

第6期第4回創発セミナー 第6期研究助成贈呈式報告

大隅基礎科学創成財団
理事 大谷 清

大隅基礎科学創成財団は2022年12月16日午後3時から、東京工業大学すずかけ台キャンパスで第6期研究助成贈呈式を行いました。基礎科学（一般）分野8人、同酵母分野3人の計11人の研究者に大隅良典理事長から贈呈書が手渡されました。



大隅基礎科学創成財団 第6期 研究助成贈呈式

2022年12月16日(金) 東京工業大学すずかけ台キャンパス会場にて

冒頭、大隅理事長から

「多数の応募者の中から選ばれた皆さんは、これを糧にさらにそれぞれの研究を発展させてほしい。大隅財団は幸い、多くの企業や人々の支援に支えられて活動は6年目に入り、これまでの助成金額は、ほぼ3億円に達しました。またアカデミアと社会との新しい連携を作ろうと一昨年から微生物コンソーシアムを立ち上げて研究活動がスタートしている。皆さんも大隅財団の活動の趣旨に賛同して支援者としての活動を続けてほしい」との挨拶がありました。

続いて選考委員会を代表してまず基礎科学（一般）分野の吉田賢右委員長が

「一般基礎科学分野には123人の応募があり、13人の選考委員が慎重に審査して8人を選んだ。選ばれた皆さんには、申請書に書かれた研究テーマを追求する中で横道、脇道にそれ、思わぬ発見を手にもすることも期待したい。科学の発展は得てしてそういうもので、どうか自由にやってほしい。“世の中に役に立たなければ研究の価値はない”とする風潮がまかり通っているが、大隅財団は“役に立つ”ことを問わない、数少ない基礎科学の助成財団だ。皆さんは自分のベーシッ

クな興味を大切にしてください。好奇心、探究心をドライビングフォースにして研究してほしい」と激励しました。

さらに酵母分野の阪井康能委員長も「酵母分野には 30 件の応募があり、新しい生理現象の発見につながるか、を選考基準に 3 件を選んだ。採択した研究者には大隅財団から“酵母フェロー”の称号が付与されるので、財団の活動にも協力してほしい」と挨拶しました。

この後、創発セミナーの中で 11 人の研究者からそれぞれ助成への謝辞を交えた自己紹介と研究テーマの簡潔な説明がありました。その中で、「周囲から“マウスの毛を研究して何の役に立つのか”と問われることが多かったが、大隅理事長、吉田選考委員長の言葉を聞いて自信がついた」、「研究したいテーマになかなか支援が得られず苦労していたが、大隅財団に採択していただき感謝している」などのコメントが聞かれました。贈呈式のあとは場所を変えて交流会が開かれ、和気藹々のうちに午後 7 時半に一連の行事を終了しました。研究内容等はニュースレター等で紹介します。

2022 年度第 4 回創発セミナー講演

古代ゲノムが解明する日本人の成り立ち

独立行政法人 国立科学博物館

館長 篠田 謙一

「日本人の成り立ち」に入る前にまず人類の進化の道のりを辿ってみる。そもそも人類（猿人）がチンパンジーと分岐したとされるのが 700 万年前、化石の証拠からは 200 万年前に今の人類とプロポーシオンがほぼ同じ北京原人やジャワ原人と呼ばれる原人に進化、ネアンデルタール人などの旧人段階を経て 20–30 万年前に新人としてのホモ・サピエンスの誕生にたどり着く。



ところが現在の高校世界史の教科書では「人類の誕生（400 万年以上前）の後は農耕社会の成立（1 万年前以降）、オリエント世界と地中海世界の形成」と説明され、アフリカで誕生したホモ・サピエンスの世界展開に言及している教科書はない。

ホモ・サピエンスは、発掘された骨の特徴を解剖学的に分析する古生物学や考古学の手法と現代人の遺伝子の研究から、およそ 6 万年前にアフリカを出て世界に広がったことがわかっている。しかし教科書では 6 万–1 万年前までの世界展開の足取りが教えられていない。人類集団の持つ共通性と多様性の基盤を理解するためには、この出アフリカ以降の人類の歴史を知る必要がある。それがなぜ教えられていないかといえば、単純にわからなかったからだ。

それを解明したのは古人骨が持つ DNA の配列を解析する古代ゲノムの研究で、そのパイオニアが 2022 年のノーベル生理学医学賞を受賞したスバンテ・ペーボ氏だ。私たちは今までホモ・サピエンスの誕生から出アフリカを経ての世界への展開や、地域集団の形成史について驚くほど知

らないでいたが、古代ゲノムの解析がそれを明らかにしつつある。

ゲノム解析技術の登場で、人類の進化の研究はもはや古生物学や解剖学的な「人類学」の世界ではなくなった。ではどうやってゲノム解析するのか。それは母親から子に伝わるミトコンドリアの DNA の分析と、父親から子に伝わる Y 染色体の DNA の解析を通して系統・集団系としての人類の歴史を探る。また核ゲノムの SNP（一塩基多型）データからは集団の遺伝的な特徴や成立、分岐の様子などを知ることができる。古代 DNA 研究の先陣を切ったのがペーボで、1985 年にエジプトミイラの DNA を初めて分析した論文を発表、nature 誌の表紙を飾った。後にその DNA は試料の汚染によるものだったことがわかったが、これは遺伝子の増幅技術である PCR 法の開発前だったからやむを得ないことでもあった。

