日本古代史ネットワーク

古代史を解明する会　第20回　基本レポート

『斎藤成也氏のヤポネシアゲノム』紹介

2022年8月27日

丸地三郎

ヤポネシアゲノムは科研費用を受けたプロジェクト

- 研究領域　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
- 研究機関　国立遺伝学研究所
- 研究代表者　斎藤 成也　国立遺伝学研究所, ゲノム・進化研究系, 特任教授 (30192587)
- 研究分担者
  - 藤尾 慎一郎　国立歴史民俗博物館, 大学共同利用機関等の部局等, 教授 (30190010)
  - 木部 暢子　国立国語研究所, 言語変異研究領域, 教授 (30192016)
  - 篠田 謙一　独立行政法人国立科学博物館, その他部局等, 研究調整役 (30131923)
  - 遠藤 光暁　青山学院大学, 経済学部, 教授 (30176804)
  - 鈴木 仁　北海道大学, 地球環境科学研究院, 教授 (40179239)
  - 長田 直樹　北海道大学, 情報科学研究科, 准教授 (70416270)
- 研究期間 (年度) 2018-06-29 – 2023-03-31
- 配分額 *注記
  - 98,280千円 (直接経費: 75,600千円、間接経費: 22,680千円)
  - 2022年度: 19,240千円 (直接経費: 14,800千円、間接経費: 4,440千円)
  - 2021年度: 19,240千円 (直接経費: 14,800千円、間接経費: 4,440千円)
  - 2020年度: 19,240千円 (直接経費: 14,800千円、間接経費: 4,440千円)
  - 2019年度: 19,240千円 (直接経費: 14,800千円、間接経費: 4,440千円)
  - 2018年度: 21,320千円 (直接経費: 16,400千円、間接経費: 4,920千円)
- キーワード
  - ヤポネシア人 / ゲノム / 文理融合研究 / 人類学 / ヤポネシア / 現代人ゲノム / 古代人ゲノム / 考古学 / 言語学

ヤポネシアゲノムとは？　PR資料より

2018～2022年度 新学術領域研究 (研究領域提案型)

記者会見 2018年 9月 10日 (日) 16:00~17: 00

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
(領域略称名：ヤポネシアゲノム)

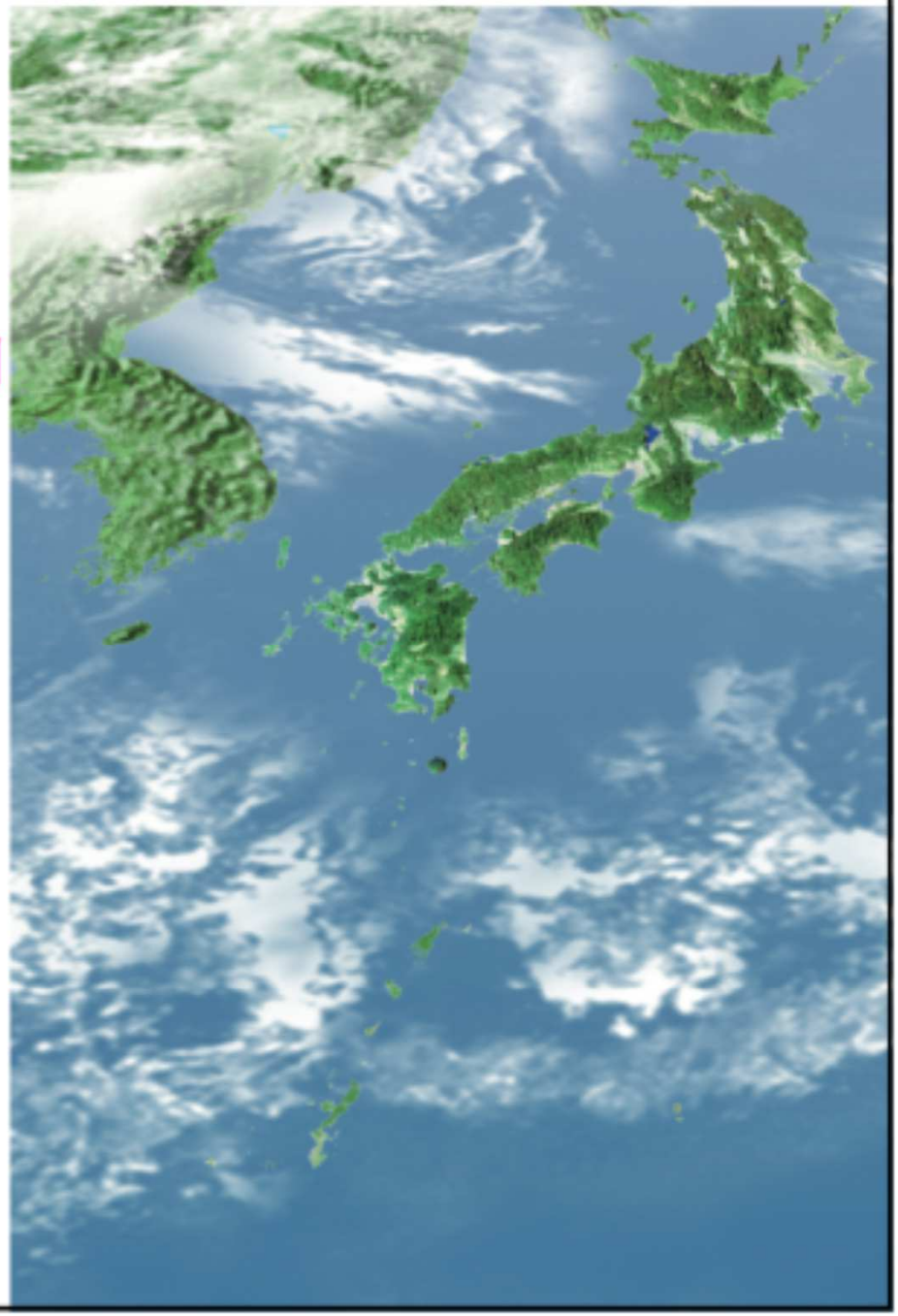
＜領域代表＞　斎藤 成也

国立遺伝学研究所　教授

総合研究大学院大学・生命科学研究科・遺伝学専攻　教授（兼任）

東京大学・大学院理学系研究科・生物科学専攻　教授（兼任）

日本学術会議　連携会員（兼任）



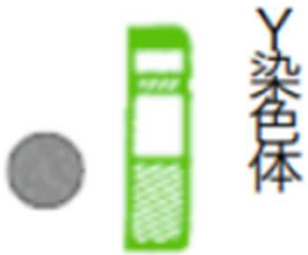
ヤポネシアとは？

日本　島々

「日本列島」を意味する

島尾敏雄 (1917-1986)が1960年代に提唱

人類進化の研究は
解像度「数万倍」革命の
まっただなか



常染色体
数百万塩基

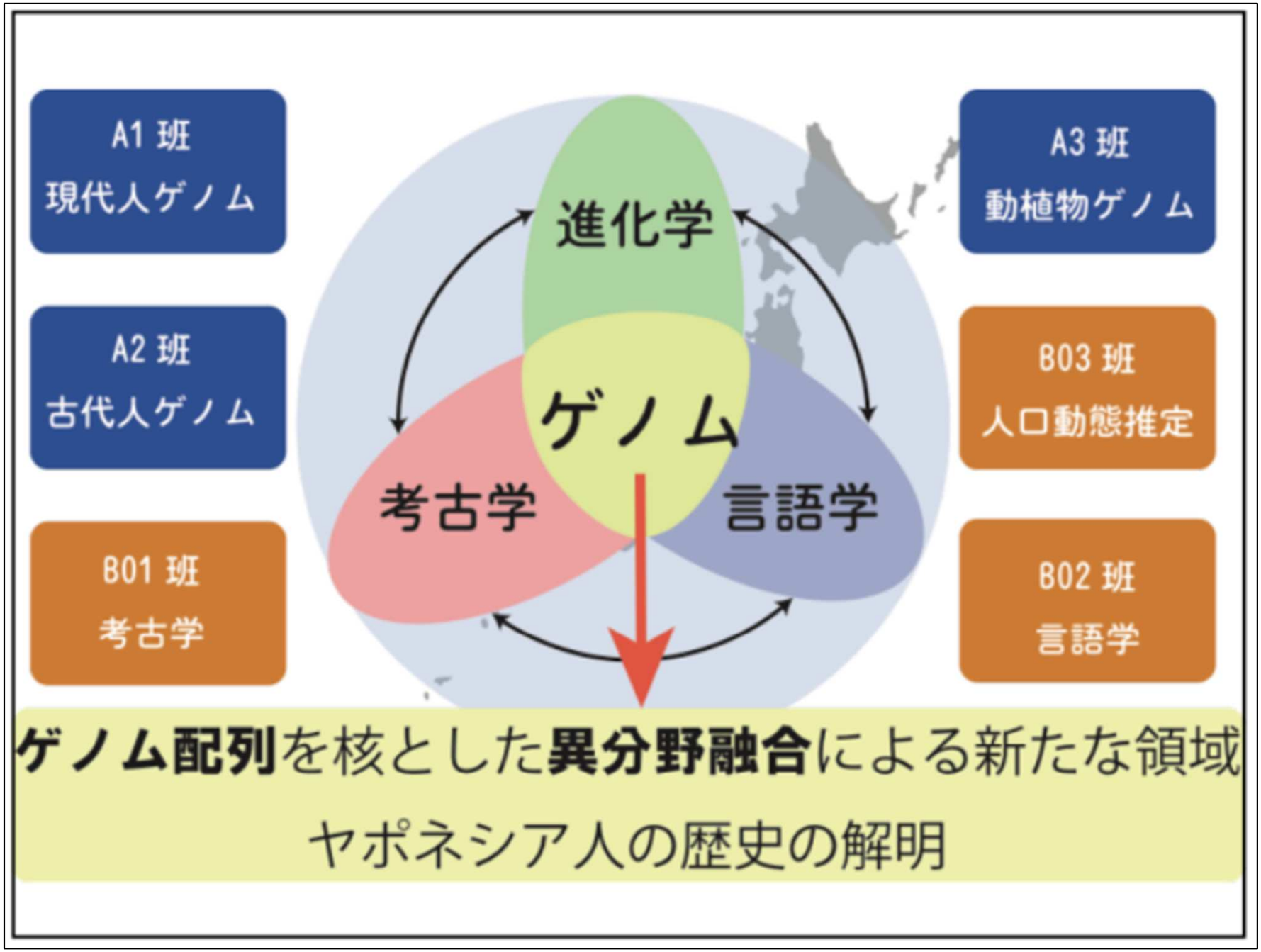
ミトコンドリアDNA・Y染色体
（百塩基程度）

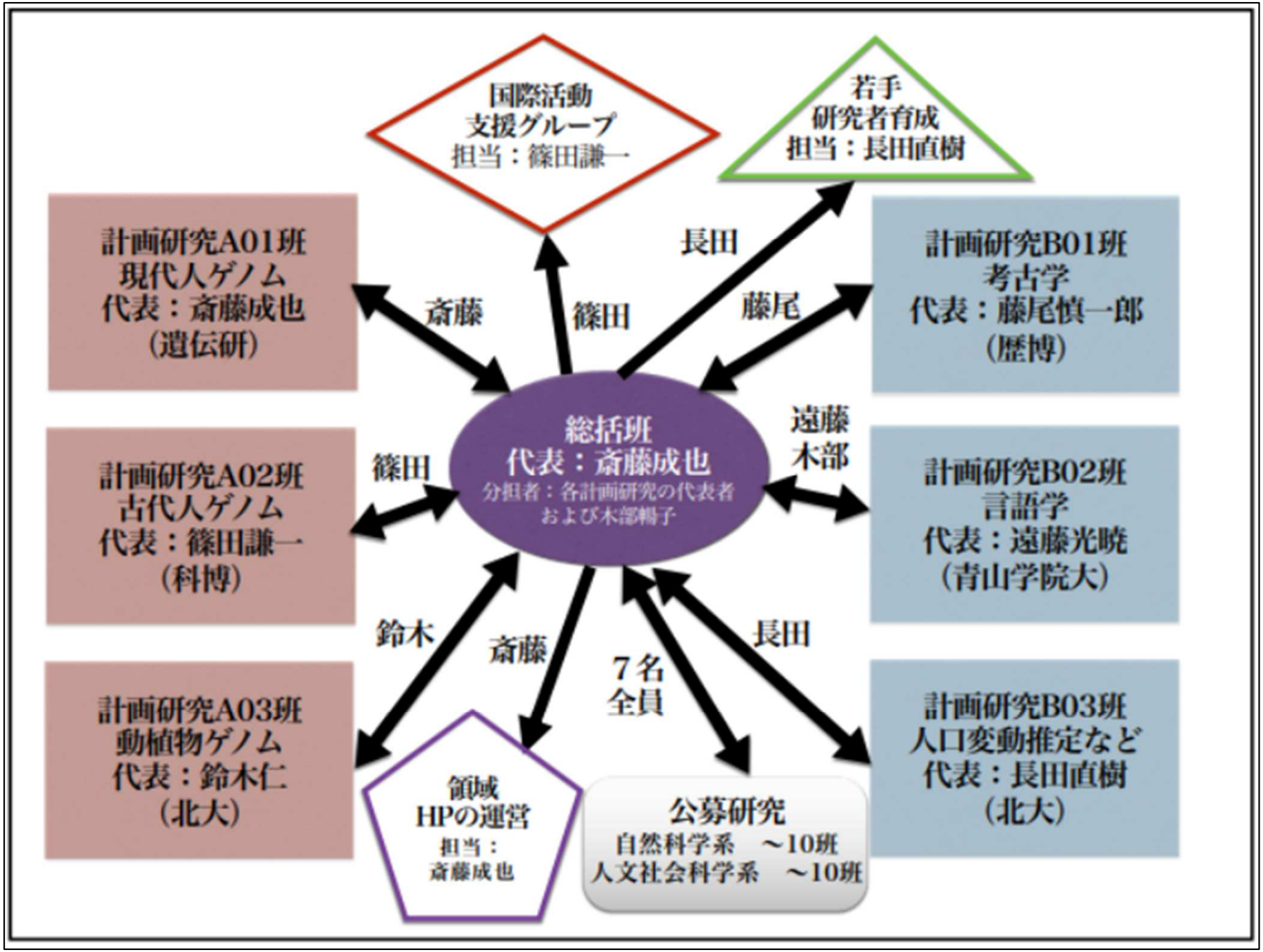
「ゲノム配列を核としたヤポネシア人の起源と成立の解明」がもたらすブレークスルー

★現代人・古代人・動植物の進化研究：これまでの数万倍で、しかもヤポネシアを中心とした多地域における核ゲノムデータにより、量から質への革命がもたらされつつある
★考古学：年単位まで精密化された年代推定法により、ヤポネシアとその周辺における時間解像能に革命がもたらされた
★言語学：空間的・時間的に広範囲の調査により、ヤポネシア人とその周辺のデータ解析に革命がもたらされつつある

ヤポネシア人のゲノムをめぐる文理融合研究により
(1) 「うちなる二重構造」をもとにした三段階渡来説を検証する
(2) ヤポネシアへの渡来人の源郷を確定する
(3) 琉球語・日本語の起源と発展の諸説を検証する

