

香川県高松市高松茶白山古墳出土 古墳前期人骨の核DNA分析

Nuclear DNA Analysis of a Human Bone of the Early Kofun Period
Excavated from Takamatsu-Chausuyama Kofun, Takamatsu-shi, Kagawa Pref.
KANZAWA Hideaki, KAKUDA Tsuneo, ADACHI Noboru and SHINODA Ken-ichi

神澤秀明・角田恒雄・安達 登・篠田謙一

I はじめに

香川県高松市にある高松茶白山古墳は、古墳時代前期の讃岐における最大規模の前方後円墳である。1967年に発掘調査が行われ、第Ⅰ主体部から第Ⅷ主体部までの8つの埋葬施設が検出されている。このうち、第Ⅰ主体部から2体（E地区、W地区）、第Ⅲ主体部から1体の人骨が出土している〔信里ほか2014〕。遺跡の概要や考古学的知見は、〔清家ほか2020〕に詳しい。第Ⅲ主体部の人骨のミトコンドリアDNA分析からは、大陸からの渡来系集団に由来するハプログループD4m1が検出されている〔篠田ほか2020a〕。本古墳は、その規模から讃岐の盟主的古墳であると理解されており、埋葬されていた人物の遺伝的な背景について、さらなる関心が持たれる。

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ている〔例えば、Rasmussen et al. 2010〕。そこで本研究では、ミトコンドリアDNA分析に成功している第Ⅲ主体部の人骨（以下、茶白山3）の核DNAの解析を行い、その系統について解析を試みた。

II 材料及び方法

茶白山3の核DNAをNGSで分析するために、〔篠田ほか2020a〕で抽出したDNAの残余から新たにDNAライブラリを作成した。作成は、〔Rohland et al. 2015〕の“partial uracil-DNA-glycosylase treatment”（以下、half-UDG）に従った。作成後のDNAライブラリの核DNAを効率的に分析するために、核DNAに由来するDNA断片をMYbaitsWGE（Whole Genome Enrichment）（Arbor Biosciences, Michigan, USA）を用いて濃縮した。濃縮後のシーケンス、データ解析は〔神澤ほか2021a〕に従った。

表1 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)	マーヅリード数 (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
茶白山3	D503-D705	97,856,075	94,777,679	959,312	29,059	3,159
	D504-D706	114,971,830	110,698,957	1,079,443	32,374	3,287
	D507-D710	121,385,827	115,360,996	1,169,085	35,131	3,582
	D508-D709	125,657,146	119,383,560	1,119,681	33,235	3,506

個体番号	インデックスID	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 (%) (1)	ANGSDによる汚染率推定 (%)
茶白山3	D503-D705	10.90%	男性	0.0% [0.0-0.5%]	3.66% [0-8.58%]	不明
	D504-D706	10.20%		1.5% [0.0-3.0%]	4.90% [0.19-9.61%]	不明
	D507-D710	10.20%		0.0% [0.0-0.5%]	3.85% [0-8.15%]	不明
	D508-D709	10.50%		6.5% [5.0-8.0%]	0.00%	不明

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

II 結果

1. 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

茶白山3からそれぞれ、4328万のユニークリードを取得し(表1)、核DNAの6.31%の領域の配列を決定した。DNAの経金震度は0.07となった。現代人のDNAの汚染率は0~6.5%程度と推定された。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、茶白山3は男性と判断する基準である10:1に近いことから男性と判定した。Y染色体ハプログループはC1a1に判定された。

2. 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、茶白山3のプロットは現代日本人の分布の範囲内となった(図1)。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、茶白山3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2)。

III 考察

本研究で、讃岐の盟主的古墳の人骨から核DNAデータを取得することに成功した。性別は男性と判定され、人骨の形態学的特徴による推定と一致する[清家ほか2020]。茶白山3のY染色体ハプログループC1a1を含むハプログループCは、在来の縄文系に由来すると考えられており、特にC1a1はほぼ日本に固有である[Hammer et al. 2006]。現代の本土日本人でのハプログループCの頻度は5.4%ほどである[Naitoh et al. 2013]。一方で、茶白山3のミトコンドリアDNAハプログループD4m1は渡来系集団に由来する[篠田ほか2020a]。以上、男系、女系系統でそれぞれ縄文系、渡来系が検出されたことは、混血後の集団が古墳時代の讃岐まで広く普及していることを改めて示した。このことは、より大規模なデータである核DNAの解析からも支持されたが、興味深いことに

