

## 島根県出雲市猪目洞窟遺跡出土 人骨の核 DNA 分析

Nuclear DNA Analysis of Human Bones  
Excavated at Inome Cave Site, Izumo-shi, Shimane Pref.  
KANZAWA Hideaki, KAKUDA Tsuneo, ADACHI Noboru,  
SHINODA Ken-ichi and SAITOU Naruya

神澤秀明・角田恒雄・安達 登・篠田謙一・斎藤成也

### I はじめに

日本人の成立に関しては、形態学的な研究から弥生時代に大陸から朝鮮半島経由で北部九州に渡来した大量の渡来人が在地の縄文系集団と混血して成立したという、いわゆる「二重構造説」が唱えられている [Hanihara 1991]。その後二重構造説は、現代人を対象とした DNA 研究や、古人骨の DNA を分析対象とした古代 DNA 研究からも支持されており [Japanese Archipelago Human Population Genetics Consortium et al. 2012; Adachi et al. 2009]、本土の日本人の成立の大枠を説明するものとなっている。一方で、例えば弥生人の歯の形態学的分析から、渡来系集団の影響と拡散の状況には地域差があることが示されているが [松村 2003]、日本列島で弥生時代から現在までどのように混血が進行したのか、依然として不明な点は多い。

これまでは、主に骨の形態学的な研究によって、人骨の出自や近隣集団との関係、混血に関する推定がなされてきた。しかしながら、2010 年に次世代シーケンサ (NGS: Next Generation Sequencer) が古代 DNA 研究に導入されるようになると、骨の形態と比べてはるかに膨大な情報を持つ DNA を用いた解析が可能となった。それにより、現代の本土日本人の DNA のおよそ 12 % が、在来集団である縄文人に由来することが明らかとなっている [Kanzawa-Kiriyama et al. 2017]。

本研究では、猪目洞窟遺跡から出土した人骨に着目した。猪目洞窟遺跡は、DNA 情報が欠落している山陰地方に位置し、同じく日本海側に面する北部九州の古代人 [篠田ほか 2017, 2019] との遺伝関係に関心が持たれる。また、大谷らが「餘りにも保存良好で、比較的新しく埋没したのではないかと疑わしめる程である」 [大谷ほか 1949] と報告したことから、DNA 分析でも良好な結果が期待される。そこで、古墳時代とされる人骨 7 個体について、次世代シーケンサを用いてミトコンドリア DNA 分析を行い、さらに保存状態が特に良い 2 体について核 DNA 分析を進めてきた。今回、その成果報告を行う。

## II 材料及び方法

### 1. 分析サンプルの選定

1948年の発見・調査時、1号～16号人骨の出土層が確認されたが、その後に骨が入り混じり、多くの個体で個体判別が不可能な状態となっている。今回は、個体判別されている13号人骨および、個体番号不明となっている試料6点の計7点の分析の機会を得た（表1）。個体番号不明試料からのサンプリングでは、個体が被らないように選定した（以下、表1の「DNA分析番号」の表記に従う）。個体判別されている弥生時代の14号人骨以外は古墳時代とされることから、本研究で選定した人骨は古墳時代に属する試料としてサンプリングした。ただし、[濱田ほか2021]が報告するように、年代測定を行った猪目13号、猪目3-2-1、猪目3-2-2の年代幅は1000年近くに上ることが明らかとなっており、年代測定していない残りの4個体も、古墳時代でない可能性もあることに留意したい。

### 2. 分析方法

側頭骨からのDNA抽出に関しては、猪目3-2-1と3-2-2は錐体部上面から1cm角のブロック切りで内耳を含む領域をサンプリングした。猪目13号、3-3-1は、骨の形状をなるべく壊すことなく行う為に、錐体部の上面にドリルで小さな穴を開けて、そこから内耳にアプローチすることで試料粉末（約200mg）を採取した。臼歯はレプリカを作成後、歯冠と歯根の間で切断し、歯冠内部を削り取ることで同量のサンプルを採取した。DNAの抽出は[Adachi et al. 2013]に従って行った。

最初に抽出したDNA溶液に解析に充分な量のDNAが残っているかを確認するために、APLP法（Amplified Product-Length Polymorphism method）[Umetsu et al. 2005]によるミトコンドリ

表1 解析した猪目洞窟遺跡出土のサンプル

試料番号	DNA分析番号	年代分析番号(1)	使用部位	較正年代 (cal BP) ( $\Delta R=0$ )	
				1 $\sigma$	2 $\sigma$
13号人骨	猪目13号	SNIIM-13	左側頭骨	2310-2120	2315-2120
木箱3 人骨1-1	猪目3-1-1	—	左下顎第2大臼歯	未分析	—
木箱3 人骨1-2	猪目3-1-2	—	左下顎第3大臼歯	未分析	—
木箱3 人骨2-1	猪目3-2-1	SNIIM-3-2-1	左側頭骨	1385-1340	1400-1315
木箱3 人骨2-2	猪目3-2-2	SNIIM-3-2-2	左側頭骨	1230-1095	1240-1070
木箱3 人骨3-1	猪目3-3-1	—	右側頭骨	未分析	—
木箱1 人骨1-1	猪目1-1-1	—	左下顎第1大臼歯	未分析	—

