

福岡県那珂川市安徳台遺跡出土 弥生中期人骨のDNA分析

DNA Analysis of Human Bones of the Middle Yayoi Period
Excavated at the Antokudai Site, Nakagawa, Fukuoka

SHINODA Ken-ichi, KANZAWA Hideaki, KAKUDA Tsuneo and ADACHI Noboru

篠田謙一・神澤秀明・角田恒雄・安達 登

I はじめに

福岡県那珂川市にある安徳台遺跡は、弥生時代中期の大規模な集落で、1997年～2003年までの7年間の発掘によって、集落跡からは多くの住居跡や、豊富な副葬品をもった首長の墓と推定される10基の甕棺墓が発見されている。このうちの6基は4m×5mの巨大な墓坑に集中して埋葬されており、貝輪やガラス製の勾玉、鉄剣などを副葬品として伴っていることから、この地域の有力首長の墓であると考えられている。そのうち5基の甕棺には人骨が残存しており、発掘の当初から埋葬された人々の系統や被葬者間の血縁関係等に関心が持たれた。発掘当時にも形態学的な研究とともにDNAの分析が試みられている〔篠田 2006〕。古人骨由来のDNA分析では、解析した個体間の血縁関係に関する解析と、集団間の比較が行われるが、この当時の分析法の限界から、解析対象は母系に遺伝するミトコンドリアDNAの一部領域に留まっており、そこから得られる情報にも限界があった。また、最初に研究結果が報告された2006年以降にも縄文人と弥生人のDNA分析が進み、今日では在来系の縄文人と弥生時代以降に渡来した人々のDNAについて多くのデータが蓄積されているので、系統に関してもより詳しい分析が可能になっている。

特に古人骨に残るDNAの解析は、次世代シーケンサ（NGS）と呼ばれる機器の開発によって、2010年以降に大きく進展している〔例えば、Rasmussen et al., 2010〕。それまで不可能と考えられていた核DNAの解析も可能になったことで、一体の分析を行うだけでも、集団の遺伝的な特徴などを捉えることもできるようになった。そこで今回は、NGSを用いて、以前ミトコンドリアDNAの分析を行ったサンプルの再解析を行うことにした。

II 材料および方法

安徳台遺跡の10基の甕棺のうち、これまで8基が調査されている。その中で人骨が残っていた5基について、2016年に再度サンプルを採取してNGSを用いた分析を行うことにした（表1）。従来の研究では、歯が最もDNAが残っているとされてきた〔Woodward et al., 1994〕。しかしNGSの分析では側頭骨錐体にある内耳の骨が最も成績が良いことが知られている〔Pinhasi et al., 2013〕。そ

表 1 解析した安徳台遺跡出土のサンプル

個体番号	分析個体番号	試料番号	解析部分
安徳台 2 号	ANT2	ANT2	下顎左第 2 大臼歯
		ANT2-new	遊離歯（臼歯）
		ANT2-new2	左側頭骨
安徳台 3 号	ANT3	ANT3	下顎左第 2 大臼歯
		ANT3-new	上顎右第 2 大臼歯
安徳台 5 号	ANT5	ANT5	上顎左犬歯
		ANT5-new	上顎右第 1 小臼歯
安徳台 8 号	ANT8	ANT8	大腿骨片
		ANT8-new	左腓骨
安徳台 10 号	ANT10	ANT10	上顎左第 3 大臼歯
		ANT10-new	上顎左第 2 大臼歯
		ANT10-new2	左側頭骨

ここで今回の実験では、側頭骨からのサンプリングができるものについては、錐体部を使用することにした。その際には、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空けて、そこから内耳にアプローチすることで試料粉末（約 200 mg）を採取した。

DNA の抽出は Adachi et al. [2013] に従って行い、最初に試料に解析可能な DNA が残存しているかを確認

するために APLP 法 [Umetsu et al., 2005] を用いてミトコンドリア DNA の簡易分析を行った。この分析でミトコンドリア DNA ハプログループを確認できたサンプルについては、NGS による分析を行った。なお、APLP 法によるミトコンドリア DNA ハプログループ分析、NGS による解析のためのライブラリ作成と DNA の濃縮、DNA データの信頼性の確認とミトコンドリア DNA ハプログループの推定、核ゲノムデータの解析については、篠田他 [2017, 2019] に従った。また詳細については篠田他 [2020] にも記載があるが、部分的に改良を加えた（1）ライブラリ作成と DNA の濃縮のステップと（2）DNA データの信頼性の確認とミトコンドリア DNA ハプログループの推定、及び（3）核ゲノムデータの解析のステップに関しては以下に記載する。

