

News Release



令和3年9月21日

各報道機関文教担当記者 殿

パレオゲノミクスで解明された日本人の三重構造

金沢大学人間社会研究域附属古代文明・文化資源学研究センターの覚張隆史助教、中込滋樹客員研究員（ダブリン大学助教）、ダブリン大学のダニエル・ブラッドレイ教授、鳥取大学の岡崎健治助教、岡山理科大学の富岡直人教授、富山県埋蔵文化財センターの河西健二所長、船橋市飛ノ台史跡公園博物館の畑山智史学芸員、愛南町教育委員会の松本安紀彦氏らの国際共同研究グループは、日本列島の遺跡から出土した縄文人・弥生人・古墳時代人のパレオゲノミクス解析を行い、現代における日本人集団のゲノムが3つの祖先集団で構成されていることを世界で初めて明らかにしました。

本研究では、日本列島の遺跡出土人骨から新たに12個体（縄文人9個体・古墳人3個体）のゲノムデータの取得に成功しました。これらのデータに加え、既報の縄文人および弥生人のゲノムデータと大陸における遺跡出土古人骨のゲノムデータを用いて、大規模な集団パレオゲノミクス解析を実施しました。その結果、縄文人の祖先集団はおおよそ20,000～15,000年前に大陸の基層集団から分かれ、初期集団は1,000人程度の小さな集団サイズを維持していたことが分かりました。そして、弥生時代には北東アジアに起源をもつ集団が、古墳時代には東アジアの集団がそれぞれ日本列島に渡ってきたことが明らかとなりました。本研究では、自然人類学においてこれまで主流であった「日本人の二重構造モデル」をさらに発展させた、「日本人の三重構造モデル」を新たに提唱しました。これらの知見は、今後日本列島に眠る膨大な遺跡出土古人骨のゲノムデータから日本人の成り立ちを探る上での基盤データとして活用されることが期待されます。

本研究成果は、2021年9月17日午後2時（米国東部標準時間）に国際学術誌『*Science Advances*』のオンライン版に掲載されました。

【研究の背景】

日本人の起源に関する研究は、自然人類学や考古学において様々なモデルが提唱されてきました。日本の先史時代は、縄文時代・弥生時代・古墳時代に区分されており、先史時代人の起源の解明は、これまで日本列島に居住していた人々と我々現代人の関係を考える上で極めて重要な研究テーマと言えます。自然人類学におけるその主たるモデルとして、埴原和郎が1991年に提唱した「日本人の二重構造モデル (Dual structure model)」(※1)があります。これは縄文人(狩猟採集)と弥生人(稲作)という文化的な対立構造を表現するとともに、それら2つの異なる祖先が現代の日本人集団に受け継がれているとするものでした。一方、考古学的知見に目を向けると、弥生時代に続く古墳時代においても、土器や青銅器など物質文化だけでなく、家畜動物である馬の飼育が始まるなど、生業における大きな変化が生じています。これらのことから、古墳時代には、弥生時代に移住してきた集団とは異なる地域からの渡来があった可能性が指摘されています。また、約16,000年前から約3,000年前と長期にわたって続いた縄文時代においても、大陸からのヒトの流入の可能性が指摘されているものの、その実態については明らかではありませんでした。

先史時代人の起源を解明する1つの方法として、近年パレオゲノミクス(※2)が強力なツールとして利用されています。パレオゲノミクスを応用することで、かつて日本列島で生活していたヒトがもつ全DNA配列である約30億塩基の遺伝情報(ヒトゲノム)を取得することが可能となります。そこで本研究では、縄文人・弥生人・古墳人だけでなく大陸の遺跡出土古人骨のゲノムデータも含めて比較・解析することで、狩猟採集から農耕、そして国家の形成に至る過程で起こった人類集団の移動及び混血を明らかにすることを目的としました。それにより、現代の日本人集団の起源が従来の「二重構造モデル」によって説明され得るものかどうかを実証的に検証しました。

