

## 第五節 DNAからみる「アジア人」「ヨーロッパ人」「アフリカ人」

二〇〇三年四月にヒトゲノム配列の解読が終了したことは記憶に新しい。ゲノムとは、アデニン(A)、グアニン(G)、シトシン(C)、チミン(T)という四種類の塩基が鎖状につながったDNAの一セットを指し、ヒトゲノムとは、三〇億塩基対からなるヒトDNAのすべての塩基配列を指す。一番から二二番までの二二本の常染色体と一本の性染色体(ただしこれはXとYの双方を調べる)に遺伝情報を担うDNAが含まれている。この解読終了に先立つ二〇〇〇年六月にゲノム概要解読終了が宣言された(詳細は『ネイチャー』二〇〇一年二月二十五日号および『サイエンス』二月一六日号に公表)。そしてその後のヒトの多様性に関する遺伝学的研究の躍進には目をみはるものがある。SNP(スニップ、一塩基多型 single nucleotide polymorphism の略、遺伝子の一塩基が入れ替わったもの)などの新たな遺伝子解明手法の導入により、具体的な塩基配列の比較が部分的ながら可能になりつつある。しかしながら、これは学問界だけの変化ではない。アメリカでは、DNA鑑定から個人の祖先の「ヨーロッパ人」「アフリカ人」などの出自比率を割りだしたり、出生前診断・着床前診断をおこなうビジネスまで現れている。また特定の病気が特定のマイノリティに高い罹病率で観察されることから、環境や社会的要素が看過され、誤解を招きかねない解釈が施されつつあるのも現状である。

日本では、生物学的人種が破綻したことを積極的に提唱している研究者は例外で (e.g. 尾本 一九九七: Omoto 1997)、多賀谷論文が主張するように厳密な境界線が存在せずとも生物学の実体まで否定できないとする見解がひろく支持

されている。国際的には、人種が生物学的に有効な概念ではないとする見解が通説であることに変わりはない。しかしこの数年の間にヒトゲノム解読や集団病理学などの進展によって、一部の研究者によって人種実体論ともいえる説が劣勢を巻き返しており、問題はいつそう複雑化している。混乱を避けるためにも、「進化した」ヒトの多様性に関する理解が求められているのである。

自然科学の学術雑誌から“race”という語がほぼ消失したとしても、「アジア人」「ヨーロッパ人」「アフリカ人」といった地理的大集団名（以下「大集団名」）でその差異が語られる局面は、『ネイチャー』『サイエンス』など自然科学の世界最高峰とされる雑誌でも頻繁に見うけられる。しかし最近これら的大集団名による用語が分析概念として有効であるか否かが問われつつある。以下、自然人類学やその隣接領域におけるヒトの多様性の研究動向から、自然科学の人種概念、あるいは最近人種に代わって頻繁に用いられるこれらの用語とその科学的実体性について、現在論点とされるもののいくつかを追って検討してみたい。

ここで断っておかなければならないことがある。私自身は、遺伝学の論文で鍵となる専門的な分析方法やアルゴリズム、分析結果の導き方の是非について主体的に判断する能力をまったく有さない。それについては、他のさまざまな論文による評価に依存せざるをえない。しかしあえてこのセクションを設けるのは、多くの自然科学者のあいだでア priori に捉えられている集団や人間の分類について、人種概念の歴史や人種差別を多少とも考えてきた人文科学の立場から課題として提示できることが、皆無ではあるまいと考えるからである。

#### ヒトの多様性をめぐる生物学的理解の転換点

最近の集団遺伝学などにおけるヒトの多様性をめぐる議論に入る前に、過去半世紀の、生物学的概念としての人種やヒトの多様性の理解をめぐるといふいくつかの重要な転換点について、まず導入的に概括しておきたい（竹沢二〇〇三a）。

