チンパンジーとボノボ、ホッキョクグマとヒグマなど、多様な動物間の交雑の証拠を発見した。

内なるネアンデルタール人の仮説は、個人レベルにも適用されるようになった。さまざまな研究が、ネアンデルタール人のDNAを、頭が混乱するほど多岐にわたる疾患と結び



このネアンデルタール人の模型は、1930年代にロンドンのウェルカム歴史医学博物館の「先史時代ギャラリー」に展示されていた。
WELLCOME COLLECTION

つけた。アルコール依存症、喘息、自閉症、ADHD、うつ病、糖尿病、心臓病、皮膚がん、深刻な新型コロナウイルス感染症（COVID-19）などだ。ネアンデルタール人のDNAが髪や肌の色に影響を与えると示唆した研究者たちがいる一方で、頭蓋骨の形状や統合失調症のマーカーの有病率と相関する「ネアンデルスコア」を個人に割り当てた研究者もいる。トゥエンティスリー・アンド・ミー（23andMe）のような商業的な遺伝子鑑定会社は、顧客に対し、ネアンデルタール人の祖先に関するレポートの提供を開始した。

内なるネアンデルタール人は、私たちが自らの欠点や遺伝的宿命について自分自身に言い聞かせることができる物語となった。私を責めるな。私の細胞の中に潜む顎の突き出た原始人を責める。あるいは、人気の科学番組『ラジオラボ（Radiolab）』の司会者、ラティフ・ナッサーは、ネアンデルタール人と関連づけられた別の疾患であるクローン病で入院した際、このように話した。「小さなネアンデルタール人たちが…まるで、私を刺し、小さな血の滴を抜き取っているイメージが頭に浮かんで止まりません」。

「こうした話は、人々にとって意味のあるものになります」とチキは言う。「私たちの言葉は、人々が自分自身をどう捉えるかに重要な影響を与えるのです」。

短絡的な答えの落とし穴

20世紀初頭に集団遺伝学者たちが進化生物学の理論的枠組みを構築した際、遺伝子は、エンドウ豆やミバエの実験から推測された抽象的な遺伝の単位にすぎなかった。集団遺

伝学は、データの蓄積よりもはるかに速いペースで理論を発展させた。その結果、データ重視の科学者の多くは、進化研究を、検証されていない仮定や先入観に基づく一種の作り話として退けた。

しかし1990年代になると、遺伝子はもはや抽象概念ではなく、配列が決定されたDNAの断片となった。ゲノム配列の決定は、進化研究を、化学者や物理学者が尊重し得るような確固たるデータに基づくものへと変えた。

しかし、まるで本を読むように単純には、ゲノムから進化の歴史を読み取ることはできなかった。生物学者たちは、ほぼ無数に考えられるあり得そうな進化の歴史のうち、ゲノムの小さなサンプルで観察されたパターンを生み出した可能性が最も高いのはどれか、特定しようとしていた。そのためには、単純化された進化のアルゴリズムモデルが必要だった。進化の研究は、物語から統計学へ、そして生物学からコンピューターサイエンスへとシフトした。

この変化はチキにとって好都合だった。彼は子どもの頃から、数学や科学の予測可能な法則や数値的な精密さに魅了されていた。彼がこの分野に足を踏み入れた1990年代半ばは、ヒトDNAに関する最初の大規模研究が、人類の起源をめぐる長年の論争に決着をつけつつあった時期であった。DNAの研究により、アフリカには世界の他の地域全体を上回る遺伝的多様性が存在することが明らかになった。この新たな証拠は、現代人が数十万年にわたってアフリカで進化し、他の大陸へと拡散したのは過去10万年の間にすぎないという説を支持した。アルジェリア系移民の家庭に育ったチキにとって、

この発見は、人種についての一部の考古学者や生物学者の語り方に対する強力な反論でもあった。DNAは、人種が出自に基づく根深い進化的差異を持つという有害な考え方を強化するのではなく、むしろそれを解体するために用いることができたのである。

しかし同時に、チキは、進化に関する未解決問題に対してDNAを最終的な判断材料とみなす傾向に警戒感を抱いていた。1997年にペーボのチームが、わずかなミトコンドリアDNAに基づいてホモ・サピエンスとネアンデルタール人の異種交配を否定したとき、チキは驚きを覚えた。ある領域でネアンデルタール人DNAが見つからないからといって、それがヒトゲノムの他の場所にも存在しないとは限らないと考えたのである。

2000年代にチキ自身が実施した研究は、歴史的現実と進化モデルとの間に存在するギャップを彼に認識させた。例えば、ランダム交配が前提とされていたにもかかわらず、彼が研究した動物のいずれにおいても、実際にはランダム交配は見られなかった。オランウータンは生息地が細かく分断されており、交配相手の選択肢が限られていた。また、メスの鳥はしばしばオスのパートナー選択において非常に選り好みが強かった。

