

1.はじめに

日本人の父系に関する Y 染色体ハプログループの包括的な研究としては、2005 年にアメリカ・アリゾナ大学のマイケル・ハマー (Michael Hammer) 博士がそのハプログループの構成比率を発表した論文¹や、2007 年に東京歯科大学・水口清教授 (Minaguchi Kiyoshi) が発表した論文²が代表的なものである³。水口による分子生物学の研究は、2005 年のハマーの研究をもとに展開したもので、Y 染色体の SNP (一塩基多型) をより詳しく解析し、サンプル数に関してもハマーが 259 件であったのに対し大幅に増加した。水口の扱ったサンプル数は 729 件であるため、日本人の父系系統の地域別頻度をより実際に近い形で反映したものになったと考えられてきた。しかし、ハマー論文と比較すると、水口の研究では D 系統のサンプル数が増加したことにより、日本人のハプログループの構成比率について、ハマー論文と多くの相違が生じていることも確かである。私はこの二つの資料を比較検討した結果、ハマー、水口清の研究はどちらもサンプル数とサンプル提供者の出身地に偏りがあり、日本の人口動態に対して正確に反映していないのではないかという疑念を持つに至った。そのため、ハマー、水口の研究とは別に日本各地から得られた Y-STR (縦列反復配列) のデータをもとに、新たに Y-SNP (一塩基多型) 系統を推計した。これにより、サンプル数においても偏重のない日本人男性の父系ハプログループ構成比率と分布領域を算出し、さらになぜそのような構成比率となったのかについての歴史的要因を考察した⁴。

2.データについて

Y-STR (縦列反復配列) をもとに、Y-SNP (一塩基多型) を推計することは、すでに水口清らの研究でも行われているものであり、Y-SNP の解析を基に判定されたハプログループとは信頼性や正確性においては及ばないものであるが、現在も着実に更新されている Y-SNP Haplogroup Phylogenetic Tree との比較により、Y-STR からの推計資料を活用すればその信頼性を高めることが可能である。日本人の Y-SNP の細分岐 (subclade) を詳細に扱った資料が不足している現時点においては、Y-STR (縦列反復配列) のデータを援用することによって、サンプル内の遺伝的距離や、最も近い共通祖先 (most recent common ancestor, MRCA) を導き出すことができるという利点もある。私が扱った図表および論拠となる Y-STR データの出典は以下の (yayul.egloos.com) を参照したもので、総サンプル数は 1,734 件である。

- 1) www.yhrd.org 上に収集された日本各地の Y-STR データ
- 2) Kumagai 2007 “Haplotype analysis of 17 Y-STR loci in a Japanese population”
- 3) Mizuno 2008 “16 Y chromosomal STR haplotypes in Japanese”
- 4) Kim Wook 2010 “High frequencies of Y-chromosome haplogroup O2b-SRY465 lineages in Korea”
における日本人 Y-STR データ

¹ Michael Hammer 2005 “Dual origins of the Japanese: common ground for hunter-gatherer and farmer Y chromosomes”

² Minaguchi Kiyoshi 2007 “Y Chromosomal Binary Haplogroups in Japanese Population and their relationship to 16 Y-STR polymorphism”

³ マイケル・ハマー博士の研究は、韓国・檀国大学キム・ウク教授 (Kim Wook) らと共同研究を行ったものである。

⁴ Y 染色体の非組換え領域にある配列の反復数の差異を調べるのが STR 解析で、これに加えて一塩基多型 (変異のタイプ) の共有非共有を調べるのが SNP 解析である。STR は遺伝子の塩基対を構成するアデニン・チミン・グアニン・シトシンの 2~4 塩基対の組み合わせの繰り返し構造で個体識別ができる。世代を経るごとに特定の遺伝子座によって 0.1~0.8%の確率で繰り返し数が±1 増減するのでこれをもとに共通祖先から何世代経たか推定することが可能である。SNP とは特定の遺伝子座における単変異を起こした塩基対のこと。偽陽性・偽陰性があるため完璧ではないが塩基対数万カ所の差異から比較するため極めて正確に分岐の順序を追跡可能である。

一塩基多型	YCC	ISOGGによる分岐系統名		一塩基多型
分岐指標	2002年式	2012年式	2020年式	同位の副分岐指標
M130	C	C	C	M216
M8	C1	C1	C1a1	M105
M38	C2	C2	C1b2a	
M217	C3	C3	C2	Z1453
(M93)		C3a	廃止	JST645622+13
M347		C4	C1b2b	P309
M356		C5	C1b1a1a	
V20		C6	C1a2	
M174	D	D	D1	
M15	D1	D1	D1a1a	
M99	D3	D3	D1a1b	
M55	D2	D2	D1a2a	P37.1/M64.1
M116.1	D2b	D2a	D1a2a1	
M125	D2b1-M125	D2a1	D1a2a1a	
JST022457	D2b1-022457	D2a1b	D1a2a1a2	
L116	G	G	G	M201
M69	H	H	H1a	
L134	J	J	J	M304
L855	L	L	L	M20
M231	N	N	N	
M175	O*	O	O	
(MSY2.2)		O1	O1	F265
M119	O1*	O1a	O1a	
L463	O2*	O2	O1b	P31/M268
PK4	O2a*	O2a	O1b1a1	
M176	O2b	O2b	O1b2	SRY465/P49
F2868	O2b*	O2b (x 47z)	O1b2a1a2	K4
47z	O2b1	O2b1	O1b2a1a1	K7/CTS11723
M122	O3	O3	O2	
L127.1		O3a1	O2a1	
JST002611	O3-002611	O3a1c	O2a1b	
P201	O3-021354	O3a2	O2a2	JST021354
M159	O3-LINE1	O3a2a	O2a2a1a1a	LINE1
M7	O3d*	O3a2b1	O2a2a1a2	
P164		O3a2c	O2a2b	
M134	O3e*	O3a2c1	O2a2b1	
M117	O3e1*	O3a2c1a	O2a2b1a1	
M120	Q1	Q1a1	Q1a1a	
M346		Q1a3	Q1b	
L62	R1a	R1a	R1a	
M343	R1b	R1b	R1b	

まず比較のために、既存のハマー、水口清らの研究による日本人男性のハプログループの頻度と分布を見ていきたい。

Hammer et al. 2005									
Region	Abbr.	Sample N	D-P37.1	O-P31	O-M122	C-M8	C-M217	N-M231	Others
Ainu	(AIN)	4	75	0	0	0	25	0	0
Ainu	(Tajima 2004)	16	87.5	0	0	0	12.5	0	0
Aomori	(AOM)	26	38.5	30.8	15.4	7.7	0	7.7	0
Shizuoka	(SHI)	61	32.8	36.1	19.7	4.9	1.6	1.6	3.3
Tokushim	(TOK)	70	25.7	32.9	21.4	10	2.8	7.1	0.1
Kyushu	(KYU)	53	26.4	35.8	26.4	0	7.5	3.8	0
Okinawa	(OKI)	45	55.6	22.2	15.6	4.4	0	0	2.2
Total		259	34.7	31.7	20.1	5.4	3.1	3.9	1.1

Table 4 Frequencies of binary haplogroups (%) estimated from Y-STR haplotypes. (Frequencies of Kanto and western Japan were calculated from present data after selecting corresponding samples.)

