

第2章 アメリカ大陸への人類の移動と拡散

第2章 アメリカ大陸への人類の移動と拡散

1 アメリカに進出した人類

人類の祖先である猿人(オーストラロピテクス)は、約400万年前にアフリカ大陸に出現在した。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100万年前にアフリカ大陸からユーラシア大陸へ進出した(アウト・オブ・アフリカその1)。ところが、約10万年前に再びアフリカ大陸において人類進化の新しい波が生じた。いわゆる「解剖学的に現代人と変わらない人類」新人の誕生である。この展開については異論があり、まだあり得るシナリオのひとつといつておいたほうが無難であるようだが、もしこの仮説が正しければ、人類は再びアフリカ大陸からユーラシア大陸へ広がったことになる(アウト・オブ・アフリカその2)。

しかし、それからさらにオーストラリア大陸、南北アメリカ大陸、あるいは太平洋の島々へと、人類が地球上に広く進出するようになったのは、今からおよそ五万年前以降のことである。この移動の大部分を担ったのは、われわれモンゴロイドの祖先であった。彼らの移動していく足跡のなかで、南北アメリカ大陸へ渡り、いわゆるアメリカインディアンの祖先となつた人々の動きを、遺伝子のデータを中心に論ずるのが、本章の目的である。

モンゴロイドとはなにか

一四九二年一〇月一二日、クリストファー・コロンブス一行は、彼がインディアスと名付けた地域の最初の陸地(現在の西インド諸島ワットリング島)に上陸し、はじめて原住民と出会った。彼らの身体特徴は、皮膚の色が黒くもなければ白くもなく、髪の毛は縮れておらず、皆そろって背が高かった(『コロンブス航海誌』より)。現在のわれわれの知見からすれば、いわゆるインディアスの人々は、ユーラシア東部を中心にして分布しているモンゴロイドの一員である(口絵II参照)。コロンブスはこの航海にでるまで、実際にモンゴロイドを見たことはなかつたのである。

では、いったいこの「モンゴロイド」とは、どのような人々を指す言葉であろうか?歴史的には、世界のさまざまな人類集団をいくつかの人類に分類したブルーメンバッハが、モンゴル族現在のモンゴル国および中華人民共和国の内モンゴル自治区を中心分ぶする人々をモデルとして、さまざまな肉眼的な特徴を共通にもつ集団に名付けたとされている。ちなみに、「コーカソイド」は、黒海東方のカフカス地方の集団をモデルとして、いわゆる白人に名付けられた名称であり、「ネグロイド」は、「黒い」というラテン語からきた、いわゆる黒人の名称である。これらの三種類の名称をまとめ、三大人種と呼ぶことが多い。

しかし、最近は人種という概念そのものが古めかしくなっている。現在、アメリカの学界では、もはやコーカソイド、ネグロイド、モンゴロイドといった、「オイド」(ラテン語で「〜に類するもの」という意味)で終わる言い方はほとんど聞かれなくなっている。そ

もあるので、キャッチフレーズ的によく用いられる。

●ブルーメンバッハ
ドイツ人で、自然人類学の創始者のひとり。一七九五年に、世界中の人類を次の五人種に分類した。コーカサス、モンゴル、エチオピア、アフリカ、マライ。現代風に言えば、コーカソイド、アジア北部のモンゴロイド、ネグロイド、アメリカン、およびアフリカ南部のモンゴロイドに対応するであろう。

●人類集団

族など、人間のまとまりをあらわにはさまざまな段階、言い方がある。ヒト個体は互に交配可能で、そのなかで交配単位としての集団を明確に線引きすることはできない。そのため、これらの名称で呼ばれるグループ分けは多かれ少なかれ操作的なものである。これらをすべてひくるめて、人類集団と呼ぶ。

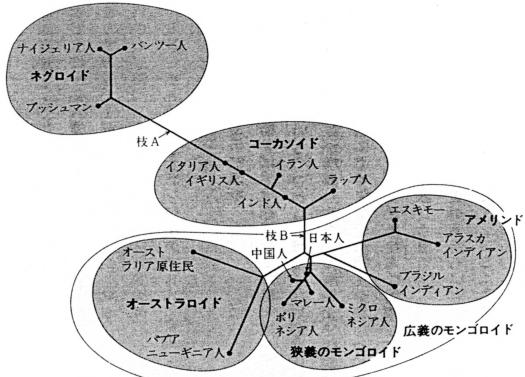
●猿人、原人、新人
これらの名前は、かつては猿人がオーストラロピテクスに、原人がホモ・エレクトスに、旧人がネアンデルタール

ンデルタレンシスに、解剖学的に現代人と変わらない人類ホモ・サビエンス、サビエンスが新人に対応された。しかしながらこれらの対応は、旧来の人類系統進化論を背景としたものであり、アフリケンスをはじめとする新たな化石が発見されている現在では、「この考え方は受け入れられていない。将来は徐々に使われなくなるであろう。」

本論では、読者便宜をばかって使つたまでである。
●アウト・オブ・アフリカ
人類がアフリカ起源であるならば、どこの時点でアフリカの外へ出でゆかなければならぬ。そのべたを象徴的に表現したもの。映画「愛と追憶の果て」の原題で

のかわり、人類集団を呼ぶときには、その集団の居住地域の名前を用いてゐる

図 2.1 世界 18 集団の遺伝的近縁図(Saitou ら 1992 による)



(狭義の) モンゴロイドがグルードとして明瞭に示される。広義のモンゴロイドは、コーカソイドとネグロイドを除く集団のグループである。すなわち、枝Bで他の二集団から区別することができる。同様に、枝Aによつて、ネグロイドは他の二集団から区別することができる。形態的には、オーストラロイド(オーリー)

ループにつける便宜的な名前として考へるのが妥当であろう。

する」とはある。遺伝距離を算出するためには、多數の遺伝子の遺伝子頻度データを用いる必要がある。

●近隣結合法

2 遺伝子からみたアメリカン

●近縁結合法
Saito and Noguchi (一九八七)

の考察した系統樹作成法のひとつ。遺伝距離などの距離行列データから、無根系統樹共通祖先の位置を示さない系統樹を作成する。進化度が一定でない場合にも、効率よく正しい系統樹を復元することができる。

●遺伝距離
集団間の遺伝的な違いを量的におらわしたもの。通常は、

遺伝子からみたアメリンド
2 遺伝子からみたアメリンド

モンゴロイドはかなり異なっているが、遺伝子からみると、アメリカンンド(アメリカのイングリッシュ)と人の意)があわせて、広義のモンゴロイドと呼んでさしつかえないだろう。いずれにせよ、もはや「人種」とは、このような近縁図を作つて初めて浮かびあがる、抽象的な概念なのである。

—ストラリア原住民とバブアニューギニア人のグループをこう呼ぶことがあると狹義のモンゴロイドはかなり異なっているが、遺伝子からみると、アメリカンンド(アメリカのイングリッシュ)と人の意)とあわせて、広義のモンゴロイドと呼んでさしつかえないだろう。いずれにせよ、もはや「人種」とは、このような近縁図を作つて初めて浮かびあがる、抽象的な概念なのである。

さて、最も問題となるのは、モンゴロイドである。いわゆる広義のモンゴロイドの現在の地理的分布は、アジア、アメリカ、オセアニアにわたっている。それら居住域の名前をつけながらアジア・アメリカ・オセアニア人といえよといいう意見もあるが、長すぎる名前は名前として意味を成さなくなる。したがって、現在のところ、古くさいとはいえ、これら三大人種の名称は、このようないくつかの大分類を問題にする場合、まだ使って便利であると考えられる。

図2-1を見ていただきたい。これは、世界の一八人類集団の遺伝的近縁関係を、二三種類の遺伝子の情報から、近縁結合法を用いて推定したものである。集団と集団をつなぐ線の長さは、遺伝的な距離に比例している。図中に示したように、いくつかの人類集団がグループとなっていることが読み取れる。結局のところ、人種とは、このような集団のグループとなっていることが読み取れる。

●近縁結合法
Saitou and Nei (一九八七)
の考察した系統樹作成法の列である。
遺伝子距離などの根系統
(共通祖先の位置を示さな
く)の度が一定でない場合にも、
率より系統樹を復元する
ことができる。

からは、かさき道座案すじしは量す効速い樹行ひ
モンゴロイドはかなり異なっているが
ド人の意)とあわせて、広義のモンゴロイド
よ、もはや「人種」とは、このようない
なのである。

2 遺伝子からみたアメリカ

遺伝子頻度と遺伝的浮動

過去の人間の動きは、現在地球上にいる程度反映している。これらの遺伝子頻度子孫遺伝子の個数が増減しながら、現るために、各人類集團によって遺伝子頻度大きい。したがって、さまざまな人類伝的な近縁関係を推定することができ。ただし、人間とサルを比べるならいい。そのため、ひとつの遺伝子だけである。また、遺伝子の地理的分布を知る。このようなデータから、集團間の

リストラリア原住民とバブアニューギニア人のグループをこう呼ぶことがある」と狹義のモンゴロイドはかなり異なっているが、遺伝子からみると、アメリカのイングリッシュ（イギリス人）との間には、広義のモンゴロイドと呼んではしつかえないだろう。いずれにせよ、もはや「人種」とは、このような近縁図を作つて初めて浮かびあがる、抽象的な概念なのである。