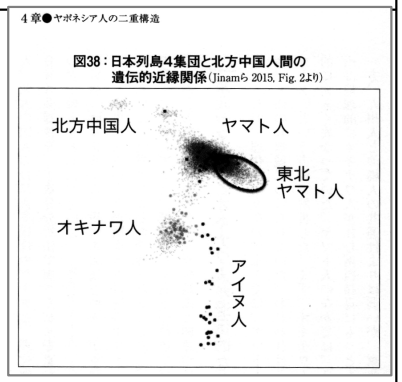
→ 新分野「ゲノム歴史学」を確立する

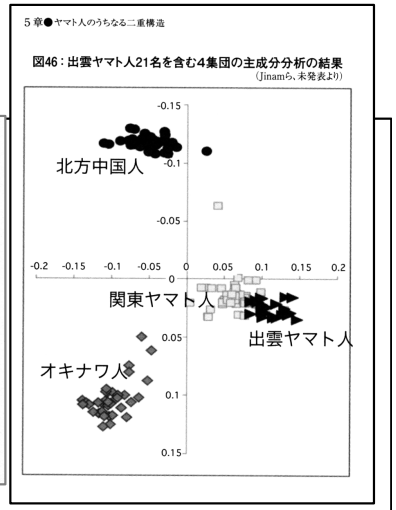

A1 班
現代人ゲノム
A2 班
古代人ゲノム
B01 班
考古学
進化学
ゲノム
考古学
言語学
A3 班
動植物ゲノム
B03 班
人口動態推定
B02 班
言語学
ゲノム配列を核とした異分野融合による新たな領域
ヤポネシア人の歴史の解明


国際活動
支援グループ
担当：篠田謙一
若手
研究者育成
担当：長田直樹
計画研究A01班
現代人ゲノム
代表：斎藤成也
（遺伝研）
計画研究B01班
考古学
代表：藤尾慎一郎
（歴博）
計画研究A02班
古代人ゲノム
代表：篠田謙一
（科博）
計画研究B02班
言語学
代表：遠藤光暁
（青山学院大）
計画研究A03班
動植物ゲノム
代表：鈴木仁
（北大）
計画研究B03班
人口変動推定など
代表：長田直樹
（北大）
総括班
代表：斎藤成也
分担者：各計画研究の代表者
および木部暢子
斎藤
篠田
長田
藤尾
篠田
遠藤
木部
鈴木
斎藤
7名
全員
長田
領域
HPの運営
担当：
斎藤成也
公募研究
自然科学系　～10班
人文社会科学系　～10班

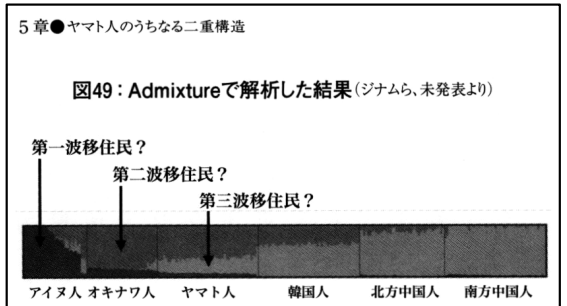
「内なる二重構造」のきっかけ

- 斎藤成也著「日本人の源流」2017年河出書房
  - 東京いずもふるさと会の申し出で、出雲人のDNAを調査
  - その結果、想定外の結果が出た（右図）。
  - より多くの出雲人のDNAを調査。
  - その結果が左下の図。





- 出雲人は関東人よりも、大陸の人々から離れている。
- 出雲人と東北人は、方言が似ている。
- 出雲・エミシ・蝦夷　この人達は、違うDNAを持っている。→もう一つの集団
- 内なる二重構造論を着想

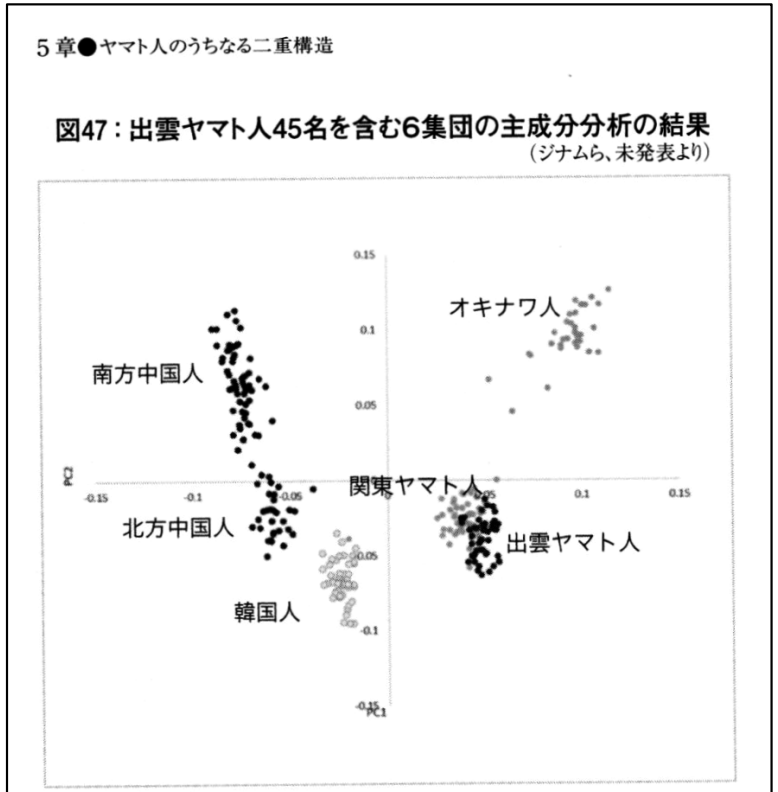


縄文人、弥生人、そしてもうひとつの集団がいた？

ヤマト人のなかに「うちなる二重構造」があるとすれば、ヤポネシア全体では、2種類ではなく、3種類の祖先集団が存在したことになる。そこで、4章の図40（B）で比較した東アジアの6集団の全個体が、仮想的な3個の祖先集団の混血だと仮定したときに、どのような割合になるのかを計算してみた。図49がその結果である。

アイヌ人の一部が100％受け継いでいる祖先集団は、3章の結果からみても、縄文人あるいは旧石器時代から縄文時代にかけてヤポネシアに移住してきた、もっとも古い祖先集団だろう。一方、大多数の南方中国人（中国系シンガポール人）がほぼ100％を受け継いでいる祖先集団は、弥生時代以降にヤポネシアに水田稲作をもたらした集団であった可能性がある。

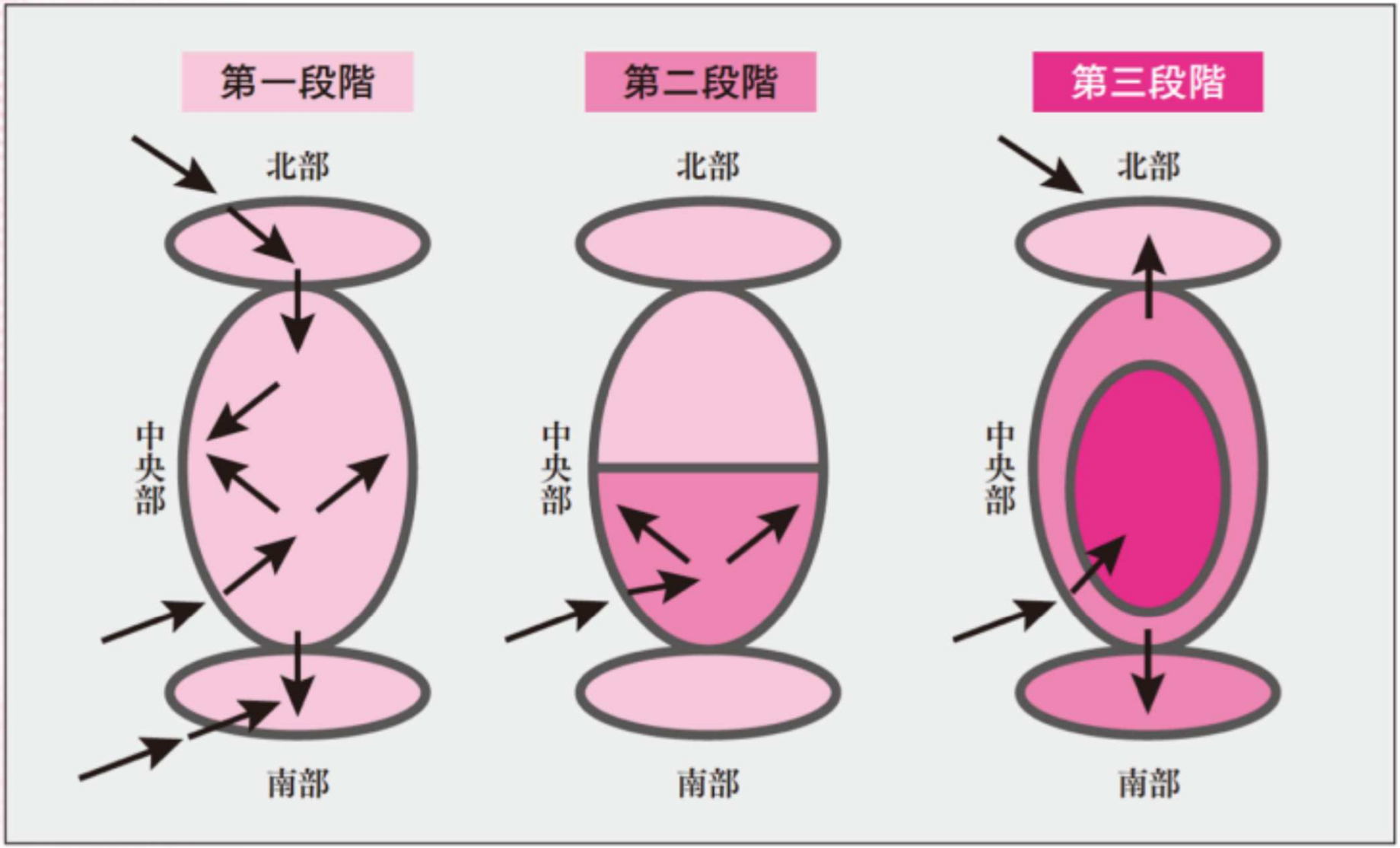
すると、残りの祖先集団はなんだろうか？　この祖先集団のゲノムは、過半数のオキナワ人が80％以上を受け継いでおり、ヤマト人でも60％以上を占めている、もっとも割合が高い祖先集団である。興味深



基本的な考え方

日本列島への三段階渡来モデル

斎藤成也(2015)『日本列島人の歴史』より



三段階モデル−可能性（1）

日本列島への
三段階渡来モデル

渡来時期の
可能性（1）

マウス渡来時期　　CAS:3500年前　MUS:2700年前

斎藤成也(2017)より

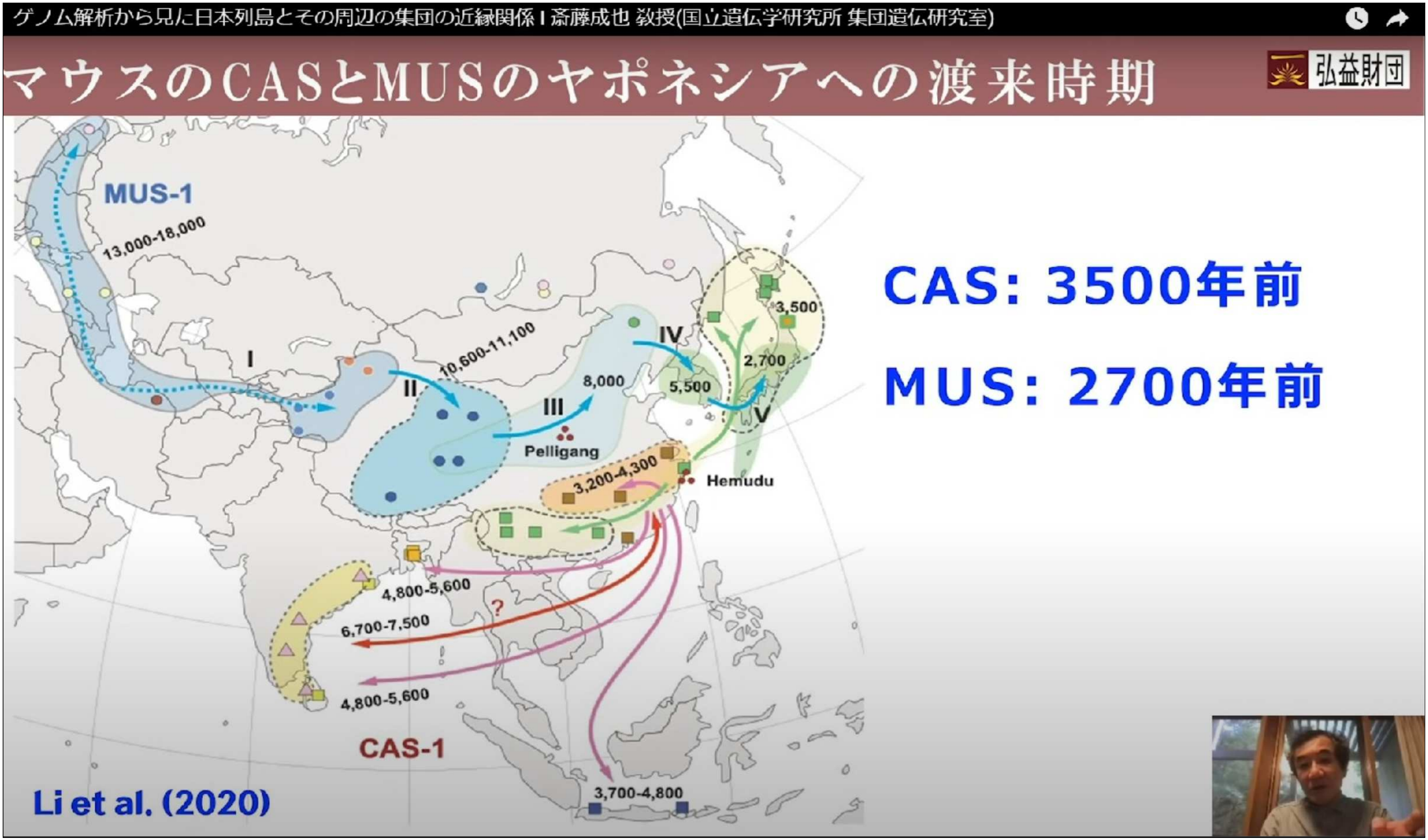
三段階モデル−可能性（1）

日本列島への
三段階渡来モデル

渡来時期の
可能性 (2)

