

rheumatic group, although it was not statistically significant.

(2) *Total ridge count* is on average less in the rheumatic group than in the control group in both sexes. The mean count in males is greater than that in females, and the sexual difference is the same in normal and rheumatic groups.

(3) *Palmar main lines* of the rheumatic group of both sexes terminate in the more distal positions than those of the normal group. It means that they run more transversally in our rheumatic group. Type 11-9-7 in males and type 9-7-5 in females are significantly more frequent in our group than in the control group.

(4) *Palmar configurations*. For the frequencies of thenar/1st interdigital patterns, no significant difference is found between our group and normal group. For the hypothernar patterns, in both sexes, the frequency is low in the rheumatic group comparing with the normal group. In the interdigital patterns, the frequencies of 3rd and 4th interdigital configurations are significantly lower in our rheumatic group in both sexes. (5) *Simian line*. In the male rheumatic subjects, the frequency of this line is normal. On the contrary, it is highly frequent in the female rheumatic subjects. Consequently, the sexual difference is not marked in the rheumatic group.

In conclusion, we remarked three points in the rheumatic group: (1) increased frequency of arches in males, and that of whorls in females, (2) disappearance of the sexual difference of simian line, and (3) transversal running of palmar main lines.

Bibliographie

- Hirano, T. 1960. Untersuchungen über die Vierfinger- oder Affenfurche bei Japanern (texte en japonais). *Niigata Igakkaï Zasshi* 74 : 1526-1549.
- Kasai, K. 1951a. Dermatoglyphes digito-palmaires chez 2500 Japonais (texte en japonais). *Jap. J. Legal Med.* 3 : 140-146.
- id. 1951b. Fréquences des lignes principales des dermatoglyphes palmaires chez les Japonais, classifiées par l'ancienne méthode de Wilder et par la méthode modifiée de Cummins-Midlo (texte en japonais). *Jap. J. Legal Med.* 3 : 147-154.
- Kishi, T. et Hirai, S. 1928. Dermatoglyphes digitaux chez les Japonais. (4) Différence sexuelle des dessins digitaux et la stabilité de la différence sexuelle (texte en japonais). *Juzenkai Zasshi* 33 : 1843-1852.
- Matsunaga, E. and Matsuda, E. 1968. Sexual variation in finger pattern type and ridge counts. *Ann. Rep. Nat. Inst. Genet.* 18 : 120-121.
- Suda, A. 1935. Statistiques des dermatoglyphes digitaux chez les Japonais (texte en japonais). *Zinruigaku Zasshi* 50 : 261-278.
- id. 1943. Rapport sur les dermatoglyphes palmaires des Japonais (texte en japonais). *Zinruigaku Zasshi* 58 : 269-278.
- Turpin, R. et Lejeune, J. 1959. Etude dermatoglyphique des paumes des mongoliens et de leurs parents et germains. *Sem. Hop. Paris* 76 (29) : 1-13.

指節毛の遺伝に関する研究*

生駒 栄喜

和歌山医科大学 解剖学教室

Eiki IKOMA** : A Genetic Study on Digital Hair

Résumé

Numerous anthropological and genetic studies have been carried out on the hair of the middle segments of human fingers. The present author (1961) pointed out that there are remarkable racial and individual variations in the hair of the proximal segments of fingers, especially that of the thumb and has been led to a conclusion that the middle and proximal digital hair pattern constitutes a single genetic entity.

In this study the digital hair was investigated in 3,592 male and 3,990 female subjects. The left hand was arbitrarily chosen as the representative of each individual, because there was little difference in the digital hair pattern between the right and left hands. Table 2 shows incidences of all digital hair patterns which are denoted by segment and finger with hair, e.g. $\bar{P}_1$ denotes that the hairs are present only on the proximal segment of the 4th finger, $\bar{P}_{2345}\bar{M}_4$ on the proximal segments of the 1st to 5th fingers and the middle segment of the 4th finger, and so on. Total number of proximal and middle segments carrying hairs in each individual was treated as a quantitative character, which is assumed by a normal distribution. Then correlation coefficients (r) of the number of segment with hairs between relatives were calculated. There was no correlation, in practice, between husband and wife ($r=0.001\pm0.026$). Statistically highly significant correlations were shown between father and son ($r=0.39\pm0.02$), father and daughter ($r=0.37\pm0.03$), mother and son ($r=0.35\pm0.02$), and mother and daughter ($r=0.33\pm0.03$). A comparison of these figures may suggest that participation of X-linked or Y-linked genes, if any, is negligible. There is no indication of maternal effects, since the difference between father-child ($r=0.38\pm0.02$) and mother-child ($r=0.34\pm0.02$) correlations is not significant and the trend of the face values is opposite to the hypothesis.

Correlation coefficients between sibs are also significant, the values being 0.34 ± 0.05 for

** Department of Anatomy, Wakayama Prefectural Medical College, Wakayama
この論文の要旨は日本人類遺伝学会第6回総会 (1961 福島), 第70回日本解剖学会総会 (1965 広島), 日本人類遺伝学会第10回総会 (1965 熊本) にて報告した。
Received July 18, 1973.

brother-brother, 0.36 ± 0.06 for sister-sister, and 0.40 ± 0.04 for brother-sister, with an average 0.37. The regression coefficient of child on midparent was calculated to be 0.75 ± 0.08 . Thus, the heritability of this trait may be estimated to be 0.75. Contribution of the dominance variance to the total variance is very small ($V_D=0.04$), in contrast to a far greater additive genetic variance ($V_A=0.72$). Thus, it is concluded that the hair on the middle and proximal segments of fingers is controlled by a polygenic system with almost completely additive effects.

