

環境と遺伝がそれぞれどのような程度作用して、特定集団に特定の病気を高い比率で発症させるのか、それは未知の課題であるが、急速に研究が進んでいる領域でもある。

サンプル採取や系統樹表記をめぐる問題

まず集団のサンプル採取とその表象をめぐる問題を指摘しておきたい。系統樹やクラスタ研究などにおいて世界諸地域の集団を網羅するかのごとく記表されていても、実際にはそのような地域的分布や人口分布に沿ってランダムにサンプル採取をおこなっているわけではまったくない¹⁷⁾。むしろそれを妨げるのは、物理的、政治的な問題である。現実には調査対象の国や集団の自治領などの許可が必要であり、政府によって集団が命名されている場合も多い。しかし科学的手法という名の下に隠蔽されているのは、アブリオリとされているラベル化された集団の存在と境界である。さらにいえば、サンプル採取のために、とりわけ人らしい人が探求され、選択される、という現実である。サンプル採取での「混血」の意図的排除は常であり、その裏には「純血」の人の存在という前提がある。そのようにして採取され、集団名を冠したサンプル個人の平均値と、別の集団名と範疇の下で同じような手法で採取されたサンプル個人の平均値とのあいだに差異が生じるのは、ある意味、統計学には必然の結果である。つまり系統樹やクラスタ研究での遺伝的差異の発見とは、本来、連続体である人間の多様性のある断片に名前をつけ、別の箇所の断片と比較して、その間の差異を確認するという作業なのである。コンピュータのカラー・グラデーションをイメージすればよい。本来無数の色の連続帯であるにもかかわらず、われわれは「赤」「青」「黄」と色彩の語彙やカテゴリーのレンズから色を抽出する。「赤」「青」「黄」らしいスポットを選んで色を比べれば、当然明らかな差異が存在する。むしろヒトの変異には、カラー・グラデーションとは異なり、分布が必ずしも均等ではないが、しかし、いずれも連続帯であり、しかもブレイス／瀬口論文が唱えるように、ひとつの遺伝的要素と別の要素は基本的に独立していて無関係なのである。

この点は、最近ごく一部の形質人類学者のあいだでも自省が促されており、新しいラベリングが模索されている。

たとえばS・オーズリーらによる提唱では、集めた人骨に既存の集団名をつけるのではなく、大陸名、国名、地域名、市名、村名、墓地名、時代、文化などの情報にもとづいて分析することによって、従来の集団内の多様性が明るみにされるとする (Ousley et al. 2003)。

ここで集団の単位やラベルの問題をひとまずおくとして、集団間の系統関係や近縁関係についても言及しておきたい。われわれは、よく「日本人」「アイヌ人」「モンゴル人」などといった単位で集団間の距離の近さや「ルート」を示すとされる系統樹を目にする。遺伝学では、集団間の近縁関係を示す場合、多くの遺伝子座を用い個々の配列データに含まれる塩基座位の種類と数を決定する。しかしX、Y、Zという三集団の近縁関係は、すべての遺伝子座において同一ではないし、遺伝子座によっては系統学的に有効な塩基置換を一つ以上もつものもあり、その場合同一遺伝子座においても、異なる系統関係を支持する場合がある。

斎藤と根井 (Cario and Nei 1986) が生み出した「近隣結合法」^{ネイバージョインイング・メソッド}は、現在でも国際的に認知される手法で、本書のブレイス／瀬口論文も形質の類似をみるためにその手法を応用している。この手法によって表される遺伝的近縁図のメリットのひとつは、一般的な系統樹のような根をもたず、より立体的な近縁関係のマトリックスを表せることである。ただ系統樹は、本来入れ子構造が実態で、分岐時点も学説により異なるため、注意が必要である。

