

1. はじめに

マンハッタン、アポロに次ぐ人跡未踏の計画が進行しつつある。ヒトの全塩基配列をコード化しようとするヒトゲノム解析計画である。ゲノムとは設計図のことである。現在、30億対のヒトゲノムのうち約5%が解析済みである。このペースでいけば2005年までに全塩基配列が決定される、というのが大方の見方である。そうなれば遺伝情報が人間社会に計り知れない影響を与えて、われわれの感情、態度、意味を決定的に変えてしまうだろう。(1)このような未来に関する倫理的研究は米国では既に行われており、近年では「遺伝子倫理学」という新語も登場している。日本でも早急のアプローチが求められる主題である。

2. 遺伝情報のしくみ

地球には300万種類から1000万種類の生物種がいると推定されている。驚くことに、生物界のこうした多様性はすべて同一の原理に由来する。言うまでもなく、あらゆる生物の基本単位は細胞である。ひとりの人間は60兆個の細胞からなり、その一つ一つに体全体の情報が埋め込まれている。細胞は大きくは細胞質と核からなるが、細胞質には小包体という物質があってこの表面にはリボソームという小さな粒が付着している。タンパク質はこの場所である指令に基づいて合成される。その指令情報は核のうちに染色体として保存されている。ヒトの染色体は22対の常染色体と、XXまたはXYの性染色体の計64本からなり、それぞれの染色体はDNA(デオキシリボ核酸)から構成されている。DNAはアデニン(A)、チミン(T)、シトシン(C)、グアニン(G)の四種類の塩基からなり、AはTと、CはGと相補的に二重らせん構造をなす。DNAの二重鎖は熱せられると1本ずつに「変性」するが、この変性DNAを全部数珠つなぎにすると1mほどの長さになる。この中に30億個の塩基が含まれる。これがヒトゲノムである。この情報量は塩基1個を1文字にたとえると「ふつうの単行本で25万冊分」(2)に相当し、距離にして1200億キロに及ぶ。これはひとりの研究者が1日に500文字解析できると仮定して3万年、千人なら30年かかる情報量である。これがいかに膨大であるかは改めて断るまでもなからう。しかし注意されなければならないのは、30億文字のDNA情報がそのまま遺伝子ではないということである。

このことを理解するために、タンパク質合成のしくみについて簡単に復習しておこう。DNA情報の大原則は核外への持ち出し禁止である。そのために遺伝情報を核外に持ち出すのは伝令RNA(mRNA)である。mRNAはDNAを転写してリボソームに遺伝情報を運び、トランスファーRNA(tRNA)がこの情報に基づいて細胞質に浮遊するアミノ酸を運んでくる。こうしてリボソーム上に次々とアミノ酸がもたらされタンパク質が合成される。その際にどのアミノ酸が指定されるかは3個の塩基配列で決まる。これを1コドンと言う。ただし、これにはアミノ酸を指令する有意なコドンと、無意味なナンセンス・コドンとがある。遺伝子とはこうした有意なコドンがいくつも連なって一塊になったものである。これをエキソンとも言う。ヒトの場合にはエキソンは

10万程度で全情報量の5%に当たる。残りの95%はタンパク質合成に無関係な意味不明なイントロンであり、「ジャンクDNA」とか「がらくたDNA」とか呼ばれる。(3)ヒトゲノム解析計画というのはこのようなDNAも含めて、とにかく30億個の塩基対配列を決定していくものである。

3. ヒトゲノム解析の推移

では、なぜこのような計画が構想されたのだろうか。こうした計画が可能であるためにはDNAの配列決定方法が確立している必要がある。この点は1970年の制限酵素と逆転写酵素の発見、1973年の遺伝子組み替え技術の確立、1980年代のRELP(リフリップ)とPCR法(ポリメラーゼ連鎖反応)の開発により技術的にはクリアされている。これらの技術は現に大腸菌、線虫、酵母などの細菌や微生物のほかに植物などの遺伝子同定にも応用されており特殊なものではない。ヒトゲノム解析計画の斬新さは技術よりも「われわれのゲノム」が試料にされるところに存する。

