

5章

遺伝子から探る

斎藤成也

遺伝子を調べれば、絶滅してしまった生物の情報を直接得ることが出来る。

1997年、初めてネアンデルタール人骨からDNAの塩基配列が決定された。

以来、ネアンデルタールの遺伝子研究は盛んに行われている。

しかし、これは万能ではない。

10万年ほど前までの骨が限界だし、

骨の保存状態がよくなければDNAは残っていない。

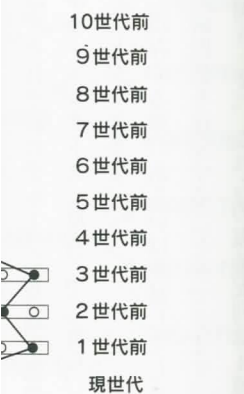
それでも、この新しい研究方法は数々の成果をあげてきた。

遺伝子の系図

人間には必ず父親と母親がいます。先祖をたどっていくと、先祖の数はどんどん増えていきます。生物学的にわれわれには、 n 世代さかのほれば2の n 乗の数の先祖がいます。たとえば5世代前ですと2の5乗、32人のご先祖さまがいることになります。このくらいだいたいした数ではありませんが、10世代前にさかのほると2の10乗で1024人、さらに10世代さかのほって20世代前になると、のべ人数ですが、100万人以上の先祖がいることになります*。

このような親子のつながりを与えているのは、DNA（デオキシリボ核酸）という物質です。DNAがその二重らせんという分子構造をうまく利用して自分のコピーをつくるのが、親からそのコピーのような子どもができてくる基礎なのです。DNAは、糖、リン酸、塩基からなる分子ですが、遺伝子という情報を載せています。これ

先祖の数のべ人数は膨大な数になるが、実際の祖先の数はずっと小さい。これは、親戚同士の結婚を繰り返してきたためである。



の仮想的な系図。10世代前
遺伝子にたどりつく

は、コンピュータファイルが2進法（1または0）を基礎として情報を蓄えているのと似ており、4種類の塩基、すなわちアデニン（A）、チミン（T）、グアニン（G）、シトシン（C）がいろいろな並び

物質です。DNAがその二重らせんという分子構造をうまく利用して自分のコピーをつくるのが、親からそのコピーのような子どもができてくる基礎なのです。DNAは、糖、リン酸、塩基からなる分子ですが、遺伝子という情報を載せています。これ

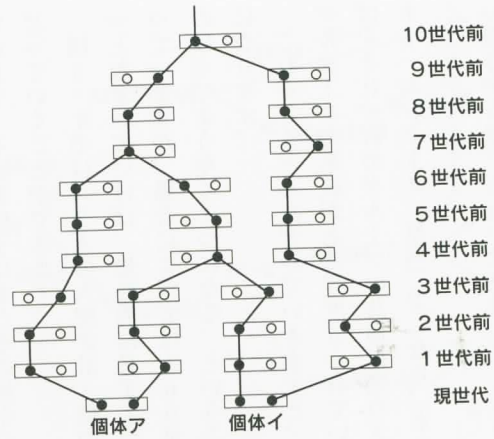


図5-1 2個体ア、イがもつ4個の遺伝子の仮想的な系図。10世代前にさかのぼると、これら4遺伝子の共通祖先遺伝子にたどりつく

は、コンピュータファイルが2進法（1または0）を基礎として情報を蓄えているのと似ており、4種類の塩基、すなわちアデニン（A）、チミン（T）、グアニン（G）、シトシン（C）がいろいろな並び方で並んでいるので、DNAという長いひも状の分子に膨大な遺伝子の情報を蓄えることができるのです。塩基の違いが重要なので、これを塩基配列、あるいはDNA配列と呼びます。

このように、遺伝子DNAが重要であるために、人間の系図ではなく図5-1のような「遺伝子の系図」を考えることのほうが一般的です。遺伝子をばらばらにして、

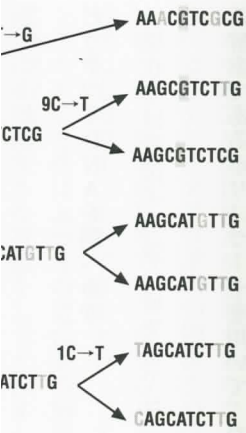


図5-1-2。これらの塩基配列は4種類の塩基が10個つながっています。いちばん左の塩基配列は祖先の配列です。それが次々と塩基の変化（突然変異）を蓄積して、現在は7個の配列になっています。右端のこれら7配列だけが与えられていて、それらと比較することによって、過去の変化を

その遺伝子間の系統関係を考えるのです。長方形で示したのが1人の人間です。細胞核のDNAは、ふつう2つのペアになっています。そして、それぞれが祖先をもっています。その遺伝子はまたその祖先をもっていますので、祖先をずっと一直線にたどっていくことができます。

図5-1では、2人の人間が計4個の遺伝子をもっていますが、これらの祖先をずっとたどっていけば、最終的に必ず1つになります。この図では10世代前で1つになっていますが、場合によっては1000世代、あるいは10000世代ぐらいたつとさかのぼってようやく1つになる、ということもあります。それでも、最終的に必ず1つになります。

