

令和 5 年 6 月 27 日現在

機関番号：82617

研究種目：若手研究

研究期間：2020～2022

課題番号：20K15885

研究課題名（和文）全ゲノム解析から明らかにする古代日本人の親族構造：古墳時代の埋葬墓について

研究課題名（英文）Whole Genome Analysis Reveals Ancient Japanese Kinship Structure: Burial Tombs of the Kofun Period

研究代表者

神澤 秀明（Kanzawa, Hideaki）

独立行政法人国立科学博物館・人類研究部・研究主幹

研究者番号：80734912

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,200,000円

研究成果の概要（和文）：人骨の状態の良い千葉県木更津市諏訪谷横穴墓群を中心に研究を進めてきた。人骨14点についてミトコンドリアゲノム分析および核ゲノム解析を行うことで、埋葬個体の遺伝的背景、埋葬墓内、埋葬墓間の血縁関係を調査した。ミトコンドリアゲノムに関しては13点から結果が得られ、母系系統での血縁関係と思われるハプログループの一致および全周配列の一致が見られた。続いて核ゲノム解析が可能と判断された9点について、次世代シーケンサーによる大規模シーケンスを行い、核ゲノムに基づいても血縁関係にあるペアが検出された。また、遺伝的な特徴としては現代日本人の範疇に含まれ、他の関東の古墳時代人と大差ないことが確認された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

従来、古墳時代の埋葬人骨の親族研究を行う際には、人骨の歯冠計測値に基づく形態学的な分析がこれまで行われてきたが、その信頼性には疑問が呈され、他人の空似を排除できない問題があった。近年のDNA分析の進展により、ミトコンドリアDNA分析による母系系統での血縁関係が明らかにされるようになったが、父系系統が不明な点や何親等なのかを明らかにすることができないなど、課題もあった。本研究では埋葬人骨の全ゲノム解析を行うことによって、母系系統のミトコンドリアDNAだけでなく、男系系統のY染色体、両系統の核ゲノムを用いた精度の高い血縁推定を試みた点で、これまでの古墳時代の親族研究を進展させる成果となった。

研究成果の概要（英文）：The study has focused on the Suwadani site in Kisarazu City, Chiba Prefecture, where the quality of human remains are preferable for DNA analysis. Mitochondrial and nuclear genome analysis were conducted on 14 human remains to investigate the genetic background of the buried individuals and kinship relationships within and between the burial graves. Mitochondrial genomes were determined from 13 individuals, and several haplogroups were shared among individuals, which may indicate consanguinity in the maternal lineage. Next, nine of the individuals that were determined to be suitable for nuclear genome analysis were subjected to large-scale sequencing using a next-generation sequencer HiSeq X, and related pairs were detected based on the nuclear genomes as well. The genetic characteristics of the individuals were confirmed to be within the category of modern Japanese and not significantly different from those of other Kofun period people in the Kanto region.

研究分野：分子人類学

キーワード：古代DNA 古墳時代 血縁推定 核ゲノム ミトコンドリアゲノム Y染色体 埋葬原理

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

これまでも、考古学、文献史学、自然人類学の各分野が古墳時代の埋葬墓の親族構造モデルを提唱してきた。この親族構造モデルは、古墳時代の埋葬原理を解明し、地位の継承方法や親族構造の実態を考察する上で基本となる情報である。しかしながらこれまでのところ、互いのモデルには大きな乖離があり、その後の考察にも統一した見解は得られていない。自然人類学からは、形態学的手法によって血縁推定が試みられてきたが、その精度にはノイズを含み、またキョウダイと親子の違いを判別できず、また他人の空似を排除できない問題もあることから、この手法で構築されたモデルへの批判も多い。

遺伝学的手法による最近の研究では、古墳人のミトコンドリア DNA 分析から母系系統の血縁推定がおこなわれている。この手法は古代人の血縁関係を直接的に調べられるので極めて有効な方法であるが、母系のみでの推定であることや曖昧さが依然として残るなどの課題があった。そのような中、申請者らは東京都三鷹市にある羽根沢台遺跡の2つの横穴墓に埋葬された古墳時代の埋葬人骨について全ゲノム解析を実施し、埋葬人骨間の血縁推定・親族推定をおこない、親子・兄弟の埋葬を精度良く判定した。日本における全ゲノムに基づく最初の成果となっている。一方で、これまで各分野で提唱されてきた親族構造モデルを、ゲノム情報に基づく結果と照らし合わせて検討するには、ゲノム解析を行う埋葬人骨の蓄積が不可欠である。