1. 次世代シーケンサによる解析のためのライブラリ作成と DNA の濃縮

最初に次世代シーケンサ（NGS；Next Generation Sequencer）を用いて抽出した DNA を分析するために、Meyer and Kircher [2010] および Rohland et al. [2015] の方法に一部修正を加えて NGS 分析用ライブラリの作成を行った。調整した NGS 用ライブラリには、古代人由来の核 DNA やミトコンドリア DNA に加えて、死後に骨や歯に侵入したバクテリアなどの混入 DNA が含まれている可能性がある。先行研究でも古人骨から抽出した DNA では多くの場合、バクテリア由来の DNA が全体の 99 % を占めており、古代人由来の DNA はわずかであることが指摘されている [Green et al., 2008]。このようなライブラリから効率的に古代人の DNA の分析を行うために、本研究では NGS 用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を試みた。

ミトコンドリア DNA の分析には MiSeq（Illumina 社）を用い、核ゲノムの分析には HiSeq 2500（Illumina 社）を用いた。得られたミトコンドリアの DNA 配列データのマッピングおよびデータフィルタリングは、篠田他 [2017] の方法に一部修正を加えて行った：（1）インデックスホッピングを排除するために、正しいインデックス配列が組み込まれているシーケンシングデータのみを回収した、（2）PCR により生じた重複リードの除去に DeDup（version 0.11.3）（<https://github.com/apeltzer/DeDup/releases/download/v0.11.3/DeDup.jar>）を用いた。核ゲノム分析は篠田他 [2019] の方法を用いて行った。

2. DNA データの信頼性の確認とミトコンドリア DNA ハプログループの推定

古代 DNA では、死後に DNA 配列のシトシン塩基に脱アミノ化が起こる現象が知られている [Briggs et al., 2007]。また DNA の長さもほとんどが 100 塩基以下の長さに断片化しているため [Sawyer et al., 2012]、ヒトリファレンスゲノムにマップされたリード長が長いものはコンタミの可能性がある。従ってリードの長さも古代人由来の DNA であるかの判断材料となる。シトシン塩基の脱アミノ化はリードの末端に高い頻度で起こり、脱アミノ化によってウラシル塩基となったシトシン塩基は、PCR による増幅を経てチミン塩基に置換される。そのため、リファレンスゲノムのシトシン塩基がマップされたリードでは、チミン塩基として観察される（以下 C/T と記載）。相補鎖のシトシン塩基に脱アミノ化が起きた場合、グアニン塩基がアデニン塩基に置換される（以下、G/A と記載）。そこでミトコンドリア DNA 標準配列（rCRS）[Andrews et al., 1999] に再マップされたリードを用いて、そのリード長と C/T および G/A の割合を調べて、マップされたリードが古代 DNA に見られる特徴を有しているかどうかを判定した。調べる際には、ソフトウェア MapDamage2.0 [Jónsson et al., 2013] を使用した。また、リード長は挿入・欠失の有無に関係なく、リファレンスゲノムのマッピングされた領域のスタートサイトとエンドサイトから計算した。

古代人由来の DNA を含むと判定されたライブラリについては、ミトコンドリア DNA のハプログループを決定するために SNPs の検出を行った。検出された SNPs から PhyloTree-Build 17 [van Oven and Kayser, 2009] を参照してハプログループの判定と個体特異的変異を検出し、最後に、判定されたハプログループの結果を APLP 法で得られた結果と比較した。また、HaploGrep2 [Weissensteiner et al., 2016] を用いた推定も並行して行い、結果の比較をした。決定されたミトコンドリアゲノム配列と類似の配列を、BLAST (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) を用いて探索し、得られた配列と安徳台の配列から系統樹を作成した。

3. 核ゲノムデータの解析

次世代シーケンサ HiSeq 2500 の 2 レーンを用いて 100 bp ペアエンドでシーケンシングした。得られたデータをフィルタリングしたのち、ヒトリファレンスゲノム（GRCh37）へマッピングした。さらにマッピングクオリティでフィルタリングしたあと、PCR 重複を除去した。一連の解析作業は篠田他 [2019] に準拠した。フィルタリング後のデータから 1) DNA 断片長の分布、2) C/T 置換の検出、3) 性別判定、4) 現代人 DNA の汚染率推定を分析し、次の統計解析に耐えうるデータであるかを確認した。確認後、核ゲノムのカバレッジを分析した。