一八世紀の博物学においても、その後の人種学においても、皮膚の色や頭蓋骨といった可視的な身体形質を弁別基準として人間を分類していた。一九世紀後半に発達した身体計測により、人種間の差異と優劣は科学的根拠をもつも

のとして議論された。いわゆる科学的人種主義である。しかし一九〇〇年のG・メンデルの遺伝法則の再発見によって遺伝学が始まり、人類集団の進化の歴史はやがて大きく塗り替えられることとなった。社会進化論や優生学がグローバル・レベルでまだ支配的であった二〇世紀前半、数人の人類学者らにより人種概念の恣意性がすでに指摘されていた。その代表的存在は、F・ボアズとその弟子A・モンタギューである。とりわけモンタギューは「人類の最も危険なる神話」(Montagu 1942a)において、固定的で類型的な人種概念に反して、ヒトは突然変異や自然選択の作用により変化しつづけるものであると、学会で嘲笑されながらもひとり訴えつづけた。

しかし何といつても幅広い層にインパクトを与えたのは、ユネスコ声明「人種問題についての専門家によるユネスコ声明——社会科学者による「見解」」(UNESCO 1950)および「人種と人種差の本質についての声明——自然人類学者と遺伝学者による「見解」」(UNESCO 1951)であった。とくにモンタギューが主たる起草者となった一九五〇年の声明は、すべての人種の知能は同程度である、混血による退化の議論には生物学的根拠は存在しない、国籍や宗教にもとづく集団と人種とは無関係であることなどを謳ったものであった。なかでも人種は「生物学的現象というよりむしろ社会的神話である」(強調引用者)という結びは、大きな反響を呼んだ(一部の自然科学者らの反発も受けることとなった)。このユネスコ声明は、第二次世界大戦時のユダヤ人に対するホロコーストという究極の人種主義を顧みて、世界に向けられたメッセージだったのである。

一九五〇年代末から一九六〇年代にかけて、マイノリティに関する意識革命がアメリカから世界に波及し、技術面でも遺伝子解析が発展した。そのなかで登場したF・リヴィングストンの研究は、それ以前の人種の理解を大きく転換させるものであった。それまで「黒人の人種の遺伝病」とされていた鎌状赤血球貧血が、アフリカに限らず、南ヨーロッパや西アジアなどの地域にも分布し、それが熱帯性マラリアと関連する実態を明らかにした。それによって人種ではなく、クライン(勾配的分布)という概念の有効性とヒトの変異の連続性を実証してみせたのである

(Livingstone 1958; 1962)。

その後二〇世紀の幕開けとともに始まった遺伝学は、一九五三年のJ・ワトソンとF・クリックによる二重らせん

構造の発見後、わずか五〇年にしてヒトゲノム解説を達成することとなった。この三〇年間に、集団内の多様性が集団間の多様性よりはるかに大きいことを示す研究成果が、数多く発表されている。対象や方法論は異なっても結果はほぼ一致しており、これらの研究は人種概念に生物学的根拠が存在しないことを裏づけるものとなっている。その皮切りとなったのはR・レウオンティンによる研究で、アフリカ人、ヨーロッパ人、アジア人などの大集団間による差異は、人類のすべての多様性のうちの六・三パーセントを占めるにすぎず、同一大集団内の集団間差異（たとえばアジア人の「日本人」と「中国人」など）が八・三パーセント、残りの八五・四パーセントは同一集団内の（たとえば「日本人」同士での）差異であるという、衝撃的な報告をしたのである（Lewontin 1972）。

#### 現代人の起源と「人種」

現代人ホモ・サピエンスの起源をめぐる、長年「アフリカ単一起源説」対「多地域並行進化説」の激しい論争がつづいたが、今日遺伝学者・自然人類学者の見解はアフリカ単一起源説（出アフリカ説）ではほぼ一致している。アフリカ単一起源説とは、アフリカにおいて誕生したホモ・エレクトスが現代人ホモ・サピエンスに進化し、そのホモ・サピエンスが一〇万年から一五万年前に世界に拡散したと考える。それに対して多地域並行進化説は、ホモ・サピエンスでなくホモ・エレクトスが六〇万年から一〇〇万年前にアフリカから拡散し、諸地域においてそれぞれ並行してホモ・サピエンスに進化したと主張するものである<sup>61</sup>。