この計画が構想されて今年で約10年になる。そのきっかけを与えたのはノーベル受賞者のダルベッコであった。彼は1986年に『サイエンス』に掲載された「がん研究におけるターニング・ポイント：ヒトゲノムの配列決定」という論文で、個々の遺伝子を追うのではなくヒトゲノムの文字配列のすべてを研究して全遺伝子を明らかにすべきことを提案した。(4)それまで大方の関心は特定遺伝子におけるタンパク質合成のメカニズムの解明にあつたので、この提案に対しては研究者仲間から真っ先に異論が唱えられた。機能が分かっている遺伝子の塩基配列を決定するだけでも、偶然的な発見を別にすれば、チームがかりで何年もの歳月をかけなければならなかったのに、研究者たちがエキソン以外のイントロン部分にまで研究の手を伸ばすことに躊躇したのは当然だった。さらに他分野の研究者からは、このような研究にどれだけの意味があるのか、たとえ可能だとしても巨費に見合った成果がえられるのか、また基礎研究費が削減され地道な研究者がその煽りを受けないか、といった疑問が呈された。さらに一部の市民グループやマスコミからは、ヒトゲノム解析計画が遺伝的差別を助長するものだとして槍玉に挙げられた。結局、いくつかの試練を経たのちに、アメリカではNRC(全米研究会議)とOTA(米連邦議会・技術局)が計画の全面支持を打ち出し、NIH(国立衛生研究所)が国立ヒトゲノムセンターを創設するに及んで、1990年に「年間2億ドルで15年計画」という構想でDOE(エネルギー省)とNIHの共同研究としてヒトゲノム解析計画がスターとした。

しかし、実際には30億個の塩基対配列を決定するのに手作業では問題にならず、それに見合う技術開発が不可欠である。現在、米・英・日の先進国を中心にシーケンサーという自動分析機が使用されている。この機械を用いれば、500個ずつのDNA断片を1度に48サンプル処理することができる。A、C、G、Tの塩基はそれぞれ波長が異なるので蛍光処理すると互いに区別されるが、シーケンサーはこうした区別を自動的に行い、数時間で400から500塩基、1日で1万塩基を解析できる。サンガーが20年前に5386文字のX174ウィルスの全塩基配列を決定するのに3年の歳月をかけたのと比べると飛躍的な進歩である。それでも3年ほど前(1995年)までゲノム計画は華やかな謳い文句とは裏腹に当初の見込みをはるかに下回って推移してきた。ここにきて技

術も大幅にアップし、米国では年間で 3000 万塩基対、英国では 1800 万塩基対、日本では 500 万塩基対のペースで解読が進められている。しかし日本は米英に大きく水をあけられた格好になっている。そのために米英とは一線を画して、日本ではヒト遺伝子を目指したコンプレメンタリー DNA (cDNA) による解析方法がとられている。これはタンパク質合成を指示する mRNA を逆転写して DNA を再生し解析するものである。こうすればイントロン部分をもたないエキソン部分、つまりゲノム上に点在する遺伝子部分の DNA のみを抽出することができ、いたずらに「から」を引き当てなくてもすむわけである。米国には日本の「つまみ食い」を快く思わない研究者もいるが、発見された遺伝子の特許申請を急ぐ米国に対抗するには、このようななりふり構わぬ戦略も必要である。