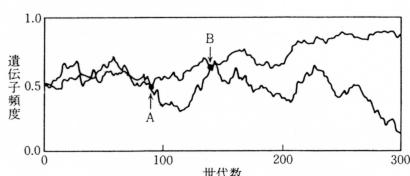
「近縁図」を推定することができる。遺伝距離が求められると、そこから今度は、集團間の遺伝的な近縁関係を、系統樹の形で推定することができる。そうして得られた近縁図の例が図2・1である。

一人の研究者があれもこれもいろいろな遺伝子に手を広げるのは、特に最近の高度なバイオテクノロジーを導入した場合に、資金と手間がかかるので容易ではない。かといって、人類集團をつづきに調べてゆく戦略をとれば、そのたびに外国の研究者と密接なコントクトをとらねばならず、これも一筋縄ではいかない。このような困難があるので現状では、多數の人類集團について多種類の遺伝子が調べられているという理想的な状況からはほど遠い。しかし、これまでにかなりの種類の遺伝子が調べられており、アーメンドの集團も多数調べられている。以下では、それらの具体的な知見をまず紹介する。

第2章 アメリカ大陸への人類の移動と拡散
臣も多數調べられている。以下では、それらの具体的な知見をまず紹介する。

A B O 血液型は、一九〇〇年にラントシャティナーによって発見された。これまでに多くの人類集團においてその遺伝子頻度が調べられており、アメリカも例外ではない。図2-2に遺伝子頻度の分布を示した。おもしろいことに、南アメリカ北部では、O 遺伝子だけとなっている。祖先集團はA 遺伝子やB 遺伝子を持っていたのであるが、遺伝的浮動によつて、いつのまにかこれらの遺伝子が集團から失われたためだと考えられる。

一方、北アメリカでは、A およびB 遺伝子の頻度がかなり高い。このことだけをみて、も、南アメリカと北アメリカのアーモンドの遺伝的な違いがかなり大きいことがわかる。



団が遺伝子頻度を変化させていく過程を、コンピュータ用いて模倣したものである。分岐してから長期間たつと、集団でも、遺伝的浮動のせいでたまたま遺伝子頻度の類似性があることがある(図の点A)。よびB)。

● 遺伝子頻度
それぞれの遺伝子は、DNAの長いひもの上にあるが、その位置は定まっている。それを遺伝子座といふ。おのの個の遺伝子座には、個人によって多少塩基配列の異なる遺伝子が乗っている。それらの対立遺伝子という。それらの対立遺伝子中の個の個の大小を、ゼロから一まで数値をとる、比率であらわす量を対立遺伝子頻度といふ。遺伝子頻度によれば、集団の人数が小さい場合必ずしも親の世代と同一数遺伝子が子孫には限らない。これは、親から子へ遺伝子が伝えられる際に遺伝子の無作由抽出を行なう遺伝子の浮動的運動である。図は遺伝子の浮動的運動である。集団のサイズを常に一〇〇人程度のサインで定しておいた場合、遺伝子頻度がはじめ〇・五であったが

これは、南アメリカと北アメリカの祖先集団が分岐してから、かなり時間が経っていることを示唆する。

●遺伝的多型

ABO 血液型のように、同じ遺伝子座に複数の遺伝子が共存する場合を、遺伝的多型と呼ぶ。一九五〇年代までは、ABO 血液型をはじめとして、各種の血液型が遺伝的多型を示した。アメリカとしての一般的な傾向というのは、かならずしも明確ではない。強いていえば、Ms 対立遺伝子の頻度が高い傾向にある。

赤血球酵素

一九六〇年代になると、遺伝子DNAの直接産物であるタンパク質の違いを、タンパク電気泳動法によって調べることが容易になった。

人間の場合、もっとも安全に、しかもかなりの量のタンパク質を得ることができるのは、なんといっても血液である。実際の調査では、せいぜい 100 c.c を採血すればじゅうぶんである。これは、通常の献血の際の一〇〇ccの一〇〇分の一にすぎない。もっとも、調査対象となる集団によっては、採血をいやがれることもある。いずれにせよ、血液中のタンパク質が地球上のさまざまな人類集団において、かたばしから調べられたのである。例えば、ジエームス・ニールを中心とするミシガン大学のグループは、南アメリカのアーリンドの諸集団における遺伝的多型の研究を、一九七〇年代を通じて精力的に行なった。

●タンパク電気泳動法

タンパク質とは、二〇種類のアミノ酸が特定の配列で並んでおり、このアミノ酸配列の情報は遺伝子DNAが与えている。したがって、アミノ酸配列でも異なる遺伝子である。タンパク質は電気的に中性ではないので、電流を通して動き出す。その動く速度は、タンパク質のアミノ酸の違いによって決まる。これを用いたのが、タンパク電気泳動法である。

この種の研究は、血液型ほど検査が簡単ではないが、DNAを扱うのに比べると費用もかかるないので、現在でもさかんに行なわれている。

血液は大きく血管と血清(漿液)とに分けられる。研究者の実験室から離れた地域で集団調査を行なう場合、採血後、まず血液型の検査を現地で行ない、残りの血液を遠心分離器で血球と血清に分離した後、冷凍して実験室まで輸送するという手順がよく用いられる。上記のミシガン大学グループは、冷凍した血液を彼らの実験室まで輸送するため、アマゾン川流域に小さな飛行場まで建設したという。また、ニューギニアへ液体窒素タンクを船に載せて運んだ日本人研究者もいる。このように、採血には、ときとして莫大な労力が必要となるのである。

MNS 血液型の場合と同一の一二集団における、エステラーゼ D 遺伝子座の遺伝子頻度を図 2・3 上側に示した。ここでも、対立遺伝子 ESD*1 の頻度はアーリンドにおいて○四から一・九以上に分布しており、明瞭な一般的な傾向はない。ナイジェリアのヨルバ人とアラスカのエスキモーの遺伝子頻度がよく似ているが、これは前に説明した、遺伝的浮動の偶然がなせる結果であろう。

血清タンパク

血清中に含まれるタンパク質を総称して血清タンパクと呼ぶが、これも非常に種類が多い。それらのうち、遺伝的多型を示し、多数の集団において調べられているものとしては、C3(補体第三成分)、Ge(ビタミン D 結合タンパク質)、Gm(免疫グロブリン G マ

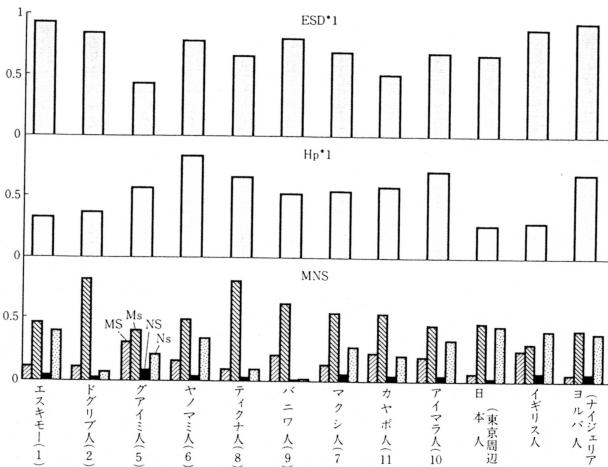
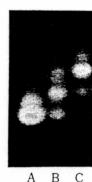


図 2.3 12 の人類集団における MNS 血液型遺伝子座、血清タンパクハプトグロブリン遺伝子座の Hb*1 対立遺伝子、および赤血球酵素エステラーゼ D 遺伝子座の ESD*1 対立遺伝子の頻度。1~11 の番号は、図 2.2 の番号に対応する(データは Roychoudhury と Nei, 1988 年による)。



図 2.2 新大陸モンゴロイドにおける ABO 血液型遺伝子頻度の分布。1=エスキモー(アラスカ), 2=ドゲリブ(カナダ), 3=ブラックフィート(アメリカ), 4=サンパウロ・デルモンテ(メキシコ), 5=グアイミ(コスタリカ), 6=ヤノマミ(ベネズエラ), 7=マクシ(ブラジル), 8=ティクナ(ブラジル), 9=バニワ(ブラジル), 10=アイマラ(ボリビア), 11=カヤボ(ブラジル)(データは Roychoudhury と Nei, 1988 年による)。



血清タンパク

●血液型
一般には、抗原抗体反応による赤血球の凝集反応によって調べられる遺伝的な表現型を血型とよぶ。現在では、一〇〇種類以上の血型が知られており、遺伝的多型を示す代表的なものとしては、ABO, Rh, Kell, Kidd, Duffy, Lewis, Lutheran, MNS, P, RBC, Xgなど、検査が比較的簡単なものもあり、集団調査ではこれらの血型が現在でもよく用いられる。

この種の研究は、血液型ほど検査が簡単ではないが、DNAを扱うのに比べると費用もかかりないので、現在でもさかんに行なわれている。

血液は大きく血管と血清(漿液)とに分けられる。研究者の実験室から離れた地域で集団調査を行なう場合、採血後、まず血液型の検査を現地で行ない、残りの血液を遠心分離器で血球と血清に分離した後、冷凍して実験室まで輸送するという手順がよく用いられる。上記のミシガン大学グループは、冷凍した血液を彼らの実験室まで輸送するため、アマゾン川流域に小さな飛行場まで建設したという。また、ニューギニアへ液体窒素タンクを船に載せて運んだ日本人研究者もいる。このように、採血には、ときとして莫大な労力が必要となるのである。

MNS 血液型の場合と同一の一二集団における、エステラーゼ D 遺伝子座の遺伝子頻度を図 2・3 上側に示した。ここでも、対立遺伝子 ESD*1 の頻度はアーリンドにおいて○四から一・九以上に分布しており、明瞭な一般的な傾向はない。ナイジェリアのヨルバ人とアラスカのエスキモーの遺伝子頻度がよく似ているが、これは前に説明した、遺伝的浮動の偶然がなせる結果であろう。

