



Evolutionary Theory for

**CONSTRAINED & DIRECTIONAL DIVERSITIES**

Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas

Constrained & Directional Evolution Newsletter Vol. 4 No. 6 (2020)

新学術領域研究

## 進化の制約と方向性

～微生物から多細胞生物までを貫く表現型進化原理の解明～



シンポジウム「Genomic Inference of Gene Regulatory Networks Underlying Development, Regeneration, and Evolution」開催報告

表紙: ネットイツメガエル *Xenopus tropicalis*  
(写真: 理化学研究所IMSセンター長室 大庭典子)

# 目次

日本発生生物学会 オンラインライアルミーティング 2020 シンポジウム 3 「Genomic Inference of Gene Regulatory Networks Underlying Development, Regeneration, and Evolution」開催報告	安岡有理、上坂将弘	1
シンポジウム 3 「Genomic Inference of Gene Regulatory Networks Underlying Development, Regeneration, and Evolution」概要		2
シンポジウム講演要旨		
1. Pruning developmental gene regulatory networks using linked self-organizing maps	Ken Cho (UC Irvine)	3
2. Genome-wide measurement for fluctuation of gene regulatory networks in <i>Xenopus</i> embryos	Yuuri Yasuoka (RIKEN IMS)	4
3. Comparative transcriptomic approaches toward understanding the evolution of a drastic phenotypic plasticity of leaf in amphibious plants	Hiroyuki Koga (Univ. Tokyo)	5
4. Regulatory cocktail for dopaminergic neurons in ascidian identified by single cell transcriptomics	Takeo Horie (SMRC, Univ. Tsukuba)	6
5. The epigenetic basis for positional memory during Axolotl limb regeneration	Akane Kawaguchi (IMP)	7
6. Testing the recapitulative pattern in vertebrate embryogenesis from the perspective of gene regulation	Masahiro Uesaka (RIKEN BDR)	8
連載エッセイ(27) なぜ読書するのか	倉谷滋	9

# 日本発生生物学会 オンラインライアルミーティング 2020 シンポジウム3 「Genomic Inference of Gene Regulatory Networks Underlying Development, Regeneration, and Evolution」 開催報告

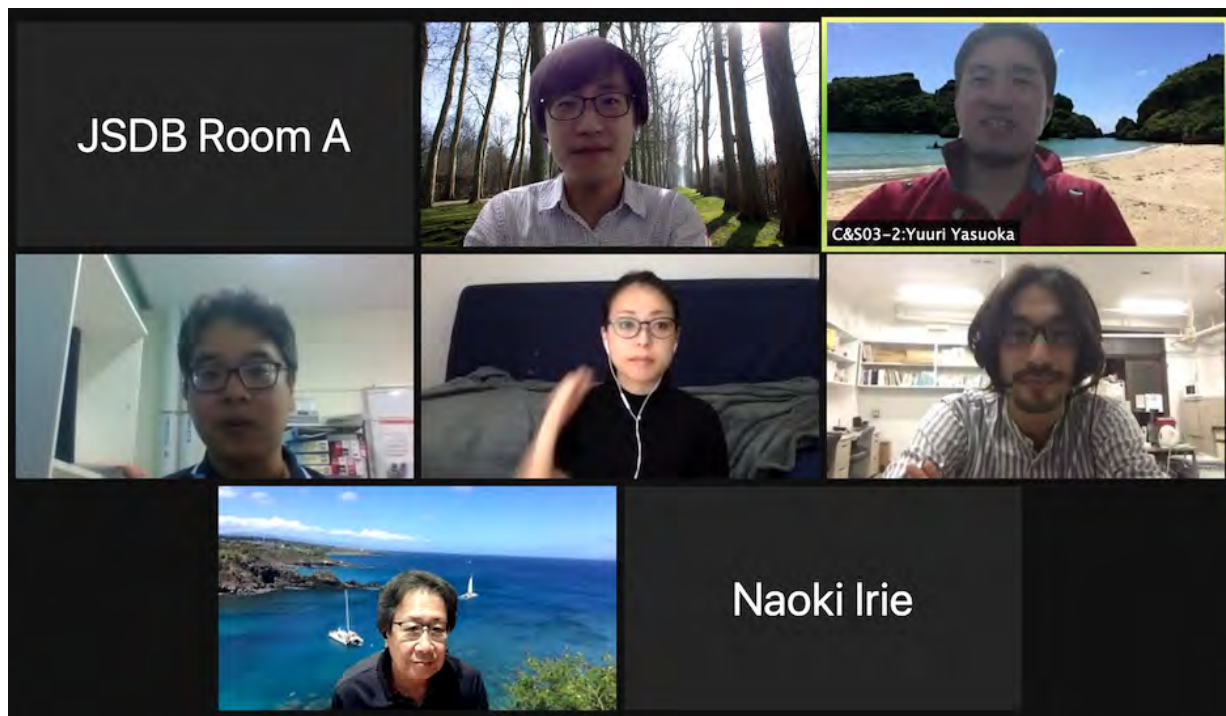
安岡 有理、上坂 将弘(理化学研究所)

