

現生人類の成立考

山口 延 男

Anthropological and molecular genetic study on the origin of the extant human beings

Nobuo YAMAGUCHI

SUMMARY

The origin of the extant modern man was studied on anthropological and molecular genetic evidences. The following conclusions were obtained.

Human developed into an unique genome originating from the simple genomic complexes in the life history. Many living things have thrived and become extinct in the different stage of earth history, especially related with the environmental changes and the molecular evolution of genes themselves. Many fossils of the human and possibly the related ape man have been discovered only in Africa. Human seems to be born in Africa. The gene diversities are also remarkable in Africa, which confirm the anthropological conclusion. After the birth, human groups left Africa and migrated to Eurasia, Asia and other areas of the earth. However, many human species died out, because of either cold weather or other difficulties in adaptation. Only the Neanderthals could survived untill relatively recently, though finally extinct due to the unknown reasons. Modern man, Homo Sapiens, evolved through Homo Heiderbergensis from Homo Ergaster, and moved out from Africa as the second wave of migration. Mitochondrial DNA and alleles on Y chromosome were found useful for investigating the history of the migration and composition of human populations. For the human evolution, the bipedal walking and the development of brain are thought as crucial. The molecular study of the human brain genes is now under the progression related with the evolution.

抄 録

現生人類の成り立ちについて、化石人類学の成果を検証し、分子遺伝学の知見と対比して考察を加えた。人類は、生命誌の上で、DNAより成るゲノムの存在として進化して存在してきた。生物界には、それぞれ全盛期と絶滅が繰り返され、その理由として地球上の環境変化や遺伝子それ自体の分子進化と

が関係していた。猿人や初期人類の化石はもっぱらアフリカで発見され、アフリカが人類誕生の地である。人類は誕生後主として中東をへてヨーロッパ、アジア、アメリカ大陸おそらくはオーストラリア大陸へ拡散した。

人類の地球上への移動・拡散には移動には第1次（原人・旧人の時代）および第2次（ホモ・サピエンスの時代）があった。現在地球上に生存しているのはホモ・サピエンス1種だけである。これらの現象を明らかにするのに分子遺伝学によるミトコンドリアDNA、およびY染色体の分析がとくに有用であった。人類への進化には直立2足歩行と脳神経系とくに脳の発達が重要であったと考えられる。脳進化と脳遺伝子研究の現況について紹介した。

はじめに

われわれ人間とは何か。地球上には現在60億余の人類が存在し、なお生物としての増殖は続いている。農業技術の開発、産業革命、原子力の解放、コンピューターの発明などがそのエネルギーを供給してきたことは確かである。宗教、芸術、文学などの精神文化も人類の生命の存続の結果として生み出されたものといえる。その反面、人類文明の発達それ自体が他の生物種の絶滅、食物連鎖や自然環境の改変、人間同士の争いや戦争など地球や人類自身の生存にも大きい影響を及ぼすようになった。人間の知能の発達が人類の繁栄を永遠に保証するとは限らない時代となった。

人類の誕生は地球上の物質あるいはエネルギーの存在形式として、偶然の連鎖によって生じた一連の事象の結果であるとの認識がある。ダーウィンの生物進化論は1858年以来人間の存在形式を問う大きな科学的または文明史的問題を提供した。人類出現の要因や進化の過程には、地球自体の変化、気象環境、他天体との関係などが大きな影響を与えてきたようである。地質学や古生物学、ことに化石人類学はこれまで人類のルーツを明らかにするのに大きい役割を果たしてきた。

一方、1930年以降分子生物学の発達は遺伝の担体としてのDNAの役割を明らかにし、生物に対する認識を大きく変えた。とくに、Watson & CrickによるDNAの2重鎖構造の発見は、現在の

遺伝子解析法の根幹となるとともに、生物をDNAの表現型であるとする考え方を定着させた。疾患の成立に関する遺伝子診断もこの線上にあり、精神機能と遺伝子との関係の研究にも手がつけられてきた。人類の誕生や進化をDNA解析に基づいて検索する分子人類学ないし遺伝人類学は、このようにして化石人類学と対立する形で急速に進展し、人類学の様相は大きく変わりつつある。殊に、キャンらのミトコンドリア・イヴ説（1987年）は人類学研究に大きな一石を投じた。さらにY染色体DNA解析は、地球上の人類拡散ルートや地域集団の成立過程を明らかにしつつある。また、従来人類間の差別の象徴であった皮膚色に関する問題もメラニン色素遺伝子群の変異と気候・風土や神経内分泌系との関係で説明が進められている。

本論文では現生人類の成立を化石人類学の成果を踏まえつつ、主としてDNA解析による分子（遺伝）人類学のこれまでの成果を検証する。人類の誕生と進化について包括的に解説するとともにその視点から人類の未来を問うてみたい。

I. 地球上の生物としての人類

1. 生物の進化と人類^{1) 2) 3)}

地球が誕生したのは約46億年前とされている。最古の生物化石は約38億年前の地層に見られたストマトライト（シアノバクテリア）である。シアノバクテリアは葉緑素を持ち光合成で太陽エネルギーを利用した。15億年前の地層から真核細胞

(核とミトコンドリアを有する)の化石が発見されている。ミトコンドリアは本来独立した生物であったが真核細胞生物が出来る過程で、貪食され、真核細胞のエネルギー産生器官となったものである。

真核細胞の核は古細菌など多くの原核細胞の遺伝子が融合したものとされている。10億年前には多細胞生物に進化し、遺伝子は急激に多様化する。これを受けて6億年前にカンブリア紀には多様な生物が爆発的に出現した事が生物化石として検証されている。その原因として地球環境の変化、例えば酸素濃度の上昇(現在とほぼ同じ20%程度)や、先カンブリア紀までは地球上の連続した一大陸であった陸地が分離し始め、大陸棚や浅瀬が出現した事などが上げられている。5億年前には最初の脊椎動物として魚類が出現する。脊椎骨の中を通る脊椎管には脊髄神経が通り、これは神経中枢の集中化と発達の原型となった。また脊椎動物はその先端に頭部を持ち、それ以下の体部を動かす点で人類の基本構造とも類似している。魚類から両生類、爬虫類の時代を経て、2億3千年前に哺乳類が出現する。これは爬虫類の恐竜の全盛時代に相当する。しかし6500万年前(中生代白亜紀の終)に突然、恐竜をはじめ地球上の生物数の70%以上、全生物種の86%が急速に絶滅したとされる。その原因として巨大隕石の落下による地球環境の激変が挙げられている。その後当初小型であった原始哺乳類が急速に多様化し、海、陸、空へ生息域を拡げる。熱帯雨林の樹上空間に生息するようになったのが霊長類である。最古の霊長類化石は6500万年前のもので北米大陸で発見されている。原猿から真猿に進化する過程で地殻移動があり、四大大陸(北南米、欧州およびアフリカ)が分離し、北米にいた真猿(旧世界ザル)

はアフリカ大陸に移動する。類人猿は真猿から3200万年前に進化したとされている。2000万年以降にはアジア、アフリカ、ヨーロッパ大陸に分布し全盛期を迎えるが、やがてその多くは絶滅する。この年代の地層には多様な類人猿の化石が残されている。類人猿のうち、アフリカ大陸にいたプロコンスルはさらに進化を遂げて、現存する類人猿と人類の共通の祖先となったものと考えられている。

2. 人類化石の発掘と進化の過程について^{2) 3) 4)}

1) 人類化石の発見と検証

人類は進化の段階で猿人、原人、旧人および新人に分類されている。これまでに発掘・発見された古代人類および進化上の祖先に関する報告を表1に、ヒト科生物の主な特徴を表2に示した。

表1 ヒト科生物と推定生息年代

推定生息年代	ヒト科生物種名	備考
700万年～500万年前	(ヒトとチンパンジー共通祖先 -分子生物学的推定-)	
620万年～580万年前	オロリン O. ツゲネンシス S. サフェラントロプス・チャデンシス	猿人
580万年～440万年前	アルディピテクス A. ラミダス・カダッパ A. ラミダス・ラミダス	
420万年～230万年前	アウストラロピテクス A. アナメンシス A. アフォレンシス(“ルーシー”) A. ガルヒ A. バーレルガザリー A. アファカヌス	
350万年～190万年前	ケニアントロプス K. プラチオプス K. ルドルフェンシス	
260万年～120万年前	パラントロプス P. エチオピクス P. ロプストス P. ボイセイ	
200(250～160万年前) 130万年前 170～120万年前 60万年前 30～3万年前 25万年前～	ホモ(ヒト) H. ハビリス H. エレクトス H. エルガステル H. アンテセッサ H. ハイデルベルゲンシス H. ネアンデルターレンシス H. サピエンス	原人 旧人 新人

表2 ヒト科の形態学的特徴

	運動	脳 (頭蓋腔容積)	犬歯の形状	臼歯の大きさ (対体格)	歯芽エナメル質 の性状
(チンパンジー)	四肢性歩行*	400~500	大, 鋭, V垂	小	薄い
アルディピテクス	?		小, タイヤメント型	小	中間型
オロリン	直立二足歩行		チンパンジー型 鋭, V型	小	厚い
アウストラロピテクス (A. アナメンシス)	〃		小, タイヤメント型	大	厚い
(A. アファレンシス)	〃	850	小, タイヤメント型	大	厚い
ホモ・ハビリス	〃	800	最小, タイヤメント型	大	厚い
ホモ・エレクトス	〃	955 (750~1225)	最小, タイヤメント型	小	厚い
ホモ・ネアンデルタールシス	〃	1400			
ホモ・サピエンス	〃	1300~1400			

* : Knuckle-Walking : 手指背面および手の甲(背面)を地につけてする四肢歩行のこと

臼歯の発達などが認められる。猿人との関係については明確ではないが華奢型アファール猿人から進化したとする説がある。ホモ・ハビリスは化石と共に、初歩的な石器(石器の剥片)が発見されている(オールドバイ文化)。次にトゥルカナ湖岸でホモ・エルガステル(ギリ