マウス渡来時期　　CAS:3500年前　MUS:2700年前

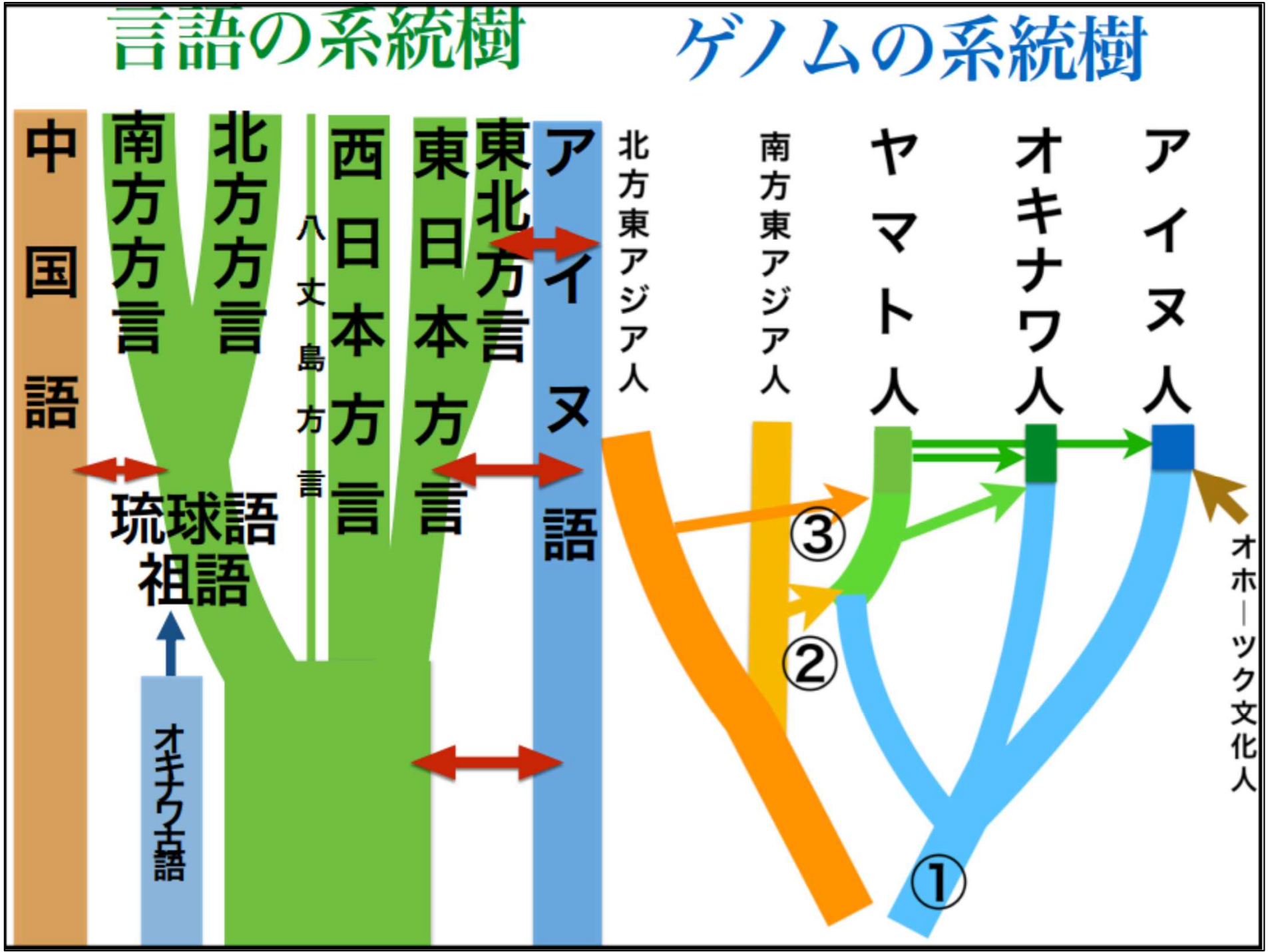
マウス渡来時期　　CAS:3500年前　MUS:2700年前



日本列島への三段階渡来モデル

- 「ヤポネシア人の起源と成立の解明」を標榜して、プロジェクトが開始された。
- 「三段階渡来モデル」の可能性（1）と（2）の2案を提示している。
    - しかし、2案について具体的な進展は、見られていない。
- ヤポネシアゲノム 季刊誌Yaponesian を ゼロ号から全部見直したが、同じ印象。
- 個々の、多方面の論文発表があるが、まとまったものとしては、
  ✓ 2021年4月5日の ニュースリリース
  「日本人類学会の機関誌 Anthropological Science の「ヤポネシアゲノム特集号」
  に掲載された 6 論文のご紹介
  ✓ がある。
    - そこで、今回の紹介では、「三段階渡来モデル」には、これ以上触れない。

言語とゲノム


言語の系統樹
ゲノムの系統樹
中国語
南方方言
北方方言
八丈島方言
西日本方言
東日本方言
東北方言
アイヌ語
琉球語祖語
オキナワ古語
北方東アジア人
南方東アジア人
ヤマト人
オキナワ人
アイヌ人
オホーツク文化人
①
②
③

日本人類学会の機関誌 Anthropological Science の「ヤポネシアゲノム特集号」に掲載された 6 論文のご紹介

2021 年 4 月 5 日 ニュースリリース

1 ： Modern human DNA analyses with special reference to the inner-dual structure model of Yaponesian

（ヤポネシア人の内なる二重構造モデルにもとづく現代人の DNA 解析）

著者：Timothy A. Jinam, Yosuke Kawai, and Naruya Saitou（ティモシー・A・ジナム、河合洋介、斎藤成也

2 ： Ancient genomes from the initial Jomon period: new insights into the genetic history of the Japanese archipelago

（縄文早期からの古代ゲノム：日本列島の遺伝史への新しい見解）

著者：安達 登、神澤秀明、奈良貴史、角田恒雄、西田 巌、篠田謙一

3 ： The time-dependent evolutionary rate of mitochondrial DNA in small mammals inferred from biogeographic calibration

（日本列島における第四紀後期の環境変化に考慮した生物地理学的補正から推定された小型哺乳類のミトコンドリアDNA（3）の時間依存性進化速度）

著者：Hitoshi Suzuki（鈴木 仁）

4 ： Geographical distribution of certain toponyms in the Samguk Sagi

（三国史記のいくつかの地名の地理的分布）

著者：Mitsuaki Endo（遠藤光暁）

総説論文 1 ： Exploring models of human migration to the Japanese archipelago using genome-wide genetic data

（ゲノム規模の遺伝子データを用いて日本列島への人類の移動モデルを探索する）

著者：Naoki Osada and Yosuke Kawai（長田直樹、河合洋介）

総説論文 2 ： Paleogenomic s of human remains in East Asia and Yaponesia focusing on current advances and future directions

（現在の進展と将来の方向に焦点をあてた東アジアとヤポネシアのヒト遺物の古代ゲノム学）

著者：Kae Koganebuchi and Hiroki Oota（小金渕佳江、太田博樹）

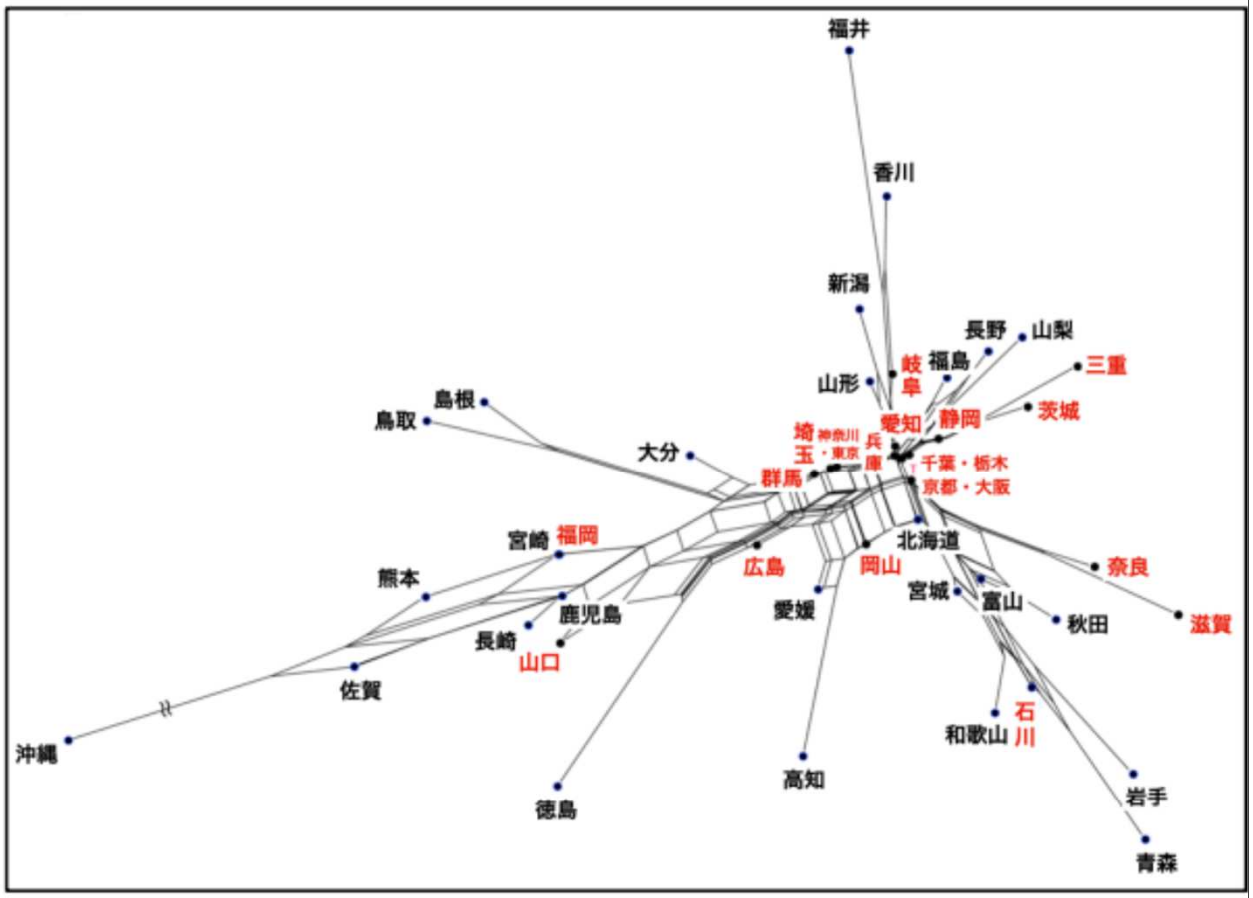
ヤポネシア人の内なる二重構造モデルにもとづく現代人の DNA 解析

■ 研究の詳細

● 研究成果

原著論文1：

3種類のデータセット（1642 人の日本人のミトコンドリア DNA ゲノム配列データ、ジェネシスヘルスケア社から提供をうけた 47 都道府県総計 6 万人のミトコンドリア DNA ハプロタイプ[4]頻度データ、およびヤポネシアとその周辺 6 集団（アイヌ人、オキナワ人、ヤマト人[5]、韓国人、北方中国人、南方中国人）の 19 万カ所のゲノム規模 SNP データ）を解析した結果、どの結果も「うちなる二重構造[6]」モデルを支持していました。

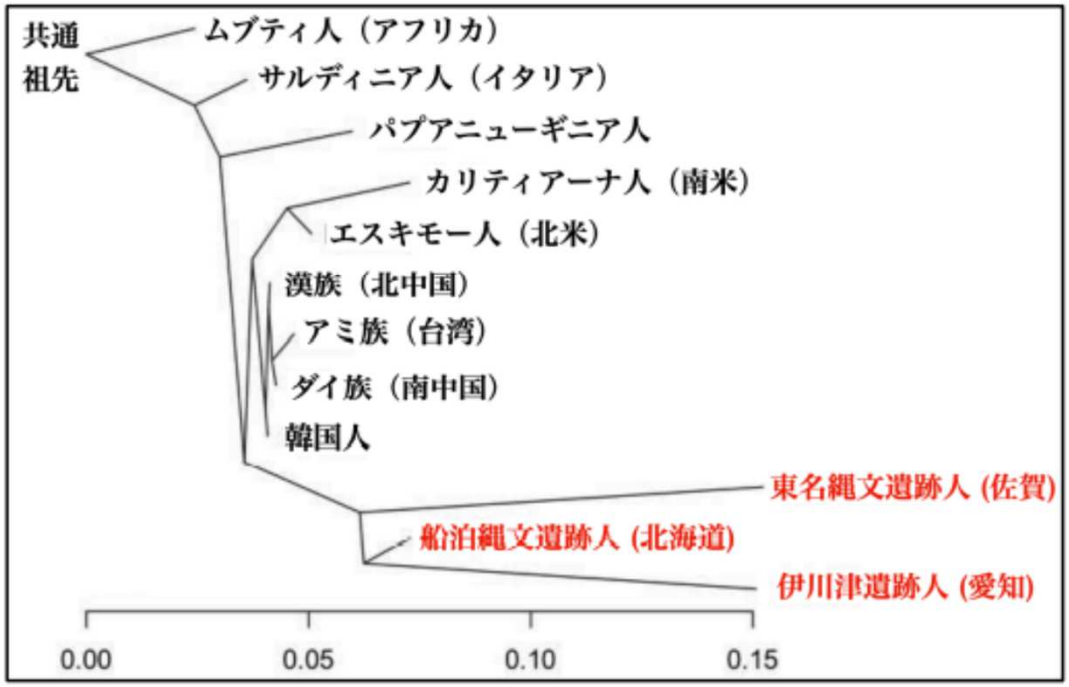


原著論文1の図：ミトコンドリア DNA データからみた 47 都道府県の位置関係

縄文早期からの古代ゲノム：日本列島の遺伝史への新しい見解

原著論文2：

これまで確実に縄文時代のものと言える古代人ゲノムは、三貫地貝塚（福島県）と船泊遺跡（北海道）という東日本からの報告だけでしたが、本論文では、はじめて九州の縄文時代早期（8000 年前）の東名遺跡出土の縄文人ゲノムを報告しました。その結果、東名の縄文人も現代日本人とは大きく異なり、東日本の縄文人や、弥生時代になっても縄文文化を継承していた人々のゲノムに類似することが分かりました。このことは、縄文時代を通じて、全国に遺伝的にはひとつのグループとしてまとめることができる集団（縄文人）が住んでいたことを示しています。



原著論文2の図：東名・船泊・伊川津の3縄文系がまとまっている様子

分析された九州と沖縄のほとんどの縄文人はmtHg-M7a1aでした。

• 船泊遺跡（北海道）：	3800年前	mtDNA	N9b1	YDNA	D1b2a
• 三貫地貝塚遺跡（福島県）：	3000年前		M7a2/ N9b		
• 伊川津遺跡（愛知県）：	2500年前		N9b1		
• 東名遺跡（佐賀県）：	7800年前		M7a1a		D1b