I. 緒 言

Danforth (1921) が手の指の中指背面の毛が個体差や人種差などを示すことに注目して、この有毛は無毛に対して優性、多毛は少毛に対して優性に遺伝すると報告してから、いくらかの人々 (Boyd and Boyd 1937, 1941, Garn 1951, Saldanha and Guinsburg 1961, Dutta 1964) はこれについて人類学的研究を行い、松永ら (1954), Matsunaga (1955), Beckman and Böök (1959) らはさらに遺伝学的にも検討を加え、Bernstein and Burks (1942), Bernstein (1949) らは中指毛が生えている指の数や、その割合に重点をおいて、この遺伝様式について研究した。中でも松永ら (1954) はこの形質を親子識別に利用できるのではないかと考えて研究した結果、中指毛の発毛は優性に遺伝し、しかも発毛のある指の数が多いもの程、より少ないものに対して優性に遺伝すると報告した。Parmar (1968) はインドの数個の部族の両手の中指毛の出現率について、部族の間に有意の差はなく、両手の差も有意でないと報告した。しかし、上記のいずれの報告にも基節の毛はすべての個体に当然あるものとみられてきた。基節の毛の個体差や、各指節ごとの発毛頻度の差などについては無視されてきた。

著者 (1958) は母指基節の指節毛について統計的に研究し、これに遺伝現象を認めた。その後、この形質には性差があることと、母指基節の中指毛を遺伝の一つの表現型とみなすことは適当でなく、あるいは、真の表現型の一部に過ぎないものを一つの表現型であるかの如くみなしたことに誤りがあると考えて、母指基節のみならず、中節および基節のすべての指節毛 digital hair (以下、d. h. と略す、Fig. 1 参照) についても研究を続行し、d. h. は 9 指節全部をまとめてこそ一つの遺伝形質の表現型であるとみなし得るものであって、これが個体ごとに量的変異を示すことに気付き、d. h. を量によって 2 分類して、両親の表現型から子の表現型の出現率を計算して、理論値と観察値の近似を見た (生駒 1961) が、この分類に不満が残った。その後、d. h. のパターン (pattern) を 9 分類して、親子の関係を検討し、高い相関が成立することと、また、子の d. h. の発毛のパターンは一定の法則に従って、両親のそれらに影響されていることを明かにした (生駒 1965)。一方、手の指それぞれの d. h. の発毛はいずれも互に深い関連があって、中節毛や母指基節の毛およびすべての d. h. から成るパターンは人類学的にもさらに興味深いものであることを知るに至った (生駒 1972)。ここにおよんで、本論文では一個体のすべての指の基節および中節の d. h. には性差があり、連続変異を示すところの一個体の遺伝形質の表現型とみなし、この形質の量的な違い、ないし発毛のパターンについて、親子の間の相関および同胞、同胞相関などから遺伝に関する研究を行い、子の表現型を両親のそれらから推算し、遺伝率を求め、変異を分析した結果を報告する。



Figure 1. Japanese male, 46 years old. Left hand with digital hair on proximal segments of all fingers and middle segments of the 3rd and 4th fingers (PasadoMa).

II. 試 料

日本人男子 3,592 名、女子 3,990 名の両手のすべての指の中節および基節の背面の毛の有無および本数について観察した。毛がなくとも毛包があれば、それを毛の本数に含めて記録した。被験者は Table 1 に示した通り、いずれも近畿地方の住民で、新生児からすべての年

Table 1. Number of Examined Subjects

Place	Male	Female
Bōzei	575	577
Hosomi	1,018	1,139
Kokawa	1,999	2,274
Total	3,592	3,990

齢を含むところの健康な男女である。Bōzei (坊勢) は兵庫県瀬戸内海の小島の漁村、Hosomi (細見) は京都府の山村、Kokawa (粉河) は和歌山県北部の農村である。なお、観察は夏季 7・8 月中に限って行った。

1. 側差 一個体の両手の対称指節の d. h. の本数はほぼ等しい。いずれの毛にもそれぞれ寿命がある。成長を中止し、そして脱毛した後、新たに発毛することを常に繰返している。従って、例えば左母指の d. h. が 3 本、右母指の d. h. が 4 本の場合、これは双方とも 4 本のもので、左では 1 本が丁度脱毛期であって、次の発毛に至っていないとか、双方とも 5 本であったものが、左では 2 本が脱毛期、右では 1 本が脱毛期であって、それぞれ

れ次の発毛に至っていない場合などであって、このような場合には d. h. に相当する毛包のみが認められる。その他、これに類する現象があり、従って、d. h. の観察には毛包、毛根ともそれぞれ1本の d. h. とされねばならない所以である。また、単なる皮膚の陥凹を毛包と見誤ったことによる誤差もあり得る。

結局、側差は極めて些少である (Parmar 1968, 生駒 1972) ので、左手の d. h. のみで個体の d. h. を代表させて、左手5指の基節と、母指を除く4指の中節、すなわち、9指節の d. h. およびその毛包をまとめた全体観を、この個体の d. h. の表現型とみなした。

2. d. h. のパターンとその分布 各個人の d. h. の発現はそれぞれのパターンを示している。で、それらについて、例えば、いずれの指節にも d. h. を全く認めない個体を $\bar{O}$ とし、第4指基節のみに d. h. を認めるものを $\bar{P}_4$ 、すべての指の基節と第4指中節に d. h. を認め

Table 2. Distribution of Digital Hair Patterns

Pattern of Digital Hair	Male		Female	
	No. observed	%	No. observed	%
$\bar{O}$	7	0.2	11	0.3
$\bar{P}_4$	1	0.0	10	0.3
$\bar{P}_3$	2	0.1	2	0.1
$\bar{P}_5$	0	0	1	0.0
$\bar{P}_{34}$	25	0.7	52	1.3
$\bar{P}_{45}$	0	0	3	0.1
$\bar{P}_{23}$	0	0	1	0.0
$\bar{P}_{24}$	64	1.8	122	3.1
$\bar{P}_{234}$	13	0.4	52	1.3
$\bar{P}_{2345}$	1,434	39.9	1,846	46.3
$\bar{P}_{12345}$	1,106	30.8	983	24.6
$\bar{P}_{2345}\bar{M}_4$	25	0.7	74	1.9
$\bar{P}_{2345}\bar{M}_5$	3	0.1	8	0.2
$\bar{P}_{2345}\bar{M}_2$	0	0	1	0.0
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_4$	328	9.1	302	7.6
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_5$	21	0.6	25	0.6
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_2$	1	0.0	3	0.1
$\bar{P}_{2345}\bar{M}_{34}$	8	0.2	26	0.7
$\bar{P}_{2345}\bar{M}_{45}$	0	0	1	0.0
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_{34}$	334	9.3	293	7.3
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_{45}$	27	0.8	16	0.4
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_{23}$	2	0.1	0	0
$\bar{P}_{2345}\bar{M}_{234}$	1	0.0	2	0.1
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_{234}$	169	4.7	138	3.5
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_{2345}$	2	0.1	1	0.0
$\bar{P}_{12345}\bar{M}_{2345}$	19	0.5	17	0.4
Total	3,592		3,990	