4. ヒトゲノム研究の可能性

現在のペースでいけば、21 世紀初頭にはヒトゲノムの全配列決定が可能になるだろう。そうなれば DNA の機能解析が次に問題になる。DNA の配列決定が明らかになったというだけではさほど意味はない。ヒトゲノム研究では、DNA を構造面からのみならず機能面や情報面からも解析する必要がある。さらにはヒトゲノムの 95% 以上を占めるイントロン部分にも分け入り、他の生物種との DNA の構造的な「同一性」や「差異性」を明らかにして、DNA 生物系のルーツとその進化過程を理解することも大切である。これらがすべて解明されたとき、ヒトゲノム研究は間違いなく人類社会に多大の効用をもたらすであろう。例えば遺伝病、がん、エイズなどの奇病や難病を含む疾病の予防・診断・治療が可能になるのみか、新薬の開発、稲や麦などの穀物類の品種改良も可能になるにちがいない。さらにまた脳や免疫のメカニズムが解明され最終的に人間改造が可能になるかもしれない。まさに A. ハックスリーの「すばらしい新世界」を連想させる。しかし現時点では人間改造はユートピアでしかない。技術と倫理を問題にするときに注意されなければならないのは、「技術の現状」と「技術の可能性」を区別することである。一例を挙げよう。クローン羊ドリー誕生のニュースが全世界を震撼させたのは記憶に新しいが、この時も話題は一飛びにクローン人間の是非に及んでいる。ドリー誕生のニュースの真に見るべき点は哺乳動物での体細胞クローンの成功にある。この事実により常識が覆されたことになるわけだが、マスコミの関心はそうした学術的なことよりもヒトラーやアインシュタインのクローンの可能性に集中していた。1997 年 3 月 2 日付けの朝日新聞朝刊には「クローン羊に透ける『悪夢』」と題する記事が掲載され、欧米ではドリー誕生のニュースからヒトラーを連想した人が少なからずいたことが紹介されている。これなどはクローン技術の「現状」と「可能性」を混同した典型例である。

話を遺伝子治療に戻せば、現時点では遺伝子治療はごく一部に限定され、「実験」の域を出ていないのが実状である。遺伝子治療は原因遺伝子を取り除いて正常な遺伝子を組み込むことを目的としているので、デュシャンヌ型筋ジストロフィーのような病気では原因遺伝子が特定できても、筋肉細胞の一つ一つにこのような治療をほどこすことは不可能である(96 年 9 月に岡大付属病院で肺がん患者への遺伝子治療が開始されたが、この時はがん抑制遺伝子を直接患部細胞に組み込む方式がとられた)。それゆえ遺伝子治療の可能性があるとすれば北大で実施されたような ADA 欠損症の

治療である。この治療はA D A 遺伝子を運び屋ベクターを使ってリンパ球に取り込ませ体内に戻すというものである。(5)これも米国では効果があったという報告もあれば、なかったという報告もあり、その効果のほどは未確定である。

とはいえ、遺伝子組み替え技術を応用した遺伝子治療が将来にわたってもヒトゲノム研究の主流になることは目に見えている。遺伝子治療は大きくは(1)体細胞を目的としたもの、(2)生殖細胞を目的としたもの、(3)個体の機能強化を目的としたもの、(4)優生学を目的としたものに分類されるが、ヒトへの応用としては(1)だけが認められている。(6)遺伝子治療の安全性と効果が確認されていない現状では、他に治療方法がない場合にかぎって試みられるべきであろう。(2)は動物実験では実際に試みられている。ヒト遺伝子を組み込んだ商業用のクローン豚やクローン羊の生産はその一例である。クローン豚は臓器不足を解消するものとして、クローン羊は血友病などに有効なミルクを作り出すものとして、それぞれ期待されている。しかしその裏で「動物工場」を支えるクローン動物の死亡率が64%と「異常」に高いことも報告されている。(7)これは人間は神を演じてはならないというメッセージなのだろうか。(3)は遺伝性疾患に向けられたものではないので、その効果や安全性が(1)以上に問題になる。最新の研究によれば、生物の「死」は染色体の両端にある「テロメア」と呼ばれる遺伝子が分裂のたびに短くなり、ついには分裂できなくなることに起因しているのではないかとされている。そしてつい最近、その「テロメア」を若返らせる「テロメラーゼ」という酵素が発見されて話題を呼んだ。(8)この仮説通りだとすれば、秦の始皇帝以来の念願が叶うことになる。生物が「死」を失うとき、バラ色の未来になるか、灰色の未来になるかは謎である。(4)はグラバーの言う「積極的な遺伝子工学」に相当する。(9)しかし「積極的」と「消極的」の差異はそれほど明確ではないだろう。出生前診断でしばしば問題にされるダウン症児の中絶は「消極的」であるか「積極的」であるかは定かでない。ダウン症児を出産したがる母親には中絶は「積極的」に映るだろうし、出産したくない母親には「消極的」に映るだろう。すなわち「消極的」か「積極的」かの区別はけっして概念的なものではないのである。われわれはナチ優生学が遺した痛々しい教訓を忘れてはならないだろう。

