

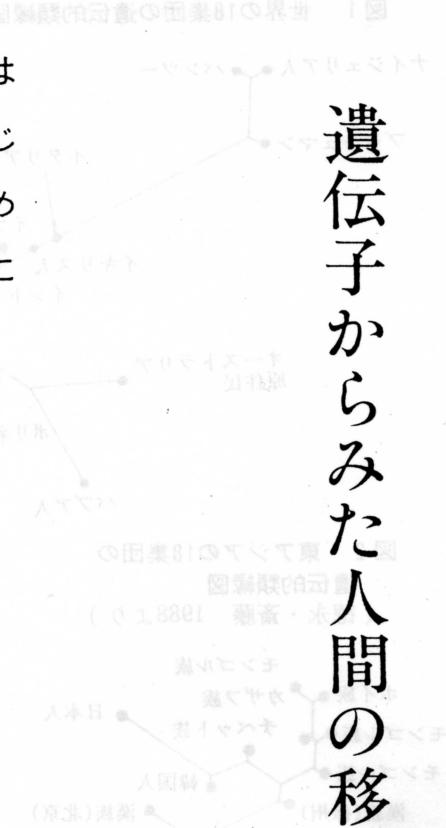
## 遺伝子からみた人間の移動

斎藤成也

(東京大学理学部人類学教室助手)



### はじめに



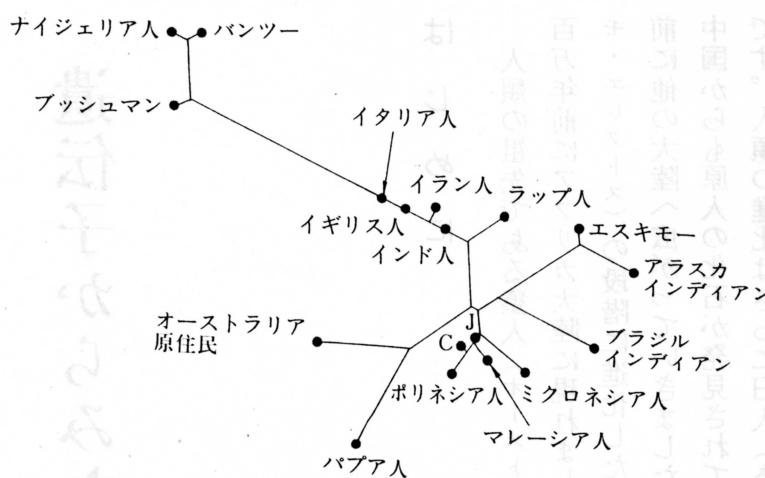
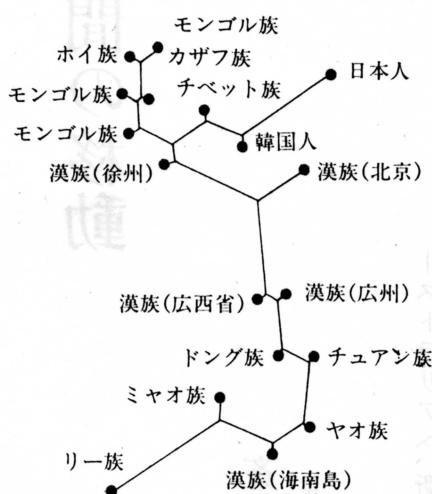
人種の祖先である猿人（オーストラロピテクス）は、約四百万年前にアフリカ大陸に現れました。その後、原人（ホモ・エレクトス）の段階に進化した人類は、およそ百万年前に他の大陸へ広がっていきました。ヨーロッパ、ジャワ、

中国からも原人の化石が発見されていることは、その証拠です。人類の進化はさらに旧人（ネアンデルタール人）の段階（約二〇万年前から四万年前まで）に進みます。使われた石器も精巧なものとなり、原人よりも高い文化技術を持つて、それぞれの地域環境に適応していたと思われます。しかし、人類が地球上に広く進出するようになったのは、新人の段階になつてからです。しかも、この移動の大部分を担つたのは、私たちモンゴロイドの祖先であり、彼らは才

このように人類の居住域が拡大されてゆくと、新天地へ移住していく人々と、もとの地域に残った人々は、交流することができます。婚姻を介した遺伝子の混ざりあいがなくなります。このため、地球上に散らばる人類集団は、遺伝的構成が少しずつ変化してゆきます。したがって、現在生きている人々の遺伝子を調べれば、過去の人類の移動をある程度まで復元できるはずです。これまでに、血液型（ABO型、Rh型、MN型など）をはじめとして、多数の遺伝子がさまざまな集団で調べられてきました。以下では、人類の移動を遺伝子データから推定する研究を、三つの観点にわけて紹介します。