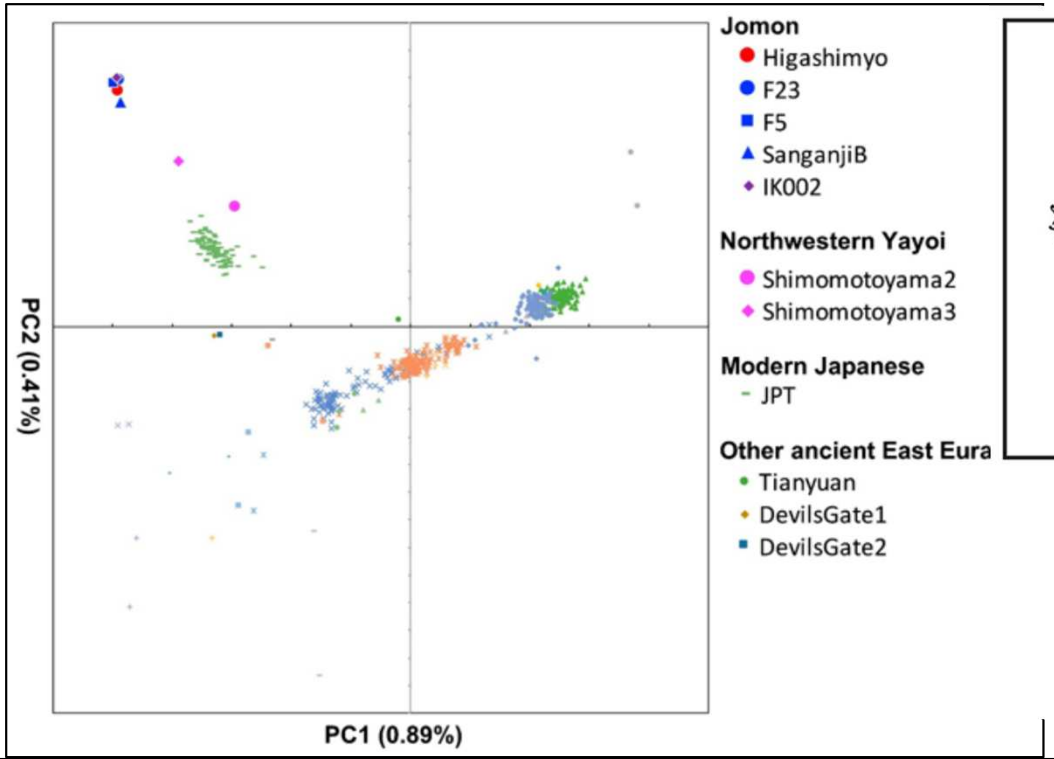
原著論文2: 縄文早期からの古代ゲノム:日本列島の遺伝史への新しい見解

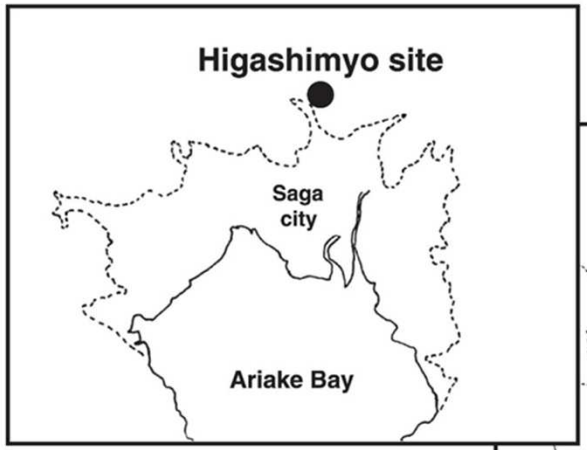
- 著者 :足立昇、 神沢秀明、 奈良隆、 角田恒雄、 西田巌、 篠田健一

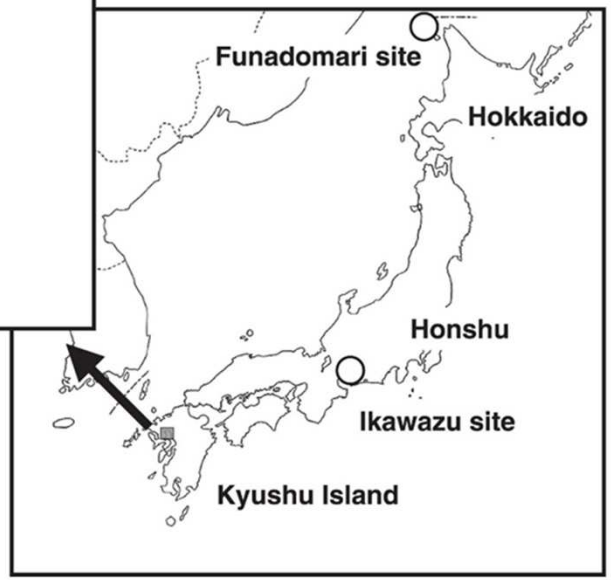
- 概要 -

- 九州佐賀市の東名貝塚遺跡の縄文時代初期の人骨の全ミトコンドリアゲノムと部分核ゲノムを報告
- 縄文人の時代的変遷や地域差を理解する上で重要なデータを提供します。
- ミトコンドリア DNA と Y 染色体ハプログループは、以前に報告された後期縄文人で見つかったものと類似していました。
- さらに、縄文時代の初期から最終期までの3つの核ゲノムを比較すると、
  - 日本列島内での縄文時代全体の遺伝的連続性が示され、
  - 混合の有意な証拠はありませんでした。
- これは、縄文時代を通じて地域化が進んだことで、縄文人の遺伝的分化が促進されたことを示しています。

- 東名貝塚遺跡
  - 「骨格標本 012」(大臼歯)
  - 7460～7980年前
  - MtDNA: M7a1a
  - Y-DNA : D1b





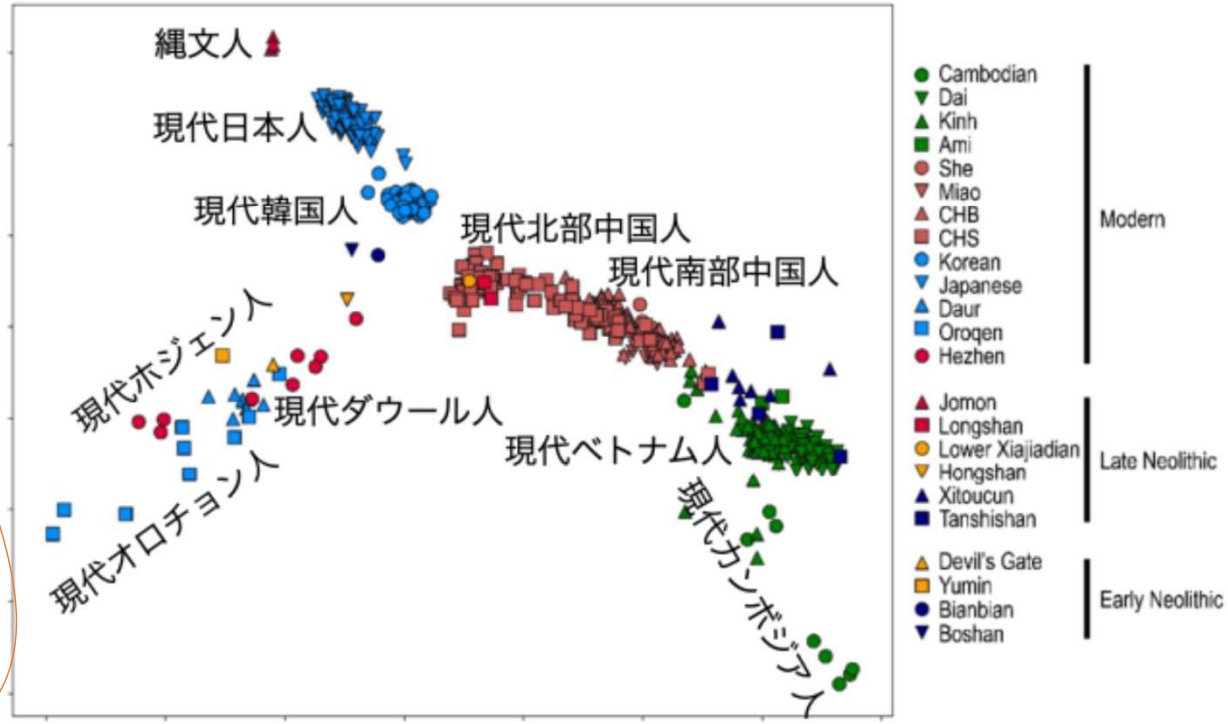


ゲノム規模の遺伝子データを用いて日本列島への人類の移動モデルを探索する

総説論文1：

東アジアにおける現代・古代のヒトゲノムデータを概観するとともに、これらの再解析をおこないました。その結果、縄文時代人のゲノムが弱いながら古代北シベリア集団のゲノムからの影響を受けていたことを発見しました。

総説論文1の図：現代人と古代人のゲノムを主成分分析[8]で比較した結果



- 縄文とヤナの間の結びつきを示す4 つの統計は、わずかに有意であるにすぎませんでした。より質の高い古代のサンプルを使用したさらなる検証研究が必要です。

- ヤマト人のゲノムのなかにどれくらい縄文人由来のゲノム成分があるかどうかを推定しました。
  - この値は、船泊縄文人を最初に解析した論文ではおよそ12%と推定されていましたが
  - qpAdmという手法を用いて推定を行いました。
    - 解析結果からは40%程度と、非常に異なった推定値が得られています。

「紹介」を終了

丸地コメント

- 特に気になった「内なる二重構造モデル」を取り上げる。
- 弥生時代後期の戦争遺跡である青谷上寺地遺跡のDNA解析がこのプロジェクトの一環として、行われた。 紹介を加える。
- 出雲の猪目洞窟遺跡についても紹介。
- 「内なる二重構造モデル」についてコメントする。

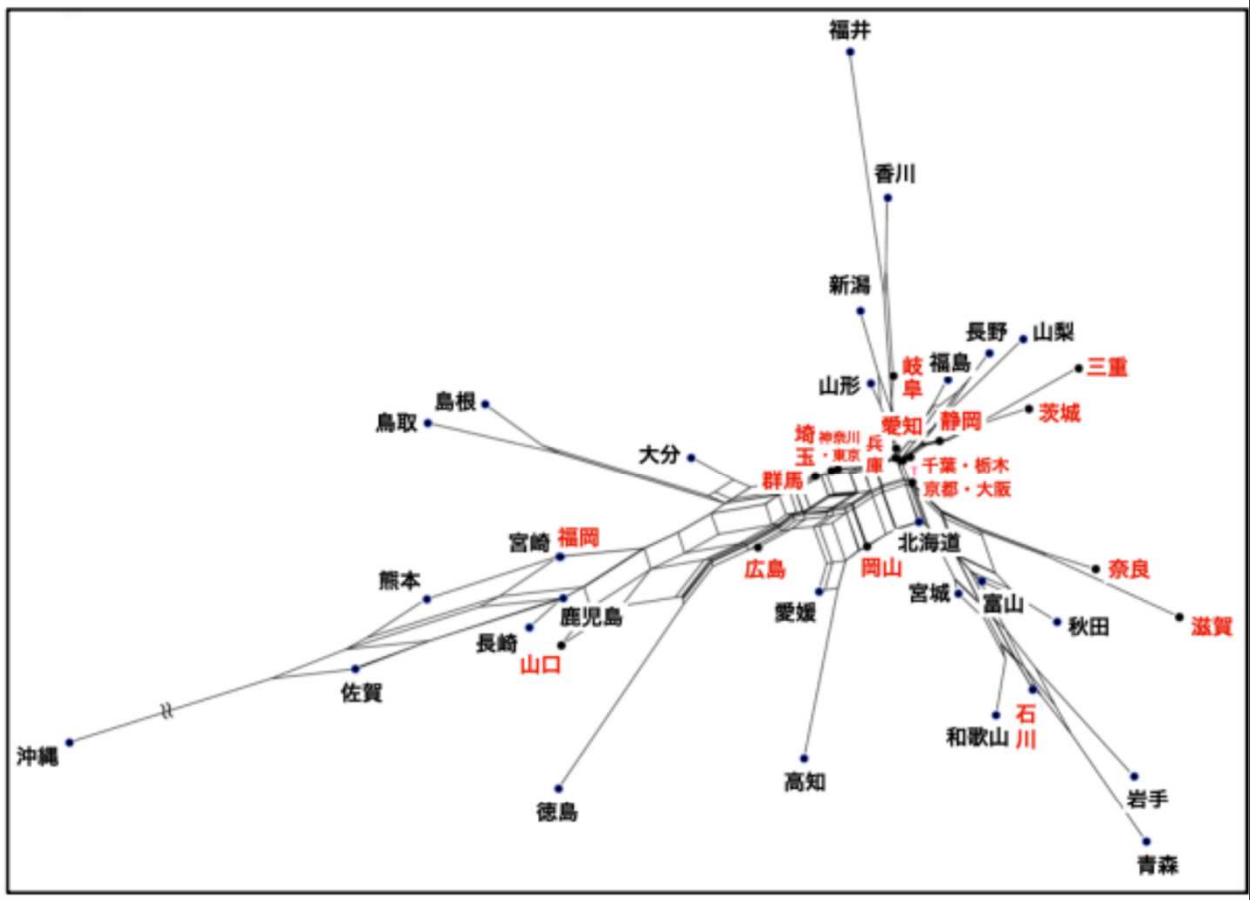
ヤポネシア人の内なる二重構造モデルにもとづく現代人の DNA 解析について検討

■ 研究の詳細

● 研究成果

原著論文1：

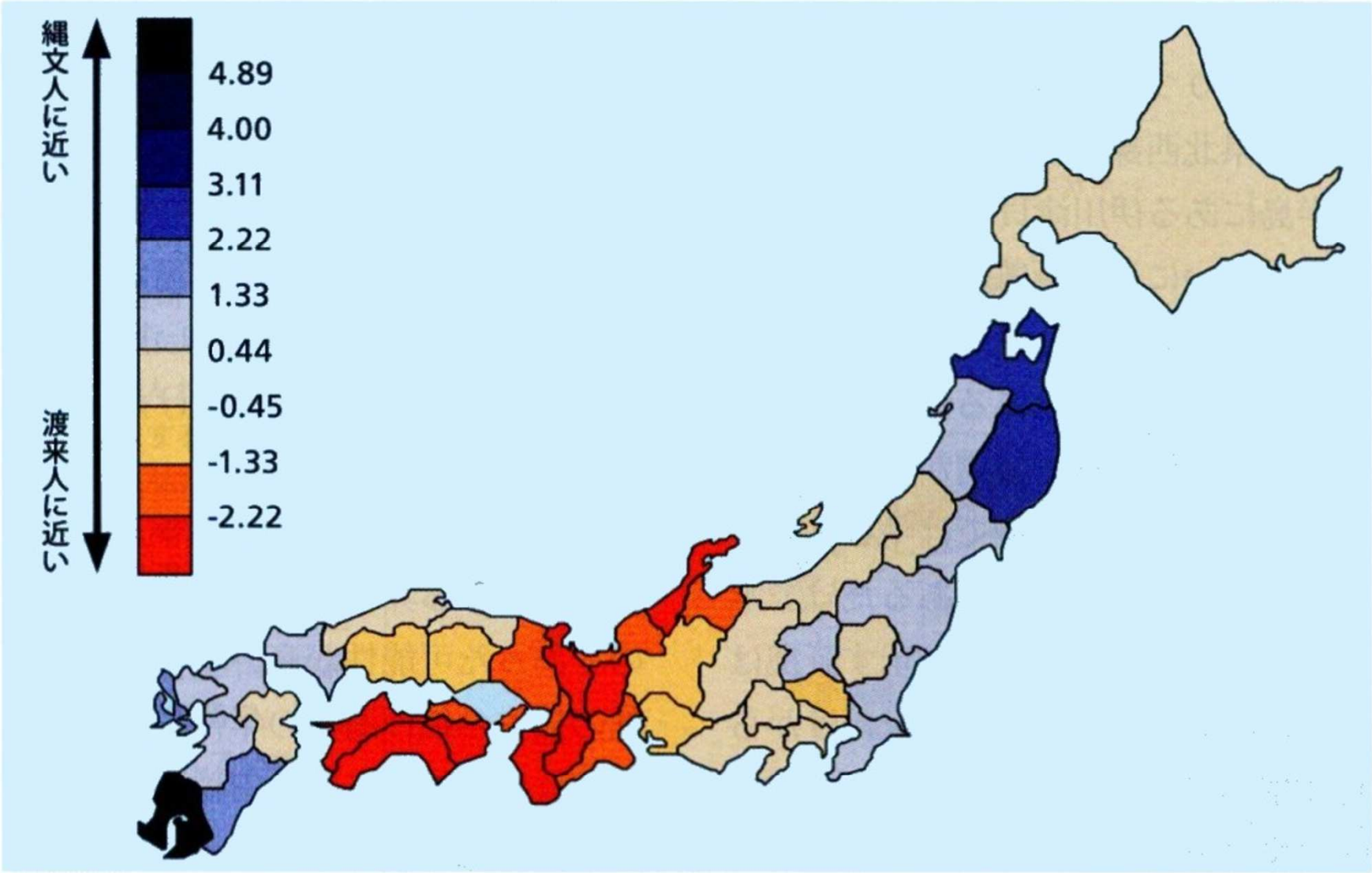
3種類のデータセット（1642 人の日本人のミトコンドリア DNA ゲノム配列データ、ジェネシスヘルスケア社から提供をうけた 47 都道府県総計 6 万人のミトコンドリア DNA ハプロタイプ[4]頻度データ、およびヤポネシアとその周辺 6 集団（アイヌ人、オキナワ人、ヤマト人[5]、韓国人、北方中国人、南方中国人）の 19 万カ所のゲノム規模 SNP データ）を解析した結果、どの結果も「うちなる二重構造[6]」モデルを支持していました。



原著論文1の図：ミトコンドリア DNA データからみた 47 都道府県の位置関係

日本人の二重構造モデルを示すDNA解析結果

日経サイエンス2021年8月号　特集ヤポネシア　ゲノムから解き明かす縄文人・弥生人のルーツ　33pより



縄文人・渡来人，どっちに近い？　左ページの主成分分析図の左右方向の位置関係をヒートマップにしたもの。縄文人由来のゲノム比率が極めて高い沖縄県は地図に含んでいない。渡来人由来のゲノム比率が高い地域は列島の中央部にある程度集まって見える。

