

(1995年10月16日現在)

第5章 環太平洋人類集団の過去と未来

斎藤 成也

はじめに

人類の系統はチンパンジーの系統と500万年ほど前に分かれてから独自の進化を始めました。それからしばらくして、私たち人類の直系の祖先だと考えられているオーストラロピテクスがアフリカ大陸に現われました。その後ホモ・ハビリスからホモ・エレクトスへと進化した人類は、100万年ほど前にアフリカからユーラシア大陸へと広がっていきました。人類の進化はさらに進み、約10万年前に、解剖学的に現代人とほとんど変わらないタイプの人間が再びアフリカ大陸に登場しました。これらの人類は、氷河期にユーラシア大陸からサフル大陸（現在のオーストラリアとニューギニアがひとつつながりになっていた大陸）、南北アメリカ大陸へと、その居住域を広げていきました。この移動の大部分を担ったのが、本章の主人公である「環太平洋人」です。彼らは、船を用いてさらに太平洋へ、インド洋へと進出してゆきました。本章では、太平洋をとりまく環太平洋地帯（オーストラリア、ニューギニア、東南アジア、東アジア、東シベリア、北アメリカ、中央アメリカ、南アメリカ）へと、人類がいかんして進出していったかを、遺伝子のデータを中心に論じた後、環太平洋集団の未来についても考察していきます。

突然変異と遺伝子の系図

生物進化の基本は、遺伝子の変化です。ですから、生物の系統関係は遺伝子の違いをもとに研究するべきです。実際に、バイオテクノロジーの発達により、遺伝子の本体であるDNAを調べられるようになった現在、生物の系統関係を遺伝子やその直接産物であるタンパク質で調べる『分子系統学』が急速に発展しています。人類諸集団のあいだの系統関係も、遺伝子の違いを調べることで明らかにするべきです。

DNAは、親から子へと伝えられるときに、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ゆきます。ということは、同じ種類のDNAを比べる場合、世代を遡ってゆけば、いずれは共通の祖先遺伝子にたどりつくことになります。これは、どの二人の人間についてもあてはまりますから、世界中の人間の共通祖先遺伝子が必ず存在するのは、当然のことです。もっとも、多数の人間を比べると、なか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、生物の系統関係（系統樹と呼びます）のようなものになります。これを、「遺伝子の系図」とよびます。図1は、このような遺伝子の系図を模式的に示したものです。いま、二人の人間AとBの持っている遺伝子を考えます。ここでは、ある特定の働きをする遺伝子（たとえばアルコールをアセトアルデヒドに分解する酵素の遺伝子）を考えます。このような遺伝子は、染色体上の特定の場所にあるので、「遺伝子座」と呼ばれます。ヒトは二倍体の生物なので、ある遺伝子座には、各個体が2個ずつ遺伝子を持っています。つまり、2個体では合計4個の遺伝子があることとなりますが、これら4個の遺伝子の系図の例が示してあるわけです。1世代前は両親の世代で、4人の両親ともこの遺伝子を2個ずつ持っていました。それぞれの子どもに受け継がれるのは、そのうちの片方だけ（灰色の遺伝子）です。世代を遡るうちに、共通祖先遺伝子に次々とつながってゆきます。図1では、10世代遡ってようやく4個の遺伝子の共通祖

先遺伝子をもつ祖先にたどり着きます。もっとも、あかの他人の遺伝子を比べる場合には、通常は数百、数千世代遡らないと、共通祖先にたどり着きません。

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ですが、現実になさっていることをデータから実証できるようになったのは、つい最近のことです。そのなかでも、「ミトコンドリアのDNA」の研究が特に進んでいます。細胞内小器官のひとつであるミトコンドリアは、核内の染色体とは独立に親から子に伝わる、大きさが約16,500塩基対の小さいDNAを持っています。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女性のみをたどった系図と考えることもできます。図2は、米国ペンシルベニア州立大学人類学科のマーク・ストーンキング博士のグループが最近発表したミトコンドリアDNAの系図です。世界中の人間の遺伝子が、最終的にひとつの共通祖先遺伝子（図2のA）にたどり着いています。遺伝子Aを持っていた女性は、今からおよそ15万年前に生きていたと推定されています。

