

学 位 論 文 題 名

Studies on Genetic Features and Histories of
Ancient Human Populations in Hokkaido,
using Mitochondrial and Autosomal DNA Analyses

(ミトコンドリア DNA および常染色体 DNA 分析による
北海道古代人類集団の遺伝的特徴と歴史に関する研究)

学位論文内容の要旨

近年、日本人の起源については、在来の縄文系の人々と大陸からの本列島へ移住してきた渡来系の人々の2集団が存在すると考える2重構造説(Hanihara, 1991)が一般的に受け入れられている。人類学、考古学的研究に基づくと、渡来系弥生人は紀元前3世紀から紀元後3世紀の間にアジア大陸から日本列島へ渡来してきたと考えられている。しかし、縄文人の地理的起源については未だに明らかになっていない。

渡来系弥生人は最初に九州北部に上陸し、その後、本州や四国へと拡散したが、北海道と沖縄へは移住しなかったと考えられている。そのため、弥生文化は北海道と沖縄へは導入されなかった。北海道では、弥生文化の代わりに、続縄文文化(紀元前3世紀から紀元後7世紀)、擦文文化(8世紀から14世紀)、アイヌ文化へと発展した。

さらに、5世紀から13世紀頃、オホーツク海沿岸域においてオホーツク文化が発展した。オホーツク文化の主な特徴は海洋での漁労や狩猟に適応した生業形態であり、オホーツク文化の遺跡はほとんどが沿岸域に位置している。また、多角形の大型住居、ヒグマや海獣類を用いた動物儀礼も、縄文、続縄文、擦文文化には見られないオホーツク文化の特徴である。

上記のように、北海道の文化と人類集団の歴史は津軽海峡をはさんだ本州以南とは大きく異なっているが、オホーツク文化人の起源やアイヌ集団の成立過程などについては不明な点も多く、これらを明らかにすることは北海道の考古学、人類学などの自然史研究に新たな見識を与えると考えられる。

北海道の縄文・続縄文文化とオホーツク文化の遺跡からは多数の人骨が発掘されている。また近年、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)の技術の発展により、ヒトや動物の出土骨、ミイラ、剥製についてのDNA分析が可能になった。本研究では、北海道の人類集団の遺伝的特徴に基づいてその起源や歴史を考察するため、縄文・続縄文文化やオホーツク文化の遺跡から発掘された古人骨のDNAを抽出し、ミトコンドリアDNA(mtDNA)および常染色体遺伝子である耳垢遺伝子(*ABCC11* 遺伝子)や*ABO*血液型遺伝子を分析した。

MtDNA においては、高多型領域 (HVR) 1, 2 ならびに、コード領域に点在する 36 個の単一塩基多型 (SNP) を分析し、オホーツク文化人各標本を、ミトコンドリア DNA 全塩基配列をもとに最節約的に推定された単系統群である mtDNA ハプログループに割り当てた。オホーツク文化人集団の主要なハプログループは、G1b、N9b、Y であった。これらはいずれも現代の東シベリア集団に特徴的なハプログループである。特に、ハプログループ Y はアムール河下流域に特異的にみられるハプログループであるため、オホーツク文化人はアムール河下流域に起源をもつことが明らかになった。また、オホーツク文化人からアイヌへの遺伝子流動が起こっていたことが示唆された。

ABCC11 遺伝子は、耳垢の表現型を決定する遺伝子である。アイヌにおいて湿型の耳垢をもつ人の割合が高いことは古くから指摘されていた。本研究では、北海道の古代人類集団である縄文・続縄文人とオホーツク文化人について *ABCC11* 遺伝子エキソン 4 上にある SNP を分析し、縄文・続縄文人において湿型対立遺伝子の頻度が他の北東アジア集団に比べて著しく高いことを明らかにした。一方、オホーツク文化人においては、乾型対立遺伝子頻度が高いことが明らかとなった。

ABO 式血液型は人類集団の類縁度を調べるために使用された古典的遺伝マーカーの 1 つであるが、近年の研究により分子レベルでも高い多型性をもっていることが明らかになっており、両性遺伝するマーカーとして注目を集めている。縄文・続縄文人とオホーツク文化人について *ABO* 式血液型遺伝子の多型を分析した結果、両集団から 5 つの対立遺伝子が検出されたが、それらの頻度分布は集団間で大きく異なっていた。また、縄文・続縄文人において、*O*₂ 対立遺伝子の頻度が *O*_A 対立遺伝子に比べて著しく高かった。*O*₂ 対立遺伝子の頻度は沖縄や鹿児島でも高く、秋田や茨城などの東日本でも比較的高い一方、近畿や東海地方では低いという既報と比較することにより、高い *O*₂ 対立遺伝子が縄文系の人々の遺伝的特徴であることが示唆された。