(1) [濱田ほか2021]

表2 ミトコンドリアDNA分析の結果

個体番号	猪目 13 号	猪目 3-1-1	猪目 3-1-2	猪目 3-2-1	猪目 3-2-2	猪目 3-3-1	猪目 1-1-1
インデックス ID	D503-D710	D507-D701	D505-D712	D505-D703	D506-D704	D508-D706	D503-D702
総ペアリード数(n)	578,064	679,187	245,019	771,592	1,263,565	50,791	310,986
ミトコンドリア DNA 由来のリード数(n)	55,256	111,562	58,584	84,372	148,889	653	68,700
(%)	9.79%	16.90%	24.31%	11.48%	12.40%	1.85%	22.62%
重複リードの除去, mapq20 後のリード数(n)	37,605	21,108	45,768	49,073	111,221	63	23,805
平均深度(x)	120.07	70.09	203.06	148.80	378.23	0.22	86.39
ハプログループ推定 (Haplogrep2.0) (Quality, %)	M7a1a1a (99.08)	D4g1 (96.51)	N9a2a1 (97.07)	M7a1a1a (99.08)	D4b1a1a (98.98)	—	M7a1a1a (99.08)
ハプログループ推定 (1)	M7a1a1a	D4g1*	N9a2a1	M7a1a1a	D4b1a1a	—	M7a1a1a
ハプログループ不一致, Tv, (All) (%) (1)	1.32% (1.60%)	0.00% (0.00%)	0.67% (3.43%)	— (0.51%)	— (0.89%)	—	0.00% (0.28%)
APLP	M7a1	D4g	N9a	M7a1	D4b1	A??	M7a1

(1) [Kanzawa-Kiriyama et al. 2017]

ア DNA ハプログループ分析を行った。方法は [安達ほか 2014] と [Kakuda et al. 2016] の方法に従って実行した。

抽出 DNA を次世代シーケンサ (NGS: Next Generation Sequencer) で分析するために NGS 分析用ライブラリの作成を行った。作成時には、まず DNA 末端に見られる古代 DNA 特有の脱アミノ化を検出するために、“no uracil-DNA-glycosylase treatment” (以下, no-UDG) で作成を行い [Matsumura et al. 2018], 検出後の追加作成では [Rohland et al. 2015] の “partial uracil-DNA-glycosylase treatment” (以下, half-UDG) にてライブラリ作成を行った。

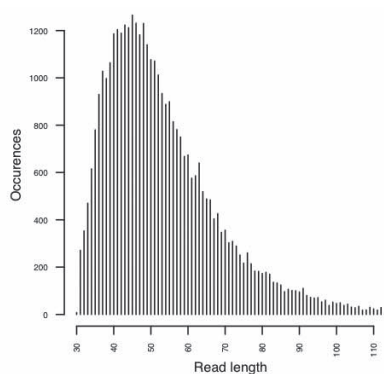
本研究では、NGS 用ライブラリから効率的に古代人のミトコンドリア DNA の分析を行うために、ライブラリに含まれるヒトミトコンドリア DNA に由来する DNA 断片を [Maricic et al. 2010] の方法を用いて濃縮した。ミトコンドリア DNA および核 DNA のシーケンス、データ解析は [神澤ほか 2021] に従った。核 DNA のシーケンスは、ヒト由来の DNA の割合の高い試料を選定して実施した。

### III 結果

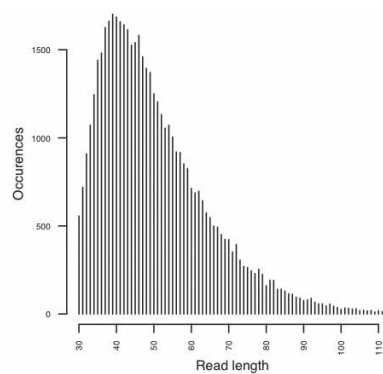
#### 1. APLP 分析の結果、および NGS による分析で得られたリードの信頼性