遺伝子頻度と遺伝的浮動

人間の遺伝子の大部分は、細胞のなかの核の染色体上にあるDNA（核DNA）に乗っています。ミトコンドリアDNAの約40万倍ものDNA（およそ60億個の塩基）が、46本の染色体に納められています。核DNAの取り扱いにはさまざまな技術的困難があるために、現在のところミトコンドリアDNAのように詳しい遺伝子の系図を作るほどの分析が進んではいません。しかし、ひとつひとつの遺伝子座については情報量が乏しいものの、多数の遺伝子座を同時に調べる方法が行なわれています。それは、各遺伝子座の対立遺伝子頻度を調べる研究です。これによって、個々の遺伝子の系図ではなく、集団の系統関係を推定することができるのです。なお、「対立遺伝子」とは、同じ種類の遺伝子の中で、突然変異によって少しだけ塩基配列の異なっている遺伝子のタイプのことをいいます。たとえば、ABO式血液型遺伝子座のおもな対立遺伝子には、A1、A2、B、Oがあります。

表1に、16の人類集団におけるABO血液型の遺伝子頻度を示しました。日本人やその周辺のアジアの集団では、A2対立遺伝子の頻度がきわめて低いですが、イラン人やイギリス人では、かなりの頻度となっています。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ります。この違いは、人間がその遺伝子を持っていれば子孫が増えたり減ったりする効果（自然淘汰）があると生じますが、増やす率に差がない場合も（中立進化）、偶然によって変動が生まれます。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（さいころを振ってどれを選ぶかを定めるような、偶然で決まってしまう選ばれ方のこと）を行なっているからです。この現象を「遺伝的浮動」と呼びます。

人間の場合、もっとも安全に、しかもかなりの量の生体資料を得ることができるのは、なんといっても血液です。血液のほかに、唾液、毛根、精液、胎盤などが用いられることもあります。従来から血液サンプルを用いて調べられてきた遺伝形質には、血液型、赤血球酵素、血清タンパク、およびHLA（白血球の血液型）があります。これらの大部分は、DNAではなく、タンパク質を調べています。この場合、調べる対象となるタンパク質がある程度血液中に存在しなければなりません。また、タンパク質を調べている限り、アミノ酸の変化を引き起こした塩基配列の変化しか調べることができません。つまり、遺伝子の本体であるDNA自体を調べることが望ましいのです。DNAは血液中の白血球の細胞核内に存在するので、微量の血液さえ用いれば、原理的にはどのような遺伝的変異も調べることができます。

世界の集団の遺伝的近縁図と人類大分類群の新名称

遺伝的浮動のために、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くなります。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、それらのあいだの遺伝的な近縁関係を推定することができます。そのためには、まず多数種類の遺伝子について、対立遺伝子頻度を求めなければなりません。このようなデータから、集団間の遺伝的違いの程度を表わす指標である、「遺伝距離」を推定することができます。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推定することができます。

図3は、筆者が世界の30人類集団の遺伝的近縁関係を、12種類の遺伝子座のデータを用いて推定したものです。図中の各枝の長さは、遺伝距離に比例しています。まず、アフリカ人と非アフリカ人が大きく分かれています。非アフリカ人は、ヨーロッパ人からインド人までを含む西ユーラシア人と、日本人や中国人を含む東ユーラシア人、南アメリカ人、北アメリカ人と、サフル人（オーストラリア人とパプアニューギニア人）のグループに分けられます。この図をみると、古典的な、形態的特徴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かなり一致しています。

ところで、ヒトの属する霊長類はもちろんのこと、大型の哺乳類で、ヒトのように急速に世界中に分布するようになったものはありません。これは言うまでもなく、さまざまな技術の発明に負っています。しかし、今からおよそ1万年前、最終氷期の末期までは、遠距離を移動できる技術、特に船の発達がまだ十分ではなく、人口増加も急ではなかったために、人類はゆっくりと世界中に広がっていったのではないのでしょうか。この場合には、他の大型動物と同様に、ヒトという種内の集団間の系統関係は、それら集団の地理的遠近関係に密接に関連していたでしょう。