PERIODICALS 17

MNS遺伝子座やESSD遺伝子座と同一の集団における、ハプトゲロビン遺伝子座の発

伝子頻度が図2・3中央に示してある。こんどは、南アメリカの集団で全体的に対立遺伝子 H^* の頻度が高いという傾向がみとめられる。おもしろいことに、赤血球酵素のエコナラーゼD遺伝子座では遺伝子頻度が酷似していたアラスカのエスキモーとナイジエリア人のヨルバ人が、ハブトグロビンでは頻度がかなり異なっている。

の抗原抗体反応を用いて調べられている。アジアのモンゴロイドでひろく分布するいくつのかの対立遺伝子が、新大陸の集団でも高頻度で分布している。

アセトアルデヒド脱水素酵素
酒に含まれるアルコールはエタノールであるが、この物質は一段階を経て分解される。すなわち、エタノール→アセトアルデヒド→水+二酸化炭素、である。前者の反応はニルコール脱水素酵素が、後者の反応は主に肝臓細胞に存在するアセトアルデヒド脱水素酵素(ALDH)が受け持っている。おもしろいことに、われわれモンゴロイドの中には、かなりの割合でALDHの活性がいちじるしく低い人々が存在する。これはALDHの遺伝子の一部が正常のものと少し異なる、非正常型対立遺伝子をもつてゐるためであることがわかっている。一方、コーカソイドやネグロイドでは、ほとんど一〇〇パーセントの人々がALDHの活性は正常である。

アセトアルデヒド脱水素酵素

アセトアルデヒド脱水素酵素は、血液中には存在しない。したがって、タンパク質とのALDHを調べることは、かなり困難である。ところが、DNAを調べる技術が進んだおかげで、ALDHの対立遺伝子のなかの正常型と非正常型の違いを区別できる方が開発された。特に、ポリメラーゼ連鎖反応PCR法が開発されたおかげである。DNAは血液中の白血球の細胞核内に存在するので、こんどは血液、それもごく微量を採血するだけでじゅうぶんである。このような、DNAを用いて簡便に対立遺伝子を判別するところを「DNAタイピング」とよぶ。余談になるが、ABO血型も最近その遺伝子のDNA塙基配列が山本文一郎らによって決定されたので、DNAタイピングを用いて遺伝子を決定することも、遠からず実現するだろう。他の血液型でも同様の可能性がある。

P
C

PCR法は、目標とする特異的DNA領域、短時間で定めた数万倍の増殖率を得るために、まず算式で増殖段階を示す。増殖段階は、通常、数時間で10万倍となり、増殖段階を示す算式は、 $N = N_0 \cdot 2^{(t/t_0)}$ となる。ここで、 N は最終濃度、 N_0 は初期濃度、 t は増殖時間、 t_0 は半減期である。この算式から、増殖時間は半減期で除して、対数値を取ることで求められる。

65

正常型対立遺伝子の頻度がたまたま増加した。あるいは逆に、モンゴロイドでは、酒に弱いことがむしろ生存上有利だったと空想することもできる。このように、自然淘汰を持ち出すと、いろいろな空想ができるが、いずれも遺伝子と正常型対立遺伝子がもともと淘汰上中立で、たまたまモンゴロイドの祖先集団非正常型対立遺伝子の頻度が高くなり、他の人種の祖先集団ではたまたま頻度が増加しかったと考えておくほうが現実的であろう。酒に多少強からうが弱からうが、生存に影響するとは思えない、それが子供をたくさん残すことにつながるとも思えない。また、多さによっては効果があるとしても、酒の起源は農耕の発生以後であると考えられている。さらに、酒が現在のように大量に飲まれるようになったのは、つい数百年前のことである。したがって、現在観察されている集団間のALDHの対立遺伝子頻度に大きな差があることを、酒の生存に対する効果から説明することはできないだろう。

ミテコンドリアDN

人間の遺伝子は、通常細胞核の染色体中に存在するDNA(核DNA)の上に乗ってゐる。ところが、細胞質中の細胞小器官であるミトコンドリアにも、きわめて小さいがDNAがあり、核DNAのおよそ四〇万分の一)、やはり遺伝している。ただし、父親と母親の両方から伝わった二セットの遺伝子を持つ核DNAと異なり、ミトコンドリアDNAは母親から伝わったセットのみである(母性遺伝)。DNAのサイズが小さく、母性遺伝

フを複合して考える必要がある。このようないわゆるモルフの複合をハプロタイプと呼ぶ。

このようない、四種類の制限酵素を用いて得られたデータから遺伝距離を推定し、近隣合法を用いて集團間の遺伝的近縁図を推定した例が図2-4である。図2-1の場合と同様に、コーカソイドが中央に位置し、ネグロイドは一方の端に、広義のモンゴロイドはもう一方の端に位置している。ここでアメリカンドであるのはベネズエラのある集團であるが、旧世界のモンゴロイド諸集團と遺伝的に近いところに位置している。ネグリト(フィリピンの原住民)と最も近縁になっているが、使われた制限酵素の種類が少なく、また、ミコンドリアDNAは組換えが多く母から子へそのまま伝えられるので、遺伝的浮動の効果により、たまたま遠く離れた集團間の遺伝子頻度が似かよることがある。したがって、

- 淘汰上中立

個体がつとめられたときに子孫数の違いによって個体間の淘汰が生ずる現象である。このとき、それらの対立遺伝子は淘汰上中立である。
- ミトコンドリアDNA

ミトコンドリアは、細胞小器官の一つであり、 ATP を生産している。現在では細胞の一部となっているが、その起源は、われわれの祖先の細胞と共に共生したバクテリアであると考えられている。その理由のひとつに、ミトコンドリアDNAには大きな環状DNAがあり、 RNA が存在することがある。

えば、対立遺伝子AとB両方のオリゴヌクレオチドプローブと結合すると、AとBのヘテロ接合体であると判定される。

- 淘汰上中立

個体がもつ対立遺伝子の違いがある（過度間に差があるとき、自然淘汰が生ずるが、対立遺伝子が違っていても適応度に影響しない場合がある）。このとき、一つの対立遺伝子は淘汰上中立である。

- ミトコンドリアDNA

ミトコンドリアは細胞小器官のひとつであり、ATPを生産している。現在では細胞の一部となつて、その起源は、われわれの祖先細胞が共生したバクテリアであると考えられている。その理由のひとつに、ミトコンドリアには大きさ約一六五〇〇塙基の環状DNAが存在することがある。

ここで注意していただきたいのは、この系統樹は、図2・1や図2・4で紹介してきた集団の系統樹ではなく、遺伝子の系統樹である点である。さらに、ミトコンドリアDNAは母性遺伝をするので、この系統樹は遺伝子を運んでいた女性の系統と考えることもできる。通常われわれの考える「系図」は、世代をさかのぼると祖先の人数が倍増するが、ミトコンドリアDNAの場合、男系を無視できるので、個体の系図と遺伝子の系図が一致するのである。

核DNAでも、全体(全染色体上のDNA)ではなく、ある特定の遺伝子(DNA領域)を考えれば、ミトコンドリアDNAと同じように、その遺伝子の系統樹が存在するはずである。ミトコンドリアDNAが核DNAのわずか四〇万分の一であることを思い出してほしい。全染色体上のすべてのDNAをひとまとめで考えると、それらは父親と母親から半分ずつ由来しており、それらのおのが、また半分ずつ父方および母方の祖父母から遺伝している。しかし、小さなDNA領域にかぎっていえば、四人の祖父母のどれかから伝わっているはずである。すなわち、祖先は常に一人となり、ミトコンドリアDNAの場合と同じように考えることができる。残念ながら、核DNAの取り扱いにはさまざまな困難があるために、現在のところ、ミトコンドリアDNAほど分析が進んではいない。将来の課題である。

さて、図2・5にもどろく。この図は、ミトコンドリアDNAの特定領域(約七〇〇塩基の塩基配列)を世界中の間人二八人で決定したあと、それら塩基配列間の系統関係を示す系統樹のかたちであらわしたものである。図2・1などの近縁図と異なり、共通祖先の位

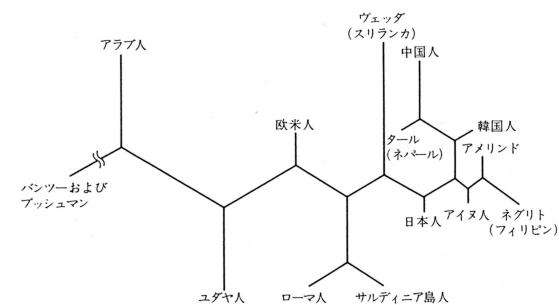


図2.4 制限酵素によるミトコンドリアDNA多型のデータから得られた集団間の近縁図(SaitouとHarihara, 1992による)。

このPCR法を用いた塩基配列データから、ミトコンドリアDNA遺伝子の系統樹を復元した例を図2・5に示した。

列から、同等の情報を得ることができ。特に最近では、さきにも述べたボリメラーゼ連鎖反応(PCR)法を用いて、進化速度が大きいミトコンドリアDNAのなかでも特に進化速度の大きい領域の塩基配列の決定がさかんに行なわれている。このため、制限酵素を用いる方法は時代遅れとなりつつある。