分析に用いた試料 7 点のうち、猪目 3-3-1 以外のすべてから、APLP 分析で良好な結果が得られた (表 2)。NGS によるミトコンドリア DNA 分析でも、猪目 3-3-1 以外の個体からは、ミトコンドリア DNA にマップされたリードが多く得られた。得られたリードが古代人に由来するかを調べるために、リード長および C/T, G/A の置換率を調べた。その結果、リード長のピークは、いずれのライブラリにおいても 40-73 bp と非常に短く (図 1), また古代 DNA の特徴である C/T, G/A の置換が観察された (図 2)。ただし、猪目 3-1-2 は末端の置換率が他の個体と比べて低かったことから、現代人の DNA の汚染の可能性が疑われた。そこで、no-UDG 法 DNA ライブラリを新たに作成し、汚染の可能性を検証した。その結果、末端への明瞭な置換が確認されたことから、猪目 3-1-2 は DNA の保存状態が極めて良いために、末端の置換率が低いのだと推察された。以上の結果から、猪目洞窟遺跡出土土人骨から抽出された DNA は、これらの個体が本来持っていたものであると判断した。

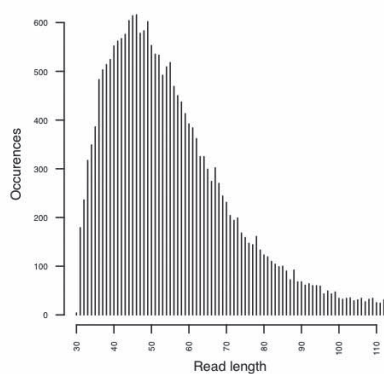
猪目13号



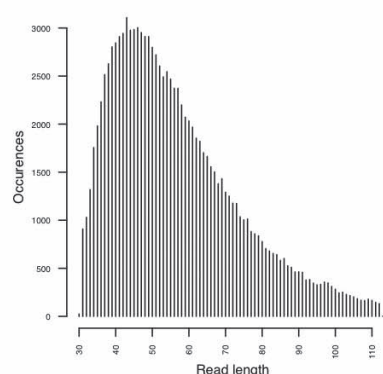
猪目3-2-1



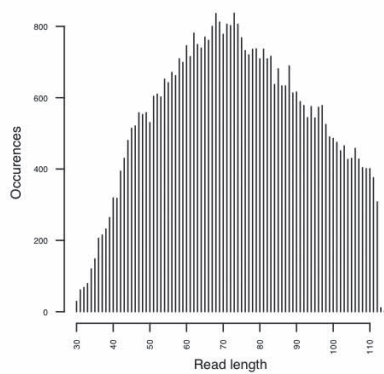
猪目3-1-1



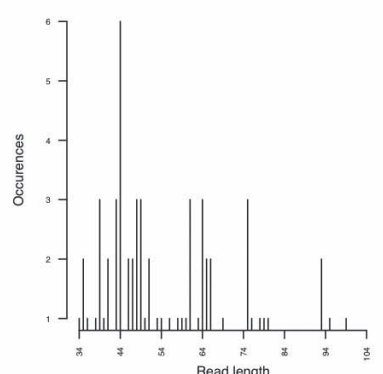
猪目3-2-2



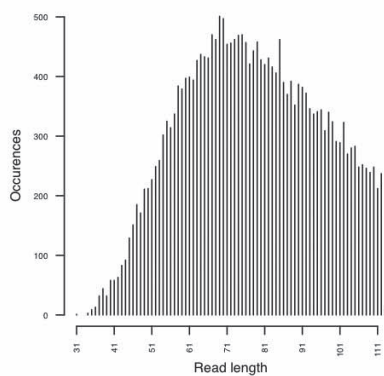
猪目3-1-2



猪目3-3-1



猪目3-1-2  
(No-UDG)



猪目1-1-1

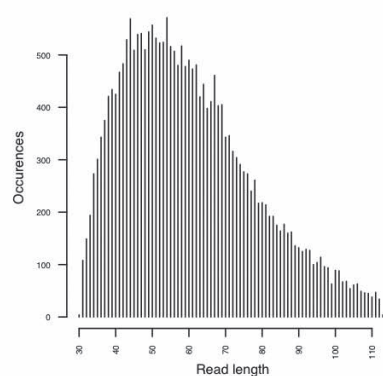


図1 猪目人骨から得られたDNAの断片長の分布

横軸はDNA断片長、縦軸は各断片長でのリード数。UDG処理していないDNAライブラリは「No-UDG」と記載した。UDG処理していないDNAライブラリは「No-UDG」と記載した。

表 3 猪目洞窟遺跡人骨のミトコンドリアゲノムに見られた DNA 多型

試料	ハプログループ	個体特異的変異
猪目 13 号	M7a1a1a	G14226A
猪目 3-1-1	D4g1*	T125C, T127C
猪目 3-1-2	N9a2a1	G8959A, A10996T, A13827G
猪目 3-2-1	M7a1a1a	G14226A
猪目 3-2-2	D4b1a1a	T12879C
猪目 3-3-1	—	—
猪目 1-1-1	M7a1a1a	G14226A

