

日本列島人の起源と成立

斎藤成也

自分の先祖をDNAの情報からさかのぼる

世の中には、じぶんの家系を誇らしげに語ったり、他人の古い家系をやまう人がいる。かりに二〇世代前、およそ六〇〇年ほど前までさかのぼると、ひとりの人間の先祖の「のべ人数」は二の二〇乗であり、一〇〇万人を軽く越えてしまう。実際の先祖の数は、親戚同士の結婚による先祖の「重なり」があるために、もっと少ないが、それでも数千人がひとりの先祖となっているだろう。私達ひとりひとりが、それらすべての先祖と等しくつながっているのだ。誇らしげに語る

れるご先祖様は、そのなかのごく少数にすぎない。遺伝的には、過去に生きていたたくさんの人々からすこしずつDNAがうけつがれて、現在に生きているひとりの人間がいる。逆にいえば、ひとりの日本人のルーツを調べただけでも、数百年前に生きていた数千人に行き着くことができる。親と子はDNAによってつながっているのだから、そのつながりは、DNAを用いればみいだしことができる。

ヒトゲノムの決定からもたらされた分子人類学の革命

ヒトゲノムは、アルファベット四文字（A、C、G、T）で三

二億個を用いて表現される、膨大なDNAの情報だ。これらのDNA情報が、二〇〇四年になってほぼ解明された。これ以降、まだ一〇年ちょっとしか経っていないが、人間のルーツも、これまでとは比較にならないぐらい、くわしく調べることが可能になった。十数年ほど前までは、ヒトゲノム中のわずか数十カ所を調べることしかできなかつたが、現在では一〇〇万個の単一塩基多型（個人間で一個のDNA塩基に違いのあること）を調べるのが簡単にできる。さらに、最近の急速な技術革新により、一〇年前には数億円の研究費をついやし、数年かけてようやく決定することができたヒトゲノムの塩基配列が、現在では、わずか数十万円、しかも一週間ほどで決定できるようになってきた。本稿では、人類進化学におけるこれらの「革命」によってわかってきた、日本人のルーツに焦点をあてて論じる。

日本列島人成立に関するこれまでの説

一八二〇年代に長崎の出島に滞在したフランツ・フォン・シーボルトは、もともとはアイヌ人の祖先集団が日本列島全体に住んでいたのではないかと想定した。その後ユーラシアから渡来した新しい人々が、日本列島の中央部と南部に進出

し、アイヌ人の祖先は日本列島北部を中心に住むようになったと考えたのである。このように、人類集団が置き換わったとする「置換説」は、明治時代になって人骨の研究をおこなった小金井良精によっても支持された。一八七七年に大森貝塚を発見したエドワード・モースは、縄文土器などの発掘結果をもとにして、アイヌ人の祖先とは別の先住民が日本列島にいたと考えた。なぜなら、アイヌ人は土器を使っていなかったからである。坪井正五郎も、コロボツクル説とよばれるモースに似た説を提唱した。

一八七六年に来日し、二〇年以上にわたって日本に滞在したエルヴィン・ベルツは、アイヌ人が日本列島北部を中心に分布した先住民族であると考えた。日本人の成立についてベルツは三段階の移住仮説を提唱した。第一段階の渡来民は、現在のアイヌ人の祖先、第二段階の渡来民は、華北や朝鮮半島の人々（長州型）、第三段階の渡来民は、マレー民族に似た南方系の人々（薩摩型）である。現代の日本人は、これら三種の渡来民の子孫の混血であるとした。日本列島人の成立過程において、混血が生じたとするこのような考えを「混血説」と呼ぶ。ベルツは、アイヌ人と沖縄人の共通性も指摘したドイツ語の論文を一九一一年に出版した。それからちょうど一〇〇年後の二〇一一年に、筆者を含む日本の研究グ

ループは、ゲノム中の数十万カ所のDNAデータを用いて、まさにアイヌ人とオキナワ人に遺伝的な共通性があることをみだし、二〇一二年に論文として発表した。

鳥居龍藏は、以下のような多重渡来説を提唱した。日本列島に最初に渡来したのはアイヌ人の祖先集団であり、縄文文化のいない手だった。つぎに朝鮮半島などの大陸から別系統の集団が渡来し、弥生文化や古墳文化をうみだした。これら渡来人の子孫が現代日本人の主要部分であり、それ以外にも、東南アジアなどいろいろな地域からの渡来人が混血して現代日本人になったとした。清野謙次は一九二〇年代を中心として、遺跡からの人骨発掘にとりくんだ。岡山県の津雲貝塚遺跡や、愛知県の吉胡貝塚から多数の人骨を発掘した。清野らは、津雲貝塚人、アイヌ人、現代畿内人三集団間の頭蓋骨形態を比較して集団間の距離を推定した。大きく異なっていると考えられるアイヌ人と現代日本人の距離がもっとも小さいのだから、縄文人はアイヌ人と現代日本人とも異なると結論した。

金関丈夫らは、一九五〇年代以降、九州北部や山口県でつぎつぎに弥生時代の人骨を発見し、これら弥生人の推定身長が縄文人よりずっと高いことや、頭蓋骨の形態が縄文人と明らかに異なっていることから、水田稲作を伝えた渡来人と土