【研究成果の概要】

本研究では、日本列島の遺跡出土古人骨から新たに12個体のゲノムデータの取得に成功しました。特に、縄文時代においては、早期から晩期の幅広い時間軸に加え、列島規模での比較が初めて可能となりました。分析対象とした遺跡は、縄文時代早期の上黒岩岩陰遺跡(愛媛県久万高原町)、縄文時代前期の小竹貝塚(富山県富山市)および船倉貝塚(岡山県倉敷市)、縄文時代後期の古作貝塚(千葉県船橋市)、縄文時代後期の平城貝塚(愛媛県愛南町)、古墳時代終末期の岩出横穴墓(石川県金沢市)の6遺跡です。これらのデータに加え、すでに先行研究で公開されている縄文人ゲノムである縄文後期の船泊貝塚(北海道・礼文島)および縄文晩期の伊川津貝塚(愛知県・田原市)、弥生人ゲノムである弥生中期の下本山岩陰遺跡(佐賀県佐世保市)、さらには大陸における遺跡出土古人骨を含め、集団パレオゲノミクス解析を実施しました(図1)。

まず、先史時代における文化の転換に伴うゲノム多様性の変遷を評価しました。その結果、縄文人・弥生人・古墳人と時代を追うごとに、大陸における古人骨集団との遺伝的近縁性が強くなっていく傾向が示されました(図2)。つまり、弥生人や古墳人は大陸集団に由来する祖先を受け継いでいると考えられます。一方、縄文人は大陸集団とは明確に異なる遺伝的特徴を有していることが示されました。さらに、縄文時代早期の上

黒岩岩陰遺跡のゲノムデータを用いてシミュレーション解析（※3）を行った結果、およそ 20,000～15,000 年前に縄文人の祖先集団が大陸の基層集団から分かれ、その後、少なくとも縄文早期までは極めて小さな集団を維持してきたことが示されました。そして、渡来民による稲作文化がもたらされたとされている弥生時代には、北東アジアを祖先集団とする人々の流入が見られ、縄文人に由来する祖先に加え第2の祖先成分が弥生人には受け継がれていることが分かりました。しかし、古墳人には、これら2つの祖先に加え東アジアに起源をもつ第3の成分が存在しており、弥生時代から古墳時代に見られた文化の転換において大陸からのヒトの移動及び混血が伴ったことがわかりました（図3）。これら3つの祖先は、現代日本人集団のゲノム配列にも受け継がれています（図3）。以上のことから、本研究は、パレオゲノミクスによって日本人ゲノムの「三重構造」を初めて実証しました。

【今後の展開】

本研究では、日本列島の様々な地域・時代における遺跡出土古人骨に関して、非常に高い確率でゲノムデータを取得することに成功しました。日本列島には膨大な数の遺跡出土古人骨が存在します。これら古人骨資料をパレオゲノム研究に再活用することによって、これまでの単純化されたモデルからより複雑なモデルが構築されていくことが期待されます。今回の研究で提示した「日本人ゲノムの三重構造」も、今後列島規模のパレオゲノムデータが得られることで、同じ時代内あるいは異なる地域間におけるヒトの移動や混血の実態をより正確に復元できると考えられます。また、1つの遺跡から数十～数千個体と多数の人骨が埋葬されている事例もあります。そして、1遺跡内でより多くの個体のゲノムデータを取得することで、血縁関係や親族構造を実証的に評価することも可能となります。これまでは考古学におけるモノ・コトといった間接的なデータから先史時代の人々の親族論・婚姻システムなどが推察されてきました。これまで提示されてきた多くの考古学的仮説に対して、我々はパレオゲノミクスによってその再評価を推し進めていきます。

本研究は、「金沢大学超然プロジェクト」「日本学術振興会科学研究費助成事業 JP18H00755・JP19K06871・JP20H05129・JP20H05822」，「2018年度住友財団基礎科学研究助成」，「ウェルカムトラスト ISSF」，「ウェルカムトラストバイオメディカルリサーチパートナーシップインベスティゲーターアワード」，文化庁「地域の特色ある埋蔵文化財活用事業」の補助金で実施している，富山県埋蔵文化財センターの「小竹貝塚研究プロジェクト」の支援を受けて実施されました。