DNAによっては、切断される部分(制限サイト)が異なることがある。この違いは、切断されたDNA断片の長さの違いとなって現われるが、これをタンパク電気泳動によって識別することができる。これを制限断片長多型(RFLP)とよぶ。

●集団の系統樹と遺伝子の系統樹
人類集団は多数個体から成っているので、集団間の系統関係をあらわす「系統樹」は、図2・5のような各個体の「遺伝子の系図」である。「遺伝子の系図」とはまったく異なる概念である。

置が明示されている。このタイプの系統樹を、「有根系統樹」と呼ぶ。この共通祖先(R)は、調べた二二八人全体の共通祖先だが、進化速度の情報から、およそ二〇万年前から四〇万年前に生きていた女性のミトコンドリアDNAにたどりつくと考えられている。このため、キリスト教の影響の強い歐米では、このようなミトコンドリアDNAの系統樹が発表されるや、この女性を「イブ」になぞらえる見解が大流行した。

しかしさきに述べたように、遺伝子とともに共通祖先は存在するのである。また、たとえあかの他人であっても、同じ人間なので、遺伝子の祖先をどんどんさかのぼってゆけば、やがては共通の祖先遺伝子に達する。これは遺伝子DNAが自己複製を繰り返して行くうちに突然変異を蓄積することが生物進化の基本であることを考えれば、当然の話である。したがって、図2・5のような遺伝子の系統樹は、理論的に予想される結果なのである。では、図2・5から、新大陸のアーリンドと旧大陸のモンゴロイドとの関係について、どのようなことが言えるのであらうか。図には、△印でアーリンドの遺伝子が七個含まれている。これら七個の遺伝子は、点Sで共通祖先遺伝子にたどりつく。S遺伝子を持つ人間の生きていた年代は、およそ一〇万年から二〇万年以上前だと推定される。これは、新大陸で人類が確実に生存した証拠のうちで、現在のところ最も古い一万五〇〇〇年前を大幅に上回る古さである。しかし、S遺伝子を持った人間が生きていたのは、ペーリングアを渡って新大陸へ人類が移動するよりもずっと以前であっても、少しもおかしくはない。なぜならば、これら新大陸モンゴロイドの祖先集団でも遺伝的多型があったと考へるので、これらの遺伝子の共通祖先は、当然ながら、当時の時代よりもはるかにさかの

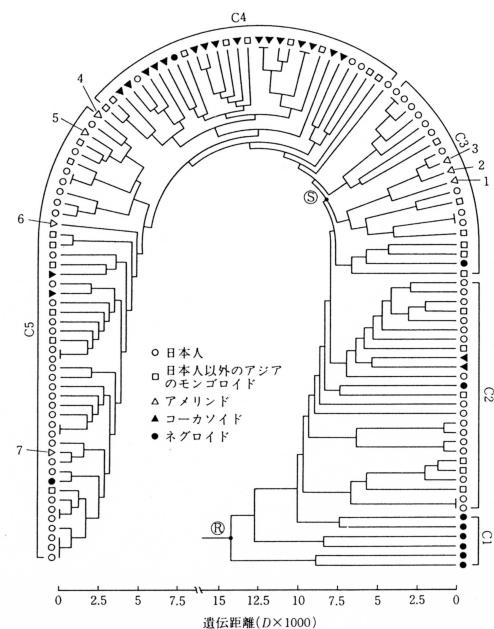


図2.5 ミトコンドリアDNA遺伝子の系統樹(Horaiら, 1991による)。

ぼるはずだからである。

視点を変えて、今度は、△印のアメリカン遺伝子七個が、他のどの集団の遺伝子と近縁かを調べてみよう。すると、三番、四番、七番の遺伝子がいずれも日本人と最も近縁になっている。特に、三番と七番の遺伝子の場合、近縁な日本人の遺伝子との違いは、〇・一%以下である。したがって、これらアメリカン遺伝子と日本人遺伝子との分岐は、およそ一万年前から二万年前だったという推定ができる。新大陸へ渡ったアメリカンの祖先集団と旧大陸にとどまつた日本人の祖先集団との間で、集団が分岐した後に移住があったとはあまり考えにくい。したがって、この異なる集団間から選んできた二個の遺伝子で最も小さい年代は、集団間の分歧年代に近いはずである。もっとも、このくらいの短い時間になると、もっとデータ量を多くしないと確実なことは言えないもので、この時間推定値は、暫定的なものである。

遺跡から発見される骨などの人間の遺物には、「ごく少量だが、その人間のDNAが残っていることがある。前にも触れたPCR法により、最近では比較的簡単にこれらのDNAを大量に增幅することができるようになった。特に、ミトコンドリアDNAは、細胞中の多数のコピーが存在するので、遺物のなかに残りやすい。現在、このような研究はまだ始められたばかりだが、フロリダの七〇〇〇年前の遺跡から発見された脳組織中のミトコンドリアDNAが、現代のアジアモンゴロイドと同一のタイプであるなどの報告がすでにされている。遺伝子といえば、これまで現在生きている生物体を調べたものばかりだったが、このように「生きのいい」化石ならばその遺伝子を調べることが可能になつたのである。

ある。

ヒト白血球抗原

血液中の細胞成分には、赤血球のほかに白血球があり、免疫機能を担当している。人間の白血球の表面には、ヒト白血球抗原(HLA)と呼ばれるタンパク質が突き出しており、免疫現象において自己・非自己の目印として使われている。HLAタンパク質の遺伝子座は数種類が知られており、しかもおもしろいことに、それらの遺伝子のほとんどは第六染色体の小さな領域に密集している。この領域を、MHC(主要組織適合性複合体)と呼ぶ。こみいた免疫システムの詳細には立ち入ることができないが、HLAはその独特な機能のために、どの種類でもさわめて対立遺伝子の数が多く、高度な遺伝的多型現象を示している。これは、ミトコンドリアDNAの場合と同様、人類の系統を調べるためにはたいへん好都合である。従来は、HLAタンパク質の違いを免疫反応を利用して検出してきたが、最近は、ALDHと同じように、DNAタピングも使われている。

図2-6に、HLAの遺伝子頻度データから得られた二五集団間の遺伝的近縁図を示す。ここでも、図2-1の遺伝的近縁図と同様に、ネグロイドが他の集団から遠く離れている一方、広義のモンゴロイドがひとつのクラスターとなっている。アメリカンは、MHC領域には、HLAの遺伝子座がじゅずつなぎになつて連鎖して並んでいたため、複数の遺伝子座の対立遺伝子の組合せ(ハプロタイプ)が、ひとかたまりとなつて親か

のセットである。このハプロタイプは、韓国とモンゴルでも見いだされているが、その他の集団では、今のところ発見されていない。

このようなハプロタイプの、多数の人種集団における頻度分布が、昨年日本で行なわれたHLA国際ワークショップで集計された。そのデータから、つきのようことがわかった。HLA-A遺伝子座とHLA-B遺伝子座のハプロタイプのうちで、アメリカンの各集団で頻度が最も高いハプロタイプが、他のどの集団で見いだされているかを調べてみると、なかには、「A₂-B₃₅」ハプロタイプのように、ネグロイド、コーカソイド、モンゴロイドを問わず、多数の集団で見つかるものもあるが、多くの場合、ネグロイド集団にはまったく見いだされない。また、「A₃₁-B₃₉」ハプロタイプは、ブラジル原住民で「五一・一%」という高頻度で見いだされるが、その他の集団では、一般的のブラジル人で「一・七%、北アメリカインディアンで「一・六%」を示す「A₂₄-B_{w62}」ハプロタイプが、ニューギニア高地人で「一〇・九%、チモール諸島人で「一一・九%」という高頻度を示している。この外では日本人のみから見つかっているが、これは日本人が特に詳しく調べられているためであり、他のモンゴロイドでも、日本人と同様に低頻度で存在していると思われる。そのほか、イヌイット(エスキモー)で「一二・六%」を示す「A₂₄-B_{w62}」ハプロタイプが、ニューギニア高地人で「一〇・九%、チモール諸島人で「一一・九%」という高頻度を示している。このハプロタイプは、旧大陸のモンゴロイドにおいて広く分布しているほか、コーカソイド集団でもちらほら見られる。このような分布パターンを示すハプロタイプは、かなり古くから存在すると考えられる。

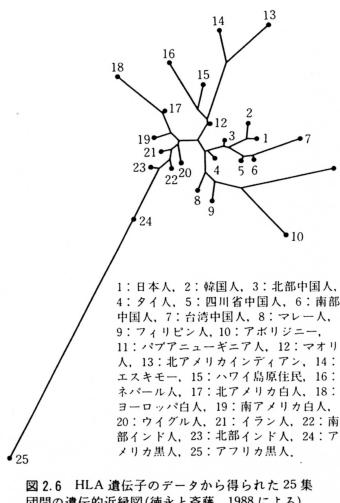


図2.6 HLA遺伝子のデータから得られた25集団間の遺伝的近縁図(徳永と斎藤、1988による)。

そのほかに興味深い例として、ハプロタイプ「A₂₄-C_{w10}-B_{w61}-D_{R4}-D_{Qw7}」

は、南アメリカのインディアンと北アメリカのイヌイットで、それぞれ二一・一%、五・五%の頻度で見いだされているが、他の集団では見つかっていない。日本人と韓国人のように、地理的に近接した集団では、このような多數の対立遺伝子のセットからなるハプロタイプが共存しているのも、それほど不思議ではない。しかし、北アメリカと南アメリカといふ地理的に遠く離れた集団で、このようなハプロタイプが共存しているのは、南北のアメリカで過去に遺伝子の交流がある程度あったことを示唆しているのかもしれない。