図1 世界の18集団の遺伝的類縁図

(斎藤 未発表)

図2 東アジアの18集団の遺伝的類縁図  
(徳永・斎藤 1988より)

### 一、遺伝的類縁図からみた人類の移動

図1は、二三種類の遺伝子を調べて得られたデータから、筆者らが開発した方法を用いて、一八集団の遺伝的近縁性を表す類縁図を作ったものです。それぞれの枝の長さは、遺伝的な違いに比例しています。図の左上に、アフリカ大陸の三集団（ナイ

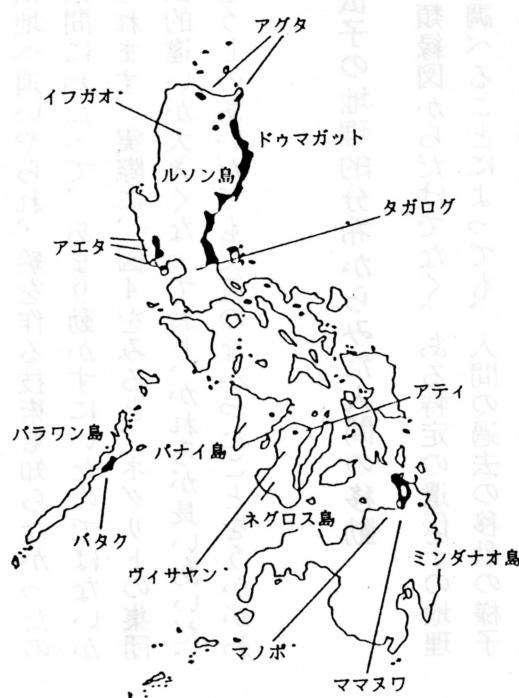
には南北アメリカ大陸の集団が位置しています。また、JとCはそれぞれ日本人と中国人をさしていますが、これらアジアの集団は太平洋の集団（ポリネシア人とミクロネシア人）と遺伝的に近くなっており、新大陸のグルー・プとともに近いことがわかります。彼らは広い意味でモンゴロイドと呼ばれます。一方、中央のあたりにヨーロッパ人とインド人（コーカソイド）があります。興味深いことに、北欧のラツブ人は、コーカソイドとモンゴロイドの中間に位置しています。世界地図を思い浮かべてみると、この遺伝的な違いにもとづく関係が、各大陸の地理的な位置関係にほぼあってはまっていることがわかります。すなわち、一般的にいつて、地理的に近い集団は遺伝的にも近縁であり、遠く離れた集団どうしは遺伝的構成がかなり異なる傾向があるということになります。これは、人類

が次々にその居住域を広げていった軌跡であると見ることができることになります。

図2は、図1を作るのに用いた

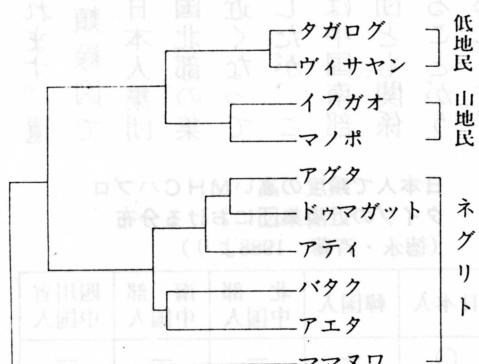
のと同じ方法で、東アジア諸集団の遺伝的類縁図を作ったものです。これは、染色体上に数珠つなぎになつて、主要組織適合性

図3 フィリピンのネグリト6集団と他の4集団の地理的分布(尾本 1984より)



複合体(MHC)遺伝子群のデータをもとにしたもので。この図には、大きくふたつのグループが認められます。ひとつは、リー族、ミヤオ族、ヤオ族といった、中国南部の少数民族を含むグループであり、もうひとつは、モンゴル族、カザフ族、ホイ族など、中国北部の少数民族を含むグループです。中国南部の漢族(広州、広西省、海南島)は南方のグループに、北部の漢族(北京、徐州)は北方のグループに属しています。中国の歴史を通じて、漢族と少数民族とのあいだの遺伝子の交流(混血)が続けられてきたことによって、このようなパターンが生じたといえるでしょう。ちなみに、この図の中で日本人は韓国人とともに近

図4 フィリピンの10集団の遺伝的類縁図(尾本 1984より)