2020年9月24日から25日にかけて、日本発生生物学会によるオンラインライアルミーティング 2020が開催されました。本ミーティングは、第53回熊本大会が新型コロナウイルスの大規模な流行により開催中止となったことを受け、企画されました。そのため、発生学会としては初のZoomやRemoといったオンラインプラットフォームを利用したイベントとなりました。今回は、本新学術領域共催のシンポジウムとして「Genomic Inference of Gene Regulatory Networks Underlying Development, Regeneration, and Evolution」を開催いたしましたので、その報告をさせていただきます。

本シンポジウムのメインテーマは“遺伝子制御ネットワーク”です。この数年で、益々普及したオミックス技術のおかげで、様々な生命現象の背景を、遺伝子同士のつながりという観点から理解できるようになりました。

今回のシンポジウムでは、この遺伝子制御ネットワークの視点から発生や、再生、進化研究を行っている研究者に発表をお願いしました。国内だけでなく国外から参加した発表者もいたため、国境を越えた移動の必要がないことは、オンラインならではの恩恵だったと思います。一方で、時差の影響が顕著で、発表時間が夜や朝になってしまった方もおり大変だったと思われます。改めて、発表を快諾していただいた発表者の方々には感謝申し上げます。

本シンポジウムは、最大参加者数が85名にもなり、質疑応答でも活発な議論ができたように思います。その後のオンラインでの懇親会にも様々な方が参加してくださり、楽しい会になりました。



本シンポジウムの発表者

## Symposium3: “Genomic Inference of Gene Regulatory Networks Underlying Development, Regeneration, and Evolution” 概要

企画者:

Yuuri Yasuoka (RIKEN IMS)

Masahiro Uesaka (RIKEN BDR)

講演者:

Ken Cho (UC Irvine)

Yuuri Yasuoka (RIKEN IMS)

Hiroyuki Koga (Univ. Tokyo)

Takeo Horie (SMRC, Univ of Tsukuba)

Akane Kawaguchi (IMP)

Masahiro Uesaka (RIKEN BDR)

日本発生生物学会 オンラインライブミーティング 2020

2020 年 9 月 25 日 (金) 14:30-17:00

趣旨:

Genomics approaches have improved our understanding of developmental and regenerative processes of multicellular organisms, at levels of regulatory networks involving various number of genes. Currently, integrative trans-omics approaches are becoming crucial to discover novel principles of gene regulation and cell differentiation. In this symposium, we invited speakers exploring the overview of gene regulatory networks using various model systems (vertebrates, invertebrates, and plants) for the massive data analysis (e.g. single-cell, time-course, and so on). On the basis of their talks, we would like to discuss about the "predictability" of genotypes, phenotypes, and evolution, as a next direction of the developmental biology.

Yuuri Yasuoka      Hiroyuki Koga

comparative transcriptomics

multi-omics data analysis      single-cell transcriptomics

Ken Cho      Masahiro Uesaka      Akane Kawaguchi

comparative epigenomics

Takeo Horie

▶ You are welcome to participate in our mixer.  
- Zoom URL was sent to all participants yesterday.  
- Zoom URL was also written in chat of this Zoom Webinar.