しかし、今から約1万年前、農耕牧畜の開始とともに現在につながる急激な人口増加がはじまり、海洋をまたにかけた長距離の移住が始まりました。ポリネシア人による、数千年前に始まる太平洋の島々への拡散がその代表的な例であり、最近では15世紀以降の大航海時代が大きくなっています。さらに、産業革命以後の急速な技術革新は、船だけでなく、自動車、飛行機などの多彩な移動手段を生み出しています。このような状況では、もはや現在の集団を比較して過去を知ろうとする試みは、ますます困難になって行くでしょう。そこで、筆者は、人類集団の大分類（いわゆる人種）として、1万年前の状態を復元するにとどめることを提唱しました。そうすれば、大分類として大陸を単位とする地理的名称が、それほど困難なく用いることができるからです。数万年以上にわたって地球上の各大陸に広がっていくあいだに蓄積した人類の遺伝的差異は、過去1万年間の移住によってもなおはっきりと見て取れることができます。

図3では、そのころほぼ各大陸にすでに分布していた6グループを、大陸の名称で呼んでいます。そのなかで、サフル人とは、氷期に海面低下が生じて、オーストラリアとニューギニアがつながって、サフル大陸と呼ばれていたのにちなんだ新しい名称です。従来のオーストラロイドに対応します。また、ヨーロッパ、アジアという地理的名称が人類集団の分類には対応しないので、西ユーラシア人、東ユーラシア人という名称を提案しました。それぞれ、従来のコーカソイド、および狭義のモンゴロイドに対応します。それ以外は、単に大陸名を用いています。ただし、厳密に言えば、アフリカ人（ネグロイド）はサハラ砂漠以南にしか分布していません。また、西ユーラシア人と東ユーラシア人の境界ははっきりしませんが、やはりヒマラヤ山脈などが人間の移動を妨げたために、ユーラシアの東と西で遺伝的な違いが生じたと考えられます。また、南北アメリカ人は、南北アメリカ大陸に対応します。

最後に、図3の遺伝的近縁図をみると、東ユーラシア人、サフル人、南北アメリカ人は、ひとつの「クラスター」（英語で「房」を意味し、あるまとまりのことを言う）に属しますが、筆者はこれを「環太平洋人」と称することを提案しています。1万年前の人類は、まだ太平洋のまんなかには進出していなかったので、環太平洋という言葉は当を得ているのではないのでしょうか。

東ユーラシア人類集団の遺伝的系統関係

さて、環太平洋人のひとつである東ユーラシア人の中の関係をもうすこしくわしく見てみましょう。図4Aは、少数民族を中心とする中国の16集団および日本と韓国の集団について、HLAのA、B、C、3遺伝子座の対立遺伝子頻度から遺伝距離を計算し、筆者が作成した遺伝的近縁図です。この図には大きくふたつのクラスターが認められます。ひとつは、リー族、ミャオ族、ヤオ族など、中国南部の少数民族を含むクラスターであり、もうひとつはモンゴル族、カザフ族、ホイ族、チベット族など、中国北方の少数民族を含むクラスターです。興味深いことに、中国南部の広州、広西省、海南島の漢族は南方少数民族のクラスターに含まれ、中国北部の北京、徐州の漢族は北方少数民族のクラスターに含まれています。一方、日本人と韓国人はサブクラスターを形成して、北方クラスターに属しています。中国に広く分布し、最大の人口を容する漢族が、それぞれの分布地に近接した少数民族と遺伝的に近縁となっているわけですが、これは各地域の漢族がその近辺の少数民族と混血することによって、漢族内に大きな南北差が生じたと考えられます。

図4Aの近縁図は、次のように読みとることもできるでしょう。漢族はその始まりはある特定の民族だったかもしれませんが、黄河文明の担い手として、漢族すなわち文明人という等式ができあがりました。つまり、少数民族の漢族化が歴史上常に生じていたと考えるわけです。この場合、中国内の大きな南北差は、すでに黄河文明が登場する以前からの差をかなり反映していることとなります。実際に、筆者らの最近の研究では、東アジアの南北集団の遺伝的な分岐が、少なくとも1万年以上に始まったと推定しています。