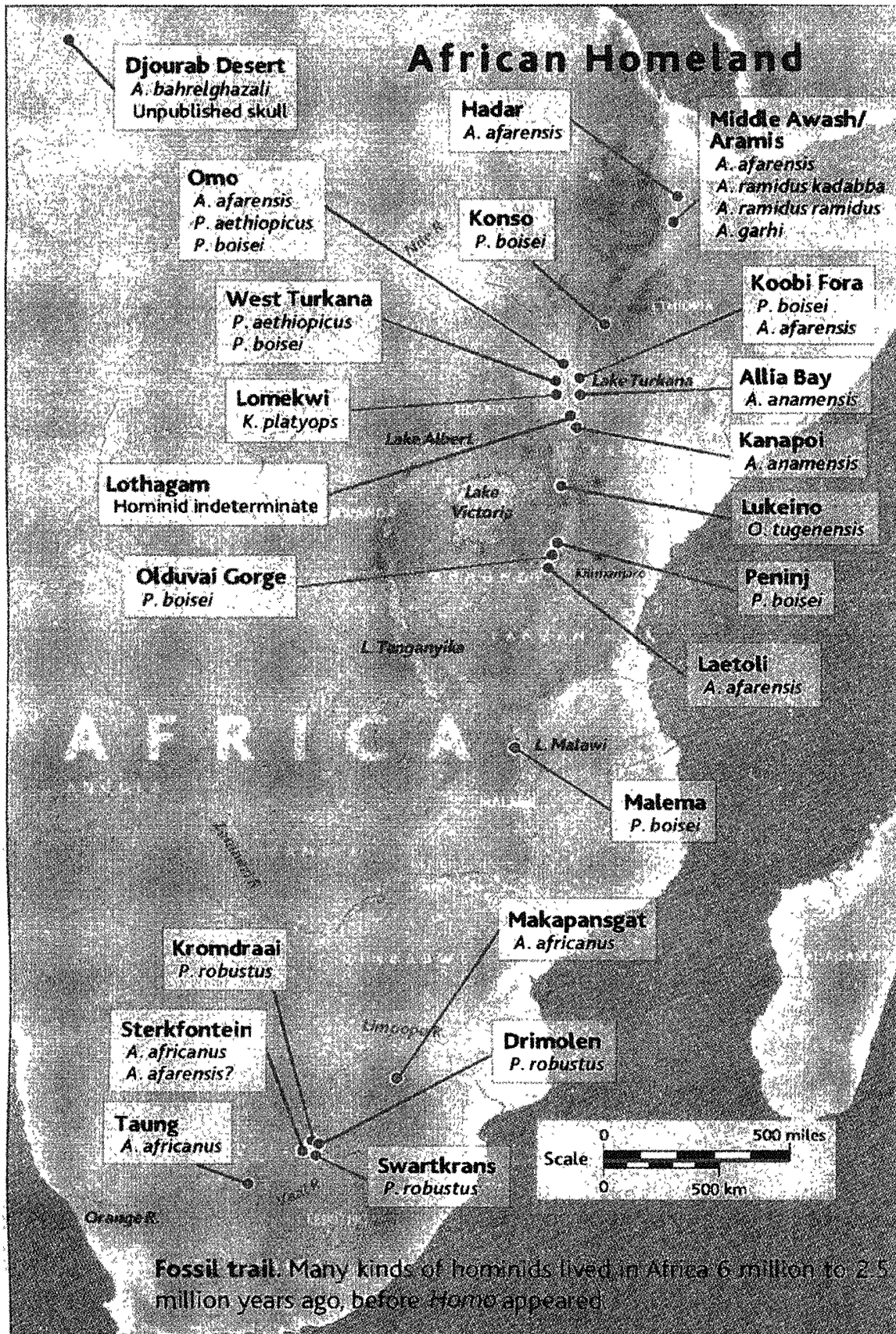
猿人には人類を特色づける直立2足歩行をしていた痕跡が化石骨格等で認められている。脳容積は小さく(400~500cc)、犬歯の縮小化などの特徴が指摘されている。頭はサル的で、足はヒト的な、中間的存在と考えられている。700万年前とされるサラントロプス・チャンデンシスは大地溝帯から西2500mの砂岩層から発見され、頭蓋容積は350cc(チンパンジーと同程度)で、犬歯は短く、頭部以外の化石が無いので2足歩行の確認は出来ないが、従来とは異なる種とされ、人類とチンパンジーの共通祖先に最も近い最古の人類とも言われている。猿人はヒト亜科のアウストラロピテクス属に分類され、ラミダス猿人、アナメンシス猿人、アフリカヌス猿人等がある。いずれも440万年前から250万年前にアフリカにいた。現在までアフリカ以外から猿人化石は発見されていない。370万年前以降の猿人化石は小型で、頭や歯が華奢な華奢型猿人(A型)と、大型で頑丈な頑丈型猿人(P型)に分けられている。進化上、ラミダス猿人から華奢型のアファール猿人、ガルヒ猿人と連なっていくと考えられている。そのほかの猿人は絶滅したものとされている。

最初の原人としてホモ・ハビリスが考えられている。1964年、タンザニアのオールドバイ溪谷の地層(180万年前)から発見された。脳(頭蓋容積)は680~800ccと増加し、犬歯は小さく、

シャ語で働くヒトの意)の化石が発見された。トゥルカナ・ボーイと呼ばれている。完全に近い骨格で回収されている。脳容積は880ccで、ほっそり型、左右幅のせまい骨盤、大腿骨頸部は長く、直立歩行性は安定していたようである。

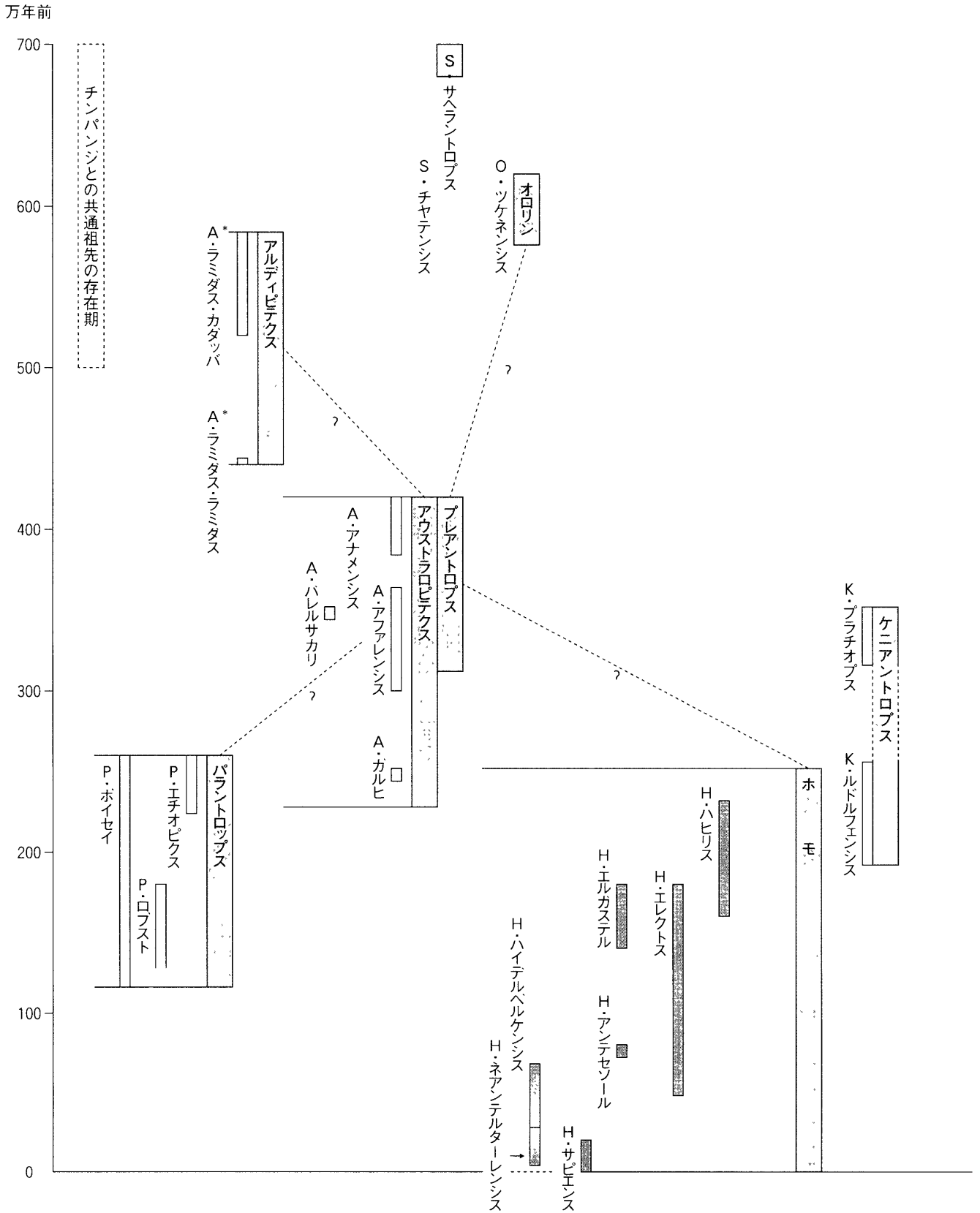
ケニアのトゥルカナ湖のクービ・フォーラには、ホモ・ハビリス以外に、ホモ・エルガステル、ホモ・ルドルフェンシスさらにパラントロプスの4種のホモ属が共存していたと考えられている。このうち、ホモ・エルガステルだけが生き残り、他は消滅したようだ。ホモ・エルガステルがホモ・サピエンスの遠い祖先となると考えられている。なおホモ・エレクトスは現在ではホモ・エルガステルと殆ど同じ原人と理解されている。ホモ・エレクトスの脳容積は750~1225cc(平均955cc)とされ、言語中枢の2つの領域の発達をうかがわせる骨内壁圧痕(Broca領域)が認められている。図1⁴⁾は東アフリカの各地で発掘されたヒト(ホミニド)科の化石の発見場所を、図2⁴⁾はヒト科生物の間の推定類縁関係を示したものである。アフリカ、とくに東アフリカではこのように多様なヒト科の化石が多数発見されていて、現在では人類はアフリカで誕生したものと考えられている。なお、アフリカ以外で発見される古い人骨化石や石器は、アフリカで発見された時代に比して遥かに新しいものであることが知られている。

図1 ヒト科生物化石(ホモ属の祖先種)の発掘・発見場所⁴⁾



(注) ホモ属が出現する200万年前より以前の祖先種の化石発見場所を示す

図2 ヒト科生物の生息年代と推定関係 (Baler⁴⁾ の図を改変)



(注) O., Orrorin, S., Sahelanthropus, A., *Ardipithecus, A., Australopithecus, P., Paranthropus, H., Homo, K., Kenyanthropus
H. サピエンス以外の生物は絶滅したとされる。H. サピエンスへの直線的な祖先関係はなお明確ではない

原人は180万年から20万年前まで生息していたと考えられている（したがって80万年程、猿人と重複していることになる）。この間に3つの氷河期とその間氷期があったとされる。オルドバイ遺跡では、180万年より20万年前での間にまず、オルドヴァイ石器文化、そしてその最終段階にアシュール型石器文化（握槌と握斧が主、肉を切ったり、皮をはいだりする石器を持つ）まで進化している。これらの文化は他の南および東アフリカの遺跡にも見られている。