▶ シンポジウム終了後、Zoom懇親会を開催いたします。お気軽にご参加ください。  
- URLは昨日学会事務局からメールにて送信しております。  
- このZoomのチャットにもURLを張り付けてあります。

C&S03-2:Yuuri Yasuoka

シンポジウムの趣旨説明

**[S03-1]**

**Pruning developmental gene regulatory networks using linked self-organizing maps**

○Ken Cho

(UC Irvine)

High-throughput sequencing datasets have become a valuable resource in building gene regulatory networks (GRNs). However, integrating high dimensional data comprised of different data types (RNA-seq, ChIP-seq and ATAC-seq) is challenging. Among these challenges is that a single ChIP-seq or ATAC-seq dataset often uncovers tens of thousands of binding sites, and it is difficult to assess which binding sites are functionally important. Here, we applied Self Organized Maps (SOMs) for dimensional reduction to generate DNA-SOM (DNA regulatory regions) and RNA-SOM (gene expression profiles). Then, RNA and chromatin clusters are linked to each other based on genomic proximity, which could be interpreted as genes in one RNA-SOM cluster. Using the linked-SOM, we identified likely active regulatory regions, which are chromatin regions combinatorially bound by transcription factors (TFs), and validated their germ layer-specific activity using reporter assays. Our analysis recovered both known and previously unsuspected TF-DNA interactions, in addition to generating predictions for TF-TF interactions and missing TFs in the GRN. Therefore, the linked SOM is a powerful approach in building GRNs based on high dimensional genomic data sets.

[S03-2]

## Genome-wide Measurement for Fluctuation of Gene Regulatory Networks in *Xenopus* embryos

ツメガエル胚初期発生における遺伝子制御ネットワークの揺らぎ測定

○Yuuri Yasuoka  
(RIKEN IMS)

Rewiring of gene regulatory networks (GRNs) is one of the biggest driving force for evolution of cell types and body plans. However, it has never been examined how GRN evolves dynamically in short time-scale (e.g. individuals and species), which is important to understand constrained evolution of GRNs, quantitatively and theoretically. Here we hypothesized that the fluctuation of relationships between transcription factors and their target genes in individuals correlates to intra- and inter-species variations of GRNs. To examine this “fluctuation-response theory” on GRN evolution, we performed functional genomic analyses using *Xenopus tropicalis* embryos. In this study, we focus on GRNs controlled by Otx2/5 transcription factors which play crucial roles for head formation throughout early embryonic development. Single-embryo RNA-seq data demonstrated that expression levels of weakly expressed genes are more fluctuated between siblings and clutches. Furthermore, RNA-seq data of Otx2/5 knockdown embryos showed that expression levels of clutch specific downstream genes are more fluctuated than those of reproducible downstream genes between clutches. To examine how Otx2/5 binding patterns and genomic sequences of cis-regulatory regions correlate with fluctuation of gene expression profiles, we also performed ChIP-seq for Otx2/5 using embryos collected from the same clutch as used in RNA-seq and genome re-sequencing of the parent frogs. Now we are integrating those data to find the source of fluctuation of GRNs and the correlation between fluctuation and evolution of GRNs.

Keywords:

*Xenopus tropicalis*, ChIP-seq, single-embryo RNA-seq, Otx2, GRN

[S03-3]

**Comparative transcriptomic approaches toward understanding the evolution of a drastic phenotypic plasticity of leaf in amphibious plants**

水陸両生水草の葉が示す劇的な表現型可塑性の進化の理解に向けた比較トランスクリプトームアプローチ

○Hiroyuki Koga

(Univ. Tokyo)

Aquatic plants often show drastic phenotypic plasticity in leaf, which is called heterophylly. When the plant submerged underwater, it forms quite different leaves from which is formed in the plants on land. This peculiar trait has been studied using various aquatic plant species. However, the molecular basis of differential modes of leaf development and the evolutionary trajectories of this trait is largely remained to be understood. We are addressing these points using a novel model aquatic plant, *Callitriche*. This genus has a notable biological background for the Evo-Devo study. Namely, they have preferable features as laboratory plants for developmental study and include species with various life types. Whereas some *Callitriche* species show drastic heterophylly, others do not have such traits because of either ancestral state or secondary loss. As the plants had not been subjected to molecular biological research and thus had lacked genomic information, comparative transcriptomic analyses, as well as developmental analyses of leaves, were conducted to obtain the primarily important gene set for heterophylly using a heterophyllous species. Furthermore, interspecific comparisons of transcriptome profiles were also performed to address the evolutionary modification of the gene regulatory system for the heterophylly. In this presentation, I would like to introduce the overview of our research and discuss how this phenotypic plasticity is carried out in those plant and has evolved in this lineage, from a developmental view.