これをどんだとどっていきますと、たとえばホモ・サピエンス（新人）とネアンデルタールの系統がある程度分かれていても、それぞれの遺伝子をさかのぼっていけば、それぞれのグループの共通祖先のさらに共通祖先にたどりつくことができます。ホモ・エレクトス（原人）でしたら、ホモ・エレクトスのほうからずっとたどっていくことができます。

現存する種、あるいは絶滅してしまった種についても、彼らのもっていた遺伝子の系統関係を復元することができます。たとえばここに7個の塩基配列があるとします（図5-1-2）。これらの塩基配列は4種類の塩基が10個つながっています。いちばん左

細胞核 人間の細胞には通常1つの核があり、そこに染色体がある。染色体はDNAとタンパク質から構成され、DNAが遺伝子の物質の本体である。

突然変異 DNA塩基の変化を指す。いろいろなタイプがあるが、図5-1-2の場合は塩基の置換だけを考えている。このほかに挿入、欠失、重複、逆位などのタイプがある。

ことができます。

現存する種、あるいは絶滅してしまった種についても、彼らのもっていた遺伝子の系統関係を復元することができます。たとえばここに7個の塩基配列があるとします(図5-2)。これらの塩基配列は4種類の塩基が10個つながっています。いちばん左

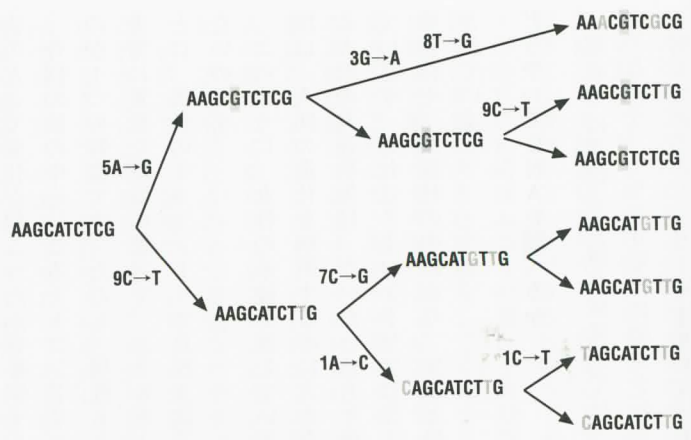


図5-2 10個の塩基からなるDNA分子の仮想的な系図。それぞれの矢印は進化の生じた時間間隔を表し、そこで生じた突然変異を、生じた塩基の位置番号、もとの塩基、→、新しい塩基の順に表示してある

が祖先の配列です。それが次々と塩基の変化(突然変異*)を蓄積して、現在は7個の配列になっています。右端のこれら7配列だけが与えられていても、それらを比較することによって、過去の変化を推定することができます。たとえば上から3個並んでいるDNA塩基配列の5番目の塩基は、すべてGですが、残りの4個の塩基配列は、5番目はAです。そうするとこの3個の配列は共通祖先で変化が起こった、つまり5番目のAがGに変わるという突然変異が起こったことが推定できます。このように、現在のDNAの塩基配列を比較することによって、過

去のどこで変化が起こったかを推定することができます。

今回の話の中心になるミトコンドリアDNA^{*}は、女性の系統を反映しているというのが1つの特徴です。ただし、男性もミトコンドリアDNAをもっています。これは非常に重要な細胞の器官で、エネルギー産生にかかわっています。しかし不思議なことに、男性のミトコンドリアDNAは子どもには伝わりません。母親からしか伝わらないのです。

このように、女性の系統を表しているとはいえ、ミトコンドリアDNA遺伝子の系統は、人間の進化を解明するのに大きな貢献をしてきました。現在全世界に生きている人類の共通祖先は、だいたい15万年前ぐらいにアフリカに存在していたと推定されています。これはミトコンドリアDNAだけからではなく、男性から男性に伝わるY染色体や、細胞核の中にあり、父親と母親の両方から伝わるDNAでも、同じ推定がされています。

どうやってDNAを調べるか

現在では遺伝子を扱う研究室では、たいていの場合PCR（ポリメラーゼ連鎖反応）という、1980年代に開発された方法を使っています。これはDNAを複製する酵素であるポリメラーゼを用いて、DNA複製を連鎖反応的に起こす方法です。1

回の反応ごとにDNAが倍増するので、10回で2の10乗、すなわち約10000倍、20回の反応では100万倍に増やすことができます。1回の反応が2〜3分間ですので、20回だと1時間弱程度です。微量なDNAをこのように短時間で、理論的には1000万倍にも増やすことができるという、すぐれた技術です。

このPCR法はふつうの遺伝子の研究でも一般的に使われていますが、古代DNA研究に非常に大きな貢献をしてくれました。古代DNAの研究というのは、すでに死

ミトコンドリアDNA
人間の細胞は核と細胞質に分かれるが、細胞質の中にはいろいろな微細構造があり、その1つがミトコンドリアである。ここには、小さいながら核とは別のDNAが存在する。