2) 人類の出アフリカ（第1次）

人類は誕生後速やかにアフリカの各地に拡散し、ついでアフリカから移動し始めたらしい。人類の第一次出アフリカの時期は約150万年前と推定されている。

ホモ・エルガステルの一団は、アフリカ大陸からユーラシア大陸へ進出をして行ったものと考えられている。イスラエルのウベイデア（ヨルダン河畔）140万年前、グルジャ東部のドマニシでは150万年前の遺跡が発見されている。ウベイデアではオルドバイ型礫石器、アシュール石器の握斧が出土している。イスラエルはユーラシア大陸への拡散の途中路にあたる。なお、ジャワのサンギラン地区には180万年前の遺跡が発見されている。

ヨーロッパ原人については、イタリア、ローマ近郊のチェプラーノで顔面を欠いた人類の頭蓋骨が見つかった。眼窩上隆起、低い頭蓋底、厚い骨壁、後頭部の角張りから後期アジアのホモ・エレクトス様の化石が見つかった。70万年以前のものと考えられている。またスペイン北部のアタブエルカ山中のグラン・ドリナ洞窟では石器とともに、約6体分の個体の化石（骨盤骨、下顎骨、歯、四肢骨の一部）が発見され、78万年前のものとして推定されている。これらの骨顔面は比較的平坦でかなり現代的な特徴がある反面、原始的特徴も認められた。また1976年にはエチオピア、ミドル・アワシユ地方のボ

ドで60万年前の男女2体の化石が発見された。とくに男性の顔面には分厚い眼窩上隆起があり、骨壁も厚く、ホモ・エレクトス様であるが、前頭骨の形、下顎窩は現代的で古代的特徴と入り交っていた。類似の特徴を持つ化石は、すでに1906年ドイツのハイデルベルグのマウエル採砂坑でも発見されていて、上記ボドの化石はホモ・ハイデルベルゲンシスの始元型と考えられている。同様な化石はフランス、ギリシア、ドイツでも発見され、30～40万年前の化石とされている。これらの事から、ホモ・ハイデルベルゲンシスはアフリカでホモ・エルガステルから進化した、さらに、ヨーロッパへ拡散したものと考えられている。ホモ・エルガステルからホモ・ハイデルベルゲンシスに至るまで恐らくは数次に亘って、人類は出アフリカを進めるが、氷河期に際会するごとに絶滅し、最後に寒冷に適合して生き残ったのがホモ・ネアンデルターレンシス（ネアンデルタール人）と考えられている。

ネアンデルタール人の分布域はヨーロッパと中東、中央アジア西部に限られている。東アジアには確認されていない。ときに旧人と呼ばれることがある。身体的な特徴として頭蓋は前後に長く、平低で、後頭部に鬚状突起がある。アーチ状の眼窩上隆起が著明で、鼻は大きい、頬骨は突出し、犬歯窩はない、顔面は突出し、頤はほとんどない。脳容積は現代人より大きい（1350～1500cc）。体形はずんぐりして、胸郭はビヤ樽型、骨太で、身長は160cm、体重は80kg程度で筋肉隆々形と想像されている。何度かヨーロッパで氷期と間氷期が繰り返されるうちに、体形が寒冷適応形になったものと言われている。

ホモ・ハイデルゲルゲンシスからホモ・ネアンデルターレンシス（ネアンデルタール人）と現世人類であるホモ・サピエンスが分岐したと考えられている。古代型ホモ・サピエンスは脳容積の増加（1300～1400cc）、頭蓋骨の厚さの

減少、眼窩上隆起の縮小などの特徴をもっている。

Ⅱ. 現生人類の分子遺伝学的分析

1. 生物としての人類

一分子生物学的解析の対象として—
 体の物質的構成と遺伝子：1930年以降生物を物理化学的存在として認識し、生命現象を物質を基礎として理解しようとする分子生物学が急速に進歩した。1953年にワトソン&クリックによって遺伝子がDNAの2重鎖構造を持ったことが明らかにされ、生物学ついで医学は新しい展開を見せてきた。遺伝子はDNA塩基配列（数千ないし数メガ塩基対）によって構成されており、遺伝形質を発現し、生物としての形態と機能を子孫に伝える。人類も地球上の生物であるから生物に共通した物質を共有する。前項で概観した太古以来の生物種はすべて同じ共通性の上に多様な形態を表現してきたものと考えられている。したがって基本的な生体構成物質は炭素(C)、水素(H)、酸素(O)、リン(P)、および窒素(N)の5元素である。DNAはデオキシリボ核酸のことであり、4種類の塩基すなわち、アデニン(A)、グアニン(G)、シトシン(C)、チミン(T)より成る。DNAはRNA（リボ核酸）と相補性があり、自分の情報をRNAに転写する。RNAはDNAと同様に4塩基から構成されているが、ただDNAのチミン(T)がウラシル(U)に変るだけで他の塩基はDNAと同じである。DNA、およびRNAもすべてさきの5主要元素が特定の立体構造をしたものである。3種類の塩基の配列順序によってアミノ酸の種類が決定され、それらのアミノ酸の組み合わせによって蛋白質が形成され、さらに生物の形態や機能が決定されることになる。遺伝子暗号はDNA塩基配列によって書かれているが、通常いくつかの小部分に寸断されて全体の膨大な塩基配列の中に埋め込まれていて、必要時に寄せ集められて固有の遺伝子に組み立てられる。寸断された小部分をエクソン

と言い、それ以外のDNA塩基配列部分をイントロンという。エクソンとイントロンを合わせた全体のDNA塩基配列が生物固有のゲノムであり、これが生物の設計図そのものと云える。

ヒトは60兆個の細胞よりなり、1個の細胞の核には60(30×2)億塩基対のDNAよりなるゲノムが含まれている。1部のDNAはミトコンドリアにも含まれている。ミトコンドリアはIで述べたように太古に貪食された古生物に由来し、人体細胞の1部分として一体化した細胞内小器官である。1細胞に100~2000個含まれ、1個のミトコンドリア中に固有のDNA配列（ミトコンドリアDNA、mitDNA）が5~6コピー含まれるから、1つの細胞中には少なくとも1000コピー以上含まれていることになる。なお核のDNAは細胞分裂する場合にはヒトの場合22対（計44本）の常染色体と2本の性染色体（男性ではXおよびY染色体；女性では2本のX染色体）の合計46本の染色体になって、それぞれ倍数になったのち2個の細胞となる。卵細胞および精子ではそれぞれ半数（23本）の染色体数となる（なお染色体数は動物種で異なる）。卵細胞には常染色体の半数およびX染色体が含まれるが、精子には常染色体数の半数およびXまたはYのいずれかの染色体が含まれる。受精して正規の46本の染色体数となる。個体の性はしたがってXまたはY染色体を持った精子のいずれと受精するかによって決定される。分裂期以外の細胞中では染色体は明瞭でなく、全体としてDNAの塊として存在する。遺伝子は分裂期には常に特定の染色体上に位置するが、それ以外は核DNA全体の中に埋め込まれている。なお受精の際、精子の頭部に含まれる染色体部分だけが卵子内の核と融合し、尾部とともに精子ミトコンドリアは捨て去られるので、受精後には卵細胞のミトコンドリアだけが新個体の形成に利用される。このような事実から人類の分子生物学的解析の手法として次のような方法が応用された。

①分子進化時計の概念：DNAの塩基配列の変異

(置換数)の差で生物間の遺伝距離と進化に要した経過時間(分子進化速度)を概測する方法である。

②ミトコンドリアDNAの解析:ミトコンドリアは全生物を通じて母系だけに遺伝される。したがって母系をたどって生物のルーツを探索できる。更に、ミトコンドリアDNAは核よりDNAのコピー数が遙かに多いから、化石からのDNA解析にも使用できる。またヒトのミトコンドリアDNAの塩基数は16,569個で、その配列順位(番号)はアンダーソン配列⁵⁾として明らかにされている。かつ、House keeping gene(機能的遺伝子)でないDNA配列部位(不変部位Dグループ領域:約500塩基対)が明らかになっている。この部位には自然に起った突然変異がそのまま蓄積される(もし起こったとしても生物は死なない)からこの部位のDNA配列の変異数から経過年数を測定することが出来る。ミトコンドリアDNAの塩基配列の置換速度は核DNAの場合よりも5~10倍位速く、より精密に進化年数を測定出来ることになる。

③Y染色体の解析の戦略。Y染色体は男性だけにある染色体で父から息子にだけ伝達される。相同染色体がないから細胞分裂で遺伝子交換をしない。Y染色体はその殆どがDNA塩基配列の組換えが起こらない非組み換え部分からなる⁶⁾、塩基配列の高度な反復構造を多く持っているなど独特の構造をしている。したがってY染色体の非組み換え部分上のマーカーの解析によって父系の遺伝子流入や男性の性行動を介する集団の移動などを追跡できる利点がある。

④核DNA解析の戦略。核DNAは減数分裂(生殖細胞産生)の際、染色体として再編成されたのち半数(半量)ずつに分裂し、相同染色体として他性の生殖細胞と合体し再び同量のDNAを持つ第2世代の個体をつくる。したがって親の染色体は次代では1/2に希釈され、n代後には $(1/2)^n$ になるから、ある染色体上の特定の

DNA配列あるいは特定の遺伝子の祖先(起源)を特定することは非常にむづかしい。現在のところ常染色体上のDNA配列から生物としての祖先(または系列)を特定することは殆ど不可能とされている。

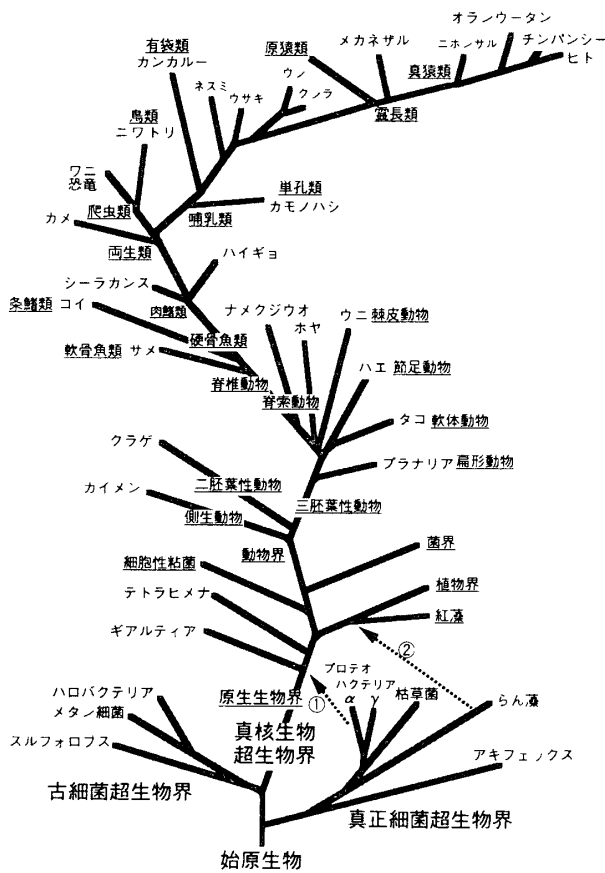
2. 分子時計ないし分子進化時計の概念と人類の位置づけ

1) 分子時計と生物進化の測定^{2) 7)}:1962年エミール・ズツカーカンドルとライナス・ポーリング⁸⁾は魚類から霊長類にいたる動物のヘモグロビンのアミノ酸(DNAの塩基対に対応している)の置換数と化石から得られた生物の生息年代との間に直線関係が成立することを発見した。これはDNA(アミノ酸)の置換が物理的に一定時間毎に起こっている事を示すと考え「分子時計」または「分子進化時計」と呼んだ。これは分子での進化速度が一定速度で進行していることを示す。DNA配列が違う分だけ、独立した突然変異が蓄積したことになるから、DNAの配列差は生物間の遺伝距離を示すとも考えられる。またDNA塩基配列数の置換数で生物として分岐した年代を推定できることになる。