るものを $\bar{P}_{12345}\bar{M}_4$ 、また、すべての指の基節および中節に d. h. を認めるものを $\bar{P}_{12345}\bar{M}_{2345}$ のように表した。そして、これら d. h. のパターンの全部と、それぞれの頻度を Table 2 に示した。極めて稀なパターンをも含めて、すべてを列挙した。

ここで、 $\bar{O}$, $\bar{P}_4$, $\bar{P}_{45}$, $\bar{P}_{2345}$, $\bar{P}_{12345}$, $\bar{P}_{2345}\bar{M}_4$, $\bar{P}_{12345}\bar{M}_{45}$, $\bar{P}_{12345}\bar{M}_{2345}$ はそれらとともに並べられた他のパターンに比して頻度が特に高い。これは d. h. の発毛頻度が基節の第4と第3指、次いで第5, 2, 1指、中節の第4, 3, 5, 2指の順に高い現象 (生駒 1972) から当然起り得る結果である。例えば、 $\bar{P}_{234}$ の個体は極めて少いのに対して、 $\bar{P}_{45}$, $\bar{P}_{2345}$ は極めて多い。これは $\bar{P}_{45}$ や $\bar{P}_{2345}$ は9指節のうち、発毛頻度の最も高い $\bar{P}_4$ (第4指基節を表す、以下同じ) と $\bar{P}_5$ から、 $\bar{P}_3$, $\bar{P}_2$ と、順序に従って発毛したパターンであって、 $\bar{P}_{234}$ は $\bar{P}_{45}$ か、あるいは $\bar{P}_{2345}$ の変異形と考えられる。そしてこれらは極めて少いのので、以下の分析に与える影響も極めて少いと考えられるところから、変異形と思われるものをも含めて、すべての d. h. のパターンを簡単な数値で表すために、いま、d. h. が発毛している指節の数をもって、その個体の d. h. のパターンを表す数値とすると、 $\bar{O}$ は 0, $\bar{P}_4$, $\bar{P}_{45}$ は 1, $\bar{P}_{234}$ などは 2, ..., $\bar{P}_{12345}\bar{M}_{2345}$ は 9 となる。

d. h. の本数は、本来、不連続変数であり、個体ごとの d. h. の発毛指節数も不連続であるが、あたかも連続変数であるかの如くに取扱うことができる。従って、これらの各パターンの頻度を、性別、地域別に Table 3 に表示し、それぞれの発毛指節数の平均値 ($\bar{x}$) および分散 (V) を併記した。

3. 地域差、年齢差、性差 Table 3 により、男女それぞれの各地域群の平均値 ($\bar{x}$) の差を検定の結果、女子の細見と粉河の間に僅な有意差 ($t=2.18$, $0.05>P>0.01$) を認めた他、いずれの間にも有意の差を認めない。

分散を F 検定の結果、男女とも、細見は他の二群のいずれより特に小である。これは山

Table 3. Frequencies, Variances and Means of Digital Hair Pattern by Area of Residence and Sex.

No. of segment with d. h.	Male				Female			
	Bozei	Hosomi	Kokawa	Bozei	Hosomi	Kokawa	Hosomi	Kokawa
0	2	1	4	2	1	8	1	8
1	0	1	2	2	6	5	6	5
2	5	5	15	14	14	28	14	28
3	15	17	45	32	54	88	54	88
4	224	383	827	259	516	1,071	516	1,071
5	183	372	579	151	343	572	343	572
6	57	102	199	49	100	208	100	208
7	56	87	221	44	74	193	74	193
8	29	47	95	22	27	90	27	90
9	4	3	12	2	4	11	4	11
Total	575	1,018	1,999	577	1,139	2,274	1,139	2,274
V	1.7128	1.4320	1.7028	1.7308	1.3823	1.6792	1.3823	1.6792
$\bar{x}$	4.9878	4.9882	4.9920	4.7019	4.6927	4.7876	4.6927	4.7876

P<0.001) あり、男女の分散はほぼ一致している。

4. 発毛指節数の分布 男女別に、坊勢、細見、粉河の試料を合併して、発毛指節数の分布を Fig. 2 に示した。発毛指節数は不連続の数であるが、指節毛は全く毛のない 0 から、

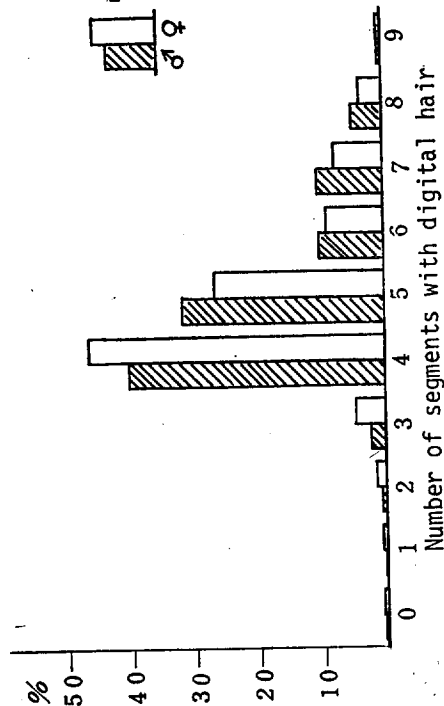


Figure 2. Distribution of digital hair patterns for 3,592 males and 3,990 females.

