HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	遺伝子の流れから見たオホーツク文化人と北海道への影響
Author(s)	増田, 隆一
Relation	新しいアイヌ史の構築 : 先史編・古代編・中世編 : 「新しいアイヌ史の構築」プロジェクト報告書2012
Citation	新しいアイヌ史の構築 : 先史編・古代編・中世編 : 「新しいアイヌ史の構築」プロジェクト報告書, 32-37
Issue Date	2012-03-31
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/56136
Type	report
File Information	t1ch4.pdf

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

第 4 章　遺伝子の流れから見たオホーツク文化人と北海道への影響

増田　隆一

北海道大学の増田です。よろしくお願いします。今、ご紹介いただきましたように、私たちの研究室ではオホーツク人の遺伝的な特徴を調べてきました。オホーツク人と縄文人・続縄文人を比較解析したり、さらに、すでに別の研究機関から発表されている、アイヌの人たちの遺伝的特徴と比較しながら、北海道における人々の変遷についてお話ししたいと思います。安達先生からも、ミトコンドリア DNA とは何か、そして、その遺伝様式についてお話されましたので、私はそのあたりの詳細はお話しする必要はないのですが、今日、前半にお話しする内容はミトコンドリア DNA に関することです。後半では、耳あか遺伝子についてお話しします。私たちが耳掃除をするときの耳あかも遺伝子によってタイプが決まることがわかっていまして、その遺伝子を指標にしたヒトの移動に関するお話をしたいと思います。それから、ABO 式血液型の遺伝子を指標にしたお話も最後に紹介します。

まず、ミトコンドリア DNA と核遺伝子の遺伝様式について簡単に紹介したいと思います。私たちの体はお母さんからの卵とお父さんからの精子が受精した受精卵からつくられていきます。卵は大きな細胞質と核をもっている一方、精子は核と中片部と尾部をもっています。卵の細胞質にはもともとミトコンドリアが数千個程ありますが、精子の中片部にあるミトコンドリアも受精卵の中に入ってきます。しかし、精子由来のミトコンドリアは消えてなくなることが実験的に確かめられています。ミトコンドリアの中にはミトコンドリア DNA が入っており、男性も女性もすべてお母さんからのミトコンドリア DNA を受け取っているということになります。私は男性ですが、私の子供にミトコンドリア DNA を伝えることができないともいえます。ミトコンドリア DNA の遺伝情報に基づいたタイプはハプロタイプ、さらに大きな分け方としてはハプログループがあります。

一方、お父さんとお母さんから遺伝する遺伝子は、核遺伝子または染色体遺伝子とよび、両親から半分ずつ伝わります。ヒトは両親から受け継いだ遺伝子（対立遺伝子）を 1 対ずつもっていることになります。両親から遺伝するので、核遺伝子は両性遺伝するといいます。ミトコンドリア DNA はお母さんから遺伝するので母系遺伝するといいます。また、精子がもつ核遺伝子の中には、男性だけに伝わる Y 染色体上にのっている遺伝子がありますが、それはお父さんを通じて遺伝していくので父系遺伝とよんでいます。両性遺伝する対立遺伝子は 2 コピーありますが、Y 染色体は男性の細胞中に 1 個しかないので、父系遺伝する遺伝子のコピー数は 1 コピーです。よって、父系遺伝子を古い骨に残された DNA の中から検出するのは技術的に非常に難しく、その分析は今のところ私たちの研究室でも行っていません。

先ほど来、石田先生や安達先生のお話に出てきましたので、細かくは申し上げませんが、縄文文化、続縄文文化そしてオホーツク文化の遺跡が北海道およびその周辺に数多く知られてい

ます。そのうち、オホーツク文化の人々のミトコンドリアDNA分析の結果をお話しします。ミトコンドリDNA分析にもいろいろな方法があって、私たちも最初は、ミトコンドリアDNAの中の一部の遺伝情報(コントロール領域のHVR I)を解読して比較しました。その分析によりオホーツク人、37人分のデータを得ることができ、これまでに他の研究グループから発表されたデータと比較しました（Sato et al., 2007)。その結果、オホーツクの人たちは、現在のアムール川下流域やサハリン北部に生活していますニブフ、ウリチ、ネギダールの人たちに非常に近縁であることが明らかになりました。さらに、コリヤークやエベンなどカムチャツカ半島周辺の少数民族にもある程度近いことがわかりました。