Haplogroup	Total sample no.	Asahikawa 201	Kanto 137	Nagoya 207	Western Japan 97	Okinawa 87	Korea 317	Taiwan 183
C1		0	1.5	4.8	3.1	8	0.3	0.3
C3*		4.8	2.2	1.4	4.1	2.3	8.8	6
D1		3.2	0	0	0	0	0.3	0
D2a		8.9	8	4.8	5.2	2.3	0.6	0
D2b*		35.4	13.1	8.9	8.2	16.7	2.2	0.3
D2b1/-M125*		1.7	1.5	1	0	1.2	0	0
D2b1/-022457		17.6	25.5	19.6	13.4	20.1	0.9	0
Total of D2		63.6	48.1	34.3	26.8	40.3	3.7	0.3
N/O		0	0	0.7	1	2.3	3.5	1.1
O1*		0.5	2.2	2.9	4.1	1.2	4.1	22.4
O2a*		3.1	0	0	1	1.2	1.1	6.3
O2b*		5.6	6.6	11.4	9.3	3.4	17.2	1.1
O2b1		7.2	24.1	20.8	26.8	19.5	12	1.1
O3*		1	0.7	0	0	0	0.3	1.5
O3c*		0.6	0.7	0.5	0	0	0.3	1.9
O3/-002611*		3.1	0.7	3.4	2.1	6.3	0.6	8.5
O3/-LINE1 del		0.5	1.5	5.1	5.2	4	6.2	11.7
O3/-021354*		2.1	3.6	6	6.2	5.7	9.8	5.6
O3e*		4.4	2.9	3.9	5.2	2.3	14.7	7.1
O3e1*		0	4.4	2.9	5.2	2.3	12.6	21.9
Q1		0	0.7	0	0	0	0.6	1.1
Not determined		0.5	0	1.9	0	1.2	3.8	2.2
Total of O2b		12.8	30.7	32.2	36.1	22.9	29.2	2.2
Total of O3		11.7	14.5	21.8	23.9	20.6	44.5	58.2
Reference		Sasaki & Dehiya	This study	Uchihi et al.	This study	Uchihi et al.	Shin et al.	Tsai et al.

Minaguchi 2007 “Chromosomal Binary Haplogroups in Japanese Population and their relationship to 16 Y-STR polymorphism”

上は Hammer 2005 による資料で、下は水口清 2007 の資料に基づく。すでに過去 5 年間、Y SNP haplogroup Phylogenetic tree では新たに発見された D-M55、O-M268、O-M122 の下階層の SNP により分岐系統 (Haplogroup) に大規模な更新がなされた。しかし、日本人に関する Y 染色体情報については新しい包括的なデータが不足しているため、それらに関する更新は残念ながら低調である。

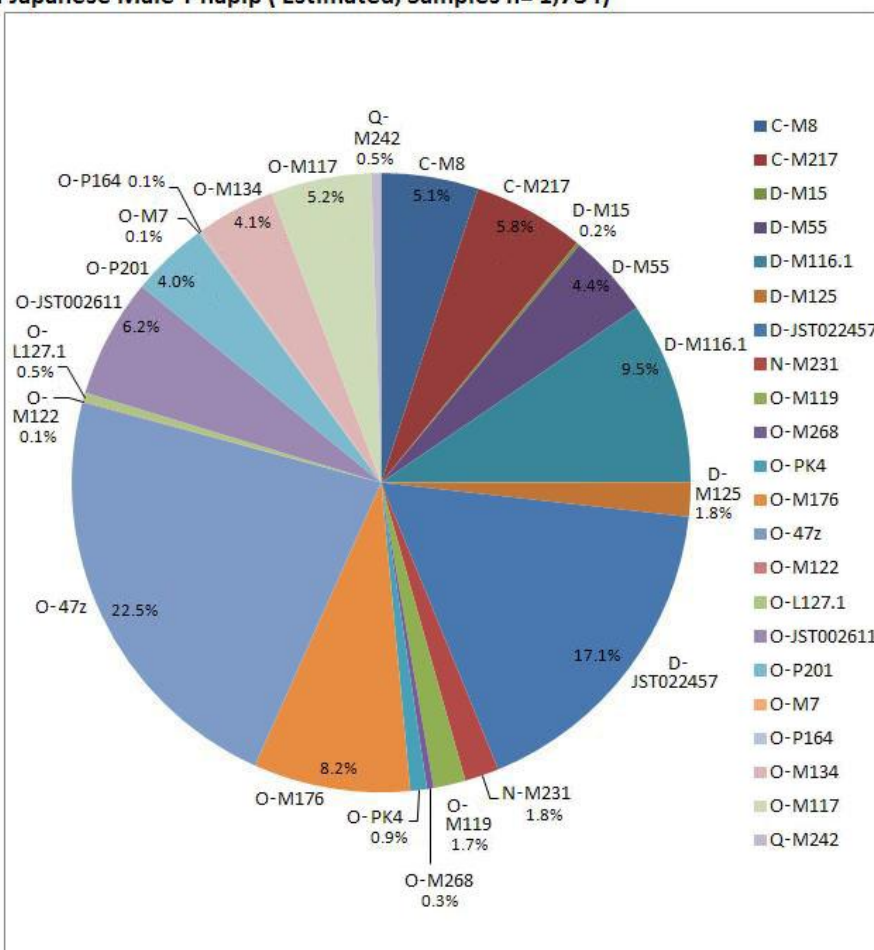
私の作成した資料は Y Haplogroup tree の公認と更新を管理する www.isogg.org の Ver.15.73 (2020 年 7 月 11 日版) に基づく表記で、ハプログループとともに、各系統の分岐指標となるマーカーも付記した。

(例えば、ハプログループ O2a2b1a1 は O-M117 の SNP を分岐指標とする系統である⁵)。上述のサイトにおいて、これらの分岐系統 (Haplogroup) を確認し、バージョンの異なる表記の他の資料と混同の起さないよう配慮した。本論文においては今後も更新されるであろうハプログループによる表記を避け、主たる内容は Y-STR の数値から導き出された SNP マーカー (分岐指標) によって記載した。

3. 日本人の父系ハプログループ構成比率の特異性と稀少ハプログループ

Frequency of Japanese Male Y hapl (Estimated, Samples n= 1,734)

Haplogroup	Marker	n=	%
C1a1	M8	88	5.1%
C2	M217	101	5.8%
D1a1a	M15	3	0.2%
D1a2a	M55	76	4.4%
D1a2a1	M116.1	165	9.5%
D1a2a1a	M125	31	1.8%
D1a2a1a2	JST022457	296	17.1%
N	M231	31	1.8%
O1a	M119	29	1.7%
O1b	M268	6	0.3%
O1b1a1	PK4	15	0.9%
O1b2	M176	142	8.2%
O1b2a1a1	47z	390	22.5%
O2	M122	1	0.1%
O2a1	L127.1	8	0.5%
O2a1b	JST002611	108	6.2%
O2a2	P201	70	4.0%
O2a2a1a2	M7	1	0.1%
O2a2b	P164	2	0.1%
O2a2b1	M134	71	4.1%
O2a2b1a1	M117	91	5.2%
Q	M242	9	0.5%
	n=	1734	



