

遺

伝子の本体はDNAである。DNAは、親から子へと伝えられるときに自己複製を行い、たまに突然変異を起こしながら、少しずつ自己のコピーを増やしていく。この流れは生命の誕生以来連続と続いている。

したがって、たとえあかの他人同士であっても、体の中で同じ働きをする遺伝子を比べる場合、世代をさかのぼってゆけば、いずれは共通の祖先遺伝子にたどりつく。これは、どの二人の人間についても当てはまる。とすれば、世界中の人間の共通祖先遺伝子が必ず存在することは明らかである。

同じ働きをする 遺伝子には 系図がある

もともと、多数の人間を比べると、中には近い関係もあれば遠い関係もあるので、全体の関係図は、生物の系統樹のようなものになる。これを「遺伝子の系統樹」とか「遺伝子の系図」と呼ぶ。

遺伝子にも「系図」のあること

は、DNAの自己複製という性質を考えれば当然のことだ。しかし現実にはどうなっているかをデータで実証できるようになったのは、DNAの塩基配列決定が比較的容易になったつい最近のことである。

本連載第一回（一月号）に宝来

聰さんが、塩基配列のデータから、ミトコンドリアDNA遺伝子の系図を示している。ミトコンドリアDNAは母性遺伝をするので、この遺伝子の系図は、遺伝子を運んでいる女性のみをたどった系図と考えることもできる。

通常我々の考える「系図」は、世代をさかのぼることに祖先の人数が増えるが、ミトコンドリアDNAの場合、男系を無視できるので、人間の系図と遺伝子の系図が一致するのである。これら遺伝子全体の共通祖先は、大昔に生きていたある女性のミトコンドリアDNAにたどりつくはずである。

このためキリスト教の影響の強い欧米では、このようなミトコンドリアDNAの系図が発表されるや、この女性を「イブ」になぞら

える俗っぽい見解が流行した。

さて、遺伝子の本場は細胞核内の染色体上にあるDNA（核DNA）である。ミトコンドリアDNAの約四〇万倍ものDNAが四六本の染色体に収められている。全染色体上のすべてのDNAをひとまとまりで考えると、核DNAは二倍体なので、それらは父親と母

親から半分ずつ由来しており、おのおのが、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（ある遺伝子座の対立遺伝子）に限って言えば、四人の祖父母のどれかから伝わっているはずなので、その遺伝子は、多数いる祖先のうち一人の遺伝子だけから由来するこ

連載

モンゴロイドの道

④

人類遺伝子の系図

核DNAの遺伝子には「アダム」や「イブ」がいつばいいる

斎藤成也

国立遺伝学研究所助教授／進化遺伝学／さいとう・なるや



とになる。したがって全染色体上のすべてのDNAではなく、ある特定の遺伝子座を考えれば、ミトコンドリアDNAと同様、その遺伝子座の系図が存在するのである(左の下図)。

ミトコンドリアDNAは小さく、常にひとまとまりで遺伝するので、全世界の人間の共通祖先遺伝子は一箇だけである。ところが、それよりもはるかに大きく、ばらばらの染色体に分かれている核DNAの場合には、それぞれの遺伝子座ごとに祖先がいるのである。しかも、その祖先のいた時代は、遺伝

子座によってばらばらである(左の上図)。

これは、染色体は四六本しかないが、その中で絶えず組み換えという現象が起こるので、同一の染色体の中でも、少し離れたところに位置する遺伝子は、それぞれ独立に子孫遺伝子を増やしていると見なすことができるからである。

これに対して、本連載三回目(三月号)で徳永勝士さんと十字猛夫さんが取り上げたHLA遺伝子の場合には、第六番染色体上にぎっしりと並んでいるので、ほとんど組み換えが起こらず、ひとつのセッ

トとして(連鎖して)伝わっている。いずれにせよ、全染色体を考えれば、このようにセットで伝わる遺伝子の種類は数万を超えると考えられている。

したがって核DNA遺伝子のアダムとイブは、さまざまな時代に数千人が散らばっているのである。決して人類の祖先が一人や一族に行き着くものではない。現在世界中に生きている人間は、これら多数の祖先遺伝子のコピーの、ほとんど無限ともいえる可能な組み合わせのごく一部を、個々人が持っていることになる。