こうした要因は、進化生物学者の従来の統計的手法を混乱させる可能性があった。科学者たちは、単一個体のゲノムから種の歴史的な母集団サイズを推定する数学的手法を用い始めていた。この方法は、多くの種において過去に急激な個体数減少があったことを示唆した。しかしチキは、これらの減少が、構造化された

母集団をランダム交配集団として扱ったことによる人工的な結果である可能性に気づいた。実際にはすべての下位集団が増加していたとしても、この手法ではボトルネックがあったかのように見えてしまう可能性がある。「これは完全に直感に反します」と彼は言う。

内なるネアンデルタール人という概念は、
自らの欠点や遺伝的宿命を説明するための物語となった。
私を責めるな。私の細胞の中に潜む顎の突き出た原始人を責めろ。

こうした背景があったため、2010年にペーボによるネアンデルタール人ゲノムの成果が発表されたとき、チキはその技術的偉業には感銘を受けつつも、異種交配に関する結論には懐疑的であった。「遺伝データに基づいて、あまりにも早計に結論を出してしまうタイプの事例でした」と彼は語る。ペーボの研究では、母集団構造が代替説明として言及されていたものの、それ以上の検討はなされなかった。

その数年後、アンダース・エリクソンとアンドレア・マニカという2人の独立した研究者がこの考えを発展させ、混交を明示的に排除した単純な母集団構造モデルを構築した。彼らは50万年前からの人類進化をシミュレーションし、自分たちのモデルが、ペーボの研究グループが異種交配の証拠と解釈したのと同じゲノムパターンを再現することを示した。

「構造化モデルを扱うことは、多くの集団遺伝学者にとって、まさに専門外の領域です」と、現在エストニアのタルトゥ大学で教授を務めるエリクソンは語る。

この研究はチキに強い印象を与えた。「当時は、人々の関心が人類進化における母集団構造へと向かうだろうと考えていました」と彼は言う。しかし実際にはそうならず、「内なるネアンデルタール人」仮説は独自に拡大していった。科学者たちは異種交配を定量化する新たな手法を開発したが、母集団構造によって同様の結果が得られるかどうかを検証することはほとんどなかった。チキにとって、それは科学ではなく、かつての人種進化に関する物語と同様の「ストーリーテリング」に過ぎなかった。

チキとトゥルネビーズは、自らの問題に取り組むことにした。「私はこれまで常に、科学、特に集団遺伝学に対して非常に懐疑的でした」と、現在フランス国立持続可能開発研究所の研究員であるトゥルネビーズは語る。「私たちは多くの仮定を置いており、使用するモデルは非常に単純です」。『ネイチャー・エコロジー & エボリューション (Nature Ecology & Evolution)』誌に掲載された2024年の論文で詳述されているように、彼らは人類進化のモデルを構築した。このモデルでは、大陸規模でランダムに交配する集団を、時折の移住によって結びついた多数の小規模集団へと置き換えた。そして彼らはそのモデルを100万回実行した。

シミュレーション終了後、彼らは、実際のホモ・サピエンスおよびネアンデルタール人のサンプルと最もよく一致するゲノムを生成した20のシナリオのみを抽出した。これらのシナリオの多くは、他の研究者がネアンデルタール人から受け継がれたと主張してきたのと同様の長いDNA断片を生成していた。さらに彼らは、ネアンデルタール人DNAの指標とされてきた複数の統計量が、実際には異種交配と母集団構造とを区別できないことを示した。また、異種交配を支持する多くのモデルが、人類進化の他の既知の特徴を正確に予測できていないことも明らかにした。

「あるモデルは、混交があったとする一方で、人間の多様性について私たちが実際に知っていることとはまったく相いれない多様性を予測してしまいます」と、チキは言う。「ですが誰も気にしていないようです」。

では、もしネアンデルタール人

Insider Online限定

eムックはMITテクノロジーレビュー[日本版]の
有料会員限定サービスです。
有料会員はすべてのページ、バックナンバーを
ダウンロードできます。

ご購入はこちら



<https://www.technologyreview.jp/insider/pricing/>

No part of this issue may be produced by any mechanical, photographic or electronic process, or in the form of a phonographic recording, nor may it be stored in a retrieval system, transmitted or otherwise copied for public or private use without written permission of KADOKAWA ASCII Research Laboratories, Inc.

本書のいかなる部分も、法令または利用規約に定めのある場合あるいは株式会社角川アスキー総合研究所の書面による許可がある場合を除いて、電子的、光学的、機械的処理によって、あるいは口述記録の形態によっても、製品にしたり、公衆向けか個人用かに関わらず送信したり複製したりすることはできません。