

ホモ・サピエンスの出現は
多地域か、アフリカか？

過去の劣化したゲノムは
正確に読めるのか？

核DNAも読んだほうがよい
のではないか？

ゲノムから生物種 の分岐年代を推定 する

1962 ヘモグロビンの
アミノ酸置換数が種
の系統的な距離に比例
することが提唱される⁶⁰

1965 分子進
化時計の概念が
提唱される⁶¹

ゲノムから ヒトの過去を知る

1980 21人のヒトのmtDNA
の差異がおおよそ18-36万年前の
1組の人類の共通祖先由来で
あることが推定される²⁹

1979 MtDNAの種間
での高い変異率が明らか
になり、系統樹作成への有
用性が示唆される²³

1984 絶滅したシマ
ウマ（クアッガ）の標
本からmtDNA 229塩基
対が読まれる³¹

1985 2,400年前のミイラから採取
されたmtDNAを大腸菌を用いて増幅
し、3,400塩基が読まれる³³

1990 ヒトゲノム計画始動⁶²

1987 世
界各地のヒ
トのmtDNA
の制限酵素
での切られ
方から、母
系の共通祖
先はおおよ
そ20万年前
のアフリカ
と推定され
る³

1991 MtDNAの一部を直接
読むことで1987年の結果の追
試がなされる⁹

1994 10万年前のマン
モスのDNAの解読が報告
される^{63,64}

1997 初めてネア
ンデルタール人の
mtDNA 397塩基が読ま
れる⁴⁵

2003 ヒトゲノム完全解読⁶²

ゲノムを網羅的に 解読する

2010 初めて古代人
類（4,000年前）のヒト
の全ゲノム解読が報告
される⁵⁰

2010 初めてネア
ンデルタール人の全ゲ
ノム解析が報告される⁵¹

2010 初めてデニ
ソバ人の全ゲノム解析が
報告される⁵²

2017 それまでの報
告よりも温暖な場所
（DNAの劣化が速い）
から採取されたネア
ンデルタール人の高精度
なゲノム解析が報告さ
れる⁵⁴

1960 1970 1980 1990 2000 2010 2020

1963-64 ミトコンド
リアがDNA (mtDNA) を持つこ
とが証明される^{27,28}

1980 MtDNAのヒトで
の母系遺伝が証明される²¹

1988 7,000年前
の脳からのmtDNA
のPCRでの増幅・解
読の成功が報告さ
れる³⁵

1998 世界各
地のヒトのY染色
体の多型解析から、
人類のアフリカ
の起源が推定される⁶⁶

2006 マンモスの骨
から約2800万塩基の
DNAの解読した、NGS
を用いた初めての報告
が発表される⁶⁷

2019 DNAの
メチル化を頼り
に、デニソバ人
の骨格構造が解
明にされる⁶⁸

ミトコンドリアとそのDNA についての知見を蓄積する

1982 哺乳類で
のmtDNAの1細胞
中のコピー数が数
千~数万であるこ
とが推定される²⁴

1985 DNAの増
幅技術(PCR)が開発
される³⁴

1995 ヒトのY染
色体を2,600塩基読み、
Y染色体の共通祖先
は18.8万年前と推定
される⁶⁵

2005 4万年前のホ
ラアナグマの骨から
DNAを採取し、約27万
塩基の抽出・解読が報
告される⁴⁹

2005 次世代シーケンサー
(NGS)が開発される⁴⁸

2020 全世界54集団
929の全ゲノムが解析
される⁵⁵

人類の過去を ゲノムから探る

DNAの増幅技術を確認する

メタゲノミクスの技術を確認する

DNAの網羅的解析技術を確認する

1 回限りの映画の内容を思い出すのが困難のように、我々人類の過去を正確に知るの
のは極めて難しい。実際、数十年に及ぶ過去の探究は、現在・過去のサンプルから
のゲノムの抽出、解読、解釈によって大きく前進したが、その前進には、数多くの
知恵が必要だった。しかしそうした知恵は、無から生まれたのではなく、問題提
起・対立（最上段）、時宜にかなった技術革新（下段）と反省の基づく実際の試行
錯誤と応用、そしてまた新たな問題の提起（上段）から生まれたものだったようだ。

25th April 2020

