

ネアンデルタール人は現生人類と交雑

European and Asian genomes have traces of Neanderthal

REX DALTON 2010年5月6日 オンライン掲載

www.nature.com/news/2010/100506/full/news.2010.225.html

ヨーロッパ人とアジア人のゲノムには、
ネアンデルタール人との混血の痕跡が残っている。



ネアンデルタール人は、現代人のゲノムの中に生き続けている。

約3万年前に絶滅したネアンデルタール人と現生人類が交雑していた可能性が、マックス・プランク進化人類学研究所（ドイツ・ライプヒヒ）の遺伝学者Pääboをはじめとする研究チームにより、*Science*に発表された¹。それによれば、多くの現代人のゲノムの1～4パーセントがネアンデルタール人に由来しているという。これについて、ロンドン大学ユニバーシティカレッジ（英国）で遺伝性の神経変性疾患を研究している神経科学者のJohn Hardyは、「今回の成果は、人類の見方を変えるでしょう」と話す。

ネアンデルタール人の全ゲノム解読は5年ほど前に始まった。研究チームは、クロアチアのビンディヤ洞穴で発見された3点のネアンデルタール人の骨（4万4400～3万8300年前）から、合計300ミリグラムのサンプルを採取した。

研究チームはまず、DNA断片を骨から抽出し、約20億塩基対（全ゲノムの約60パーセント）のネアンデルタール人の概要ゲノムをコンピューターで構築した。配列を正しく並べるための基準としては、現代人とチンパンジーのゲノムを利用した。

品質管理

Pääboらは、ネアンデルタール人のDNA100万塩基対の分析結果を2006年に発表した²が、その後、その配列には現代人のDNAが混入していることがわかった。その経験を教訓に、多数の古代人の塩基配列の鎖に標識を付ける方法を開発し、今回の研究では混入率を0.6

パーセントまで下げることができた。

しかし、今回の概要ゲノムのシーケンス回数は平均1.3回で、塩基配列の信頼性に疑問が生じている。分解やシーケンス過程で配列が変化してしまう可能性があるのだ。それを排除するため、例えば、グリーンランドで発見された4000年前の古代人のゲノムは、20回も読まれている³。これに対し、論文著者の1人Richard Green（米国カリフォルニア大学サンタクルーズ校）は、平均10～20回読むまで研究を続けると語る。

アフリカを離れてから…

今回の研究では、フランス、アフリカ、中国、パプアニューギニアの現代人5人のゲノムを調べ、それらをネアンデルタール人と比較することによって、8万～4万5000年ほど前に、ネアンデルタール人と現生人類がどこで交雑したのかを推測した。

結果、祖先がヨーロッパやアジアを経由した、フランス人、中国人、パプアニューギニア人のゲノムにはネアンデルタール人由来の領域が認められたが、アフリカ南部のサン族と西部のヨルバ族の2人には存在しなかった。つまり、現在のヨーロッパ人とアジア人は、サハラ以南のアフリカ人よりも遺伝学的にネアンデルタール人に近いことになる。

このことは、ネアンデルタール人が、約10万年前にアフリカを出た現生人類と、アフリカ以外の土地で交雑したことを示唆している。研究チームは、人類移動の化石記録に基づき、交雑は地中海東

部で起こったと考えている。

これは、4月に米国自然人類学者協会の年会で発表された別の研究成果と一致する。その研究では現代人2000人のゲノムが調べられ、ネアンデルタール人との交雑は、およそ6万年前の地中海東部と、およそ4万5000年前の東アジアで起こったとされる。この研究に参加したニューメキシコ大学（米国アルバカーキ）の遺伝人類学者Jeffrey Longは、「Pääboらの発見は我々の研究成果とまさに一致しています。それは『分子層序学』とでもよぶべきでしょうか」と語る。

選択圧のもとで

Pääboらはさらに、ネアンデルタール人のゲノムを利用して、現代人に多くみられる遺伝子を発見し、こうした遺伝子が進化上、正の選択を受けたとしている。この中には、代謝、認知、骨格の発達を左右する遺伝子や、変異がダウン症、自閉症、統合失調症と関連付けられている3つの遺伝子が含まれている¹。

ネアンデルタール人の概要ゲノムは「人類進化の歴史を紐解く強力な手段」になる、とGreenは語る。そしてそれは、「人を人たらしめている」重要なゲノム領域と遺伝子が何であるのか、いずれ明らかにしてくれるであろう。

（翻訳：小林盛方）

1. Green, R. E. et al. *Science* **328**, 710-722 (2010).
2. Green, R. E. et al. *Nature* **444**, 330-336 (2006).
3. Rasmussen, M. et al. *Nature* **463**, 757-762 (2010).