

4.2 遺伝情報とヒトの歴史

遺伝情報とヒトの歴史

生体高次情報系 助教授 間野 修平

「ゲノム」という概念の提唱者の一人である木原均は、「地球の歴史は地層に、生物の歴史は染色体に記されている」という言葉を遺しました。現在では、染色体から遺伝情報を容易に解読できるようになり、そこから生物の歴史が次々と明らかにされています。本稿では、ヒトの歴史について、遺跡、史料などではなく、遺伝情報に基づいて推測されてきたことのいくつかについて、簡単に紹介したいと思います。

ヒトにもっとも近縁な生物は何か

ダーウィンによる進化論の提唱以来、ヒトにもっとも近縁な生物は何か、という疑問があります。候補は、大型類人猿の、チンパンジー、ゴリラ、オランウータンです。ダーウィンは、1871年に出版した著書において、ヒトにもっとも近い生物はチンパンジーかゴリラであろう、と推測しました。すべての生物は共通の祖先から進化し、ひとつの系統樹に表わすことができる、というダーウィンの仮説は、現在では科学的常識になっており、ヒト、チンパンジー、ゴリラ、オランウータンを系統樹に表せることはほぼ間違いありません。ですから、冒頭の疑問は、ヒトにもっとも最後に分岐した生物は何か、という問題に置き換えることができます。

かつて、古生物学者らは、主に化石による形態の進化からこの問題にアプローチしていました。オランウータンが他から離れていることはほぼ間違いのないのですが、チンパンジーとゴリラのどちらが最後にヒトと分岐したかについては、よくわかりませんでした。ヒトとチンパンジー、もしくはゴリラとの共通祖先は、少なくとも1500万年遡ると考えられていました。ところが、タンパクのアミノ酸配列の決定法が開発され、アミノ酸の置換がほぼ時間に比例して起こるといふ分子時計の考えが確立しつつあった1967年、ヴィンセント・サリッチとアラン・ウィルソンは、アルブミンの抗原抗体反応の解析から、ヒト、チンパンジー、ゴリラの共通祖先はおよそ500万年前に存在した、と推定しました。この推定は論争を巻き起こしましたが、多くの情報が蓄積するにつれて、概ね受け入れられています。現在では、ヒトにもっとも近縁な生物はチンパンジーであり、ヒトとチンパンジーは500-600万年前に分岐したと考えられています。

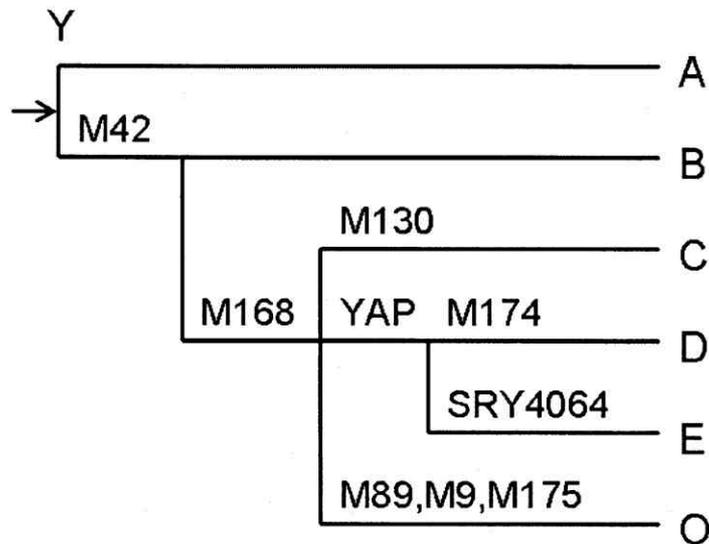
現生人類の起源

ヒトゲノムの塩基配列がほぼ解読され、その個人差の情報も蓄積されつつある現在、遺伝情報はヒトの歴史の推測のためにますます有用になっています。前節の疑問よりもさらに最近の歴史である、現生人類の共通祖先は地球上のどこで生じ、どのように拡散していったかということについても、かなりよく推測できるようになってきました。地球上には、現生人類以外にも、ネアンデルタール人などホモ属に属する別の種が現れました。現生人類は、アフリカで生じて地球上に拡散したのか、それとも、多地域で独立に生じたのか、という論争がありました。現在では、アフリカ単一起源でほぼ決着が着いています。およそ20万年前の東アフリカで生じ、およそ10万年前には中東、欧州、およそ5万年前には東アジアに到達し、およそ1万年前にはベーリング海峡を通過してアメリカ大陸に到達した、と考えられています。