安徳台 5 号のゲノムを他の集団と比較するために、最初に複数のデータを統合したデータセットを用意した。データセットには、The 1000 Genomes Project Consortium (1KG) [2012] と Simons Genome Diversity Project (SGDP) [Mallick et al., 2016] を統合した現代人のゲノムデータに、古代人のゲノムデータとして本研究で得られた安徳台 5 号のデータ、船泊縄文 5 号、23 号 [Kanzawa-Kiriyama et al., 2019]、下本山 2 号、3 号 [篠田他, 2019]、三貫地 131464 号 [Kanzawa-Kiriyama et al., 2017]、McColl et al. [2018] の伊川津縄文 IK002、Tianyuan (40,000 年前の古代東アジア人) [Yang et al., 2017]、Devil's Gate 1 と 2 (7,700 年前のアムール川下流域の古代東アジア人) [Siska et al., 2017] を統合して作成した（集団の略称については付表 1）。一般に古代人ゲノムはシークエ

表2 ミトコンドリア DNA 分析の結果

分析個体番号	ANT2			ANT3			ANT5			ANT8			ANT10		
	new			new			new			new			new		
インデックス1	A013	D503	-	D507	A014	D504	A018	A008	A016	A009	D501	D505	A010	D502	D508
インデックス2	-	D703	-	D705	-	D704	-	-	-	-	D701	D705	-	D702	D706
ライブラリ作成法	No-UDG	No-UDG	-	Half-UDG	No-UDG	No-UDG	No-UDG	No-UDG	No-UDG	No-UDG	No-UDG	No-UDG	No-UDG	No-UDG	Half-UDG
総ペアリード数 (n)	192,638	6,186	-	77,299	290,913	11,389	679,537	3,236,446	379,767	784,493	25,232	45,089	398,826	11,025	95,683
ミトコンドリア DNA 由来の リード数 (n)	177	15	-	798	90	62	11	909,055	166,008	351	124	165	506	530	1,143
(%)	0.33%	0.45%	-	1.12%	0.07%	0.69%	0.00%	40.24%	73.23%	0.05%	0.51%	0.37%	0.21%	5.52%	1.74%
重複リードの除 去, mapq20 後 のリード数 (n)	93	5	-	646	23	21	7	67,098	12,473	86	13	155	30	465	607
ハプログループ 推定 Haplogrep2.0 (Quality)	-	-	-	-	-	-	-	B5b (0.7237)	B5b (0.6926)	-	-	-	-	-	-
ハプログループ 推定 *1	-	-	-	-	-	-	-	pre-B5b	pre-B5b	-	-	-	-	-	-
Schmutzi によ る汚染率推定 [min, max]	-	-	-	-	-	-	-	0 [0-0.005]	0 [0-0.005]	-	-	-	-	-	-
ハプログループ 不一致 (%) [95% 信頼区間] *1	-	-	-	-	-	-	-	0.51% [0.25-0.78]	0.00%	-	-	-	-	-	-
APLP *2	ND	ND	ND	D4e	ND	ND	M7?	B5	B5	D5a	ND	ND	N9a?	ND	D4g

*1 Kanzawa-Kiriyama et al. [2017] の手法

*2 ND: not determined.

ンスの平均深度が低く遺伝子型の決定が困難であることから、古代人ゲノムを統合する際には、ソフトウェア pileupCaller (<https://github.com/stschiff/sequenceTools>) を用いて、重複する各 SNP サイトについて一方のアリルをランダムサンプリングした。続いて、C/T 置換の影響を避けるためにトランスバージョンサイト（プリンとピリミジン間での変異）のみを抽出した。統合後のデータセットの SNP 数は 5,000K SNPs となった。統合データセットはソフトウェア EIGENSOFT [Patterson et al., 2006] の convertf を用いて PLINK フォーマットへ変換した。

集団を比較するために、主成分分析（PCA）を行った。解析前にソフトウェア PLINK [Purcell et al., 2007] にてゲノムデータのフィルタリング（--geno 0.1 --maf 0.01）を行なった。フィルタリング後の SNP 数は 2,900K となった。フィルタリングの後、EIGENSOFT の convertf を用いて EIGENSTRAT フォーマットに変換し、変換後のデータから EIGENSOFT の smartpca を用いて PCA を行なった。この際、古代人については、lsqproject オプションを用いて現代人の PC へのプロジェクションを行い、現代人と重複している SNP 数が 2,000 を超えている個体のみを PCA の図に反映させた。

