

## 遺伝子の系図と霊長類の系統樹

高 畑 尚 之

(総合研究大学院大学)

相同遺伝子の系図は、種の系統樹とは一致しない。その原因は相同遺伝子の分岐が種分化の時点よりも以前に起きているためである。両者の分岐時間の相違の程度は、祖先種の個体数に依存する。個体数が多ければ多いほど、相違の程度は大きい。遺伝子の系図における分岐点は、種分化の上限値を与えるが下限値については何も分からない(図1)。

相同遺伝子の系図から種の系統樹を推論するには多数の遺伝子座の情報が必要となる。霊長類の遺伝子座を複数用いて最大尤度法によって2種の分岐年代と祖先種の個体数を同時に推定する(図1)と、新旧世界猿の分岐と類人猿と旧世界猿の分岐がこれまで考えられていたよりも1千万年以上古いことが分かった(表1)。

また、これらの祖先種の個体数は $10^5 \sim 10^6$ と大きく、従って、今日の人類集団に保有されている遺伝的多様性と比べて10~100倍の大きさであったと推定される(現在の人類集団の有効な個体数は $10^4$ )。こうした遺伝的多様性の変化は地球環境の変動や大陸移動と結びつけて議論することが出来る。

人類に一番近い霊長類がチンパンジーかゴリラに関する問題では、ミトコンドリアDNAの全塩基配列に基づいてこの3種の系統関係が推定されている。複数の核遺伝子座に基づく系図とミトコンドリアDNAの示す系図のトポロジーは同じである。しかし、一つ一つの核遺伝子の系図はそれと一致しないことがある(図2)。この不一致はヒトとチンパンジーの祖先種の個体数とその存続期間によって確率的に生じる。

遺伝子の系図が種の系統樹と一致するか否かを議論するには、単に比較している生物種の近縁関係だけではなく、生殖様式などによって決まる遺伝的多様性の程度に

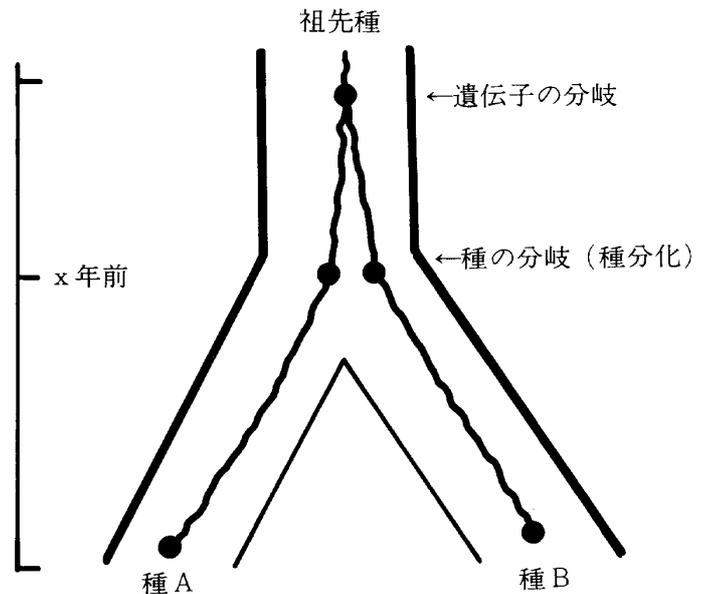


図1. 種の分岐と遺伝子の分岐。

x年前に共通祖先種から分岐した種Aと種Bからサンプルした相同遺伝子は、必ずx年前以上に分岐したものである。逆にDNA塩基配列の相違から推定できる相同遺伝子の分岐年代は種Aと種Bの分岐年代の上限値を与えるにすぎない。種と相同遺伝子の分岐年代の相違は、祖先種の個体数に依存して確率的に決まる。この確率法則は、多数の遺伝子型の相同遺伝子の分岐年代のばらつきに反映されるので、これを逆に用いて多数の相同遺伝子の分岐年代から祖先種の個体数を推定することが出来る。