現在では遺伝子を扱う研究室では、たいていの場合PCR（ポリメラーゼ連鎖反応）という、1980年代に開発された方法を使っています。これはDNAを複製する酵素であるポリメラーゼを用いて、DNA複製を連鎖反応的に起こす方法です。1

回の反応ごとにDNAが倍増するので、10回で2の10乗、すなわち約1000倍、20回の反応では100万倍に増やすことができます。1回の反応が2〜3分間ですので、20回だと1時間弱程度です。微量なDNAをこのように短時間で、理論的には100万倍にも増やすことができるという、すぐれた技術です。

このPCR法はふつうの遺伝子の研究でも一般的に使われていますが、古代DNA研究に非常に大きな貢献をしてくれました。古代DNAの研究というのは、すでに死に絶えた動物の骨や歯、あるいは植物の種子などからDNAを抽出し、その塩基配列をきちつと決めて、現在の生物と比較します。これによって、絶滅してしまった生物の系統が確定できます。そのほかに、かつて生きていた人間同士の血縁関係が推定できることすらあります。古代DNAの研究で使う試料には、もともと利用できるDNAの量がごく限られていることが多いため、それを実験に利用可能な量に増やすために、PCR法はきわめて有効なのです。

古代DNAの研究で、いちばん大事なものは、保存状態のよい骨と出会うことです。これがとにかく重要です。これからお話ししますように、現在までにネアンデルタールのミトコンドリアDNAの配列は、4個体分のみ発表されています。残念ながららすべてヨーロッパおよび南ロシアの遺跡で発見された骨からのものであり、いまだに中近東の遺跡からのサンプルを使った報告はありません。おそらく骨の保存状態の問題

があるのではないかと思います。

たとえば、これはネアンデルタールではありませんが、インドなどの遺跡で発見された人骨の場合、長い間高い気温にさらされてDNAがほとんどばらばらになっていく、ということがどうもあるようです。とにかく保存状態のよいものを使う、これが非常に重要です。最近、マンモスの骨から得られたDNAをもとに、その塩基配列がいくつか発表されていますが、マンモスはシベリアですと低い温度で遺体が保存されていますから、DNAがけっこう残っているのです。いくら腕のよい経験を積んだ研究者であっても、保存状態のよい試料と出会わなければ、そこからDNAを得ることはできません。

このような保存状態のよい試料がいよいよ見つかったら、骨や歯のサンプリングをします。すでに発掘されている試料の場合、発掘にかかわった考古学者や作業者が手で触ってしまっていて、その人の手の細胞に含まれるDNAが遺体についていることがあります。そのような骨を扱う場合、われわれ自身は手袋をしてサンプリングします。

いちばんいいのは、発掘したときに触らずに出土状態のままサンプリングし、そこからDNAを抽出することです。ただし、このようなケースはあまりありませんから、ふつうは骨や歯の表面に紫外線などを当てて、DNAをずたずたにします。これは

はほかの人が触ったときについたよけいなDNAを除くためです。その後、特殊な機械を用いて粉碎します。

このように注意深い操作をいろいろ行なった結果、本来の骨由来のDNAであることにまず間違いないということになると、そのDNAの塩基配列を決定し、得られた古代DNAの塩基配列と、国際塩基配列データベース（後述）に登録されている既存の人間の塩基配列をずらりと並べます。その結果（塩基配列の「多重整列」と呼ぶ）を

多重整列 図5-12の右端の7塩基配列のように、共通の祖先遺伝子から由来した塩基配列は、進化的に「相同」である。このような相同な配列は、相同な塩基の並びから成り立っているため、それら相同な塩基の位置をそろえて表示したのが「多重整列」である。

す。
いちばんいいのは、発掘したときに触らずに出土状態のままサンプルングし、そこからDNAを抽出することです。ただし、このようなケースはあまりありませんから、ふつうは骨や歯の表面に紫外線などを当てて、DNAをずたずたにします。これ

はほかの人が触ったときについたよけいなDNAを除くためです。その後、特殊な機械を用いて粉碎します。

このように注意深い操作をいろいろ行つた結果、本来の骨由来のDNAであることにまず間違いないということになると、そのDNAの塩基配列を決定し、得られた古代DNAの塩基配列と、国際塩基配列データベース（後述）に登録されている既存の人間の塩基配列をずらつと並べます。その結果（塩基配列の「多重整列*」と呼ぶ）をもとに、DNAの系統樹を作成します。

また、ある特定の遺跡から複数個体の古代DNA配列が得られた場合には、その遺跡にかつて生存していた人の集団を1つのユニットにして、1個1個の個体のDNAではなく、集団全体を1つの単位として、既存のほかのデータと比較して集団の系統樹をつくることがあります。

第1号人骨のDNA

ドイツのネアンデル渓谷で発見された第1号人骨のDNAを調べたという研究が、1997年に『セル』という分子生物学の雑誌に発表されました。最初に発見されたネアンデルタールの美しい頭骨（図6-1参照）が表紙になっています。当時ミュンヘン大学にいたスバンテ・ペーボや、アメリカのペンシルヴェニア州立大学にいたマ