図4Bは、中国南端にある海南島の6集団を中心とするアジアの17人類集団について、筆者が遺伝的近縁図を作成したものです。ここでは、血液型4種類、赤血球酵素4種類、血清タンパク2種類、合計10遺伝子座の遺伝子頻度データを用いています。図4Aと共通の集団だけで見ますと、やはり南北の集団で遺伝的に違いがあることが読み取れますが、それらの集団のあいだに東南アジアの集団が位置しているので、単純に南北の対立があるとは言えない形になっています。むしろ、中国南部および東南アジアの南方集団で遺伝的に大きな変異があるのに対して、日本人、韓国人、モンゴル人、アイヌ人といった、東アジアの北方に位置する集団のあいだの遺伝的変異が小さいことが印象的です。特に、海南島という四国程度の小さい島の中に住んでいるいろいろな人類集団の遺伝的違いがきわめて大きいのが印象的です。もっとも、このなかの苗族（言語風俗からいうとヤオ族にあたりますが行政的には苗族と呼ばれています）は明の時代に時の中央政府の命令で、大陸部から強制的に移住させられたとのこと。また、回族は回教徒ですが、通常回族は中国の西域付近に居住しています。なぜ海南島にぽつんと回族がいるのかは謎です。

いずれにせよ、これら比較した集団のなかの違いが小さいので、わずか10遺伝子座程度のデータで決定的なことを言うのは困難であると筆者は考えています。将来、もっと詳細なデータが得られるのを待つ必要があるでしょう。

集団間の遺伝子流入

人類集団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団に関するさまざまな情報が必要です。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くなります。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、過去の集団の一次情報を得ることはできません。

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りません。それは、過去のさまざまな現象、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す。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、集団間の遺伝的な距離が大きくなります。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っていった集団は、おたがいにあまり接触が少なく、移住も小さかったが、ユーラシアに残った諸集団は、長期間にわたってたがいに移住を繰り返した可能性があります。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ったままに保たれます。そのため、遺伝距離が小さくなります。

この遺伝子交流という要因が、遺伝的近縁図を読み取ることを困難にさせています。比較する集団が増えれば増えるほど、分岐したあとの集団間でのさまざまな遺伝子流入パターンが、集団間に錯綜する関係を生じさせるからです。とはいえ、別々の大陸に分かれてしまった集団の間では、比較的最近にいたるまで、大規模な遺伝子の交流はなかったと言えるでしょう。

現代人類の起源と拡散

現時点における遺伝子データ、考古学データ、および化石データを考慮した結果、環太平洋人を中心とする現代人の起源とその拡散について、筆者は現在次のように考えています。

(1) 形態学的に現代人と同様の人間が10万年前から20万年前に東アフリカから中近東にのびる第地溝帯に出現した後、その集団の子孫がユーラシアとアフリカ全域に広がっていった。その過程で、アジアに広がった集団は、それより以前からすでに分布していたホモ・エレクトスの集団とも若干の遺伝子交流を行なった。この段階では、皮膚色や毛髪色は黒色だった。

(2) 5万年前から10万年前の期間に、西ユーラシアに進出し、他の地域の集団とは遺伝的に分化を始めていた集団（西ユーラシア人の祖先）の中で、皮膚色や毛髪色が薄い個体が出現し、その頻度が増加していった。一方、西ユーラシアの集団と東ユーラシアの集団は、中央アジアを架け橋として遺伝子の交流がある程度存在した。これによって、東ユーラシアでも北方の集団は皮膚色の薄い個体が増加していった。

(3) 5万年前ごろ、当時ニューギニアとオーストラリアがつながっていたサフル大陸に、南方の東ユーラシア人が進出した。その後、その子孫集団は大きな遺伝的浮動により特殊化し、サフル人を形成していった。一方、南北アメリカ大陸へも以前から小規模な移住は繰り返されていたが、1万5千年前ごろに大規模な移住がシベリアからベーリンジアに向かってあり、その子孫集団が現在の南北アメリカ人を形成していった。

(4) 約1万年前に新石器革命（農耕の発生）が起こり、世界人口がそれ以後急激な増加をはじめた。これによって、東アジアの集団が東南アジアへ進出し、さらに太平洋に進

出した（ポリネシア人）。その一部は、サフル人とも遺伝子の交流を行なった（マイクロネシア人とメラネシア人）。

（5）15世紀以後のいわゆる「大航海時代」到来によって、ヨーロッパの西ユーラシア人が大量に南北アメリカおよびオーストラリアに進出した。また、奴隷交易によって、アフリカ人もまた南北アメリカに大量に移住した。これによって、現在の「環太平洋人」は、1万年前のそれとはかなり様相を異にすることとなった。