Ⅲ 結果と考察

1. ミトコンドリア DNA 分析

安徳台 2, 3, 5, 8, 10 号から抽出した DNA 溶液をもとに NGS を用いたミトコンドリア DNA の解析を行った（表 2）。その結果、ハプログループを決定するために充分な量の DNA 断片が得られたのは 5 号人骨だけだった。2, 10 号もある程度のミトコンドリア DNA の断片を得ることができているが、末端のダメージを見ると（付図 1）、古人骨から得られた特徴を有していないので、今回は結果として採用しないことにした。安徳台 2 号と 10 号は側頭骨を用いたが、いずれも満足な結果を得ることが出来ず、形態が保たれている側頭骨であっても、必ずしも解析に足る DNA が残っていないこともあることが判明した。これに対し、5 号人骨では独立に行った 2 回の DNA 抽出溶液から同じ結果を得ており、再現性も確認されているので、この人骨が本来持っていたミトコンドリア DNA を分析できていると判断できる。

安徳台遺跡は限られた地域に複数の甕棺が集中しており、その血縁関係に関心が持たれたが、残念ながら今回の解析で確実な結果が得られたのは 1 体だけだったので、相互の関係についての議論は出来なかった。更に DNA 抽出法などに改良を加えて、今回結果を得られなかった個体からも遺伝情報を得る努力を続けたい。

安徳台 5 号のミトコンドリア DNA 配列から抽出された SNP を PhyloTree-Build 17 によって判定した結果、ハプログループは B5b であることが判明した。この系統は、系統樹からわかるように（図 1）、ハプログループ B5b の祖型から独立して分岐し、これまでに報告されているサブグループである B5b1 ～ 5 [van Oven and Kayser, 2009] のいずれとも異なっている特殊な系統であり、JX024567, KU683139 と共に新たな B5b6 系統を形成する [van Oven and Kayser, 2009]。現代人にも配列が完全に一致するものはおらず、比較的特殊な系統だと考えられる。現代人ではハプログループ B5 の系統は、主として中国南部に分布しており、現代日本人での比率は 4.3 % 程度である [Tanaka et al., 2004]。これまで報告されている縄文人にはこのハプログループは存在せず、基本的には弥生時代に大陸からもたらされたものと判断される。

表 3 核ゲノム分析の結果

分析個体番号	ANT5		
ライブラリ ID	L7508S01	L7508S02	L7508S03
インデックス	A005	A018	A019
リード数 (n)	65,943,017	315,430,060	54,440,153
ヒト由来 DNA (%)	8.62	4.98	8.90
常染色体平均深度 (x)	0.096	0.288	0.089
X 染色体平均深度 (x)	0.095	0.234	0.088
Y 染色体平均深度 (x)	0.001	0.002	0.001
ミトコンドリアゲノム平均深度 (x)	24.840	66.980	22.850
性別	Female	Female	Female
ミトコンドリア DNA ハプログループ	B5b	B5b	B5b
Schmutzi による汚染率推定 [min, max]	0.01 [0-0.02]	0.01 [0-0.02]	0.01 [0-0.02]
ハプログループ不一致 (%) [95% 信頼区間] *1	0.38% [0.01-0.74%]		

*1 Kanzawa-Kiriyama et al. [2017] の手法

2. 核のゲノム解析の結果

ミトコンドリア DNA で結果の得られた安徳台 5 号について、更に核ゲノムの解析を進めた。抽出した DNA から三つのライブラリを作成し、DNA 配列を決定した（表 3）。各ライブラリは 5 ～ 9 % 程度のヒト由来の DNA を含んでおり、汚染率も～1 % 程度に収まっている。また三つのライブラリを合わせると、ゲノム全体の 38 % をカバーしている。なお、Y 染色体と判定される断片はほとんどなく、そこからこの個体の性別は女性と判断されたが、これは形態学的な研究結果とも一致している [中橋ら, 2006]。

核ゲノムデータから抽出した SNP データ (1,098,136 箇所) を用いて、主成分分析を行った結果を図 2 に示す。この分析では安徳台 5 号のゲノムを他の集団と比較するために、複数のデータを統合したデータセットを用意した。用いたデータセットは、青谷上寺地遺跡出土人骨のゲノムを解析した際に用いたものと同じである（付表 1）。