着の日本列島人との混血があったと主張した。その後百々幸雄らが、形態小変異という遺伝性が高いと考えられる人骨の形質を調べた結果、縄文時代人とアイヌ人が近い関係にある一方、弥生時代以降の本土日本人が大陸の人々と近いことがあきらかになり、形態学研究において、混血説に決定的な根拠が与えられた。

二重構造モデル

日本列島人の成立についての現在の定説である二重構造モデルは、人骨の形態を研究した山口敏や埴原和郎が、それまでの研究成果をまとめて、一九八〇年代に以下のように定式化した。日本列島に旧石器時代に移住して最初に住みついた人々は、東南アジアに住んでいた古いタイプの人々の子孫であり、彼らがその後縄文人を形成した。弥生時代にはいると、北東アジアに居住していた人々の一系統が日本列島に渡来してきた。彼らはもとは縄文人の祖先集団と近縁な集団だったが、寒い環境への遺伝的な適応変化により、骨形態が縄文人とは異なっていた。この新しいタイプの人々は、日本列島に水田稲作農業を導入し、北部九州に始まって、日本列島の中央部全域に移住を重ね、そのあいだに先住民である縄

文人の子孫との混血をくりかえした。これが現在日本列島に居住する多数派であり、本稿では『日本列島人の歴史』(斎藤、2005)にしたがって、ヤマト人とよぶ。ところが、日本列島の北部と南部にいた縄文人の子孫集団は、この渡来人との混血をほとんど経ず、やがてそれぞれアイヌ人とオキナワ人の祖先となっていた。現代日本列島人の主要構成要素を、第一波の移住民の子孫と、弥生時代以降の第二派の移住民の二つに考えて説明したことから、二重構造モデルとよばれる。日本列島人の起源に関するもうひとつの考え方に變形説がある。最初の渡来民の子孫が現在の日本人であり、過去と現在の時代差は、同一集団の変化にすぎないと考える。しかし變形説にはアイヌ人やオキナワ人が考察に加えられておらず、またその後の研究から複数の渡来の波があったことが明確になったため、現在では否定されている。ただし二重構造モデルでは、アイヌ人とオキナワ人では、事実上變形説の立場をとっている。混血説であっても、渡来率がきわめて高いと、置換説に近づくし、逆に渡来率がとても低い場合(α)には、變形説に近づく。したがって、真に問題なのは、置換説・混血説・變形説という、あたかもまったく異なるかのような三モデルではなく、弥生渡来率の割合だということになる。ヒトゲノムの塩基配列が決定される前の二〇世紀における

遺伝子を調べた研究成果としては、尾本恵市と斎藤成也が一九九七年に発表した論文がある。私達は二十数種類の遺伝子データを総合して、アイヌ人とオキナワ人の共通性が弱いながら存在することをみだし、日本列島において二重構造が存在することをしめしている。HLA遺伝子を調べた徳永勝士らや、ミトコンドリアDNAを調べた宝来聡らも、アイヌ人とオキナワ人の共通性をみだした。これら、プレ・ヒトゲノム時代の遺伝子研究については、『DNAから見た日本人』(斎藤、2005)にまとめてある。

古代人のDNAを直接調べる

現代に生きる私達は、祖先から伝えられたDNAを持っているので、現代人のDNAを調べても過去の人々についてある程度推測することができる。しかし、過去に生きていた人々のDNAを調べることができれば、直接的な証拠になる。このようなDNAを「古代DNA」と呼ぶ。これまでではもっぱらミトコンドリアDNAの塩基配列を調べることが行なわれてきたが、現在では、数万年以上前までさかのぼって、いろいろな年代に生きていた人々の骨や歯のなかに微量に残っていたDNAから、核ゲノムのDNA配列が、次々に決定され

日本では、一九九一年に宝来聰らが埼玉県で発見された縄文時代人の頭骨からミトコンドリアDNAを抽出し、塩基配列の一部分を決定したのがはじめての成果だった。この縄文人のミトコンドリアDNA塩基配列が、現代東南アジア人のものと一番近かったので、骨の形態データの研究から推定されていた、縄文人東南アジア起源説が証明されたかのような期待感もあった。その後、国立科学博物館人類研究部の篠田謙一、山梨大学医学部の安達登、北海道大学理学部の増田隆一らが、関東、東北、北海道の各地で出土した縄文時代人の骨や歯からDNAを抽出し、主としてミトコンドリアDNAのハプロタイプを決定してきた。現在では一〇〇個体を越える縄文時代人のミトコンドリアDNAが調べられている。しかし、ミトコンドリアDNAから得られる情報は限られている。多数個体を調べても、せいぜいハプロタイプの頻度がわかったり、ミトコンドリアDNAの系統樹が得られるだけだ。アフリカに出現して世界中にひろがっていった現代人の過去二〇万年にわたる進化を調べるには、ミトコンドリアDNAのデータも一定の貢献をしたが、現在では核ゲノムの膨大なデータにたいして、補助的な役割をはたすにとどまっている。

神澤秀明（現在国立科学博物館人類研究部の研究員）を中心とした筆者らの研究グループは、福島県北部の新地町にある三貫地貝塚から出土縄文時代人の歯からDNAを抽出し、その細胞核ゲノムの塩基配列を決定した。最終的に論文を二〇一六年の九月に発表した。また同年一月には、筆者が監修者となり、この論文の成果を中心にした『別冊宝島*DNAでわかった日本人のルーツ』を刊行した。本節で言及する図は、図1をのぞいてこの本の第一章に掲載されたものである。二〇一二年に、世界の多数集団一〇〇〇人余のゲノム配列が決定されていたので、三貫地縄文人のゲノムも、まずこれらのデータと比較した。比較に使った集団の居住地が『別冊宝島』第一章の図8に示してある。アフリカ、西ユーラシア、東ユーラシア、オセアニア、南北アメリカ大陸と、世界の広い地域のデータを比較している。