9 指節全部に発毛する $\bar{P}_{123456789}$ までの連続的な量的変異を表す形質であって、当然、Polygenic system に従うと考えられ、従って、二項分布するものと想定される。二項分布は n が大になれば正規分布に近づくから、この試料は正規分布すると仮定できる。従って、変異の分析が可能である。

5. 家系資料 すべての試料について、予め戸籍および住民票をもとにして、夫婦、親子ならびに同胞の関係を明かにし、さらに当地の役場職員および古老の協力によって誤りを正した上で、近親間の相関および変異の分析に備えた。

親子の相関係数の計算に際して、2 人以上の子の親は重複して計算された。また、1 個体が親としてと、子としての 2 度に数えられることもあったため、いくらか正確さを欠くことが避けられなかった。特に標準誤差は真の値より過小に計算されただろう。同胞相関の計算では、その対象になる同胞が 3 名以上の場合には、年長の 2 名を採って計算した。

III. 家系資料の考察

両親の d. h. の発毛指節数の組合せと、子の発毛指節数との関係を家系資料から要約して

Table 4. Frequencies, Variances and Means of Digital Hair Pattern in Males by Age

No. of segment with d.h.	Age groups (years)										Total
	0-4	5-9	10-14	15-19	20-24	25-29	30-39	40-49	50-59	60-69	70-
0			2	1	1	2	1				7
1		1					1			1	3
2	4		2	2	1		4	6	1	5	25
3	5	4	9	6	4	2	11	8	8	11	77
4	85	179	173	135	60	86	188	154	161	123	1,434
5	76	157	145	101	56	60	144	142	107	85	1,134
6	20	47	43	37	18	28	55	41	37	16	358
7	32	42	53	38	25	30	52	36	32	17	364
8	6	18	24	25	15	11	20	17	13	16	171
9	1	3	1	1	1		8	2	2		19
Total	229	451	452	346	181	217	480	406	366	269	3,592
V	1.5677	1.4100	1.6887	1.8169	2.0426	1.5510	1.7729	1.5569	1.5163	1.4673	1.6277
$\bar{x}$	4.9956	5.0133	5.0398	5.0983	5.2265	5.1429	5.0646	4.9532	4.8716	4.8141	4.9903

Table 5. Frequencies, Variances and Means of Digital Hair Pattern in Female by Age

No. of segment with d.h.	Age groups (years)										Total
	0-4	5-9	10-14	15-19	20-24	25-29	30-39	40-49	50-59	60-69	70-
0			1	1	1	4			2	1	2
1		2	1	1	1		1		3	2	13
2		5	6	7	4	6	7	4	6	4	56
3	7	22	19	16	9	9	20	24	20	14	174
4	97	198	212	139	109	119	253	264	216	145	1,846
5	65	122	118	90	49	54	168	142	125	79	1,066
6	15	43	46	26	32	24	58	43	28	14	357
7	18	29	48	36	21	15	55	25	31	17	311
8	9	9	22	19	9	12	19	12	17	6	140
9	1	2	2	2	2	1	1	2	2		16
Total	214	433	474	337	236	244	582	516	450	296	3,990
V	1.5013	1.4285	1.7287	2.0051	1.7843	2.0087	1.4835	1.1846	1.6377	1.3411	1.8683
$\bar{x}$	4.8364	4.6905	4.8819	4.8872	4.8559	4.6680	4.8471	4.6376	4.6733	4.6014	4.5817

間部と比較的孤立した集団であるためである。

さらに、男女の年齢別の発毛指節数の分布と、その平均値 (x) および分散 (V) を Table 4 と 5 に示した。各年齢群の平均値と全標本の平均値の差を校定の結果、男子の 60 歳以上はやや小さく、その差は有意であるが、その他の年齢群および女子のすべての年齢群では有意の差を認めない。

男子の発毛指節数の平均値は女子のそれより 0.24 大であって、その差は有意で (t=8.08,

Table 6. Distribution of Digital Hair Patterns in Offspring by Parental Value

Parental Combination Father x Mother	No. of Pairs	Male Offspring										Female Offspring									
		0*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
0x3	1																				
0x4	1																				
0x7	1																				
1x2	1	1																			
1x4	1																				
2x3	1																				
2x4	5																				
2x5	3																				
2x7	3																				
3x4	16																				
3x5	9																				
3x7	3																				
3x8	1																				
4x0	1																				
4x1	3																				
4x2	8																				
4x3	18																				
4x4	269																				
4x5	142																				
4x6	50																				
4x7	45																				
4x8	19																				
5x0	1																				
5x1	1																				
5x2	7																				
5x3	15																				
5x4	183																				
5x5	125																				
5x6	31																				
5x7	31																				
5x8	6																				
5x9	3																				
6x0	2																				
6x2	1																				
6x3	8																				
6x4	59																				
6x5	40																				
6x6	10																				
6x7	12																				
6x8	2																				

Table 6 continued

7x3	4	1	1	1	4	2
7x4	63	24	20	7	13	5
7x5	30	5	7	5	16	3
7x6	9	1	1	3	2	1
7x7	8	3	1	3	1	1
7x8	6	1	1	1	1	3
8x3	4	1	1	1	2	1
8x4	28	3	7	4	7	3
8x5	17	2	7	2	5	2
8x6	4	3	2	1	1	1
8x7	3	1	1	3	2	1
8x8	2	1	1	1	1	1
9x3	2	1	1	1	2	1
9x4	4	1	1	1	1	1
9x5	1	1	1	1	1	1
9x6	2	1	2	1	1	1
9x7	1	1	1	1	1	1
Total	1,326					
* No. segments with digital hair						

Table 6 に示した結果, 次の事実が認められた.

1. 両親とも 0 から 3 までのいずれかの場合, 6 から 9 までの子は全くない.
2. 両親とも 6 から 9 までのいずれかの場合, 0 から 3 までの子は全くない.
3. 両親の一方が 0 から 3 までのいずれかの場合, その子の大部分は 0 から 5 までのいずれかである.
4. 両親の一方が 6 から 9 までのいずれかである場合, その子の大部分は 4 から 9 までのいずれかである.

以上によっても, 0 から 9 までの発毛指節数による分類は d. h. のパターンとの適切な分類として意義があり, かつ, 遺伝の表現型としての分類として適切であると考えられる.

