

遺伝子からみた 人類集団の近縁関係

—最近の研究を中心に

斎藤成也

世界中に散らばるさまざまな人類集団を、遺伝的な違いをもとにして比較しようという試みは、ABO 血液型の研究に始まる。その後、あらたに発見されたRh式やMN式なども加えた血液型の調査が世界中の集団で行われるようになった。これらのデータ

をもとに、スタンフォード大学のキャヴァリース・フォルザラ(1964)は、人類集団間の関係図をつくり、それを世界地図に重ね合わせて、人類の移住ルートを推定した(図1)。図1ではニュージーランドのマオリ人があたかもアラスカあたりから移動したように描かれているが、これをありえないこととして、彼らの研究を強く批判するむきもあったらしい。

一方、1960年代になって、血液型と異なり、遺伝子の直接産物であるタンパク質のわずかな差を、比較的簡便に調べられる電気泳動法が集団遺伝学的研究に用いられるようになった。これらのデータの分析から、三大人種のうちモンゴロイドとコーカソイド(いわゆる白人)が近く、ネグロイド(いわゆる黒人)はこれらよりも少し遠い傾向にあることがわかつた。新しいデータを加えたその後の研究でも、同じ関係が推定されている。とくにテキサス大学の根井とリフシツ(1989)は、血液型からDNAマークーにおよぶ186個の遺伝子座のデータを分析して、モンゴロイドとコーカソイドの遺伝距離が、ネグロイドとこれら二人種との間の遺伝距離よりも統計学的に有意に小さいことを初めて示した(表1参照)。遺伝距離とは集団間の遺伝的な違いを定量的にあらわす尺度であり、遺伝子頻度が異なるほど遺伝距離は大きくなる。根井の遺伝距離がよく使われている。最近、キャヴァリース・フォルザラ(1988)が38の人種集団から集めた遺伝子頻度データ(血液型、タンパク質、HLA、Gm、味盲等を含む)をもとに類似の解析を行い、三大人種の分岐順序に関して根井らと同じ結論に達している(図2)。すなわち、アフリカのネグロイ

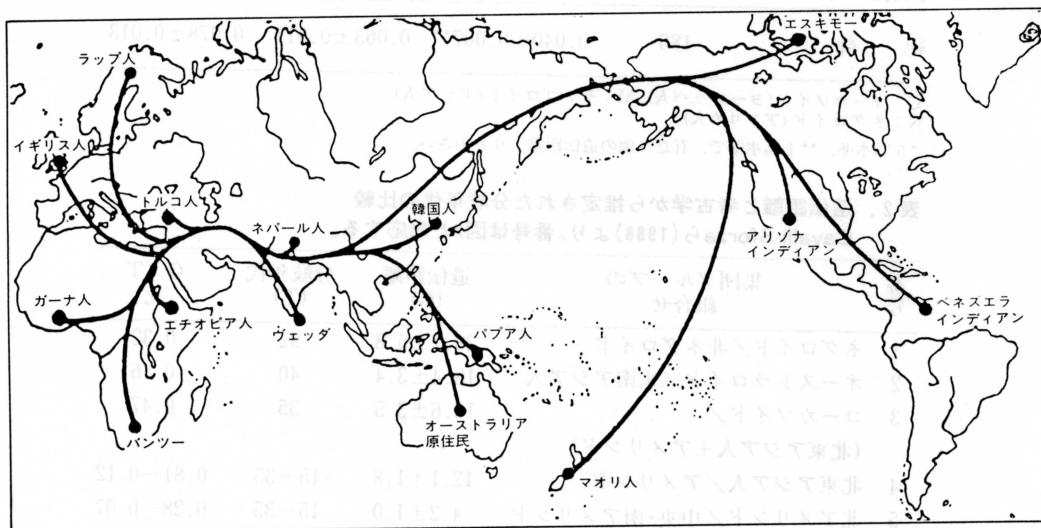


図1. 人類の移住ルートの推定図

Cavalli-Sforza (1964) より

ドと他の人類集団が最初に分岐している。したがって、少なくとも遺伝子からみた三大人種の近縁関係については、コンセンサスが得られたといってよかろう。

図2の系統樹は、遺伝子の進化速度を一定と仮定する UPGMA という方法でつくられている。この系統樹では、モンゴロイドが大きく二つのグループに分けられている。一つはコーカソイドとともに、北ユーラシアグループを構成している。このグループには、日本人、韓国人などのほかに、南米・北米のモンゴロイド(アメリカのインディアンという意味でアメリンドと呼ぶことがある)も含まれる。もう一つのグループには東南アジアや太平洋の島々の集団が含まれ、パプア人やオーストラリア原住民(アボリジニー)と近縁である。この後者のグループは、コーカソイドが生じてくる以前に分岐したと推定されているわけであるが、本当にそうであろうか。このグループには、日本人と地理的に近く、顔かたちも似通った中国南部人や東南アジア人が含まれている。彼らよりもヨーロッパのコーカソイドの方が東アジア人に近縁であるとは、にわかには信じがたい。