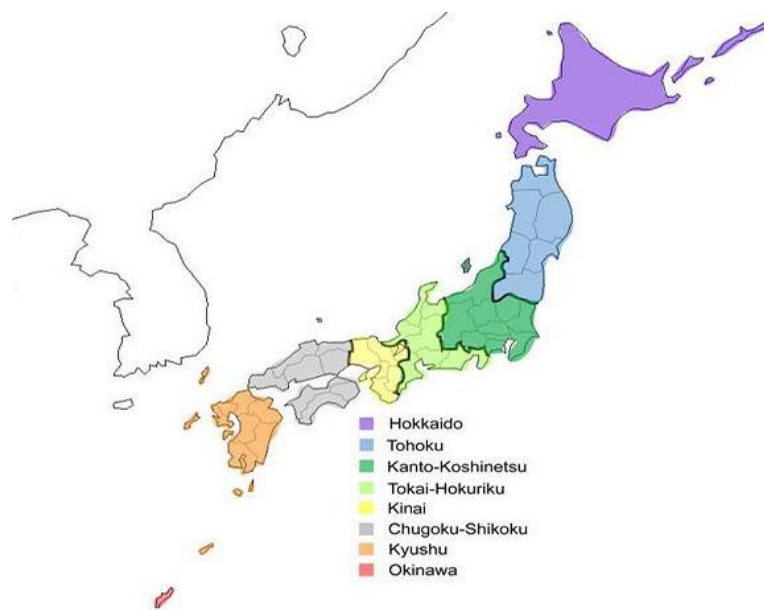
日本人の父系ハプログループ頻度の全容をみて特記すべきことは、大陸では遥か昔に滅びた古代の分岐系統である D-M55 の SNP を有する人々が世界一集まった領域が日本列島であるという事実である。また他の東アジア集団では低頻度であっても必ず検出される R1a-L62、R1b-M343、G、J、L、H などの西ユーラシア系特有のハプログループは、1734 人分もの大量の日本人サンプルからでさえ 1 例も検出されなかったことである。日本人集団の父系のハプログループ構成の特異性は、大陸にくらべて古代的であり、太古の時代にあった単一民族に近い形態を、今なおその中核に残している点にある。これは日本

⁵ 原文 ISOGG 2012 年 1 月版では、O-M117 は「O3a2c1a」となる。

が東アジアの島嶼にあって、それが天然の要塞と化し外敵の侵入を防ぐことができたため、古くからある父系のハプログループ D 系統が減びることなく温存されたことによるものであろう。逆に日本人の中で頻度の少ない系統としては、わずか 8 例のみが検出された Q 系統があげられる。Q 系統はこの 8 例のうち 7 例が青森、岩手の東北地方から検出されたが、残りの 1 例は奈良県から検出されたものである。Q 系統はユーラシア大陸のほぼ全域とアメリカ大陸のネイティブから検出されるタイプで、日本人から検出された 8 例のうち 6 例は、中国大陸、韓半島に広く分布する Q1a1a-M120 であることが分かったが、残りの 2 例はそのルーツを確定することができなかった。おそらくシベリアのテュルク系民族やネイティブ・アメリカンから検出される Q1b-M346 に属する可能性が高い。そのため、日本人の Q 系統は分布範囲から類推すると、韓半島から九州を経由し、南ルートから流入したとみるよりは、シベリアから沿海州を通り北方ルートによって日本列島に到達した可能性が高いといえる。

4. 父系ハプログループの地域別頻度

日本人男性の Y 染色体ハプログループの地域別頻度を表示するにあたり、その領域区分は水口清の資料とは異なり、日本で伝統的に首都が置かれた区域からの距離関係を明らかにするため、Kamatani 2010 の研究に用いられた上の地図を使用し、日本全土を別図のように、10 の地域に分けた⁶。また次の棒グラフで示す通り、ほとんどの都道府県のデータが得られたが、一部サンプル数の少ない地域が存在する。この図で 10 の地域による父系ハプログループの構成比率を表示したが、同



じ地域内でもハプログループ分布については、大きな差異が生じている箇所もある。例えば、同じ九州であっても福岡と長崎では D-M55 の割合が、福岡は 27.3%、長崎は 43.9%である。これらを平均すれば 36.3%となるが、県別にみると差が大きい。特に長崎での頻度は、日本の 23 地域のデータの中で最も高い比率であった。

5. 先入観の危険性

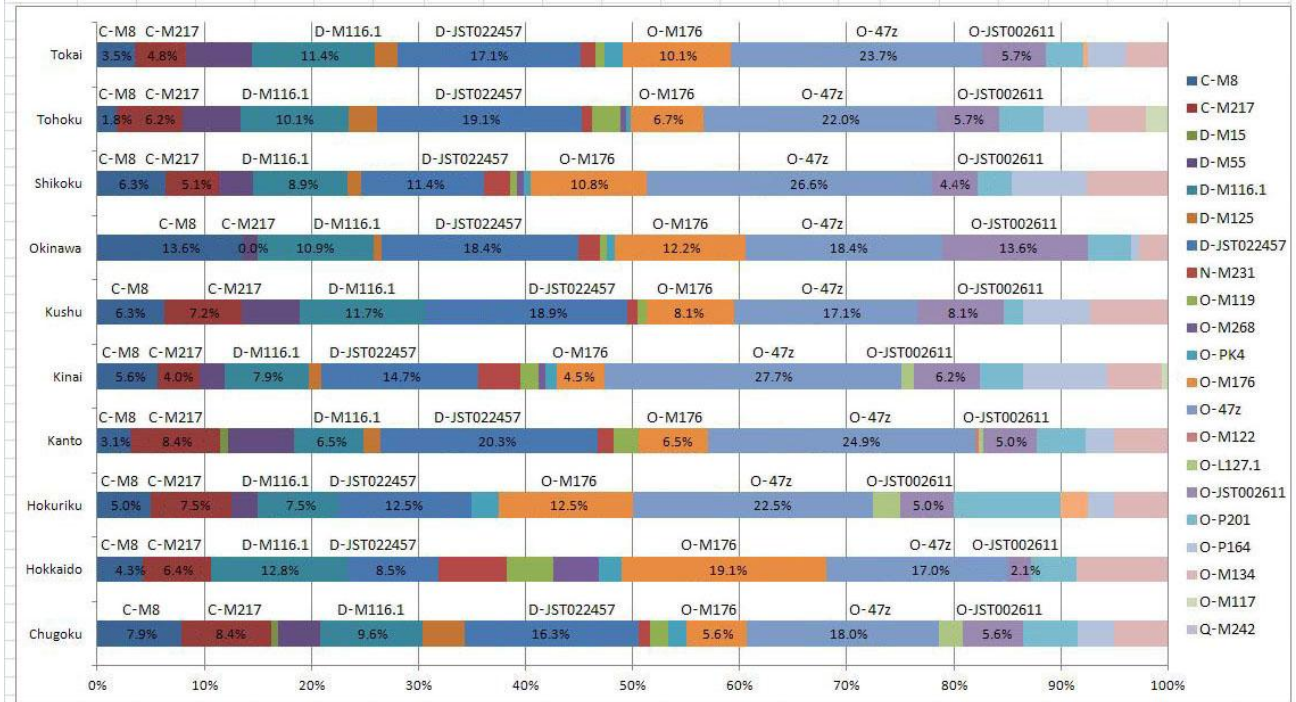
今回のデータで判明したことは、従来は D-M55 の頻度は日本の南方地域である沖縄や九州で高く、本州の中間地帯である近畿、東海地域で低くなり、関東、東北で再び高頻度となり、アイヌ人を含む北海道で一番高くなるのではないかと漠然と考えられてきた。ところが、そのような先入観を取りはらい、実際に検出されたデータをみると、北海道から得られたサンプルは、D-M55 の割合が他の地域に比べてかなり低く、逆に O-F2868(M176, X 47z)の割合が最も高い比率であるという結果となった⁷。