表2 F4 (アフリカ, 縄文: 茶臼山, 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。

F4 (アフリカ, 縄文: テスト, 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
Mbuti	船泊 23 号	茶臼山 3	下本山 2 号	0.002742	1.481	4073	0.001851
Mbuti	船泊 23 号	茶臼山 3	下本山 3 号	0.001208	1.955	39437	0.000618
Mbuti	船泊 23 号	茶臼山 3	JPT	-0.001148	-5.225	308161	0.000220
Mbuti	船泊 23 号	茶臼山 3	Japanese	-0.001279	-5.256	308138	0.000243
Mbuti	伊川津 IK002	茶臼山 3	下本山 2 号	0.004878	2.473	3596	0.001972
Mbuti	伊川津 IK002	茶臼山 3	下本山 3 号	0.003172	4.308	34316	0.000736
Mbuti	伊川津 IK002	茶臼山 3	JPT	-0.000770	-3.059	268372	0.000252
Mbuti	伊川津 IK002	茶臼山 3	Japanese	-0.000872	-3.240	268351	0.000269

茶臼山 3 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示された。ただし、茶臼山 3 の DNA に見られる DNA 汚染率は少し高めである可能性があり、それが解析に与える影響については、今後検証が必要であろう。

これまで我々が得ている弥生時代～古墳時代の人骨の核 DNA の解析結果を見ると [篠田ほか 2019, 2020b, 2020c; 神澤ほか 2021b, 2021c], 渡来系集団の影響と拡散には地域差が見て取れる。このような傾向は形態学的研究で指摘されているが [松村 2003], 膨大な DNA 情報を用いた解析によって、その精度ははるかに高まっている。今後も分析する個体を増やし、DNA データから混血の程度を定量的に評価することで、日本列島における混血の実態が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、香川県埋蔵文化財センター所長 西岡達哉氏、香川県埋蔵文化財センターの古野徳久氏他、および岡山大学の清家章氏、国立歴史民俗博物館の藤尾慎一郎氏にお世話になった。ここに記して感謝いたします。また本研究では、シークエ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ボ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ボ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ボネシア人進化の解明」 (代表 国立科学博物館 篠田謙一) の成果の一部である。

参考文献

- 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.
- 神澤秀明・角田恒雄・安達登・篠田謙一 2021a: 「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.
- 神澤秀明・角田恒雄・安達登・篠田謙一 2021b: 「佐賀県唐津市大友遺跡第 5 次調査出土弥生人骨の核 DNA 分析」『国立歴史民俗博物館研究報告』第 228 集, pp.385 ~ 393.

-
- 神澤秀明・角田恒雄・安達登・篠田謙一・斎藤成也 2021c:「鳥根県出雲市猪目洞窟遺跡出土人骨の核DNA分析」『国立歴史民俗博物館研究報告』第228集, pp.329～340.
- 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.
- Naitoh S., Kasahara-Nonaka I., Minaguchi K. et al. 2013: Assignment of Y-chromosomal SNPs found in Japanese population to Y-chromosomal haplogroup tree. *Journal of Human Genetics* 58: pp.195-201.
- Rasmussen M., Li Y., Lindgreen S., Pedersen J.S., et al. 2010: Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo. *Nature* 463: pp.757-762.
- 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.
- 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>.
- 篠田謙一・神澤秀明・安達登・角田恒雄 2020a:「香川県高松市高松茶臼山古墳出土古墳前期人骨のDNA分析」『国立歴史民俗博物館研究報告』第219集, pp.221～230.
- 篠田謙一・神澤秀明・角田恒雄・安達登 2020b:「鳥取県鳥取市青谷上寺地遺跡出土弥生後期人骨のDNA分析」『国立歴史民俗博物館研究報告』第219集, pp.163～177.
- 篠田謙一・神澤秀明・角田恒雄・安達登 2020c:「福岡県那珂川市安徳台遺跡出土弥生中期人骨のDNA分析」『国立歴史民俗博物館研究報告』第219集, pp.199～210.
- 信里芳紀・松本豊胤・高畑知功・清家章 2014:『高松市茶臼山古墳』香川県埋蔵文化財センター.
- 清家章・坂本稔・瀧上舞 2020:「香川県高松市高松茶臼山古墳出土古墳前期人骨の年代学的調査」『国立歴史民俗博物館研究報告』第219集, pp.211～219.