ヒトのY染色体の系統樹

ここで、遺伝情報によるヒトの歴史の推測の詳細について述べる前に、いくつかの生物学的事実を簡単に述べておきます。個人の細胞は、常染色体については相同な染色体を2つもち、それらは、配偶子（精子または卵子）によりそれぞれ父親、母親から継承しています。配偶子が親の生殖細胞から減数分裂により生成されるとき、親の父親、母親由来の染色体の間で組み換えが起こることがあります。配偶子により一方の染色体をランダムに継承しますが、組み換えのため、その染色体はしばしば誰のものでもありません。ですから、常染色体の先祖をたどることは困難です。連鎖した一部分であれば親を考えることはできますが、情報は限定されます。X染色体もほぼ同様です。ところが、Y染色体は父親からしか継承せず、ほとんどの部分で組み換えが起こりませんので、男系の先祖をたどることができます。また、ミトコンドリアは卵子の細胞質に由来するために母親からしか継承せず、組み換えが起こらないと考えられますので、女系の先祖をたどることができます。

このような理由から、ヒトの歴史の推測には、Y染色体、ミトコンドリアがよく用いられてきました。Y染色体については、コンソーシアムが組織され、2002年、歴史上一度しか生じず、一度生じるともとに戻らないと考えられる変異の解析により、地球上のすべてのヒトのY染色体を統合する系統樹が構築されました。次に示すのは、その系統樹のうち本稿で関係する部分を簡略化して描いたものです。地球上のすべてのヒトのY染色体は、AからRのグループに分類されます。たとえば、グループAはM42という変異をもっていませんが、グループBからRはもっています。グループBはM168という変異をもっていませんが、グループCからRはもっています。このように、原則的には上のグループが祖先型（変異をもたない型）になるようになっています。



この系統樹は、現生人類がアフリカ単一起源であることの強力な証拠になっています。アフリカに居住する民族の染色体の多くはグループA、B、Eに分類されますが、これらのグループに属する染色体は、アフリカ以外にはほとんどみられません。アフリカには地球上のすべてのヒトのY染色体の祖先型であるグループA、グループBに属する染色体がありますので、現生人類はアフリカに起源をもつと考えられます。M168という変異は、出アフリカの変異、とよばれています。日本人の染色体の多くはグループC、D、Oに分類されます（本稿では、話を簡略にするため、「日本人」という言葉は、その先祖が充分古くから北海道を除く日本列島、琉球列島などに居住していた人を指すことにします。）それぞれの頻度は、およそ1割、4割、5割です。グループC、Oに属する染色体は東アジアの他の民族にもよくみられますが、グループDに属する染色体は、他のアジアに居住する民族にも若干みられるものの、高い頻度で見られるのはチベット人と日本人だけです。YAPという変異（ある繰り返し配列の挿入）をもつ染色体がアフリカ、チベットと日本以外にはほとんどみられないことは不思議で、その拡散の歴史はよくわかっていません。

日本人の起源・モンゴル帝国の遺物

遺伝情報の解析は、日本人の起源を推測する上でも有用です。埴原和郎は、1991年、頭骨の形態の解析から、日本人は、古くから日本列島に居住していた縄文人と、紀元前3世紀から7世紀ごろにかけてユーラシア大陸から移住してきた弥生人の混合である、という仮説を発表しました。これを二重構造仮説といいます。マイケル・ハマーと宝来聡は、1994年、グループDに属する染色体が東アジアのほかの民族にみられないこと、国内でも北方と南方で頻度が高い傾向があり、沖縄の住民では6割近くに達することから、縄文人はグループDに属する染色体をもっていた、と推測しました。縄文人の起源はよくわかっていませんが、縄文人がグ

グループDに属する染色体をもっていたとすれば、YAPという変異をもつ染色体の拡散の歴史と関係があることになります。

Y染色体のコンソーシアムの系統樹の作成に使われる変異は、変異率が低く、比較的最近の歴史を推測するには向きません。ゲノムにはマイクロサテライトとよばれる短い塩基配列が複数回繰り返した配列が多数あり、それらの繰り返し数は頻繁に変異します。そこで、マイクロサテライトによるヒトの歴史の推測も行われています。モンゴル民族は、13世紀のチンギス・ハーンが統治した時代にユーラシア大陸の広大な範囲をその領土としました。領土はその後縮小しましたが、現在のモンゴル国には20を超えるさまざまな民族が居住しています。最大の民族であるハルハ民族の染色体のおよそ5割は、グループCに分類されます。タチアナ・ザジャルらは、2003年、グループCに分類される染色体において、4箇所のマイクロサテライトの繰り返し数がある組み合わせをもつものの頻度が、1,000年ほどの間に急速に増加した、と推測しました。彼女らは、チンギス・ハーンの染色体がこの組み合わせをもっていたのではないかと推測しました。

最後に

歴史を実証することはできません。本稿で紹介したほとんどすべての推測について、現在でも議論が続いています。また、Y染色体の遺伝情報によるヒトの歴史の推測では、Y染色体の男系の先祖のみをたどっており、他の遺伝情報も同じ歴史をもっているわけではありません。