キャヴァリースフォルザら(1988)は、遺伝子頻度データから推定した根井の遺伝距離と、考古学的データに基づく集団の分岐年代を比較している(表2)。ネグロイドと非ネグロイドの分岐年代(92,000年;図2の点1)には、イスラエルのカフゼー洞窟遺跡の年代が使われ、コーカソイドと(北東アジア人+アメリンド)の分岐年代(35,000年;図2の点3)は、ヨーロッパにおいてネアンデルタール人が消滅し、新人の出現した年代が使われている。一方、オーストラリアへの人類の進出は少なくとも4万年前と考えられているので、これをオーストラロイド(パプア人とアボリジニーの総称)と東南アジア人の分岐年代の下限に採用している(図2の点2)。また、人類の新大陸への進出は、新しいデータ(チリのモンテ・ベルデ遺跡)によると33,000年前にさかのぼりうるが、定説ではもっと最近だと考えられているので、北東アジア人とアメリンドの分岐(図2の点4)、北アメリンドと中央・南アメリンドの分岐(図2の点5)をともに15,000-35,000年前としている。

遺伝子の変化する速度が一定であるとすれば、表2のG/T比(遺伝距離Gを分岐年代Tで割ったもの)

表1. 三大人種間の遺伝距離 Nei & Livshits(1989)より。

遺伝システム	遺伝子座の数	人種間の遺伝距離とその標準誤差		
		C/M	C/N	M/N
タンパク質	84	0.028±0.009*	0.035±0.009	0.048±0.012
血液型	33	0.019±0.010*	0.059±0.032	0.082±0.041
HLAとGm	8	0.329±0.122*	0.701±0.341	0.386±0.169
DNAマーカー	61	0.060±0.012*	0.081±0.017	0.109±0.025
総 計	186	0.040±0.007**	0.063±0.011	0.078±0.013

C: コーカソイド(ヨーロッパ人)、M: モンゴロイド(アジア人)、

N: ネグロイド(アフリカ人)。

* 5%水準、** 1%水準で、有意に他の遺伝距離よりも小さい。

表2. 遺伝距離と考古学から推定された分岐年代の比較

Cavalli-Sforzaら(1988)より。番号は図2と対応する。

番号	集団グループの組合せ	遺伝距離(G)	分岐年代(T)	G/T比
1	ネグロイド/非ネグロイド	29.7±6.8	92	0.32
2	オーストラロイド/東南アジア人	18.4±3.4	40	0.46
3	コーカソイド/(北東アジア人+アメリンド)	16.6±3.5	35	0.47
4	北東アジア人/アメリンド	12.1±1.8	15-35	0.81-0.12
5	北アメリンド/中央・南アメリンド	4.2±1.0	15-35	0.28-0.07

Gは根井の遺伝距離×1,000とその標準誤差。Tの単位は千年。

日本語のイニシアチブによる翻訳

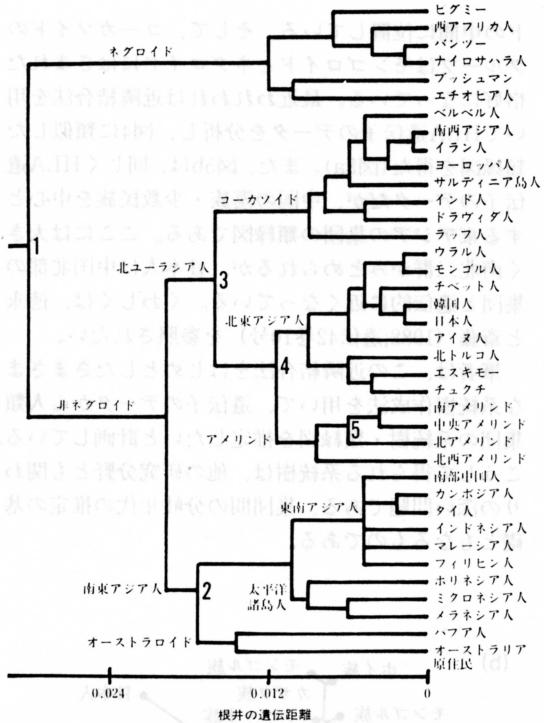


図2. 38集団の系統樹 Cavalli-Sforza ら (1988) より。

はどの集団の組み合わせでも同一になるはずである。キャヴァリースフォルザらは、まだあやふやな新大陸の考古学的データに基づく点4、5を除く3点の比がほぼ0.4前後になっているとしている。しかし、この結論をただちに受け入れるわけにはいかない。たとえこれら考古学的な分岐年代の推定値が正しいとしても、それらの分岐年代が図2のどの点に対応するかについては、研究者間で見解の相違がありえるからである。また、すでに疑問を投げかけた点だが、図2の系統樹そのものの推定にも誤りが含まれている可能性が考えられる。さらに、この系統樹作成の基礎的データである遺伝距離の推定には42個の遺伝子座が使われているが、集団によってはデータに欠失があるという記述も気になるところである。遺伝距離を用いた分析では、一般にはこのようなデータは危なっかしいので扱わないものである。