アフリカ単一起源説が圧倒的に有力となった最大の契機は、一九八〇年代末から一九九〇年代初頭にかけてミトコンドリアDNAハプロタイプの系統樹が発表されたことであった<sup>62</sup>（e.g. Cann et al. 1987; Vigilant et al. 1991）。その後一九九〇年代後半から核DNAの研究が進み、その結果、女性のみをとおして伝えられるミトコンドリアDNAのハプロタイプだけでなく、男性のみをとおして伝えられるY染色体DNAのハプロタイプの系統樹についても重要な研究成果が発表され、単一起源説が支持された（e.g. Hammer et al. 1998）。さらに現代人のアフリカから諸地域への拡散の時期が、それまで考えられていたよりも歴史的にはるかに浅いことが明らかになり、人種に該当するような遺伝学的に

も形態学的にも明確な境界をもった大集団が、そのような短期間で誕生するとは考えられないとみなされるようになった。また、かつて一説にはヨーロッパ人の祖先と考えられていたネアンデルタール人が、DNA配列の分析によると、現代人からあまりにかけはなれており、ヨーロッパで現代ヨーロッパ人へ進化したものではないことも明らかとなった (Krieger et al. 1997)。これら報告は、いずれもアフリカ単一起源説を裏づける意味をもっている。

ヒトゲノム解読によって、SNP分析が大きく推進され、さまざまな差異がゲノムのどの場所に位置する遺伝マーカー（遺伝標識）によって引き起こされるのが、構造的に明らかになりつつある。

ヒトゲノムと大集団名「アジア人」「ヨーロッパ人」「アフリカ人」

ヒトゲノム研究の飛躍的發展にともない、数年前まで最先端の方法であったミトコンドリアDNAとY染色体だけでなく、いまやSNPを用いた分析や対立遺伝子頻度のパターンに関する研究が、関心を集めている（対立遺伝子とは、同じ位置にある遺伝子を指す。たとえばABO式の血液型では、いずれも九番染色体の同じ位置に、A、B、O三種類の遺伝子のいずれかが含まれている）。

私が今もつとも注目するのは、「アジア人」「ヨーロッパ人」「アフリカ人」など大集団名による用語が科学的分析概念として有効か否かをめぐる自然科学者らの議論である。もつともこれらの用語は国際的な学術雑誌でもひろく認知されているので、疑問視している研究者はまだ少数といったほうが正確かもしれない。たしかに今日の遺伝学的研究において、「人種」や「白人」「黒人」、「コーカソイド」「ネグロイド」などの用語は、生物学的実体として用いられる文脈ではほとんど姿を消している。しかしそれならば人種実体説は論破されたかというところ、決してそうではないのである。「アジア人」「ヨーロッパ人」「アフリカ人」などの用語は、場合によっては、「人種」と本質を異にしない問題をはらんでいる。

誤解を招かぬように付言しておくならば、文化や歴史、社会を理解するうえでの「アジア人」「ヨーロッパ人」「アフリカ人」などの用語の妥当性に異議を唱えているわけではない。それらは必要不可欠な概念である。そうではなく、

スポーツや音楽領域をはじめとして、アフリカ人やアジア人などがその人種ゆえ、つまり生まれながらの能力や気質ゆえに異なるのだ、とする日常的言説が氾濫していることであり、そのような社会的現実を前にして、これらの用語の有効性を疑問に付したのである。大方において自然科学者のあいだでも、人文社会科学者のあいだでも、ある種、生物学的実体をもつものとして無批判に捉えられているこれらの用語が、最新のゲノム研究の観点からどのような意味をもちうるのかは、重要な課題にちがいないと考えるからである。