⁶ 北陸と四国は別々に分離したが、甲信越は別に分けない。

⁷ 最もこの現在の北海道のデータは、明治時代以降に日本政府による開拓政策によって、新たに異なる地域から北海道に移住した人々の子孫が多いからかもしれない。

Distribution of Japanese Male Y haplo in sub-regions

Region	C		D					N	O1					O2						Q	
SNP	M8	M217	M15	M55	M116.1	M125	JST022457	M231	M119	M268	PK4	M176	47z	M122	L127.1	JST002611	P201	P164	M134	M117	M242
Chugoku	7.9%	8.4%	0.6%	3.9%	9.6%	3.9%	16.3%	1.1%	1.7%	0.0%	1.7%	5.6%	18.0%	0.0%	2.2%	5.6%	5.1%	0.0%	3.4%	5.1%	0.0%
Hokkaido	4.3%	6.4%	0.0%	0.0%	12.8%	0.0%	8.5%	6.4%	4.3%	4.3%	2.1%	19.1%	17.0%	0.0%	0.0%	2.1%	4.3%	0.0%	0.0%	8.5%	0.0%
Hokuriku	5.0%	7.5%	0.0%	2.5%	7.5%	0.0%	12.5%	0.0%	0.0%	0.0%	2.5%	12.5%	22.5%	0.0%	2.5%	5.0%	10.0%	2.5%	2.5%	5.0%	0.0%
Kanto	3.1%	8.4%	0.8%	6.1%	6.5%	1.5%	20.3%	1.5%	2.3%	0.0%	0.0%	6.5%	24.9%	0.4%	0.4%	5.0%	4.6%	0.0%	2.7%	5.0%	0.0%
Kinai	5.6%	4.0%	0.0%	2.3%	7.9%	1.1%	14.7%	4.0%	1.7%	0.6%	1.1%	4.5%	27.7%	0.0%	1.1%	6.2%	4.0%	0.0%	7.9%	5.1%	0.6%
Kushu	6.3%	7.2%	0.0%	5.4%	11.7%	0.0%	18.9%	0.9%	0.9%	0.0%	0.0%	8.1%	17.1%	0.0%	0.0%	8.1%	1.8%	0.0%	6.3%	7.2%	0.0%
Okinawa	13.6%	0.0%	0.0%	1.4%	10.9%	0.7%	18.4%	2.0%	0.7%	0.0%	0.7%	12.2%	18.4%	0.0%	0.0%	13.6%	4.1%	0.0%	0.7%	2.7%	0.0%
Shikoku	6.3%	5.1%	0.0%	3.2%	8.9%	1.3%	11.4%	2.5%	0.6%	0.6%	0.6%	10.8%	26.6%	0.0%	0.0%	4.4%	3.2%	0.0%	7.0%	7.6%	0.0%
Tohoku	1.8%	6.2%	0.0%	5.4%	10.1%	2.6%	19.1%	1.0%	2.6%	0.5%	0.5%	6.7%	22.0%	0.0%	0.0%	5.7%	4.1%	0.0%	4.1%	5.4%	2.1%
Tokai	3.5%	4.8%	0.0%	6.1%	11.4%	2.2%	17.1%	1.3%	0.9%	0.0%	1.8%	10.1%	23.7%	0.0%	0.0%	5.7%	3.5%	0.4%	3.5%	3.9%	0.0%



さらに、O-M176 と O-M122 系の比率が高いと予想されていた中国地方では、6 例のみのサンプルではあるが、D-M55 の頻度が岡山 36.8%、山口 33.3%と比較的高い割合であることが分かった。広島では O-M176 と O-M122 の 2 例のみであるため、広島でさらに多くのサンプルが採取できれば、結果が変わる可能性もある。四国では O-M176 が高頻度で検出されたため、四国は中国地方よりも、大陸や朝鮮半島の影響が大きかったとも考えられる。もっとも、中国地方と九州で D-M55 が多く検出された理由は、歴史時代以降の人口流動に起因する可能性も考えられる。近畿と隣接する北陸地方では O-M122 の割合が高頻度で検出された。これは東海（日本海）沿岸に面した地域の特性として、韓半島（朝鮮半島）や中国大陸に由来する渡来系の影響が広がっていたことがうかがえる。今回のサンプル集団の中で最も渡来系の影響があったと考えられる地域は、O-M122 が 28%の頻度で検出された和歌山県であった。

以前に沖縄の南部地域から 70%を超える高頻度で O-47z が検出されたことがあった。この比率は世界的にも類を見ない高頻度であったため、O-47z は韓半島経由で日本列島に流入したのではなく、海洋を通じ沖縄を経由する南方ルートで日本列島に到達したのではないかとの仮説も提唱されたが、このサンプルは沖縄南方の島嶼地域で採取されたもので、それらの島々には 19 世紀後半まではほとんど無人地域で

あり、漁業のために本島から移住し、島を開拓した人々の子孫から得られたものであった。したがって、これらの島々で O-47z が高頻度で検出されたのは、集団遺伝学で言われる創始者効果 (Founder effect) が適用される事例であり、O-47z の歴史的起源とは関連が薄いと考えられる。沖縄地方における父系ハプログループの起源と O-47z 系統および周辺民族との関係については、また別稿にて詳述したい。

6. O-M122 系統とその起源

従来、主として中国上海・復旦大学の金力、李輝ら研究者によって唱えられた説によれば、アジア人を古モンゴロイド、新モンゴロイドという二つに大別し、ハプログループ C 系統、D 系統を一括して古モンゴロイドとし、ハプログループ N 系統、O 系統を新モンゴロイドとして分類した上で、アジア大陸に先に到達し、土着していた C 系統、D 系統を、後に到着した新モンゴロイドがアジアの中央から辺境に追い出したとする仮説である。さらに O-M122 の下位階層のハプログループ拡散を、漢民族文化の普及と結びつける学説を主張したが、この説は現在中国国内でも多くの批判に直面しているとのことである。始皇帝や漢武帝の軍事的征服の経過は、後の韃靼、蒙古の遊牧民族らによる軍事侵攻と、広範な人口流動による父系集団の変化とは単純には比較できない。むしろ周辺諸民族の中で既に人口拡大に有利な水田農耕などが行われ、韓半島における国家誕生以前に人口流入に広範な影響を与えていたと考えられるため、漢民族文化の伝播は人口集団の頻度の変化をある程度は引き起こしたであろうが、主たるものではなかったとみるべきであろう。

東アジアの広範囲に最も多く広範囲に分布する O-M122 で、その下位階層から分岐した系統は JST002611、M134、M117 の 3 種類に大別できる。その中で、韓日で多数派の枝は JST002611 と M117 に属するものである。この 2 つが O-M122 の他のハプログループより比較的新しい時代に分岐しているため、様々な先進的な技術を習得した後の時代のクラスターであると考えられる。日本でみられる M117 は、歴史時代に韓半島からの流入と思われるタイプが存在している。ハマー論文においては、わずか 6 つの Y-SNP を分岐指標として測定する方式を用いたため、日本人の主要な父系ハプログループである D-M55 や O-M176 について、分岐系統の詳細な考察がなされていない。一方、水口清の資料では、D-M55 について初めて細分化がされ、O-M122 についてもある程度まとまった分類がされた。O-M122 に関して特記すべきことは、韓日にみられる LINE1 の系統は O-M122 の下流に位置していたということである。これは韓国・檀国大学キム・ウク教授らの研究により明らかとなった。この結果により LINE1 は韓国人、日本人ともに父系の共通祖を包含する枝となり得る⁸。この LINE1 を含む O-M122 系統は、サンプル数としては、北海道の旭川や東北、関東地域に圧倒的に多く検出された⁹。そのため O-M122 の下流系統に関し、水口清をはじめとする研究のデータで LINE1 に属すると判定されたものは、ほとんどが O-IMS-JST002611 系統の中にあるものであると考えられる。これは 2011 年に延世大学で行われたプレゼンテーションにおいて、韓国人集団について LINE1 ではなく、O-IMS-JST002611 を分岐指標として測定した結果、韓国人男性の約 9% から検出されたとする資料による¹⁰。