内なる二重構造モデル

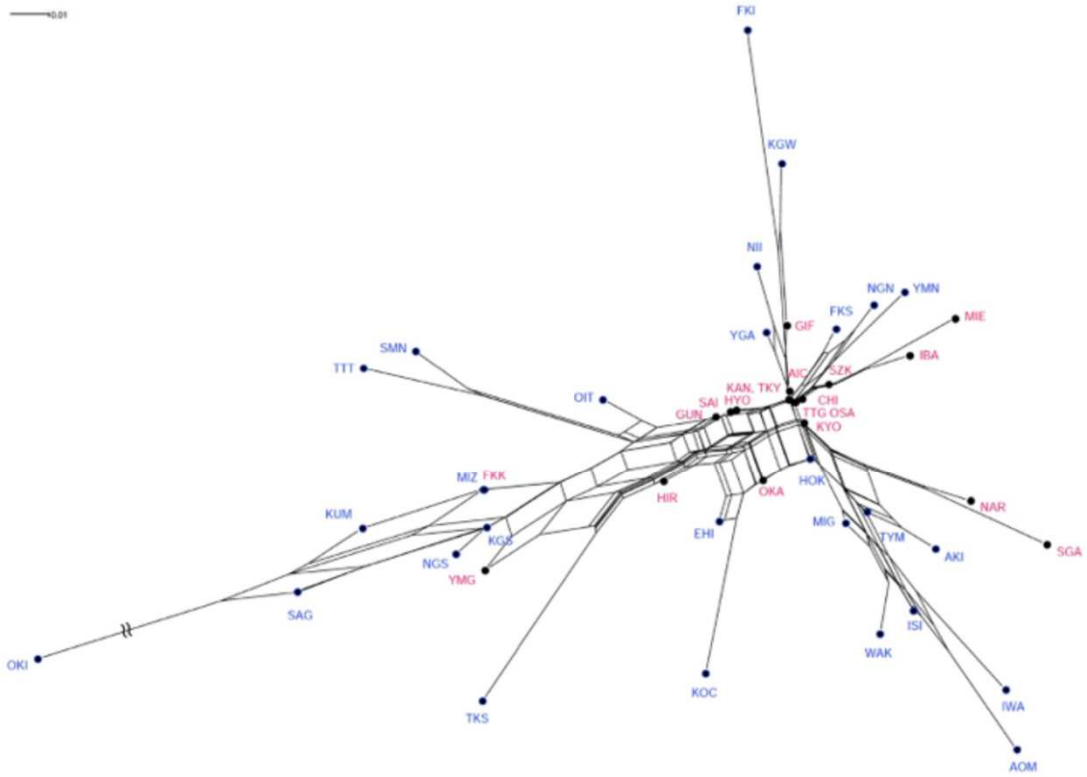
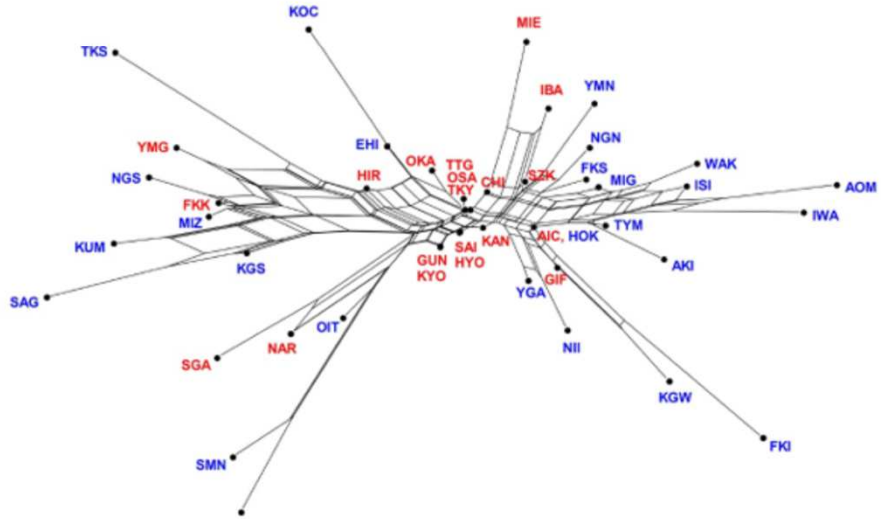


Figure 5

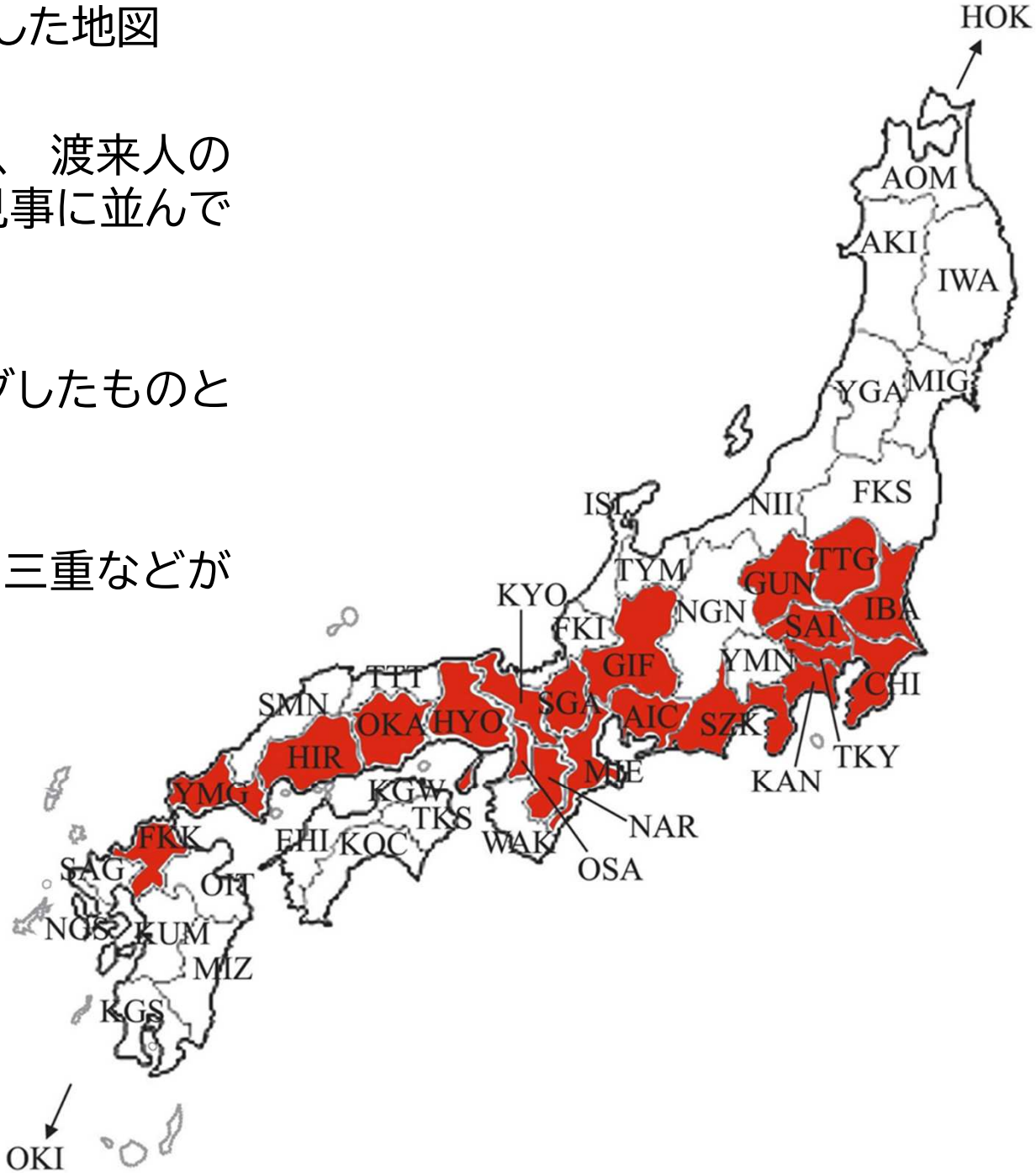
Phylogenetic network of 47 prefectures based on mtDNA haplotype frequencies.



- TIMOTHY A. JINAM氏の論文では、県名がアルファベット3文字で表示。
- 図の形が違う、見易い図も表示。
- 中心部の都府県に住む人々が弥生渡来系で政権の中心となった人々のDNAが多い地域(県)。
- 長い突起上の線上の件は、やや異なるDNAを持つ地域(県)。
- 縄文人vs弥生人の二重構造だけではない、もう一つの2重構造が、ここに表現されている。
- これがヤポネシアゲノムのプロジェクトの問題提起が確実に存在する証拠。
- 但し、赤字の県と青字の県の区別が、恣意的に感じられる。
- 足の長い：距離の有るところの県は、数理的には青の筈。 怪しい感じがする。

内なる二重構造論

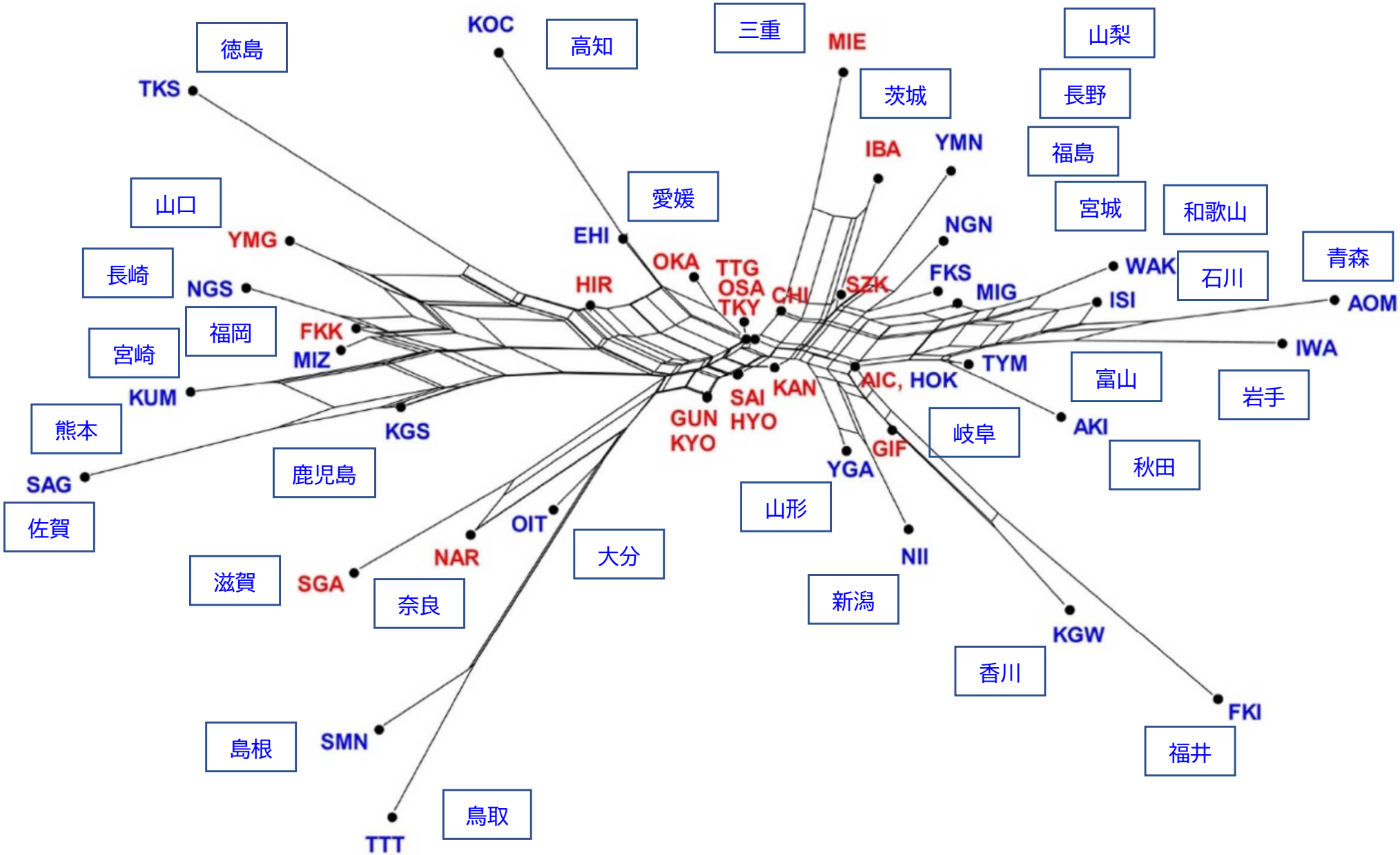
- 前ページの県名を県別地図に落とした地図
- この地図は、古代史を学ぶ人には、 渡来人の比率の高いと認識される地域が見事に並んでいる。
- DNAの解析と古代史がマッチングしたものと評価されそう。
- 但し、DNA解析では、奈良・滋賀・三重などがグラフの位置関係と合わない。



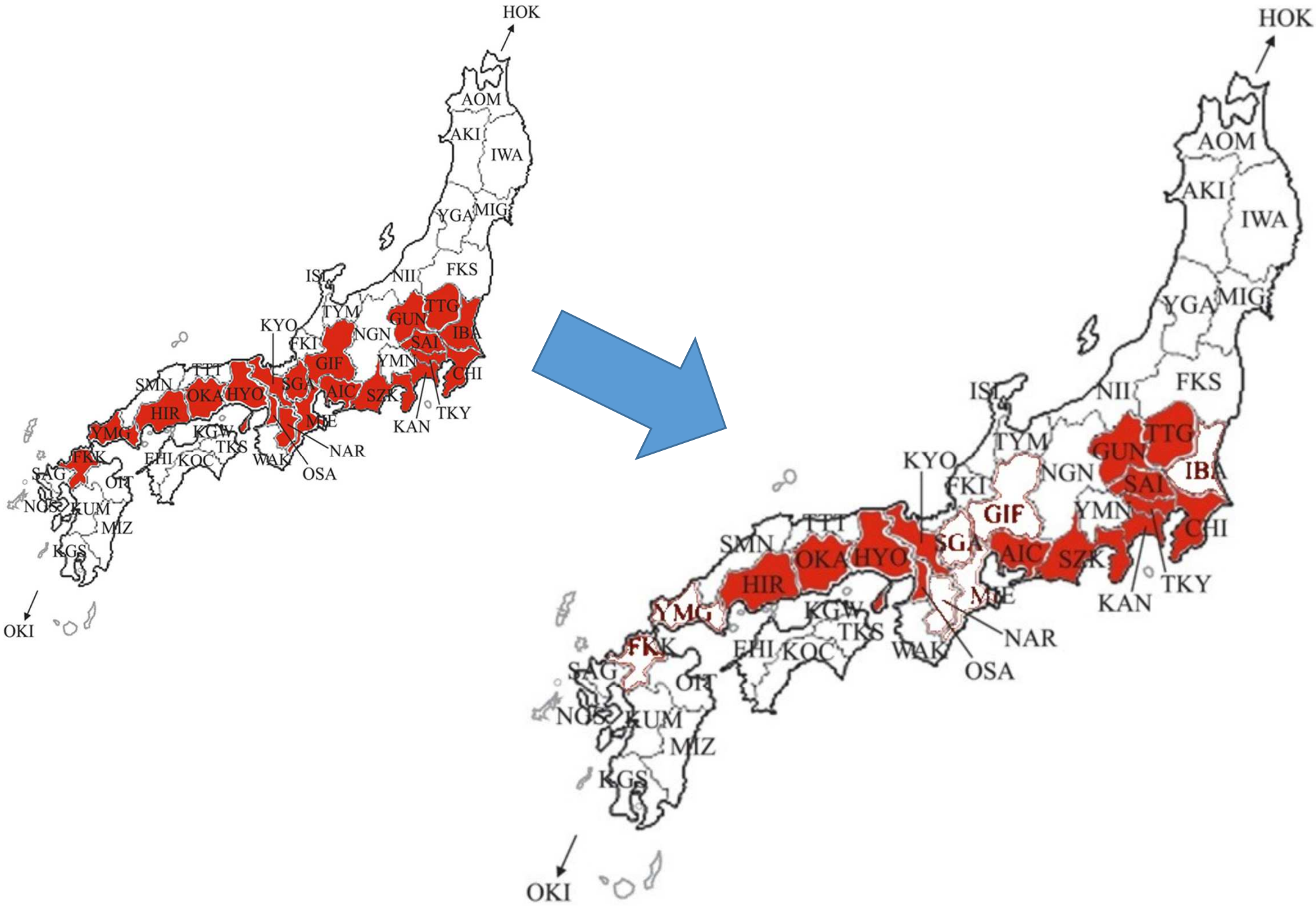
mtDNAハプロタイプ頻度に基づく47都道府県の系統発生ネットワーク

Figure 5

Phylogenetic network of 47 prefectures based on mtDNA haplotype frequencies.