ヒトの多様性については、遺伝学的には大半が集団内の差異であり、「アジア人」「ヨーロッパ人」「アフリカ人」などの大集団間の差異が小さいことは、過去三〇年間の集団遺伝学の蓄積によって実証されている。前述の一九七二年のレウォンティンによる先駆的研究にくわえて、その後の研究でも、分析対象や方法は異なるものの極端な数値の差はない。大集団間では約一〇パーセント、同じ大集団内の集団間差として約五パーセント、八五パーセントが同一集団内というのが平均的な結果である (eg. Nei and Roychoudhury 1982; Ryman and Nei 1983; Dean et al. 1994; Barbujani et al. 1997; Raleghford 2002)。つまり遺伝学的に調べると、対象になる遺伝マーカーや手法は異なるが、集めたサンプル個体間での塩基配列の差異のうち、ほとんどが同じ集団に属する個々人の間での差異であり、大集団間での差異はすべての差異のうちのほぼ一割にすぎないという意味である。また塩原と河野も、世界諸地域の人骨の頭蓋と歯冠形態の解析を基に、地域間（大集団）の差異は二〇パーセント前後であり、遺伝学的データと大きな食い違いがないという興味深い報告をおこなっている（塩原と河野二〇〇四）。最近 J・ルルスフォードが集団の頭骨の形質と皮膚の色について独自におこなった調査でも、頭骨の形質が、遺伝マーカーや DNA 多型 (DNA polymorphisms)、ひとつの（アミノ酸座位やスクレオチド座位でみられる塩基配列レベルでの変異のこと）の分析結果と類似していることが判明した。<sup>(88)</sup> それに対して、皮膚の色は逆のパターンを示しており、八八パーセントが大集団間で同一集団内は三パーセントにすぎない。すなわち遺伝的あるいは計量的（頭骨など）特質と皮膚の色とは、集団間および集団内の多様性について相反するパターンを示しているのである。人種とは、かつて皮膚の色を第一次的要素として構築され、その後も集団が皮膚の色のほか頭蓋骨形状など数々の特質をセットとして共有する集団であると考えられてきたが、このルルスフォードの研

究は、それぞれの形質は独自に働くと論じる本書のブレイス／瀬口論文の主張を、別角度から支持するものである (Relethford 2002)。

問題の核心は、この一〇パーセント前後の大集団間の差異をどのように解釈するかである。じつは二〇〇三年シカゴで開かれたアメリカ人類学会年次大会において学会当局が企画したヒトの多様性に関する特別部会で、この分野の第一線で活躍する遺伝人類学者 A・グッドマンが、まさにこの点について会場から問題提起をおこなった。もしある報告で紹介されたように、ヨーロッパ人やアジア人が遺伝学的にアフリカ人の部分集合でしかないのであれば、他の報告でみられたような、分析概念としてヨーロッパ人、アフリカ人などの用語を使用すること自体が問題なのではないか、われわれはこのような大集団の名称をアプリアに用いることから自由にならなければならないのではないかと。

アフリカ人、ヨーロッパ人などの大集団の差異とされる一〇パーセントを多くと評価するか、少ないと評価するか、それらの差異が実体として存在するか否か、あるいはそのような用語を同次元で分析に使用することが妥当かどうか、これらの点をめぐって最近の研究でも見解が大きく分かれている。

#### 大集団の関係をめぐるおもな学説

SNPや対立遺伝子頻度の分析にもとづいて大集団を比較し、関連分野で注目を集めている最近の論文をここで二、三取りあげてみたい。それらは相異なる見解を示しており、この議論のポイントを整理する意味で有益であろう。