3 形質からみたアメリカン

研究小史

これまで、もっぱら遺伝子の研究について紹介してきたが、新大陸のアメリカンが旧大陸のモンゴロイドと近縁であることがはじめて明らかになったのは、なんといっても形態学的研究によるものである。

空想的な仮説（アトランティス大陸民の子孫）を除けば、コロンブスの新大陸到達以後しばらくすると、アメリカンはアジアのターテル人やスキタイ人などと関連づけられるようになつた。これは、顔の特徴などからみて、アジア系（すなわち、狭義のモンゴロイド）に近いと考えられたからであろう。しかし、北アメリカで次々に見つかっていたマウンドの築造者を、アメリカンと結び付ける人は少なかつた。

十九世紀になつて人類学が誕生し、人骨の計測がさかんに行なわれるようになると、北

●形態学的形質
骨、歯、指紋などの形態の総称。人類集団の系統を推定するのによく用いられるのは、頭骨と歯である。二点間距離や角度などの計測量（メトリック）と、形質の有無を調べてその頻度を推定する非計測量（ノンメトリック）がある。

●マウンド
紀元前一〇〇〇年ごろから紀元後一七〇〇年ごろまで、シシッピ川流域を中心としたマウンド文化時代に作られた塚のこと。一〇万個以上現存し、大きなものは高さ二〇メートルを越える。埋葬場所としてだけでなく、神殿としても使われた場合がある。

80

81

アメリカのマウンドに埋葬されている人骨も研究された。それらの先駆的な研究により、マウンド築造者と現在のアメリカンが形態的に似かよつており、しかも、ともに旧大陸のモンゴロイドに類似していることが明らかにされた。二〇世紀初頭になると、アレシュ・ヘリチカを中心とする人類学者が、北アメリカの遺跡で発見された人骨について、大規模な研究を行なつた。

特に歯に関しては、ヘリチカの研究によつて、「シャベル状切歯」がアメリカン集団に共通する歯の形質であることがわかつた。シャベル状切歯とは、上頸切歯の裏側がすこしづぶんで、シャベルの形になつてゐるものである（図2・7参照）。この形質は旧大陸のモンゴロイドにも高頻度で見られる。ちなみに、筆者も、シャベル状切歯となつてゐる。読者の中にも、シャベル状切歯の人は多いだろう。舌で歯の裏側をなめてみればすぐわかるので、試みてみるとよい。

一九六〇年代になって、埴原和郎は、日本人を中心とする歯の研究から、「モンゴロイド歯形質複合」という概念を提唱した。これは、上記のシャベル状切歯などの形質が、モングローブでは高頻度で出現するというものである。從来、骨や歯の形態は、一般に各種の測定点間の距離を測り、それらの計測量（メトリック）の集団平均を求めて、その集団差を調べることにより、集団間の類似度を表わしてきた。このようなメトリックの研究に対して、モンゴロイド歯形質複合のように、非計測量（ノンメトリック）を取り扱い、各形質の集団ごとの頻度を比較し、遺伝距離と同様に、集団間の形態学的距離を算出する研究も行なわれているのである。歯の場合、日本人を代表とする狭義のモンゴロイドのなかでも、タイ人（スンドント）が少し離れているのである。

アメリカンはすべてシノドントである

アメリカのアメリカン（ビマインディアンやエスキモー）が類似していることが、埴原らにより明らかにされている。もっとも、一方でコーカソイドとネグロイドがかなり似ており、これは、ネグロイドが他のすべての集団から遠く離れているという、遺伝子の結果とは一致していない。

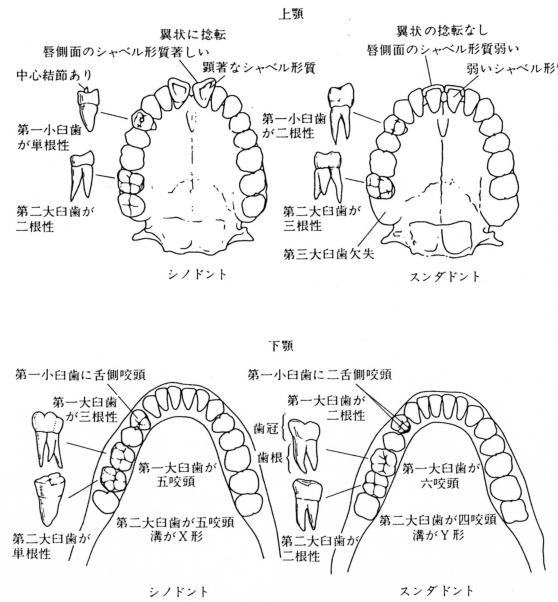


図2.7 シノドントとスンドント(Fagan, 1990による)。



図 2.9 頭蓋計測値からみた世界 28 集団の近縁関係 (Howells, 1989 による)。

ター分析の結果である。これは、遺伝子のデータに基づく分析結果とはかなり異なっている。まず、大きくぶつたつのグループがあるが、ひとつはアフリカのネグロイドとオーストラリア原住民(トライ)、タスマニア島原住民、西アフリカ人(ドゴン)、ブッシュマン、東アフリカ人(ティタ)、南アフリカ人(ズールー族)、アンダマン諸島人、ノルウェー人、ユーローラビア人、エジプト人、オーストリア人、ペルー人(南アメリカ)、北米アメリンド(サンタクルス)、北米アメリンド(アリカラ)、ボリネシア人(ハワイ島)、ボリネシア人(モリオリ島)、ミクロネシア人(グアム島)、エスキモー(グリーンランド島)、アイヌ人、台湾原住民(タイヤル族)、中国人(アンヤン)、フィリピン人、中国人(海南島)、北部日本人、南部日本人。

もう一方のグループは、ヨーロッパ人、オーストラリア原住民(トライ)、タスマニア島原住民、西アフリカ人(ドゴン)、ブッシュマン、東アフリカ人(ティタ)、南アフリカ人(ズールー族)、アンダマン諸島人、ノルウェー人、ユーローラビア人、エジプト人、オーストリア人、ペルー人(南アメリカ)、北米アメリンド(サンタクルス)、北米アメリンド(アリカラ)、ボリネシア人(ハワイ島)、ボリネシア人(モリオリ島)、ミクロネシア人(グアム島)、エスキモー(グリーンランド島)、アイヌ人、台湾原住民(タイヤル族)、中国人(アンヤン)、フィリピン人、中国人(海南島)、北部日本人、南部日本人。

もう一方のグループは、ヨーロッパ人、オーストラリア原住民(トライ)、タスマニア島原住民、西アフリカ人(ドゴン)、ブッシュマン、東アフリカ人(ティタ)、南アフリカ人(ズールー族)、アンダマン諸島人、ノルウェー人、ユーローラビア人、エジプト人、オーストリア人、ペルー人(南アメリカ)、北米アメリンド(サンタクルス)、北米アメリンド(アリカラ)、ボリネシア人(ハワイ島)、ボリネシア人(モリオリ島)、ミクロネシア人(グアム島)、エスキモー(グリーンランド島)、アイヌ人、台湾原住民(タイヤル族)、中国人(アンヤン)、フィリピン人、中国人(海南島)、北部日本人、南部日本人。

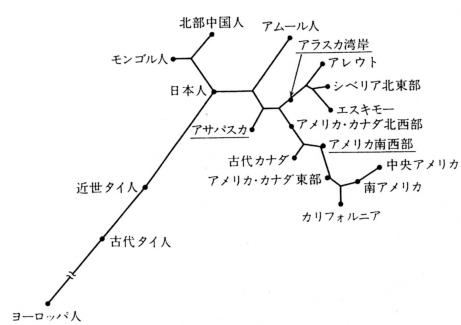


図 2.8 歯の非計測的特徴からみた集団間の近縁関係 (データは Greenberg ら, 1986 による)。

究成果がきれいに現われているものとえよう。ところが、新大陸のモンゴロイドに関しては、ターナーの主張どおりとはなっていない。いわゆるナデネ言語グループに属するとされている三集団(図 2・8 で、名前に下線を引いてあるアサバスカ、アラスカ湾岸、アメリカ南西部)は、ひとつのグループとはなっていない。このあたりは、やや結論に勇み足があるのでないだろうか。

これまで、歯の形質について述べてきたが、では頭蓋計測データからみたはどうであろうか。図 2・9 は、頭蓋計測値による、世界二八集団のクラス

でいるほかは、東アジア、シベリア、南北アメリカの諸集団(シノドント)が互にかなり近い関係になっている。このあたりの大分類は、従来の歯の研究

結果

といえよう。ところが、新大陸のモンゴ

ロイドに関しては、ターナーの主張ど

おりとはなっていない。いわゆるナデ

ネ言語グループに属するとされている

三集団(図 2・8 で、名前に下線を引

いてあるアサバスカ、アラスカ湾岸、

アメリカ南西部)は、ひとつのグル

ープとはなっていない。このあたりは、

やや結論に勇み足があるのでないだ

ろうか。

これまで、歯の形質について述べて

きたが、では頭蓋計測データからみた

はどうであろうか。図 2・9 は、頭蓋

計測値による、世界二八集団のクラス

結果

である。

これまで、歯の形質について述べて

きたが、では頭蓋計測データからみた

はどうであろうか。図 2・9 は、頭蓋

従来の考え方

人間の移動には文化の移動が伴うが、そのなかでも他の文化要素と異なり、言語は世代から世代へとかなり安定して伝えられるようである。したがって、言語を比較することにより、集団間の系統関係をある程度論ずることができる。また、十分な言語資料さえ残つていれば、たとえその言語を話していた集団がなくなってしまい、死語になってしまったとしても、系統比較の研究を行なうことはできる。この点で、遺跡から発見された骨や歯も資料としてあつかえる形態学的研究と、一脈通じるところがあるかもしれない。アメリカンドの多くの言語は、現在死語となっているか、あるいは絶滅寸前である。しかし、過去の言語資料の蓄積があるため、系統関係を論ずることができるのである。