図で、下から斜め右上の方向に向かって、現代の大陸の集団が北から南に向かって並ぶが、これは東南アジアから東アジアの集団が互いに関係を持ちながらも、ある程度遺伝的に分化している様子を示している。一方、現代日本人はこの大陸集団から離れた部分に位置している。更に、北京の中国人と現代日本人の間に一人の韓国人が位置している。そして、北京の中国人と現代日本人を結ぶ直線の反対側のはるか離れた場所に縄文人が位置している。

安徳台 5 号は、形態学的に見ても考古遺物の検討からも、典型的な渡来系弥生人と考えられている。従って、彼女の持つ核ゲノムは渡来人の源郷と考えられる朝鮮半島や中国と類似することが予想された。しかし、その遺伝的な特徴は現代日本人の範疇に収まるものだった。この結果を単純に解釈すると、渡来系弥生人もかなり在来縄文人と混血が進んでいたということになる。ただし現状では、弥生時代開始期における大陸側の遺伝的な特徴が明らかになっていないので、それを検証することは出来ない。今後、朝鮮半島における集団の遺伝的な変遷が明らかになれば、渡来系弥生人と規定される集団の成立についても、更に新たなシナリオが作られることになるだろう。

一方、安徳台 5 号の遺伝的な特徴は、日本人の形成について新たなシナリオが必要なことを示唆

している。なぜなら、この集団が東進して在来の縄文集団を吸収していったとすれば、集団の内部に更に縄文人の遺伝子を取り込むことになり、現代日本人は更に縄文人に近づくことになる。渡来系弥生人との混血だけで、現代日本人が形成されたとすると、東日本の縄文人が現代日本人に全く遺伝子を残していないと仮定しない限り、渡来系弥生人は現代日本人と大陸集団の間に位置しなければならない。渡来系集団が在来集団を絶滅させたという証拠はないので、この状況は弥生時代以降も渡来が続いていたと考えないと説明できない。人類学の分野でも、これまで古墳時代以降の渡来について言及した研究者はあったが、資料的な制約もあり、大陸からの渡来を弥生時代に限定した研究が多かった。しかし今回の結果は、渡来の問題は、その後の古墳時代までを視野に入れるべきものであることを示している。弥生後期の青谷上寺地遺跡出土人骨のゲノムは、非常に多様性が大きいことが分かっている〔篠田他, 2020〕。この時代の在来集団と渡来集団の混合の様子は複雑で、更に地域と時代の幅を広げて議論を進めていく必要があるだろう。

謝辞

本研究を進めるにあたり、貴重なサンプルの使用を許可していただいた那珂川市教育委員会と保管していた九州大学大学院比較社会文化研究院に感謝いたします。また本研究は、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、本研究は文部科学省科学研究活動費基盤研究A「全ゲノム解析法を用いた縄文人と渡来系弥生人の関係の解明」（代表 篠田謙一、課題番号 25251043）と新学術領域（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。

参考文献

- Adachi N., Sawada J., Yoneda M., Kobayashi K., and Itoh S., 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
- Andrews R.M., Kubacka I., Chinnery P.F., Lightowlers R.N., Turnbull D.M., and Howell N., 1999: Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics*, 23: p. 147
- Briggs A.W., Stenzel U., Johnson P.L.F., Green R.E., Kelso J., et al., 2007: Patterns of damage in genomic DNA sequences from a Neandertal. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104 (37) : pp. 14616-14621
- Green R.E., Malaspina A.S., Krause J., Briggs A.W., Johnson P.L.F., et al., 2008: A Complete Neandertal Mitochondrial Genome Sequence Determined by High-Throughput Sequencing. *Cell*, 134: pp. 416-426
- Jónsson H., Ginolhac A., Schubert M., Johnson P.L., and Orlando L., 2013: mapDamage2.0: fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters. *Bioinformatics*, 29: pp. 1682-1684
- Kanzawa-Kiriyama H., Jinam A.T., Kawai Y., Sato T., Hosomichi K. et al., 2019: Late Jomon male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan. *Anthropological Science*, 127 (2) : pp. 83-108
- Mallick S., Li H., Lipson M., Mathieson I., Gymrek M. et al., 2016: The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations. *Nature*, 538: pp. 201-206
- Maricic T., Whitten M., and Pääbo S., 2010: Multiplexed DNA sequence capture of mitochondrial genomes using PCR products. *PLoS ONE*, 5 (11) e14004
- McColl H., Racimo F., Vinner L., Demeter F., Gakuhari T. et al., 2018: The prehistoric peopling of Southeast Asia.