Keywords:

Leaf development, Heterophylly, Phenotypic plasticity, Aquatic plant



[S03-4]

## Regulatory cocktail for dopaminergic neurons in ascidian identified by single cell transcriptomics

単一細胞トランスクリプトーム解析によるドーパミンニューロンの分化を制御する転写因子カクテルの同定

○Takeo Horie

(SMRC, Univ of Tsukuba)

Dopaminergic (DA) neurons mediate a variety of reward behavior in vertebrate. There are several classes of DA neurons in vertebrate brain including midbrain DA neurons and hypothalamus. Characterization of the molecular programs controlling differentiation of DA neurons is crucial for understanding this important neuronal cell type. For this purpose, we sought to identify regulatory genes for differentiation of DA neurons in the ascidian, *Ciona intestinalis*.

The CNS of the *Ciona* consists of 177 neurons that share a number of similarities with vertebrate brains. *Ciona* larvae contains single cluster of DA neurons which located in ventral region of the sensory vesicle. Here we perform whole embryos single cell RNA-seq assays to elucidate the regulatory network underlying the specification of DA neurons. We identified the transcription factor Ptf1a is the most strongly expressed cell-specific transcription factor in DA neurons. Knock down experiment of Ptf1a results in loss of DA neurons, while misexpression of Ptf1a results in the appearance of supernumerary DA neurons. Photoreceptor cells and ependymal cells are the most susceptible to transformation, and both cell types express high levels of Meis. Co-expression of both Ptf1a and Meis caused the wholesale transformation of the entire CNS into DA neurons. We therefore suggest that the reiterative use of functional manipulations and single cell RNA-seq assays is an effective means for the identification of regulatory cocktails underlying the specification of specific cell identities.

Keywords:

ascidian, single cell RNA-seq

[S03-5]

## The epigenetic basis for positional memory during Axolotl limb regeneration

脊椎動物の四肢再生における位置記憶のエピゲノム制御

○Akane Kawaguchi, Siegfried Schloissnig, Sergej Nowoshilow, Elly Tanaka

(IMP)

Axolotl limbs are great tissue regeneration models with a three major segments: upper arm, lower arm and hand. When the axolotl limb is amputated at any position, the remaining limb tissue forms a blastema which contains progenitor cells and re-forms a fully patterned limb. Blastema cells maintain a positional identity of their proximo-distal origin. This phenomenon is called positional memory. How axolotl limb cells maintain and blastema cells re-activate a positional memory during regeneration at the chromatin level is elusive.

To reveal this question, we are investigating the HoxA and HoxD gene clusters which are well-known for establishing proximo-distal and anterior-posterior identity during limb development. HoxA and HoxD genes are expressed in spatio-temporal manner from the 3' to the 5' end of the Hox cluster, which is as known as Hox collinearity. One of our aims is to address the mechanisms of epigenetic regulation of the axolotl HoxA and HoxD gene clusters in limb bud cells, mature limb cells (in patterned segments) and the blastema.

To investigate the epigenome landscapes, we analyzed open chromatin status and RNA expressions using ATAC-seq and RNA-seq from the three different limb segments as well as limb bud and blastema. We find that, in mature limb segments, Transcription Start Site (TSS) of HoxA genes are opened in a position-specific manner, while TSS of HoxD genes are opened in all three limb segments. We are currently analyzing Hox gene knock out axolotls to test their function in limb development and regeneration.

Keywords:

Limb regeneration, Positional memory, Epigenome regulation, Chromatin landscapes

[S03-6]

**Testing the recapitulative pattern in vertebrate embryogenesis from the perspective of gene regulation**

遺伝子制御の理解から目指す脊椎動物胚発生における反復的パターンの検証

○Masahiro Uesaka<sup>1</sup>, Shigeru Kuratani<sup>1</sup>, Hiroyuki Takeda<sup>2</sup>, Naoki Irie<sup>2</sup>  
(RIKEN BDR<sup>1</sup>, Univ. of Tokyo<sup>2</sup>)