言語の系統関係の研究は、一八世紀後半に、比較言語学という分野が起こり、インド・ヨーロッパ語族の研究から始められている。その後、世界中の言語の分類がさかんに研究された。アーリンドの言語については、一八九一年に、ジョン・ハウエルがメキシコ以北の多数の言語を五五語族にまとめる一方、南アメリカの言語についても、同年にプリントンが七三語族を提唱している。ヨーロッパからインドまでがひとつ、「語族」で占められているのに比べて、新大陸全体とはいえ、語族の数がべらぼうに多い。

その後、これら多数の語族をまとめる試みがなされている。一九二九年にエドワード・

●比較言語学とインド・ヨー

ロッパ語族

一七八六年にイギリスのイリーム・ジョンズが、インドのサンスクリット語とギリシア語・ラテン語との類似性を指摘した。それ以後、言語の文法、音韻などを詳しく述べて、系統関係を論ずる比較言語学が発展した。そのなかで、インド・ヨーロッパ語族といふまとまりが提唱された。この語族には、英語、ドイツ語などのゲルマン語、ロシア語、ボーランド語などの中のスラブ語、フランス語・スペイン語・イタリア語などのロマン語といった、ヨーロッパの大部分の言語と、ヒッタイト語、イラン語、インドの諸語などが含まれる。

- エスキモー-アレウト
- ナデネ
- アルモサ
- ケレス
- ベヌート
- ホカ
- 中央アメリカ
- パエス
- チアチャ
- 赤

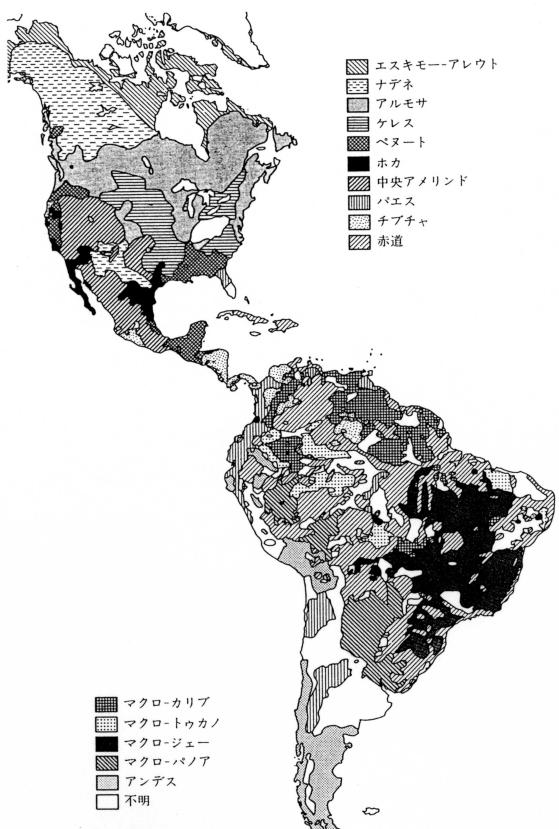


図2.11 南北アメリカ原住民の言語分布図(Greenberg, 1988による)。

サピアは、五〇以上ある北アメリカの語族を、次の六個のグループ(大語族)にまとめることが提案した。(1)エスキモー-アレウト、(2)アルゴンキン-ウォキヤシ、(3)ナデネ、(4)ベヌート、(5)ホカースー、(6)アズテクトゥーノア。ただし、(1)はきわめてよくまとまっているグループなので、一語族しかくまれていない。また、(5)のホカースー大語族については、かなり問題が多いとのことである。もつとも、それ以前の問題として、このような大語族を推定すること自体ほとんど不可能だという立場の研究者もあり、上記のサピアの大分類は、決して定説ではない。

南アメリカについては、各言語の違いがもともと大きいことのほかに、言語資料の不足

もあいまって、なかなか大分類がされにくいうのである。それでも、以下でも登場するジョセフ・グリーンバーグや、言語年代学を提唱したモリス・スワデシュが、大分類を提唱している。

しかし、これらの試みは、北アメリカの場合以上に、仮説の域をでていないようである。したがって、ここでは細川弘明に従い、主要な一〇語族の名前を挙げておくことに

どめる。(1)チヂチャ語族(約八〇言語)、(2)カリブ語族(約一三〇言語)、(3)アラワク語族

(約一三〇言語)、(4)トゥカノ語族(約一〇〇言語)、(5)ケチュア語族(約六〇言語)、(6)ハケ語族(三言語)、(7)バノタカナ語族(約七〇言語)、(8)トゥビ語族(約七〇言語)、(9)マクロージー

ュー語族(約九〇言語)、(10)アラウコ語族(約一〇〇言語)。なお、これら主要な語族には分類

されていない言語が、南アメリカに一〇〇〇以上ある。

図2.11に、グリーンバーグによる南北アメリカの語族分布を示した。一部のものは右に示した語族名と共に通するものがあるが、研究者によって分類に違いがあるので、この

図は確立された分布図ではない。あくまでも、新大陸の言語は、かつてきわめて多様性に富んでいたということを示すものであることを強調したい。

チャールズ・ダーウィンは「種の起源」のなかで、人種の系統関係は世界中の言語に対する最良の分類を与えるだろうと言っている。遺伝子からみても、骨や歯の形態からみても、新大陸のアーリンドは、かなり少數のグループにまとまりそうである。すると、言語からもそのような、語族のさらには上位のグループ分けができるものかと、われわれ自然人類学者・進化学者は期待する。しかし、話はそう簡単ではなさそうである。

第一に、遺伝子などの文化を運ぶ肉体の変化と、言語という文化上の変化は、必ずしも同調しない。遺伝的に異なる集団でも、借用によって言語が似てくることがある。また、言語の変化は、遺伝子はおろか、骨や歯の変化よりも急速に起こっているらしいので、一萬年以上前まで系統関係をさかのぼることはまず不可能であるというのが、言語学における一般的な見解のようである。ただし、言語学者は一般に、ふたつの言語の系統関係を認めようとするとき、その基準が厳密すぎるような気がする。インド・ヨーロッパ語族といふまとまりのよいグループを比較言語学的に分析した大成功が、逆にわざわざしているのかもしれない。われわれ自然人類学者は、どうせ同じ人間だから、多少の違いはあっても、ふたつの人類集団は必ず共通の祖先集団から分岐したものであると考える。

グリーンバーグの立場は、このような自然人類学的な考えにきわめて近い。彼は、「大

量比較」という方法を採用している。これは、従来の比較言語学が、ふたつの言語のみを細かく比較するのに対し、多数の言語の多数の単語を一度に比較するところなのである。

ひとりの言語学者が多数の言語すべてに精通するとはかなり困難であろう。したがって、大量比較をすると、ひとつの言語資料についての検討がおろそかになりやすい。グリーンバーグの研究に対する批判のひもでは、この問題点のあけられることがある。また、彼自身、扱った言語資料の精度が必ずしも高くなかったことは認めているが、大量比較には多少精度が低くとも問題ないという見解をとっている。

いずれにせよ、この大量比較法を駆使して、グリーンバーグは、チャートの研究をさらに発展させて、南北アメリカの言語が、大きく三種類に分類されると提唱した。それは、エスキモー・アレウト、ナデネ、およびアメリカ(ノル)では、前二者のグループを除くすべてのアメリカの言語のグループを指す)である。前にも述べたが、新大陸北に分布するエスキモー・アレウトの言語グループは、サムアがすでに認めた一語族のみからなる大語族であり、このグループのまほりについては、確立しているようである。次のナデネ言語グループも、サビアがすでに提唱しているものを多少変更したものである。アラスカ・カナダに分布するトリンギット語、ハイダ語、および、カナダからアメリカに分布するアサベスカ語族が属する。アサベスカ語族には、エグリフ、チアウイアンなど、カナダのアメリカ語のほかに、ナヴァホ語やアバッチ語が属する。およしおじと、ナヴァホ語やアバッチ語の分布地域は、以下に述べるアメリカ言語グループのなかの飛び地となつてゐる。このナデネ言語グループについては、まことにひとつの語族群と

してまとまっているかどうか、論争が続けられているようである。

最後のアメリカ言語グループは、北アメリカの大部分と中央アメリカおよび南アメリカ全部を含むもので、それらの一体性については、すでに少し触れたように、言語学界では大いに議論が分かれている。グリーンバーグ自身は、アメリカ言語グループを、分布地域で南から北の順に、以下の一一サブグループに分類している：マクロージー、マクローバノア、マクロカリブ、赤道、マクロトゥカノ、アンデス、チチャベエス、中央アメリカンド、ホカ、ペヌート、アルモサケレス。ノルで、「マクロ」というのは、大グループという意味である。