次に、ミトコンドリアDNA全体にわたって遺伝情報を分析し、オホーツク人のハプログループを決定しました。北海道縄文人や他の民族のハプログループについては、安達先生がすでに発表されたデータや他の研究グループのデータと比較することにしました（Sato et al., 2009a)。その結果、オホーツク人37体から信頼性のあるハプログループの情報が得られました。その中でG1b、それからN9bとYという３つのハプログループが高頻度で見られ、各々、約24%、11%、40%でした。特に、Yハプログループの頻度が非常に高いというのが、オホーツク人の特徴になります。Yハプログループの頻度を現代の民族と比較してみると、ニブフでは60%以上と最も高く、次いでオホーツク人において高く、近い系統関係にあったウリチ、ニブフ、ネギダールでも高頻度であることがわかりました。アイヌの人たちのハプログループYの頻度が約20%であることがわかっています。一方、安達先生たちが発表された北海道縄文人にはハプログループYはまったくみられません。現代のウデヘ、コリヤーク、イテリメンというカムチャツカ半島の民族にはわずかにみられます。韓国でもわずかにみられますが、本州ではほとんどみられません。

さらに、ハプログループの頻度の違いから集団間の遺伝的な距離（遺伝的分化係数、F_{ST}）を算出して系統関係を調べると、オホーツク人はやはりウリチ、ネギダール、コリヤーク、アイヌに近いことがわかりました（Sato et al., 2009a)。それに対して北海道縄文はどうかというと、オホーツク人とはかなり離れています。さらに、前述したように、北海道縄文はハプログループYをもっていません。

以上の結果から、オホーツクの人たちは現在のアムール川下流域の人たちと最も近縁であることがわかります。よって、おそらくオホーツク人は、アムール川周辺域から北海道のオホーツク海沿岸にやって来たのだろうと推測されます。もちろん、あくまでも現在のアムール川下流域に生活する人々に近いということですが、ニブフやウリチの祖先がオホーツク文化期にどこにいたかのかはまだわかっておらず、今後の研究課題です。

いずれにしても、アムール川下流域の人々の祖先がオホーツク人と共通祖先をもっているということ、そして、コリヤークとかエベンともある程度交流をもっていたことが明らかになりました。そして、北海道内で発達していた続縄文文化やそれに続く擦文文化がオホーツク文化と融合して、その後、アイヌ文化が形成されたことが、上述のミトコンドリアDNAのデータから推定されます。このように、オホーツク人は大陸と北海道を結ぶ仲介者の役割を果たしたのではないかと私たちは考えました。

次に、両性遺伝する耳あか遺伝子について研究成果をご紹介します。ヒトの耳あかには乾型

と湿型という2つのタイプがあります。乾型の耳あかの頻度は北東アジアで特異的に高く、地域によってその出現頻度が異なることが知られています。石田先生が最初に、アルデヒド脱水素酵素のタイプによって、お酒の飲めるタイプと飲めないタイプが決まり、東アジアには飲めないタイプが高頻度で存在するとお話しされました。耳あかについても、同様に乾型が東アジアに特異的に高頻度で分布しています。乾型と湿型は一種の多型であり、両性遺伝します。湿型は優性であり、湿型の人と乾型の人との間の子供は湿型になるという遺伝様式がわかっています。この耳あか遺伝子を指標にして各地域の系統関係を推定しようという研究が進められていて、私たちもオホーツク人の研究に応用しました（Sato et al. 2009b; Kazuta et al., 2011)。

日本人の70%以上は乾型で、多くの人は竹で作った耳かきを使いますが、ヨーロッパとかアフリカでは、ほとんどの人の耳あかが湿型で、竹製の耳かきは使わないで綿棒が使用されています。耳あかのタイプを決める遺伝子は*ABCC11*遺伝子であることがわかっており、耳あか遺伝子ともよばれています。この遺伝子が作り出すタンパク質は細胞膜に局在し、細胞内の物質を排出する機能をもち、耳あかはアポクリン腺という皮膚にある器官から分泌されることがわかっています。湿型の対立遺伝子では遺伝情報の1つがGですが、乾型の対立遺伝子ではそこがAに変化しています。その1つの遺伝情報の変化だけで、耳あかのタイプが変わります。それは更新世末期にホモサピエンスがユーラシア大陸を移動する際にG型からA型に変化した突然変異が東アジアへ拡散したと考えられています。1人のヒトは対立遺伝子を2つもっており、GGまたはGAであると湿型となり、AAでは乾型となることが知られています。