表 4 ヒト由来 DNA の頻度

個体番号	猪目 13 号	猪目 3-1-1	猪目 3-1-2	猪目 3-2-1	猪目 3-2-2	猪目 1-1-1
インデックス ID	D505-D703	D506-D704	D507-D705	D505-D710	D506-D709	D501-D707
使用部位	左側頭骨	左下顎第 2 大臼歯	左下顎第 3 大臼歯	左側頭骨	左側頭骨	左下顎第 1 大臼歯
ヒト由来 DNA の頻度 (mapq30)	4.41 %	0.34 %	4.03 %	12.15 %	43.98 %	5.27 %

## 2. 猪目洞窟遺跡人骨のミトコンドリア DNA ハプログループ

分析試料 6 点から、ハプログループ推定に十分なリード数を得ることができた。このデータから推定された 6 点の持つハプログループは N9a, M7a, D4b1, D4g の系統に属し (表 2), APLP 法による分析結果と矛盾ない。ハプログループを決定する SNP (一塩基多型: single nucleotide polymorphism) を用いて推定した現代人 DNA からの汚染率は、概ね 0-3 % であった。この数値は、これまでの古代 DNA 研究で得られている汚染率と概ね違いはない (e.g. Sánchez-Quinto et al. 2012; Fu et al. 2013)。最後に、個体特異的変異を比較した結果、M7a である猪目 13 号、3-2-1, 1-1-1 で同一の変異が認められた (表 3)。

## 3. 核 DNA 分析を行う試料の選定

ミトコンドリア DNA 分析で良好な結果の得られた個体について、ヒト DNA 含有率を調べたところ、側頭骨をブロック切りで採取した猪目 3-2-1 と 3-2-2 でそれぞれ 12.15 %, 43.98 % と高頻度で検出された (表 4)。その他の個体も含有率が 5 % 前後が多く、古代試料の中ではかなり高かった。今回は時間的制約から、特に高い含有率だった猪目 3-2-1 と 3-2-2 の核 DNA 分析を試みた。

## 4. 核 DNA データの信頼性、性別の判定および Y 染色体ハプログループ

猪目 3-2-1, 3-2-2 からそれぞれ、3365 万、2 億 9 千万のユニークリードを取得し (表 5), 核 DNA の 42.32 %, 98.83 % の領域の配列を決定した。DNA の平均深度はそれぞれ 0.53 と 5.60 となった。現代人の DNA の汚染率は 1 % 以下と低頻度だった。次に、X 染色体と Y 染色体にマップしたリード数の比から性別を判定したところ、猪目 3-2-1 は男性と判断する基準である 10 : 1 から大

表5 核DNA分析の結果

個体 番号	インデックス ID	総ペアリード 数 (n)	マージリード 数 (n)	mapq30, 重複リード の除去後の リード数 (n)	X 染色体へ マップした リード数	Y 染色体へ マップした リード数	Y/X	性別	Schmutzi による汚染率 推定 (%) [min, max]	ハプロ グループ 不一致 Tv(%) (1)	ANGSD による汚染 率推定 (%)
猪目 3-2-1	D505-D710	145,748,795	138,841,102	12,025,516	555,394	343	0.1%	女性	0.0 % [ 0.0-0.5%]	0.00%	—
	D501-D708	122,541,039	116,764,083	7,547,171	351,200	229	0.1%		0.0 % [ 0.0-0.5%]	0.00%	—
	D502-D707	127,570,141	120,595,973	8,237,751	382,563	272	0.1%		0.0 % [ 0.0-0.5%]	0.62%	—
	D503-D706	97,065,092	92,953,784	5,840,971	269,706	213	0.1%		0.0 % [ 0.0-0.5%]	0.85%	—
猪目 3-2-2	D506-D709	243,443,165	233,508,915	87,232,788	2,194,425	188,907	8.6%	男性	0.0 % [ 0.0-0.5%]	0.31%	0.59%
	D503-D702	218,094,302	213,204,087	74,644,739	1,877,813	162,277	8.6%		0.5 % [ 0.0-1.5%]	0.57%	0.56%
	D504-D701	178,704,765	174,734,804	62,807,483	1,579,915	137,547	8.7%		0.0 % [ 0.0-0.5%]	0.31%	0.48%
	D505-D712	177,236,002	172,859,562	65,280,349	1,636,705	140,987	8.6%		0.0 % [ 0.0-0.5%]	0.41%	0.35%

(1) [Kanzawa-Kiriyama et al. 2017]

表6 F4 (アフリカ, 縄文: 猪目, テスト) の比較結果

\* 統計的に有意な場合 ( $Z > |3|$ ) は色を付けて強調した。

A) F4 (アフリカ, 縄文: テスト, 本土日本人)

外群 (O)	集団 1 (P1)	集団 2 (P2)	集団 3 (P3)	F4	Z	SNP 数	標準誤差
ムブチ	船泊 23 号	猪目 3-2-2	本土日本人 (東京)	-0.000785	-4.798	4716130	0.000164
ムブチ	船泊 23 号	猪目 3-2-1	本土日本人 (東京)	-0.000786	-4.661	2059327	0.000169
ムブチ	船泊 23 号	下本山 2 号	本土日本人 (東京)	-0.003332	-5.701	29037	0.000585
ムブチ	船泊 23 号	下本山 3 号	本土日本人 (東京)	-0.003603	-14.231	249094	0.000253