縄文 弥生 古墳

- 新たなゲノムデータ
- △ 既に公開されているゲノムデータ

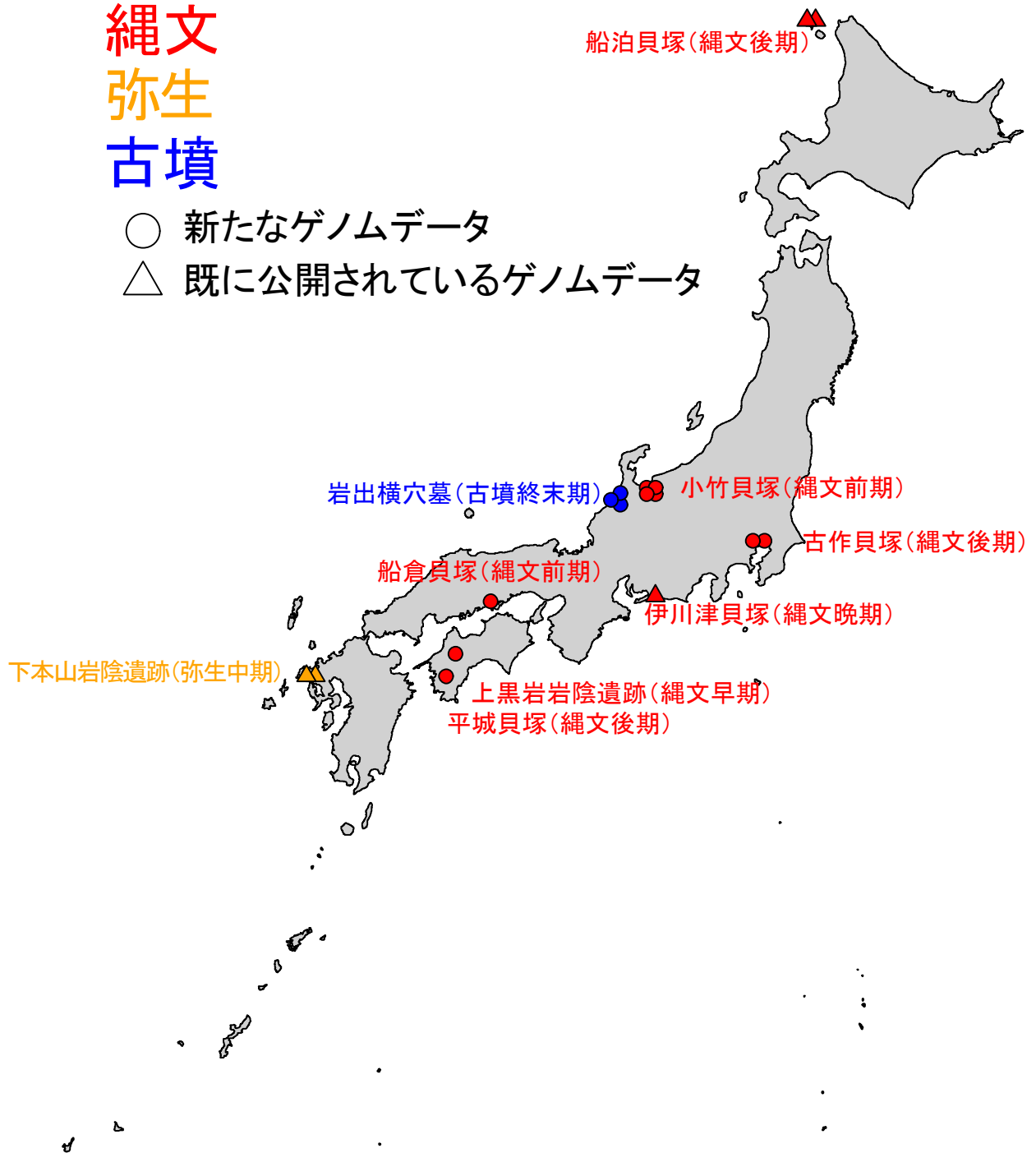


図1. 分析試料の遺跡立地 本研究において新たに得られたデータを○, 先行研究で報告されているデータに関しては△で示しています。また, 各遺跡が由来する時代によって, 赤色 (縄文時代) ・オレンジ (弥生時代) ・青色 (古墳時代) に分けています。