- Science*, 361: pp. 88–92
- Meyer M. and Kircher M., 2010: Illumina sequencing library preparation for highly multiplexed target capture and sequencing. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2010 (6) , pdb-prot5448
- 中橋孝博・岡崎健治 2006：福岡県那珂川町安徳台遺跡．出土の弥生時代人骨．安徳台遺跡群 那珂川町文化財．報告書 第 67 集，那珂川町教育委員会，pp. 118～128
- Patterson N., Price A.L., and Reich D., 2006: Population structure and eigenanalysis. *PLoS Genetics*, 2:e190
- Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A.R., et al., 2007: PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics*, 81: pp. 559–575
- Pinhasi R., Fernandes D., Sirak K., Novak M., Connell S., et al., 2013: Optimal Ancient DNA Yields from the Inner Ear Part of the Human Petrous Bone. *PLoS ONE* 10 (6) : e0129102. doi:10.1371/journal.pone.0129102
- Rasmussen M., Li Y., Lindgreen S., Pedersen J.S., Albrechtsen A., 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
- Sawyer S., Krause J., Guschanski K., et al., 2012: Temporal Patterns of Nucleotide Misincorporations and DNA Fragmentation in Ancient DNA. *PLoS ONE*, 7 (3) : e34131
- Siska V., Jones E.R., Jeon S., Bhak Y., Kim H-M. et al., 2017: Genome-wide data from two early Neolithic East Asian individuals dating to 7700 years ago. *Science Advances*, 3: e1601877
- 篠田謙一 2006：「安徳台遺跡群出土人骨のDNA分析」『安徳台遺跡群』那珂川町文化財調査報告書 67, pp. 129～133
- 篠田謙一・神澤秀明・角田恒雄・安達登 2017：「佐世保市岩下洞窟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: <https://doi.org/10.1537/asj.1904231>
- 篠田謙一・神澤秀明・角田恒雄・安達登 2020：「鳥取県青谷上寺地遺跡出土弥生後期人骨のDNA分析」『国立歴史民俗学博物館研究報告』第219集，pp.163～178
- Tanaka M., Cabrera V.M., González A.M., Larruga J.M., Takeyasu T., et al., 2004: Mitochondrial genome variation in East Asia and the peopling of Japan. *Genome Research*, 14: pp. 1832–1850
- The 1000 Genomes Project Consortium, 2012: An integrated map of genetic variation from 1,092 human genomes. *Nature*, 491: pp. 56–65
- Umetsu K., Tanaka M., Yuasa I., Adachi N., Miyoshi A., 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
- Van Oven M. and Kayser M., 2009: Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 30 (2) : pp. E386–E394
- Weissensteiner H., Pacher D., Kloss-Brandstätter A., Forer L., Specht G. et al., 2016. HaploGrep 2: mitochondrial haplogroup classification in the era of high-throughput sequencing. *Nucleic acids research*, 44 (W1) : W58–W63
- Woodward S.R., King M.J., Chiu N.M., Kuchar M.J., and Griggs C.W., 1994 Amplification of ancient nuclear DNA from teeth and soft tissues. *PCR methods and Applications*, 3: pp. 244–247
- Yang M.A., Gao X., Theunert C., Tong H., Aximu-Petri A. et al., 2017: 40,000-Year-Old Individual from Asia Provides Insight into Early Population Structure in Eurasia. *Current Biology*, 27: pp.3202–3208