2. 研究の目的

関東地方の古墳に埋葬された人骨について、次世代シーケンサを用いた古代ゲノム解析をおこなうことで、埋葬人骨の遺伝的背景（ルーツに関して）、および埋葬墓内、埋葬墓間の血縁関係、親族関係を明らかにする。

古墳時代は、弥生時代以降に進んだ在地の縄文系集団と大陸の渡来系集団の混血が日本列島で広く進んだ時期であるが、関東地方における混血の状況については、未だ十分なデータが得られていない。関東地方の複数地域の埋葬人骨の全ゲノム解析を行うことで、これまで欠落していた地域における混血の状況を把握する。また、本研究によって、これまで形態学的な証拠に頼ってきた古墳時代の親族構造について、新たな遺跡で全ゲノムに基づく解析結果を蓄積することにより、これまで各分野で提唱されてきた親族構造モデルの検証を進める。

3. 研究の方法

(1) 分析試料の選定と DNA 抽出

分析対象として、複数の古墳時代の遺跡を選出し、DNA 分析のための人骨試料を採取した。先行研究から、大臼歯や側頭骨錐体で人骨の DNA の残存が良いことが知られている。本研究でも、側頭骨錐体のサンプリングを基本とし、それが難しい個体では大臼歯をサンプリングした。DNA の抽出は [Adachi et al. 2013] に従って行った。

(2) DNA ライブラリの作成およびターゲットキャプチャ

抽出 DNA を次世代シーケンサ (NGS, next generation sequencer) で分析するために、[Rohland et al. 2015] の “partial uracil-DNA-glycosylase treatment” (以下、half-UDG) の方法に一部修正を行い、NGS 分析用ライブラリの作成を行った。ミトコンドリアゲノム分析では、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、MYbaits Expert Mito (H. sapiens Representative Global Diversity Panel) (Daicel Arbor Biosciences 社) にて濃縮した。濃縮後のライブラリは MiSeq (Illumina 社) を用い、150 塩基ペアエンドにてシーケンシングした。全ゲノム分析では、MYbaits WGE (Whole Genome Enrichment) によるターゲットエンリッチメントによりヒト全ゲノムを濃縮し、Macrogen-Japan 社の HiSeq X Ten (Illumina 社) で 150 塩基ペアエンドにてシーケンシングした。得られた 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 2019] の方法で行った。

(3) 集団比較解析と血縁推定

性別判定を行うため、X 染色体と Y 染色体にマップしたリード数をカウントし、比率が 10:1 に近い場合には男性と判断することにした。Y 染色体ハプログループの推定は、[篠田他 2019] の方法に従った。本研究でシーケンシングした古人骨全ゲノムを他の現代人・古代人と比較するために、[Kanzawa-Kiriyama et al. 2019] に従い、複数の集団のデータを統合したデータセットと統合し、主成分分析、F-statistics などの基本的な統計解析を実施した。また、本研究で分析した古代人の血縁関係を明らかにするために、ソフトウェア READ [Monroy Kuhn et al. 2018] による解析をおこなった。