Recapitulation is a hypothetical concept that assumes embryogenesis of an animal parallels its evolutionary history, sequentially developing from more ancestral features to more derived ones. Recent transcriptome-based studies have shown the conserved gene expression profiles at the mid-developmental stages of vertebrate embryogenesis, rather than at the earliest stage. These results refute the recapitulative pattern of gene expression throughout embryogenesis, but not during the mid-to-late embryogenesis. In fact, a number of phenomena recognized as recapitulation are enriched at later developmental stages. However, no molecular-level evidence has yet been obtained. In this talk, by examining the evolutionary changes in gene regulation, we will show molecular-based supports for the recapitulative pattern of gene regulatory activities in the mid-to-late embryogenesis. In this study, we collected ATAC-seq data set from early-to-late embryos of three vertebrate (mouse, chicken, and medaka). By estimating gene regulatory regions and their evolutionary ages, we found that, from the mid-developmental stages onward, genomic regions tend to become sequentially accessible in a similar order of their evolutionary ages, suggesting that evolutionarily newer gene regulations tend to be activated sequentially at later stages. Although the evolutionary mechanism underlying the recapitulation remains unknown, our findings indicate an evolutionary bias of developmental changes being added toward later stages in embryogenesis.

Keywords:

Recapitulation, Parallelism, Gene regulatory evolution, ATAC-seq, Developmental hourglass model

## なぜ読書するのか

倉谷 滋

「私は批評しなければならない本は読まないようにしている。読んだら影響を受けてしまうからだ」

オスカー・ワイルド

先日三宮駅前のJ書店に行った折り、ピエール・バイヤール(Pierre Bayard)著の『読んでいない本について堂々と語る方法』という、世にも不遜なタイトルの本に出くわした。それも、私が気に入っているちくま文庫のコーナーで、である。「こりゃ読まなきゃイカン」とさっそく手にとって開くと、いきなり目に飛び込んできたのはオスカー・ワイルドによるありがたき箴言。「私は批評しなければならない本は読まないようにしている。読んだら影響を受けてしまうからだ」。おっと、アブナイ。危うく読んでしまうところだった。

### ■ 読まずに済ます

文学者なれば本は読んで当たり前と誰もが思う。が、バイヤールによれば、本には洗脳力があるから、へたな読み方をしてはいけないのだという。なるほど、あらためて考えてみればもっともなことだ。私にも覚えがある。書評など、いろいろな意味でその最たる例だ。

プロによるものであれ、素人によるものであれ、その本の内容をただ繰り返しているだけでは書評とは言えない。一所懸命読んだ結果として言いたくなかったことを全て書こうとすると、それは結局その本の著者の意見を詳細に繰り返すことになってしまう。これではとても書評とは言えない(とはいえ、世の中にその程度の書評はかなり多い)。ましてや、その本をこき下ろすような批評もあまり読みたくはない。そこから聞こえてくるのは評者の嫉妬や呪詛なのである。その評者にとって腹立たしい本であっても、私が読めば楽しいかも知れず、誰かを憤慨させるからこそ、部外者には滑稽に聞こえることもある。少なくとも「この本はこう読まねばならない」という決まりなどこの世にない。

私の読みたい書評は、本の内容と評価者の考えが絶妙に相互作用を起こし、それらの総和以上の何かがある地平にまで読者を連れて行ってくれるようなものなのである。いわば、著者と評価者の有機的コラボレーションになっていなければならない。そして、そんな書評を読む度に思うのは、「この評者、この本をまともに読んでないな」ということなのである。しかし、それでも面白いものは面白い。自分が著者ならなおのこと、そんな書評に出会うのは幸せなことなのである。なぜと云って、自分の世界が外の世界のどこに繋がっているのか、それまで気がつかなかったことに気づかせてくれるからだ。

そういった観点からすると、よい書評を書く評者は十中八九、その本を精読していない、いやそれどころか、流し読み程度にしか読んでいないのではないかとすら思わせる。その位でないと、客観的で面白い書評は書けないのであろう。あるいは、読書を通じてものを考えることができないのであろう。私の書いた分厚い本を読了したある知人は、「読書という経験は、いわばあなたとの性交でした」とのたまったが(ちなみにそいつは男だった)、著者としてはそこまで他人の人生に深入りしたくない。むしろ、拙著をヒントに何か面白いことを見せて欲しい。そんな、気の利いた会話程度のコミュニケーションとして成立して欲しいと思うのである。