1987 年に PCR 法が実用化されると 89 年から本格的に古人骨の DNA 分析が始まった。90 年代にはミトコンドリアの DNA 分析を中心に堰を切ったように論文が出始め、97 年にペーボが「ネアンデルタール人はホモ・サピエンスの“親戚”ではあるが、直接の祖先ではない」とする注目すべき論文を発表した。ネアンデルタール人は 40 万年ほど前に誕生し、ヨーロッパと西アジアで分布を広げて 3 万年ほど前に絶滅した。ペーボは 1856 年に発見されたネアンデルタール人骨のミトコンドリアの DNA を解読してこの結論を導いた。

古人骨 DNA 解析にさらに革命的な発展をもたらしたのが 2006 年の次世代シーケンサー(NGS)の登場だった。ミトコンドリアの DNA は小さくて情報量が少ない。そこでペーボが、NGS を駆使してネアンデルタール人の細胞核の DNA を解読、2010 年に「ホモ・サピエンスはネアンデルタール人と共存している期間中に一部が交雑し、その遺伝子を受け継いだ」とする論文を Science 誌に発表した。

さらにペーボは、シベリア南部のデニソワ洞窟で 2008 年に発見された約 4 万年前のヒトの指の骨の断片の核 DNA 解析も行い、この骨がネアンデルタール人でもホモ・サピエンスでもない「デニソワ人」で、ホモ・サイエンスとの間で一部の交雑があったことも明らかにした。彼が中心となって古代人の全ゲノムが解析された 2010 年は、人類進化研究の「紀元元年」とも言える。

ゲノム解析と化石の証拠などと併せてこれまでにわかったことは、現代的なホモ・サピエンスは決して単系統的な進化ではなく、ネアンデルタール人やデニソワ人と一部交雑を繰り返しながら成立したことだ。

では日本人の成り立ちはどう考えればいいのか。日本列島に現生人類（ホモ・サピエンス）が入ったのは 4 万年ほど前、後期旧石器時代だと考えられている。1 万 5 千年ほど前には土器を作るようになり（縄文時代の始まり）、さらに三千年ほど前になると大陸から稲作農耕民が渡来する（弥生時代の始まり）。旧石器時代の人骨はほとんどないが、縄文-弥生時代の人骨は多数発見されている。これらの人骨の DNA と現代日本人の DNA を分析、比較すれば日本人の起源を探る

ことができる。

その方法は古代ゲノム分析同様、ミトコンドリア DNA と Y 染色体 DNA の配列タイプ（ハプログループ）の比較、核 DNA の変異（SNP、スニップ）を用いた集団比較だ。ただし集団がいつ渡来したかは現代人 DNA から判断できない。

解析の結果、わかったことは①ミトコンドリア DNA も Y 染色体 DNA もアジアの広い地域に共有されている、②一方で日本人に特有のハプログループが存在する、③現代日本人のゲノムを分析すると、本土日本人と沖縄の集団とが分離する、ことなどだ。

また弥生時代に日本列島に生きた人々（一般には弥生人は大陸から稲作を持ち込んだ人びとと考えられているが）には①縄文時代人の遺伝子を引き継いだ人、②大陸から渡来した人、③両者の混血集団、がいたはずである。また、その混血の度合いは時代、地域によって異なっていたはず。

結局、DNA 解析によってこれまでにわかった「日本人の成り立ち」をまとめると

- ① 現代日本人の遺伝的な特徴は、縄文人と弥生時代以降に大陸から渡来してきた集団との交配によって形成された。
- ② 縄文人はアジアに最初に拡散した集団の末裔で、地域差があり、現代には類似集団は存在しない
- ③ 大陸集団と日本人を分けているのは、縄文の遺伝子の影響。現代日本人への縄文人の遺伝的影響は 10–20%だが、琉球列島では 30%、アイヌでは 70%にのぼる

弥生開始期から古墳時代までのおよそ 1,500 年かけて交配、交雑が行われ、現代日本人の遺伝的特徴が完成した。

以上

注（編集者）

・スバンテ・ペーボ：1955 年生まれ、スウェーデン・ウプサラ大学で博士号、チューリッヒ大、カリフォルニア大バークリー校などを経て現在、マックス・プランク進化人類学研究所所長。沖縄科学技術大学院大学教授兼務。2016 年慶應医学賞、2020 年日本国際賞、2022 年ノーベル生理学・医学賞。父親のスネ・ベリストローム氏も 1982 年にノーベル生理学・医学賞の受賞者。日本語の訳書「ネアンデルタール人は私たちと交配した」（2015 年、文藝春秋）もある。

・PCR：ポリメラーゼ連鎖反応(Polymerase Chain Reaction)DNA サンプルの指定領域を数百万〜数十億倍に増幅させる技術。1983 年にシータス社にいた科学者のキャリー・マリス (Kary Mullis) によって発明され、彼は 1993 年にノーベル化学賞を受賞した

・NGS（次世代シーケンサー、New Generation Sequencer）：数千から数百万もの DNA 分子を同時に配列決定可能な高速・強力な基盤技術。ヒトゲノムの解読にそれまでは 3 年以上を要して

いたのが、NGSによってわずか6日程度で可能になった

- ・ SNP（一塩基多型、Single Nucleotide Polymorphism）：DNAの塩基（A,T,G,C）配列はヒトの場合99.9%同じで、残りの0.1%で姿、形、能力などに違いが出る。この塩基配列の違いが1%の頻度で出現している時にSNPと呼ぶ。SNPは疾患への罹患や薬の応答性に関連があるとされる。
- ・ 交雑：遺伝子型の異なる生物が2個体間で交配すること

・ 篠田館長は2022年2月に「人類の起源」と題する中公新書を出版されています。より詳しい情報をお知りになりたい方はぜひご購入ください。

以上