こういう遺伝様式を示す場合、耳あかの湿型の遺伝様式は優性であるといいますが、中には対立遺伝子の組み合わせがGAであっても乾型になることがあります。その起因には、27個の遺伝情報が欠失しているデルタ27が関与しており、それをもった湿型の対立遺伝子Gは湿型として十分機能することができなくなります。現代の日本人におけるデルタ27の頻度は非常に低いことも報告されています。

耳あか遺伝子の遺伝子型を分析には、遺伝子増幅法（PCR法）により得られるPCR産物を電気泳動します。分子サイズの大きいPCR産物は乾型遺伝子Aを示し、分子サイズの小さいPCR産物は湿型遺伝子Gになります。分子サイズが小さいPCR産物が1つだけの場合はGGと判定し、分子サイズが大きいPCR産物だけの場合はAA、そして両方ともももっているとGAと判断します。長崎大学のグループが世界的に広い地域についての耳あか遺伝子の対立遺伝子頻度を報告しています。アフリカやヨーロッパでは湿型遺伝子Gの頻度が高いのに対して、アジアの韓国や日本では乾型遺伝子Aの頻度が高いことがわかっています。

私たちはこの方法を用いて、オホーツク人、続縄文人、北海道縄文人について調べ、既報の現代人の耳あか遺伝子頻度と比較解析しました。湿型遺伝子頻度をみると、北海道縄文人では約50%であるのに対し、オホーツク人では湿型遺伝子頻度が低くて乾型遺伝子頻度が非常に高いという結果になりました。アイヌの人たちの湿型遺伝子頻度はその中間になっています。それに対して大陸の中国の人たちの乾型遺伝子頻度は非常に高い傾向がみられます。現代の長崎も乾型遺伝子頻度が高く、沖縄はそれよりは低くて、アイヌの人たちと同じような頻度をもっています。北海道縄文ではさらに乾型対立遺伝子の頻度は低くなっていました。このように、

縄文人を含めると、耳あかの乾型・湿型の対立遺伝子頻度分布は二重構造説をある程度、支持しています。

この結果に基づき、私たちは、湿型対立遺伝子頻度が高い北海道縄文の人たちと湿型が低いオホーツクの人たちが融合した結果、その中間の頻度を有すアイヌの人たちに至ったのではないかと考えました。この頻度差を統計的に比べてみると、縄文とオホーツクの間には有意差がみられました。縄文とアイヌの間でも有意差がありましたが、オホーツクとアイヌの人たちとの差は有意ではありませんでした。

このように、ミトコンドリアDNA分析データに基づいて考えた「縄文系とオホーツク人とが融合しアイヌに至ったという融合説」は耳あか遺伝子分析結果からも支持されました（Sato et al., 2009a, 2009b）。その後、続縄文人をさらに調べてみたところ、1例においてデルタ27を初めて発見することができました（Kazuta et al., 2011）。この時代にすでにデルタ27が北海道に存在していたことが明らかになりました。ここで続縄文の遺伝子頻度データが増えたため、続縄文とオホーツクを比較したところ、その間には有意差がありました。一方、続縄文と縄文との間、そして、続縄文とアイヌとの間では、有意差はありませんでした。これらの結果を考えると、続縄文時代にはオホーツク人との遺伝的交流が始まっていたことが示唆されます。しかし、これは北から見た視点です。この時代にはすでに渡来系弥生人は本州にいました。渡来系弥生人は大陸系であり、乾型対立遺伝子を高頻度にもっていたと考えられます。よって、本州からの遺伝子の流れも考える必要があります。さらに、山丹貿易による大陸からの影響も考慮して、今後の研究を進める必要があると思います。

以上のように、ヒトの遺伝子を調べることによって、続縄文文化とオホーツク文化の間に遺伝的な交流が始まっていたことがわかってきました。一方、私たちは北海道礼文島オホーツク文化期の遺跡から出土したヒグマ骨の古代DNA分析により、子グマを通したオホーツク文化と続縄文文化との間の文化的交流があった可能性を指摘しました（Masuda et al., 2001）。クマ送り儀礼の起源に関するこれまでの考古学的研究データも絡め合わせると、続縄文の人たちとオホーツクの人たちとの融合によりアイヌが成立したのではないかと考えられます。