残念ながら、核DNAの取り扱いは様々な技術的困難があるため、現在のところミトコンドリアDNAほど詳しい分析が進んではいない。しかし、ひとつひとつの遺伝子座については情報が乏しいものの、多数の遺伝子座を調べる方法がこれまで行われてきた。それは各遺伝子座の対立遺伝子頻度を調べる研究である。下の図は、

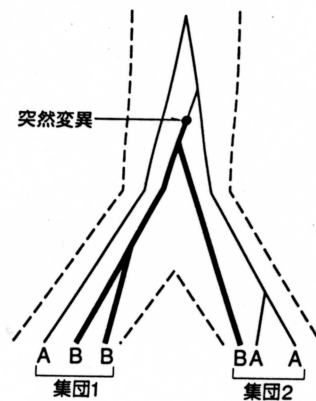
遺伝子頻度は偶然の要素でも変わっていく

いままで説明してきた遺伝子の系図と対立遺伝子頻度との関係を表したものである。

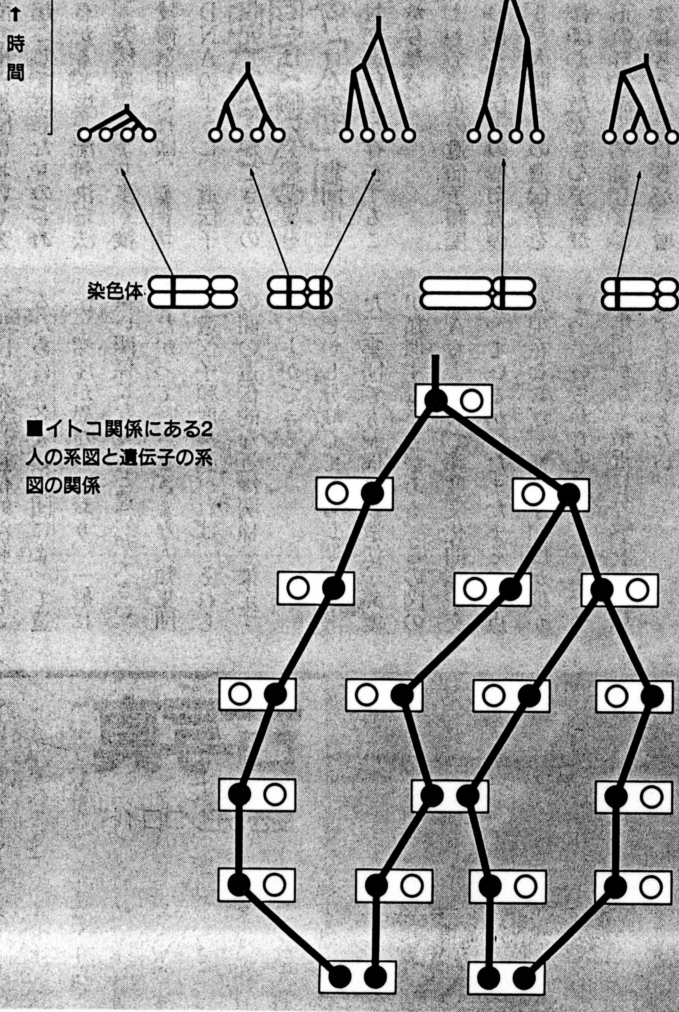
ふたつの集団で、ある遺伝子座において三個ずつ遺伝子を調べたところ、集団一ではA対立遺伝子一個、B対立遺伝子二個、集団二ではA二個、B一個であった。このような対立遺伝子の個数の大小を、0から1までの数値を取る比率で表した量を「対立遺伝子頻度」とか単に「遺伝子頻度」と呼ぶ。すなわちA対立遺伝子頻度は、集団一では三分の一、集団二では三分の二である。