表1. 多数の遺伝子型の相同遺伝子のDNA塩基配列の相違から推定された種の分岐年代と祖先種の(有効)個体数。

比較した種	遺伝子の数	種の分岐年代	祖先種の個体数
ヒト/チンパンジー	22	470万年	$10^5$
ヒト/ゴリラ	13	800万年	$10^5$
チンパンジー/ゴリラ	12	700万年	$10^5$
ヒト/旧世界猿	16	3750万年	$10^6$
ヒト/新世界猿	8	5900万年	$10^6$ 以上

関する知見が必要である。

人類および霊長類の故郷はアフリカ大陸である。初めて霊長類が出現したのは、白亜紀の頃で今から6.5千万年～9.8千万年前の間である。この間、アフリカ大陸は一種の島状態にあったが、南アメリカ大陸とは今日ほど隔たっていたはなかった。新旧世界猿の分化は、最近まで3.5千万年前であるとするのが通説であった。しかし、この年代には、アフリカ大陸から南アメリカ大陸に霊長類の移住が起り、隔離によって新世界猿が分化したとするには大陸間の距離が余にも離れすぎてしまっていると思われる。表1に示すように、新旧世界猿の分化が6千万年も前ならば、このような困難は軽減する。最新の化石の研究も、このように古い種分化の年代を支持しているのは興味深い。アフリカ大陸がユーラシア大陸と再結合したのは、3千万年前である。旧世界猿の分布が拡大したのは、この再結合の時期である。もし、表1の推定値が正しければ、旧世界猿と新世界猿の分化はアフリカ大陸の内で進行し、大陸の結合は旧世界猿に新しいニッチを開いたことになる。大陸の配置と関係して、中新世の気候は温暖であり、これが霊長類の繁栄をもたらした一因であることは疑いない。遺伝的変異がこの時期の霊長類で高い（表1では大きな個体数）ことは偶然ではないと思われる。

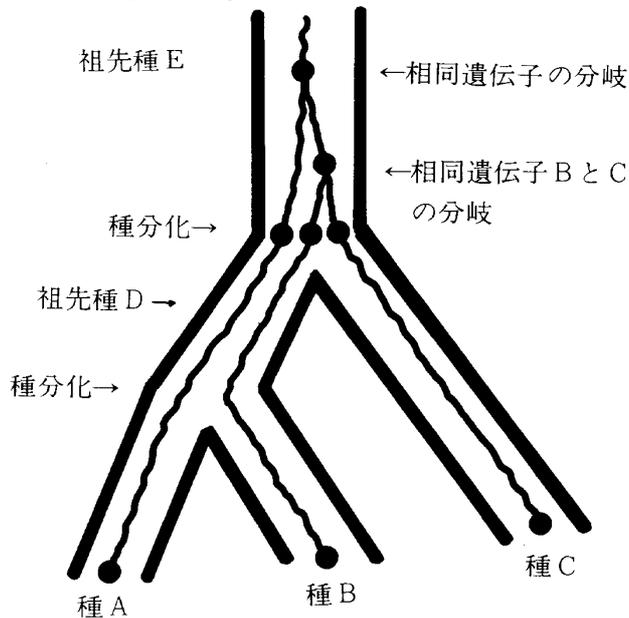


図2. 種の分岐と相同遺伝子の分岐パターンの不一致。

この不一致は種Aと種Bからサンプルした相同遺伝子とその直接の祖先種Dの存続期間内に分岐しなかった場合に生じる。祖先種Dの存続期間が短ければ短いほど、またその集団の個体数が大きければ大きいほど、この不一致の確率は高くなる。

## 引用文献

- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- 高畑尚之 1994. 人類進化の試行錯誤 科学(岩波) 11: 710-719.
- Takahata, N. 1995. A genetic perspective on the origin and history of humans. *Ann. Rev. Ecol. & System.* 26: 343-372.
- Takahata, N., Y. Satta & J. Klein 1995. Divergence time and population size in the lineage leading to modern humans. *Theor. Popul. Biol.* 48: 198-221.