数年前に、根井とロイチャウデューリー(1982)が遺伝子頻度データに関する同様の分析を行って、18集団の系統樹を推定している(図3)。ここでは、血液型とタンパク質23遺伝子座のデータが使われている。今度は図2の場合と異なり、中国人、日本人をはじめとするアジア・太平洋のモンゴロイド集団がコーカソイドとともに近縁であり、その外側に南北アメ

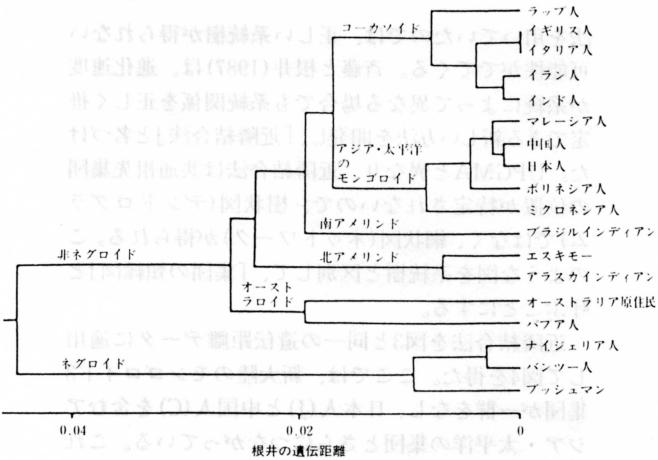


図3. UPGMAを用いて作成した18集団の系統樹 Nei & Roychoudhury (1982)より。

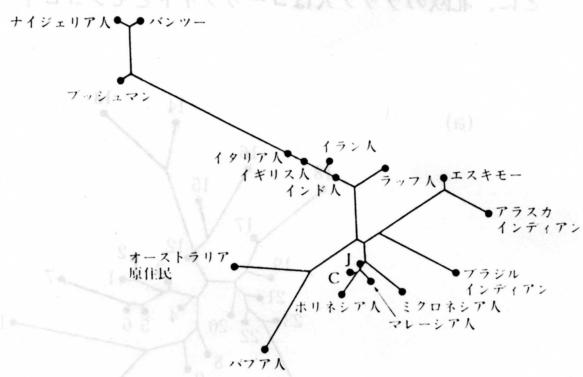


図4. 図3を作成するのに用いたものと同一の遺伝距離データをもとに、近隣結合法を用いて作成した集団間の類縁図 斎藤(未発表)より。

リカの集団が、さらにその外側にオーストラロイドが位置する。一般に、アメリンドはアジアのモンゴロイドと近い関係にあると信じられているが、その見解とは異なる系統樹が得られたわけである。この理由としては、アメリンドの祖先集団がユーラシアから新大陸へ移動していくときに、集団の大きさが一時的に著しく少なかった可能性が考えられる。これによって短期間に遺伝子頻度の顕著な変化が生じるのである。遺伝距離は遺伝子頻度の差にもとづいて計算されるので、同じ時間がたっていても、大集団間の遺伝距離は小さく、小集団間の遺伝距離は大きくなることが十分起こりうる。人類集団の分化のような短期間に起こる遺伝子の変化速度には、集団の大きさも関係するのである。

こうなってくると、遺伝距離を推定しても、進化速度一定を仮定したUPGMAのような系統樹を作成

法を用いていたのでは、正しい系統樹が得られない可能性がでてくる。斎藤と根井(1987)は、進化速度が系統によって異なる場合でも系統関係を正しく推定できる新しい方法を開発し、「近隣結合法」と名づけた。UPGMAと異なり、近隣結合法は共通祖先集団の位置が特定されないので、樹状図(ツンドログラム)ではなく、網状図(ネットワーク)が得られる。このような図を系統樹と区別して、「集団の類縁図」と呼ぶことにする。

近隣結合法を図3と同一の遺伝距離データに適用して図4を得た。ここでは、新大陸のモンゴロイド3集団が一群をなし、日本人(J)と中国人(C)を含むアジア・太平洋の集団とさらにつながっている。これらのグループにオーストラロイドがくっつき、そこからコーカソイドへとつながってゆく。興味深いことに、北欧のラップ人はコーカソイドとモンゴロイ