それについていつも思うのが、他人の研究発表を聞くのが辛い、という一般的傾向である。別にサボりたくて言うのではない。退屈しているわけでもない。むしろ逆だ。書評と同じように、勉強は自分と教科書の相互作用だ。それがいい感じで平行線を描くときは勉強がはかどるが、私の考えが別の方向に走り出す

と、勉強が辛くなる。まさにそれと同じことがセミナーの最中に起こる。発表者の話を聞いているうちに、頭の中で勝手に自分の研究を始め、自分の仮説を吟味したりなどし始めてしまう。しかも、研究発表が面白ければ面白いほどそういったことが起こる。よくよく聞いてみると、私と同じ問題に悩んでいる人は他にもいるらしく、話を聞いているうちに自分の世界に迷い込んでしまい、質問できなくなってしまったという愚痴を同業者の口から聞かされることが多い。逆説的だが、そういった研究発表がいい発表なのだという気がするのだ。

### ■ 読書の価値

加えて、「本を読む」ということがあまりに神聖視されているのではないかとの指摘もあった。『読んでいない・・・』の著者のいうように、「自分のやりたいことを我慢して、どれだけ時間を費やしたか」という根性論が読書に根強くまとわりついている。難解で分厚い本を指さし、「オレ、コレ読んだよ」と宣言するのは、競争相手を威圧する効果的な方法だろう。オレがやり遂げた辛い苦行を、お前もやる勇気があるのかと……。それほど、読書は「我慢してやり遂げるべき神聖な苦行」として我々の無意識のうちにインプリントされている。

これについてひとつ気になるのは、「正しい読書」というものが果たしてあり得るのかどうかということだ。「この本はこれこれについて書かれたもので、斯くの如くに解釈するのが正しく、それによって我々はこのように考えるべきなのである」という盲信に誰もが陥っているのではないか？

それがどれほど素晴らしい本であろうと、それを読む人間がみな判で押したような理解をするとは限らず、そもそも「正しい本の読み方」なるものがこの世にあるとも限らない。そういうことを言うと、「いやいや、少なくとも著者にとって、その本の意義は確定しているだろう。ならば、それを読み取るのが読者の義務であろう」などと言う人が出てくるかも知れない。が、それはウソだ。まず、第一に著者も人間である以上、完璧な存在ではなく、しかも生きていうちに頭の中がゴロゴロ変わる。過去に書いた小説や論文について、「あれは出すべきではなかった」などと言い

出すかも知れない。実際、江戸川乱歩は自らの小説『一寸法師』の内容が悲慘に過ぎると酷く気に病み、その出版を後悔していたという。小説の解釈にしたところで同じことだ。たとえば、戦争で手足を失った男の末路を描いた乱歩の戦前の小説『芋虫』は、多くの左翼系識者をして「見事な反戦小説である」と唸らせしめ、乱歩は彼らから熱烈なエールを受け取った。一方、同じ理由で当局に目を付けられ、結果伏せ字だらけになり、問題小説として名を馳せた。が、乱歩本人はイデオロギーにまったく興味はなく、ただひたすら人間の業を描きたかっただけなのである。いや、そう言ってもまだ足りない迫力があの小説にはある。少なくとも「小説の意義」などというありがたいものが普遍の概念としてこの世のどこかにあり、読書を通してその境地に至らんとする、などという脳天気な考え方だけは絶対に間違っている。それは一種のイデオロギだ。それだけは確かだ。そもそも普遍的価値などというもののほど怪しいものもない。

### ■ 誰のための書物？

映画作品を例にとってこの問題を考えてみよう。映画『アマデウス』は、モーツァルトの天才を妬み、破滅させた努力の作曲家、サリエリの贖罪の人生を描いたものとして一般には知られる。この映画のメッセージは、最後にサリエリが言う、「この世のすべての凡庸なる者たちにこそ幸いあれ！」に凝集されているが、さて、この映画は一体誰に向けて作られたものなのか。万人のため？ まさか。少なくとも、この映画を普通に楽しめない人間が少数いる（いたであろう）ことだけは容易に想像できる。