図5は、環太平洋集団を中心とした、人類の移動の歴史を推定したものです。推定移動年代が千年単位で示してあります。たとえば、15は15,000年前ということになります。ただし、これらの移動経路と年代の大部分は推測に基づいており、あまり確かなデータの裏付けがあるわけではありません。

太平洋へ進出したポリネシア人の源郷については、図2の遺伝子の系図が、有力な証拠を与えてくれます。点Bは、環太平洋に広く分布し、特にポリネシア人で頻度が高いミトコンドリアDNAのある突然変異遺伝子が発生した時点を示しています。さらに、このBクラスター内には、ポリネシア人を中心によく見いだされるクラスターがあり、それは点Cの時点で発生しています。このCクラスターを見ると、ポリネシア人であるサモア人のほかに、インドネシア人やパプアニューギニア人が含まれます。その外側のBクラスターでも、中国人、トンガ人が多少含まれますが、やはりインドネシア人やパプアニューギニア人が多数個体含まれています。アフリカ系アメリカ人が1人入っていますが、これは混血のせいではないかと考えられます。どうやらポリネシア人の源郷は、最近になって考古学で提唱されているように、東南アジアからパプアニューギニア沿岸に発生したラピタ式土器を生み出した人々であった可能性が高いようです。

環太平洋人の未来

これまでは、現在手に入り得る遺伝子の資料から、過去の人類進化を見てきました。過去を復元することは、さまざまな記録のあいだの整合性を調べたりすることによって、科学的・客観的手続きを踏むことができます。自然界における「歴史」という意味での「自然史」がまさにそれにあたります。一方、未来の状況を推定することは、それが実際に正しかったかどうかを知るには、実際に未来が来てみないとわかりません。そのため、「未来学」ということばはあるものの、私たち研究者は、一般にはあまり未来について考えることをしません。しかし、人類が今後どのような道筋をたどるかは、重要な問題です。ここでは、これまでの詳しい議論とはかなり異なる雰囲気となりますが、環太平洋人類集団間の遺伝的な違いが現在から将来どのようにかわってゆくかについて、簡単な推測をおこなってみます。

20世紀が終わろうとする現在の環太平洋および太平洋地域には、図3に示した人類の6大グループの子孫がすべて存在します。中でも、世界最大の人口を擁する中国をはじめとする東アジアおよび東南アジアは、経済的にも急速に発展しています。

この1万年間にわたって続いてきた人類文明とほぼ同程度ないしそれ以上に発達した文明が、今後さらに長期間続くと仮定します。すると、地球上の人間の交流は当然ますます活発になると予想されるので、集団間の遺伝子交流も増加し続けるはずで、特に、地理的に近接し、文化的にも似かよった集団間でそれは著しいことが予想されます。そのため、図3の6グループ内部では、遺伝的均等化に向かいます。実際、日本に限ってみても、国際結婚の割合は最近50年間に飛躍的に増大しているようです。わたし自身のまわりをみても、国際結婚している日本人がかなりあり、その配偶者は中国、フィリピン、タイ、ブ

ータン、米国、英国等の出身者です。

このように、グループ間の交流もゆっくりと増えてゆくの、やがては世界中の人類集団の遺伝的近縁性が増大してゆくでしょうこの過程で、現在世界の全人口に対する相対的な人口が急速に減りつつある小集団は、文化的な独自性は保つかも知れませんが、遺伝的には周辺の大集団に溶けこんでゆくことが予想されます。

太平洋上に浮かぶ人工島

地球表面全体で、どの位の人口を養えるかは、推定値がさまざまあり、なんともいえませんが、わたしは比較的楽観的であり、現在の数倍はなんとかなるのではないかと考えています。その場合でも、新しい居住空間を見いだす必要はあります。特に、われわれ環太平洋人にとって、その中央にある太平洋は、あらたなエクメナー（居住可能域）となり得るのではないのでしょうか。私は、太平洋上に人工島が多数浮かぶ時代がやがて来るだろうと予想しています。これらの人工島は、現在のハワイ諸島がそうであるように、環太平洋人全体が遺伝的に均質化してゆく、絶好の場を提供するでしょう。