B) F4 (アフリカ, 縄文: 猪目, 古代日本人)

外群 (O)	集団 1 (P1)	集団 2 (P2)	集団 3 (P3)	F4	Z	SNP 数	標準誤差
ムブチ	船泊 23 号	猪目 3-2-1	下本山 2 号	0.003465	3.002	14020	0.001154
ムブチ	船泊 23 号	猪目 3-2-1	下本山 3 号	0.00252	5.698	111950	0.000442
ムブチ	船泊 23 号	猪目 3-2-2	下本山 2 号	0.002906	3.803	28863	0.000764
ムブチ	船泊 23 号	猪目 3-2-2	下本山 3 号	0.002867	8.502	247474	0.000337

く離れており、猪目 3-2-2 は 10 : 1 に近いことから、それぞれ女性、男性と判定した。猪目 3-2-2 の Y 染色体ハプログループは O1b2a1a1 に判定された。

## 5. 集団の比較

主成分分析によって東アジアの現代人・古代人と比較した結果、猪目 2 体のプロットは現代日本人の分布の範囲内となった (図 3)。より詳細に他集団との関係を明らかにするために、f4-statistics による比較を行った。その結果、猪目洞窟遺跡の 2 体は現代日本人よりも統計的に有意に縄文人に遺伝的に近かった (表 6)。

## IV 考察

本研究では、猪目洞窟遺跡の人骨 7 点を分析し、6 点からミトコンドリア DNA、2 点から核



DNA の分析に成功した。この高い成功率は、試料の良好な保存状態によるものと推察される。母系系統のミトコンドリア DNA のハプログループは、在地の縄文系に由来するハプログループ M7a と、渡来系由来のハプログループ N9a, D4b1, D4g が検出された。男系系統の Y 染色体でも、渡来系に由来するハプログループ O1b2a1a1 が見られ、ミトコンドリア DNA の結果と矛盾しない。O1b2a1a1 を含むハプログループ O1b2 は、現代の本土日本人と韓国人にそれぞれ 29.3 % と 31.4 % と高頻度で見られる主要なハプログループであり、その他の北東アジアや東南アジアの集団でも低頻度で見られる [Kim et al. 2011]。O1b2 の中でも、祖型とそのサブハプログループ O1b2a1a1 の出現頻度は、本土日本人と韓国人で異なることが知られており（本土日本人で 7.7 % と 22.0 %, 韓国では 33.3 % と 4.0 %）[Hammer et al. 2006], 本土日本人に特徴的なハプログループは猪目の人骨にも見られた。以上の結果は、猪目集団が在地の縄文系と渡来系が混血した集団であることを示すと共に、現代日本人へ遺伝的に繋がる系統であることを直接的に示している。核 DNA データを用いた主成分分析から、猪目 3-2-1 と 3-2-2 での混血度合いは現代本土日本人（東京）とほぼ同程度と推察された。しかしながら F4-statistics では、猪目洞窟遺跡の 2 体は現代本土日本人（東京）よりも縄文的であったことから、混血がまだ充分に進んでいなかったことが明らかとなった。

[濱田ほか 2021] によって、今回 DNA 分析した個体の年代は 1000 年近く幅があり、猪目 13 号は弥生時代中期まで遡ることが明らかとなった。猪目 13 号の DNA の保存状態も良好であり、核 DNA 分析に適している。このことから、猪目洞窟遺跡埋葬人骨の弥生時代から古墳時代までの遺伝的変遷を解析することが今後可能である。また、年代測定を行っていない猪目 3-1-1, 3-1-2, 1-1-1 についても十分核 DNA 分析が可能である。今後、これらの個体についても年代分析と核 DNA 分析を行うことで、猪目集団の成立についてより詳細に明らかになるだろう。その先駆けとなるが、ミトコンドリア DNA 分析で興味深い結果が得られた。猪目 13 号, 3-2-1, 1-1-1 の 3 体は共に M7a1a1a に分類されたが、3 体はミトコンドリア DNA 全配列でも完全に同一の配列であった。通常、一つの遺跡で複数個体から同一の配列が得られた場合、それらは母系系統で血縁関係にあると判断するのだが、年代分析では 13 号は前 4 ～ 2 世紀, 3-2-1 は 6 ～ 7 世紀と時期が離れている。つまり、猪目遺跡には母系系統で遺伝的に類似の集団が長期に渡って埋葬されていたと考えられる。また、6 個体中 3 体が同一のハプログループであることから、遺伝的多様性は低い。対照的に、鳥取県の青谷上寺地遺跡の弥生時代後期人骨 36 体のミトコンドリア DNA 分析では、様々なハプログループが検出されており、遺伝的多様性が高い [神澤ほか 2021]。今後、両遺跡の人骨の核 DNA を比較することで、両集団の成立過程について、より詳細な検証が可能となるだろう。