まず、モーツァルト本人がそうだ。もし彼が生き返ってこの映画を観たなら、この映画の主人公が自分ではなくサリエリだということすら最後まで気づくことはないであろう。同時に、自ら凡庸であることを頑なに否定し、強烈なまでの個性や並外れた才能に賭けて生きているあらゆる芸術家やスポーツ選手、小説家などは、神懸かった才能がすべての人間に等しく与えられていないことを呪うこの映画を「正しい映画」などとは言わないであろうし、場合によっては忌避さえするだろう。ならば、この作品の普遍的価値はさらにメタレベルに移行し、「自らの幸福に気がつかない凡庸なる人間こそ実は幸いであり、分不相応

な人生を求めるものには大きな束の間の成功か、さもなければ地獄しか待ってはいないというのが人間の人生であった、そんな時代も過去にはあったことなのであるなあ。民主主義とは、最終的に凡庸さが肯定され、称揚される時代が行き着いた、所詮偏った価値観のひとつに過ぎないのだ」ということになるのか。ややこしいが、これが経済論理の結果歪められた時代特異的創作というものなのである。

果たして、そういったものを「普遍的に面白い映画」などと呼べるのか。文芸とは常に危険な価値観を呼び込み、人を不幸にしかねない芸術活動である。そこに普遍的価値など見出して何になる（そういう目的なら、松本大洋の漫画『ピンポン』のほうがよっぽど深い）。ならば、私にとっての価値こそが、当面その本の全てなのである - その程度に考えておかないと、読書などやっつけられない。

### ■ 無限の読書

なぜ人は本を読むのか。一体どれだけ読めば気が済むのか。どこまで行っても真実などに到達しないと分かっているもお人は読書をやめない。少なくとも確かなことは、この世にある全ての本を読むことなど、誰にもできないということ。およそあらゆる分野においてすべてを網羅するのはもとより不可能。たとえば私は地球上の全生物の学名を覚えるためにどれ程のペースで学ぶべきか計算したことがある。結果、ひとつの学名を覚えるために使える時間はわずか数秒に過ぎなかった。つまり、すべての生物名を知る生物学者になど誰もなれないのである。本も同じなのである。

生物と書籍にはまだ類似点がある。どれかひとつの生物種を深く知ると、それによって影響され、生物全体についての理解にバイアスがかかってしまう。1990年代以降盛んだったショウジョウバエ研究は、あわや昆虫のイメージを偏ったかたちに固定してしまいそうになった。いま、ヒト疾患のモデルとしてのマウスの研究者が同じことを感じている。生物を広く、深く知るということは、見かけほど容易いことではない。書籍の場合も同様、ある領域に関して深く知ろうと思うと、読まねばならない書籍はたいへい莫大な数になるが、さりとてどれか一冊を徹底的に読み込むこと

が良い結果を生むとは限らない。どんな書籍も、独特の偏向をしているものなのである。

### ■ 読まずに理解する

かくして生物を知らない生物学者がいるように、本を読まない文学者も出現せざるを得ない。それでも、読まずに批評する方法はあるって？ なになにに、ジョイス James Joyce の『ユリシーズ: Ulysses』は「意識の流れ: Stream of consciousness」でもって書かれた『オデュッセイア: Odyssea』の焼き直しとな。『第三の男: The Third Man』のホリー・マーティンス Holly Martins (演: Joseph Cotton) もそう言って切り抜ければよかったのに……と思っていたら、まさにそのシーンのことが詳細に解説されている。面白いのでここだけは真剣に読むことにした。

さらに、「未読本を著者の前で批評することも可能」だと。まあ、それはなんとなくわかる。たとえば私は国際学会でよく、「おまえはあの論文でこんなことを書いていただろう」と言われるのだが、些末なことは覚えておらず答えに窮することが多い。自分で書いたのにこれだ。それはことによると英単語の微妙なニュアンスに起因するかも知れず、友人の一方的な曲解によるのかも知れない。加えて自分の考えなんか秒単位でどんどん変わって上書きされる。学会ではいろいろ面白い考えを耳にするからなおさらそうだ。で、「そんなこと書いたかなあ」と別の友人に聞くと「ああ、確かに書いてたよ」とのこと。なかなか不気味な経験だ。むろん主張すべき要点について抜かりはない。が、そこに至るまでの細部までは覚えられない。ことによると論文内容を一番良く覚えているのは、著者ではなくその査読者じゃあなかろうか。書籍ならば熱烈なファンか、さもなければ編集者か。誰もが査読者になる以上、自分の論文より良く覚えている他人の論文が存在する。ならばなおさら、細部に拘泥しても意味がない。それは目の前にいる著者ではなく、「過去の著者」という別人の仕事なのだ。