ふたつの集団を合わせた遺伝子の系図を考えると、B対立遺伝子はA対立遺伝子から、二集団の分

■遺伝子の系図と遺伝子頻度との関係



■核DNAでは遺伝子ごとに「アダム」や「イブ」がいる



岐する以前の祖先集団において突然変異を起こして生じたものであることがわかる。塩基配列決定法のように、突然変異をより多く検出できる技術を用いれば、ミトコンドリアDNAのように、遺伝子の系図を復元することができただが、ここでは一個の突然変異を識別できるだけなので、集団中に二種類の対立遺伝子が存在するとしなければならない。

集団によって現在の遺伝子頻度が異なるのは、遺伝子の増え方の違いによる。人間がその遺伝子を持つていればよりたくさん子孫が増える（正の自然淘汰）ならば、この違いはもちろん生じるが、増やす率に差がなくても、偶然によって変動が生まれる。これは、親から子の世代へ遺伝子が伝えられる際に、遺伝子の無作為抽出を行っているからである。この現象を「遺伝的浮動」と呼ぶ。

次の図は、その中だけで婚姻する集団の人数を常に100人と限定した場合、最初は0.5だった遺伝子頻度が、遺伝的浮動によって遺伝子頻度を変化させていく過程を、コンピュータシミュレーションで描いたものである。それぞれの頻度変化曲線は、別々の集団に対応する。

集団が分岐した後、それぞれ

の集団で独立に遺伝的浮動が起こるために、各人類集団によって遺伝子頻度が異なっており、一般に遠い関係になるほど違いが大きい。したがって、さまざまな人類集団の遺伝子頻度を調べれば、それらの間の遺伝的な近縁関係を推定することができる。

しかし分岐してから長期間たった二集団でも、偶然に遺伝子頻度が類似することがある。この図の点AおよびBで頻度変化曲線が交わっているが、たまたまその時点が現在ならば、遺伝子頻度が似かよっているからといって、ふたつの集団がごく最近に分岐したとは必ずしもいえない。

そのため、正確な近縁関係を知るためにはひとつの遺伝子座だけではなく、なるべく多数の遺伝子座を調べる必要がある。以下では、まず実際の遺伝子頻度データについて簡単に触れた後、それらのデータから推定された集団間の近縁図を説明する。

モンゴロイドはA2対立遺伝子の頻度が低い

血液型は、赤血球の凝集という一種の抗原抗体反応を用いた検出法で判定されるが、これで間接的

古写真 に 生きるモンゴロイド



通

過儀礼は死と再生の儀礼である。人はそれまでの者として死に、新たな人間として生まれ変わる。結婚式は、人生最大のそうした通過儀礼のひとつである。結婚には、再生の象徴が付随することが少なくない。結婚指輪も

そのひとつだろう。三年ほど暮らしたメキシコ南部の先住民村落で、一三、四歳の少女が少し見えない間に既婚女性の髪形に変わっていて、急にまぶしく見えたことが幾度かあった。台湾北部のタイヤル族の場合、この写真に見るように、口元から耳にかけての刺青が既婚女性のあかしである。一九〇〇（明治三三）年、鳥居龍蔵撮影。

鳥居がタイヤル族を訪れたころには、ここにも漢民族の文化が浸透していた。この女性の場合、刺青や頭巾はタイヤル独特のものだが、服は漢民族風である。鳥居は、はつきりと漢民族のものとなる衣装のタイヤル女性の写真をほかに残していない。とすると、この女性は進取の気性に富むおしゃれな女性だったのだろうか。胸から下の服装がわからないのが残念だ。

（落合一泰・茨城大学助教授）

に遺伝子の違いも見ることができ。現在では100種類以上の血液型が知られているが、そのうちABO血液型をはじめとする約10種類の遺伝子座の遺伝子頻度が、これまでに多数の人類集団において調べられている。