系統樹の枝の長さは、通常分岐してからの時間を意味する。ヒトと新世界猿のように確認された種分化の時間間隔が三五〇万年前と遠い場合は、どの遺伝子で分析しても系統樹に変化はないが、たとえばヒトとチンパンジーのように種分化の時間間隔が五〇〇万年前と比較的短い場合、どの遺伝子を指標とするかで系統樹も変わってくる。ましてやヒトの系統樹は、分析する遺伝子座の選択に大きく左右される。たとえば合着 (coalescence) (あるいは「合祖」) 時間の浅いミトコンドリアDNAのシステムと、βグロビン (ヘモグロビンのタンパク質成分) やヒト白血球抗原 (HLA) のように合着時間のはるかに深いシステムとでは、同じサンプル内でも差が大きいといわれている (Caspary 2003: 2)。合着とは、ふたつ以上の個体に存在するある遺伝子の系譜を辿ると、現在分岐しているものが過去において共通の遺伝子であったり、逆に過去分岐していたものがその後共通の遺伝子となったりしている場合、その合流を指す。

さらにヒトの集団間の差異は、他の大型哺乳類に比べると低次元にすぎず、人間以外の種の亜種を特定する際に用いられる通常のしきい値 (threshold) をはるかに下回るという。もっともこのしきい値も、研究者によって恣意的に決められていることが指摘されている (Templeton 2003)。最近の SNP 研究でさえ、どの遺伝マーカーを分析に用いるかによって多様性の評価が大きく変わりうるのである。

ここで話を複雑化させないために、遺伝子座の数と近縁関係に限定して、その問題点をさらに深めて考えてみたい。颯田によると、ゴリラとチンパンジーとヒトにおいても、遺伝子座の数を基に近縁関係を探ると、約六〇パーセントの場合ヒトとチンパンジーがゴリラよりも近縁であることを示すが、残りそれぞれ約二〇パーセントは、ヒトとゴリラの近縁、チンパンジーとゴリラの近縁を示すという⁽⁷⁶⁾ (颯田二〇〇〇)。これらの平均値をとる作業を経て一次元的な図に変形すれば、われわれが一般に知るようにヒトとチンパンジーの関係が三者のなかでもっとも近いことになる。しかしそのように近縁関係をテクスト化すると、途端に実際の特定の遺伝子座によるヒトとゴリラの近縁関係や、ゴリラとチンパンジーの近縁関係が抹消されるのである。系統樹はさまざまな遺伝子座にもとづく数値の平均値を基準とし、種分化を推測するにすぎない。平均値をとるにより多角的な近縁関係が一次元に還元される危うさを示す事例である。さらに集団とされるものも、社会的集団 (group) にもとづく場合が多く、必ずしも系統的意味をもつ集団 (population) と一致するとは限らない。

合着 (合祖) モデルが、人種概念に生物学的実体が存在しないことを示すのに有効だとする指摘がある⁽⁷⁹⁾ (Long 2003)。合着モデルによれば、各個体に共通の対立遺伝子の合着は人類史上かなり古い時間まで遡らなければならない。したがってほとんどの遺伝子座では、ある大集団に共通する対立遺伝子は人類すべての種に共通したものとなっている。またもうひとつのさわめて興味深い事実は、分集団 (subdivided population) において、ある DNA 配列の出自の系統と集団そのものの出自の系統とが必ずしも一致しないということである。DNA の系統樹と集団の系統樹は、集団が二万人以下の小さなサイズで、人類史上、ごく早い時点で他から分岐していないかぎり、重なることはないという (Long 2003: 13)。R・ダンドラーデと P・モリンによれば、ピグミー人の遺伝研究で頻繁に取りあげられる集団の、

集団内におけるミトコンドリア DNA の差のほうは、非アフリカ人との差より大きく、系統図に示されるような共通の出自集団としての根拠は存在しないという (D'Andrade and Morin 1996)。すなわちこの集団は、歴史的な集団の分裂や統合の結果、社会的に生成した集団で、ひとつの共通の祖先をもっているわけではないということである。同様のことは他の多くの集団にも当てはまるであろう。だからこそ、系統樹の集団名称の単位は、国民、国家内のエスニック集団、言語集団など、一貫性を欠き、その集団の範囲やラベルの選定には恣意的要素が多分に介入しているといえるのである。