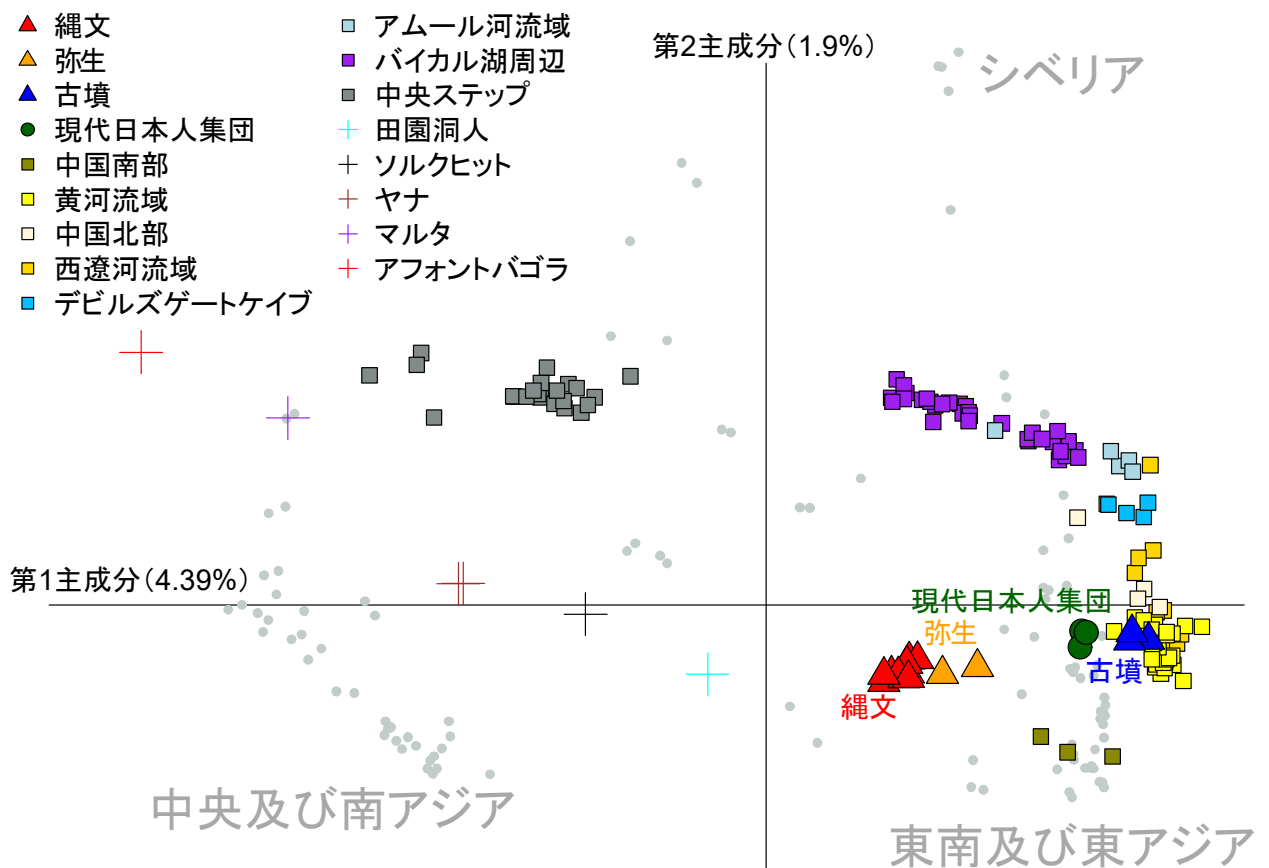


図2. 古人骨ゲノムデータの主成分分析 各プロットが個体を示しており、現代日本人集団を除くすべての現代人類集団は灰色で示されています。現代人は大きく3つのクラスターに分けられています: 「中央及び南アジア」, 「シベリア」, 「東南及び東アジア」。遺跡出土古人骨に関しては、異なる形と色によって示しています。例えば、縄文人は赤色の三角形、弥生人はオレンジの三角形、古墳人は青色の三角形です。十字の個体は、すべて旧石器時代に由来します。この図から、縄文人・弥生人・古墳人と時代を追うごとに、大陸集団との遺伝的親和性が高くなっていることが分かります。