学位論文審査の要旨

主 査	准教授	増 田 隆 一
副 査	教 授	馬 渡 駿 介
副 査	教 授	片 倉 晴 雄
副 査	教 授	堀 口 健 雄
副 査	教 授	天 野 哲 也

学 位 論 文 題 名

Studies on Genetic Features and Histories of Ancient Human Populations in Hokkaido, using Mitochondrial and Autosomal DNA Analyses

(ミトコンドリア DNA および常染色体 DNA 分析による
北海道古代人類集団の遺伝的特徴と歴史に関する研究)

近年、遺伝子分析を導入した日本人の起源や多様性に関する研究が進展しているが、現代の人類集団を対象にした研究が多く、過去の集団を直接分析するための出土骨などを用いた古代 DNA 分析データの報告例は極めて少ない。

本論文において、著者は、北の視点から日本列島のヒトの起源や渡来の歴史をたどるため、北海道の縄文文化、続縄文文化ならびにオホーツク文化の遺跡からの出土骨について、ミトコンドリア DNA および核遺伝子である耳垢遺伝子、*ABO* 式血液型遺伝子の古代 DNA 分析を行い、集団遺伝学的考察を行った。5 世紀から 13 世紀頃にオホーツク海沿岸域において発展したオホーツク文化は、漁労や狩猟に適応したものと考えられている。また、ヒグマや海獣類の遺存体による動物儀礼の形跡も見られ、オホーツク文化は本州の文化や北海道内陸部の縄文文化、続縄文文化、擦文文化には見られない特異的な文化といえる。従来的人类学および考古学的研究においても、未だ、オホーツク文化のアイヌ文化成立過程への影響などについては十分に明らかにされていない点が多いため、オホーツク文化人の起源および特徴を解明することは、日本列島における人類集団や文化の形成史などの自然史研究に新しい展開をもたらすものと考えられる。

本研究のミトコンドリア DNA 分析においては、高多型性非コード領域ならびにコード領域における単一塩基多型が解析された。塩基配列の比較による集団間の遺伝距離を計測すると、オホーツク集団は極東のニブフ、ウリチなどに近縁であることが明らかとなった。さらに、各標本をハプログループに割り当てると、オホーツク文化人集団に高頻度で見られたハプログループは、G1b、N9b、Y であることが判明した。これらはシベリア大陸東部の現代集団に見られるハプログループと一致していた。特に、ハプログループ Y はやはりニブフやウリチなどアムール河下流域集団に特異的に高頻度で見られるハプログループであったため、オホーツク文化人はアムール河下流域に起源をもつことが強く示された。

核遺伝子である耳垢遺伝子 *ABCC11* 遺伝子について、単一塩基多型解析により乾型対立遺伝子と湿型対立遺伝子の頻度が分析された。その結果、湿型対立遺伝子の頻度が北海道の縄文・続縄文人において他の北東アジア集団よりも著しく高い一方、オホーツク文化人においてはそれが低く、乾型対立遺伝子頻度が高いことが示された。

別の核遺伝子である *ABO* 式血液型遺伝子についても単一塩基多型解析が行われ、その対立

遺伝子頻度が解析された。縄文・続縄文人とオホーツク文化人において、5つの対立遺伝子が検出され、それらの頻度分布が集団間で異なっていることが判明した。さらに、縄文・続縄文人では、 O^G 対立遺伝子の頻度が O^A 対立遺伝子の頻度よりも著しく高いことが明らかとなった。既報によると、 O^G 対立遺伝子の頻度は日本列島の南に位置する沖縄や鹿児島で高く、かつ、北や東に位置する秋田や茨城などでも比較的高いが、近畿や東海地方では低いことがわかっている。よって、 O^G 対立遺伝子の頻度が高いことは、縄文系の人々の特徴であると考えられた。

著者は、断片化した残存DNAの遺伝子増幅および外来DNA混入の防御に細心の注意を払った古代DNA分析法と多様な遺伝子マーカーを用いることにより、オホーツク文化人が仲介となり、アムール河下流域を中心とした大陸集団からアイヌへの遺伝子流動があったことを明確に示した。以上の成果は、これまで不明であった日本列島北部における人類集団間の遺伝子流動に関して時間を追って示された新しい知見であり、人類学および考古学などの自然史研究に対して貢献するところ大なるものがある。

よって、著者が北海道大学博士（理学）の学位を授与される資格があるものと認める。