カスパリは、アメリカ自然人類学における人種研究史を概観した論文のなかで、類型から集団へと研究単位が変容したものの、二〇世紀の自然人類学者の多くは、人種を集団に言い換えただけであり、遺伝子であれ形態であれ、集団を他集団から隔離された交配集団だとみなす傾向を指摘している。遺伝学的集団研究も類型論的な研究の域を脱していないという批判である (Caspari 2003: 74)。それは、池田も以前から指摘していることである。たとえば DNA の塩基配列を用いたところで、集団間の近縁か否かの議論は、本来確率の問題であって、系統を反映するという推論にもとづくもの⁽⁷⁸⁾にすぎないと、系統分類に対する批判的な検証の必要性を促している (池田一九九二:二〇〇〇)。

さらに、M・リドレーが『やわらかな遺伝子 (Nature via Nurture)』のなかで雄弁に論じたように、遺伝子はそれだけでは作用せず、あくまでも環境をとおして発現するという事実をわれわれは銘記すべきであろう。遺伝子と環境はともに柔軟で、しかも相互に密接に絡みあっている。ハーローのサルは、ある種の母親を選び好む遺伝的傾向を示すが、母親の愛がなければうまく育たない。ローレンツのガンのひなは、環境によって与えられたものを親として刷りこむように、遺伝的にプログラムされている。ミネカのヘビは、本能的な恐怖を誘発するが、恐怖反応を示す仲間がそばにいる場合に限られているという。遺伝子はあくまでも環境をとおしてはじめて機能するという事実である。

本節では、自然科学、とくに最新の遺伝学的研究における「アジア人」「ヨーロッパ人」「アフリカ人」などの用語や遺伝学的手法などについて、批判的に考察してきた。しかし強調しておきたいのは、ここでの議論は、科学自体を批判する性格のものではないということである。たとえば最新の遺伝子情報を用いた医療現場では、分類された集団

ごとの罹病率や投薬効果に関する知識の蓄積が、個々人のオーダーメイドの治療に活かされつつある。科学から分類やラベリングを奪うことは、不可能であり、非生産的である。問題はそれではない。本来文化的社会的価値とは無関係であると思われる科学も、結果の社会的な解釈や意味づけだけではなく、その出発点においてすでに、多分に文化的社会的構築物に影響を受け、束縛されているという事実をも直視する必要があるのである。そして人間集団間の遺伝学的差異を強調するのではなく、人間集団間の遺伝学的同一性や差異の少なさにもっと関心が注がれてよいのではないだろうか。また、えてして遺伝決定論に陥りやすい議論を阻止するために、遺伝子が発現するか否かがいかに環境の力によって支配されているかにわれわれは関心を向けるべきではないのだろうか。

第六節 分類という常套手段と暴力

人種にせよ集団 (population) にせよ、そこにはらまれる最大の問題は、そもそも分類という行為自体が内在的にもちうる矛盾と暴力である。分類とは人間の業ごうであり、回避不可能である、そしてその分類を「人種」のように目に見える外見上の違いにもとづいておこなうのは人間にとって自然の帰結である、という考え方があつた。人種概念を否定したところで、白人と黒人とのあいだに明らかかな身体的な違いがある以上、分類の欲望という人間の本性から自由になれるわけではない、という主張である。しかし本当にそうであろうか。ここでアプリアオリとされているのは、視覚的認知が分類に先行するという発想であるが、そうではなくて、分類があつてそのレンズをとおして認知している、という考え方も成り立つはずである。本章で言及した色のシンボリズムや自己/他者認識の指標に関する非欧米社会の事例などは、外見上の違いの認識自体を相対化させてくれるものであろう。

それでは人間の分類を回避することははたして可能なのだろうか。これにはしばしばふたつの思考方法が提案されてきた。ひとつは人間としての共通性を強調し、ホモ・サピエンス、人類という最大カテゴリーのみを有効とする考え方である。しかし鷺田 (二〇〇三) が指摘するように、共通性の追求の先に究極的に存在するのは、同時に他者を認識する行為でもあるのである。『反人種』を著したギルロイも、宇宙人の侵略とそれによる人類の団結という想定でもって人種の解消を唱えなければならなかった (Gilroy 2000)。もうひとつはその逆で、個々の人間がそれぞれにもっている個性の差を強調することによって、それぞれを変異と捉えて、分類から自由になろうとする思考方法であ