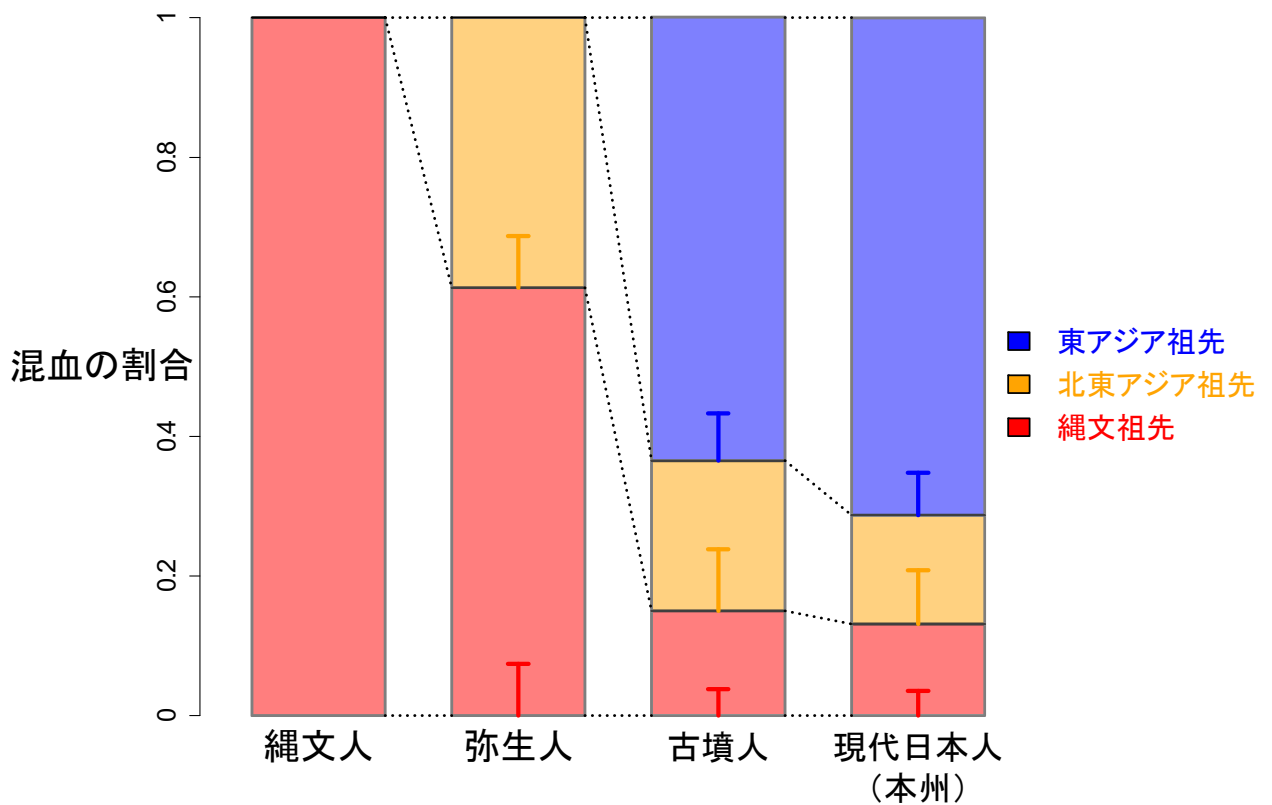


図3. 縄文時代から現代に至るまでの日本人ゲノムの変遷 縄文人は独自の祖先成分をもっているのに対し，弥生時代には北東アジアを起源とする集団，さらに古墳時代には東アジアの集団が日本列島に渡り混血していきました。そして，本州における現代日本人集団を調べてみると，古墳時代に形成された3つの祖先から成る三重構造を維持しています。

【掲載論文】

雑誌名 : *Science Advances*

論文名 : Ancient genomics reveals tripartite origins of Japanese populations

(パレオゲノミクスが明らかにした日本人集団の三重構造)

著者名 : Niall Cooke, Valeria Mattiangeli, Lara Cassidy, Kenji Okazaki, Caroline Stokes, Shin Onbe, Satoshi Hatakeyama, Kenichi Machida, Kenji Kasai, Naoto Tomioka, Akihiko Matsumoto, Masafumi Ito, Yoshitaka Kojima, Daniel G. Bradley, Takashi Gakuhari, Shigeki Nakagome.

(ナイル・クック, バレリア・マッティアンジェリ, ララ・キャシディ, 岡崎健治, キャロライン・ストークス, 遠部慎, 畑山智史, 町田賢一, 河西健二, 富岡直人, 松本安紀彦, 伊藤雅文, 小嶋芳孝, ダニエル・ブラッドレイ, 覚張隆史, 中込滋樹)

掲載日時 : 2021 年 9 月 17 日午後 2 時 (米国東部標準時間) にオンライン版に掲載

DOI : 10.1126/sciadv.abh2419

【用語解説】

※1 二重構造モデル (Dual structure model)