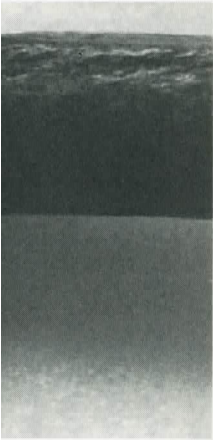
ーク・ストーンキンングらによるものでした。なお、現在は2人とも、ドイツのライプチヒに新設されたマックス・プランク財団の進化人類学研究所にいます。

彼らはもちろん、この表紙に載っている頭骨は使っていません。このような頭骨の化石は貴重すぎて、博物館から使用する許可がおりないのです。ただ幸いなことに、ネアンデルタール第1号人骨はほかにもいくつか骨がありましたので、許可を得て、右の上腕骨の一部を切り出してDNAを抽出しました(図5-3、0-2参照)。この化石の年代は、はっきりとは推定されていないようですが、ネアンデルタールとしてはかなり新しく、3万年とか4万年ぐらい前だろうと推定されています。比較的最近だったからDNAがまだ保存されており、塩基配列の決定がうまくいったのではないかと思います。

彼らは、全長で1万6500塩基あるミトコンドリアDNAの中の、短い部分をPCR法で増幅し、塩基配列を決定しました(塩基配列1)。それらの短い配列をたくさんつなぎあわせることによって、300塩基以上の比較的長い塩基配列を得ました(図5-4)。それを、現代人の標準配列ともいえる、「ケンブリッジ配列」(図5-4最上段)と比較したのです。

そして、これらをもとに系統樹をつくと、ネアンデルタールは、明らかにアフリカ人の外側にきていました。つまり、アフリカ人の系統が分かれるよりも以前に、ネ

ケンブリッジ配列 英国
ケンブリッジ大学のケル
1ブが1981年に世界
で初めて発表した人間の
ミトコンドリアDNA配
列。



ネアンデルタール第1号人骨の
真下部)からDNAが

アンデルタールの系統と新人への
系統が分かれていたのです。現代
人の起源を仮に16万年前〜15万年
前とすると、ネアンデルタールの
系統と現代人の系統が分岐したの

(図5-4)。それを、現代人の標準配列ともいえる、「ケンブリッジ配列」(図5-4最上段)と比較したのです。

そして、これらをもとに系統樹をつくると、ネアンデルタール人は、明らかにアフリカ人の外側にきていました。つまり、アフリカ人の系統が分かれるよりも以前に、ネ

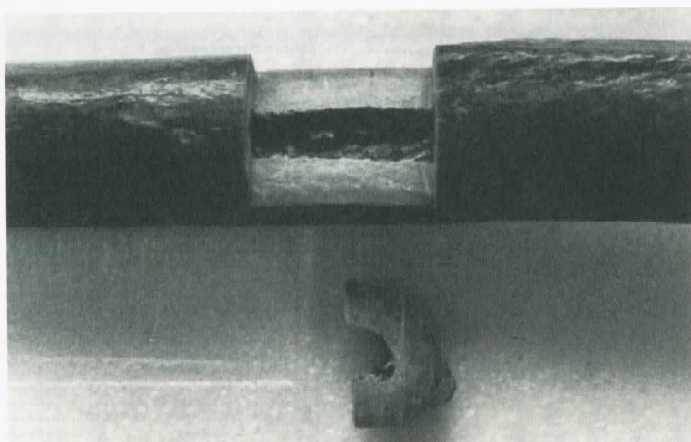


図5-3 最初に塩基配列が決定されたネアンデルタール第1号人骨の一部。上腕骨の一部を切断し、そのブロック(写真下部)からDNAが抽出された(Krings et al. 1997)

アンデルタールの系統と新人への系統が分かれていたのです。現代人の起源を仮に16万年前〜15万年前とすると、ネアンデルタールの系統と現代人の系統が分岐したのは、60万年前〜40万年前になるということです。

化学的な研究から、DNAは10万年より古ければ、わずたずたになっただけで、たぶんDNAの研究はできないだろうといわれています。実際に今までのところ人間の骨で塩基配列が決定できたのは、オーストラリアの6万年前がいちばん古いものです。ですからネアンデルタールが出現した20万年前ごろの遺跡から人骨が発掘されたとし

古代DNAの比較

でも、現在の技術ではちょっと難しいかもしれません。やはり10万年ぐらい前のネアンデルタールのDNAを調べるぐらいが限界でしょう。この第1号人骨に関しては、なかなか追加実験が難しいものです。化石研究の世界では往々にしてあるようですが、骨を発掘した人は、ほかの人に渡しません。他人には、見せることもなかなかしないようです。



図5-4 ネアンデルタールのミトコンドリアDNA配列を決定する様子。最上段には現代人の塩基配列（ケンブリッジ配列）が表示されている。多数決で決定されたネアンデルタールの配列は最下段に示してある (Krings et al. 1997)