次の表の左側には、一六人類集団におけるABO血液型の遺伝子頻度を示した。モンゴロイド集団では、A2対立遺伝子の頻度が

きわめて低いことが多いが、コロンブスやネグロイドでは、かなりの頻度となっている。たんぱく質のアミノ酸配列の情報、遺伝子DNAが直接与えているので、アミノ酸配列が異なれば、DNAレベルでも異なっている。赤血球には多くの酵素があり、これらもたんぱく質である。これまでに100種類以上の赤血球酵素が調べられているが、その一例

として、表にはGPT(グルタミン酸ピルビン酸アミノ基転移酵素遺伝子座の遺伝子頻度を示した。タイ人と南米アイマラ族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によるものであろう。

血液中の血清たんぱくも非常に種類が多い。それらのうち、多数の集団において調べられているものの一例として、Gc(ビタミンD結合たんぱく)遺伝子座の遺伝子頻度も表に示した。

おもしろいことに、GPT遺伝子座では遺伝子頻度が酷似しているタイ人と南米アイマラ族が、Gcではその頻度がかなり異なっている。なお表の中で、各遺伝子座の遺伝子頻度の合計が1になっていない集団がいくつかあるが、これは誌面の関係上、まれにしか見つかからない対立遺伝子の頻度を省略したためである。

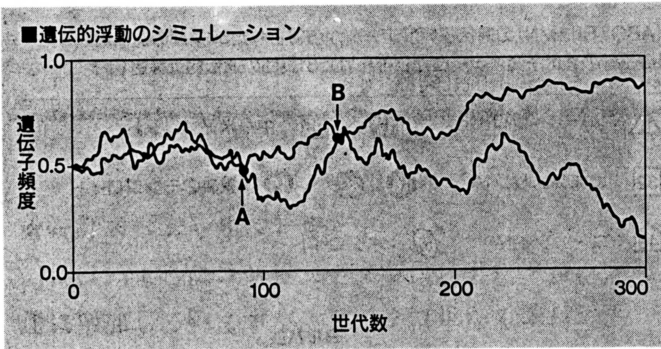
いまや「人種」は近縁図でわかる 抽象的な概念

このようなデータから、集団間の遺伝的違いの程度を表す指標である「遺伝距離」を推定することができ、遺伝距離が求められると、そこから今度は集団間の遺

伝的な近縁関係を、系統樹の形で推定することができる。次頁の上図は、我々が開発した系統樹作成法である近隣結合法を用いて、A

BOとRh、MNの三つの血液型遺伝子座の遺伝子頻度データから、五〇集団間の近縁図を描いたものである(枝の長さの情報は無視して描いている)。

この図を見ると、地理的に近接した集団は遺伝的にも近縁であるという傾向が読み取れる。しかし遠く離れたアフリカの集団(ナイジェリアのヨルバ族とカナダエスキモー)が近縁になっている。これは前にも述べたように、分



岐してから長期間を経た二集団でも、偶然に遺伝子頻度が似かよ

ることがあり、わずかに三遺伝子座のデータでは、この偶然の効果を十分に取り去ることができなかったであろう。まして、ひとつの遺伝子座のデータだけを見て、遺伝子頻度が似ているから近縁だという結論を導くことは危険である。

次頁の下図では、比較する遺伝子座の数を一二に増やした。この場合、すべての遺伝子座の遺伝子頻度データがそろっている集団が少ないので、比較できたのは三二

集団である。この図では、各大陸・地域ごとのグループが明瞭に観察されている。これは多数の遺伝子座を扱うことにより、偶然に遺伝子頻度が似かよる遺伝子座が全体の中で減り、遺伝距離と分岐時間との相関を高めることができるからである。この図では、上の図と異なり、枝の長さが遺伝距離に比例して描かれている。

ここでは、従来の形態的特徴および地理的分布をもとにした人種分類が、遺伝子のデータから得られた結果とほぼ一致していることがわかる。すなわちアフリカのネグロイド、ヨーロッパからインドにかけて分布するコーカソイド、インド以东のアジア・ポリネシアに分布する狭義のモンゴロイド、