表2-1は、これらアメリカ言語グループの一體性を示唆する単語の例である。「わたし」「あなた」といった人称代名詞、「だれ」「ど」「手」「目」、「口」「足」などの身体名称に関して、発音の類似が広範囲の言語で見られている。これは、遺伝子頻度の変化とのアナロジーを感じさせる。過去のある時点で存在した祖先集団から徐々に集団が分岐していくにつれて、言語も変化していく。なかには、変化的程度が大きすぎて、単語の類似がなくなってしまったものもあるが、ある程度の発音の共通性を維持しているものもある。遺伝子を比較するわれわれにとっては、この大量比較法は合理的なものに感じじ。しかし、言語学一般では、かなり粗雑なやりかただと思われているらしい。

第2章 アメリカ大陸への人類の移動と拡散

5 新大陸モンゴロイドの起源と発生年代

一ストラリア原住民(アボリジニー)やミャーキニア高地民の言語を比較すると、変異性がほぼ等しいと主張する。これらオーストラロイドは数万年前にアジアの人類集団から分岐したと考えられている。とすれば、アメリカ人がアジアの集団から分岐したのも、それぐらい古いのではないか、というのが、ニコルズの主張である。

アメリカ言語の大分類研究の草分けであるサビアは、ナデネ言語グループと中国語が、かすかに近縁であることを示唆した。この説は、最近メリット・ルーレンがより広範囲な局面のひとつとして、再び主張している。ルーレンによる、ナデネ言語グループは、中国語、ベスク語、シメメール語、ローカサス語、エニセイ語、およびインンドと中央アジアの小言語から構成されるナデネ・ローカサス大言語グループと近縁である。一方、エスキモー・アレウト言語グループは、インンド・ヨーロッパ語族、ウラル語族、アルタイ語族、日本語・朝鮮語・アイヌ語グループ、およびシベリアの二語族(ギリヤークとチュクチ・カムチャッカ)から構成される、ヨーラシア大言語グループと近縁である。そして、アメリカ言語グループについて、それと近縁な旧世界の言語グループは見いだされていない。

第2章 アメリカ大陸への人類の移動と拡散

これまで、遺伝子、骨と歯の形質、および言語について、新大陸のアメリカンドと旧大陸のモンゴロイドのあいだに近縁関係が存在することを示唆する証拠を中心にして述べた。

単語	アルモサ-	ケレス-	～ヌー-	ホカ	中央アメ	ナブチ-	タニチス	マクロ-	マクロ-	マクロ-	マクロ-
I	-m	na?	na?	na	nā	nāja	nāja	ta	toho	māni	da
thou	-n	ma	ma	mai	am	ma	ma	ta	ta	ta	ti
who?	wa?	gu	ki	ma	nu						
where?	wh?	mi	mi	mi	mi	mi	mi	ma	ana	ana	nu
th	t-	t-	t-	kam	*ka	pahū	pahū	pa?in	*mejen	moken	mo
that	th-	pal-	pal-	pahn	pahn	pahu	pahu	pahu	amo	muko	mu
not	no	makan	makan	makna	makna	maki	maki	tu	etoj	toi	to
two	two	ne?	ne?	nam	nam	man	man	etu	tu	jao	jo
tooth	tooth	ne?	ne?	nam	nam	maki	maki	ja?	ja?	ja?	ja
eye	eye	ne?	ne?	nam	nam	maki	maki	ja?	ja?	ja?	ja
mouth	mouth	ne?	ne?	nam	nam	maki	maki	ja?	ja?	ja?	ja
leg	leg	si?	si?	*ta	*ta	to?ta	to?ta	taku	take	*kati	*te
knee	knee	si?	si?	*kar.	*kar.	*mat	*mat	iketu	iketu	kat	kege
vagina	vagina	re?	re?	re?	re?	epe?	epe?	epe?	epe?	is?	is?
tuna	tuna	tuna	tuna	*tun	*tun	kuni	kuni	tuna	tuna	tontan	ton
aunt	aunt	kan	kan	*pan	*pan	temba	temba	temba	temba	onak	on
snake	snake	kan	kan	sikuwi	sikuwi	temba	temba	temba	temba	onak	on
ant	ant	t'okun	t'okun	*t'okun	*t'okun	t'okun	t'okun	t'okun	t'okun	t'okun	t'okun
bird	bird	t'itipe	t'itipe	-kono-	-kono-	kob	kob	kob	kob	kob	kob
fly(in.)	fly(in.)	t'ap?	t'ap?	wisi	wisi	yius	yius	yius	yius	yius	yius
urine	urine	wa?	wa?	p'aide	p'aide	beia	beia	beia	beia	beia	beia
water	water	*akwá	*akwá	poi?	poi?	kuo?	kuo?	kuo?	kuo?	kuo?	kuo?
tree	tree	ok?	ok?	aka	aka	temba	temba	temba	temba	temba	temba
tree	tree	ok?	ok?	temba							
ito	ito	onok	onok	*tua	*tua	onak	onak	onak	onak	onak	onak
covering	covering	sk?	sk?	tekara	tekara	teka?	teka?	teka?	teka?	teka?	teka?
good	good	tema	tema	*t'ama	*t'ama	*temati	*temati	*temati	*temati	*temati	*temati
dark	dark	tek	tek	teka?							
left(side)	left(side)	tok	tok	lo?	lo?	tili	tili	tili	tili	tili	tili
burn	burn	tok	tok	will	will	tel	tel	tel	tel	tel	tel
see	see	tok	tok	wa?	wa?	ure	ure	ure	ure	ure	ure
go	go	wa?	wa?	wan	wan	wa?	wa?	wa?	wa?	wa?	wa?

表2.1 アメリンド言語族としてのまとまりを示唆する語の一覧表。*は祖語(理論的再構成形)であることを示す(Ruhlen, 1990による)。

新大陸のアメリカンは、エスキモーを除けば、ひとまとまりになっている。エスキモーは、北東アジアのモンゴロイドのグループに入っています。このグループとアメリンドのグループがさらにまとまって、次にコーカソイドとクラスターをなしている。不思議なことに、東南アジア、オセアニアの集団からなる南方モンゴロイドは、これらコーカソイドと北方モンゴロイドのグループの外側に位置している。

ここで注意したいのは、この図では、集団間の遺伝距離と分歧年代が比例すると仮定して系統樹が作られていることである。また、いったん分岐した二集団は離れて行く一方であるとの仮定もされている。これらの仮定は、実際の人類集団間の関係を考えれば、必ずしも満足されているとは言えない。したがって、南北のモンゴロイドグループが遺伝的に離れており、北方モンゴロイドとコーカソイドが近縁であるという結果は、集団の分歧を正確に反映していない可能性が高い。さらに、この系統樹は四二遺伝子座の遺伝子頻度データを用いて作成されているが、どの集団でも共通に調べられている遺伝子座の数は少なく、集団によって、データの欠失がかなりあるとのことである。遺伝距離を用いた分析では、一般にはこのような質の悪いデータは用いないものである。

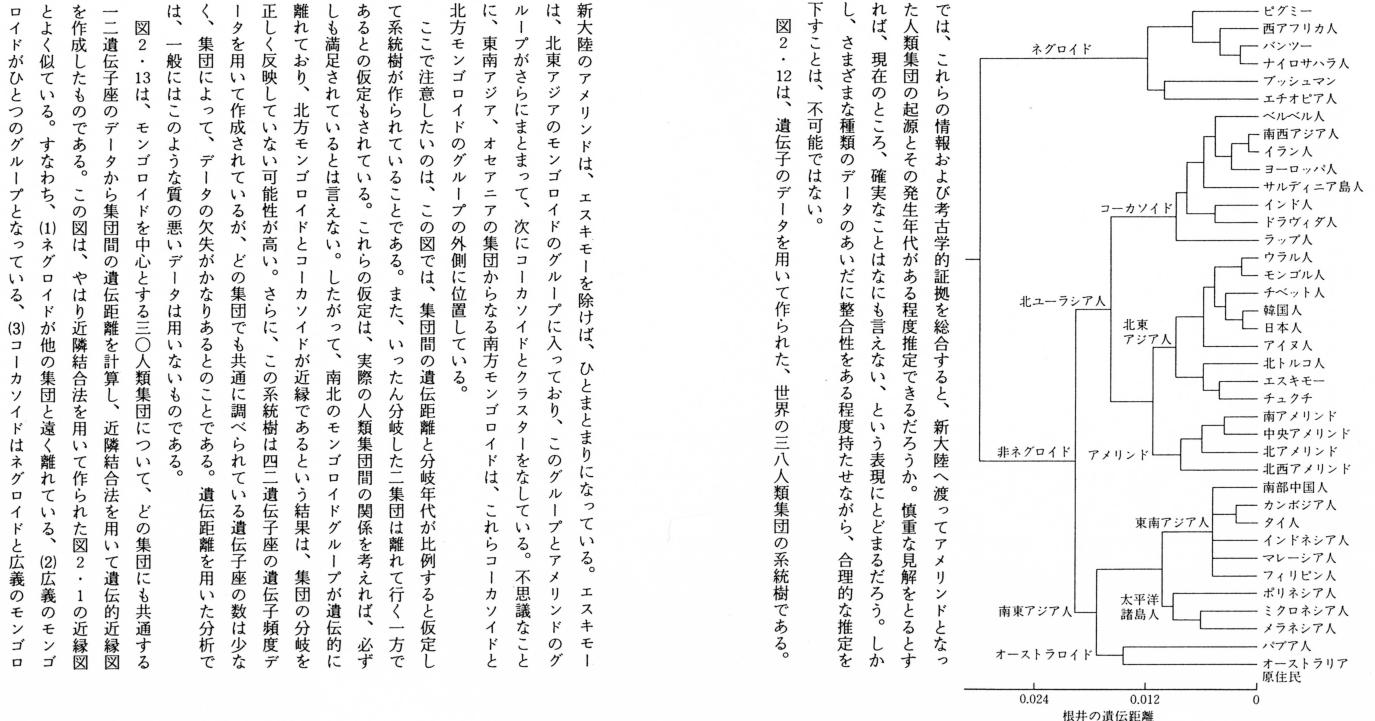


図2・12は、遺伝子のデータを用いて作られた、世界の三八人類集団の系統樹である。

イドのあいだにはさまっている。このうち、(1)については図2・12でも同じことがいえる。扱うデータや系統樹作成法の違いにもかかわらず、同一の結果になっているので、ネグロイド集団が他の人類集団と遺伝的に離れていることは、ほぼ間違いがないだろう。一方、(2)と(3)の点については、図2・12と明らかに異なっている。なお、別のデータから近隣結合法を用いて、根井正利が図2・13の結果と類似した系統樹を示している。