直接配列決定法 PCR
 法で増幅したDNA分子
 全体の塩基配列をそのま
 ま決定すること。この方
 法だと、PCR反応の際
 のDNA複製の誤りをほ
 とんどなくすることができ
 る。

refseq	GTTCCTTC
A1.1	L16,022.....
A1.2
A1.3
A1.4
A1.5
A2.1	L16,022.....
A2.2
A2.3
A2.4
A2.5
A2.6
A2.7
A2.8
A2.9
A2.10
A3.1
A3.2
A3.3
A3.4
A3.5
A3.6
A3.7
A3.8
A3.9
A4.1
A4.2
A4.3
A4.4
A4.5
A4.6
A4.7
A4.8

図5-4 ネアンデルタール人骨からDNAを調べる。最上段には多数決で決める。多数決で決める。(Krings et al. 1)

でも、現在の技術ではちょっと難しいかもしれません。やはり10万年ぐらい前のネアンデルタールのDNAを調べるぐらいが限界でしょう。

この第1号人骨に関しては、なかなか追加実験が難しいものです。化石研究の世界では往々にしてあるようですが、骨を発掘した人は、ほかの人に渡しません。他人には、見せることもなかなかしないようです。

古代DNAの比較

では、別の遺跡から発掘されたネアンデルタール人骨からDNAをとったら、どうなるでしょうか。それを、ロシアのオブチニコフらのグループとイギリスのグループが共同で研究し、先の『セル』の論文から3年後の2000年に、『ネイチャー』に発表しました。この第2番目のネアンデルタールは、南ロシアのメズマイスカヤ遺跡(図5-5)から発見されたものです。

彼らは直接配列決定法*によって、DNA配列の決定をしていきました。この第2番目のネアンデルタールの配列は、最初の配列といるところよく似ていました。第1番目の配列はドイツのネアンデル渓谷から発見された骨からのものであり、第2番目のはそれとは異なる場所で発見されたものですが、両方の骨ともネアンデルタールの特徴をもっています。しかも、ミトコンドリアDNAを調べたところ、互いに似

直接配列決定法 PCR法で増幅したDNA分子全体の塩基配列をそのまま決定すること。この方法だと、PCR反応の際のDNA複製の誤りをほとんどなくすることができ

通っており、現代人とは明確に異なるグループになりました。第2番目のネアンデルタールの遺伝子も、現代人とは明らかに違っていたのです。

次に第3番目のネアンデルタールです。これは第1番目の塩基配列を発表したスパンテ・ペーボたちのグループが、2000年に『ネイチャー・ジェネティクス』という遺伝学の雑誌に発表したものです。クロアチアのヴェインディヤ遺跡(図5-5)で発見されたネアンデルタールの骨を使っています。これで結局3個体のネアンデルタールのDNA配列がわかったわけですが、この論文の中心は、それらの間の遺伝的な多様性を調べたことで、現代人の数値とあまり変わりませんでした。つまり、ネアンデルタールの遺伝的多様性は現代人と同じぐらいではないか、ということを示唆しているわけです。

この第3のネアンデルタール個体の塩基配列は、論文には図や表としては掲載されていませんが、私のおります国立遺伝学研究所が運営している日本DNAデータベースと、米国・ヨーロッパの機関が、共同で運営している国際塩基配列データベース*には登録されていますので、それをもとに私が系統樹を描いてみたところ、ネアンデルタール3個体のDNA配列が、明らかに1つにまとまっていました。

次にネアンデルタール第4個体のDNAです。ドイツのグループによる研究です。このDNA(塩基配列4)は、第1号人骨と同じネアンデルタール渓谷から新しく発見され



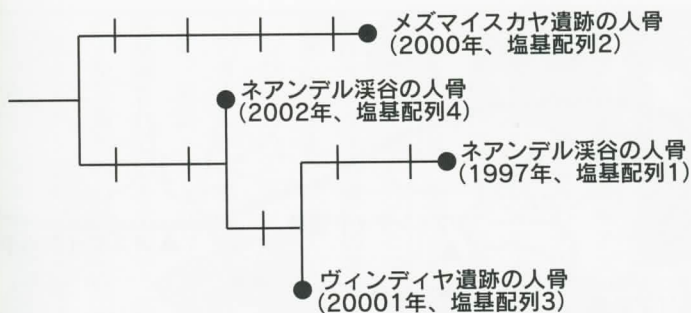
DNA配列が決定された3カ所の

国際塩基配列データベース
米国NCBI(国立バイオテクノロジー情報センター)、ヨーロッパのEBI(欧州生命情報研究所)、および日本の国立遺伝学研究所の3機関が共同で構築し運営しているデータベース。
日本の場合、国立遺伝学研究所の中の「日本DNAデータベース」(略称DDBJ)がDNAデータベースを構築している。



図5-5 これまでにミトコンドリアDNA配列が決定された3カ所のネアンデルタール遺跡(▲印)

は登録されていますので、それをもとに私が系統樹を描いてみたところ、ネアンデルタール3個体のDNA配列が、明らかに1つにまとまっています。次にネアンデルタール第4個体のDNAです。ドイツのグループによる研究です。このDNA(塩基配列4)は、第1号人骨と同じネアンデル渓谷から新しく発見され