2) 生物分子系統樹と人類の位置:1961年、ウォルター・フィッチ²⁾およびエーヌエル・マリッシュ^{9) 10) 2)}は呼吸酵素であるチトクロームCについて、酵母(原核動物)からヒトに至る多数の動物のDNA配列を解析し、始原生物から動植物を含む生物進化の分子系統樹²⁾(図3)を作成した。この中で人類が進化の頂点に立つことを確認すると共に、多細胞動物のミトコンドリアは、核DNA進化とは別系統で、原始生物の時代に α -プロテオバクテリア(真性細菌)が貪食され、原核細胞の1部に帰化し、一体化したことを明らかにしている。

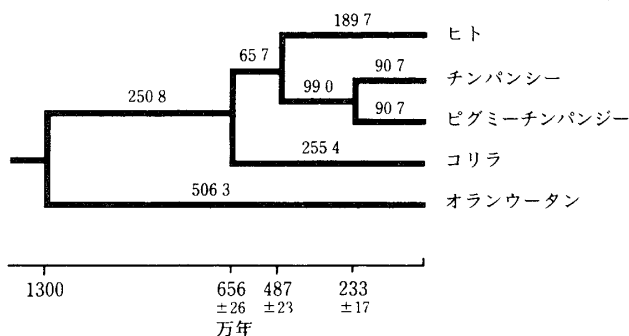
3) 人類と類人猿との分岐年代の推定について宝来ら¹¹⁾は1995年に類人猿4種(チンパン

図3 生物進化と分子系統図(宮田²⁾による)



ジー、ボノボービクミーチンパンジー、ゴリラおよびオランウータン)のミトコンドリアDNAの全塩基配列を解読した。ヒトミトコンドリアDNAの塩基配列はすでに1981年アンダーソンによって発表されている。そこでヒトおよび類人猿4種の全塩基配列とを比較して、DNA塩基の置換数をコンピューターで計算し、それに基づいてこれら5種の生物間の遺伝距離を求めて、分子系統図¹¹⁾を作成した(図4)¹¹⁾。更に最古のオランウータン

図4 ヒトと類人猿の分岐年代と類縁関係(宝来¹¹⁾による)

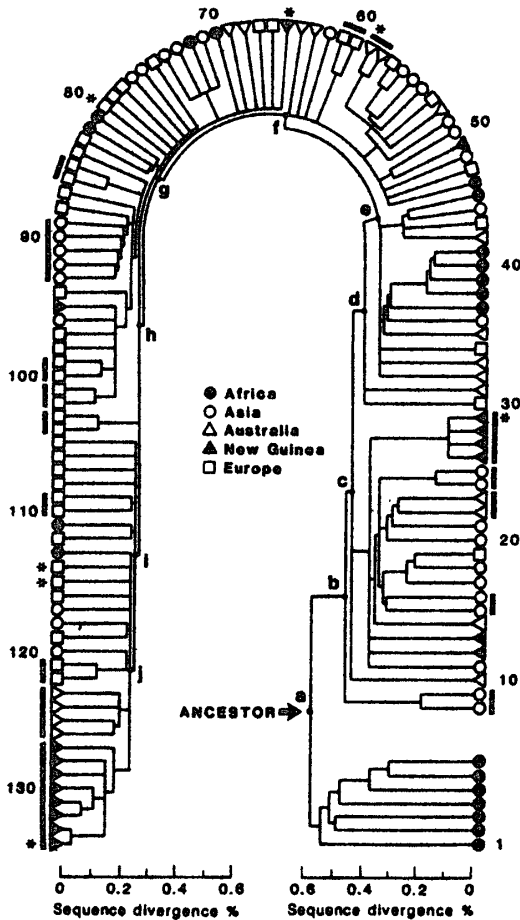


(注) 数字は分岐点までのミトコンドリア・Dループ・DNA塩基の置換数を示す

の祖先であるラマピテクスの化石の生息年代が地質学的に1300万年前と認定されている事を基準にして、それぞれの分岐年数を計算した。これによると、ヒトとチンパンジーは類縁関係が最も近く、その分岐年代は(487±23)万年前、ヒトとゴリラは(656±23)万年前、オランウータンとの分岐年代は当然1300万年前ということになった。前掲の図2中に人類の出現年代を500~700万年前と記入したのは、分子生物学的に類人猿との分岐年代の概略値を示したものである。

3. 現代人のミトコンドリアDNAの解析について
レベッカキヤン、マーク・ストーンキングおよびアラン・ウィルソンの報告¹²⁾を引用する。彼等は人類進化の問題について現代人の遺伝子プールの解析を行った。145人の胎盤からミトコンドリアDNAを分離し、制限酵素を用いたマッピング法を用いてそのDループ領域の塩基配列の多型部位を検索し、クラスター分析を行った。世界の5地域出身のアフリカ人20人、アジア人34人、コーカシアン46人およびニューギニアのアボリジニ人26人を対象とした。その成績を図5¹²⁾に引用した。それぞれの集団の遺伝子は類縁配列133のクラスターにまとめられるが、①それぞれのクラスターは分岐点(a~j)でそれぞれ一致し、同じ母系祖先を共有すること、②更に全体としてすべての群がaすなわちアフリカ人から分岐している事を示している。すなわち検索された凡ての人種はアフリカ人の母性から分岐していることになる。分岐の年代、すなわち共通祖先の生存年代は14~29万年前と計算されている。それぞれの群がアフリカを出て各地に移動し始めた時期は9万年から18万年前と計算された。また、アフリカ人のミトコンドリアDNAの変異係数は0.47%で他の群より高く、遺伝子の多様性に富んでおり、現生人の種すなわちホモ・サピエンスがアフリカに起源することを示唆すると結論した。またホモ・サピエンスがアフリカを離脱した年代を9万年から18万年

図5 世界の5地域集団のDNA解析による馬蹄型分子系統図¹²⁾



(注) 胎盤より分離したミトコンドリアDNA・Dループ・DNA塩基配列の解析で作成されている

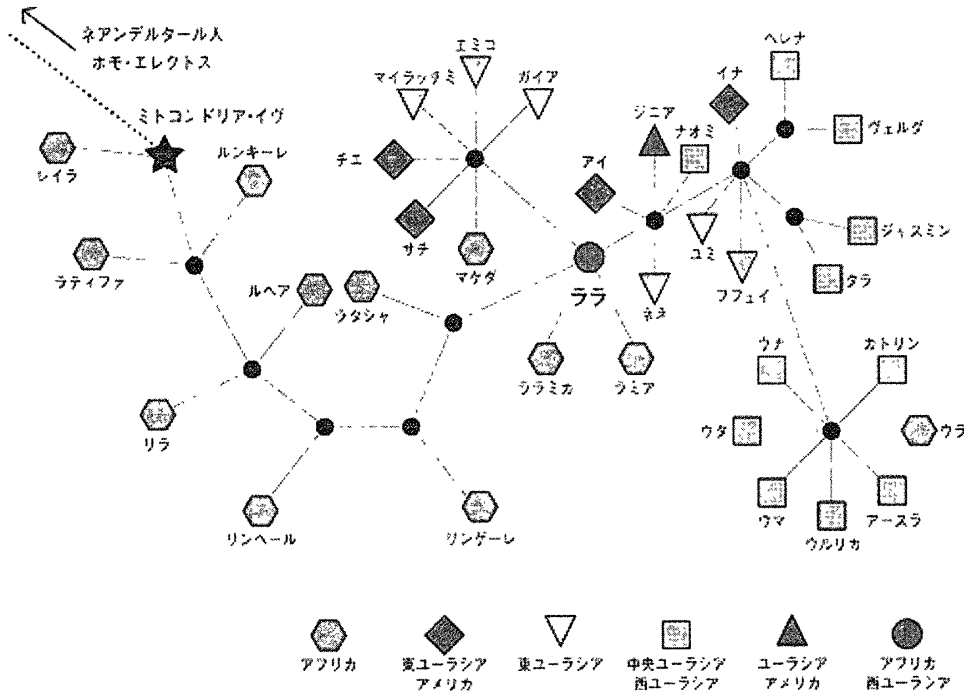
前と推定している。

また、ヴィンセント・マッコレーら¹³⁾は、ヨーロッパ人、イスラエル人の血球から分離したミトコンドリアDNAの分析を行い、クラスター分析を用いてヨーロッパ人の系統発生について居住地と関係のある6つのクラスター分類している。そして、北アフリカ土着のクラスターが約5万年前に中近東を通過してヨーロッパに移動したことを遺伝子レベルで証明している。またアントニオ・トロットーニら¹⁴⁾は、中央ヨーロッパからシベリアに至る9地域の419人のミトコンドリアDNAを分析して同様な研究を行い、主な古石器時代の人口増加は最後の氷河期後にあたる1万年から1万5000年に、南西ヨーロッパの大西洋岸すなわちイベリア半島および南フランスから起こったことを示している。同様に、2万5千年から3万年に中

東に起源を持つグループが西ヨーロッパの最大の集団(40~60%)に拡張したことを示している。南西ヨーロッパの集団はその後、中央および北ヨーロッパに移動したという。このことはY染色体のタイプ15が同様な分布で見られることでも裏付けられている。