く、これら二集団のグループは中国北方の集団と近縁となっています。

ここで、南方に目を転じてみましょう。フィリピンは二千以上の島から成っていますが、そこには多種多様な民族が住んでいます。そのなかでも、ネグリト(スペイン語で小さい黒人の意)は、フィリピンへ最初に渡ってきたと考えられています。東京大学の尾本恵市教授のグループはこのネグリトの起源を研究されてきました。長年の調査で蓄積されたデータをもとに、ネグリト六集団と他のフィリピン人四集団(図3の分布図を参照)との遺伝的類縁図が、図4に示されています。ネグリトのなかでも、ママヌワ族は特に他集団と離れており、原ネグリトともいえる集団が、

はるかな過去の時代にフィリピンへ渡ってきて、南部のミンダナオ島にはママヌワ族の祖先集団が、また北部のルソン島などに他集団が落ちついて、その後、遺伝的に変化していったと考えられます。採集狩猟民であるネグリトは、のちに農耕民がフィリピンへやって

くると山地へ追いやられ、船を作る技術も知らなかつたので、長期間にわたつて、あまり動かすにいたのではないかと考えられます。実際に、図4をみると、ネグリトの集団間の遺伝的違いが大きくなつており、かれらが長いあいだ、お互いどうしのあいだでも交流のなかつたことをうかがわせます。

## 二、遺伝子の地理的分布からみた人間の移動

遺伝的類縁図からだけでなく、ある特定の遺伝子の地理的分布を調べることによつても、人間の過去の移動の様子をかいまみることができます。さきに紹介したMHC遺伝子群には一〇個以上の遺伝子が並んでいますが、それらの遺伝子の組み合わせを「ハプロタイプ」と呼びます。MHCハプロタイプは非常に種類数が多く、普通はどれもごく低い頻度でしか存在しません。ところが、なかには1%以上の頻度を持つハプロタイプもあり、日本人集団でもいくつかが知られています。

日本人で頻度の高いMHCハプロタイプの上位八種類が、日本の近隣集団でも見いだされるかどうかをまとめたのが、表1です。最高頻度をもつハプロタイプ1およびその類似タイプが他集団では見いだされない一方、ハプロタイプ4は南部中国人に、ハプロタイプ3と6は韓国人にも

見られます。遺伝的類縁図では、日本人集団は中国北部の集団に近くなつていましたが、ここでは中国南部の集団とも関係のあることがうかがわれます。

表1 日本人で頻度の高いMHCハプロタイプの近隣集団における分布  
(徳永・齊藤 1988より)

ハプロタイプ	日本人	韓国人	北部中国人	南部中国人	四川省中国人
1	○	—	△○	—	△
2	○	—	○	—	△
3	○	—	—	—	△
4	○	—	—	—	△
5	○	—	—	—	—
6	○	—	—	—	—
7	○	—	—	—	—
8	○	—	—	—	—

○：そのハプロタイプが存在する

△：類似したハプロタイプが存在する

—：類似したハプロタイプも存在しない

図5 日本人のA型遺伝子頻度の地理勾配  
(古畠 1962より)

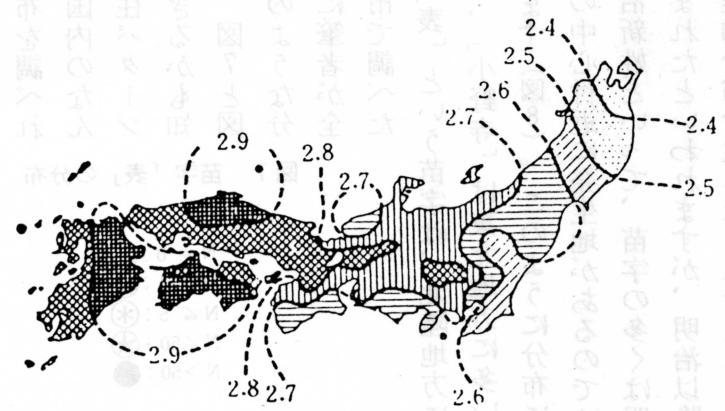
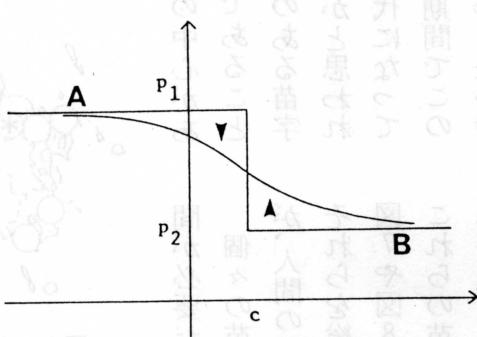


図6 2集団の遺伝子拡散モデル  
(青木・尾本 1980より)