⁸ Hammer 2008 “New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree” を参照。鳥の翼とコウモリの羽根のように、起源の異なるものが偶然に類似した変異を起こすことも有り得る。それらを考慮し偶然の類似と思われるものは除外した。

⁹ サンプル数の不足、不均衡に起因するものかは不明であるが、実際のデータでは北海道は D-M55 の頻度は少ないため、北海道の頻度が高いかのように例示する模式図は信頼性が低い。

¹⁰ 従来の LINE 1 を分岐指標として測定した資料では、約 10% 近く検出されている。

従来一部の研究者の間では、O-M134 や O-M117 の分布は、東アジアにおける漢民族の流入による影響として説明されてきた。しかし、その分布や拡散年代から類推すると、この 2 つの O-M122 のサブハプログループが漢民族に固有のものではないと考えられる。現在も O-IMS-JST002611 の分布を秦始皇帝による漢民族の勢力拡大による影響として説明する研究者もおられるが、O-M122 の下位階層に位置する分岐のクラスターをどのように年代計算しても、決して秦始皇帝の時代には一致しない。

O-M122 の下位階層である O-IMS-JST002611 は、概ね中国淮河流域から海岸線に沿って高頻度で分布している。これらの韓半島や日本列島で検出される系統が 10,000 年以内に発生したことであれば、山東省の大汶口文化の主役やその継承者である東夷や淮夷、徐夷と呼ばれていた者たちと関わる可能性が高い。これらは概ね中国西北部に始まり発展した仰韶文化を起源とする華夏系統とは異なる文化的特徴を持ち、南方由来の文化と北方由来の文化が交わる接点に位置した。そのため O-F265 系統は、浙江省地域の河母度文化などから中国南部地域で早い時期の水田による稲作を開始し、紅山文化など北方地域の先進要素を取り入れ、新石器時代からすでに東アジアの様々な地域に拡散していった可能性が考えられる。O-M122 の下位階層のハプログループであり韓国と日本で一定の割合で検出される O-P201*は、2011 年アンダーヒル (Underhill) が発表した論文によると、従来 O-P201 に分類されていた東南アジアとポリネシア諸島などに分布する P201 に、P164 の分岐指標を加えて測定した結果、ほとんどが P164 に属することが明らかとなった¹¹。また、中国から得られた様々なデータにおいても、中国南部地域の P201 に属するサンプルは、ほとんどが O-P164 や O-M188 に属することが明らかとなった。

韓国と日本において検出される O-P201 は P164 や M188 の変異を示す SNP を持たない。そのため、O-P201 であっても STR の数値は韓日のみが近似した値を示している。これは、まだ発見されていない未知の SNP 下に属している可能性が高い。他にも満州族など南ツングース系の民族や北方漢民族でもわずかながら存在するため、韓日のこの系統は、古くみつもれば旧石器時代か新石器時代の初期に、あるいは遅くとも歴史時代に差し掛かる頃か、可能性として高いのは、その中頃の新石器時代から青銅器初期に至る頃に、他のハプログループ O 系統が行った農業技術の発展に伴う広範な民族拡大の勢いに圧され、O-M122 系統の主流の枝とは分離し、独自に極東地域に進出した集団であったと考えられる。

Y-STR から Y SNP を推計した日本人の父系のデータと、複数の東アジアの国々の父系のデータと比較すると、全人口に対する分布状況を包括的に把握することが可能である。その結果判明したことは、他の東アジアの集団は O 系統のハプログループを最多とする割合であるのに対し、日本民族の集団は分布割合が全く異なるという点である。Y-STR の値によって推算された、各々の Y-SNP の特徴を的確に示す集団としては、C-M8 系統、C-M217 系統、D-M55 系統、O-M176 系統、O-M122 系統が日本全国にまんべんなく分布しており、Y-STR からの推算によってこれらを各ハプログループの集団に大別することが可能である。ただし、D-M55 の下流に属する D-M116.1、D-M125、D-IMS-JST022457 などは、このデータが提示する 17 個の Y-STR データのみでは正確に細分化することは困難である。また他の東アジアの国々についても、そこから得られた Y-STR のデータのみを基に O-M324 以下の系統を正確に細分化することは難しい。現状よりも多くの Y-STR の測定が行われるか、より詳しい Y-SNP のサブクレードに

¹¹ Underhill et al. 2011 "Increased Y-chromosome resolution of haplogroup O suggests genetic ties between 2 the Ami aborigines from Taiwan and the Polynesian Islands of Samoa and Tonga"

関する研究によって、それらは将来解決されるであろう。

7. 日本列島で繁栄した縄文系のD-M55系統

ハマー論文では、D-M55の頻度が日本男性全体の父系の34%とするが、水口清の資料では旭川で63.6%、関東で48.1%の割合を示した。沖縄においても40%を超えている。しかし、私が推算したところによると、日本全体の47都道府県中、23県が含まれたデータではD-M55系統が40%以上検出された場所は、岩手40.5%、三重40.9%、長崎43.9%の3県のみで、それぞれ40%近い割合を示したが、1734サンプル全体からの割合では33%となり、O-M176とO-47zを合わせたO-M176系統が30.7%となるため、D系統の優勢の枝(major branch)をO系統が追い掛けるような頻度となった。私が推算したデータでは岩手を含む東北と関東が日本全体の人口比例からみて、もう少し多くD-M55が含まれていると仮定したとしても、日本男性全体の平均の母集団はD-M55系統とO-M176系統が拮抗して3割ずつを占め、残りの2割が渡来系を示すO-M122、その他の2割がC系統¹²とN系統などとなった。これらの割合はハマー論文の数値とも大きく矛盾しない結果である。日本では、漢民族に由来するO-M122系統は、日本列島を基点とするクラスターを発現しておらず、日本列島に渡来した有力人物を起源とする同祖族とみなすことはできない。O-M122には創始者効果(Founder effect)として候補にあがる枝は存在せず、渡来の時期も系統も異なる雑多な枝を集計した割合が2割であるため、D-M55やO-M176などの示す同祖族から分岐によって形成された主力の枝を持つ系統とは根本的に異なる分布となる。

日本人のD-M55系統の中でD-JST0022457のSNPを持つものが突出して多く、日本人の主流の枝(major branch)を形成している。そのため後述するように、D-JST0022457のSNPの発生と日本列島での拡散は、旧石器時代や新石器時代の発生した出来事ではなく、古墳時代以降に起きた社会的選択(Social selection)の結果であると見なければならぬだろう。これは、弥生系のO-M176系統の人々や、大陸からの技術を持つ渡来系のO-M122系統の人々と共生する社会の中で、日本固有のD-M55系統に属する人々が夥しい数の子孫を残して遺伝子の繁栄の優位に立ち、日本列島の隅々まで拡散したことを示している。D-JST0022457の変異を持つグループは、当時の日本社会の支配者層として長きにわたって君臨し、最も繁栄した枝を日本列島に残したのであろう。

8. 縄文系のC-M8系統と渡来系のC-M130系統

今回、私が新しく作った資料の中で特徴的な点は、C系統が従来のデータより高頻度で検出されたことである。縄文系を示すC-M8系統は、特に沖縄地域で14%に達する高い割合で検出され、九州地域と他の様々な地域でも同等の割合で検出された。また歴史時代になって以降の渡来系と考えられるC-M217系統は、従来のデータと同様に沖縄地域では検出されなかったが、他の地域では5~10%に及ぶ割合で検出された。これによって考えられるのは、C-M8は現時点では沖縄や九州に至る、日本列島到達までの移動経路が明確にされていないものの、C-M130以下の系統であるC-M38、C-M347、C-M356、C-V60系統はいずれもインド、東南アジア、ポリネシア、ニューギニア、オーストラリアなどで広範囲に検出されることから、C-M8はインド地域から海岸線に沿って、沖縄、九州などを通り日本南部から日本列島に到達したグループであることは確実であろう。またこのC-M8系統は、おそらくD-M55系統が日本列島