サイクスら^{15) 16)}によると、世界の各地域のミトコンドリアDNAのクラスターは合計33発見されているが、うち13はアフリカで発見されている。アフリカではそれぞれのクラスターはそれぞれ独立して長年の突然変異が蓄積されていて、遺伝子の多様性は地球上の多地域に比べて大きく、この中から人類の遺伝子が出た可能性が強いとしている。地球上の凡てのミトコンドリアDNAのクラスターについてその変異の分岐点を求めて集約して行くと、最終的にアフリカの1クラスターにたどり着くというが、これがミトコンドリア・イブの概念¹⁶⁾である。サイクスは世界で発見された33の母系集団に居住地や民族と関係の深い女性名をつけて、それらの相互関係と、それらが最終的にアフリカの一集団に集約されている様子を示している。図6は彼がインターネット上で開示している図¹⁷⁾を引用したものである。サイクスらはその研究をさらに深化させるために頬粘膜細胞擦過試料の郵送による個人のDNA解析(有料)を請け負うことを世界中に呼びかけている(インターネット・サイト-Oxford Ancestor¹⁷⁾)。とくにヨーロッパにおける7つの母系集団についてはそれらの分岐年代、現代における地域分布、構成比率(全体に対する)などを生活進化と関係づけてその著書¹⁶⁾「イブと7人の娘たち」に興味深く記載している。第1の集団はアースラ(Ursula)で、4万5千年前、ギリシャで誕生。ヨーロッパへの最初の移住者となる。一族は全ヨーロッパへひろがり、ネアンデルタール人を絶滅へと追い込む。現代ヨーロッパ人の約11%を占める。ヨーロッパ各地、とくにイギリス、スカンジナビアに住む。第2の集団はジニア(Xenia)で、2万5千年前、

図6 世界の母系集団と相互関係(サイクスによる^{16) 17)}



グルジア辺りで誕生。一族は凍原のなか食料をもとめ移動生活をする。一部はアジア、アメリカへの最初の移住者となる。東へ進出し、中央アジア、シベリアを経て日本、アメリカ大陸へ。他の一部は東ヨーロッパへ移動する。現代ヨーロッパ人の約6%を占める。東ヨーロッパ、中央ヨーロッパ、フランス、イギリスに多い。第3の集団はヘレナ(Helena)で、2万年前の最終氷河期、地中海沿岸に誕生。ローヌ川沿いの溪谷に住み、ライオン、ハイエナ、熊、などを狩る。浅瀬では貝をとる。狩り道具を洗練させ、現代ヨーロッパ人の約47%を占める。ヨーロッパの各地に分布する。第4の集団はヴェルダ(Velda)で、1万7千年前、北スペインで誕生。キャンプ地に暮らし、男は狩猟(野牛、ヒョウなど)のため旅に出る。果実や木の実も保存する。芸術的センスに恵まれ、野牛の群の画を洞窟に残す。現代ヨーロッパ人の約5%を占める。東西ヨーロッパに分布するがフィンランド、北ノルウェーにも住む。第5の集団はタラ(Tara)で、1万7千年前、トスカナ地方で誕生。気温は高くなっていて森で野豚、鹿などの小動物を狩り、木の実を集める。カサガイなど

も獲る。漁を始める。貝飾り、貝笛、骨笛を作る。現代ヨーロッパ人の9%を占める。地中海沿岸、ヨーロッパ西部から英国西部、アイルランドに住む。第6の集団はカトリン(Katrine)で、1万5千年前、最終氷河期の終わりに、ヴェネチアからアルプスに広がる平原で誕生。山羊、シャモアをかり、森で木の実を集める。現代ヨーロッパ人の約6%

を占める。地中海沿岸、ヨーロッパ中に住む。第7の集団はジャスミン(Jasmin)で、1万年前、氷河期の終わり頃、ユーフラテス川近くで誕生。野生の種(小麦、レンズマメなど)を栽培、農耕生活を始め、家畜(羊、牛)も作る。定住生活をする。現代ヨーロッパ人の約17%を占める。地中海沿岸、スペイン、ポルトガル、をへて、イギリス西部、ウエルズ、スコットランド、さらに中央ヨーロッパを抜けて、北ヨーロッパにまで分布する。

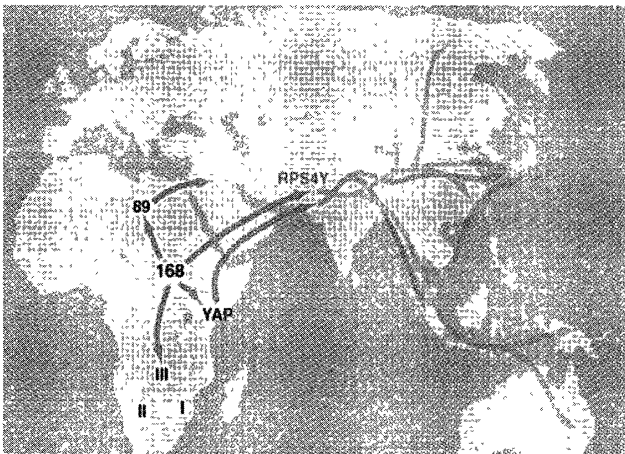
サイクスは日本人の母系についても日本人にふさわしいような(いささか古風ではあるが)女性名を持つ9つの母系集団すなわち、エミコ、ユミ、ネネ、チエ、アイ、サチ、フフェ、ガイヤ、およびイナを挙げている。これらの集団は図6に見るようにやがてヨーロッパ集団と合流してアフリカ集団(ララ)に連結していることに注目されたい。

4. Y染色体の分析による人類の移動について

Y染色体の解析の成績^{18) 19)}もミトコンドリアDNAによる解析とほぼ同様な結論をしめしている。とくにPeter Underhillらはアフリカ、ヨーロッパ、アジア、オーストラリア、およびアメリカの21集団の1062人の男性のY染色を解析した。その

結果、Y染色体の最大の多様性はアフリカ男性にあることを明らかにした。更に他地区のすべての男性は、先祖のアフリカ男性のY染色体上に、3万5千年前から8万9000年前に生じたM168変異をもっていることから、その子孫で3つの変異が蓄積されて、他のアジア地域（中国、南東アジアおよびシベリアに拡散したと考えている。図7¹⁸⁾は同論文から引用した人類の移動図である。Hammerは、サハラ近郊がすべてのY染色体の多様性の根源で、その後アジアで変異を蓄積したものが現生人類の遺伝子プールであると述べている。Svant Paaboも世界の53集団（民族）のミトコンドリアDNAのゲノムを分析して、それらすべてがアフリカ起源に集約されることを報告している。

図7 人類の移動・拡散図(Y染色体上の変更の追跡による)¹⁸⁾

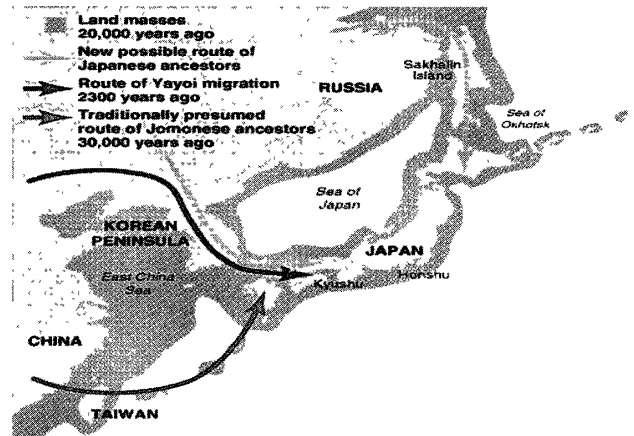


5. 日本人のルーツの分子遺伝学的分析

Hammerら²⁰⁾、Shinkaら²¹⁾、Kimら²¹⁾はY染色体の非組み換え部位の変異遺伝子の動向について分析して興味ある知見を報告している。KimらはY染色の2つの座位の変異にアジア人間で差がある。YAP型は、北東アジア人（日本人、韓国人、モンゴル人、本土中国人）に検出され、しかも日本人では27.5%とずばぬけて多い。他のI-2b部位は、南東アジア（インドネシア人、韓国人、ベトナム人）にはみられない。一方I-2b型は南東アジア人（日本人、インドネシア人、韓国人、ベトナム人、タイ人）でみられ、これも日本人は17.1%で1番多い。Hammer²⁰⁾はYAP及びその

変異型は、日本人、チベット人、及びアフリカのサハラ近郊で検出される。HammerはYAP型は中央アジアで5万年前に生まれ、人口増加と共に東西方向に拡散して行き、東では辺境のチベット、日本、そして一部アフリカに逆流入したものと考えた。その他の地区では他の変異型の流入と混交し、消失したとした。縄文人の先祖は約3万年前に当時大陸と陸地つづきであった日本に及んだが約1万2千年前に気象変化により、海水位が上がり日本に取り残されたと考えている（図8）²⁰⁾。一方1J（KimのII-2b型に当る）型は弥生人のマーカと考えられ南東アジアで発生し北東に運ばれてきたものとしている。この事は南アジアで8000年前に稲田農耕のおこったことと矛盾していないと考えている。

図8 日本への人類の3つの流入経路²⁰⁾



Kimら²²⁾は朝鮮人の場合、従来は中央アジアのアルタイ山脈に住んでいたモンゴル人種のツンクス族に由来すると考えられていたが、分子生物学的検索の結果では、朝鮮人は北東アジア集団と、東南アジアから年代をおいて2波に分かれて流入した集団とから成ることを明らかにした。また韓国人と日本人とは遺伝的に他のアジア諸国の集団よりより密接な関係がある事も示している。彼らは弥生人のマーカと考えられる（I-2b）型は比較的近い過去に中央または南支那から朝鮮に、ついで弥生時代の日本に導入されたものと考えている。HammerらはY染色体の1J（KimのI-

2 b) 型は北九州でもっとも頻度が高く北九州からの距離の増加と共に減少するという。反対にYAP型は北九州からの距離と共に増加するという事も日本人の混血説を支持するものとしている。弥生時代以降にも、アジア大陸から日本人へは大量の移民の起こった事は確かなようである。宝来¹⁾は、弥生時代以降に中国や韓国からの渡来人によってもたらされたミトコンドリアDNAの割合を65%と計算している。縄文人系と渡来系の遺伝子は約1:2の割合で混合されている事になる。また宝来によると同じ縄文系とされるアイヌ人と沖縄人のミトコンドリアDNAの塩基配列置換数を検討して、少なくとも両者は1万2千年間はお互いに北と南の両端に分離していた事を示している。また弥生時代の移民が起こりはじめた頃には日本本土にはもはや縄文人が単一の大きな集団として存在してはいなかったことも考えられるし、米作農耕の流入とともに急速に混血が進んだ可能性もある。

6. 皮膚色と色素系遺伝子との関係

人類の色素系の遺伝子研究は1998年以降多くの論文が発表されるようになった²³⁾。それらによるとメラニン細胞は神経系の発達と共に全身に拡がり分布する。脳下垂体ホルモン (α -MSH、又はACTH) が、メラニン色素細胞のMC1R-Protein 結合リセプター (MC1R: melanocortin-1 receptor) を刺激してメラニン産生またはメラニンの型変換に働くものと考えられている。MC1R遺伝子が人類の皮膚、毛髪、虹彩(瞳)などの色調に関係することが知られている。MC1Rには30個の対立遺伝子があり、その多様性が表現型として種々の部位の色素系の色調決定に関係すると考えられている。対立遺伝子の自然による選択が気象環境の変化または環境への適応として地域固有の人種の皮膚色調として固定したとされている。すなわち、アフリカ人や赤道直下のアジア人ではMC1Rの多様性が少なく、北ヨーロッパ人では多様性が高いことが見出されている。多様性の少ない群では皮