主成分分析法を用いた結果が、『別冊宝島』第一章の図9に示してある。主成分分析法は、膨大なデータから全体の特徴をもっともあらわすパターンを第一主成分と第二主成分という、多様性の異なる要素を抽出して平面で示したもので

ある。ここでは個人個人が単位となっている。ひとりのゲノムDNAは、数千人の祖先のDNAの集まりから構成されているので、一個体のDNA配列だけで、祖先から受けついで遺伝情報をたくさん含んでいる。第一主成分という、ゲノムの多様性をもっとも明確に左右の軸で示した結果は、左にアフリカ人集団（ナイジェリアとケニアの二集団で代表させている）、右にその他の出アフリカ集団が位置している。次の第二主成分は上下の軸だが、ユーラシアの東と西の人類集団が分離している。そして三貫地縄文人は、あきらかに東ユーラシア人に近くなっている。

興味深いことに、三貫地縄文人は、アフリカ人、東ユーラシア人、西ユーラシア人で構成される三角形の内側に位置する。これは、縄文人が古い系統であることを示唆する結果であり、あとの系統樹解析でまさにそのことが示されたのである。

三貫地縄文人がもっとも近縁であった東ユーラシアの現代人五集団だけをとりだして、もう一度主成分分析をおこなった。今度は四万六一六八個のSNP座位のデータが比較できたが、その結果が『別冊宝島』第一章の図10に示してある。北方中国人（北京の漢族）、南方中国人（中国系シンガポール人）、ベトナム人、ダイ族（中国雲南省の少数民族）がこの順でな

めに分布している一方、東京の日本人はこれら大陸の集団からすこし左上に離れて位置している。そして三貫地縄文人は現代日本人からぐつと離れたところにある。別のことばでいえば、現代日本人は縄文人と東ユーラシア大陸人との中間に位置していることになる。

つぎに、ゲノム配列データではなく、ゲノム規模SNPデータという、データ量は少ないがもっと多くの集団を三貫地縄文人のゲノムデータと比較した。SNP座位六八六四個のデータを用いて、個人間のDNA差異を比べている。DNAの多様性をもっとも明確に示す第一主成分で見ると、左側にはカンボジアやダイ族、ラフ族といった南方の集団が、右側にはホジエン族、モンゴル族、オロチョン族、ダウール族といった、北方の集団が位置しており、第一主成分は南北の遺伝的勾配を示していると考えられる。第二主成分は、上に三貫地縄文人が位置しており、『別冊宝島』第一章の図10と同様に日本人が次に位置している。この成分がしめす集団の位置は、より縄文的か否かを示しているといえよう。

主成分分析の最後の結果は、アイヌ人、ヤマト人、オキナワ人、および北方中国人と三貫地縄文人を比較したものである。五三九二個のSNP座位が比較されており、『別冊宝島』第一章の図15に示してある。左右の第一主成分は、左に縄文

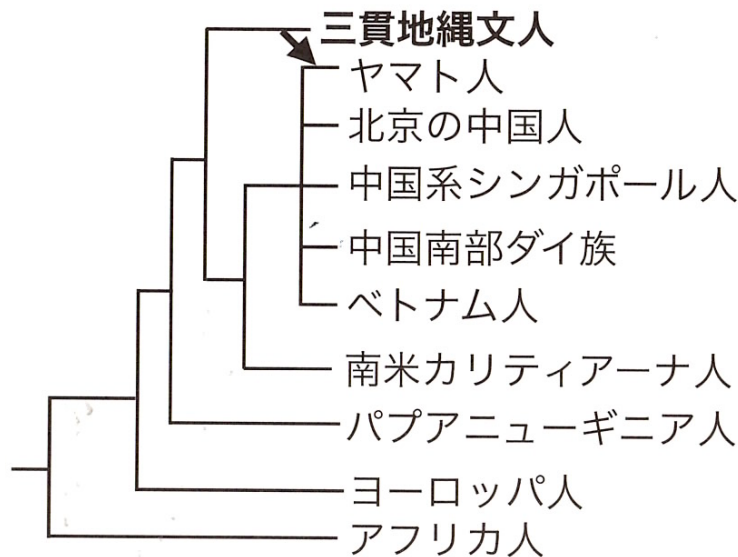


図1 三貫地縄文人と現代人の系統関係
矢印は縄文人からヤマト人への寄与を示す

る。このように、縄文人そのもののゲノムデータが得られる前には、現代ヤマト人に伝えられた縄文人DNAの割合は、高めに推定される傾向にあった。なお、図1で示した系統樹から、縄文人の系統は、現代東ユーラシアの諸集団の祖先集団と新世界に人々が移動した一万五〇〇年以上前に分かれた、きわめて古い系統だということが推定されている。

三貫地貝塚出土の縄文人ゲノム配列を、現代日本列島に居住するアイヌ人、ヤマト人、オキナワ人と比較すると、縄文人はアイヌ人ともっとも近い関係になっていた。両者が近い関係にあることは、すでに人骨の研究で示されていたので、核DNAの研究がそれを遺伝情報から補強したといえるだろう。これらの結果は、ヒトゲノムのなかの一パーセント程度の塩基配列を解析して得られたものだが、それでも三二億の塩基からなるヒトゲノムを考えれば、三〇〇〇万塩基という膨大な数になる。