¹² C系統には縄文系のC-M8と歴史時代の渡来系であるC-M217が含まれる。

に到達する以前の旧石器時代に、無人の日本列島に最初に到達した人々であり、港川人など沖縄地域から出土した古代人骨も C-M8 系統に属した可能性が高い。C-M8 以降に日本列島に到達した D-M55 系統は、C-M8 系統と共に日本南部地域の旧石器時代を経て、縄文土器をはじめとする縄文文化をになったと考えられる。さらに同じ縄文系でありながら現在の D-M55 系統の隆盛と C-M8 系統の衰微を比較した場合、縄文時代において既に D-M55 系統が社会的優位に立っていたであろうことを示唆している。

C-M217 は、STR から推算したデータから考察すると、インドシナ半島や南中国ルートを通じて古代に流入したグループ¹³と中国北東部、韓半島南部を経て歴史時代以降に進入した 2 つの系統が混在する可能性がある。C-M217*(x P39, M48, M407, P53.1)は、star cluster で分岐系統が未整理の枝である。

これは北東アジアに多く検出されるハプロタイプと東南アジア、中国大陸南部に多く検出されるハプロタイプの分岐指標が確定されていないため、この問題は SNP の細分岐 (subclade) が解析されれば、解消されるであろう。一つ注目すべきことは、上の図表で C-M130 に属する事例として表示されたサンプルである。このサンプルは岡山県から検出されたものであるが、研究者を混乱させた特異なハプロタイプであった。当初 C 系統に属するものと考えたが、F2 や他のハプログループに属する可能性もあるもので、Y-SNP 測定がなされなければ正確な判定はできない。

9. 日本人の主流の枝で示す 2 つのモーダル

日本人の Y-SNP 構成と分類についての考察とは別に、今回大量の Y-STR データをまとめながら発見した 2 つの重要な Y-STR モーダルハプロタイプについて述べたい。先に述べた通り 1 つは Y-SNP が D-IMS-JST022457 に属する系統で、日本人男性サンプルでは D 系統 35%のうち約 20%がこの系統に属し、もう 1 つは O-47z に属するハプロタイプで、全日本人男性サンプルのうち約 25%がこれに属しうち約 9%が同種のモーダルタイプに該当する。この 2 つは日本列島において歴史時代に発生した固有の人物をクラスターとして繁栄した枝で、下はこの 2 つの Y-STR ハプロタイプの日本各地域の分布と Y-STR 値を示した図である。次の図で私は D-IMS-JST022457 に属するモーダルを仮に Tenno modal と命名し、O-47z に属するハプロタイプを Fujiwara modal と命名した。最もこの 2 つのモーダルは、日本の歴代天皇の陵墓や藤原家の墓所を考古学的調査によって発掘し解析したものや、その男系子孫から得られたサンプルを直接解析した結果が含まれているものではない。

しかし、私はこの 2 つのモーダルタイプの日本国内拡散は、遅くとも古墳時代以降、日本列島における軍事的活動と政治的影響力の結果、社会的身分が確立されたことに起因する人口流動と密接に関連し、現在の日本人のハプログループ構成比率に対しても多大な影響を及ぼしているといって過言ではない。したがって D-IMS-JST022457 に属する Y-STR モーダルは古墳時代以降、支配領域を日本全土に拡大し、歴史時代になってもなお君臨し続けた人々に収斂されるのであろう。そのため、私は先述のように命名したのである¹⁴。地図の下に示した Y-STR モーダルタイプの表で、黒の数値は完全に同一のものであり、黄色の字はモーダルタイプより +1、+2 もしくは -1、-2 の数値の幅があることを示している。

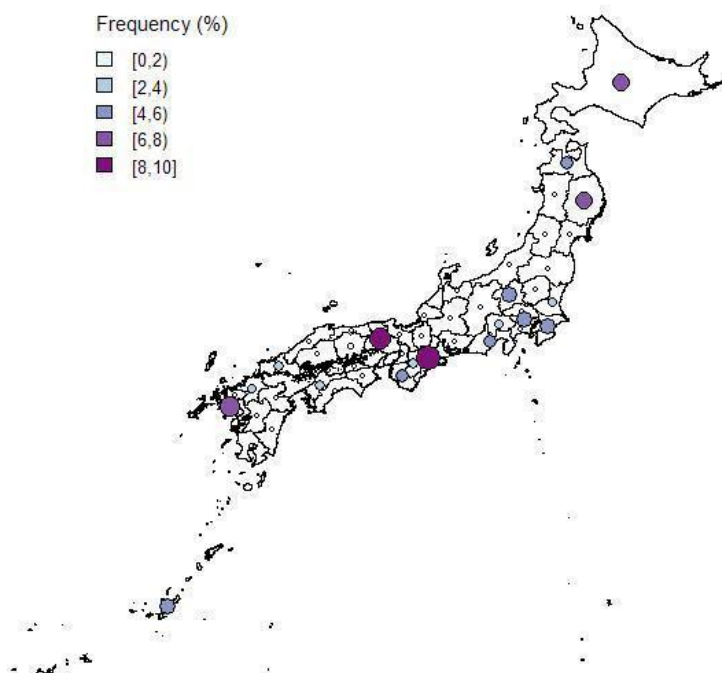
¹³ 日本人のみから検出された C-M93 と推定されるが、これを裏付ける Y-STR データがないので、現状では未分類の枝。

¹⁴ 2012 年発表の初稿で結論の誤っていた箇所、認識不足であった箇所は、適宜訂正を加えた。

D-M55 Tenno modal Distribution in Japan

Frequency (%)

- [0,2)
- [2,4)
- [4,6)
- [6,8)
- [8,10]



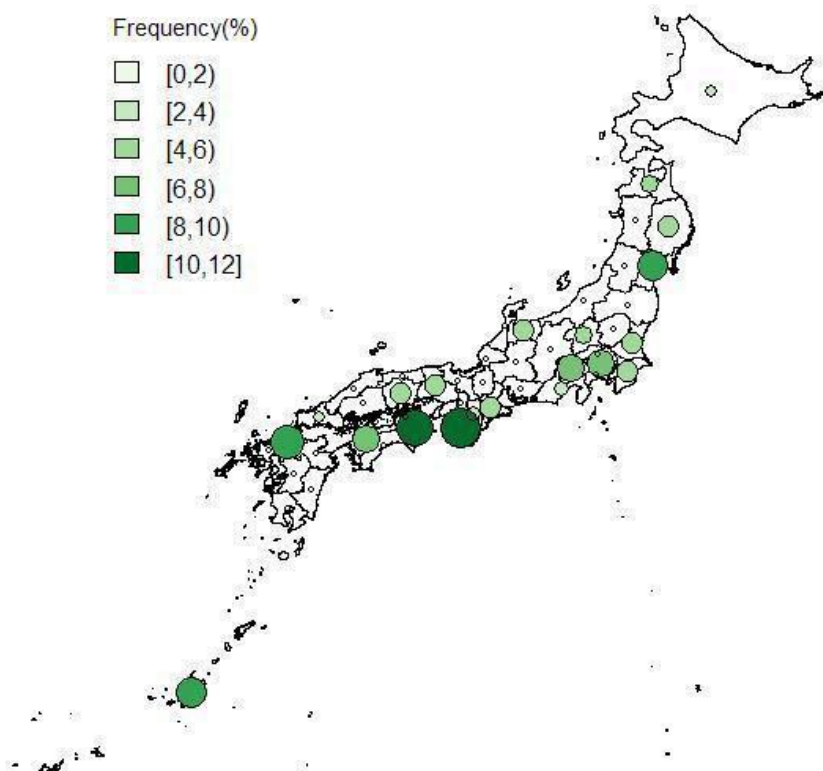
D-M55 Tenno Y-STR modal defined by chojoe