地理勾配の例はABO血液型にとどまりません。赤血球中の酵素GPTの1型遺伝子は、沖縄の石垣島から三重県まで頻度が増加し、その後北上するに従い、再び頻度が低下します。また、耳垢のタイプ（乾型と湿型）を決定する遺伝子でも、九州以南の島伝いに地理勾配があります。最近では、ミトコンドリアDNAの遺伝子でも、青森、静岡、沖縄の集団で頻度が著しく異なるものが発見されています。これらは、多かれ少なかれ過去の人間の移動パターンを反映していると思われます。

的構成の異なる二集団（図6のAとB）が混血を始め、集団間の境界線が徐々にぼやけていくことに

### 三、苗字の地理的分布からみた人間の移動

よっても起ります。過去に日本の東西に遺伝的に異なる集団があり、それらがある時期に遺伝子の交換（拡散）を始めて、現在のABO血液型の地理勾配が生じたというモデルをたてて、分析を行った研究があります。遺伝子が拡散を始める以前の二集団の遺伝子頻度（図6の $p_1$ 、 $p_2$ ）の値と遺伝子の拡散速度を仮定して計算を行ったところ、集団AとBの境界（図6の点C）は、およそ岐阜市の

これまで、人間の移動について遺伝子を標識として話を進めてきましたが、遺伝子と類似した伝達様式を持つ苗字も、遺伝子と同じような情報をもたらす可能性があります。日本の苗字は一般に父から息子に伝わるので、原則としてY染色体（男性のみが持つ）の伝達と一致するはずです。

あたりであり、拡散の始まったのは約二千年前（弥生時代）であるという、興味深い結果が得られました。もつとも、この推定はいくつかの仮定に基づいており、どれだけ確からしいかはなんともいえません。

新しい苗字が生じて、その後増えてゆくあいだには、その苗字を持つ人間が、発生の地から移動することもあります。したがって、苗字の地理的分布を調べれば、日本国内のなんらかの移住パターンを推定できるかも知れません。図7と図8は、このような分布を実際に筆者が全国五四の市で調べた例です。「表」という苗字は、北陸地方に分布の中心があり（図7）、「小野寺」は東北地方に多い苗字であることがわかります（図8）。このように分布に偏りのある苗字は、分布の中心付近に発生地があるのでないかと思われます。明治新姓といって、苗字の多くは明治時代になつて新しく生まれたといわれますが、明治以降の短期間でこのような地理的分布を生じたとは考えにくく、もつと長い時