— 1塩基置換

図5-6 これまでにミトコンドリアDNA配列が決定されたネアンデルタール4個体の遺伝子系図。縦線は1塩基置換を表す。たとえば、ネアンデルタールの2人骨は、塩基配列では3塩基の違いがある

た骨から抽出されたもので、論文は『米国科学アカデミー紀要』に2002年に掲載されました。私はDNAが専門ですので塩基配列の話だけですが、この論文には骨の話なども出てきます。これも系統関係を見ると、やはりネアンデルタールとしてまとまっています(図5-6)。

しかも、塩基配列1と塩基配列4は同じ遺跡から出ている骨であるにもかかわらず、ネアンデルタールの第1号の骨とヴィンディア遺跡で発見された第3の骨のほうが、より系統的に近いということがあります。ネアンデルタールの人々が当時のどのぐらい移動していたか

近親婚 血縁者同士での婚姻。通常は従兄弟やまた従兄弟など、近い血縁同士での婚姻を指す。

は、私にはよくわかりませんが、ひよっとすると、採集狩猟民です。かなり高い移動能力をもっていて、ヨーロッパ中をあちこち動きまわっていたのかなという気がします。

というのは、もしある地方の集団で近親婚が非常にひんぱんに行われていれば、ネアンデルタールの塩基配列1と塩基配列4は同じ遺跡からのものです。この2つがある程度系統的に近くてもおかしくないのですが、現実にはそうはなっていません。



1塩基

図5-6 この4個の塩基配列は、ネアンデルタール人の骨から抽出されたものである。

跡で発見された第3の骨のほうが、より系統的に近いということがあります。ネアンデルタールの人々が当時どのぐらい移動していたか

は、私にはよくわかりませんが、ひよっとすると、採集狩猟民ですからかなり高い移動能力をもっていて、ヨーロッパ中をあちこち動きまわっていたのかなという気もいたします。

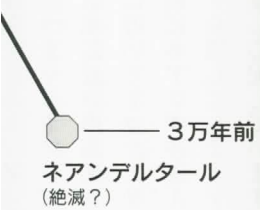
というのは、もしある地方の集団で近親婚*が非常にひんぱんに行われていれば、ネアンデルタールの塩基配列1と塩基配列4は同じ遺跡からのものですので、この2つがある程度系統的に近くてもおかしくないのですが、現実にはそうはなっていません。今後もっとデータが増えてくれば、ネアンデルタールの人々の過去の動き、とくにヨーロッパ、中近東の集団の間の動きもわかってくるかもしれません。

コンタミネーションという疑惑

さて、ネアンデルタールとクロマニヨンの話を、少しだけします。イタリアとスペインのグループが、2003年の『米科学アカデミー紀要』に、この問題に関する論文を発表しています。南イタリアのバグリッチ洞窟から発見された、2万4000年前の、形態的には現代のヨーロッパ人と同じような骨をもつ、いわゆるクロマニヨンの骨からDNAを抽出したら、ネアンデルタールのDNAとは違って、現代人のDNAとそっくりだったというものです。

図5-7では、それぞれの丸や四角がそれぞれのミトコンドリアDNAの位置を示

60~40万年前



3万年前
ネアンデルタール
(絶滅?)

ネアンデルタールのミトコンドリア DNA配列をもとづいて示したもの

現代人のままとまりとは離れています。これは系統樹ではなく主成分分析*によるものです。主成分分析は、多くのデータのもつ情報を有効に示す統計解析の手法の1つです。ネアンデルタール4個体の塩基配列は右のほうに固まっております、明確に現代人のままとまりとは離れています。

主成分分析 多変量解析の手法の1つ。多数のデータの間の相関を考慮し、データのばらつきを最大にするような軸を数学的に計算する。これが第1軸(図5-7では左右の軸)であり、それとは相関のない(直交する)軸で、次にデータのばらつき

