#### 授 賞 業 績

# 古代人ゲノム解読による古人類学への先駆的貢献

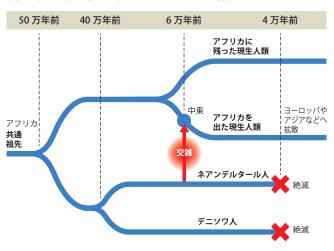
スバンテ・ペーボ博士

1955年4月20日生まれ(64歳) マックス・プランク進化人類学研究所 教授

## 現生人類の祖先とネアンデルタール人は 交雑していた

ネアンデルタール人は、かつて存在していた人類です。今から50万年ほど前にアフリカを出てヨーロッパから中近東にかけて広く住んでいましたが、4万年ほど前に絶滅しました。そのため現生人類とは無関係と考えられてきたネアンデルタール人ですが、博士が、発掘されたネアンデルタール人の骨のDNAを解析したところ、そのDNAが現生人類に受け継がれていることがわかりました。

図1:現生人類の祖先とネアンデルタール人は交雑していた



# 主な成果① ミトコンドリア DNA を解析 (1997年)

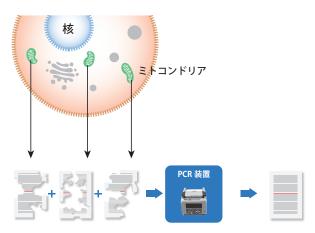
古代人DNAの研究の難しさは、生物の設計図であるDNAが、時間とともに分解されて断片化し、解析に必要な量を簡単に確保できないことです。断片化したごく少量のDNAを増やすため、博士は開発されたばかりのDNA増幅法「PCR(Polymerase chain reaction)法」を採用しました。しかしこの方法では、空気中のチリや人の汗などから混入した現代のDNAでも、古代人DNAと配列

が似ていれば増幅してしまいます。古代人DNAの扱いには細心の注意が必要なため、博士はDNA抽出法の確立やクリーンルームの設置など新しい研究法を工夫しました。

1997年、まずネアンデルタール人のミトコンドリア DNAの配列の一部を決定、その後、全配列を決めました。ミトコンドリアは、細胞内小器官の一つで、核とは 別のDNAをもっています。ミトコンドリアDNAは 16000 塩基対と短い上に、1個の細胞に数千個あって量を 確保しやすかったため、当時のPCR法とDNA解析技術で配列を決めることができました。

これを現生人類のミトコンドリアDNAと比較すると、 共通点は見つけられず、それまで言われてきたように、 ネアンデルタール人は現生人類の直系の祖先ではないと いう結果になりました。

図2: 主な成果① ミトコンドリア DNA を解析(1997年)



生命の設計図の一部であるミトコンドリア DNAは時間とともに分解され断片化している

読みたいDNA 断片を増幅 DNA 断片の配列 をつなぎ合わせて ミトコンドリア DNA の配列を決定

断片化したDNAは、破れて一部しかない文書のようなものです。 約16000塩基対というミトコンドリアDNAは、1ページに相当する文書です。様々な断片化したDNAをPCRで増幅し、これらを 解析してつなぎ合わせ、1997年、ミトコンドリアDNA配列の最も 変化の多い部分を決定しました。

## 主な成果② 核 DNA を解析 (2010年)

博士は、ミトコンドリアDNAの解析だけでは、現生人類の進化に迫ることはできないと考えました。2000年代に入り、同時に大量のDNA配列を決めることができる「次世代シークエンサー」が登場したので、これを利用して、2010年、世界で初めてネアンデルタール人の核DNAの全領域の配列を決定しました。大量のDNA断片を解析し、それらをジグゾーパズルを組み立てるように現代人の参照配列に貼り付け(mapping)、約30億塩基対という長い核DNAの配列を決定したのです。

この核DNAの解析から、アフリカ人を除く現生人類の全DNAの1~4%がネアンデルタール人から受け継がれていることがわかりました。現生人類の祖先はネアンデルタール人と交雑していたのです。

さらに博士は、ロシアのデニソワ洞窟から出土した骨 片から核DNAの配列を決定し、それが未知の人類だっ たことから、「デニソワ人」と命名しました。

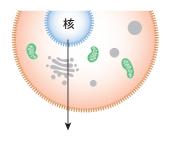
### 古人類学への大きな貢献

ネアンデルタール人のDNAを、アフリカ人以外の 現生人類が受け継いでいるという事実は、「6~7万年前 にアフリカを出た現生人類の祖先が、6万年前頃に中東 あたりで先住のネアンデルタール人と出会って交雑した後、 世界中に広がっていった」という現生人類の移動のシナリオ を描き出します。

このように、博士の古代の骨を用いたDNA解析は、「現生人類の起源」を探る古人類学の研究を一変させました。さらに博士の研究手法や成果は、人類学、考古学、歴史学など現生人類に関わるすべての学問分野に大きなインパクトを与え、その発展に寄与しました。

現在は、マックス・プランク進化人類学研究所の教授として、多くの古人類のゲノムプロジェクトを牽引し、古人類学のゲノム研究を広げるとともに、多くの研究者を育成しており、この分野への貢献は計り知れません。

#### 図3:主な成果② 核 DNA を解析 (2010年)





生命の設計図である核 DNAは時間とともに分解 され断片化している



大量の断片化 したDNAを同 時に解析して つなぎ合わせる



核 DNA の 約30 億塩基対の配列を決定

断片化したDNAは、破れて一部しかない文書のようなものです。 約30億塩基対という長い核DNAは、たくさんの書籍に相当する文書です。次世代シークエンサーで大量の断片化したDNAを解析してつなぎ合わせ、すべての書籍を復元しました。

#### 図4:古人類学への大きな貢献

6~7万年ほど前にアフリカを出た現生人類の祖先は、6万年前頃に中東あたりで先住のネアンデルタール人と出会って交雑したと考えられる。

交雑後、世界へ広がって 行ったため、東アジアや オーストラリアの現生人類も ネアンデルタール人のDNA を受け継いでいる。