自分で書いた本であっても覚えていないのに、なぜ他人の本のことなど覚えていられよう。読了本であっても自分で説明できない忘却本は数知れない。それは、「買ったけどまだ読んでいない」という状態と余り変わりがない。「買ったけど読んでいない本」と「読んだけ

ど忘れてしまった本」の違いはどうやって見分ければよいか。実際にその本を手に取り読むしかない。読了本だったら、いずれ「前に読んだことがあるぞ」と気づくはず。映画でも同じだ。最近ではネット配信で多くの映画がお手軽に観られるから、よっぽどのことでもない限り見たことを忘れてしまう。おまけにタイトルの印象が薄かったり内容と合っていなかったりなどすると、「見たことのない映画」と実質変わりがなくなることになる。それでも「見始めたからには最後まで見よう」と思わないでもない。が、同時に、「前回見た結果として何も残らなかったことは証明されたのに、なぜもう一度見ようとするのか」という疑問も湧く。ようするに、人間は常に自分の記憶を最新の状態に保っておきたいのか、その記憶が記憶に値しようがしまいが……。しばらく読んでいても気がつかない、読了本とも未読本ともつかない、そんなわけの分からない不気味本が山のように増えてゆく。うーむ、これはちょっと考えた方がいい。

この世の全ての情報を頭に入れるということは、この世の全ての情報が常に個別の事項として「引き出し可能な状態にある」ことと等価ではない。かつて覚えたことは、忘却したとしても多少は思い出しやすいかも知れないが、所詮それも程度の問題。具体的な人名、地名などがたった一度の読書で覚えられるわけもなく、短期記憶のいきおいで読み切っているに過ぎない（だから、本は読み終えても売れる気になれない。いつでも思い出せる好みの本ならなおのこと売りたい）。そういった内容を呼び起こそうと思ったら、二度読みか、あるいはそれ以上の読み込みが必要になる。ならば、その本は「これまで一度も読んだことがない」と同じじゃないか。おそらく、教科書もマニュアルも小説も論文も、その点に関しては全く変わるところはない。これでは永遠に読書は終わらない。だから、読むことそれ自体を

拒絶するようになる。

なぜ読まないのか。たくさん読んだからといって多くを理解したことにはならず、全てのページの全ての行を黙読したって、やはり読んだことにはならないからだ。極端な話、たった3行で内容が分かる本もある。あるいはそれがその本の価値の全てを代表する。例えば、アンブローズ・ビアスの『悪魔の辞典』もかなり長い著書だが（何しろ辞書だから）、この中の「魔女」の解説を読めば、その全体の価値は把握できる。そう、辞書もまた本には違いなく、それは編者独自の方法に従って言葉の世界を網羅的に解説した思想書ですらある。その思想を体感することは、その中身を全て読むことでも、逐一暗記することでもない。むしろひとつか二つ分かれれば十分なのである。なぜなら、言葉は単体として存在するのではなく、それ自体が他の言葉と相互作用するネットワークの一部だからだ。そして、本や、概念や、思想もこれと同じタイプのネットワークなのである。問題は、人間一人一人がそのネットワークの中でどのように生息するかということなのだ。

というわけで、書評するならいままから一〇分で流し読みするのが賢明。それを効率的にするために私は付箋を多用する。これは便利だが、経験上言わせてもらおうと、付箋を貼った部分のうち、考察に値するのは全体の3分の1に過ぎない。まあ、そんなことを教えてくれるこの本は、見かけによらず得ることが多い。それを流し読みで知った次第。やはり、ワイルドは正しかったのだ……って、すっかり洗脳されているじゃないか。

初出：2020年9月15日 Facebook「衝動的に書籍紹介188」に加筆訂

## **Constrained & Directional Evolution Newsletter Vol. 4 No. 6**

発行：2020年10月2日

発行者：新学術領域研究「進化の制約と方向性～微生物から多細胞生物までを貫く表現型  
進化原理の解明～」(領域代表者 倉谷 滋)

編集：Constrained & Directional Evolution Newsletter 編集委員会(編集責任者 深津 武馬)

領域 URL：<http://constrained-evo.org/>