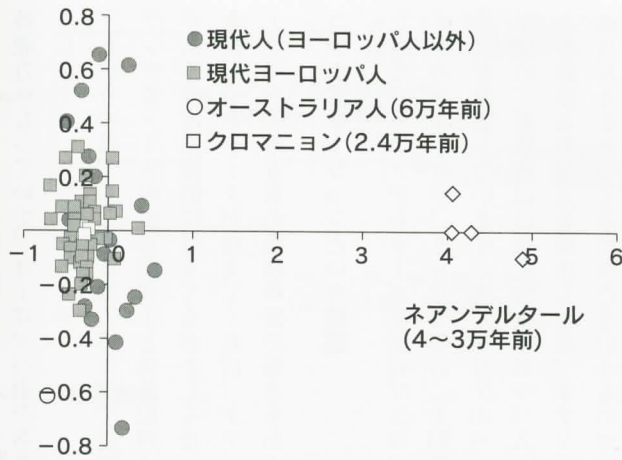


図5-7 現代人、クロマニヨン、ネアンデルタールのミトコンドリアDNA配列を主成分分析した結果。縦横の目盛りは相対的な塩基配列の違いを表す

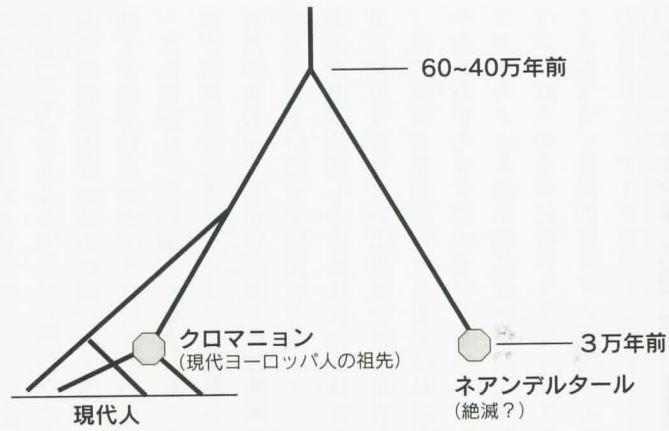


図5-8 現代人、クロマニヨン人、ネアンデルタールのミトコンドリアDNA遺伝子系図の概略を、図5-7の結果にもとづいて示したものと

テ・ペーボやオックスフォード大学

この研究についてその後、スパン

主成分分析 多変量解析の手法の1つ。多数のデータの間の相関を考慮し、データのばらつきを最大にするような軸を数学的に計算する。これが第1軸(図5-7では左右の軸)であり、それとは相関のない(直交する)軸で、次にデータのばらつきを最大にする軸が第2軸(図5-7では上下の軸)となる。

図5-7 現代DNA配列を主



のアラン・クーパーは、『ネイチャー』誌に掲載されたインタビュー記事の中で、これはコンタミネーション（試料の混入）、つまり塩基配列を決定する実験の途中で、現代人の研究者かあるいは現代の人間のDNAを、間違って決定してしまったものを発表したのではないかと批判しています。

これに対し、この論文を発表したイタリアとスペインのグループは非常に怒り、後日、抗議文が『ネイチャー』に掲載されました。ペーボやクーパーらが推奨した、2カ所の実験室で精密に、独立に塩基配列を決定するというプロセスを経て、同じものが得られているので間違いない、とっています。この研究結果を批判した研究者は、自分たちが推奨した方法に従った研究を批判しているのですから、天に唾を吐いて自分に降りかかっていると叫ぶかもしれません。

このような批判が出てくると、私は次のようなことが起こる可能性もあるのではないかと危惧します。つまり、ネアンデルタールの形態をもった骨ですと、明らかにネアンデルタールの系統に近い塩基配列が出てこなければ、発表しにくいということですね。現代人のものに近いミトコンドリアDNAをネアンデルタールが本当にもつていたとしても、系統的にネアンデルタールに近くなければ、試料の混入だと批判されるのを恐れて、データを隠してしまうケースがあるかもしれないと思うのです。私はそのあたりのことを少し心配しています。

アウト・オブ・アフリカ
↓詳しくは総論参照

遺伝子研究の未来

今までずっとミトコンドリアDNAの話をしてきましたが、実際にはヒトゲノムと
いうのは、ミトコンドリアDNAよりはるかに巨大な30億個の塩基が、細胞核内にあ

す。現代人のものに近いミトコンドリアDNAをネアンデルタールが本当にもつていたとしても、系統的にネアンデルタールに近くなければ、試料の混入だと批判されるのを恐れて、データを隠してしまうケースがあるかもしれないと思うのです。私はそのあたりのことを少し心配しています。

遺伝子研究の未来

今までずっとミトコンドリアDNAの話をしてきましたが、実際にはヒトゲノムというのは、ミトコンドリアDNAよりはるかに巨大な30億個の塩基が、細胞核内にある1番から22番までの染色体とX染色体、Y染色体に入っています。ですから、この中の遺伝子がどうなっているかは、まだあまりよくわかっていません。

現代人のほうは研究が進んでいて、細胞核内のDNAはミトコンドリアDNAと同じように、アフリカの系統が最初に分かれて、それからアフリカを含む全世界に分布する人間の遺伝子が分かれている、ということが知られています。ただ、全体の共通祖先遺伝子はおおよそ60万年ぐらい、あるいはもっとさかのぼる場合が多いので、現代人のミトコンドリアDNAの共通祖先遺伝子をもっていた人間が存在した時代（16万年前〜15万年前）よりも、4倍ぐらいさかのぼることになります。

この年代は、ネアンデルタールの出現した20万年ぐらい前よりも、はるかに古いものですから、この中のひとつとするとどこかの系統が、ネアンデルタールを起源とする可能性は否定できません。ただ、こういうパターンはやはり「アウト・オブ・アフリカ」、アフリカから現代人が出現してきたことを示唆するものです。したがってこういうパターン、つまり、ネアンデルタールの故地であるヨーロッパから中近

東、そのあたりの人々がいちばん初めに枝分かれして、それからアフリカやその他の地域に分かれる、こういう遺伝子があれば、ひよつとするとこの遺伝子は、ネアンデルタールあるいはホモ・エレクトス(原人)の系統を引き継いでいる可能性を否定できません。大多数はアフリカの系統が最初に枝分かれています、今後たくさんの遺伝子を比較すると、ひよつとするとこういうパターンが出てくる可能性はあるのではないかと思います。

