

ヒトってなに？

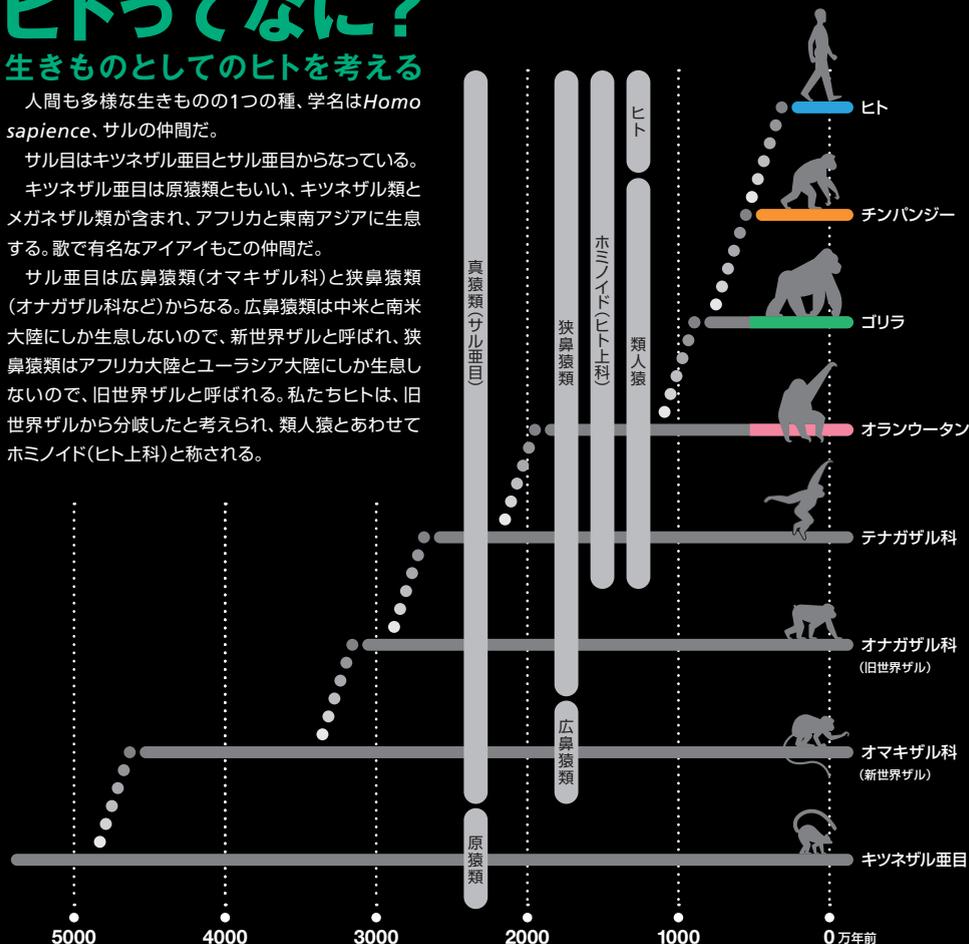
生きものとしてのヒトを考える

人間も多様な生きものの中の1つの種、学名は*Homo sapiens*、サルの仲間だ。

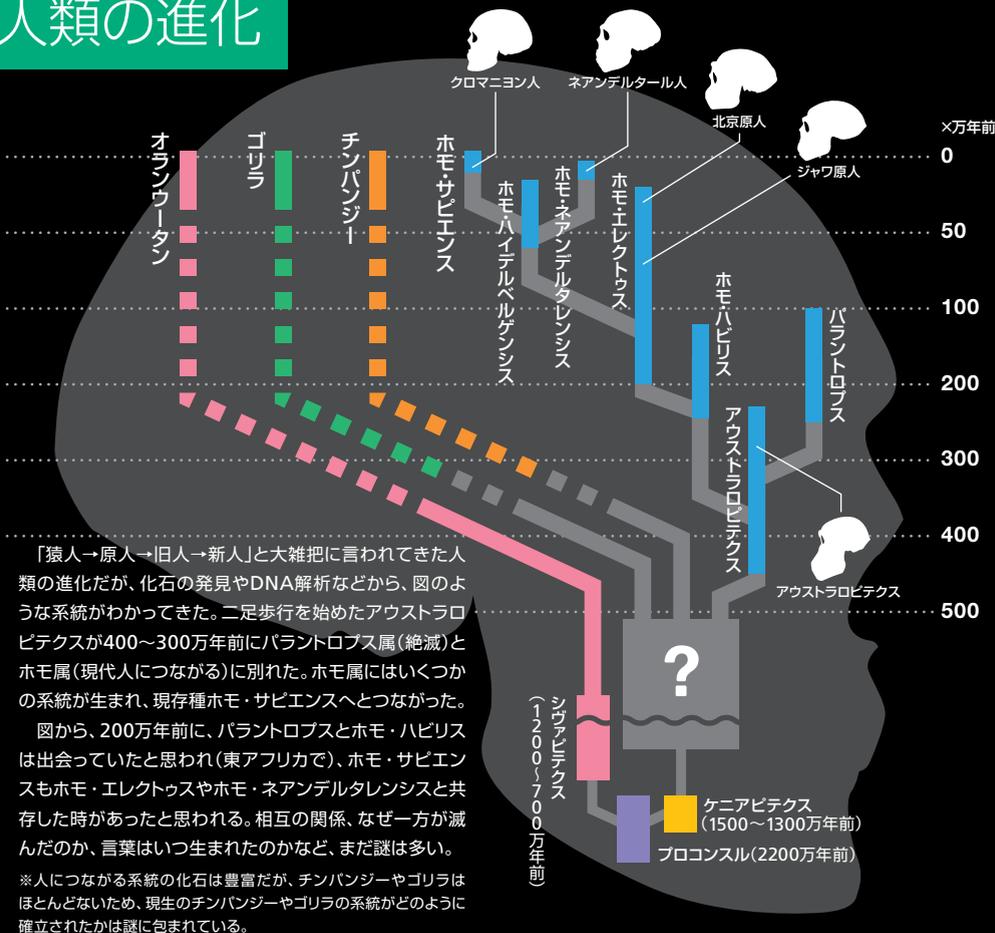
サル目はキツネザル亜目とサル亜目からなっている。

キツネザル亜目は原猿類ともいい、キツネザル類とメガネザル類が含まれ、アフリカと東南アジアに生息する。歌で有名なアイアイもこの仲間だ。

サル亜目は広鼻猿類(オマキザル科)と狭鼻猿類(オナガザル科など)からなる。広鼻猿類は中米と南米大陸にしか生息しないので、新世界ザルと呼ばれ、狭鼻猿類はアフリカ大陸とユーラシア大陸にしか生息しないので、旧世界ザルと呼ばれる。私たちヒトは、旧世界ザルから分岐したと考えられ、類人猿とあわせてホミノイド(ヒト上科)と称される。



ヒトってなに?.....1 人類の進化



ヒトってなに?.....2

環境と進化

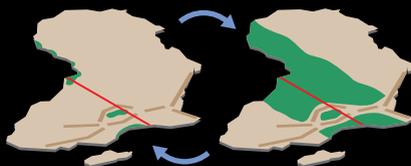
ヒトは地球上の極地以外の全域、オランウータンはインドネシア、ゴリラとチンパンジーはアフリカ熱帯林に生息している。ほとんどのサルは森林が生活の場だ。アフリカ大陸には類人猿の祖先にあたるオナガザル科のサルが現存するが、さらにその祖先にあたるオマキザル科のサルは中米と南米大陸にしか生息していない。

南米大陸では、オマキザル科が誕生した時代から現在まで、アマゾン河口付近を中心に熱帯林が安定して存在し続けた。一方、アフリカ大陸では、この間に大規模な熱帯林の縮小と拡大が繰り返り起きている。このような生息地の変化が森林生活者であった私たちの祖先に進化のチャンスを与え、とくに大規模な縮小の時に森林の外に出た仲間がヒトになったのではないだろうか。