広義のモンゴロイド集団のなかについては、図2・1と異なり、オーストラロイド集団が、狭義のモンゴロイドの一分派と位置付けられている。興味深いことに、形態的にオーストラロイドと分類されることのあるフィリピンのネグリトが、オーストラロイドにもっと近縁なアジアの集団となっている。また、ボリネシア人(サモア)とネバール人の遺伝距離が近くなっているが、これは、図2・6のH.L.A.のデータから作成した系統樹でも、(1)ネグロイドが他の集団と遠く離れている、(2)広義のモンゴロイドがひとつのグループとなっている、(3)コーカソイドはネグロイドと広義のモンゴロイドがひどい近縁であることを示唆を与えるものといえよう。

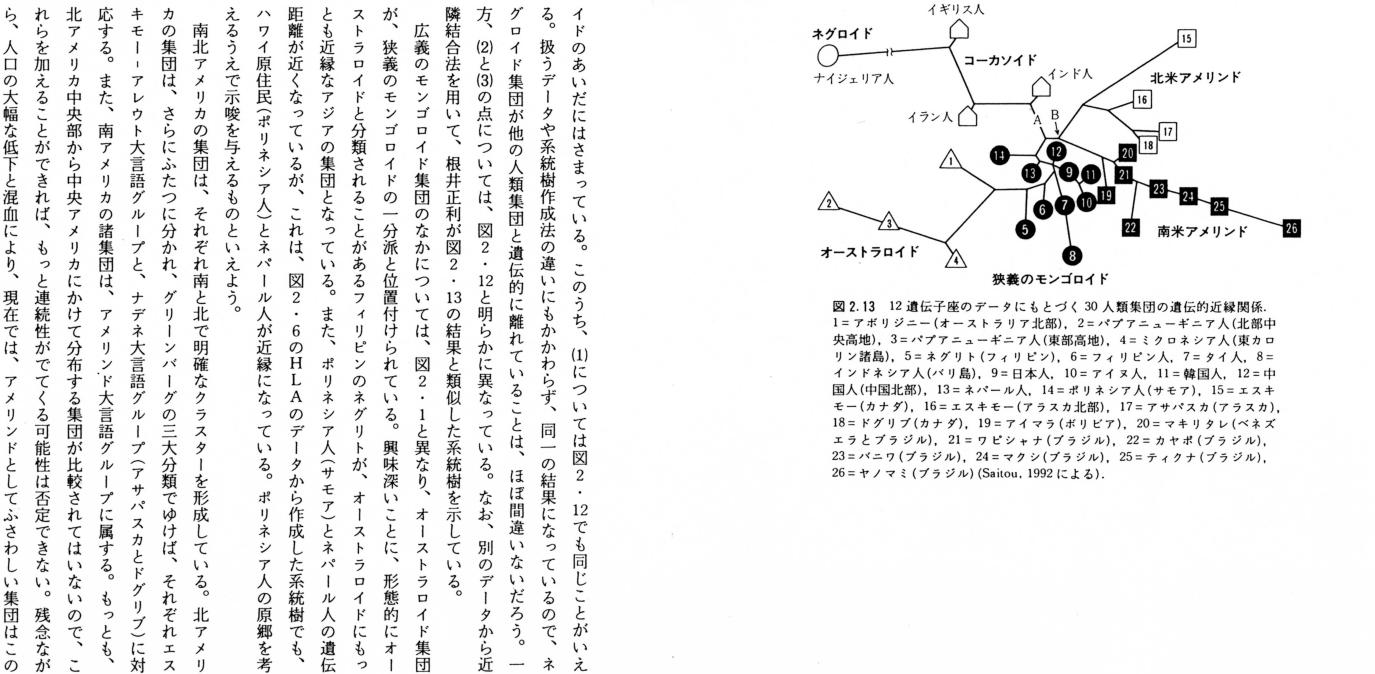


図2・13は、遺伝子座のデータにもとづく30人類集団の遺伝的近縁関係。
1=アボリジニー(オーストラリア北部), 2=バブアニューギニア人(北部中央高地), 3=バブアニューギニア人(東部高地), 4=ミクロネシア人(東カロリン諸島), 5=ネグリト(フィリピン), 6=フィリピン人, 7=タイ人, 8=インドネシア人(バリ島), 9=日本人, 10=アイヌ人, 11=中国人(中国北部), 12=中国人(中国南部), 13=ネバール人, 14=ボリネシア人(サモア), 15=エスキモー(カナダ), 16=エスキモー(アラスカ北部), 17=アサベスカ(アラスカ), 18=ドグリブ(カナダ), 19=アイマラ(ボリビア), 20=マキタ(ペネズエラとブラジル), 21=ワピシャナ(ブラジル), 22=カヤボ(ブラジル), 23=バニワ(ブラジル), 24=マクシ(ブラジル), 25=ティクナ(ブラジル), 26=ヤノマミ(ブラジル)。(Saitou, 1992による)。

地域にはほとんど存在しない。

しすれども、オランダ人やアメリカのアーメンド集団は、全体でさうにひとつのクラスをなし、他の広義のモンゴロイド集団と結び付いている。対する狭義のモンゴロイドについては、ここでもアメリカ大陸に近いシベリアの集団は比較されていない。したがつて、明確なことはわからないが、それでも、アーメンド集団は、ネバール人、日本人、韓国人といった、どちらかというと北方アジアのモンゴロイド集団と遺伝距離が小さいようである。この点に関しては、図2-12の結果と同様である。

現在の集団から血液その他の資料を得て調べる遺伝子のデータは、現在の集団間の関係しかわからない。それは、過去のさまざまなもの現象、すなわち集団の分岐、集団間の移住、集団人口の変動、などが重ねあわさって生み出されたものである。オーストラロイドやアーモンドでは、集団間の遺伝距離が大きいが、これからただちに、集団が分岐して長時間たったと結論することは、必ずしもできない。集団人口が小さいと、遺伝的浮動の効果が大きいので、遺伝子頻度の変動が大きくなり、集団人口が大きい場合よりも、遺伝距離が大きくなる。また、オーストラリア、ニューギニア、南北アメリカといった新天地へ広がつていった集団は、おたがいにあまり接触が少なく、移住も小さかつたが、アジアに残った諸集団は、長期間にわたって相互に移住を繰り返した可能性がある。その場合、たとえ集団の分岐が大昔に起こったとしても、集団間の遺伝子頻度は似通つたままに保たれる。そのため、遺伝距離が小さくなる。

これらの要因があるために、図2・13のような遺伝的近縁図を読み取ることを困難にさ

ントのほうが古く、 standard はそこから派生したように読み取れる。アメリカンドが寒冷適応を経てきた集団かどうか、さらには、そもそも寒冷適応という現象そのものが存在するのかも含めて、今後の課題だといえよう。

本章では、アメリカ大陸への人類の移動と拡散について論じた。実際には、遺伝子の情報を中心にして、人類集團間の系統関係ないし近縁関係を推定する話が大部分を占めた。人類集團間の系統関係を復元するには、理想的には、過去から現在までのすべての集團に関するさまざまな情報が必要である。しかし現実には、多くの場合、過去の情報がまったく失われているか、あるいはきわめて少ない。遺伝子の場合、骨からDNAを得るなどの新しい試みを除けば、過去の集團の一次情報を得ることはできない。骨や歯の形態学的情報も、遺跡から発掘されるものは過去に生存した集團のごく一部にすぎず、それらを細々と利用している現状である。言語も、死語になったものについては、現存の言語と比較すると、得られる情報ははるかに貧弱なものとなる可能性がある。

このよくな隣人があつたにかく、異なる研究分野でそれを得られた結果をどう解析していかにして総合するのかという問題がある。形態学的データは、「調べられる形質にどの程度まで遺伝性があるのか明瞭ではないが、遺伝子のデータと違って、遺跡から出土する過去の人骨と現代集団の人骨を同時に比べることができる」という強みがある。言語の場合、骨や遺伝子よりも変化する速度が大きいので、遠縁な集団間の関係を推定することはむずかしいかもしれないが、「遺伝的にほとんど差がない二集団を明瞭に区別することができ

遺伝子、形態、および言語のいずれに關しても、これからも次々と新しい研究が發表されゆくだろう。ただし、これまで述べてきたことで明らかなるように、言葉、骨、遺伝子はそれぞれ独自のモードで進化しているのである。したがつて、これら異なる分野の研究結果を無理に重ねあわせようとしてはならない。其通点を探りながら慎重に総合してゆることにより、将来、人類が新大陸へ移動していく道筋が、さらに浮かびあがってくることだろう。

第2章 アメリカ大陸への人類の移動と拡散