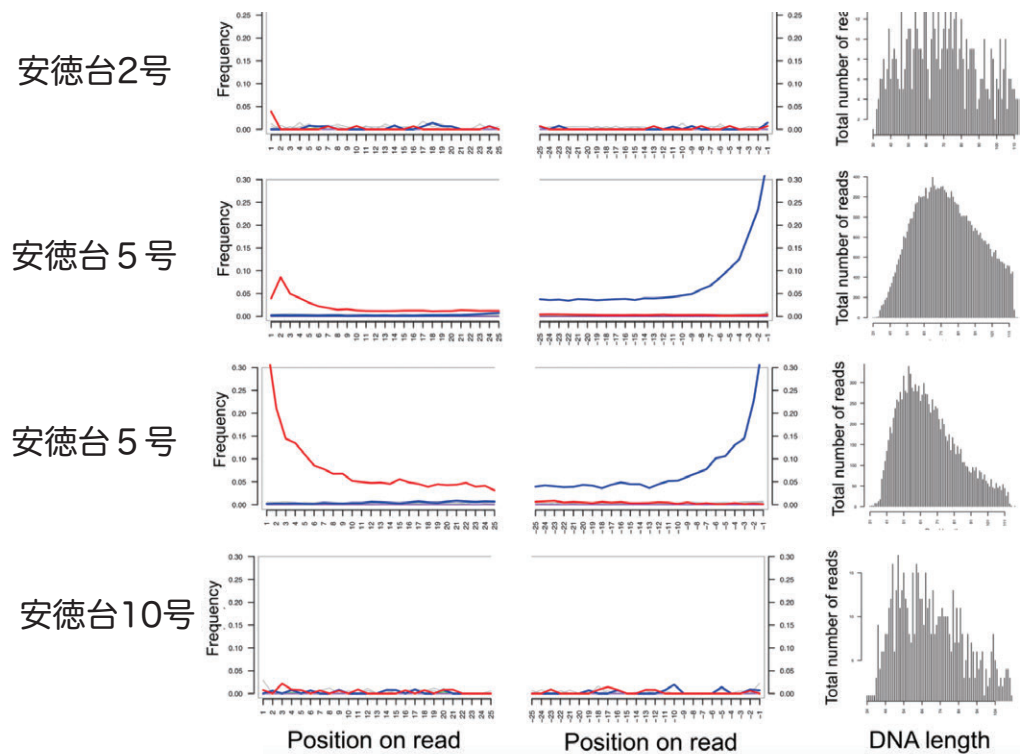
篠田謙一（国立科学博物館人類研究部）

神澤秀明（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）

（2019年5月10日受付，2019年10月7日審査終了）



付図1 DNA断片の末端のダメージ

(安德台2号 (ANT-new2) 及び5号 (ANT5, ANT5-new) および10号 (ANT10-new2) のリード末端の C/T, G/A の置換率及びリード長 (右)。5号に関しては2回分のシーケンスデータを個別に掲載している)