IV. 近親間の相関

d. h. の発毛指節数に関して, 近親間の相関表 (Table 7~11) を示し, それぞれの相関係数 (r) を計算した. また, 親の発毛指節数ごとに子の発毛指節数の平均値を併記し, 親に対する子の回帰を求めて図示した (Fig. 3~6). 標準誤差は $\sqrt{\frac{1-r^2}{n-1}}$ を用いて計算した (n は調査組数).

1. 夫婦相関 (Table 7) $r=0.001 \pm 0.026$ は検定の結果, 母集団相関係数を零と仮定したとき, それとの間に有意の差を認めない. すなわち, d. h. の発毛指節数に関して無選択に結婚していること, および結婚後の環境に基因する非遺伝性の変異がほとんどないといわれ

Table 7. Correlation between Husband and Wife for Number of Segments with Digital Hair (d.h.)

Husband \ Wife	Number of segments with d.h.										Total
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
9				2	5	1	2	1			11
8				4	30	17	6	3	2		62
7		1		5	68	31	9	9	6		129
6		2		1	8	65	43	11	13	3	146
5		1	1	7	16	199	134	37	35	10	443
4		1	3	8	20	302	154	53	47	19	607
3				1	18	10		3	1		33
2				1	1	5	3	3			13
1				1	1						2
0					1	1			1		3
Total	5	4	19	57	694	393	118	115	41	3	1,449

る。

2. 親子相関 親子の相関係数を Table 12 にまとめた。いずれも有意の相関が認められる。父と息子との間に有意の相関が認められること ($t=16.29, P<0.001$) より、d.h. の発毛指数に関して、X 連鎖遺伝子の関与は大きくないとみられる。

父と娘の間に有意の相関が認められること ($t=13.50, P<0.001$) より、Y 連鎖遺伝子の影響は認められない。

母・息子と母・娘を合併した母と子の相関係数 (0.34 ± 0.02) と父・息子と父・娘を合併した父と子の相関係数 (0.38 ± 0.02) を Z 変換 (Snedecor, 1956) して検定した結果、その差が有意でないことより、母体環境の影響は証明できない。

父・息子と父・娘の両相関係数の間、および母・息子と母・娘の両相関係数の間を、それぞれ Z 変換して検定した結果、有意の差を認めない。

3. 平均親への子の回帰 両親の発毛指数の平均値、すなわち平均親 (Midparent) と息子および娘の相関係数 (Table 13) を示し、息子と娘の平均親への回帰を求めて図示し (Fig. 7, 8)、さらに性差 (0.24) を修正して、娘を息子に合併し、子の平均親に対する回帰を求めて図示 (Fig. 9) した。回帰係数は 0.75 ± 0.08 である。親子の 4 組の相関係数の平均値の 2 倍は 0.72 で、回帰係数に含まれる。これより狭義の遺伝率 heritability は 0.75 と推定される。

4. 同胞相関 兄弟 (r_{bb})、姉妹 (r_{ss}) および男女同胞間 (r_{bs}) の相関係数を Table 14 に示した。

r_{bb} と r_{ss} ($t=0.28, 0.8>P>0.7$)、 r_{bs} と r_{ss} ($t=0.65, 0.6>P>0.5$)、 r_{bb} と r_{bs} ($t=1.04$,

Table 8. Correlation between Father and Son for Number of Segments with Digital Hair (d.h.)

Son \ Father	Number of segments with d.h.										Total	Mean of sons
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
9						2	1	3	4	1	11	7.09
8					6	15	7	19	12	2	61	6.36
7					29	33	17	36	12	3	130	5.83
6				1	34	54	26	25	14		154	5.53
5			1	4	147	187	49	47	12	2	449	5.06
4			1	4	11	315	173	53	50	14	621	4.75
3		1	1	2	18	10	1	2	2		37	4.46
2				2	10	2	1				15	4.13
1		1									2	2.00
0					1	1					2	3.50
Total	2	2	5	21	561	476	155	182	70	8	1,482	5.08

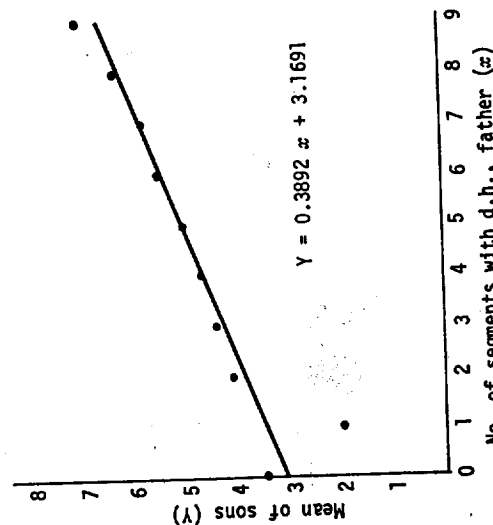


Figure 3. Regression of number of segments with digital hair (d.h.) of son on father.

Table 9. Correlation between Father and Daughter for Number of Segments with Digital Hair (d.h.)

Daughter Father	Number of segments with d.h.										Total	Mean of daughters
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
9				1	2	1	5	2			11	6.45
8				13	16	6	10	5	2		52	5.69
7			1	28	24	16	15	14			98	5.59
6		1	1	39	33	17	18	9			118	5.29
5			2	15	153	132	38	35	12	2	389	4.90
4	1	1	10	23	251	92	31	20	8	2	439	4.47
3	2	1	6	5	16	3	2				35	3.40
2			1	2	3						6	3.33
1			1								1	3.00
0				1		1					2	4.00
Total	3	3	21	47	504	303	111	103	50	6	1,151	4.83

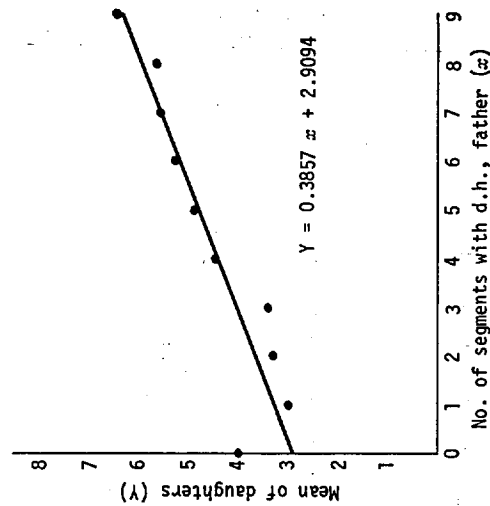


Figure 4. Regression of number of segments with digital hair (d.h.) of daughter on father.