それから、骨です。やはり骨のかたちを決める遺伝子が鍵になります。頭から腰までのびる脊椎骨の前後関係を決めたり、肩甲骨から指先までのところの前後関係の決定に関与する「ホックス遺伝子」*は、ある程度わかっていますが、骨のかたちや太さを決めている遺伝子については、まだまだわかっていません。今後の発生遺伝学の成果に期待したいところです。ですから将来は、ネアンデルタールの顔かたちに少し似たような現代人の人の、骨のかたちを決める遺伝子を調べてみれば、ネアンデルタールの系統だということがひよつとしたら推測できるようになるかもしれません。これは私の夢です。

私たちのところで構築・運営している古代DNAデータベースの話、ここで簡単にいたします。エイシェント・ジェノム・エンサイクロペディア(古代ゲノムの百科事典)という大仰な名前をつけて、その略称をとって「AGE」と呼んでいます、

古代DNAデータベースAGEは、私もメンバーの1人である国立遺伝学研究所の本DNAデータベースで運営しています。

このデータベースには、いろいろな生物の古代DNAデータが含まれており、ウイリスの古代DNAまであります。人間のミトコンドリアDNAでは、たとえばオーストラリアのマンゴ湖で見つかったものであるとか、われわれ日本や中国との共同研究の成果があります。北アメリカは、いわゆるアメリカ先住民のものがけっこう発表

ホックス遺伝子 最初シヨウジョウバエのかたちを変える突然変異の研究から発見された、一連の遺伝子。この遺伝子の産物であるタンパク質には、動物全体で広く進化的に保存されているアミノ酸配列があり、これを「ホメオボックス」と呼ぶ。この名称を縮めたのが「ホックス」である。

AGE URLは <http://www.ddbj.nig.ac.jp/ADN>

直良信夫 1902年、1985年。大分県臼杵市生まれ。考古学、とくに動物化石の研究で著名。兵庫県明石海岸で、いわゆる明石人骨を発見したほか、ニホンオオカミの研究や、東京都江古田の植物示準化石層の発見で

も知られる。早稲田大学文学部教授をつとめた。

ん。これは私の夢です。

私たちのところで構築・運営している古代DNAデータベースの話を、ここで簡単にいたします。エイシエント・ジェノム・エンサイクロペディア（古代ゲノムの百科事典）という大仰な名前をつけて、その略称をとって「AGE」と呼んでいます。

兵庫県明石海岸で、いわゆる明石人骨を発見したほか、ニホンオオカミの研究や、東京都江古田の植物示準化石層の発見で

古代DNAデータベースAGEは、私もメンバーの1人である国立遺伝学研究所の日本DNAデータベースで運営しています。

も知られる。早稲田大学文学部教授をととめた。

このデータベースには、いろいろな生物の古代DNAデータが含まれており、ウイリスの古代DNAまであります。人間のミトコンドリアDNAでは、たとえばオーストラリアのマンゴロー湖で見つかったものであるとか、われわれ日本や中国との共同研究の成果があります。北アメリカは、いわゆるアメリカ先住民のものがけっこう発表されています。おもしろいのはキューバです。コロンブスがアメリカ大陸に到達した以前の昔の先住民たちはもう残っていませんが、骨を調べることによって、コロンブス以前の人たちのものも復元することができます。

また、日本には「DNA考古学研究会」という組織もあります。この研究会は、国際日本文化研究センターで第1回の集会を2002年に開催し、その後2003年は名古屋で、2004年は横浜で開催しました。

最後に、たまたま昨日届いた本ですし、間接的にネアンデルタールとも関係がありますので紹介します。「明石人」と直良信夫（雄山閣 2004）という本を、著者の白崎昭一郎さんに送っていただきました。広く知られているように、直良信夫氏が1931年に明石の海岸で発見したいわゆる「明石人骨」は、残念ながら1945年の東京大空襲によって燃えてしまいました。したがって現在では、古代DNAはお

るか年代測定をすることもできません。

このような貴重な考古学的な遺物は、まったく新しい技術によって将来よみがえらせることができるかもしれないので、博物館で保管し、文明の貴重な財産として、将来に残していくというのが非常に重要なことだと思います。このネアンデルタール第1号人骨も、ネアンデルタール博物館が第二次世界大戦のドイツへの空襲によっても破壊されていたら、現代の技術で研究することはできませんでした。平和で文明を継続していくことが、科学研究にとっても、非常に重要であるということがいえるでしょう。

今回、私はネアンデルタールの専門家でないにもかかわらず、ネアンデルタールのお話をさせていただきました。小学生のときに父親に買ってもらった本の1冊に、古生物学の子ども向けの本があったのですが、大学生になってその本の著者の名前を見たら、直良信夫氏でした。お目にかかったことはありませんが、書物を通じて、ある意味では私の先生の1人ですので、今でも深く尊敬しています。

6章

化石は語る