縄文人ゲノムについては、現在つきつきにそのDNA配列が決定されつつある。国立科学博物館の篠田謙一は、共同研究者である山梨大学医学部の安達登がいろいろな縄文人試料から抽出したDNAから、ミトコンドリアDNAのハプロタイプを決定してきた。これらのDNAのなかでも特に状態のよいゲノムDNAの塩基配列が、神澤秀明らによって決定さ

人とアイヌ人が、中央にオキナワ人が位置しており、右側にヤマト人、北方中国人となる。すなわち、左にゆくほどより縄文的であり、右にゆくほどより弥生時代以降の渡来系の割合が強くなるというものだ。上下の第二主成分の場合、今度は縄文人とオキナワ人が下方にあり、ヤマト人が中央に、そしてアイヌ人と北方中国人が上方に位置している。これは、現代アイヌ人が、縄文人から三〇〇〇年経るまでに、北海道より北部の人々との混血を経ていることを示唆する。一方で、オキナワ人はアイヌ人が経験した北方の集団との混血はなかったと考えると、第二主成分の位置が縄文人と同じぐらいのところにあることに納得がゆく。

三貫地縄文人と現代人集団とのDNAからみた遠近関係を用いて、棒グラフで表示したのが、別冊宝島第一章の図16である。主成分で縄文人ゲノムと比較した四現代人集団を用いているが、アイヌ人が縄文人と共通なDNAが六八パーセントとなつて、もつとも高く、オキナワ人、ヤマト人、そして北方中国人とつづく。一番低い北方中国人でも六三パーセントの共通性がある。ゲノム全体で見れば、人間はおたがいどうし九九パーセント以上が共通だが、ここではゲノム規模SNPデータという、個人間でDNAに差があるところだけ

を選んで調べているので、このような低い値が得られるのである。

次に、縄文人から現代人（ヤマト人）にもたらされたDNAの割合（混血率）を推定した。図1に示した集団間の系統樹をまず決定して、それらのあいだの遺伝的交流を推定する方法を用いた結果、縄文人の寄与は一三パーセントとなつた。土着の縄文人と、弥生時代以降に大陸から渡来した人々との混血の割合については、筆者の研究グループが、この縄文人ゲノムの論文が発表される一年前に、現代人のゲノム規模SNPデータを用いて、縄文人のゲノムがヤマト人に伝わった割合を、一四〜二〇パーセントと推定している。幅があるのは、いろいろな組み合わせの現代人集団のデータを使ったためである。同じデータを用いて、まったく別の統計手法を用いた、中込らが二〇一五年に発表した論文では、ヤマト人における縄文人ゲノムの割合は二二〜五三パーセントと推定されている。また、中国の研究グループが、筆者らがアイヌ人のデータを発表する前に、ヤマト人と北方中国人の違いをすべて縄文系由来と仮定して推定した、縄文人のゲノムがヤマト人に伝わった割合は、二三〜四〇パーセントだった。さらに、ミトコンドリアDNAの頻度データのみから、宝来らが一九九六年に三五パーセントという割合を発表してい

れた。その結果、青森県の尻労安部遺跡（約四〇〇〇年前）と長野県の湯倉遺跡（約八〇〇〇年前）の縄文人ゲノムDNAは、三貫地貝塚出土縄文人と似た傾向を示した。篠田（2015）『日本人起源論』の図4・6には、神澤秀明が二〇一三年に総合研究大学院大学遺伝学専攻に提出した博士論文の図4・6をもとにした主成分分析の結果が掲載されている。これら二遺跡の人骨は四〇〇〇年ほど時代が離れており、しかも本州の北端と中央部という、地理的にも離れているにもかかわらず、おたがい似た位置にある。同じような解析をした結果である『別冊宝島』第一章の図15では、第一主成分の位置が縄文人よりもっと左、つまり縄文人よりもっと縄文的にみえるアイヌ人個体が何人かいたが、今度は三貫地縄文人のデータよりもずっと多くのSNPを比較することができたためか、ふたりの縄文人は第一主成分の軸において、アイヌ人よりもっとと左という、期待された位置にあった。しかし、第二主成分では、三貫地縄文人と同じくアイヌ人よりも下に位置しており、オキナワ人にちかづいている。したがって、三カ所の縄文人は、時間も地域もかなり異なっているものの、けっこうよく似ていることになる。

る叙述には、ひんばんに蝦夷が登場する。彼らが帰順した、辺境を犯して荒らした、あるいは朝廷から蝦夷の国を視察した、蝦夷がそむいたので討っておおいに破った、蝦夷と境を接する国に武器の検査を命じた、柵（柵のこと）を現在の新潟県内につくり、蝦夷に備えたなどの記事が、みだされる。西暦六六〇年前後には、一八〇艘の大軍勢で蝦夷を討ったり、蝦夷が二〇〇人朝廷に参上したり、阿倍比羅夫が肅慎（北方の異民族）を討ったという記述がある。すなわち、現代人のゲノムDNAデータを比較した結果と、古代史の記述がよく一致するのである。一方で、現在の東北地方には、ナイヤベツという、アイヌ語で川を意味する言葉でおわる地名が多数存在する。これらは、かつてこの地域にアイヌ語を話していた人々が住んでいたことを示している。