今回、猪目 3-2-2 からドラフト DNA の取得に成功し、平均深度 5.60 でデータを得た。DNA の保存状態は古代試料の中では飛び抜けて良い試料の一つであることから、今後、追加のシーケンスで高精度 DNA を取得し、表現型や疾患関連、集団動態などの解析を試みたい。今後の課題として。

猪目洞窟遺跡は、弥生時代から古墳時代までの人骨が出土しており、山陰地方の遺伝的変遷に関して重要な知見をもたらすと考えられる。今後さらに詳細な解析を行うことで、日本列島集団の形成史はこれまでより明らかとなるだろう。本研究がその一助となれば幸いである。

---

## 謝辞

本研究に際して、出雲弥生の森博物館の花谷浩氏、木村亨氏、三原一将氏、石橋紘二氏より貴重な猪目洞窟遺跡人骨のDNA分析を行う機会をいただきました。また、本研究遂行にあたり、岡垣克則氏、出川通氏、及び本研究に関わってくださった東京いずもふるさと会の方々には大変お世話になりました。さらに、クラウドファンディングにて予算の支援をいただきました。ここに記して感謝いたします。また本研究では、シーケンスデータの解析のために、情報・システム研究機構国立遺伝学研究所が有する遺伝研スーパーコンピュータシステムを利用しました。なお、本研究は新学術領域（研究領域提案型）「古代人ゲノム配列解析にもとづくヤポネシア人進化の解明」（代表 篠田謙一、課題番号 18H05507）を用いて実行した。

なお、本調査は新学術領域研究「ゲノム配列を核としたヤポネシア人の起源と成立の解明」（代表 国立遺伝学研究所 斎藤成也）、計画研究 A02 班「古代人ゲノム配列解析にもとづくヤポネシア人進化の解明」（代表 国立科学博物館 篠田謙一）、READYFOR のクラウドファンディング「古代出雲人の人骨から、縄文人・弥生人のルーツに迫る挑戦！」（東京いずもふるさと会（会長 岡垣克則））の成果の一部である。

---

## 参考文献

- Adachi N., Shinoda K., Umetsu K., and Matsumura H. 2009: Mitochondrial DNA analysis of Jomon skeletons from the Funadomari site, Hokkaido, and its implication for the origins of Native American. *American Journal of Physical Anthropology* 138: pp.255-265.
- Adachi N., Sawada J., Yoneda M., et al. 2013 : Mitochondrial DNA Analysis of the Human Skeleton of the Initial Jomon Phase Excavated at the Yugura Cave Site, Nagano, Japan. *Anthropological Science* 121 (2): pp.137-143.
- 安達登・猩々英紀・梅津和夫 2014 : 「東アジア人集団のミトコンドリア DNA 多型解析を目的とした新しい APLP」『システム・DNA 多型』22 (1) : pp.140 ~ 143.
- Fu Q., Meyer M., Gao X., et al. 2013 : DNA analysis of an early modern human from Tianyuan Cave, China. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 110: 2223-2227.
- 濱田竜彦・坂本稔・瀧上舞 2021 : 「鳥根県出雲市猪目洞窟遺跡出土人骨の年代学的調査」『国立歴史民俗博物館研究報告』第228集, pp.321 ~ 327.
- Hammer H.F., Karafet T.M., Park H. et al. 2006: Dual origins of the Japanese- common ground for hunter-gatherer and farmer Y chromosomes. *Journal of Human Genetics* 51: pp.47-58.
- Hanihara K. 1991 : Dual structure model for the population history of the Japanese. *Japan Review* 2: pp.1-33.
- Japanese Archipelago Human Population Genetics Consortium, Jinam T.A., Nishida N., Hirai M., Kawamura S., et al. 2012: The history of human populations in the Japanese Archipelago inferred from genome-wide SNP data with a special reference to the Ainu and the Ryukyuan populations. *Journal of Human Genetics* 57: pp.787-795.
- Kakuda, T., Shoji, H., Tanaka, M., et al. 2016 : Multiplex APLP System for High-Resolution Haplogrouping of Extremely Degraded East-Asian Mitochondrial DNAs. *PLoS ONE* 11(6): e0158463. doi:10.1371/journal.pone.0158463.
- Kanzawa-Kiriyama H., Kryukov K., Jinam T., et al. 2017 : A partial nuclear genome of the Jomons who lived 3000 years ago in Fukushima, Japan. *Journal of Human Genetics* 62: pp.213-221.
- 神澤秀明・角田恒雄・安達登・篠田謙一 2021 : 「鳥取県鳥取市青谷上寺地遺跡出土弥生後期人骨の核 DNA 分析」『国立歴史民俗博物館研究報告』第228集, pp.295 ~ 307.
- Kim S-H., Kim K-C., Shin D-J. et al. 2011: High frequencies of Y-chromosome haplogroup O2b-SRY465 lineages in Korea: a genetic perspective on the peopling of Korea. *Investigative Genetics* pp.2:10, <http://www.investigativegenetics.com/content/2/1/10>
- Maricic T., Whitten M., and Pääbo S. 2010 : Multiplexed DNA sequence capture of mitochondrial genomes using