いずれにしても、遺伝子組み替えや遺伝子治療は現段階ではまだ不十分な技術である。とすれば、現時点ではヒトゲノムの研究成果が「予測」や「予知」にあることが分かる。では、これに関連していかなることが倫理的に問題になるのだろうか。結論から言えば、それは遺伝情報をめぐる問題である。以下では米国で実際に起こったDNA配列決定の特許申請と遺伝子診断について見よう。

1991年にNIHのクレイグ・ベンターがヒトの脳から取り出した遺伝子の末端をコード化して2700個をいっぺんに特許申請するという、前代未聞の出来事がもちあがった。彼はこれらの断片配列がいかなる機能をもつのかを明らかにせず、物理地図のマーカースとして使えるという理由で特許申請をしたのだ。こうした所行にワトソンは憤激したと伝えられる。彼はスタート当初からDNAの全配列決定を目標にしていたので遺伝子のDNAのみを単離することに反対したのである。こうした特許申請が認められるならば、日々「遺伝子狩り」を続けている研究者たちの試料がごとく特許に抵触し、たとえ運良くDNA配列のコード化に成功したとしても、オリジナルな研究として認定されない恐れがある。このことは研究者たちの意欲をひどく減退させることになる。幸

い、ベンターの特許申請は却下されたが、これを機にDNA配列決定の特許申請についてのガイドラインが設けられた。それはDNA配列決定だけではなく、タンパク質の種類やその機能が解明されなければ特許として認められないというものだった。これはトマス・ジェファーソン以来新奇な発明に一目をおいてきた米国社会の伝統に根づくものだが、この裏には「役立つものは儲かる」という商業主義があることは否めない。この方向にいつその拍車がかかれば、遺伝情報をめぐる国家間や企業間の争いは熾烈をきわめ、遺伝情報のエンクロージャがいつそう進み、結果的に遺伝情報へのアクセスが阻害される恐れがある。特許を楯にとって一部の企業や政府機関が地球内生物の「共有財産」であるDNA情報を占有するのは百害あって一利なしである。このような情報は誰でもがアクセス可能な公開性にすべきであろう。もちろん、そのためにはさしずめDNA情報の管理をどうするかが問題になる。政府のような強大な権力機構に情報の管理を一任するのもよし悪しである。

遺伝情報の活用という点では、現に犯罪捜査や身元確認などに応用されているDNA鑑定が注目される。これはPCR法によって増幅された断片試料のDNAと、もう一方の試料のDNAとでバンド模様が一致するかどうかを調べるもので、フィンガープリント法とも呼ばれる。各人のDNAは250個から500個に1個ぐらいの割合で異なり、一卵性双生児でないかぎり一つとして同じものはない。文字が入れ替わったもの、文字が欠落したもの、あるいは別の文字が余分に挿入されたものなど色々である。DNAのバンド模様は指紋のように十人十色である。例えば中国残留孤児の身元調査は年々難しくなっているが、これは証拠不足に加えて関係者の高齢化がわざわざいしていると考えられる。このような状況下でことさら威力を発揮しているのがDNA鑑定である。また人類の起源やマンモスのルーツ解明にもDNA鑑定は一役買っている。今後ますますこうした傾向は強まるだろう。しかし米国での刑事裁判で度々問題にされたように、DNA鑑定の信憑性を全く疑ってかかる必要はないとは言えない。この検査法では「可謬性」を絶えず念頭におく必要がある。