ドの中間に位置している。そして、コーカソイドのグループはモンゴロイドとネグロイドにはさまれた格好になっている。最近われわれは近隣結合法を用いてHLA遺伝子のデータを分析し、図4に類似した類縁図を得た(図5a)。また、図5bは、同じくHLA遺伝子のデータだが、中国の漢族・少数民族を中心とする東アジアの集団の類縁図である。ここには大きく南北二群がみとめられるが、日本人は中国北部の集団と遺伝的に近くなっている。くわしくは、徳永と斎藤(1988;遺伝42巻10号)を参照されたい。

筆者は、この近隣結合法をはじめとしたさまざまな系統樹作成法を用いて、遺伝子のデータから人類集団の系統樹・類縁図を推定したいと計画している。こうして得られる系統樹は、他の研究分野とも関わりの深い問題である、集団間の分歧年代の推定の基礎ともなるものである。

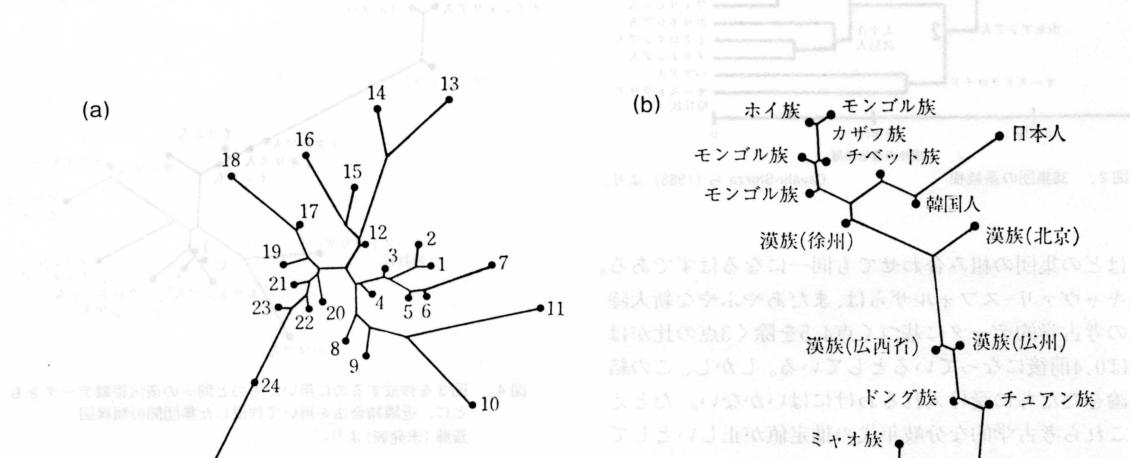


図5. HLA遺伝子のデータから、近隣結合法を用いて作成した集団間の類縁図。(a)世界の25集団
(b)東アジアの18集団
1:日本人,
2:韓国人,
3:北部中国人,
4:タイ人,
5:四川省中国人,
6:南部中国人,
7:台湾中国人,
8:マレ夫人,
9:フィリピン人,
10:アボリジニー,
11:バブアニューギニア人,
12:マオリ人,
13:北米インディアン,
14:エスキモー,
15:ハワイ島原住民,
16:ネパール人,
17:北米白人,
18:欧洲白人,
19:南美白人,
20:ウイグル人,
21:イラン人,
22:南部インド人,
23:北部インド人,
24:米国黒人,
25:アフリカ黒人。

図5. HLA遺伝子のデータから、近隣結合法を用いて作成した集団間の類縁図。(a)世界の25集団
(b)東アジアの18集団
1:日本人,
2:韓国人,
3:北部中国人,
4:タイ人,
5:四川省中国人,
6:南部中国人,
7:台湾中国人,
8:マレ夫人,
9:フィリピン人,
10:アボリジニー,
11:バブアニューギニア人,
12:マオリ人,
13:北米インディアン,
14:エスキモー,
15:ハワイ島原住民,
16:ネパール人,
17:北米白人,
18:欧洲白人,
19:南美白人,
20:ウイグル人,
21:イラン人,
22:南部インド人,
23:北部インド人,
24:米国黒人,
25:アフリカ黒人。

図5. HLA遺伝子のデータから、近隣結合法を用いて作成した集団間の類縁図。(a)世界の25集団
(b)東アジアの18集団
1:日本人,
2:韓国人,
3:北部中国人,
4:タイ人,
5:四川省中国人,
6:南部中国人,
7:台湾中国人,
8:マレ夫人,
9:フィリピン人,
10:アボリジニー,
11:バブアニューギニア人,
12:マオリ人,
13:北米インディアン,
14:エスキモー,
15:ハワイ島原住民,
16:ネパール人,
17:北米白人,
18:欧洲白人,
19:南美白人,
20:ウイグル人,
21:イラン人,
22:南部インド人,
23:北部インド人,
24:米国黒人,
25:アフリカ黒人。