膚色素の維持が強制に作用していて常時黒色となり、多様性の多い群では褐色から白色まで種々の程度の色調となる。太陽光による日焼けの適応能力の差も生ずる。

また一方では皮膚色は人類を識別する典型的な形質として認識され、人類社会では文化、経済、生活習慣、言語、教育、宗教などの相違と異質性が極端に意識され人種差別の典型的なものとなった。コーカソイド(白人種)、モンゴロイド(黄色人種)、ネグロイド(黒人種)、オーストラロイド(アボリジニー:オーストラリア原住民)などはその名残で、歴史や文学に多くの悲劇を残し、それらのきず跡を現代社会にまで引きずっている。

現在人類の色素系遺伝子の分析は黒色種、皮膚ガンや日焼けと並んで、人類進化の遺伝子的背景の面からも研究され、ヒト・ゲノム解析後の重要な研究テーマの1つと見なされている。

Ⅲ. 現世人類の成立とその成立要因の考察

1. 人類の誕生と系統について

人類は500~700万年前に類人猿の系統から分岐したとされる。初期の人類である猿人の化石はアフリカことに東アフリカに発見され、ここが人類発祥の地と考えられているが、確実に初期人類の化石と断定されたものはまだ発見されていずMissing linkと言われている。最近まで最古の猿人はエチオピアのケニヤで発見された440万年前のラミダス猿人とされてきたが、本年7月11日発行のネイチャー誌²⁴⁾にアフリカ中部のチャド共和国のトロスメララ地域で2年前にサハラ砂漠の砂岩層中で発見された猿人の頭蓋骨が700万年前のものと認定されサヘラントロプス・チヤデンシスと命名されたことを報じている。

直立2足歩行する猿人から進化し明らかに人類としての特色を持ち、初期の人類として認められているのは、ホモ・ハビリス、ホモ・エルガステルおよびホモ・エレクトスである。ホモ・エルガステルはヨーロッパで、またホモ・エレクトスは

アジアで60万年前の北京原人および100万年前のジャワ原人に進化したとされている。

ホモ・ハビリスはアフリカでホモ・ハイデルベルゲンシスを経てホモ・ネアンデルターレンシス（ネアンデルタール人）の先祖に進化したと考えられ、これらは旧人とも呼ばれている。従来世界の各地域の人類はそれらの子孫であると考えられてきた。これが多地域同時並行進化説である。

1987年レベッカ・キャンらは世界各地由来の現代人のミトコンドリアDNAの塩基配列を解析した結果、人類のルーツはアフリカにあり、単一の人類が世界各地に拡散拡大したものである事を明かし人類学会に一大衝撃を与えた。現在の世界の人類はすべては共通の単一種、祖先に発して10万年余の間に数を増し、それぞれの地域で独立に適応、多様化したものであることを意味する。これが人類単一アフリカ起源説である。このことはその後のミトコンドリアDNA分析の追試やY染色体分析等によって動かぬ事実となった。現在では人類としてはホモ・サピエンス一種類だけが地球上に生息していることになる。

2. ネアンデルタール人とホモ・サピエンスの比較^{3) 25)}

ネアンデルタール人やクローマニヨン人はダーウィンの種の起源が出版され、人類祖先への関心が高まった時に相次いで発見されている。ドイツネアンデルタール渓谷の採石場でネアンデルタール人の化石は発掘された。その2年後にフランスのクローマニヨン渓谷でクローマニヨン人が発見されている。ネアンデルタール人の最古の化石はアフリカで発見され、更に北ヨーロッパから中東および西アジアと比較的広い地域で発見されている。全体としての容貌に特色があり、眉上骨隆、後頭突出、顔が出てないなどの他に鼻は巨大、胸郭はピヤ樽型で、大型の人間であったとされる。進化度の低いムスチエ石器文化を持っていた。鼻が大きいこと、胸郭が大きい事などは空気を暖めるのに適し、全体として寒冷適応型で、氷河時代

の間氷期に獣を追って北上し、氷河期に中東まで南下する生活を反覆していたと考えられている。また集団は40人位で家族生活はしていなかったのではないかと推測されている。しかし生活、ことにシャニダール洞窟の遺跡では死者に対して花を供えるなどの宗教的行動の跡が見られ、宗教観のようなものはあったのではないかとする意見もある。

一方、クローマニヨン洞窟や東スペインの洞窟に残るクローマニヨン人の遺体は数万年～10数万年前的のものと考えられ、頭蓋骨や骨格の形状、膝骨／大腿骨（長さの比）は現代人と同じく、ホモ・サピエンスの特色を備えていた。彼等の生息していた洞窟には精緻な壁画も数多く残されており、芸術的センスや技術的才能が高かった事が推測されている。しかし、両者は居住地を住み分けていたふしがあり、また同地域に生活していた場合でも、両者の間には集団としての交流や闘争は殆どなかったと推測されている。ただ一カ所中東のカフゼー洞窟にはネアンデルタール人の化石にオーリニヤック文化の石器が検出されているが、これは例外的な現象としてホモ・サピエンスからより精巧な石器を作る事をネアンデルタール人が学習した跡とされたがしかし、結局は十分に学習し得無かったものと考えられている。

ネアンデルタール人は約3万5千年前には全く絶滅する。しかし、その終わりの約3万年間はホモ・サピエンスと地球上で共存していたと考えられている。その後はホモ・サピエンスだけが残り繁殖する事となる。ネアンデルタール人の絶滅の理由は不明であるが、1) 寒冷に体型的に適応しすぎて反って次に対する適応力がなくなった、2) 集団同志が孤立し、集団間の交流がなく、遺伝子の交換がなく多様性が失われていき、生殖能力が自然に低下したなどが考えられている。なおホモ・サピエンスとの間に混血あるいは混交がなかったかの点については、1) 中間の形態を示す化石がない、2) 現在人の遺伝子プールを見た場

合、ミトコンドリアDNAの塩基配列にネアンデルタール人の子孫と見られるような、少なくとも25以上のDNA塩基配列の差のある集団が発見されない、3) Y染色体の変異型もホモ・サピエンス内の変異しか発見されない事から、ネアンデルタール人の痕跡は我々ホモ・サピエンスの中には残っていないと考えてよいようだ²⁶⁾。

3. 人類の出アフリカ (第1次および第2次) について

人類がアフリカで誕生したことは化石人類学者も分子遺伝学者もともに認めるところである。おそらく誕生早期から移動、あるいは活動範囲の拡大の自然の、あるいは必然的な (例えば食肉を得るため多種の動物を狩るなど) 動機はあったであろう。移動に駆り立てる衝動自体を備えていたかもしれない。

人類の出アフリカは少なくとも2回はあったとするのが通説である。第1次は原人・旧人の時代、第2次は新人すなわちホモ・サピエンスの時代である。第1次時代は、およそ200~150万年前とされ、ホモ・エレクトスまたはホモ・エルガステルの時代であり、少なくともアジア地域には180万年前のジャワ原人、190万年まえの北京原人の化石として残されている。さらにヨーロッパでは北スペインのドリナ洞窟で発見された化石ホモ・アンテセソールはホモ・エルガステルの子孫で最古のヨーロッパ人と見なされている。78万年前の旧人である。ドイツでは40~50万年前のホモ・ハイデルベルゲンシスの化石や23万年前のものと思われるネアンデルタール人の特徴を備えた化石が発見されている。とくにネアンデルタール人はヨーロッパで寒冷適応型人類として発達したとされている。このようにホモ・エルガステルは数回に亘って出アフリカを繰り返してきたと考えられる。この場合ヨーロッパへの主なルートとしてシナイ半島から中東への経路が

考えられる。ホモ・エルガステルの時代には氷河期がくりかえして地球を襲い、進出した集団は適応に苦しみしばしば絶滅したものと考えられる。このなかでネアンデルタール人が寒冷適応型人類として3万年前頃まで生息したものと考えられる。表3は第三、四紀の氷河期と人類との関わりを示したものである。

ホモ・サピエンスは化石人類学的にはホモ・アンテセソールからホモ・ハイデルベルゲンシス→ホモ・ネアンデルターレンシスの系列とは別の系列として分岐したものと考えられている。ホモ・サピエンスはキャンやウイルソンの分子遺伝学的方法で約20 (14~29) 万年前に出現したと推定した。葉山²⁷⁾によるとウイルソンはより具体的に14万2千年前のアフリカのブッシュマンのクン族の祖先を挙げているという。またホモ・サピエンスの出アフリカとして13万5千 (9~18万5千) 万年前としている。この集団の移動でも第1次の時と同様に、主なルートとして中東アジアを経由したものと考えられる。イスラエルや中東には現代人とされる化石がいくつも発見されている。

ホモ・サピエンスは中東を経て中央アジア、中国、そしてシベリヤへさらに北米ついで南米大陸へ移動して行ったものと考えられている。ペーリ

表3 第3, 4 紀の氷河時代と人類

氷河時代		人類	文化	
名称	万年前		時代区分	
ドナウ氷期	200	猿人	前期 旧石器時代 (250~15万年前)	オルドヴァイ文化 (250~180万年前) アシュール文化 (150~20万年前)
(間氷期)	150			
キュンツ氷期	100			
(間氷期)		原人		ムスチエ文化 (20~3万年前)
ミンテル氷期	50			
(間氷期)		旧人	中期 旧石器時代 (15~3.5万年前)	
リス氷期	15			
(間氷期)		新人	後期 旧石器時代 (3.5~1万年前)	オーリニヤック文化 (4~万年前)
ウー				
ム				
氷				
期				
氷		新石器時代		
後				

ング海峡は1万5千年前位には陸続きであり、北米への人類の流入は1万2千年頃と考えられている。日本にもこの頃にシベリヤを経て北方から流入した一団があり原住民としての縄文人となったと考えられる。その時期は今から約1万2千年前のこととされている。図9はウルム氷河時代の最終氷期（1万6千年前頃）の植物生態を引用²⁷⁾したものである。