これらの証拠を総合すると、弥生時代以降の渡来人の子孫が中心となったヤマト王権の勢力範囲が西日本から東日本に拡大するにしたがって、かつて東北地方に住んでいた、縄文人のDNAを色濃く伝えてきた人々はすこしずつ北にしりぞき、大部分が北海道に落ち着いたのではないかと考えられる。この仮説は、考古学データからも裏付けられている。アイヌ系の人々が東北地方を離れたあとは、「えみし」とよばれる人々がそこに居住するようになったとされている。日本書紀

最近私たちは、現代日本列島人のDNAデータが伝えてきた過去の人々の遺伝的变化について、くわしい解析を行なった。『歴史主義宣言』（斎藤、2016）の図20に示した人類集団の系統樹を仮定して、土着縄文系と渡来弥生人系の二集団に対応すると考えたアイヌ人の祖先集団とヤマト人の祖先集団が混血を開始した時期を推定した。その結果、混血がはじまったのは、今から五五〇五八世代前となった。ここで一代とは、両親が子供を生んだときの平均年齢である。現在では晩婚化が進んでいるため、一代は三〇年ぐらいになっているが、かつてはもっと若い時から子供を産んでいたとすれば、一代は二五年ぐらいだったかもしれない。世代数も一代の年数も幅を持たせると、混血がはじまったとされる時代は、もっとも新しく一三七五年前、もっとも古くて一七四〇年前となる。現在を西暦二〇〇〇年とすれば、西暦三〇七世紀となり、日本列島中央部では、古墳時代から飛鳥時代にあた

る。この時期はヤマト政権が東日本から東北地方に勢力範囲を拡大していた時期である。日本書紀のこの時代のものとされ

では蝦夷という漢字があてられることが多い。「蝦夷」は、その後「えぞ」という発音となり、アイヌ民族の祖先集団を指した。すると、えみしとえぞは文化的にも遺伝的にも同じ集団ではないかとも考えられる。一方、異なる文化を持つ人々を、同じ「蝦夷」という漢字であらわしたのではないかという仮説がある。埴原和郎は、えみしと考えられる古墳時代の東日本の人々の人骨形態が、縄文時代人と現代人との中間に位置していると指摘した。にかよった結果を、百々幸雄らが得ている。すなわち、これらの研究からは、えみしはえぞ（後のアイヌ人につながる）とヤマト人との混血ととらえられたのである。しかし筆者らのDNA解析では、アイヌ人と東北地方人のあいだに近縁性はみとめられなかったため、この仮説は支持されなかった。詳細はジナムら（2015）の論文をみていただきたい。

つぎに、ヤマト人内部の地域差について解析した研究を紹介する。理化学研究所のグループは二〇〇八年に、七〇〇〇人の日本列島人について、SNPデータを解析した結果を発表した。『別冊宝島』第一章の図1と図2にその結果の一部が示されている。主成分分析を用いた『別冊宝島』第一章の図1から、日本列島人がおおく本土日本人（ヤマト人）と琉球クラスター（オキナワ人）にわかれることがわかる。オ

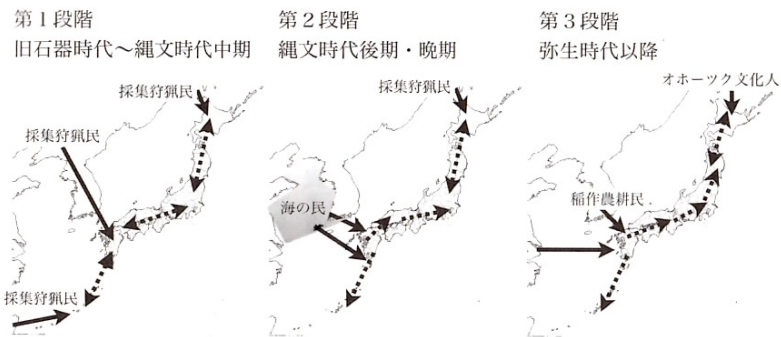


図2 日本列島人の三段階形成モデル
実線の矢印は、日本列島外からの渡来を、破線の矢印は日本列島内の移動をしめす。

キナワ人はヤマト人の下のほうに位置しているが、北京在住の漢民族は、ヤマト人よりも左のほうに位置している。またヤマト人を北海道、東北、関東甲信越、東海北陸、近畿、九州の六地域にかけて調べた結果が『別冊宝島』第一章の図2に示されている。近畿地方の人々の位置が、すこし左、すなわち北京在住の漢民族にやや近くなっている。これは以前からいわれてきた近畿地方と大陸の近縁性を、DNAデータで示したものだといえよう。一方、東北地方の人々は、近畿地方とは逆に、右下にシフトして分布している。東北地方の人々の特異性は、当初はアイヌ人の祖先との混血のためかとも考えられたが、アイヌ人のDNAデータと比較した結果、筆者は別の理由を考えている。それは、ヤマト人のなかの多様性に起因しているというものだ。

ところで、理化学研究所が調べた七〇〇〇名の日本人には、なぜか中国・四国地方の人々がはいっていない。このこともあり、筆者の研究グループは、東京出雲ふるさと会と荒神谷博物館の協力を得て、高根県の出雲地方出身者のDNAを調べた。その結果、東京周辺在住の関東ヤマト人のほうが、わずかではあるが、出雲ヤマト人よりも大陸の東アジア人に遺伝的に近いという結果が得られた。もともと、オキナワ人は関東と出雲のヤマト人よりも、もっと大陸の人々からは遺伝