DYS19	DYS389i	DYS389ii	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS437	DYS438	DYS439	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	GATA H4	DYS385a	DYS385b
17	14	31	25	10	11	13	14	10	12	19	15	15	21	11	13	17

O-47z Fujiwara modal Distribution in Japan

Frequency(%)

- [0,2)
- [2,4)
- [4,6)
- [6,8)
- [8,10)
- [10,12]



O-47z Fujiwara Y-STR modal defined by chojoe

DYS19	DYS389i	DYS389ii	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS437	DYS438	DYS439	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	GATA H4	DYS385a	DYS385b
15	14	30	22	10	13	13	14	13	12	18	15	18	20	12	10	20

日本では第二次世界大戦以後、江上波夫らに代表される歴史学者は、戦前の皇国史観へ反動する心理が働き、天皇が中国北方の騎馬民族系渡来氏族ではないかとする自論を提起した。わが国の歴史学者もそれに同調して様々な仮説が出された。日本の分子生物学者の中では中堀豊もその一人で、これらの思想に影響を受け、江上らの説に追従する意見を提起したことがあった。しかし、中国北方の騎馬民族にみられる N 系統は、日本人男性のハプログループの中で、メジャーブランチとは程遠い頻度であり、これら渡来系を出自とする仮説は、のちに多数の学術的根拠に基づく反証により否定され、今となつてはこれを真正面から支持する学者はいない。そもそも天皇とその末裔の源、平、橘などに代表される名門氏族は、一夫多妻の社会の中で子孫らの遺伝子を拡大させることにおいて、一般人に比べて遙かに優位に立つことができた。それらが中国からの渡来系であり、また N 系統ではないのであれば、当然 O-M122 系統の中にその枝の候補が存在することになる。しかし、日本人男性のハプログループを詳細に分析しても O-IMS-JST002611 は 6.2%、O-M117 が 5.2%程度しかなく、またそれらは複数の下位ハプログループに分散した中にある。さらに Y-STR の傾向を見れば、何らかの有力な人物を発生源とするクラスターによって日本全土に拡散した枝ではなく、分岐の時期も異なる系統の集合であることが明らかであり、これらの出自を渡来系氏族に求める説は、分子生物学の立場からも支持することはできない。

一方、Tenno modal と名付けた D-IMS-JST022457 に属する Y-STR モーダルタイプは、おそらく私がここで初めて提案するのではないかと思う。Tenno modal に属する Y-STR は 1718 人分のサンプルのうち、日本全国から得られた 32 例のサンプルが 17 個の Y-STR の数値が完全に一致し、残りの 40 個のサンプルも比較的変異率が高い DYS439、DYS456、DYS458、DYS389II、DYS385b など +1、-1 程度の差がみられるだけで、基本的に同じモーダルタイプに属することが明らかとなった。これは、古墳時代以前から連綿と続き日本列島を長きにわたって統治し、源氏、平家、橘氏、紀氏、蘇我氏など多くの政治権力を有する氏族を生みだしてきた枝に相応しい。これらは根源が全て日本の天皇に由来する氏族である。

通常 17 個の数値が一致すれば、700~800 年以内にはほぼ 90%以上父系の共通の祖先がいると判断されるため、この D-IMS-JST022457 の Tenno Y-STR モーダルハプロタイプに属する人物が少なくとも約 700~800 年前には影響力を拡大し夥しい子孫を残し、日本全域に拡散したことを示唆している。この 700~800 年に存在した D-IMS-JST022457 のモーダルタイプの祖となる人物が平凡な農夫であったり、一介の下級武士であったならば、これほど多くの子孫を生み出し、日本全国にくまなくその子孫を拡散し、現在の日本男性の中にまで主力の枝を残すほどの影響力を与えることは出来ないであろう。それが可能であるのは天皇であり、また天皇から臣籍降下した子孫が源氏や平家の武士団を形成し、幕府を開くことで権力を保持し、政権の中枢を掌握して全国に波及した結果であろうことを示唆している。

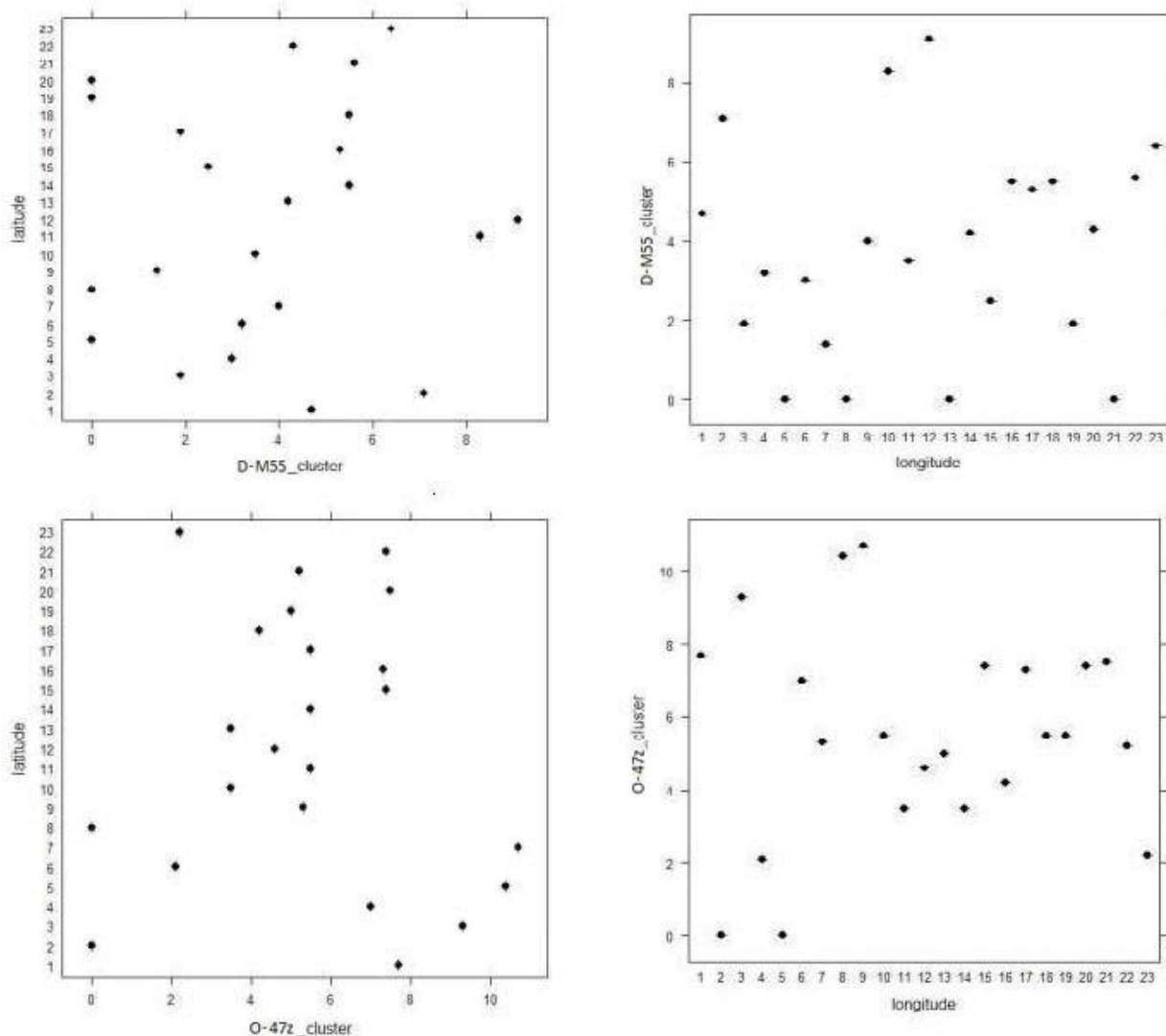
Tenno modal を Klysov が提案した方法によって共通祖の年代を計算すると、約 600 年前くらい前にいたであろう人物が導きだされる。Y-STR の変異率に基づいた紀年計算は、現時点では多方面からコンセンサスの得られた算出ではないため、今後、分子生物学の発展とともに年代が修正される可能性がある。また私が Tenno modal と定義した数値より古い年代から分岐したであろう SNP も、複数みついているため、正確にどの時代の誰であるかを特定するのは難しい。今から約 600 年前といえば室町時代頃になるが、これでは、共通祖としては接近しすぎているため、実際にはその祖先である清和源氏に属する