Table 10. Correlation between Mother and Son for Number of Segments with Digital Hair (d.h.)

Son Mother	Number of segments with d.h.										Total	Mean of sons
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
9					1		1		1		3	6.00
8					4	10	8	15	11	1	49	6.45
7			2	24	38	24	31	12	3		134	5.79
6			1		23	43	20	30	15	1	133	5.77
5					141	196	58	64	18	3	481	5.22
4	1	1	5	19	399	237	59	69	25	1	816	4.77
3			2	3	38	16	3	1	3		66	4.45
2	1		1	1	6	5					14	3.86
1					8						8	4.00
0					4			1			5	4.60
Total	2	2	9	25	648	545	173	211	85	9	1,709	5.08

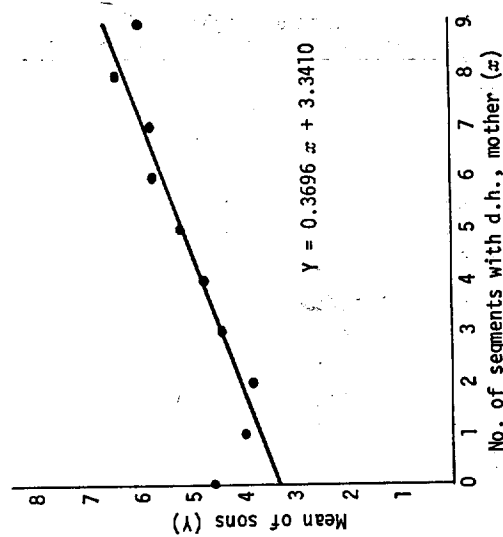


Figure 5. Regression of number of segments with digital hair (d.h.) of son on mother.

Table 12. Correlations between Parents and Children for Number of Segments with Digital Hair

	No. of pairs	Correlation coefficient
Father-son	1,482	0.39 ± 0.02
Father-daughter	1,151	0.37 ± 0.03
Father-child	2,633	0.38 ± 0.02
Mother-son	1,709	0.35 ± 0.02
Mother-daughter	1,288	0.33 ± 0.03
Mother-child	2,977	0.34 ± 0.02
Husband-wife	1,449	0.001 ± 0.026

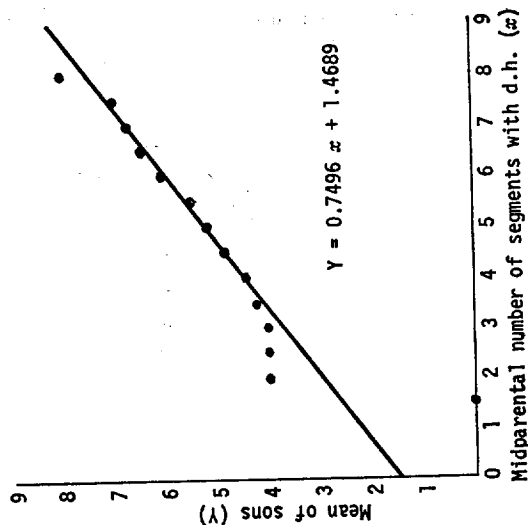


Figure 7. Regression of number of segments with digital hair (d.h.) of sons on midparental value. Observed means and fitted straight line are shown.

Table 11. Correlation between Mother and Daughter for Number of Segments with Digital Hair (d.h.)

Daughter Mother	Number of segments with d.h.										Total	Mean of daughters
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
9					1	1	1	2	2	1	7	7.00
8					5	6	5	6	6		28	6.07
7				1	25	25	20	17	10	2	100	5.65
6			2	34	26	18	16	7	1		104	5.34
5		1	6	7	126	110	32	34	14	1	331	4.95
4	2	1	10	35	320	151	40	43	15	2	619	4.59
3		1	2	5	32	8	4	3	1		56	4.30
2			3	2	9	2					16	3.63
1					1	4					5	3.80
0						1	1				2	4.50
Total	2	3	23	51	557	329	120	121	55	7	1,268	4.85

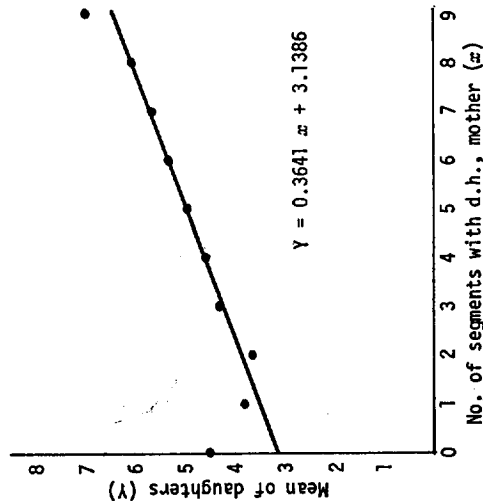


Figure 6. Regression of number of segments with digital hair (d.h.) of daughter on mother.

Table 13. Midparent-Child Correlations for Number of Segments with Digital Hair (d.h.). Means of Sons and Daughters are Added by Midparental Value

Midparental value	No. of pairs	Number of segments with d.h. of sons	Mean of sons	Number of segments with d.h. of daughters	Mean of daughters
1.5	2	0	1	0	2
2.0	2	1	1	1	1
2.5	6	4	4	2	3
3.0	16	1	15	2	10
3.5	45	1	46	1	48
4.0	294	2	316	1	230
4.5	336	3	353	2	284
5.0	241	1	257	2	219
5.5	184	48	197	49	143
6.0	120	18	134	23	100
6.5	48	5	49	4	43
7.0	18	1	18	1	12
7.5	11	1	11	1	12
8.0	3	1	4	2	2