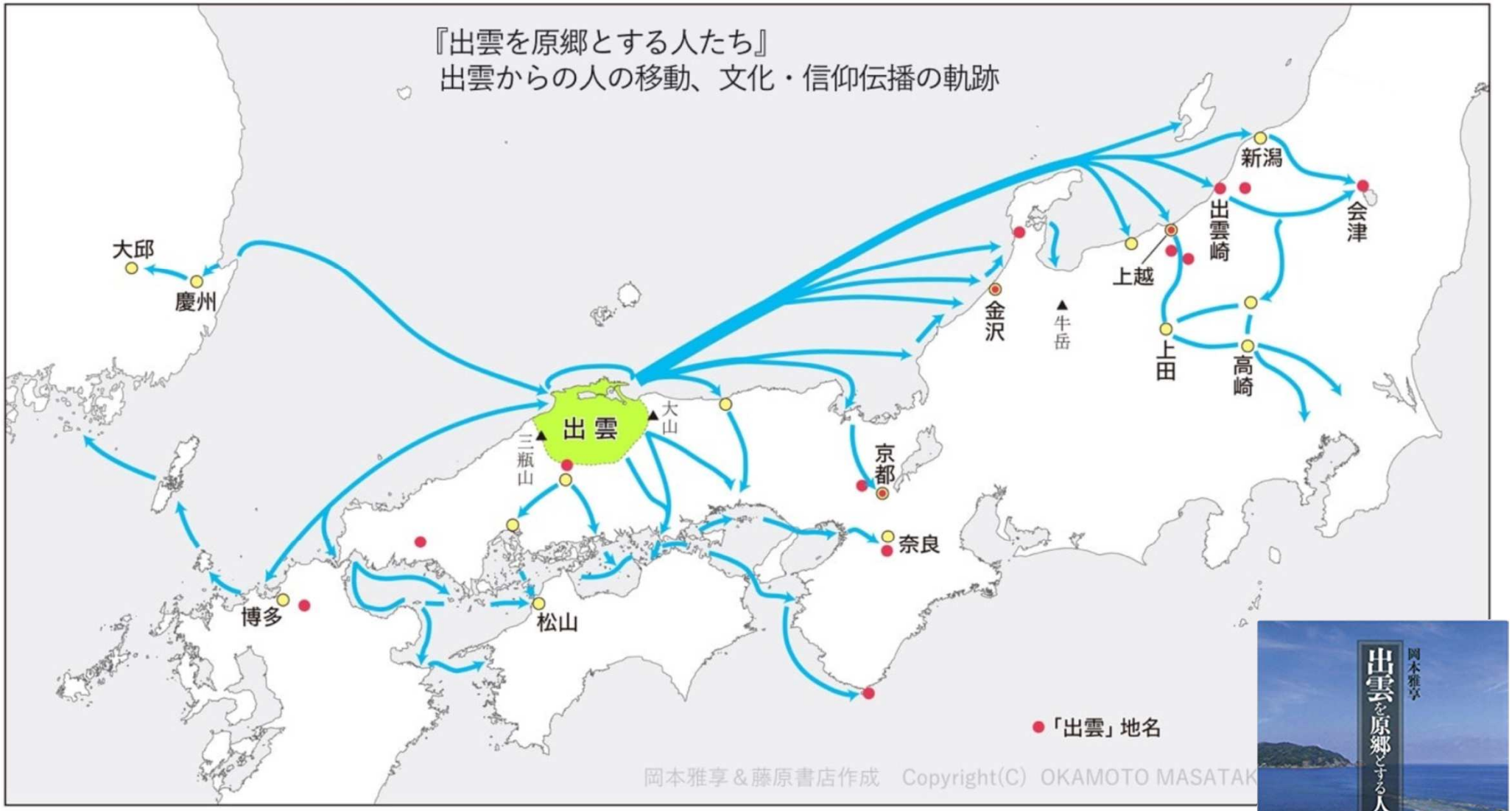


内なる二重構造論 県別地図をDNA解析通りに修正



新宿紀伊國屋ホールで開かれたセミナー
《全国”出雲”再発見の旅》

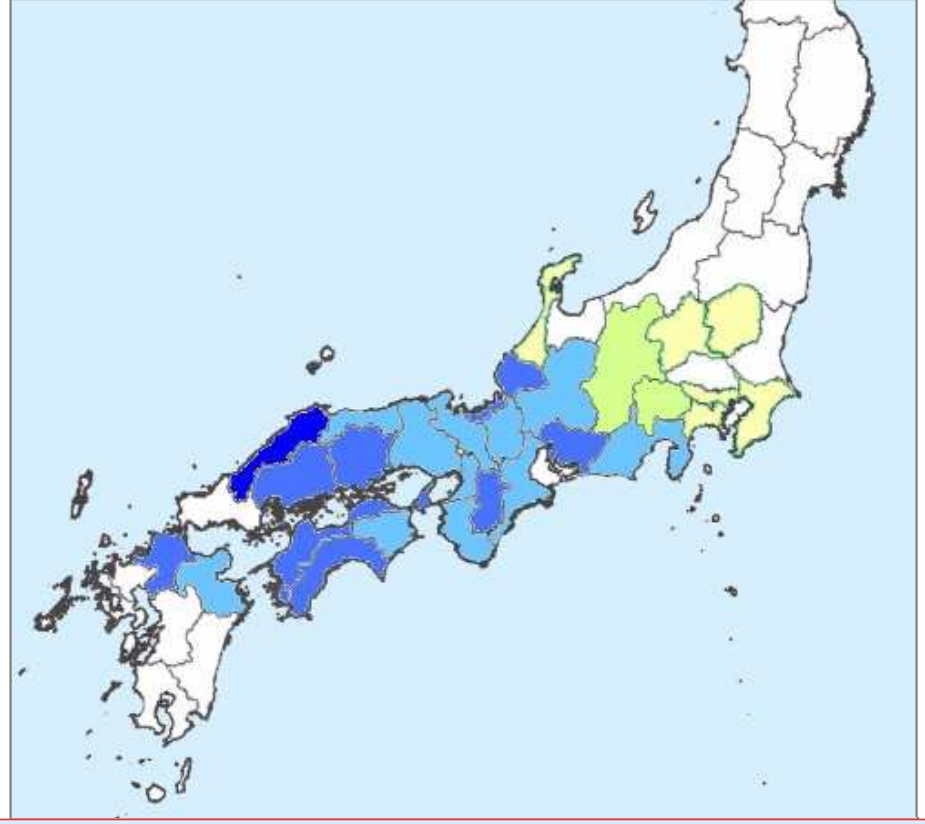
八雲の空-岡本雅亨の出雲学 より

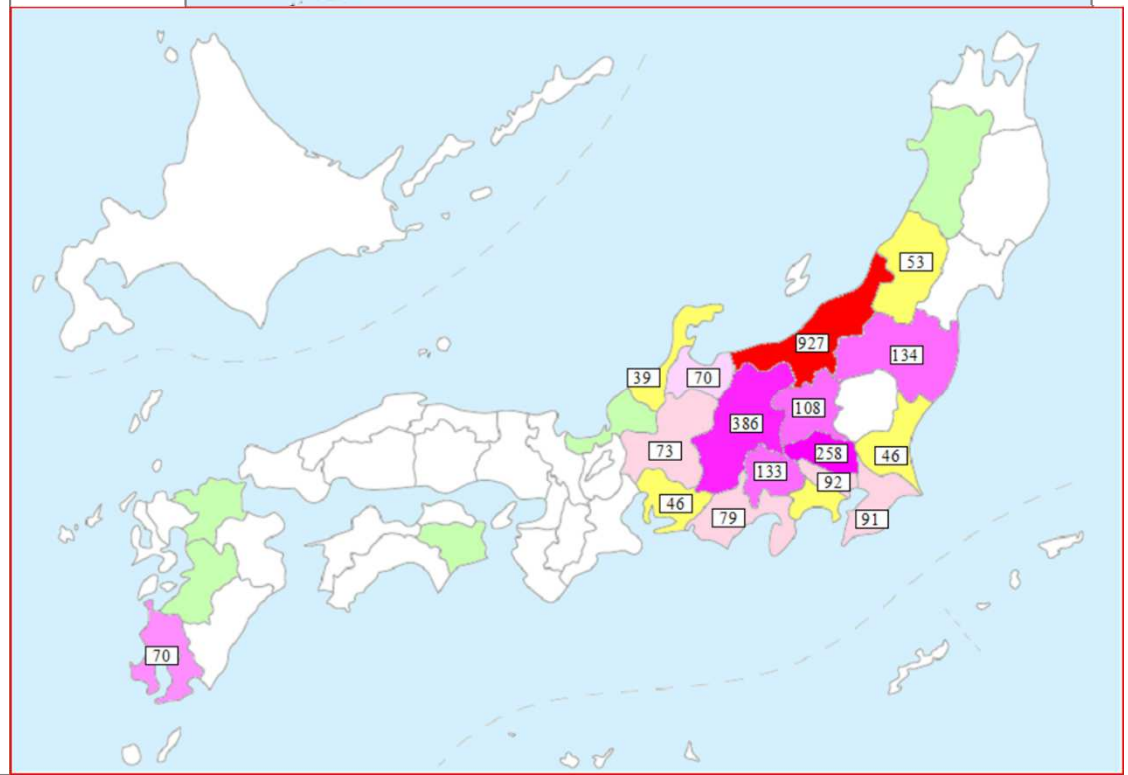


出雲族の勢力範囲
青銅器埋納と神社の祭神の分布図から

- 青銅器埋納の分布図と神社の祭神の分布図は、その両方で、出雲族の支配地を表している。
- 青銅の武器祭器と銅鐸の分布は、支配地の拡大状況とその結果を示し、更に、氷川神社等・諏訪神社の分布は、その支配地域の拡大を示している。
  - 氷川・諏訪の両神社のすっぽりと抜けた栃木県は、なんと、味耜高彦根神を祭神とする神社のある地域。
  - 味耜高彦根神の行動範囲は、東北から、岐阜の藍見の喪山の神社に祭られる。
  - その後に本拠地（母親の故郷は宗像）に戻り、大乱で戦い、死亡したと考える。
    - 子孫は残っていない。

- 出雲族の支配地を、東北まで広げると、拡大のし過ぎとの批判が出そうだが、
  - 高地性集落の分布・北陸の天王山式土器の分布・アメリカ式石鏃の分布などの遺跡・遺物で確認できる。

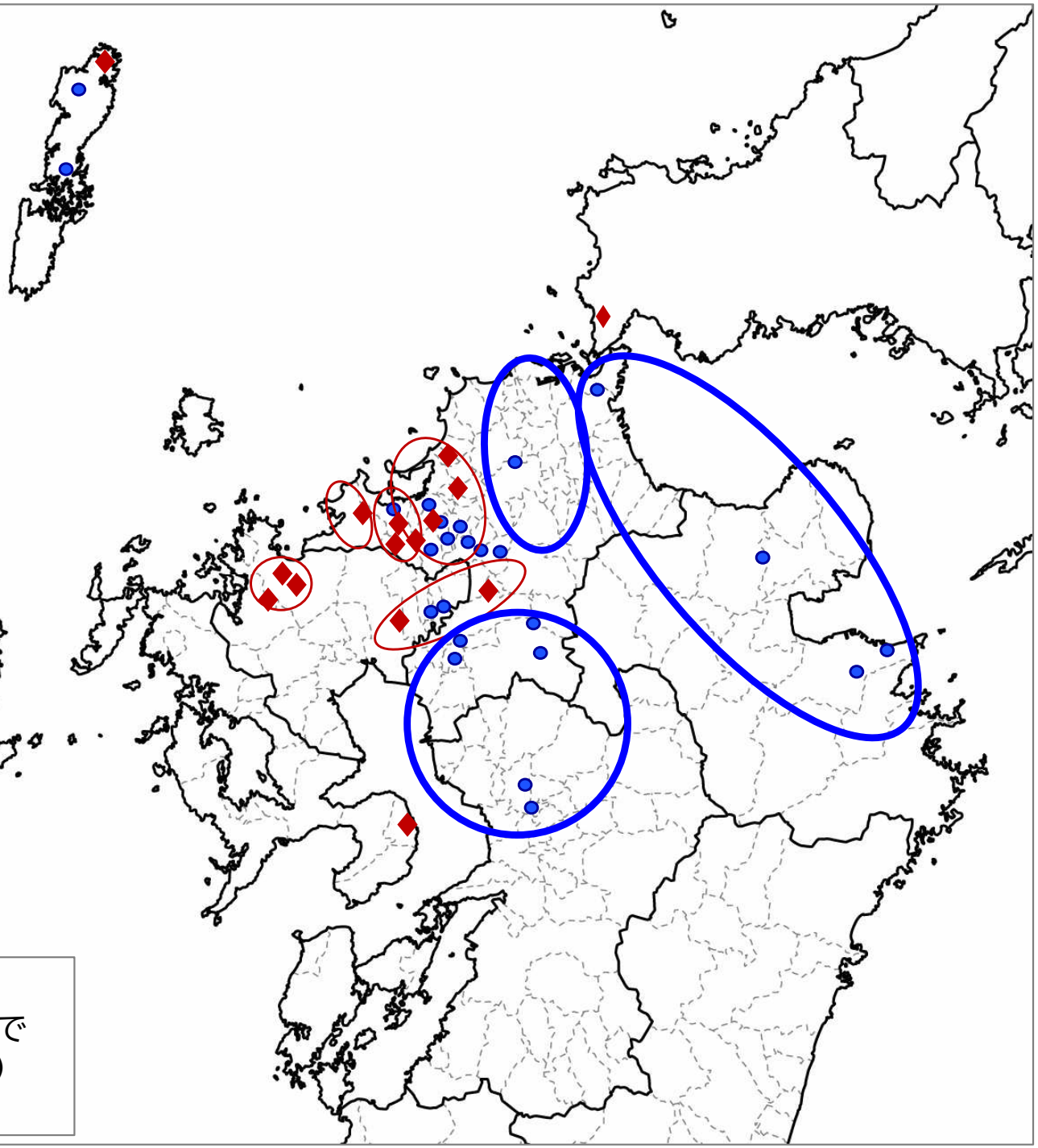




武器型青銅器を埋納した地域と副葬した地域

第２表　複数出土の青銅器（埋納）

種類	銅剣				銅矛				銅戈					備考
形式	細	中細	中広	平	細	中細	中広	広	細	中細	中広	広	大阪	
筑前・下山門										3				
〃・隈・西小田										23				
肥後・真木西津留										2				
肥後・今古閑						4								
豊後・浜		4												
筑前・住吉						3	2			6				神社伝世
〃・小倉										1	26			
〃・原町										3?	45?			
筑前・小倉西方							9							
〃・岩戸							3							
筑後・女山大草							2							
〃・つるかけ							3							
〃・藤田天神浦							18							15本現存せず
肥前・目達原							4							
〃・検見谷							12							
豊後・且尾谷迫							7							
〃・京ケ尾							5							
筑後・乙隈東畑											2			
対馬・クビル							1	3						
筑後・日永								1				1		
対馬・佐志賀								15						
筑前・岡本辻								9						
〃・安徳原田								12						
豊前・小倉南								2						
〃・上原								2						
〃・小向野								2						
豊後・坊主山								7						