人々が各地方で実権を握り、政治的影響力を行使したか、また鎌倉時代に執権として政権運営を行った北條氏に代表される平氏の末裔なども総て天皇家に由来する D-IMS-JST022457 であるため、これらの中で顕著な人物とその子孫らが、一夫多妻の社会制度のもとに日本全国に拡散し、多くの子孫を残すことで、現在に至るまで繁栄する枝が築かれたのであろう。このように古代に派生した D-M55 系統が弥生系の O-47z と融和し、後に渡来した O-M122 に滅ぼされることなく、日本の主力の枝として継続して繁栄し続けたことは先進国に類例がなく、驚嘆に値する。

10. D-M55 に次ぐ繁栄の枝を残した弥生系の O-47z 系統

日本では O-M176 の下流のうち O-47z の変異を示す系統が日本全土に広く拡散しているだけでなく、Klysov が提案した方法によって、全体のハプロタイプの構成員たちの紀元年代を推定しても、およそ 74 世代、1862 年前で巨大古墳が築造され始め、日本全体の新しい政治体制が他の集団を圧倒する古墳時代以降とほぼ一致する。これは、Tenno modal と名付けた D-IMS-JST022457 に属する系統ほどではないにせよ、それに次ぐ大臣クラスの繁栄を示した枝である。藤原氏は、源平藤橘の名門氏族のうち、天皇

BW charts on the frequency of Modal type according to latitude/longitude



と父系を異にする唯一の氏族でありながら、摂関政治を行い日本の政治中枢に長期にわたって権力を保持し続けた。そのためこの STR 群を藤原氏になぞらえ、Fujiwara modal と定義し、その実像を明らかにするものである。この系統は Klysov が提案した方法によって、全体のハプロタイプの年代を推算した場合、約 1862 年前（約 74 世代）で巨大古墳が築造され始め、日本全体の新しい政治体制が他の集団を圧倒することになる古墳時代の紀元 3 世紀頃とほぼ一致する。一方で韓国で一定数検出される O-F2868(M176, X 47z)の系統は、日本では他のハプロタイプを圧倒するほどの勢いはない。

先の図は Tenno modal と Fujiwara modal が日本各地域に現れた頻度(%)を経度と緯度を基準に再配列した数値を示した BW plot(Box and Whisker plot)である。前頁上のグラフは、D-IMS-JST022457 Tenno modal が緯度の変化によって、どのような頻度を示すかを示すもので、この modal type は緯度が中間程度に位置する地域で高い頻度を示す。その右のグラフが示すように、関東地方がその拡散の中心であったと考えられる。また前頁下のグラフは O-47z Fujiwara modal についてで、概ね緯度の低い地域で高い頻度を示すことがわかる。その右のグラフが示すように、概ね西側に位置する地域で高い頻度を示すことがわかる。これは、O-47z の弥生系集団が列島に到達した後、かなりの時間をかけて全国的に拡散したことを意味する。

11.日本とチベットの共通点

日本とチベットは東アジアで共通してハプログループ D 系統と O 系統が主流の枝として共存する地域であり、両地域にはいくつもの共通点がある。

1. 日本は島嶼によって、チベットは山岳地帯の高度に位置し、東アジアの他の地域とは地理的環境によって隔離されていた。
2. 日本およびチベットのハプログループ D 系統は、隔離された環境に先に流入し、長期間にわたって他の父系のハプログループの集団と共栄して種を温存した。
3. 新石器時代後期ごろに、チベットでは O-M122 から分岐した O-M117 系統が新しい文明技術を持って流入した。また日本では O-M176 から分岐した O-47z が稲作技術を伝播し、後に O-M122 が青銅器、騎馬軍事技術などを持って流入したと考えられる。

このように日本とチベットは類似した状況下において、チベットでは D-M15 と D-P99、日本では少数の D-M15 と多数の D-M55 が後に流入した O 系統と平和裏に融合し、一つの民族として共通のアイデンティティを持つに至った。日本の場合、地域によっては、40~50%の頻度という多数派の枝を構築した。また特に D-M55 から分岐した D-IMS-JST022457 系統が歴史時代になっても繁栄を続け、Tenno modal の拡散からもわかるように、九州、沖縄に至るまで、D-M55 系統が主流 (major branch) としてその種を温存することに成功した。これは、環境の相同性によってもたらされた結果なのか、それともハプログループ D 系統にこのような環境的圧力を克服し、成功に導く遺伝的要因があったのかは分からない。しかし、D-M55 が圧倒的優位性を発揮して、O 系統を支配するようになった要因などの歴史的背景については、今後大いに研究されるべきテーマとなるであろう。

12.総論

私は本論において、日本の天皇と摂関政治に代表される二重権力の体制が日本列島の Y 染色体の拡散にいかなる影響を及ぼしたのかについて適切な答えを与えたと信じている。つまり、D-IMS-JST022457 と O-47z の分岐指標を持つ 2 つのハプログループにおける男系遺伝子の繁栄は、天皇を中心とする皇胤氏族と、それとは異なる出自を有する藤原氏の二元的権力体制が、日本人の支配者層として長期にわたって君臨することによって構築されたことを示唆している。恐らく、有史以前から日本人の価値観の中に根づいた日本神話とそれを敬慕する意識が、古代の日本社会の中で継承された結果として、このような、日本独自の均衡点に到達し、世界でも類例のない古代の父系系統が維持されたと見るべきであろう。しかし、このような日本民族の歴史の核心にせまる論旨に対し、現代韓国の分子生物学者、考古学者、歴史学者が容易に同意をしてくださるかは分からない。また日本においてはナーバスな問題を包含するため、これらを分子生物学の研究対象とすることへの反発が予想される。かくして、このような形での執筆を余儀なくされたのである。韓国の同胞、ならびに日本の盟友よ、私は時を経て知識ある方々の中で、各々が持つ自論を脇におき、政治思想や歴史学的バイアスに惑わされず、中立的立場で建設的な意見交換がなされたとき、本論における結論が有効なものであると判断していただけるのではないかと信じている。

本論文は 2012 年 4 月 29 日 chojae によって執筆され、韓日研究者の査読を経て修正されたものです。引用されるときは、右記の出典を明記してください。(http://yayul.egloos.com/2925320)