

「遺伝子の進化」

シドニー・ブレンナー博士

広範多岐にわたる生物から得られる遺伝子配列の収集は、たゆみなく膨れつつあります。それは配列と機能を対応させる試みだけでなく、系統発生や進化の研究にとっても素晴らしい情報の宝庫なのです。特定の表現型を誇張すると、差異の程度の判断を歪めることがあり得ますが、遺伝子型を直接調べることで表現型の複雑さに惑わされることなく生物間の関係が明らかになります。二つの異なる生物からの同じ遺伝子を比較すると、客観的かつ定量的に系統発生における距離が測定され、それらの一番近い共通の祖先の遺伝子の構造について、何らかの言及が可能になります。つまり、二つの子孫の系統が分かれてから今までの間に、もともとの遺伝子の特徴が十分に保存され、遺伝的な変化によって洗い流されなかったとすれば、遠い昔に存在した遺伝子の構造を推論することができるというわけです。いくつかの適当な例においてはそれがうまく当てはまることもあり、ずっと以前に絶滅した生物の遺伝子構造について言及が可能になります。こうして遺伝子とゲノムの起源と進化について仮説を立て、検討することができるのだということを皆さんに紹介したいと思います。

“Gene Evolution”

Dr. Sydney Brenner

The constantly growing collection of gene sequences from a wide variety of living organisms is an incredible mine of information, not only for trying to connect sequence and function but also for the study of phylogeny and evolution. The direct examination of the genotype reveals relations between organisms that are uncontaminated by the complexities of phenotypes, in which the exaggeration of particular features can bias judgments of the extent of differences. Comparisons of the same gene from two different organisms produces an objective and quantitative measure of phylogenetic distance and allows us to say something about the structure of the gene in their last common ancestor. This means that we could deduce the structures of genes that existed a long time ago provided that, in the time interval since the two lines of descent separated, enough of the features of the original gene have been preserved and not washed out by genetic changes. I hope to show you that this can be done in some appropriate cases and that we can say something sensible about the structures of genes of long vanished organisms, and in this way we can formulate and test hypotheses about the origins and evolution of genes and genomes.