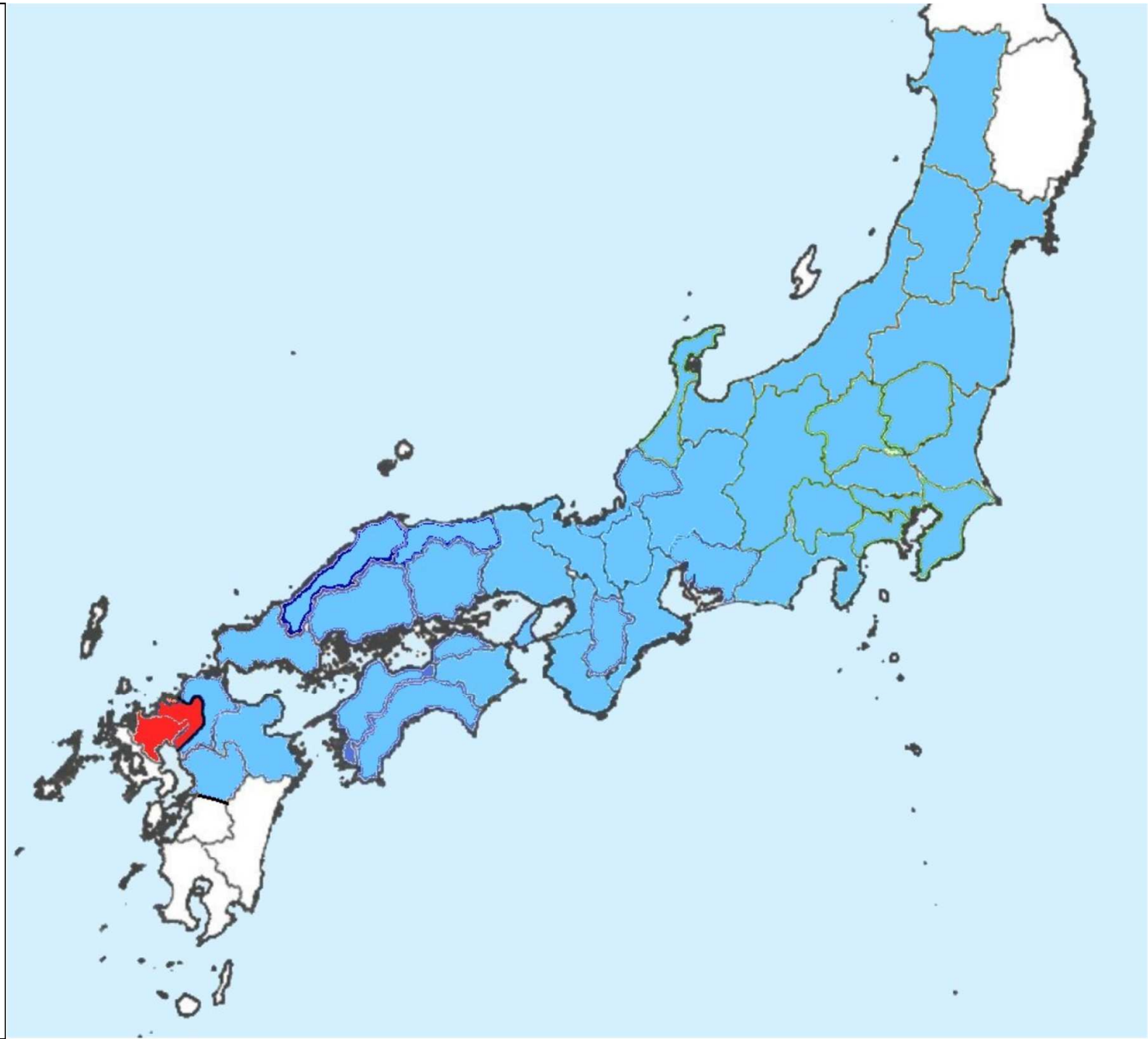


副葬した赤◇は本来の天孫族の地域
埋納した●は、出雲族の本来の地域と戦争で
勝ち取った地域（最終的に天孫族に負けた）
◯は、出雲族の長期間優勢だった地域

天孫族と出雲族の支配地域区分（出雲族最盛期）

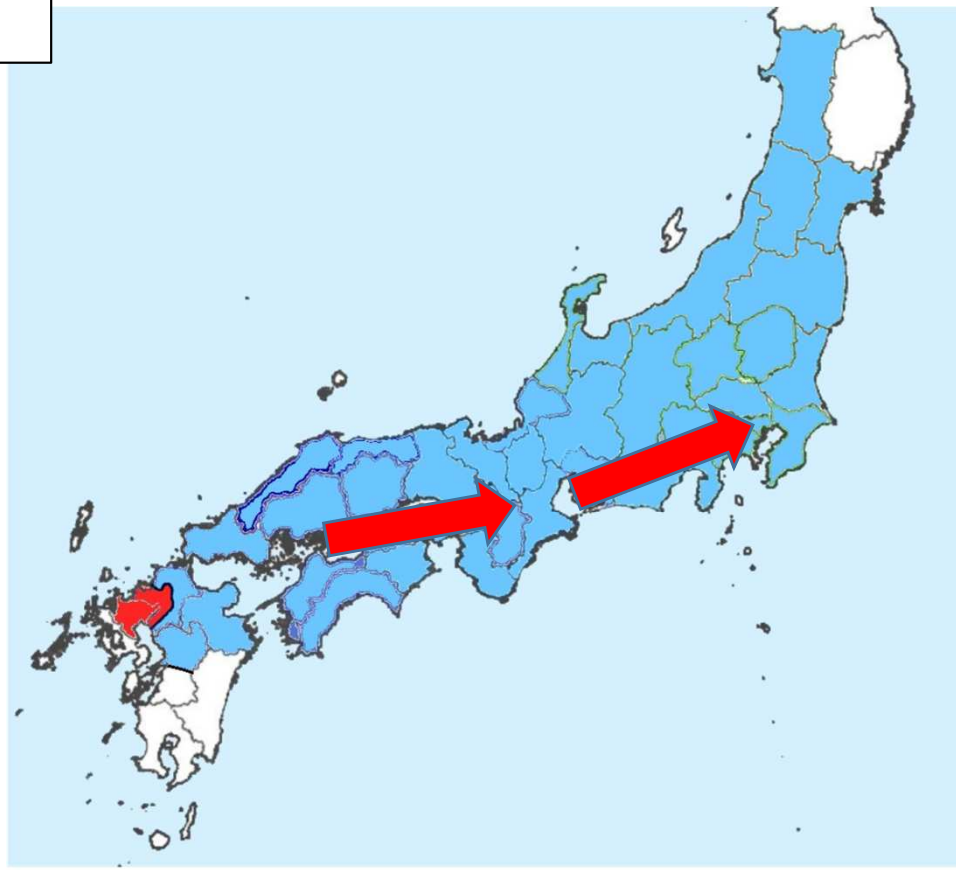
- 出雲族の最盛期の支配地域の区分
  - 埋納･副葬区分
  - 戦傷遺跡分布
  - 青銅祭器の分布（小銅鐸を含む）
  - 主要遺跡
  - 祭神による神社分

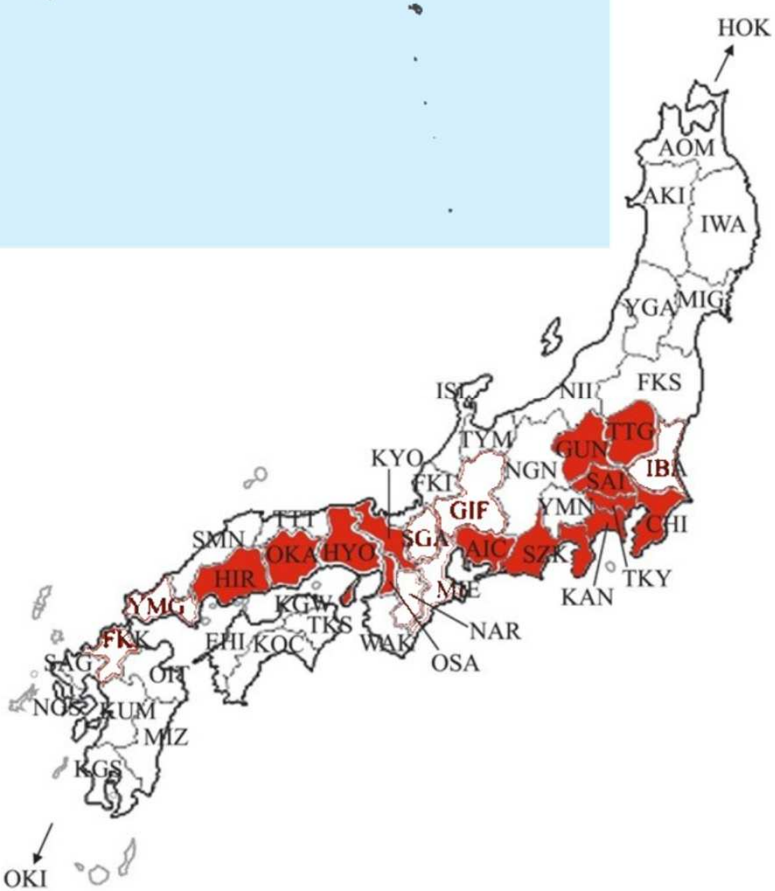
✓ 天孫族：赤系統色
✓ 出雲族：青系統色



出雲族支配地とその後の展開

- 出雲族の最盛期の支配地域の区分
  - ✓ 天孫族：赤系統色
  - ✓ 出雲族：青系統色
- 出雲族の拠点地区
  - 出雲地域（島根・鳥取）
  - 福岡東部・大分・熊本
  - 奈良（纏向地域）・滋賀県
    - 日本海の拠点（石川・富山・新潟）
    - 東北の拠点（福島{会津}）
    - 東海の拠点（三重・愛知）
- 神武東征以降の天孫族の拠点
  - 多祁理宮（広島）
  - 高島宮（岡山）
    - 兵庫・大阪
    - 奈良
      - 饒速日一族（尾張氏）愛知
- ヤマトタケル以来の東国支配
  - 静岡・神奈川・千葉・東京・埼玉
  - 上野・下野（群馬・栃木）
- 天孫族の強い影響下であっても、出雲族の人々が残存した地域
  - 福岡県・山口県　奈良・滋賀・岐阜・三重

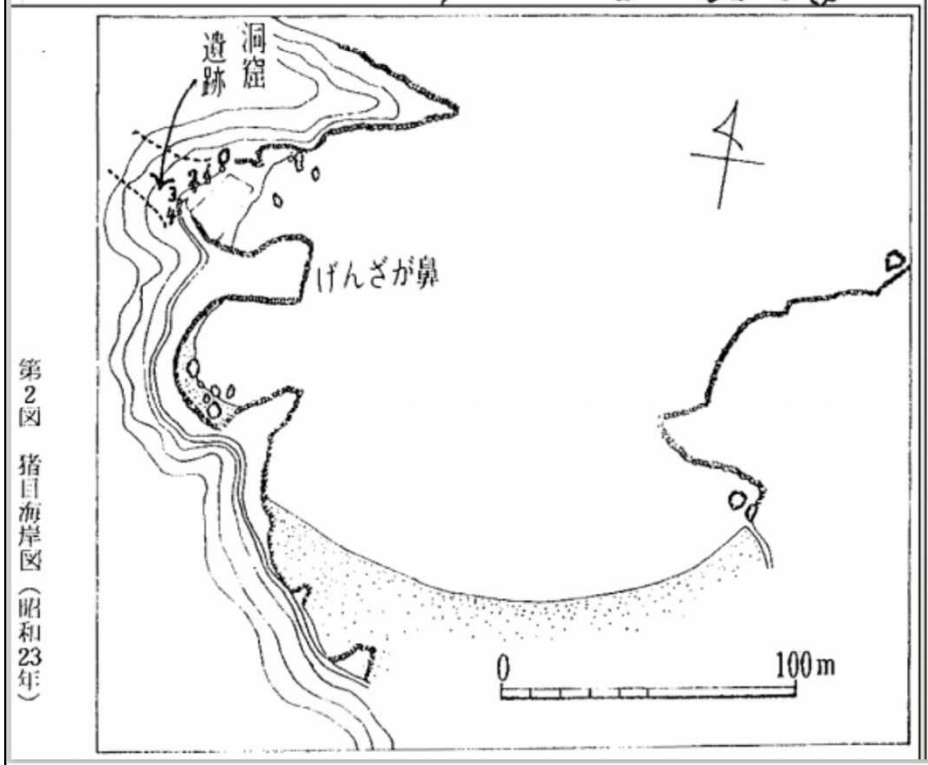




内なる二重構造論

- 斉藤成也氏が、DNA解析の結果、日本国内の県ごとの差異を発見したことは、素晴らしい着目点と考える。
  - 着目した当初の、出雲と東北の類似点を見出そうとした。
  - 今回のTIMOTHY A. JINAM氏の論文は、将に、その着目点が正しかったことを裏付けている。
  - 古代の出雲族のDNAがどうであったのかが、判れば、更に、TIMOTHY A. JINAM氏の解析結果の正しさが、裏付けられる。
  - 古代の出雲族のDNAは、現在、2か所で調査された。
    - 猪目遺跡　　弥生前期～古墳時代
    - 青谷上寺地遺跡　　弥生末期

猪目洞窟遺跡



第2図　猪目海岸図（昭和23年）

昭和 23 年頃の猪目洞窟

猪目洞窟遺跡のDNA解析

- 神澤秀明氏の講演メモ
- ６体を解析
  - 時期は弥生前期から古墳時代まで1000年差
  - ミトコンドリアDNA:縄文系M7a　3体（血縁関係あり）渡来系D4とN9a　3体

  - ゲノム分析2体　：　現代日本人の範疇に入る。 但し、縄文要素が多い

- 猪目遺跡の位置は、
  - 出雲大社から北に山を越えて海側に位置する。
  - 猪目遺跡の特徴は、海岸よりと云地域差
  - 出雲の中心地では無い　　そのような地域差がある可能性有。