現在のアフリカ

▲はヒトの祖先の化石が発見された地域。乾燥化が早くに進んだ大地溝帯東側に限られていたが、最近西側でもヒトではないかと考えられる化石が発見され注目を集めている。

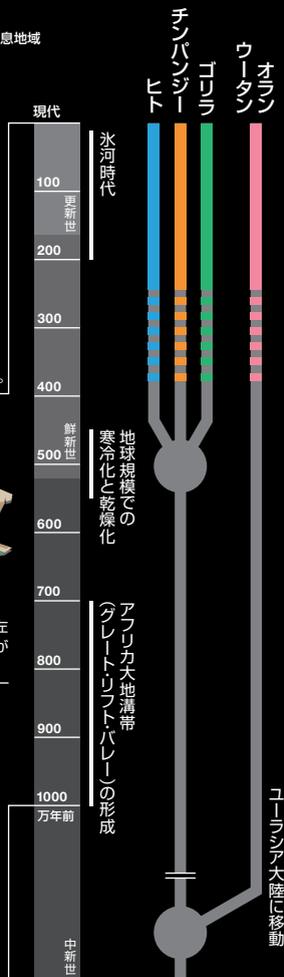


現在明らかになっているのは最後の氷河期(1万8千年前・左図)だけだが、アフリカでは大きな環境変動により、熱帯林が大規模な拡大と縮小を繰り返したと考えられている。



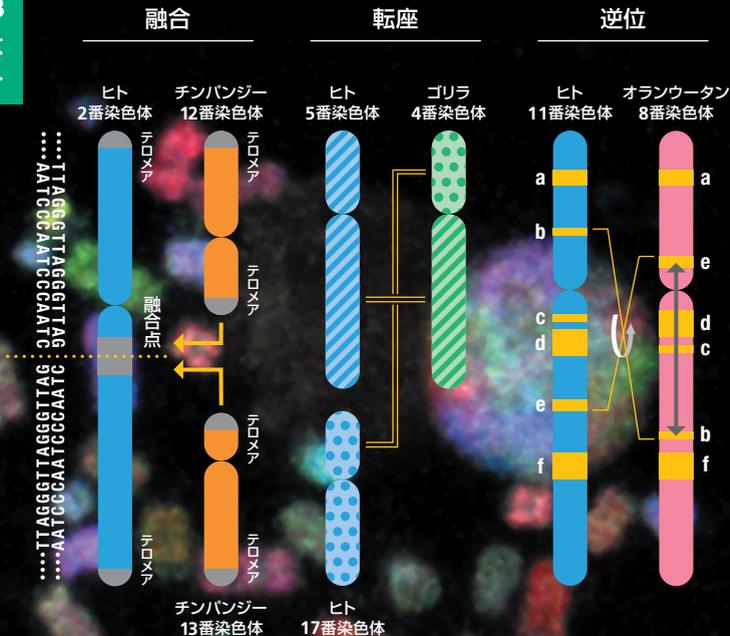
1000万年前のアフリカ

大地溝帯の形成前のアフリカでは、赤道をはさんで東から西まで熱帯林で覆われていた。大地溝帯の形成により東と西は分断され、東側では乾燥化が進んだ。



染色体比較

染色体の両端には必ずTTAAGGGという6塩基がくり返す配列があり、テロメアと呼ばれる。ヒトの2番染色体でTTAAGGGというくり返し配列が続いた後、CCCTAAというくり返しに変わる場所が見つかった。CCCTAAの相補鎖を逆から読むとTTAAGGG。ここで、2つの染色体の端が融合したに違いない。



ヒトの2番染色体は、チンパンジー、ゴリラ、オランウータンの2本の染色体が融合したものの。他の3種の染色体がいずれも48本なのに、ヒトの染色体が46本なのはこのためだ。また、ヒトの5番染色体に対応するゴリラの4番染色体は、動原体をはさんで片側はヒトの5番と同じだが、もう一方はヒトの17番と同じである(転座)。