■ ABO、Gc、GPT遺伝子座の遺伝子頻度分布

	ABO				GPT			Gc	
	A1	A2	B	O	1	2	1F	IS	2
広義のモンゴロイド									
日本人	0.271	—	0.170	0.559	0.623	0.376	0.421	0.301	0.258
韓国人	0.221	—	0.207	0.572	0.606	0.394	0.403	0.307	0.290
中国人	0.208	—	0.213	0.579	0.614	0.386	0.478	0.257	0.261
マレーシア人	0.178	—	0.203	0.619	0.343	0.647	0.795	0.149	0.056
インドネシア人	0.077	0.007	0.213	0.703	0.389	0.611	0.710	0.246	0.044
タイ人	0.137	0.007	0.190	0.666	0.410	0.590	0.405	0.354	0.236
ネパール人	0.211	0.070	0.198	0.521	0.706	0.294	0.245	0.482	0.273
アラスカエスキモー	0.350	0.007	0.090	0.553	0.577	0.423	0.267	0.492	0.189
ドグリップ族(カナダ)	0.177	—	—	0.823	0.342	0.658	0.380	0.551	0.070
アイマラ族(南米)	0.028	—	0.004	0.967	0.412	0.588	0.231	0.637	0.123
オーストラリア原住民	0.121	—	0.014	0.865	0.611	0.389	0.311	0.587	0.034
パプアニューギニア人	0.347	—	0.126	0.527	0.686	0.308	0.244	0.250	0.343
非モンゴロイド									
インド人	0.128	0.025	0.281	0.566	0.529	0.471	0.154	0.531	0.312
イラン人	0.247	0.036	0.173	0.544	0.539	0.461	0.144	0.629	0.227
イギリス人	0.209	0.070	0.061	0.660	0.528	0.471	0.165	0.575	0.260
ブッシュマン	0.239	0.018	0.020	0.684	0.455	0.545	0.629	0.306	0.065

オーストラリア・ニューギニアのオーストラロイド、北米と南米のアメリカンド(アメリカのインド人の意)が、明瞭なグループとして示される。

ネグロイドが他集団から大きく離れているが、これは様々な遺伝子では共通して見られることである。枝Aにおいてネグロイド・コーカソイドのグループと二分され

るグループを、広義のモンゴロイドと呼ぶことにする。形態的には、オーストラロイドと狭義のモンゴロイドはかなり異なっているが、遺伝子から見ると、アメリカンドと合わせて、広義のモンゴロイドと呼んでさしつかえないだろう。

するとコーカソイドは、ネグロイドと広義のモンゴロイドの中間に位置する。かつては人類集団の確固とした分類単位だと考えられていた「人種」とは、もはやこのような遺伝的近縁図を作った初めて浮かび上がる、抽象的な概念なのである。