さて、ヒトゲノムの解析が進むに連れて現在最も深刻になりつつあるのが遺伝子診断である。これまでに遺伝的疾患にかかわる遺伝子は、ハンチントン舞踏病、鎌状赤血球症、地中海貧血症、テイ=サックス病、デュシャン型ジストロフィ、血友病、レッシュ=ナイハン症候群などの奇病や難病を含めて4000個ほど確認されている。このうち治療法が確定しているのはわずかで、ほとんどは治療法の糸口ですら掴めていないのが実状である。そのためにハンチントン舞踏病のように50%の確率で優性遺伝し、発病後はただ死を待つだけの遺伝病では、事態はより深刻である。遺伝病の新たな発見はヒトゲノム研究が生み出した成果の一つであると同時に新たな遺伝的差別の火種になっている。その端的な例が保険問題である。米国では日本と違い公的な保険制度がないので、個々人が自分の意思で民間の保険会社に加入している。そのために保険会社の多くは加入希望者に遺伝子診断を義務づけ、もし病気になりそうであれば加入を拒否するとか、保険料を大幅にアップするとかいった対策をこうじている。保険制度は相互扶助が建前なので、公平さのルールからすれば、この対策は筋が通っているように見える。しかしこうした対策が日常茶飯事化している背景に「遺伝子決定論」があることは否めない。遺伝子の保有が直ちに遺伝病の発現につながるわけではないのに、遺伝子が過大評価されている結果である。最近日本でも大腸ガンの遺伝子診断が可能になっ

たが、大腸ガン遺伝子の保有が必ずしも「発ガン」を意味しないことを肝に銘じるべきである。遺伝子を論じるときには環境との関連を指摘しておくことは重要である。一卵性双生児が環境が変われば微妙に性格も異なるように、遺伝子は飽くまでも「傾向」として捉えられるべきであろう。こうした誤解は意外に根強く、「利己的遺伝子」まがいの「同性愛遺伝子」「派閥好き遺伝子」「性格遺伝子」「嫁いびり遺伝子」などがまことしやかに伝えられていることから窺える。(10) このことはわれわれの社会がいかに多くの偏見や差別を育てているか、ということの証左である。DNAレベルでは個人差は0.4%にすぎないが、この点がどんなに強調されようとも、人間社会から偏見や差別がなくなれないかぎり遺伝子信奉の傾向はますます過剰になっていくであろう。

5. 未来社会のモラル

最後に「技術の可能性」をめぐる問題について付言しておきたい。ここでは未来社会にかかわる世代間倫理としてわれわれのモラルが問われることになる。この問題を考えるには、人間の本性とは何かといった古くからある問いをもう一度掘り起こしてみる必要がある。伝統的には人間の本性について宗教的・道徳的・理性的・社会的・情緒的・欲望的などの様々な規定がなされてきた。しかしどのような規定がなされるにしろ、これまで本性の改造そのものが問題にされた試しはない。むしろ本性はいくら否定しても否定しきれない「根源的なもの」や「不変的なもの」と見なされてきたし、またそれが唯一の前提であった。ここにきてこうした常識が怪しくなっている。かりに人間の本性=ヒト遺伝子という公式が成り立つとすれば、本性はヒトゲノム技術によって改造され、現在の本性が「望ましくない」場合には「望ましい」方向に変更することが可能になろう。ただし、その場合には望ましい本性とはどのようなもので、また誰がいかなる基準で評価するかが問題にもなろう。かつてJ.S.ミルは「何かが望ましいことを証明する唯一の証拠は人々が実際にそれを望んでいることだ」と述べた。(11) この主張は論理的に飛躍があるけれども、真理の一面を突いている。人々が望んでいるものが「望ましい」かどうか疑わしいのと同様に、人々が望んでいないものが「望ましい」かどうか疑わしいのである。このことは現代人と未来人における世代間倫理にも当てはまる。現代人が「望ましい」としているものが、未来人にとっても「望ましい」かどうかは不明である。世代間倫理を論じるときにはこのような不可知論は常につきものだが、「望ましい」と「望ましくない」という語が相対的であることに変わりない。例えば「正常」が望ましい場合には「欠陥」や「異常」は望ましくないはずだし、また「背の高いこと」が望ましい場合には「背の低いこと」は望ましくないはずである。つまり、望ましい本性への改造は望ましくない本性を一方で包含しつつ、他方でそれを解消するという矛盾のうちに成立するのである。しかし望ましい方向で改造が進むとき、望ましくない本性はまさに望ましくない本性の「欠落」によって、とりたてて「望ましい」と形容されない同質的な格差のない本性へと変容しよう。こうしたユートピア社会では「個性」は存在しないにちがいない。なぜなら「個性」は多様性のうちにのみ見いだされ、同質性の中には見いだされないからである。恐らくこの社会では、まるで個性のない同質的な人間が満ち溢れていることであろう。もちろん、この状態をわれわれが望むかどうかは別問題だ。少なくともわれわれが意欲できないような社会は望むべきではないだろう。もしこうした視点が未