最後に、ABO式血液型の最新の情報をお話しします。大きく分けて血液型の遺伝子には、A型、B型、O型の3つの対立遺伝子があります。それもやはり、遺伝情報がわずかに異なることによって決まりますので、耳あかの遺伝子の分析と同じような方法を使って調べています。血液型の対立遺伝子も核遺伝子であり、ミトコンドリアDNAのようにはコピー数が多くないので、その分析には苦労しましたが、北海道縄文人、続縄文人、オホーツク人から、5種類の対立遺伝子を検出することができました（Sato et al., 2010）。

A型の対立遺伝子2種類、B型の1種類、O型の2種類を見いだしました。結果だけお話ししますと、東アジアに特徴的なA型の対立遺伝子*A102*が北海道縄文人とオホーツク人にみられました。そして、オホーツク人ではO型の頻度が高いことがわかりました。現在のアムール川下流域の人々についてのABO血液型遺伝子データがないので十分な考察ができないのですが、これは北海道にやって来たオホーツク人のわずかな創始者の特徴を表している可能性もあります。

さらに、O型の対立遺伝子には*O101*と*O102*という対立遺伝子があります。O型はOAグループとOGグループに分類されます。 OAグループに入る対立遺伝子*O101*は中部地方で高頻度であ

ることが知られ、渡来系弥生人の流れを表していると考えられています。一方、OG グループに入る対立遺伝子 *0102* は、東北地方や沖縄、鹿児島で高頻度と報告されています。北海道縄文では OG グループの頻度が高かったので、二重構造説をある程度支持しているのかもしれません。今後、分析例を増やしてさらに検討していく必要があります。

対立遺伝子の頻度を主成分分析により調べてみますと、オホーツク人は縄文・続縄文とは離れた位置にあります。オホーツク人はどちらかというと現代の本州人や中国の人たちに近いという結果になりました（Sato et al., 2010）。現時点では、十分な比較研究ができるだけの血液型遺伝子データが報告されておらず、今後の研究が待たれます。

今後の課題として、北海道、本州、サハリン、大陸に関する遺伝情報をさらに分析していく必要があります。さらに、縄文時代から現代までを追った分析により、北海道の歴史をさらに深く解明することができると考えます。そのためには古代 DNA 分析を導入することが極めて有効ですが、ミトコンドリア DNA のみではなく、両性遺伝子や父系遺伝子の分析技術を改良することが重要な課題となっています。

なお、以下の引用文献は私たちの研究室から発表した北海道の古代 DNA 分析に関する論文であり、その中で他の研究グループから発表されたデータを引用して比較分析がなされています。

引用文献

Kazuta, H., Sato, T., Dodo, Y., Matsumura, H., Amano, T., Ishida, H., and Masuda, R. (2011) Genotype frequencies of the *ABCC11* gene in 2000–3000–year-old human bones from the Epi-Jomon and Jomon sites in Hokkaido, Japan. Anthropological Science 119: 81-86.

Masuda, R., Amano, T., and Ono, H. (2001) Ancient DNA analysis of brown bear (Ursus arctos) remains from the archeological site of Rebun Island, Hokkaido, Japan. Zoological Science 18: 741-751.

Sato, T., Amano, T., Ono, H., Ishida, H., Kodera, H., Matsumura, H., Yoneda, M., and Masuda, R. (2007) Origins and genetic features of the Okhotsk people, revealed by ancient mitochondrial DNA analysis. Journal of Human Genetics 52: 618-627.

Sato, T., Amano, T., Ono, H., Ishida, H., Kodera, H., Matsumura, H., Yoneda, M., and Masuda, R. (2009a) Mitochondrial DNA haplogrouping of the Okhotsk people based on analysis of ancient DNA: an intermediate of gene flow from the continental Sakhalin people to the Ainu. Anthropological Science 117: 171-180.

Sato, T., Amano, T., Ono, H., Ishida, H., Kodera, H., Matsumura, H., Yoneda, M., and Masuda, R. (2009b) Allele frequencies of the *ABCC11* gene for earwax phenotypes among ancient populations of Hokkaido, Japan. Journal of Human Genetics 54: 409-413.

Sato, T., Kazuta, H., Amano, T., Ono, H., Ishida, H., Kodera, H., Matsumura, H., Yoneda, M., Dodo, Y., and Masuda, R. (2010) Polymorphisms and allele frequencies of the *ABO* blood group gene among the Jomon, Epi-Jomon and Okhotsk people in Hokkaido, northern Japan, revealed by ancient DNA analysis. Journal of Human Genetics 55: 691-696.