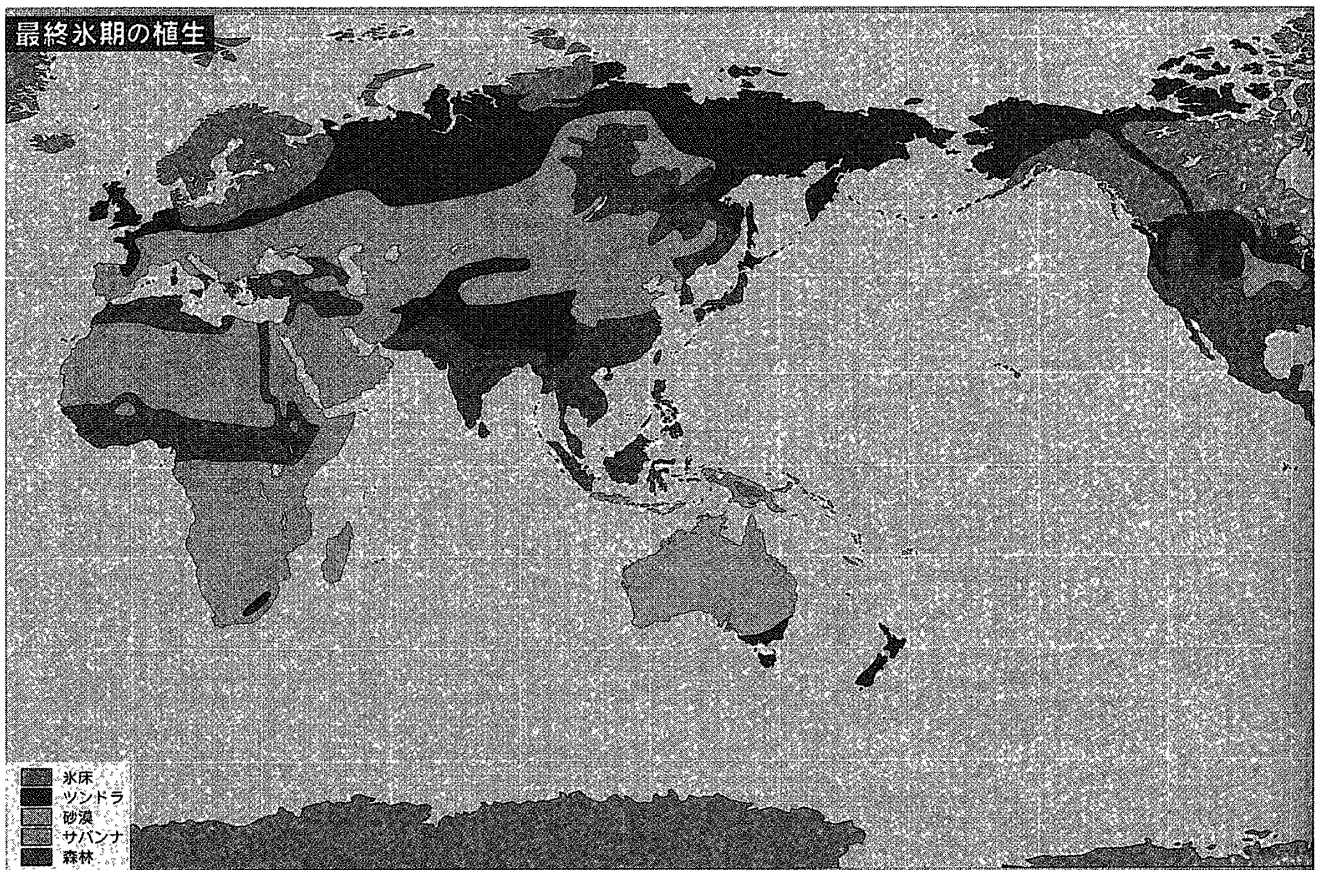
なお東アフリカから紅海へ出るルート、または中東からインドへ、さらに東南アジア地域へ拡散したルートも考えられてはいる。さらに海洋上を島々を経由しての移動は少なくとも化石による事実の確認が十分できていないこともある。ただ最近南洋諸島に数十万年前の石器遺跡が発見されたという。もしそうとすれば原始的な航海術をもっている人類が海を介して渡来したことになる。この場合高温多湿が人類化石を残す条件ではなかったことになる。オーストラリアや太平洋上の諸島

の現代人のルーツについての分子生物学的解析が望まれる。

4. ホモ・サピエンスの繁栄の戦略について

現代人は当初はネアンデルタール人と同じく狩猟生活から、当時繁殖していた大型ネコ化動物やマンモスを追って中東、ヨーロッパに拡張していったものと思われる。地球の気象変化による植物層の変化がさらにその根底にあったかもしれない。骨と石器とを使用する精巧な石器を持っていて獣肉や獣皮の処理に勝っていたこと、集団としてのコミュニケーションがよかったこと、想像力や認識、判断能力が行動性を高めたことなどが考えられる。また気象の変化がよりマイルドな土地では、種子を栽培の対象にする農耕生活を始め、土着する傾向を生じた。農耕技術は新石器時代に中東から中央ヨーロッパの方向に急速に広がった。当初は農耕する集団の移動があったが、やがて農耕の技術は知識としてヨーロッパの他の集団－旧石器

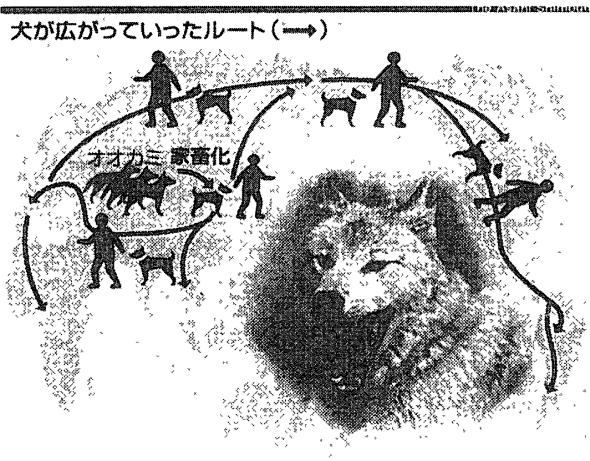
図9 ウルム氷河期(約1万2千年前頃)の植物生態と風土²⁷⁾



時代人（勿論同じホモ・サピエンスであるが）に伝播していったとされる。又野牛を牛に、野生ヤギを羊に、狼を犬にするなど家畜化に成功した。野獣を山野に追う不安定な食生活から土地に定住する生活に変わっていった。魚をとる石器針や獣皮を縫う技術の開発も行われた。獣皮の縫製等による氷河期の寒冷への対策などもあった。やがて木や草の繊維を加工する技術へと発展したことも考えられる。最近の報告²⁸⁾では犬は1万4千年前に中東アジアの狼から家畜化され、ヨーロッパ、アジアに広がったとされている。図10はこの間の事情を解説したもの²⁹⁾である。日本人については1万2千年前にシベリア大陸から陸伝いに北日本に流入した縄文人の祖先は狩猟と樫やドングリなどの木の実の採集で暮らしていたが、日本本土には2300年前位に中国および韓国からの別の集団である弥生人が北九州から流入し、水稲耕作の技術と鉄技術を持ち込んだとされる。日本本土では両者が種々の割合で混血したものとされる説が有力である。

とくに農耕技術の普及はヨーロッパでもアジア大陸でも従来より安定した生活を保証し、確実に人口の増加や、村落などの集落形成をうながした。人口の集中化とともに、伝染病などの疾病の発生

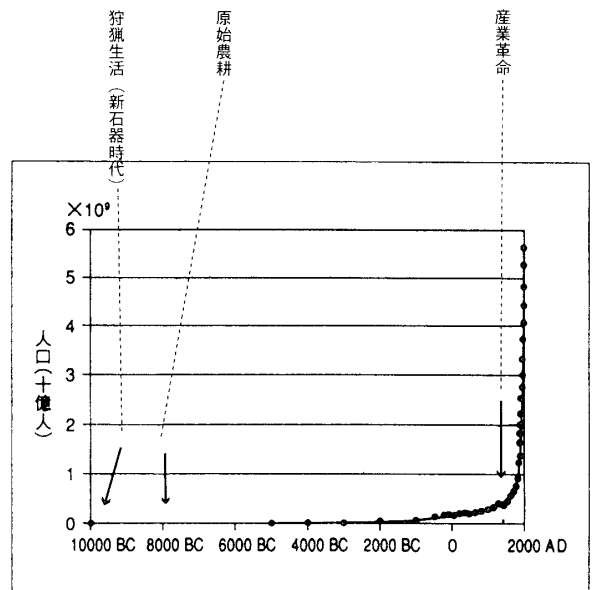
図10 犬の家畜化と世界各地への拡散²⁷⁾



(注) 世界各地の各種の犬と狼のDNA塩基配列の解析で犬の祖先は狼で、世界各地の各種犬の95%は同一の遺伝子プールから派生し、人の移動と共に世界中に拡散したという²⁸⁾

の機会も増えるようになった。またホモ・サピエンス固有の認識能力は音声の識別やそれを用いたコミュニケーション、言語構成能力や抽象能力、さらに集団統制としての宗教の発生、芸術としての音楽、絵画、彫刻等に発展する。これらには技術としての楽器や絵画用具の開発も見逃せない。文字の発明も抽象的な認識力とともに技術能力の発達との関係が深い。やがてこれらの能力や技術の総合が4大文明に発展していく素地を形成したと考えられる。この様にしてホモ・サピエンスは地球上で幾何学的に増殖し続ける唯一の生物種となった³⁰⁾ (図11)。人口増殖に及ぼす技術の開発と知能の進歩がいかに大きい意味を持つかが理解されよう。

図11 世界人口の増加曲線と技術革命との関連³⁰⁾



5. 人類の発展と脳神経系ことに脳遺伝子の変化について

人類への進化には直立2足歩行につながる脳神経系の集中化と発達があげられる。猿人から人類へ進化させるものとして脳の発達がもっとも重要視されてきた。まずは脳容積の増加であり、ついで言語中枢に相当する脳内骨隆起の存在、更に前頭葉領域の発育である。石器文化が素朴なオルドヴァイ石器から、ネアンデルタール人のムスチエ石器さらにクロマニヨン人、すなわちホモ・サ

ピエンスのオーリニヤック石器へと精巧化している事も知能の発達を反映している。ネアンデルタール人がやがて絶滅した原因の一つとして脳発達の低速性が推測されている。ホモ・サピエンスでは農耕文化から、家畜化から、クローマニヨン壁画から知能の発達が高度化していることが推測される。