来社会の基準になりうるとすれば、ここに世代間倫理が成立する可能性がある。未来人が何を望み何を望まないかを推測するのではなく、われわれがいかなる未来社会を望むかが重要である。未来人の「権利」を想定して現代人に「義務」を割り当てたとしても、何が「権利」であるかが不分明である以上、理論的には不備は残る。とすれば、現代人が「望ましい」と考える価値観を前提にするよりほかに仕方がないであろう。

註

- (1) Cf. Joseph Fletcher, *The Ethics of Genetic Control: Ending Reproductive Roulette* (Buffalo & New York: Prometheus Books, 1988), p.11.
- (2) 山村伸一郎「遺伝子たちの大戦争！」(『別冊宝島 341 遺伝子・大疑問』 1997年) 238頁。
- (3) Cf. Phillippe Frossard, *The Lottery of Life: The New Genetics and The Future of Mankind*, 1991. (フィリップ・フロッサール『DNAと新しい治療』(渡辺格監修) NHK出版 1992年、52頁参照)。
- (4) 広井良典『遺伝子の技術、遺伝子の思想』中公新書 1996年、60頁。
- (5) 朝日新聞 1995年8月2日朝刊参照。
- (6) Cf. Eve K. Nichols, *Human Gene Therapy*, 1988. (イヴ・K・ニコルス『遺伝子治療とはなにか』(高木俊治訳) 講談社 1992年、25-30頁参照)
- (7) 朝日新聞 1998年1月21日朝刊参照。
- (8) 朝日新聞 1998年1月16日朝刊参照。
- (9) Cf. Jonathan Glover, *What Sort of People Should There Be?* 1984. (ジョナサン・グラバー『未来世界の倫理』(加藤尚武、飯田隆監訳) 産業図書 1996年、28-34頁参照)
- (10) 半沢裕子「トンデモ遺伝子の正しい読み方！」(『別冊宝島 341』) 177頁。
- (11) John Stuart Mill, *Utilitarianism*. In J. M. Robinson ed. *Essays on Ethics, Religion and Society* (London: Routledge and Kegan Paul, 1969), p.234.

参考文献

註で挙げたものは除き、主要なものだけを列挙する。

1. R・クックディーガン『ジーンウォーズ』(石館宇夫・石館康平訳) 化学同人 1996年
2. バートランド・ジョーダン『ヒトゲノム計画とは何か』(三宅成樹訳) 講談社 1995年
3. P・バーグ, M・シンガー『分子遺伝学の基礎』(岡山博人監訳) 東京化学同人 1994年
4. T・ハワード, J・リフキン『遺伝子工学の時代』(磯野直秀訳) 岩波現代選書 1979年
5. L・ウィンガーソン『遺伝子マッピング』(牧野賢治・青野由利訳) 化学同人 1994年
6. クリストファー・ウィルズ『シャーロック・ホームズ、ヒトゲノムに出会う』(中村定・山本啓一訳) ダイヤモンド社 1994年
7. 石川辰夫『分子遺伝学入門』岩波新書 1982年
8. 三浦謹一郎『DNAと遺伝情報』岩波新書 1993年

9. 渡辺格 『生命科学の世界』 NHKブックス 1995年
10. 中村桂子 『生命科学と人間』 NHKブックス 1989年
11. 松原謙一、中村桂子 『ゲノムを読む』 紀伊国屋書店 1966年

[付記]

本稿は第47回広島哲学学会大会（'96.11.9）での口頭報告に大幅に加筆修正して論文の形にまとめたものである。