完成した勾玉・管玉の生産・加工・流通ルート

日本海を行き交う弥生の宝石　～青谷上寺地遺跡の交流を探る～
青谷上寺地遺跡フォーラム2013の資料　　鳥取県埋蔵文化センター2013

・　糸魚川のヒスイや複数の管玉の原材料産地と加工・流通の経路を、まとめて提示したのが、右の書物とその中の図。

八日市地方遺跡と青谷上寺地遺跡が、加工と流通の拠点で最終消費地九州へのルートがきれいに示されている。

全体像は画期的な提示。

幾つか異論が示されているが。

天孫族が襲った忌まわしい大殺戮が行われた青谷上寺地遺跡は、出雲側の有力な拠点だったことが判る。

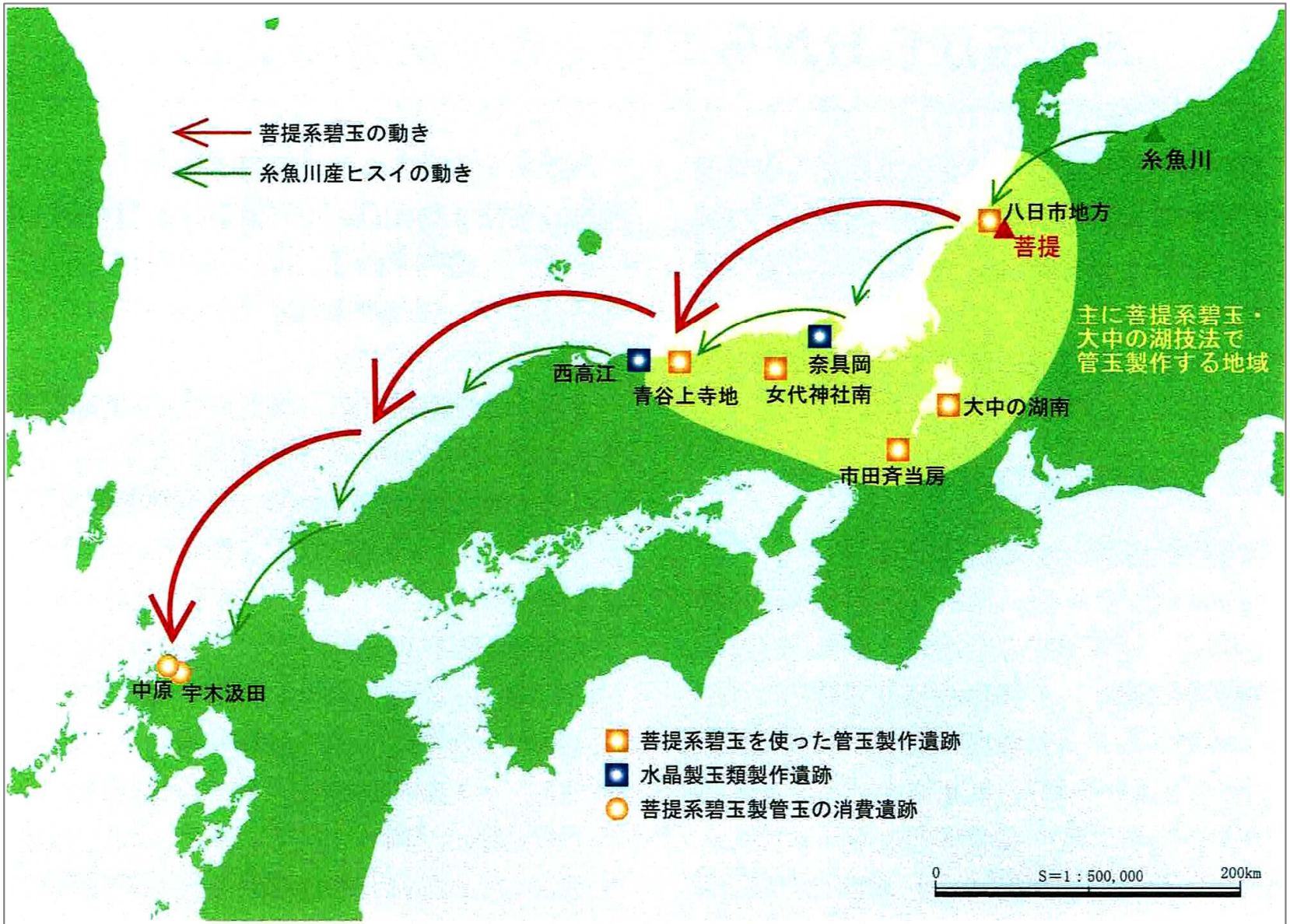
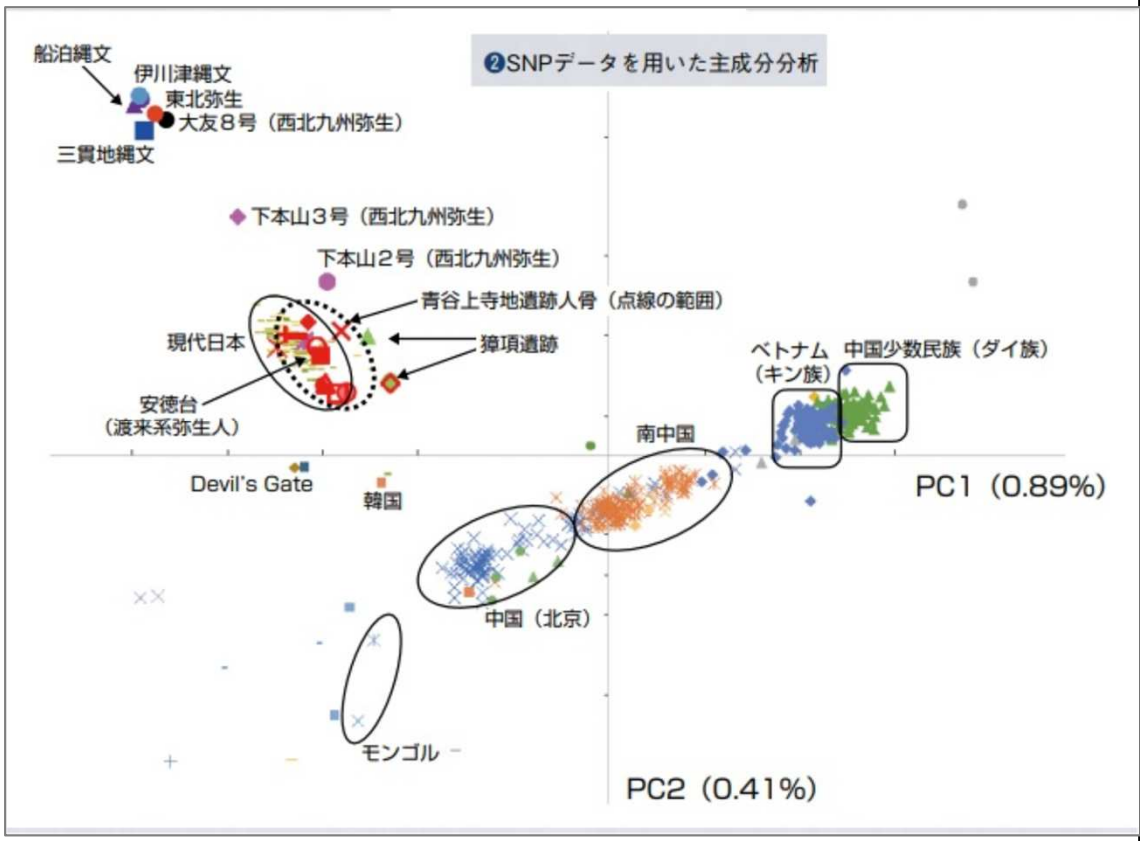


図15　弥生時代中期中葉～後葉の玉の流れ

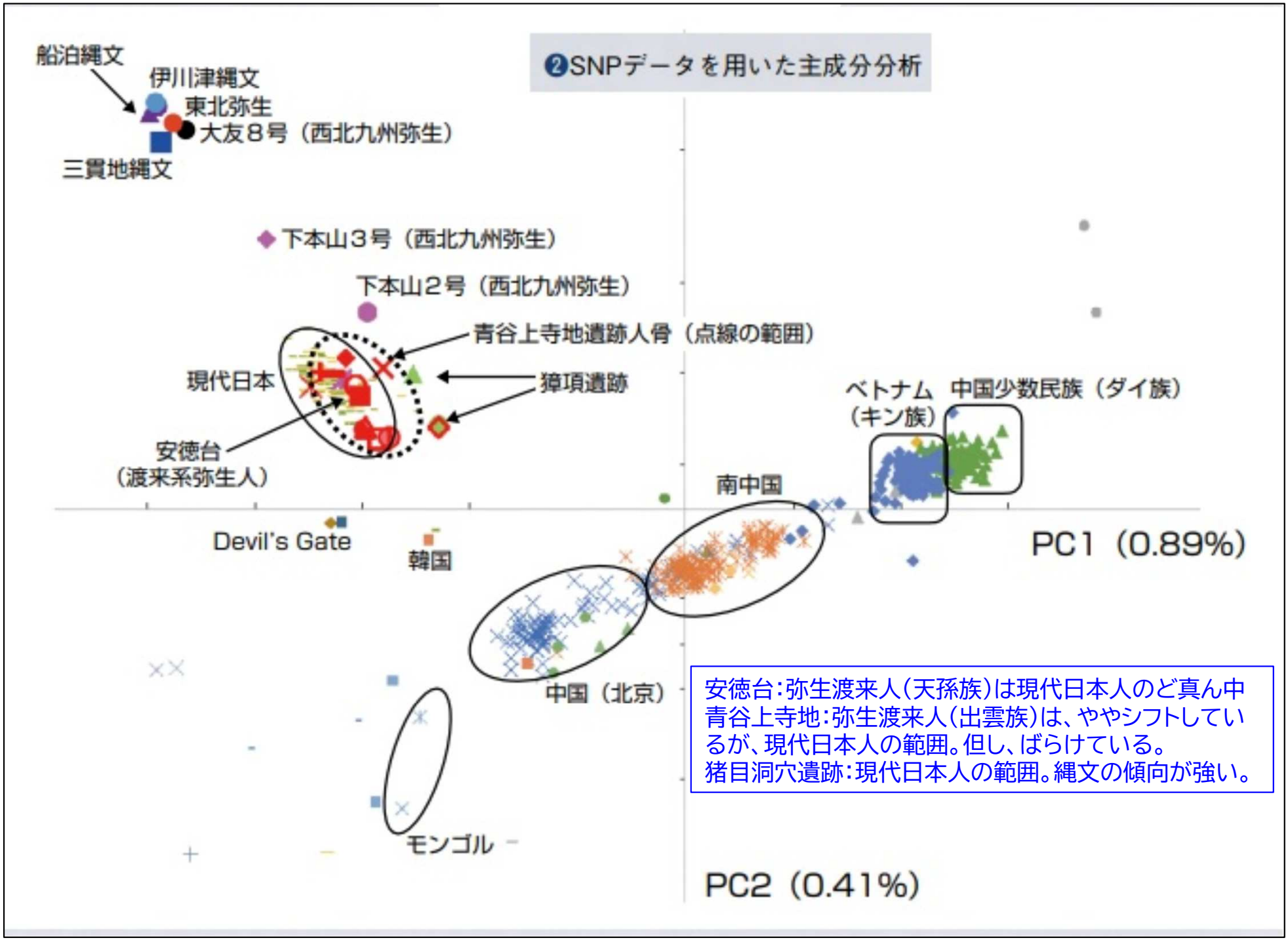
鳥取県鳥取市青谷上寺地遺跡出土　弥生後期人骨のDNA分析

- 著者：篠田謙一・神澤秀明・角田恒雄・安達 登
- 発行：2020年3月　国立民族博物館研究報告書
- 青谷上寺地遺跡は、弥生時代後期の戦争被害者の遺跡、約 5300 点の人骨（109体分）がまとまって出土、内38サンプルをDNA解析した。
- ミトコンドリアDNA分析 ： 32個体分を解析。 6体は母系血縁関係。26体：約8割は血縁関係なし。
  - D4b24%　N9a15%　それ以外10%未満　現代人に多いD4aは2体のみ　D4グループに属するもの45%
  - 縄文人ものは、M7aとN9b　この遺跡では、M7a1体のみ
  - 縄文人を母とする個体は1体のみ。外全てが、渡来系。 但し、現代人とは、様相が異なる型が多いことが特徴。
- 核ゲノム解析 ： 6個体を分析　女性1体 男性5体
  - Y染色体　O型1体　D型1体　Cla1型2体　合計4体が判明
  - 縄文系（D型　C型）が　3体　渡来系（O型）1体

- 今回解析した青谷上寺地遺跡集団の遺伝的な変異が大きい。
  - 長期間婚姻を繰り返す通常の集落とは異なる。
  - 都市のように、多くが流入/離散を繰り返した地域と観察される。
- 母系の多くが渡来人に由来する、父系の大部分が在来の縄文人に由来する。
  - 丸地コメント ： 中々想定しにくい結果となった。
    強い渡来人と弱い在来人の関係では無い。
    弥生系男子は、戦闘の為で払い、残された女子供と護役の縄文系や弥生老人・病傷者が皆殺しに遭ったのか？？
- 総体としては在来集団と渡来系集団の混血が進み，現代日本人に近い遺伝的な組成をしていること判明。
- 個体同士の遺伝的な違いは大きく，充分な混血が進んでいなかったことも示唆されている。



ゲノム解析　現代人/古代人　他アジア地域



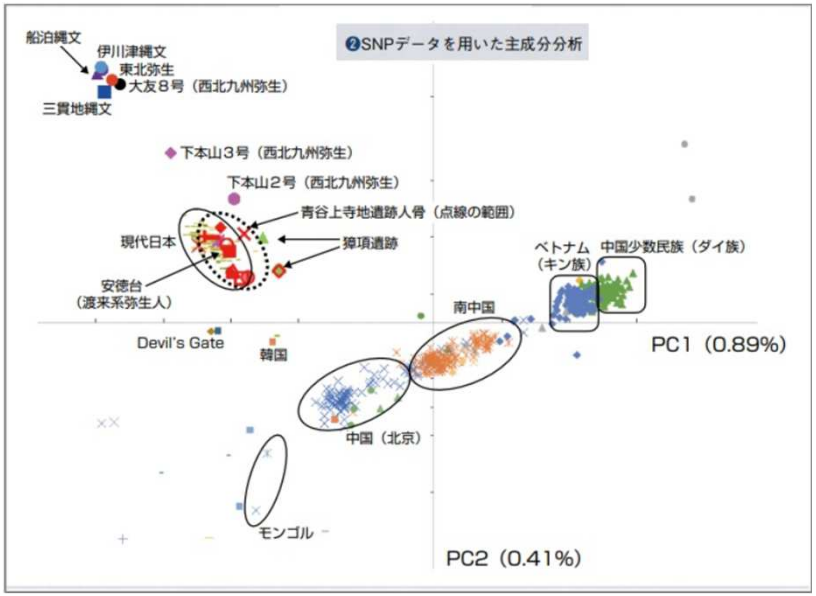
安徳台：弥生渡来人（天孫族）は現代日本人のど真ん中
青谷上寺地：弥生渡来人（出雲族）は、ややシフトしているが、現代日本人の範囲。但し、ばらけている。
猪目洞穴遺跡：現代日本人の範囲。縄文の傾向が強い。

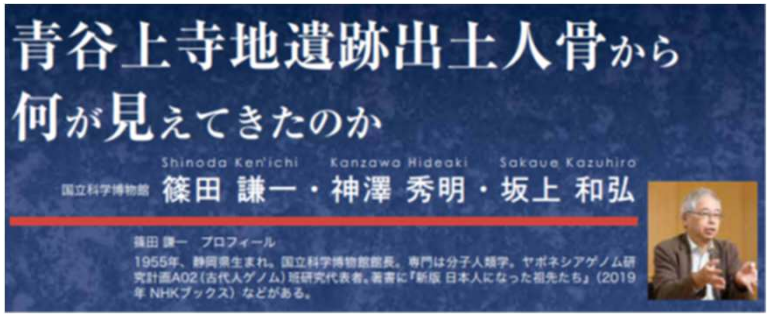
出雲の古代DNA

- 天孫族の安徳台遺跡のDNA解析例では、
  - 現代本土日本人の真中に入る結果を得た。
- 出雲地方の猪目洞窟遺跡/鳥取県にある出雲側の青谷上寺地遺跡古代人のDNA解析
  - 結果を見ると、いずれも、現代日本人の範疇には入るが、
  - やや縄文要素が強い、又は下図のように若干シフトしている。
  - 青谷上寺地では、個体間のバラつきが大きい。
- TIMOTHY A. JINAM氏の解析に、この古代人のデータをかけて見ないと判らないが、出雲系は、天孫族系とは、違いがあった可能性が有る。

- 激闘を重ねた天孫族と出雲族は、同時期の人々。
  - 共に、青銅器文化と鉄の武器・鉄器を使用し、水田稲作を基盤とする民族。
  - DNAとしても、ばらつき度合いや、縄文人との混血度の差はみられるが、両方とも、現代本土人の範囲で同一民族と見られる。
  - 現代にも地域差は残るが、言葉も方言レベルの差異。
  - 天孫族も出雲族も、同じ民族で、渡来する時に、地域差や、系統の違いがあったレベルと想定する。
    - 弥生渡来人グループ内の差異と見られる。

- 内なる二重構造と大げさに言う程のものとは、思えない。
  - 個人的には、出雲の人のDNA解析が行われたことを歓迎する。





とっとり弥生の王国 2021 Autumn 続倭人の真実
https://www.pref.tottori.lg.jp/secure/1263811/premiumsympopamph1026.pdf
は、充実した内容のPDF、お奨め！