まずひとつは 大きな反響を呼んだ N・ローゼンバーグらの論文である (Rothenberg et al. 2002)。五二集団から成る一〇五六人のサンプルをもとに三七七の常染色体 (性染色体以外の染色体) マイクロサテライト遺伝子座 (マイクロサテライト) は、一塩基の入れ替わりの SNP とは異なり、遺伝子のなかで二塩基から数塩基を単位に反復しており、それに個人差があるもの。遺伝子座とは、染色体上におけるそれぞれの遺伝子の占める位置を指す) を分析した。それによれば、集団内の遺伝的多様性はきわめて高い比率を占め (九三一九五パーセント)、逆に大集団間の差異は僅少であり (三ないし五パーセン

ト)、従来の集団内の差異が集団間よりはるかに多いという説が裏づけられている。また大半の対立遺伝子が地理的に拡散しており、二度以上現れた対立遺伝子のうち、半数近く(四六・七パーセント)がすべての大陸で見うけられ、逆にある地域に特有の対立遺伝子は一・〇パーセントにすぎないという。これは現人類では大半の遺伝子が世界諸地域への拡散によって共有されていることを意味する。

しかしローゼンバーグらの研究成果で注目を集めたのは、以下の部分である。彼らは独特の対立遺伝子頻度を同定し、個人をあらかじめ決めたクラスターの数に振り分けるアルゴリズムをコンピュータに設定した。すると主たる遺伝的クラスターの数を二に分類するように設定した場合、アフリカとアメリカが二つの極となった。クラスター分類の数を徐々に上げ、五つとした場合、アフリカ、ユーラシア(ヨーロッパ・中東・中央・南アジア)、東アジア、オセアニア、アメリカと五つの大集団に呼応するパターンがみられたというのである。すなわち、集団間の差異が前述のように比率的にはきわめて小さくても、コンピュータの対立遺伝子頻度の分析方法とクラスターの数を調整しさえすれば、大集団の実体(ただし東アジア人は他のアジアと類別される)が浮かび上がるというものである。他の遺伝的クラスターの研究でも、同様のクラスターが発見されている(e.g. Peres-Lezann et al. 1997; Calafell et al. 1998; Stephens et al. 2001; Wilson et al. 2001)。

もうひとつここで取りあげたい、注目される研究報告は、N・ユラによるものである(Yu et al. 2002)。彼らはランダムに五〇のDNAの非コード領域(non-coding regions)にあるSNPデータを採用した。タンパク質をコードしない領域は、タンパク質を作り出さないため医学的関心が薄く、最近まで「ジャンク(がらくた)DNA」と呼ばれてきた。しかしこの領域は何百万年もの進化において自然選択の影響をほとんど受けておらず、塩基配列がほぼそのまま保たれているので、集団のサイズを含め人類の進化を知るうえで貴重な情報が隠されていることが最近証明されてきている(ギブス 二〇〇四; Rogers 2001)。ユラによる分析によると常染色体の配列でも、またX染色体上にある配列においても、アフリカ人はヨーロッパ人やアジア人に比べてはるかにSNPの多様性が高く、他方ヨーロッパ人やアジア人の多様性は同程度であるという(Yu et al. 2002: 279)。このように、アフリカ人が塩基多様度において、他の集



団よりはるかに多様であることが、SNP分析でも明らかとなった。興味深いのは、このアフリカ人の多様性から、アフリカ人とヨーロッパ人が分岐する以前のDNA変化の推定値を引くと、その差はきわめて小さくなることである(Loring 2003)。つまりアフリカ人の多様性の大部分は、人類がアフリカ起源であるので、その長い進化の歴史のあいだに蓄積されたものであり、ヨーロッパ人らとの分岐後の変異自体は微小であることを意味するのである。さらに重要なことには、ヨーロッパ人およびアジア人の塩基多様度の大部分は、アフリカ人の塩基多様度の部分集合であることみなしうるのである。つまり、遺伝学的にはヨーロッパ人やアジア人がアフリカ人と同次元的な範疇ではなく、あくまでもアフリカ人のほぼ部分集合にすぎないことを意味する。この見解は、それ以前のM・クリングスらによる、現代人の起源はアフリカであり、その一部分がアフリカを出て世界の他地域に移動したとする説を最新のデータをもつて裏づけている(Krings et al. 1997)。