同じ遺伝子が同じ染色体に乗っているという点では、2番と5番以外は、ヒトも類人猿もほぼ同じだ。しかし、同じ染色体内では遺伝子の配置が入れ替わった(逆位)ところがたくさんある。次頁の図で見比べるとお互いに似ていたり、似ていなかった

たり、面白い。

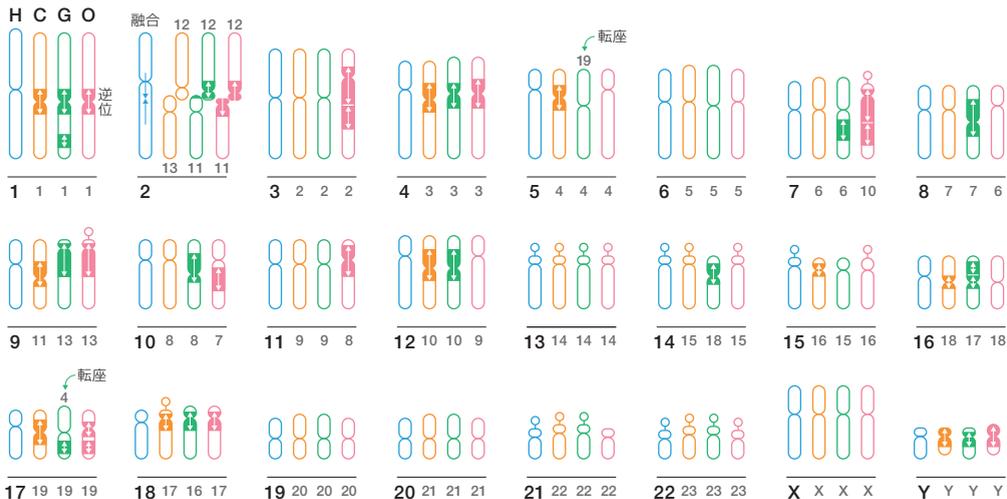
チンパンジーゲノムとヒトゲノムの塩基配列の違いは1.23%。この数字の小ささには驚く。しかし遺伝子の配置など、数字に表せない違いがあることも忘れてはならない。ゲノム上の遺伝子配置が違うと何がどう変わるかはまだ分からないが、染色体は減数分裂(子孫を残す細胞を作る時の分裂)時にとても大きな役割を果たすことがわかっている。遺伝子の配置と進化の関係を知るにはDNAの塩基配列の比較だけでなく、染色体の比較研究が重要だ。

(協力/ 数藤由美子: 東京大学新領域創成科学研究科先端生命科学研究所)

ゆっくり眺めて比べてみると、似ているような似ていないような…面白い!

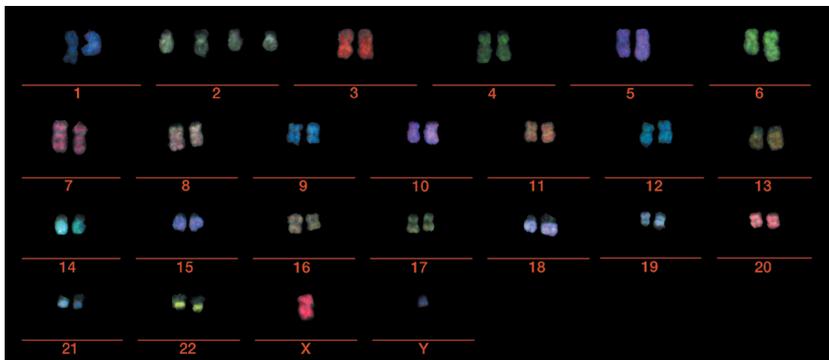
ヒト(H)・チンパンジー(C)・ゴリラ(G)・オランウータン(O)の染色体の比較

(染色体の番号は種ごとに、大きさ順につけられている。そのため、対応する染色体どうしの番号は必ずしも一致しない。)