- 
- PCR products. *PLoS ONE* 5(11): e14004.
- 松村博文 2003 : 「渡来系弥生人の拡散と縄文時代人」『国立歴史民俗博物館研究報告』第 107 集, pp.199 ~ 215.
- Matsumura H., Shinoda K., Shimanjuntak T. et al. 2018: Cranio-morphometric and aDNA corroboration of the Austronesian dispersal model in ancient Island Southeast Asia: Support from Gua Harimau, Indonesia. *PLoS ONE* 13(6): e0198689.
- 大谷從二・大國一雄・池田次郎 : 「出雲國猪目洞穴遺跡概報」『人類學雜誌』1949 年 61 卷 1 号 p.1 ~ 6.
- Rohland, N., Harney, E., Mallick, S., et al. 2015 : Partial uracil-DNA-glycosylase treatment for screening of ancient DNA. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 370(1660): 20130624.
- Sánchez-Quinto F., Schroeder H., Ramirez O., et al. 2012 : Genomic affinities of two 7,000-year-old Iberian hunter-gatherers. *Current Biology* 22: pp.1-6.
- 篠田謙一・神澤秀明・角田恒雄・安達登 2017 : 「佐世保市岩下洞穴および下本山岩陰遺跡出土人骨のミトコンドリア DNA 分析」『Anthropological Science (Japanese Series)』125: pp.49 ~ 63.
- 篠田謙一・神澤秀明・角田恒雄・安達登 2019 : 「西北九州弥生人の遺伝的な特徴—佐世保市下本山岩陰遺跡出土人骨の核ゲノム解析」『Anthropological Science (Japanese Series)』127: pp.25-43. <https://doi.org/10.1537/asj.1904231>
- Umetsu K., Tanaka M., Yuasa I., et al. 2005 : Multiplex amplified product-length polymorphism analysis of 36 mitochondrial single-nucleotide polymorphisms for haplogrouping of East Asian populations. *Electrophoresis* 26: pp.91-98.

神澤秀明 (国立科学博物館人類研究部)

篠田謙一 (国立科学博物館人類研究部)

角田恒雄 (山梨大学医学部法医学講座)

安達登 (山梨大学医学部法医学講座)

斎藤成也 (国立遺伝学研究所集団遺伝研究部門)

(2020 年 4 月 9 日受付, 2020 年 7 月 9 日審査終了)