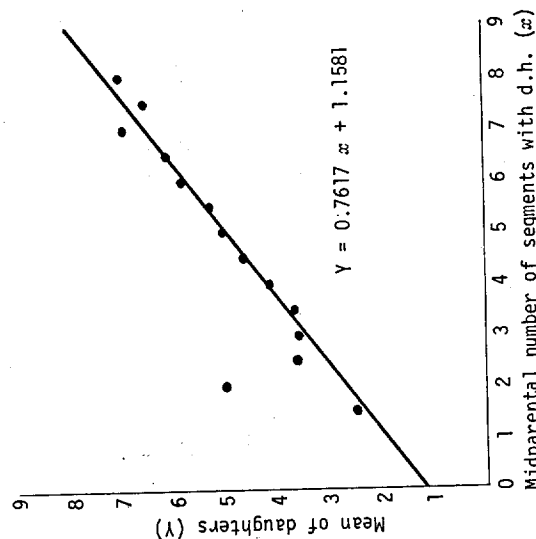


Figure 8. Regression of number of segments with digital hair (d.h.) of daughters on midparental value. Observed means and fitted straight line are shown.

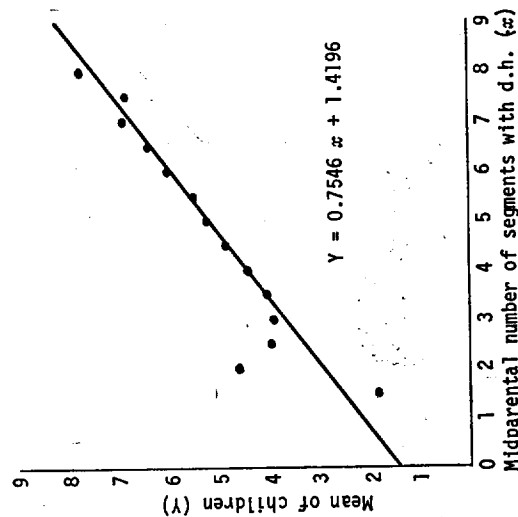


Figure 9. Regression of number of segments with digital hair (d.h.) of children on midparental value. Observed means and fitted straight line are shown.

Table 14. Sib-Sib Correlations for Number of Segments with Digital Hair

	No. of pairs	Correlation coefficient
Brother-brother	378	0.34±0.05
Sister-sister	279	0.36±0.06
Brother-sister	560	0.40±0.04
Average		0.37

$P=0.3$ いずれの間の差も有意でない。

親子相関 (r_{po})、同胞相関 ($r_{oo'}$) と相加分散 (V_A)、優性分散 (V_D) との間には次の関係がある (Falconer, 1957)

$$r_{po} = \frac{1}{2} V_A$$

$$r_{oo'} = \frac{1}{2} V_A + \frac{1}{4} V_D$$

$$\text{従って } r_{oo'} - r_{po} = \frac{1}{4} V_D$$

r_{po} に親子の4組の相関係数の平均値 (0.36) を、 $r_{oo'}$ に同胞間の3組の相関係数の平均値 (0.37) を代入し $V_D=0.04$ が得られた。

V. 考 察

中節毛として、手の母指以外の4指の中節の毛を人種的特徴として、種々の報告がなされた他、これを遺伝形質として、不連続形質とみなした分析結果についての報告はある。しかし、これらはこの形質の本質を把握しているとは言えない。

指節毛は中節毛の他に、5指の基節をも含めた9指節の毛をまとめた全体観を一つの量的形質とみなすべきである。そして、その変異が連続的であって、親子の間に高い相関があることから、この形質は多数の座の遺伝子 (Polygene) の支配を受ける量的遺伝形質であると想定される。

Polygenic system ならば二項分布から、男女別に期待値を求めて観察値と比較したのが一致しなかった。しかし、その内容を検討すると、ほとんどが一致している中で、不一致の原因は、2と3の観察値が過小で、4の観察値が過大であり、しかも観察値の2, 3, 4の合計が期待値の2, 3, 4の合計にはば一致していることから、この形質は多数の座の遺伝子の支配を受け、当然、二項分布しながらも、Polygeneの座の数があまり多くなくて、発毛を促す遺伝子と、発毛を抑える遺伝子の偏在の結果、部分的に不一致を来したものと考えられる。二項分布は n が大になれば正規分布に近づくから、この形質は正規分布すると仮定できる。従って変異の分析が可能になった。

結局、指節毛は常染色体上にあるところの余り多くない Polygene の支配を受ける量的遺伝形質である。相加分散が 0.72、優性分散が 0.04 であることから、その変異は遺伝子の優劣関係によって生じる変異をほとんど含まず、変異の大きさは遺伝子の数に比例し、それらの作用の強さに関して相加的であり、遺伝率 0.75 であるところの遺伝的効果が証明された。

VI. 要 約

指節毛に関する人類学的ならびに遺伝学的研究は従来から行われて来たが、いずれも、手の指の中節の毛のみについてであった。手の指の基節の毛にも顕著な人種差や個体差があることから、中節および基節のすべての指節毛をまとめて、個体の一つの遺伝の表現型であるとして、これらの遺伝に関する研究を行った。

両手の指節毛は全く等しいので、左手の基節および中節の9指節の毛を一つの量的形質とみなし、毛がある指節の数によって個体の指節毛を 0~9 に分類し、男子 3,592 名、女子 3,990 名について検討した結果、この形質は正規分布することが仮定でき、従って変異の分析が可能になった。

発毛指節数に関して、近親間の相関係数を計算した。夫婦の相関係数は 0.001 ± 0.026 で、相関が認められないのに対して、父と息子 (0.39 ± 0.02)、父と娘 (0.37 ± 0.03)、母と息子 (0.35 ± 0.02)、母と娘 (0.33 ± 0.03) それぞれの間に高い相関があり、父・息子の相関係数より X 連鎖遺伝子の関与が大きいとみられ、父・娘の相関係数より Y 連鎖遺伝子の影響が認められない。また、母と子の相関係数と父と子のそれとの間に有意の差がないことから、母体環境の影響が証明されない。

平均親に対する子の回帰係数は 0.75 ± 0.08 である。親子の4組の相関係数の平均値の2倍は 0.72 で、回帰係数に含まれる。従って、狭義の遺伝率は 0.75 と推算される。