前頁背景写真
チンパンジー(♂)：2N=48
メタフェーズ(分裂中期)
染色体と間期核のM-FISH画像

右写真
チンパンジー(♂)：2N=48
左写真のメタフェーズの
核型分析図
(染色体の下の番号は対応する
ヒト染色体番号)



ヒトってなに?.....4 研究の歴史

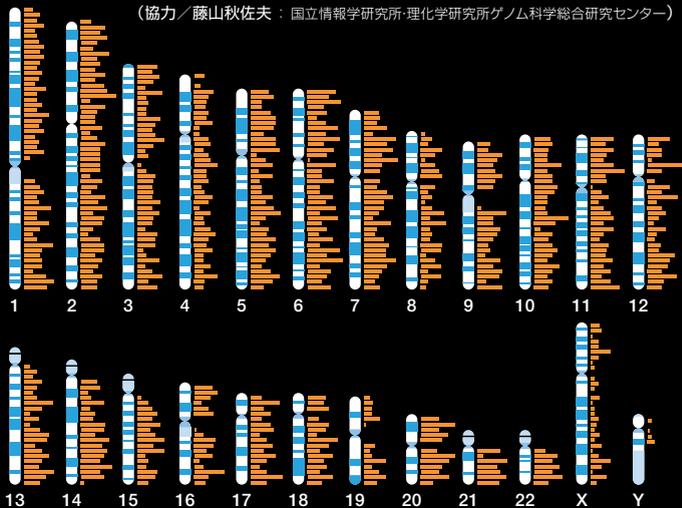
ヒトと類人猿の比較はダーウィンの進化論から本格化する。現存種どうしの解剖学的比較、化石と現存種の比較・・・その時代の最先端の技術を駆使して、私たちは自らの起源を探ろうと挑戦してきた。

2003年4月にヒトゲノム塩基配列解読が完了した。一方、類人猿のゲノムの本格的な解読作業は始まったばかり。その第一歩を踏み出し、世界中の研究者がチンパンジーゲノムを調べるための基礎データを作ったのは、日本の研究チームである。最も近いこの2種のゲノム全体を比べる研究の成果が目される。二足歩行、大きな脳、言葉などの人間の特徴の背景にある変化を多角的に追える、楽しい時代になった。

2000年— ゲノム全体を比較

チンパンジーゲノムを切断して、平均の長さ180kbの断片を64000個つくり、その両端約400塩基の配列を調べた。そのうちの17000個について、ヒトゲノムのどの部分と対応するかを調べ、ヒト染色体との比較地図を作成した。オレンジ色の棒の長さは、対応したチンパンジーゲノムの断片数を表わしている。対応する配列どうしの類似度の平均値は98.77%と高い。また、ヒト21番染色体を使った別の実験から、配列が相互に違うところは染色体上で局在化していることがわかった。これらからヒトをヒトにしている特徴を明らかにするのが研究の目的だ。

(協力/ 阪山秋佐夫：国立情報学研究所・理化学研究所ゲノム科学総合研究センター)



1890年代—

解剖学的比較

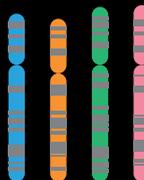
骨格や歯列などの見た目による比較



1900年代—

染色体の比較

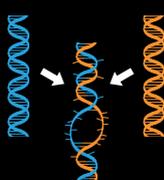
染色体の数やバンドパターンを比較



1960年代—

DNAハイブリッド形成法

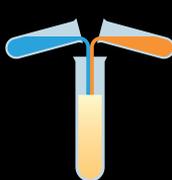
異なる種のDNAの一本鎖どうしを再会合させて比較



1970年代—

免疫学的方法

抗原抗体反応の特異性を利用して比較



1970年代—

塩基配列の比較

特定の遺伝子の塩基配列を比較

```

AGGTCACCATAAAGCCTGCA
AGTTCCACCATCAAGCCTGCA
AGTTTCGCCATCAAGCCAGCA
AGTTTCGCCATCAAGCCAGCA
    
```