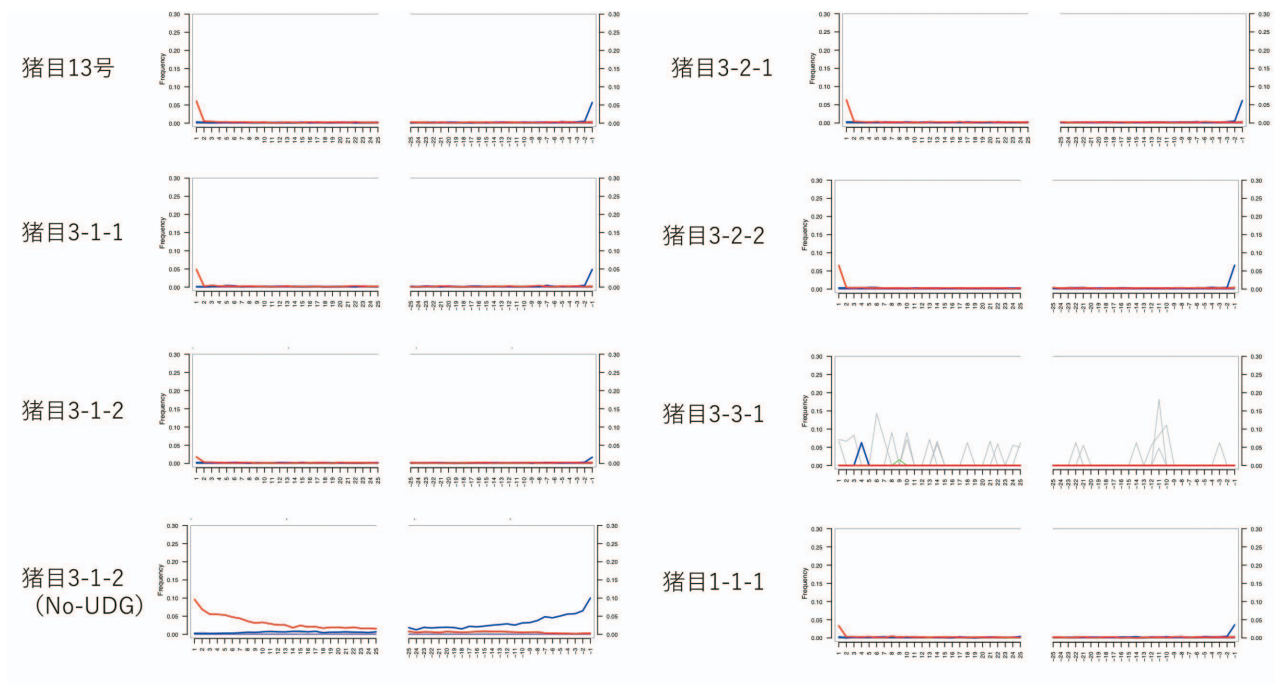


図2 猪目人骨のリード末端の C/T, G/A の置換率

キャプチャ後、ミトコンドリア DNA にマッピングされたリードの末端の置換率を示す。横軸は末端からの距離、縦軸は各距離での置換率。UDG 処理していない DNA ライブラリは「No-UDG」と記載した。その他の DNA ライブラリは作成時に UDG 処理している。リファレンスでシトシン (C)、古代 DNA でチミン (T) となる塩基置換の頻度を、末端からの距離ごとに示す。3' 末端からの場合は、リファレンスでグアニン (G)、古代 DNA でアデニン (A) となる。猪目 3-3-1 を除くすべての個体で、古代 DNA に特有のダメージが見られた。猪目 3-1-2 は、Half-UDG 法で末端の置換率が他個体より低い、No-UDG で明瞭な置換が検出された。

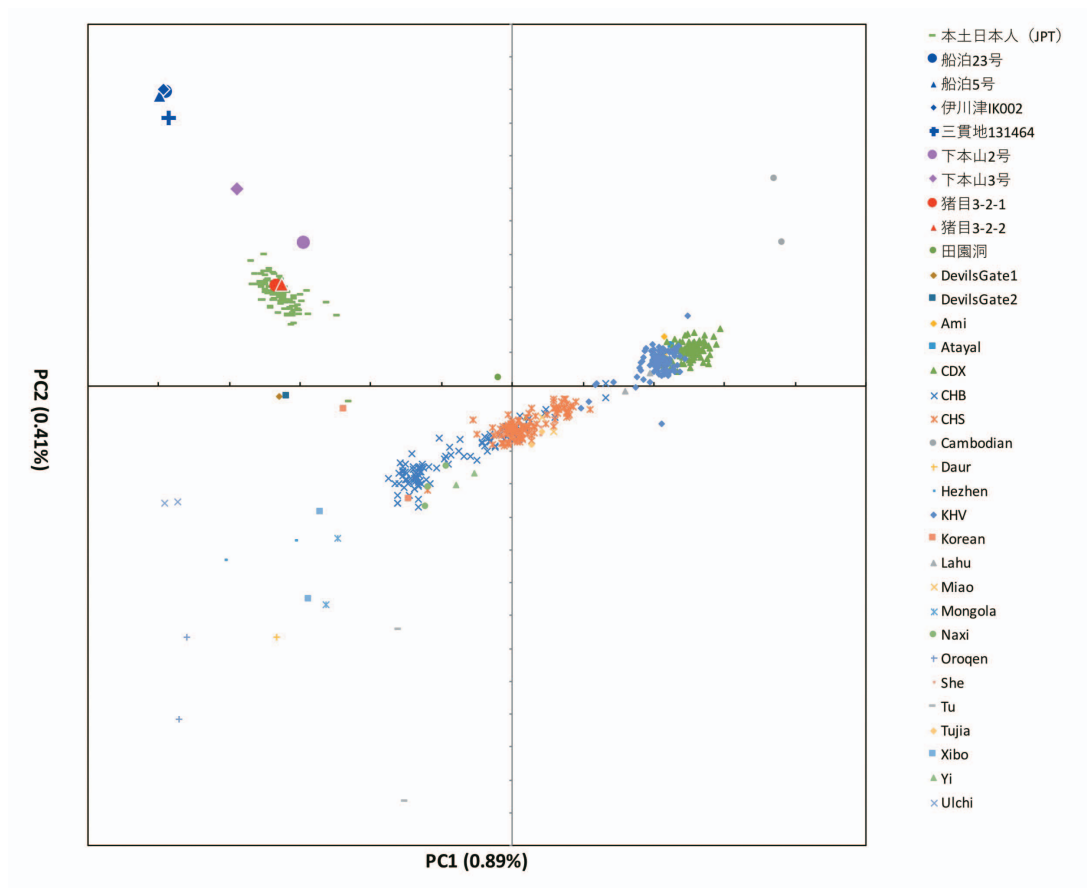


図 3 主成分分析による古代人と現代人の比較