兄弟 (0.34 ± 0.05)、姉妹 (0.36 ± 0.06)、男女同胞 (0.40 ± 0.04) それぞれ同胞間の相関係数より、相加分散が 0.72、優性分散が 0.04 と推算される。

すなわち、発毛指節数に関して指節毛は、常染色体上にあって遺伝子の座の数が余り多くないところの Polygene の支配を受け、その遺伝率は 0.75、変異は主として相加的であると結論できる。

VII. 謝 辞

この研究の企画にあたっては奈良医科大学名誉教授故上田常吉先生の御慈愛溢れる御指導を賜った。御霊前に小著を献じ、御冥福を祈るとともに深甚の謝意を捧げる。

大阪市立大学・島五郎名誉教授からは貴重な御助言を頂き、試料蒐集にも御配慮を賜った。その他、試料蒐集に際しては京都府・筒井司博士、和歌山県粉河町長・依岡明氏、同町・山畑慧位子嬢らを初め、各地の万に余る方々の御理解ある御協力を賜った。

本論文の完成に当って、国立遺伝学研究所・松永英部長、東京医科歯科大学・田中克己教授から貴重な御助言を賜った。

筆を擱くにあたり、感謝の念が泉の如く湧き出でるを覚え、深甚の謝意を捧げる。

文 献

- Beckman, L. and B66k, J. A. 1959. Distribution and inheritance of middigital hair in Sweden. *Hereditas (Lund)* 45 : 215-220.
- Bernstein, M. E. 1949. The middigital hair genes. *J. Heredity* 40 : 127-131.
- Bernstein, M. M. and Burks, B. S. 1942. The incidence and mendelian transmission of middigital hair in man. *J. Heredity* 33 : 45-53.
- Boyd, W. C. and Boyd, L. G. 1937. New data on blood and other inherited factors in Europe and Egypt. *Am. J. Phys. Anthropol.* 23 : 49-70.
- Boyd, W. C. and Boyd, L. G. 1941. Data for testing linkage on 500 pairs of sibs. *Ann. Eugen. Lond.* 2 : 1-9.
- Danforth, C. H. 1921. Distribution of hair on the digits in man. *Am. J. Phys. Anthropol.* 4 : 189-204.
- Dutta, P. C. 1964. Middle phalangeal hair among some populations of Madhya Pradesh, India. *Z. Morph. Anthropol.* 55 : 303-310.
- Falconer, D. S. 1960. *Introduction to Quantitative Genetics*. The Ronald Press Co., New York.
- Fisher, R. A. 1958. *Statistical Methods for Research Workers*, 13th ed. Oliver and Boyd, Edinburgh.
- Garn, S. M. 1951. The use of middle phalangeal hair in population studies. *Am. J. Phys. Anthropol.* 9 : 325-333.
- 生駒栄喜. 1958. 母指節背側毛生の遺伝学的研究. 人遺誌. 3 : 146-155.
- 生駒栄喜. 1961. 手指背面の毛生の人類学および遺伝学的研究. 人遺誌. 6 : 188-189.
- 生駒栄喜. 1965. 指節毛の量の遺伝. 人遺誌. 10 : 138.
- 生駒栄喜. 1972. 指節毛に関する人類学的研究. 人類誌.
- 松永英・鈴木利一・杉本良一・川島永太郎. 1954. 日本人における Mid-digital Hair の分布と遺伝について. 札幌医誌. 6 : 250-253.
- Matsunaga, E. 1955. Erbbiologische Untersuchung der Fingermittelgliedbehaarung bei Japanern und Deutschen. *Z. menschl. Vererb.-u. Konstitutionslehre* 33 : 465-469.
- Parmar, P. K. 1968. The distribution of middle phalangeal hair among Gorkhas. *Acta Genet. Basel* 18 : 70-77.
- Saldanha, P. H. and Guinsburg, S. 1961. Distribution and inheritance of middle phalangeal hair in a white population of Sao Paulo, Brazil. *Hum. Biol.* 33 : 237-249.
- Snedecor, G. W. 1956. *Statistical Methods*, 5th ed. The Iowa State Univ. Press., Ames.

An Average Mutation Rate in Man¹

Norikazu YASUDA

Division of Genetics, National Institute of Radiological Sciences, Chiba 280, Japan

Introduction

The average mutation rate in man currently estimated from genetic literatures, including rates of autosomal dominants and recessives and of sex-linked recessives, converges to an estimate per generation per locus of approximately 3×10^{-5} . Some authors, however, warned that this estimate could be too high (Crow, 1961; Penrose, 1961; Vogel, 1965; Cavalli-Sforza and Bodmer, 1971). In fact, several sources of error tend to inflate mutation rate estimates per single locus. The direct method, used first by Penrose (Gunther and Penrose, 1935), which simply consists in counting all sporadic carriers of a dominant disease in a population, is subject to the necessity to ascertain the trait concerned completely in a population of some millions. Accuracy of diagnosis is also required. Phenocopies and somatic mutations may be mistaken as true mutations. Many similar phenotypes may be due to mutations at more than one locus, for example, about seventy different hereditary deafnesses being reported (McKusick, 1972). The so-called indirect method was introduced by Haldane (1935) in a mutation rate estimate for haemophilia. This method, besides the pitfalls as seen in the direct method, has to assume not only a genetic equilibrium between mutation and selection, but also no deleterious effect on heterozygotes, and information on the fitness of a heterozygote relative to that of a normal homozygote is not easy to obtain.

There is, however, a more serious source of error; that is, the fact that the sample of mutation rates is very probably biased. In other words, the observed mutation rates are selected highly upward. It was Cavalli-Sforza and Bodmer (1971) who have emphasized this bias and have tried to correct it, examining a lognormal distribution of sex-linked recessive mutation rates. They obtained an estimate 3.1×10^{-7} per locus per generation, a hundredth the one currently accepted. In the present short note, an attempt is made to re-examine the distribution of mutation rates as a gamma type. Then, an average mutation rate in man was evaluated from the moment of the gamma distribution.

¹ This work was carried out as part of the Japanese International Biologic Program.
Received June 9, 1973.