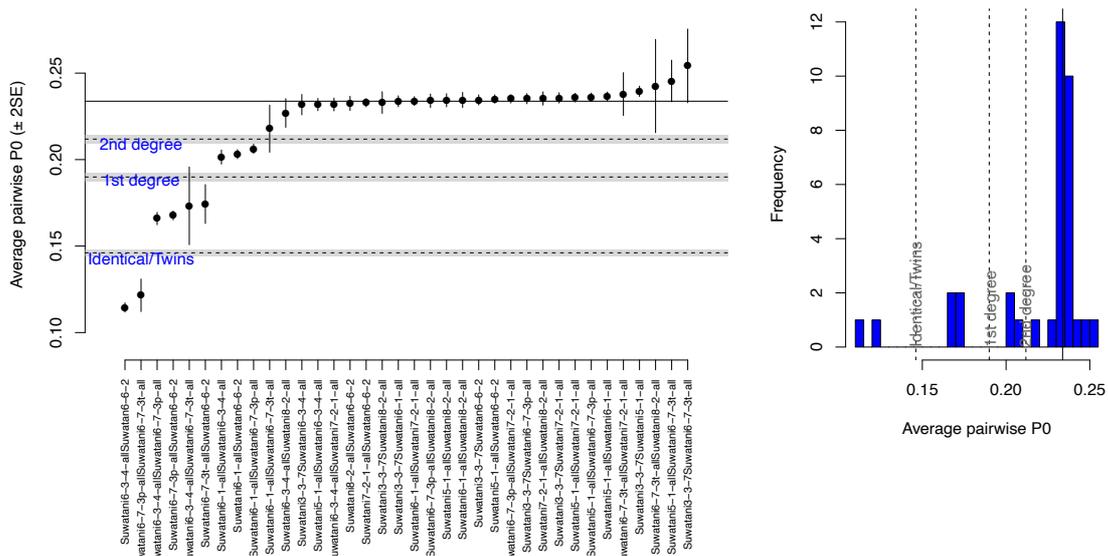
4. 研究成果

本研究では当初、複数の遺跡を対象とした研究を計画していたが、現時点では諏訪谷横穴墓群

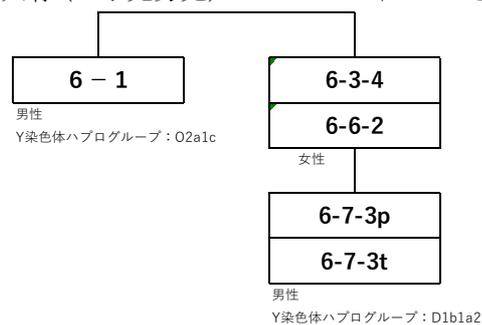
のみで全ゲノム解析に成功している。よって、本研究の成果として、諏訪谷横穴墓群の解析結果を以下に報告する。

諏訪谷横穴墓群は千葉県木更津市に請西諏訪谷 1496 他に位置する遺跡である。これまでに古墳時代を中心とした 8 基の横穴が確認されており、そのうち 5、6、7、8 号墓から出土した人骨の DNA 分析をおこなった。分析には人骨 14 点を用い、初めにミトコンドリアゲノム分析をおこなった結果、13 点から結果を得ることができた。6 号墓の分析した 7 点は全てがハプログループ G4 の祖型となり、ミトコンドリアゲノムの全周で配列が一致したことから、母系系統で血縁関係にある可能性が高い。また、埋葬間でハプログループ B4b1a1 を共有する検体も見られ、埋葬墓を超えた血縁関係が示唆される。

これらの人骨のうち、全ゲノム解析に適していると判断された試料 9 点について、全ゲノムの配列情報を取得し、帰属集団を解析した結果、現代本土日本人の範疇に収まった。続いて、全ゲノムに基づく埋葬個体間の血縁を推定した。下図は、9 点から得た全ゲノム情報のうち、常染色体の配列比較をおこない、血縁の有無を検証した結果である。下図の左では全部で 9 点の総当たり、36 通りの組み合わせを見ており、血縁に近いほど Average pairwise P0 の値が小さくなる。非血縁同士の P0 の値に基づいて、期待される Identical/Twins (同一個体、一卵性双生児)、1st degree (一親等)、2nd degree (二親等) の P0 の範囲は灰色の帯で示されている。多数の



人で血縁関係にあることが示され、それらは全て、6 号墓埋葬人骨であった。本研究で分析した人骨は、互いに別個体であるとしてサンプリングを実施している。しかしながら、6 号墓 3 号人骨と 6 号人骨、6 号墓 7 号人骨 (p: 壮年男性) と 7 号人骨 (t: 小児男児) が Identical/Twins と、悩ましい結果となった。ゲノムに基づく性別は矛盾しない。今後、分析した人骨の形態を含めた再検討が必要であるが、現時点では血縁推定の結果が正しいとした上で親族構造を再構築すると、6-1 と 6-3-4 / 6-6-2 がキョウダイ、6-3-4 / 6-6-2 と 6-7-3p / 6-7-3t が親子と判定された。ミトコンドリア DNA と Y 染色体ハプログループのタイプとも矛盾しない。これはつまり、同一埋葬墓内でキョウダイと親子の両方の埋葬が見られることを示している。



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.

Kanzawa-Kiriyama H., Jinam A.T., Kawai Y., et al. 2019: Late Jomon male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan. *Anthropological Science*, 127: pp.83-108.

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(1) : pp. 25-43.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 0件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 谷畑美帆・神澤秀明・角田恒雄・原山ポーロン崇	4. 巻 第5号
2. 論文標題 諏訪谷横穴墓群出土人骨から考察する被葬者たち	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 木更津市史研究	6. 最初と最後の頁 110-132
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計0件

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	角田 恒雄 (Kakuda Tsuneo)		
研究協力者	谷畑 美帆 (Tanihata Miho)		

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------