最近、現代人を進化させた最も大きな要因として脳の遺伝子の進化が注目されている。人類の言語機能は発声機構や聴力器官などの解剖上の発達のほかに、言語に関係する遺伝子、さらに言語機能そのものが高度の認識力に関係するとして認識機能に関する遺伝子の研究もすすめられている。とくにCrowらのグループ⁴⁾はXおよびY染色体上に言語と脳の左右機能分化に関する遺伝子があり、この現象は300~400万年前に起こったことと推測している。その後アファラ⁴⁾はXおよびY染色体上に、脳神経系の発達に極めて重要なプロカドヘリン・ファミリーの蛋白の遺伝子であるPCDHX, PCDHYを同定し、これら遺伝子が現代人の認識能力の発達に必須であると考えている。またパーボラ^{31) 32)}は人類とチンパンジー、赤毛猿などの各種臓器の遺伝子、12,000種、ついでさらに6,000種のRNAの発現速度を測定し、肝臓、血液の発現速度には差がないのに、脳では人類では他種より2倍早いことを観察し、人類の脳がチンパンジー等より速い速度で進化しているものと考えている。これらの脳の進化が類人猿、さらに猿人やホモ属の他の亜種のヒト類よりホモ・サピエンスを抜き出でて、よりよい適応と進歩の方向へ向かわせたのかも知れない。現在脳遺伝子と人類進化の研究は精力的に進められており今後さらに新しい事実が明らかになることが期待される。

ここで2つ問題がある。1つは人類を更なる自己分析の方向に向かわせることである。人類は自己の本体がDNAとその表現形式であることを知った。自己の改良のために、人類自身のDNAに技術的改変を加えるようになるかもしれない。ポス

トゲノムの時代の一つの課題となりうる。これには実利とともに大きいリスクを内蔵してをり、それはクローン技術を遥かにこえた大きな問題となりうる。また他種生物のDNAの人工的な改変が人類のDNAの改変に働く可能性もある。その2は遺伝子進化の方向性である。生物の進化の過程でとくにカンブリア紀には生物種の大爆発がありその前に遺伝子の大多様化が進行したことが知られている。進化は現在では分子進化が先行すること、しかもその方向性は中立的で偶発的とされている。人類の脳の進化が本論文で検証してきたように、結果として認識、技術、好奇心(科学を含む)など生物として好都合な発達の方向だけに向かうのであれば、知能の発達の極致が生物としての存続を許さなくする現象を結果するかもしれない。人類は現存する多くの生物と同じく偶然の連鎖として今存在している。偶然の内容として従来から地球の物理的変動、地殻変動、気象変化、他種生物との共存関係などが挙げられているが、これに人類自身のDNAへの自己干渉の可能性が不定因子として加って問題はさらに複雑となった。知能に関する遺伝子の進化は分子進化学的には合理的、合目的に進行するとは考えられないという点で注目される。最近の宗教、集団間の争い、原子爆弾や生物化学兵器の開発或いは臓器移植やクローン人間製造の問題など自らの問題に対する人間社会の不決定性も人類の特色であるとしたら、進化学的には人類の破滅とは無関係な現象とは言えない。必ず知能と技術力の赴くままに行動するのがこれまでの進化史が教えるホモ・サピエンスの本質だからである。

おわりに

分子遺伝学は地球上に生存している人類は生物学的には我々のホモ・サピエンス一種だけであることを立証した。かつて生存していたヒト科の7種類以上の親類種の生物(厳密な意味での他人種)は何等かの理由で絶滅してしまっているわけであ

る。さらに生命発生以来の38億年にわたる生命誌は多くの生物の隆盛と絶滅の中に人類をふくめて、現在の生物が共存している事実も教えている。我々は自然界における人類の立場をよく認識して人間社会におけるすべての事象に対処すべきであろう。人類を人類へと進化させたのは脳の異常な発達であったことは間違いない。いまや人類は自分の本体はDNAであることを知ってしまった。パンドラの箱を開いたわけである。他の凡ての生物を含め人類が地球上に存在しつづけるためには考えるべきことが多くあることを知ることも重要である。すでに月への進出を果たし、自分の生存圏を地球をこえて広げられることも知った。人類にとって自己の存在そのものであるDNAとどう付き合っていくかが、未来に向けて最も大きい問題となろう。

文 献

1. 中村桂子：生命誌の世界、NHK人間講座、PHP研究所、東京都、1999年
2. 宮田 隆：ゲノムから進化を考える1. DNAからみた生物の爆発的進化、岩波書店、東京都、2001年
3. 葉山杉夫：ヒトの誕生 二つの運動革命が生んだ〈奇跡の生物種〉、PHP新書、PHP研究所、1999年
4. M. Baler：In Search of the First Hominids. *Science* 295：1214～1225, 2002
5. S. Anderson, A. T. Bankier, B. G. Barrell, M. H. L. deBruijn, A. R. Coulson, J. Drouin, I. C. Eperon, D. P. Nierlich, B. A. Roe, F. Sanger, P. H. Schreier, A. J. H. Smith, R. Staden & I., G. Young：Sequences and Organization of the Human Mitochondrial Genome. *Nature* 290：457～465, 1981
6. 黒田知子, Helen Skaletsky, David C. Page：ヒトY染色体のゲノム解析. *実験医学*19：876～878, 2001
7. 中村資生著 分子進化の中立説 pp.82～114, 紀伊国屋書店、東京都、1986
8. Zuckerkandl, E. & Pauling, L.：Evolutionary Divergence and Convergence in Proteins. In *Evolving Genes and Proteins*. ed. V. Bryson & H. J. Vogel, pp97～166. Academic Press. New York. 1965
9. Margoliash, E. & Smith, E. L.：Structure and Functional Aspects of cytochrome c in Relation to Evolution. In *Evolving Genes and Proteins*, ed., V. Bryson & H. J., Vogel. pp.221～242. Academic Press. 1965, New York
10. Thomas H. Jukes著、丸尾文治監訳：進化—その分子生物学的考察—共立出版、東京都、昭和46年
11. 宝来 聡：DNA人類進化学 岩波書店、東京都、1997
12. Rebecca L. Cann, Mark Stoneking & Allan C. Wilson：Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325, 31～36, 1987
13. Vincent Macaulay, Martin Richards, Eileen Hickey, Emilce Vega, Fulvio Cruciani, Valentina Guida, Rosaria Scozzari, Batsheva Bonné-Tamir, Bryan Sykes, and Antonio Torroni：The Emerging Tree of West Eurasian mtDNAs：A Synthesis of Control-Region Sequences and RFLPs. *Am. J. Hum. Genet.* 64：232～249, 1999
14. Antonio Torroni, Hans-Jürgen Bandelt, Leila D'Urbano, Päivi Lahermo, Pedro Moral, Daniele Sellitto, Chiara Rengo, Peter Forster, Marja-Liisa Savontaus, Batsheva Bonné-Tamir, and Rosaria Scozzari：mtDNA Analysis Reveals a Major Late Paleolithic Population Expansion from Southwestern to Northeastern Europe. *Am. J. Hum. Genet.* 62. 1137～1152, 1998

15. Antonio Torroni, Hans-Jürgen Bandelt, Vincent Macaulay, Martin Richards, Fulvio Cruciani, Chiara Reng, Vincent Martinez-Cabrera, Richard Villems, Toomas Kivisild, Ene Metspalu, Jüri Parik, Helle-Viivi Tolk, Kristiina Tambets, Peter Forster, Bernd Karger, Paolo Francalacci, Pavao Rudan, Branka Janicijevic, Olga Rickards, Marja-Liisa Savontaus, Kirsi Huoponen, Virpi Laitinen, Satu Koivumäki, Bryan Sykes, Eileen Hickey, Andrea Novelletto, Pedro Moral, Daniele Sellitto, Alfredo Coppa, Nadia Al-Zaheri, A. Silvana Santachiara-Benerecetti, Ornella Semino, and Rosaria Scozzari : A Signal from Human mtDNA, of Postglacial Recolonization in Europe. *Am. J. Hum. Genet.* 69 : 844~852,
16. ブライアン・サイクス著, 大野晶子訳 : イブの七人の娘たち、ソニー・マガジズ、2001年
17. オックスフォード・アンセスター : 「<http://www.oxfordancestors.com/>」
18. Ann Gibbons : Modern Men Trace Ancestry To African Migrants. *Science.* 292 : 1051~1052, 2001
19. Yuehai Ke. Sing Su.2. Xiufeng Song, Daru Lu, Lifeng Chen, Hongyu Li, Chunjian Qi, Sangkot Marzuki, Ranjan Deka. Peter Underhill, Chunjie Xiao. Mark Shriver, Jeff Lell, Douglas Wallace. R Spencer wells, Mark Seielstad. Peter Oefner. Dingliang Zhu, Jianzhong Jin, Wei Huang, Ranajit Chakraborty, Zhu Cben, Li Jin. African Origin of Modern Humans in East Asia : A Tate of 2,000Y Chromosomes. *Science* 292 : 1151~1153, 2001
20. Normile, D. : Genetic Clues Revise View of Japanese Roots, *Science*, 283, 1426~1427, 1999.
21. Toshikatsu Shinka, Keiko Tomita, Tatsushi Toda Svetlana E. Kotliarova, Juwon Lee, Yoko Kuroki Dong Kyu Jin, Katsushi Tokunaga, Hideki Nakamura, Yutaka Nakahori : Genetic variations on the Y chromosome in the Japanese population and implications for modern human Y chromosome lineage. *J. Hum. Genet.* 44 : 240~245, 1999
22. Wook Kim, Dong Jik Shin, Shinji Harihara., Yung Jin Kim : Y chromosomal DNA variation in East Asian populations and its potential for inferring the peopling of Korea *J. Hum. Genet.* 45 : 76~83, 2000
23. Richard A. Sturm, Rohan D. Teasdale, Neil F. : Human pigmentation genes : identification, structure and consequences of polymorphic variation (Review). *Gene* 277 : 49~62, 2001
24. 朝日新聞 (朝刊) 2002. 7. 11日号
25. 河合信和著 : ネアンデルタールと現代人—ヒトの500万年史—文芸春秋社、東京都、1999
26. Ovchinnikow, I. V., A. gotterstrom, G. P. Romanova, V. M. Kharitonov, K. Lidence & W. Goodwin : Molecular analysis of Neanderthal DNA from the northern Caucasus. *Nature* 404 : 490~493, 2000
27. 樺山紘一、木村靖二、窪添慶文、湯川 武編 : クロニク世界全史、講談社、東京都、1994
28. Savolainen, P., Y. Zhang, J. Luco, J. Lundeberg & T. LEItner : Genetic Evidence for an East Asian Origin of Domestic Dogs. *Science* 298 : 1610~1613, 2002
29. 朝日新聞 (朝刊) 2002. 11. 22日号
30. 後藤由夫著 : 医学と医療、総括と展望・文光堂、東京都、2001
31. Pennisi, E. : Gene Activity Clocks Brains

Fast Evolution. *Science* 296 : 233~234,
2002

32. Wolfgang Enard, Philipp Khaitovich, Joahim Klose, Sebastian Zollner, Florian Heissig, Patrick Givalisco, Kay Nieselt-Struwe, Elaine Muchimore, Ajit Varki, Rivka Ravid, Gaby M. Doxiadis, Ronald E. Bontrop, Svante Paabo. Intra- and Interspecific Variation in Primate Gene Expression Patterns. *Science* 296 : 340~343, 2002