的に離れている。また、この出雲人の位置は、東北ヤマト人の分布位置に類似したパターンである。すなわち、出雲地方と東北地方の人々のあいだに、弱いながら遺伝的な共通性が存在する可能性がでてきた。

ヒトゲノムのなかで、HLA（ヒト白血球抗原）とよばれる一連のタンパク質の遺伝子は、免疫系に関与しているために、きわめて遺伝的な多様性が高いことが知られている。国立遺伝学研究所の中岡博史と井ノ上逸朗らは、HLA領域の遺伝子における地域的な多様性を日本列島人について調べた。その結果、沖縄の集団が他の日本列島中央部の集団とは大きく異なっていた。日本列島中央部の集団なかでは、おもしろいことに、出雲を含む中国地方から見ると、もっとも近縁なのは東北地方だった。ここでも東北との類似性が示されている。

これら日本列島のいろいろな地域のDNA多様性のパターンは、現在の北陸地方から東北地方を含む「越の国」との親和性をうかがわせる出雲神話や、出雲方言と東北方言の共通性という文化的な側面における類似性と、通じるところがあるように思われる。

三段階渡来モデル

本稿では、日本列島人のゲノム多様性について調べた結果を、いろいろと紹介した。これらの、ここ一〇年足らずのあいだに急速に蓄積してきた新しい結果をもとにして、『日本列島人の歴史』（斎藤、2015）では、日本列島人が形成された三段階渡来モデルを提唱した。ここではその後の研究の進展をふまえて、若干改訂したモデルを提示する。

第一段階…日本列島の旧石器時代全体と縄文時代草創期から中期まで（約四万年前～約四〇〇〇年前）。第一波の渡来民が、東アジアのいろいろな地域から、さまざまな年代に、日本列島の南部、中央部、北部の全体にわたってやってきた。主要な要素は、現在の東ユーラシアに住んでいる人々とは大きく異なる系統の人々だった。日本列島内部では集団間に遺伝的交流があり、北から南まで、日本列島人はかなり遺伝的によかつていた。

第二段階…縄文時代の後期と晩期（約四〇〇〇年前～約三〇〇〇年前）。日本列島の中央部に第二の渡来民の波があった。彼らの起源の地ははっきりしないが、朝鮮半島、遼東半島、山東半島に囲まれた沿岸域およびその周辺だった可能性があ

る。彼らを、本稿では「海の民」とよぶことにする。第二波渡来民の子孫は、日本列島中央部の南側において、第一波渡来民の子孫と混血しながら、すこしずつ人口が増えていった。日本列島の北部には、以前と同じような経路で北方の人々が渡来してきた。南部には、第二波の渡来民の子孫が移動してきた。

第三段階前半・弥生時代(約三〇〇〇年前～約一七〇〇年前)。弥生時代に入ると、朝鮮半島を中心としたユーラシア大陸から、第二波渡来民と遺伝的に近いながら若干異なる、第三波の渡来民が日本列島に到来し、水田稲作などの技術を導入した。彼らとその子孫は、日本列島中央部の東西軸にもつばら沿って居住域を拡大し、急速に人口が増えていった。古墳時代以降には、揚子江河口域などからも、少数ながら渡来民が来るようになった。日本列島中央部の東西軸の周辺では、第二派の渡来民およびその子孫との混血の程度が少なく、第二波の渡来民のDNAがより濃く残っていた。日本列島の北部と南部および東北地方では、第三波渡来民の影響はほとんどなかった。

第三段階後半・古墳時代以降(約一七〇〇年前～現在)。第三波の渡来民が、引き続き朝鮮半島を中心としたユーラシア大陸から移住した。それまで東北地方に居住していた第一波

市圏を含み、現代の渡来人も好んで居住している。この傾向は、過去にもあったのではないだろうか？ 日本列島中央軸の外側、すなわち九州南部、山陰、四国、紀伊半島、京都府北部から北陸、甲信越、東北を含む地域には、歴史的に、日本列島中央軸よりも相対的にだが渡来人の居住はすくなかったと予想される。これによって、内なる二重構造が生じているというのが、筆者の見解である。これまで、日本列島の地域的多様性としては、東西あるいは南北という分け方であったり、日本海側と太平洋側という対比もあったが、今後は日本列島中央軸とその外側、さらにその外に位置する日本列島の北部(北海道以北)と南部(南西諸島)という三分割も考慮してみるべきではないだろうか。

この三段階渡来モデルは、DNAの研究結果から提案したもののだが、他の研究分野でも似かよった考え方が提唱されている。前述したように、エルヴィン・ベルツはヤマト人を長州型と薩摩型に分けた。三段階渡来モデルにあてはめると、長州型がもつばら第三段階渡来民の子孫に、薩摩型はもつばら第二段階渡来民の子孫に対応するかもしれない。また藤尾慎一郎(2011)は、日本列島人を生業から採集狩猟民、園耕民、農耕民に分類した。これらの人々は、日本列島人形成の三段階説の第一段階から第三段階へのそれぞれに対応しているの