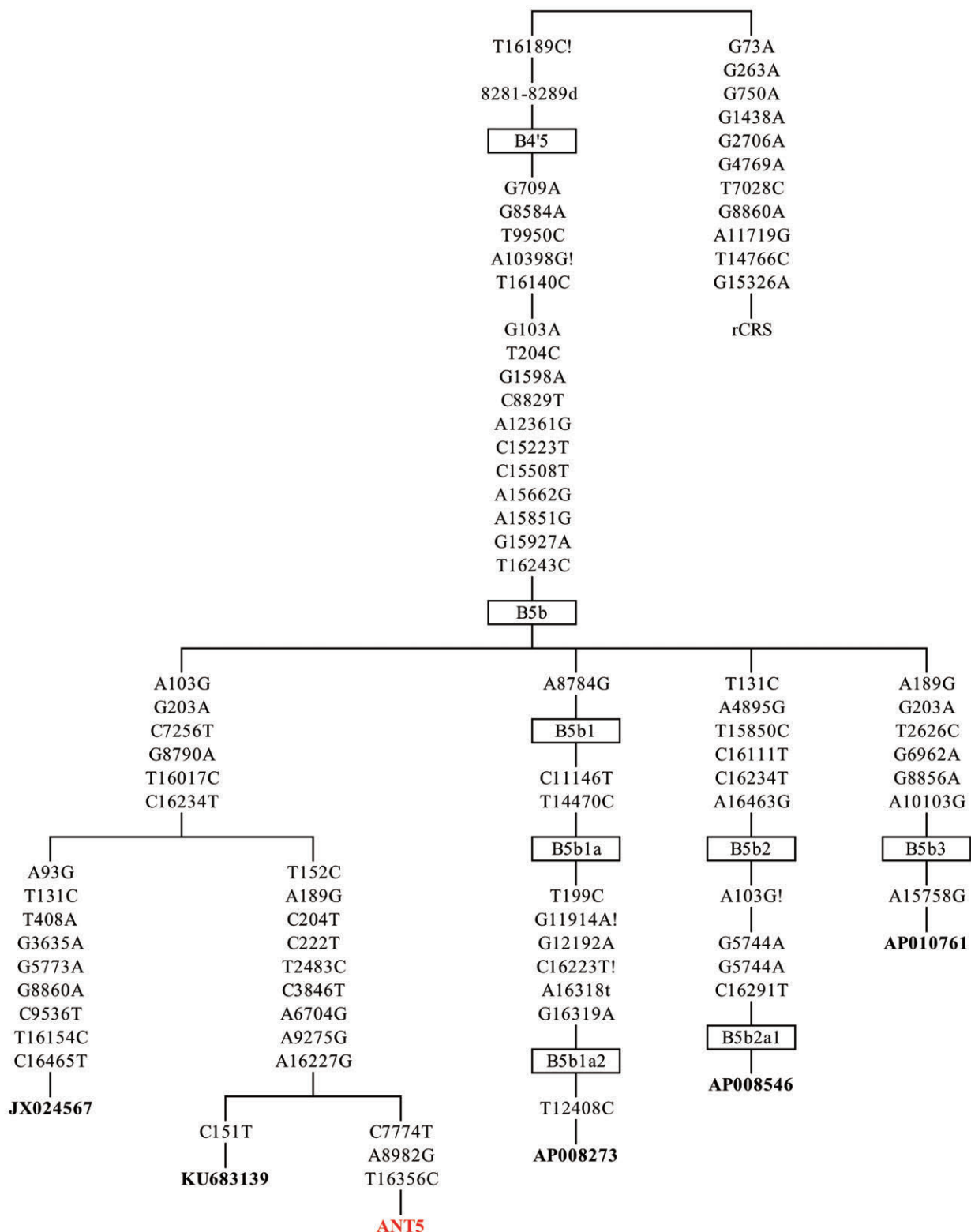


図1 安徳台5号のミトコンドリアDNAの系統図

図中の番号は Andrews (1999) によるミトコンドリアDNAの標準配列番号で、左が標準配列の塩基、右は変異した後の塩基を表す。赤字の ANT5 は安徳台5号の配列。JX024567 は中国のデータ、KU683139 はウイグル人であることがわかっている。

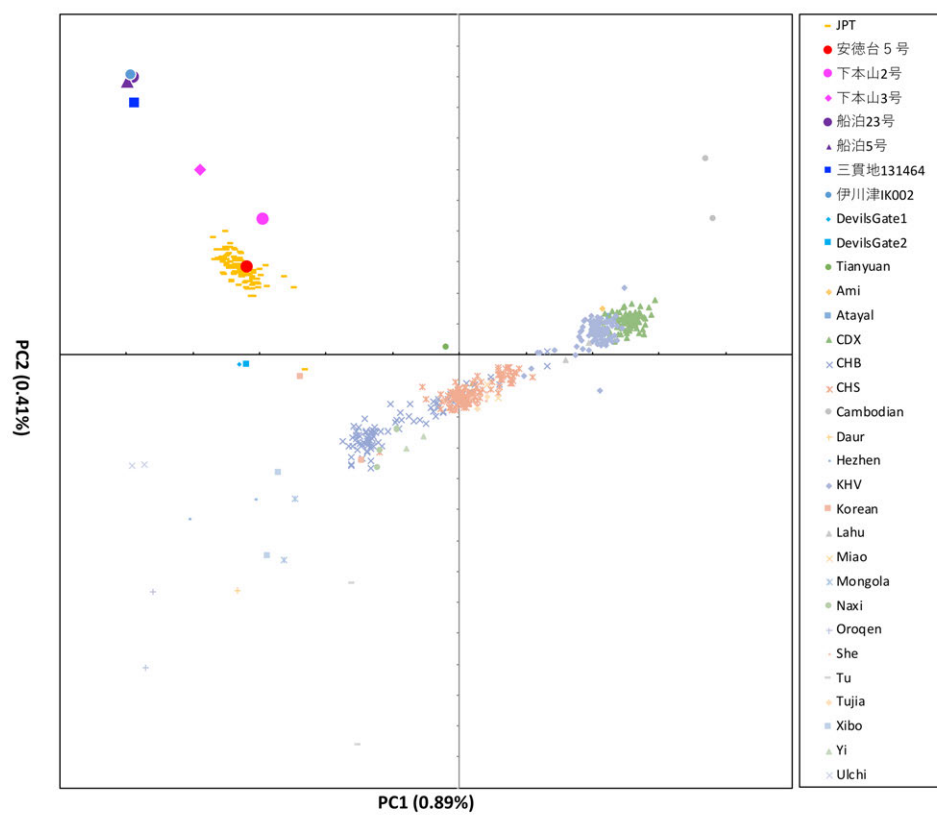


図2 安德台5号と東南アジアおよび東アジア集団のSNPを基にした主成分分析
(集団を表す記号は付表1に記載している)

付表 1 集団の略称

JPT	Japanese in Tokyo, Japan
CHB	Han Chinese in Beijing, China
CHS	Han Chinese South
KHV	Kinh in Ho Chi Minh City, Vietnam
CDX	Chinese Dai in Xishuangbanna, China