図7 苗字「表」の分布（斎藤 1983より）

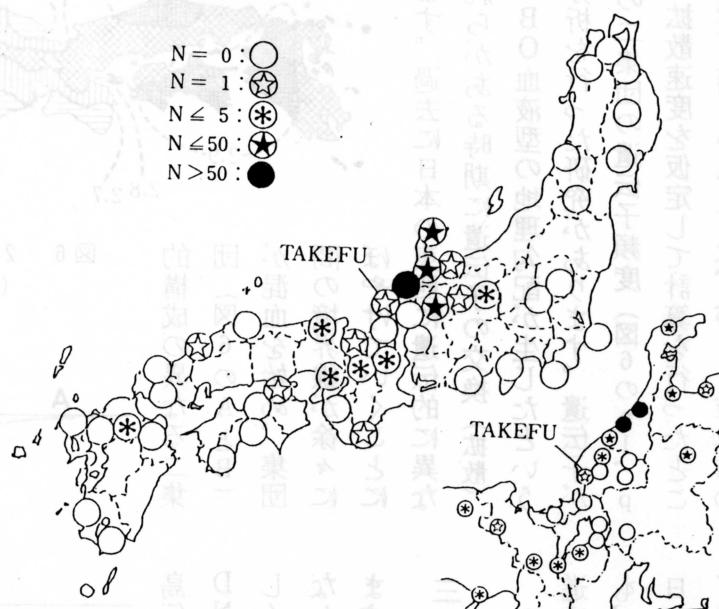
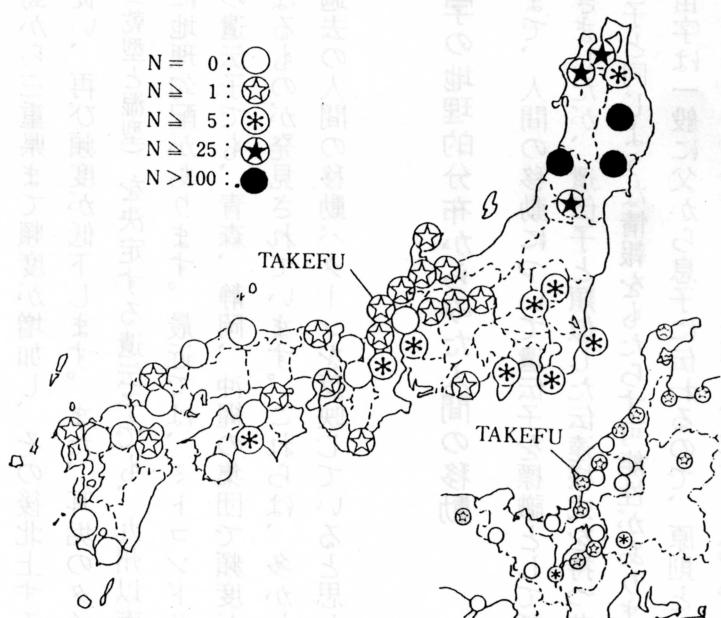
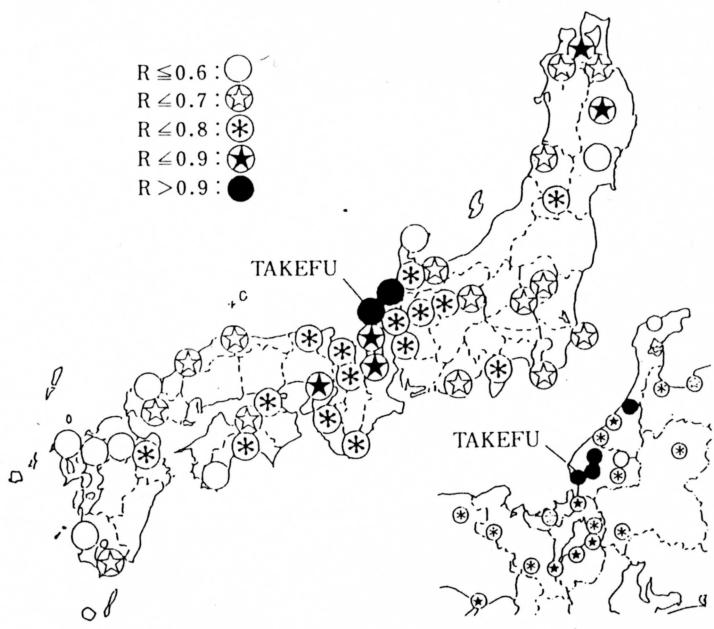


図8 苗字「小野寺」の分布（斎藤 1983より）



間が必要だと考えられます。個々の苗字の地理的分布は、それ自身興味深い問題ですが、人間の移動を調べるには、多数の苗字の分布を調べて、それらを総合的に判断する必要があります。そこで筆者は、図7や図8のような分布を四〇九個の苗字で調べました。これらの苗字は、北陸地方のある地方都市（福井県武生市）に存在するものから選んだものです。こうして得たデータ

図9 ケンドールの順位相関係数を指標とした  
苗字の親和度（斎藤 1983年）



から、武生市と他の都市の苗字に関する親和性を、さまざまな尺度で推定しました。その一例が図9です。これは、苗字の個数による順序が各都市間で似ているかどうかを数值化したものです。武生市周辺の市がよりよく似ており、距離が離れるにしたがって、類似度が減少する傾向がみられます。ふたつの町のあいだで、長期間にわたって相互に移動が行われれば、苗字の個数もほぼ似かよつたものになります。また、長期にわたって相互に移動が行われれば、苗字の個数もほぼ似かよつたものになります。

おわりに

最近の分子生物学の発展により、今ではDNAのごくわずかの個体差を調べることができます。祖先の歩いた道筋を追うことができるのです。また、遺跡から発見される人骨中にかすかに残っているDNAを取りだして調べる研究も始まっています。これらの研究から、まったく新しい結果が出てくるのではないかと、筆者はひそかに期待しています。

#### 〔引用文献〕

- 青木健一・尾本恵市、一九八〇「日本におけるABO式血液型遺伝子頻度の地理勾配の分析—移住モデル」（英文）人類学雑誌、八、一〇九一—一二二。
- 尾本恵市、一九八四「ネグリトの起源—集団遺伝学的アプローチ」『人類学—その多様な発展』（日本人類学会編、日経サイエンス社発行）、「一八六一—一九九。
- 斎藤成也、一九八三「苗字資料による国内の移住パターン推定の試み」『人類学雑誌』、九一、三〇九一—三二二。
- 徳永勝士・斎藤成也、一九八八「HLA抗原系からみた日本人」『遺伝』、四二、四〇一—四六。
- 古畑種基、一九六二「血液型の話」岩波新書。