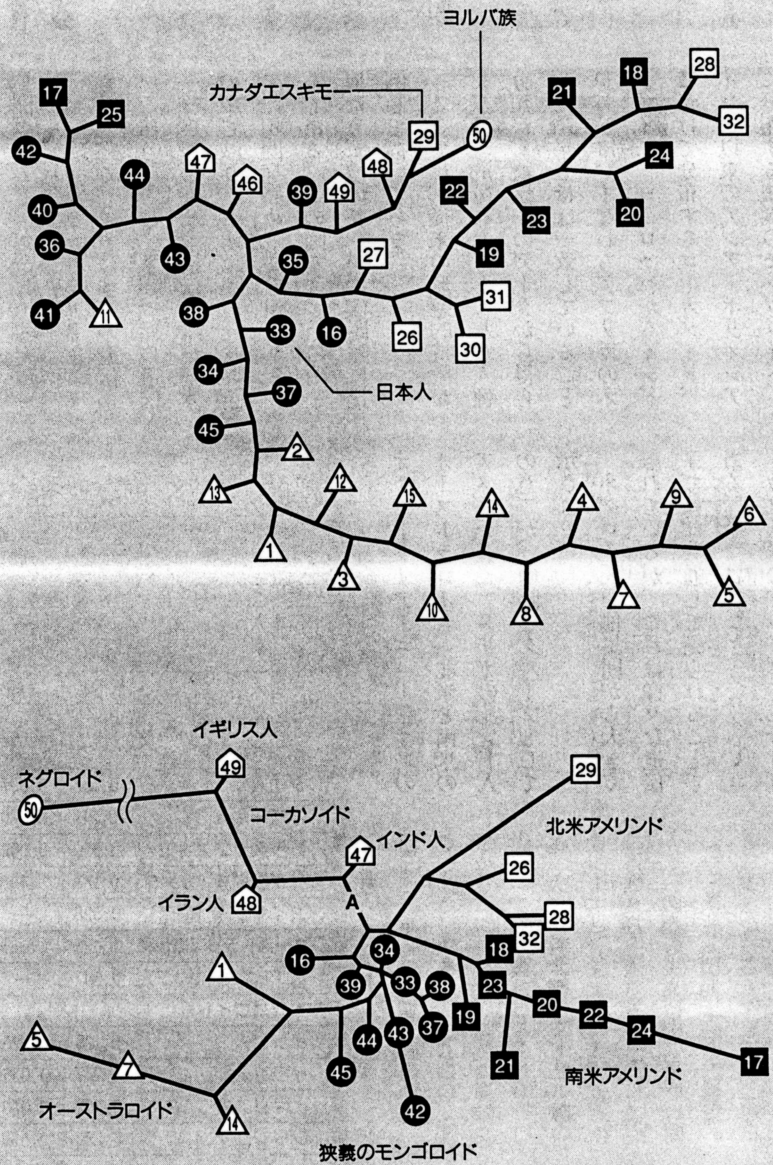
遺伝子のデータは 新大陸への 複数移住説を支持

広義のモンゴロイドの中でおもしろいのは、北米と南米のアメリカンドが大きく離れている（集団間の枝が長い）点である。狭義のモンゴロイド諸集団では、相互の遺伝距離が小さく、近縁図上でかたまっているのと対照的である。同様なことが、オーストラロイドについてもいえる。

これには、ふたつの原因が考えられる。ひとつは、集団の人数が少ないと遺伝的浮動の影響が大きいため、集団間の遺伝距離も大き

■3遺伝子座 (ABO, Rh, MN) の遺伝子頻度データから得られた50集団の遺伝的近縁図 (上) と、12遺伝子座の遺伝子頻度データから得られた31集団の遺伝的近縁図 (下)

- △1～15 : オーストラロイド
- 17～25 : 中南米アメリカンド
- 26～32 : 北米アメリカンド
- 16, ●33～45 : 狭義のモンゴロイド
- ◇46～49 : コーカソイド
- 50 : ネグロイド



くなるという効果を重視する。アジアから南北へ散って、オーストラロイドやアメリカンドの系統を作った集団の人数が、アジアにとどまったモンゴロイド集団よりも小さければ、図のような遺伝的近縁図が得られるかもしれない。もうひとつは、集団が分岐した後も相互に移住を繰り返せば、遺伝子頻度が似かよったままにとどまるという効果を重視する。地理的にも近く、人間の往来が高かったと思われるアジア地域に対し、

他の地域では集団間の人間の移住が少なかったとすると、図のような近縁図が得られるかもしれない。いずれにせよ遺伝的近縁図は、あくまでも現在の集団間の関係であり、われわれは過去の様々な現象が重なりあったままの状態しか見ることができないのである。しかも、用いたデータの量は限られている。

あえて現時点で、この近縁図から何かを読みとるとすれば、南北のアメリカンドが大きく離れている点が気になる。この遺伝的な違いからは、現在の考古学で確実にされている、アメリカンドの祖先が新大陸へ到達した年代（約一万五〇〇〇年前）よりもかなり以前に、南北アメリカンドの祖先が分岐を始めたことが予想される。

最近の歯の形態学や言語の研究から、新大陸へは複数の移住の波があったと提唱されているが、考古学の証拠が正しいとすれば、遺伝子のデータは、この複数回移住説を支持している。