の渡来民の子孫は、六世紀前後に大部分が北海道に移っていた。その空白を埋めるようにして、第二波渡来民の子孫を中心とする人々が東北地方に居住していった。日本列島南部では、グスク時代の前後に、おもに九州からヤマト人が多数移住し、さらに第三波の渡来民系の人々も加わって、現在のオキナワ人が形成された。日本列島北部では、北海道の北部に渡来したオホーツク文化人と第一波渡来民の子孫のあいだの遺伝的交流があり、アイヌ人が形成された。その後アイヌ人とヤマト人との混血が進んだ。

日本列島人の形成に関するこの三段階モデルの概略を、図2に示した。日本列島人を大きくとらえると、北部のアイヌ人と南部のオキナワ人には、ヤマト人と異なる共通性が残っており、この部分は、二重構造モデルと同一である。図2のモデルが新しいのは、二重構造モデルでひとつに考えていた新しい渡来民を、第二段階と第三段階に分けたところである。この新しいモデルでは、日本列島中央部に限って言えば、内なる二重構造モデルとも呼べるだろう。

内なる二重構造の内部は、地理的には「日本列島人の歴史」の図2-1で示した、日本列島中央軸にあたる。九州北部から関東まで、ちょうど山陽新幹線と東海道新幹線が走っている地域である。この地域は札幌市と仙台市を除く日本の大都

かもしれない。

そもそも、日本神話に登場する国津神と天津神は、それぞれ第二段階と第三段階の渡来人の象徴の呼び方であるといえるのではなからうか。二重構造モデルによれば、国津神は縄文系の人々ということになるが、国津神と天津神は、それほど大きな違いはなかったように思われる。考古学的データを考えると、アマテラス以降の神話の世界は、西暦ゼロ年前後のころにはじまったように思われる。この時代は弥生時代がはじまってすでに一〇〇〇年ほど経過しており、朝鮮半島や大陸の他の地域から、すこしずつ渡来人が来ていたと思われるので、国津神と天津神の違いは、あるいは第三段階渡来人の多様性と第二段階・第三段階との混血の程度の違いなのかもしれない。

言語との関係

本稿では、DNAデータをもとにして、日本列島人の起源や成立についてを議論してきた。この問題を研究するのは、伝統的に骨や歯の形態比較が中心だった。文化の側面からも、この問題はながいあいだ議論されてきた。いろいろな文化要素のなかでも、言語は多数の単語や文法体系というまとまり

を持って伝えられるので、ふたつの言語がある程度似ているとわかれば、両者のあいだに過去になんらかの関係があった可能性を論じることができる。チャールズ・ダーウィンは、言語の系統関係を調べれば人類集団の系統関係が自ずと明らかになるはずだと予言している。

一方で、言語は、軍事的・政治的な支配者によって、置換してしまふことがある。中南米で現在広く話されているスペイン語やポルトガル語は、コロンブス以降に新大陸に進出したイベリア半島の人々が広めたものだが、これらはかつての支配者の言語だ。支配者の言語が広まってゆくパターンを、「エリート・ドミナンス」と呼ぶ。一方、農耕が広まるにつれて農耕民の言語が広がるという仮説もある。採集狩猟段階から農耕牧畜段階になると、ある地域に住むことができる人口が増大するので、人口増加がおこる。このため、すくなくとも遺伝子については、新天地にひろがっていった農耕民とその子孫の遺伝子が、従来少数で暮らしてきた採集狩猟民を凌駕することが一般的である。本稿でみてきたように、ヒトのDNAについては、日本列島でもこの考え方があてはまる。しかし、言語、すなわち日本語もまた農耕民がもたらしたのかどうかについては、議論がわかれる。

日本語については、これまでに多くの研究があるが、どの

単語の類似で比較すると、方言の場合、地域間の相互の影響がはいってくる。そこで、『別冊宝島』第五章の図1を描くのに使ったものと同じのデータを用いて、系統ネットワークという、系統樹と似ているがすこし異なる手法でこれらの方言の関係を表わしてみると、系統樹では決して現れない平行四辺形があちこちに生じる（『別冊宝島』第五章の図2）。これはある方言がふたつの方言とそれぞれそれなりに近い場合に示される。系統樹と異なり、明確な系統関係がわかりにくい。図の左のほうに九州方言がかたまっており、右のほうには東北方言がほほまとまっているのがわかる。『別冊宝島』第五章の図1では他の九州方言とは仲間はずれになった長崎県の方言が、系統ネットワークでは福岡県方言に近寄っている。また、八丈島方言、九州南部および高知県方言と若干の親和性がみとれる。

『別冊宝島』第五章の図1は、LeeとHasegawa (2011) が発表した論文のデータを用いた結果であるが、彼ら自身は、別の方法を用いて、この図とはかなり異なる系統樹を示している。北海道・山梨県・東京都の方言がひとつにまとまるのは、われわれの系統樹と同じだが、このグループが沖縄以外の方言で最初に分岐している。これら三方言グループの次に分岐しているのは、愛知県と岐阜県のグループである。逆に