1991年に当時東京大学教授の埴原和郎によって提唱された、自然人類学と考古学の研究成果を組み合わせた日本人の起源に関する仮説。日本列島は先住民である縄文人が列島全体で居住しており、弥生時代に大陸から入植した渡来民との混血によって現代日本人は成立したとするモデルを意味する。

※2 パレオゲノミクス

古い生物遺体から生物の全遺伝情報を抽出し、比較解析する研究領域、研究手法のこと。パレオゲノミクスによって、遺跡から検出された被葬者間の血縁関係や親族関係について直接的なデータに基づいて評価が可能である。

※3 シミュレーション解析

解析対象となる集団のゲノムデータと他地域集団のゲノムデータを用いて、解析対象となる集団の初期祖先集団の人数（有効集団サイズ）や他地域集団から隔離された時期（分岐年代）を推定するための解析方法のこと。

【本件に関するお問い合わせ先】

■研究内容に関すること

金沢大学人間社会研究域附属古代文明・文化資源学研究センター

助教 覚張 隆史（がくはり たかし）

TEL：076-264-6179

E-mail：gakuhari@staff.kanazawa-u.ac.jp

■広報担当

金沢大学人間社会系事務部総務課総務係

響田 友里（くつわだ ゆり）

TEL：076-264-5462

E-mail：n-somu@adm.kanazawa-u.ac.jp

鳥取大学米子地区事務部総務課広報係

藤谷 早苗（ふじたに さなえ）

TEL：0859-38-7037

E-mail：me-kouhou@ml.adm.tottori-u.ac.jp

岡山理科大学入試広報部入試広報課

森内 恒治（もりうち こうじ）

TEL : 086-256-8412

E-mail : k-moriuchi@office.ous.ac.jp

富山県埋蔵文化財センター

所長 河西 健二 (かさい けんじ)

TEL : 076-434-2814

E-mail : kenji.kasai@pref.toyama.lg.jp

愛南町教育委員会 生涯学習課

松本 安紀彦 (まつもと あきひこ)

TEL : 0895-73-1112

E-mail : matsumoto-axa@town.ainan.ehime.jp