上記の二論文ほどの話題性には欠けるが、遺伝人類学者としてこの分野の第一線で活躍するA・テンブルトンが『ネイチャー』に「出アフリカは何度も繰り返された」と題する新説を発表している。それは、ホモ・サピエンスがアフリカから移動したのは、従来のアフリカ単一起源説がいうような一度ではなく、最低二度以上であったという主張である。もつとも注目すべきは、多地域並行進化説だけでなくアフリカ単一起源説も含意している地域的な(すなわちアフリカとヨーロッパ・アジア人の)分岐は実際には起こっておらず、地理的距離の大きさがもたらす制約を受けながらも、集団間の通婚が繰り返され、その後大規模なヒトの移動によって、遺伝子交流が少なくとも過去五〇万年の間続いてきたとする見解である。テンブルトンは、このような交配の歴史的連続性を強調することにより、生物学的概念としての人種のみならず、アフリカ人やヨーロッパ・アジア人などの地域的集団が異なった進化の系譜を辿るとするこれまでの思考そのものも否定したのである(Templeton 2002; 2003)。

クラスター分類と遺伝子の機能をめぐって

以上の学説をもとに、人種に相当すると捉えられている大集団をめぐって、いくつか問題を整理してみたい。ヒト

ゲノムの約三〇億の塩基数には、三〇〇万から一〇〇〇万箇所に多型が存在することが知られているが、現在の遺伝学研究では、遺伝的多型、とくにDNAの対立遺伝子頻度によって、かなりの程度集団間の近縁関係を測定することが可能となっている。ここでわれわれが問題の俎上に載せなければならないのは、このようなクラスター分類がそれ以上の何らかの積極的意味をもちうるか否かである。ローゼンバーグらや他の同路線のクラスター研究は、人種の実体を証明するものなのであるうか。

クラスター分類に使用される、特定集団に強くみられるマイクロサテライトDNAの大半は、タンパク質の情報をもつ遺伝子以外の領域にあるために、遺伝的機能をもたない。このことは強調しておくべきである。病気をもたらずなどといった機能をもつ遺伝的多型は、このカテゴリーで比較するならば対立遺伝子頻度にたしかに違いはあっても、「アフリカ人」や「ヨーロッパ人」などの、あるひとつの大集団にのみみられる形で存在する事例は、現時点では知られていない。人類がアフリカから出た歴史が浅く、また集団間の通婚による遺伝子交流が進んでいるからである。逆に、同じ大集団とされるなかでも、表現型の機能をもつ遺伝子については、多型がさまざまな形で見られる。たとえば身長は遺伝的要素によって決定されるが、同じ「サハラ砂漠以南のアフリカ人」のなかにも、人類でもっとも身長の高いマサイ人もいればもっとも低いピアカ・ピグミー人もいる。機能遺伝子と大集団とのあいだに、関係性を見うけられないのである。

それでは古典的な人種概念を構成する皮膚の色や鼻の形、体型などの差異をどう考えればよいのだろうか。一部の人種実体説に立つ研究者は、たとえば前述のレウオンティンらの研究を指して、これらの身体形質に影響する「社会的に重要な遺伝子」を分析に用いておらず、人種に相当する大集団間の差異を過小評価していると批判している (e.g. Miller 1994)。しかしながら、皮膚の色は、世界諸地域のそれぞれの環境に応じて選択圧がかかり、その結果差異が生じるのであって、遺伝学的には意味が薄い (その意味で身体の表面にある皮膚の色は「表面的な形質」にすぎないとしばしば言及される) ということがわかってきた。たとえば皮膚や毛髪の色は、MC1R (メラノコーチン・1 レセプター遺伝子) と呼ばれるあるひとつの遺伝子の、さまざまな対立遺伝子の働きによって決定されることが明らかにな