言語学者も受け入れる定説は存在しない。沖縄の言語（琉球語）は、日本語のなかの沖縄方言とみなされることもある。日本語の方言は、沖縄をのぞいてもきわめて多様であり、もとなつた言語が古い時代に存在していたことがうかがわれる。そこでわれわれは、北海道から九州までの四七都道府県を単位として、日本語の方言の近縁関係を推定した。LeeとHasegawa (2011) が数的処理をした日本語の方言データから、これら方言間の単語のちがいにともづく距離を計算した。こうして得られた方言距離をもとにして、日本語方言の多様性を、『別冊宝島』第五章の図1に系統樹のかたちでしめした。琉球語が話されている沖縄県をのぞく四六都道府県の方言に、他の地域とは大きく方言が異なることが以前から知られている八丈島方言を加えて系統樹を作成した。この系統樹は、私達が一九八七年に発表し、現在でも系統樹作成法として世界で広く使われている近隣結合法で作成した。なお、日本語と琉球語をあわせた方言系統樹を、『日本列島人の歴史』でも掲載したが、今回の系統樹は四七カ所の日本語方言であり、用いた単語もすこし多くなっている。この図をみると、基本的に地理的に近い都道府県の方言が、たがいに近い関係にあることがわかるが、長崎県など、いくつか不思議な位置関係となつている県もある。

八丈島方言は、彼らの系統樹では静岡県方言と近縁になつている。

同じ言語内の多様性である方言は、おたがいに影響を与えあうので、いったん分岐するとどんどん離ればなれとなつてゆく系統樹で表現することは不適切である。このため、近隣結合法でしめした『別冊宝島』第五章の図1の系統樹も、方言間の近縁関係を示しているとだけ考えておいたほうが、安全であろう。

「エリート・ドミナンス」のほかに、言語がひろがってゆくもうひとつのパターンは、無人の地への進出である。筆者が二〇一五年に発表した『日本列島人の歴史』では、この「無人の地への進出」モデルを念頭に置いて、日本語祖語が、縄文時代の後期から晩期（四〇〇〇～三〇〇〇年前ごろ）にかけて、日本列島外のどこから日本列島に渡来人によってたらされ、当時人口がきわめて少なかった九州北部から中国四国地方にかけて広まっていったと提唱した。本稿の図2では、日本語祖語をもたらしした可能性のある、仮想的なこの渡来民を「海の民」となづけた。彼らは、その後水田稲作をもたらし、弥生時代以降の渡来民とは、遺伝的系統がすこし異なっているが、旧石器時代から縄文時代にかけての渡来人ももたらし、なって成立した縄文時代人よりもお互いには近いと、筆者は

考えている。日本語祖語がどのような系統の言語であったのかは依然として謎であり、今後の研究に期待したい。

註

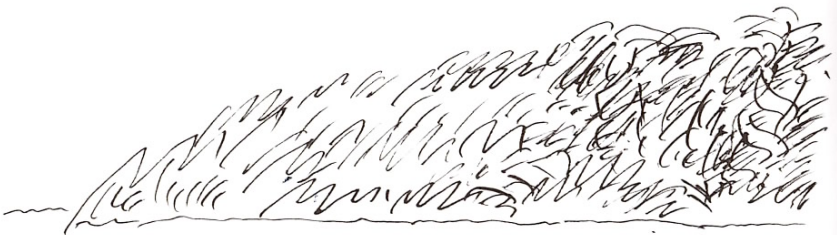
本稿は、筆者がこれまでに刊行した『DNAから見た日本人』(二〇〇五年・ちくま新書)、『日本列島人の歴史』(二〇一五年・岩波ジュニア新書)、『歴史主義宣言』(二〇一六年・ウェッジ)・筆者が監修した『DNAでわかった日本人のルーツ』(二〇一六年・別冊宝島)・および現在執筆中の『日本列島人の成立に関する著書の内容をまとめたものである』ことをお断りしておく。本稿の内容は、神澤秀明博士とティモシー・ジナム博士の研究成果に負うところが大きい。両博士をはじめとする多数の共同研究者に感謝する。

引用文献

- 斎藤成也 (2005) DNAから見た日本人、ちくま新書
 斎藤成也 (2015) 日本列島人の歴史、岩波ジュニア新書
 斎藤成也 (2016) 歴史主義宣言、ウェッジ
 斎藤成也監修 (2016) DNAでわかった日本人のルーツ、別冊宝島
 篠田謙一 (2015) 日本人起源論、岩波書店
 藤尾慎一郎 (2011) 〈新〉弥生時代、吉川弘文館
 Japanese Archipelago Human Population Genetics Consortium (2012) The history of human populations in the Japanese Archipelago inferred from genome-wide SNP data with a special reference to the Ainu and the Ryukyuan populations. *Journal of Human Genetics* 57: 787-795.
 Jinnam T. A. et al. (2015) Unique characteristics of the Ainu population

in Northern Japan. *Journal of Human Genetics* 60: 565-571.
 Kanzawa-Kiriyama H. et al. (2016) A partial nuclear genome of the Jomonos who lived 3000 years ago in Fukushima, Japan. *Journal of Human Genetics* Sept. 1 (advance online publication).
 Lee S. and Hasegawa T. (2011) Bayesian phylogenetic analysis supports an agricultural origin of Japotic languages. *Proceedings of Royal Society B* 278: 3662-3669.
 Omoto K. and Saitou N. (1997) Genetic origins of the Japanese: a partial support for the dual structure hypothesis. *American Journal of Physical Anthropology* 102: 437-446.
 Saitou N. and Jinnam T. A. (2017) Language diversity of the Japanese Archipelago and its relationship with human DNA diversity. *Man in India* 97: 205-228.
 Saitou N. and Nei M. (1987) The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4: 406-425.

(305ページ なるま・ゲノム進化学\人類学)



2017
 TAKUN KURUKAWA