洋上に浮かぶ人工島というアイデアは、古くはジュール・ヴェルヌのSFに登場しましたが、技術的にはすでに十分実用に供する事のできる建造物がいくつかあります。沖縄のアクアポリスや尾道市のフローティング・アイランドは陸に接した形ですが、オーストラリアの大環礁に浮かんだバリアリーフ・フローティングホテルは、陸地から遠く離れた珊瑚礁のまっただ中で営業していました。また、北海油田で作業に従事する数百名が居住するための浮体構造物も存在します。人工島というより、多数の船様構造体からなる「集落」のほうが現実的かもしれません。船なら地震に対する恐れはほとんどありませんし、自走性を有していれば、適切な気象情報を得ることによって台風などの災害から逃れることもできます。また、自家発電、自家浄化設備、淡水化装置などの設備を備えることにより、都市建設の際の下部構造（電線、上下水道、ガスパイプなど）に投資する必要がなくなります。道路も造る必要がありません。海自身が道なのですから。

むしろ問題になるのは、技術面ではなく、これら人工島の建設コストでしょう。しかしこれも、大量の人口浮遊島が建設されるようになれば、少しずつ低廉なものが出てくると思われます。太平洋の総面積は約1億6500万平方キロメートルです。仮に、採集狩猟民の人口密度である、1平方キロメートルあたり1人を太平洋にも適用すれば、全体で1億人以上が洋上生活をすることができます。

人工島におけるもうひとつの問題は、海洋法です。現在、大部分の海洋は公海であり、どの国家にも属しません。しかし、人工島に多数の人間が住み着くようになって、そこで子どもが生まれるようになると、それらの人々はどのようなカテゴリーに属するのか、すなわち、どこの国民となるのか、等といった、基本的な問題がただちに生じます。可能性として、このような人工島は、従来の国家概念を崩壊させてゆく主要因のひとつになるのではないのでしょうか。最近、「ウォーターワールド」という映画が公開されましたが、その最終シーンでは、ドライランドという名で呼ばれる陸地をようやく発見したにもかかわらず、主人公のマリナーは、アウトリガー付きのカヌーで再び大洋にこぎだしてゆきました、海こそ自由の象徴であるかのように。

国と国の垣根が取り払われる傾向は、今世紀末になってますます顕著になっています。将来、国家というエゴイズムの固まりが終息して、人類がもっと平和に暮らせる世の中になることに、環太平洋人社会が大いに貢献することを、私は期待しています。

(おわり)

参考文献

畦柳昭雄・渡辺富雄， 1991， 『海洋建築の構図』（プロセスアーキテクチャ）。

馬場悠男編， 別冊日経サイエンス『現代人はどこからきたか』， 日経サイエンス社。

片山一道， 1991， 『ポリネシア人－石器時代の遠洋航海者たち』（同朋舎出版）。

L. カヴァーリ＝スフォルツァ・F. カヴァーリ＝スフォルツァ， 1995， 『わたしは誰， どこから来たの－進化にみるヒトの「違い」の物語』（三田出版会）。

香原志勢・大塚柳太郎共編， 1994， 週刊朝日百科シリーズ「動物たちの地球」136号『広がりゆく人類集団』（朝日新聞社）。

熊谷圭知・塩田光喜編， 1994， 『マタンギ・パシフィック－太平洋島嶼国の政治・社会変動－』（アジア経済研究所）。

根井正利著， 五條堀孝・斎藤成也訳， 1990， 『分子進化遺伝学』（培風館）。

斎藤成也， 1992， 新大陸の自然誌第2巻『最初のアメリカ人』（岩波書店）， アメリカ大陸への人類の移動と拡散。

斎藤成也， 1995， シリーズ「モンゴロイドの地球」第1巻『アフリカからの旅だち』（東京大学出版会）， 遺伝子から見たモンゴロイド。

図の説明

図1． 遺伝子の系図の例。

図2． ミトコンドリアDNAの系図の例。

図3． 世界30人類集団の遺伝的近縁図。

図4． (A) 中国の少数民族を中心とする東アジア18集団の遺伝的近縁図。

(B) 中国海南島の6集団を中心とするアジアの17人類集団の遺伝的近縁図。

図5． 過去10万年間における人類の拡散経路。

執筆者（斎藤成也）について

住所：〒411 三島市文教町1-4-60 文教住宅4-503

肩書：国立遺伝学研究所 助教授

連絡先：

国立遺伝学研究所 進化遺伝研究部門

〒411 静岡県三島市谷田1111

TEL: 0559-81-6790 FAX: 0559-81-6794