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)

(2020年4月9日受付, 2020年8月20日審査終了)

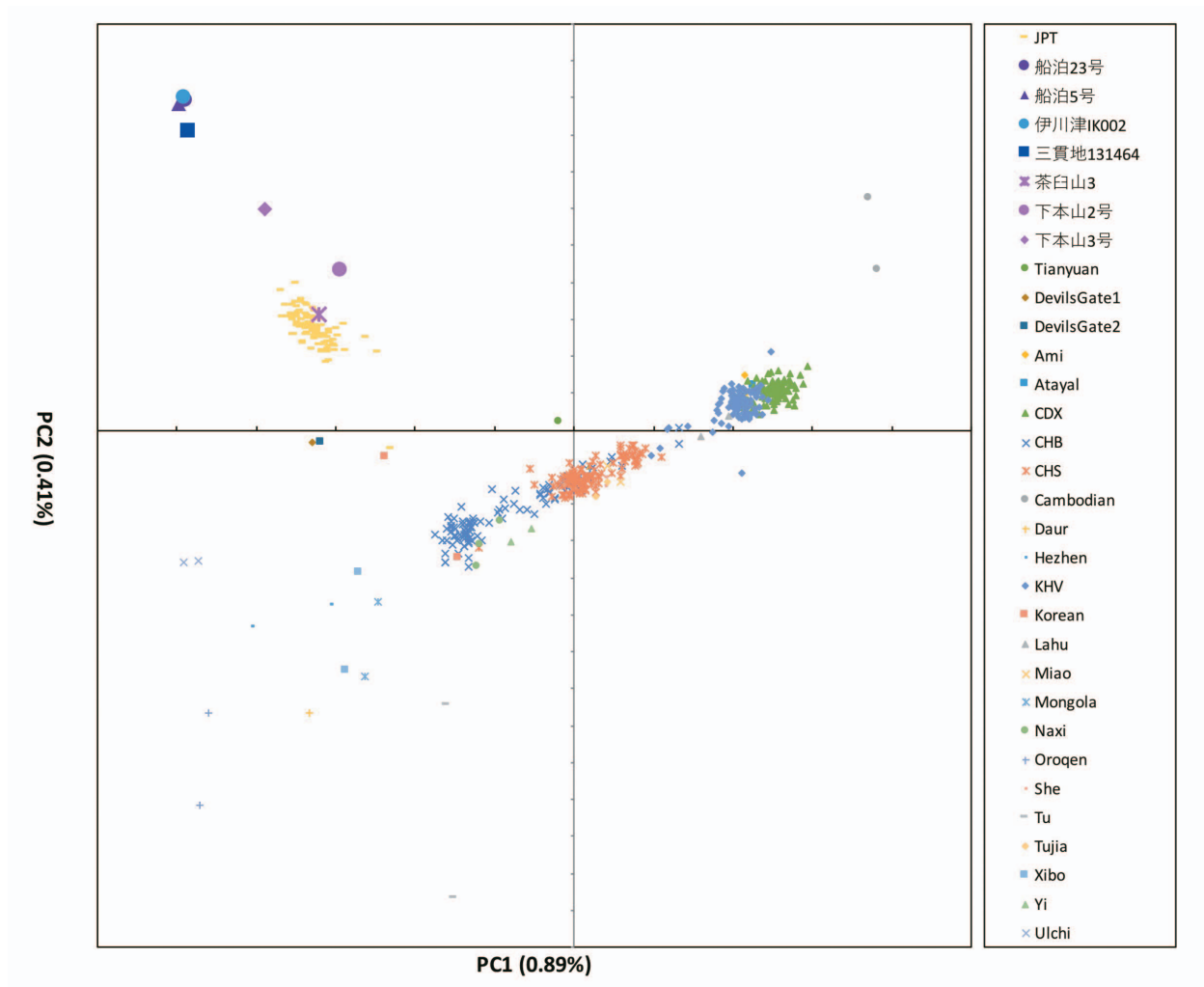


図 1 主成分分析による古代人と現代人の比較