

極東古地中海ゴースト仮説

李出智

2026 年 8 月 10 日

目次

序文

基本的世界観構造と研究ルート

本文

アジア周縁地域部族総覧

東アジア集団におけるミトコンドリア多様性格差

日本・米州・南アジアの集団遺伝構造

先史東アジア母系系統拡散モデル

極東古地中海ゴースト仮説

附章

羌の原初的読音と音声学



Mediterraneism.com

序文

基本的世界観構造と研究ルート

本格的に始める前に、三つの基本的枠組みを確立しておきたい。読者の基本的前提が私のそれと衝突する場合、この仮説がもたらす価値は極めて限定的なものとなる。第一は人類移動に関する基本的枠組みである。現生人類のアフリカ外起源を主張する者は、MN 以外の L3 母系姉妹分岐がすべてアフリカに分布し、CT-M168 の兄弟分岐である B 父系もまたアフリカに分布する事実に対し、合理的な説明を提供できていない。あるいは、現生人類がアフリカ外で起源し、アフリカへ移動した後、再びユーラシア大陸へと折り返したとする証拠連鎖が提示されない限り、私個人としては、現生人類をその「直系」祖先段階まで遡れば、アフリカのどこかで起源したと考える傾向にある。

ただし私は伝統的なアフリカ脱出説にもいくつか異議を持っている。まず、「真の意味での現代的後期ホモサピエンス」形成の臨界期がアフリカにあるとは考えない。これについては後に本文で大まかに説明する。次に、現生人類がアフリカを脱出した後、世界各地に散在するその他のホモ属について、単方向的な「到来後消滅」として単純化して語ることに同意できない。つまり、現生人類がある土地に進出した後、在来の古人類が説明もなく自動的に消滅したとする論理連鎖には明らかに欠落がある。この点を説明する前に、まず種という概念の基本的定義を整理しておきたい。

種という概念は今日では明らかに厳密性を欠き、大衆に対して強い誤導性を持っている。根底にあるのは、それが生物に明確な境界線を引く能力を持たないこと、あるいは自然界の生物は截然とした境界よりも曖昧な境界を呈する傾向にあることだ。種という概念は、連続性を持つ進化過程を離散的単位で記述しようとするため、最終的にはその定義に適合しない大量の例外現象が必然的に出現する。これは近世の生物進化学において種の問題（The Species Problem）と呼ばれている。

かといって、種という概念をこれによって直ちに否定することもできない。アレキサンダー・パイロン（Alexander Pyron）の見解によれば、彼は単一基準で種を定義することには同意しないものの、同時に種は自然界に真実に存在し、進化的独立性を持つ実体であると考えている。したがって種は、人間が完全に空想上で構築した産物というわけでもない。種の間曖昧な境界が存在することは、いかなる境界も存在しないことを意味するわけではない。結局のところ、異なる生物類群がそれぞれ相対的に独立した進化の軌跡をたどっていることは、私たちが実際に観察できることだ。今必要なのは、種という概念を連続的な進化の系譜の本質として受け入れることにある。種という概念を使用しつつ、それが進化の連続スペクトルを強引に切断しているに過ぎないことを自覚すると同時に、連続するスペクトル上には何らかの隔離機構が存在し、それが特定の遺伝的空間に安定したクラスターを形成させ、最終的にこれらのクラスターを独立した進化の軌道へと向かわせていることも理解しなければならない。これこそが種という概念が存在する基礎でもある。

もう一つの解決策は、アラン・テンブルトン（Alan Templeton）が提唱したような凝集種概念（Cohesion Species Concept）である。これは種を、内在的凝集機構によって統一的全体として維持される最大の進化単位と定義する。その画定の核心は、伝統的な意味で生殖隔離を核心的基礎として種を区分するのではなく、独特の進化的凝集力が存在するか否かにある。これは、こうした集団が他の集団との遺伝子交流を完全に排斥するわけではなく、それでもなお遺伝的に相対的な一致性と連続性を保持できることを意味する。

したがって種概念の価値は、世界を誤りなく精密に記述することにあるのではなく、許容可能な情報損失の範囲内で認知的支点を提供し、後続の研究を可能にすることにある。問題は「不完全に真実」な概念を使用することではなく、それを絶対的本質と誤認することにある。現在の学界においてこの点についてより正確な立場は、異なるレベルでは異なるモデルを使用してよく、モデル間が完全に一致する必要はなく、それぞれのスケールで有効である限り合理的であると認めることだ。

伝統的生物学が異なる種を区分する主な判断基準は生殖隔離であるが、自然界において生殖隔離は通常、絶対的な境界線ではなく相対的な存在である。これも種概念が明確でないことを示す多くの証拠の一つだ。種間の交雑は大きく以下の三つの場合に分けられる。

第一の場合は完全不妊である。これは通常、完全に受精できないか、あるいは胚の致死率が高く母体がすぐに流産することを意味する。たとえ出産に至っても、通常は母体を離れた後すぐに夭折し、かろうじて生存したとしても完全に不妊であるか、あるいは交雑種が生殖年齢まで生きられない場合だ。

第二の場合は部分的可育である。これは通常、それらが部分的に生殖能力を持ち、交雑種が生殖年齢まで生きられるものの、雄性は通常不妊であることを意味する。ただし少なくとも雌性は親と戻し交雑して子孫を残すことができ、数回にわたり親と戻し交雑を重ねることで、相対的に可育な子孫が生まれるようになる。例えばホールデン（J. B. S. Haldane）が提唱したホールデンの法則（Haldane's Rule）は、種間交雑において、二つの異なる性染色体を持つ異型接合性の側に生存不能または性的不妊が生じるとするものだ。例えば雌のラバは、早くもアリストテレス（Aristotélēs）の時代から散発的な繁殖記録が観察されており、近代に至ってはその数は枚挙に遑がない。しかし雄のラバは完全に生殖不能であり、歴史上観察された例はない。哺乳類においては、雄の子孫に精子減少や精子形成異常などの生殖上の問題が生じ得る。また、潜性遺伝病の増加や免疫系の不適合も生じる。これがいわゆる交雑不適合（Hybrid incompatibility）である。

ドブジャンスキー（Theodosius Dobzhansky）は、交雑は進化における一般的現象であり、その結果は有利にも有害にもなり得ると考えた。異なる集団が長期にわたり分化した後、遺伝子はそれぞれの背景の中で相対的に協調した組み合わせを形成する。いったん交雑が生じると、この組み合わせが攪乱され、適応度の低下や生殖能力の減退などの問題を引き起こし得る。これは彼が強調した遺伝子不適合機構に属する。これ以外にも、交雑は理論上、一部の潜性有害対立遺伝子を子孫においてホモ接合の形で発現させ、それによって不良形質や遺伝病と

して表現型に現れる可能性もある。ただしこの状況は交雑に特有のものではなく、同一集団内でも同様に生じ得る。したがって、交雑がもたらす主なリスクは「遺伝病を生じさせる」ことではなく、既存の遺伝子組み合わせを打破した後に生じ得る全体的な不協和にある。

第三の場合は、第一代交雑種が完全に可育である場合だ。それらの直系子孫も通常は同様であり、二つの親種と区別なく容易に繁殖する。第二代の交雑動物自体とその子孫は、いずれも無限に繁殖可能であり、相互に交配することもできれば、二つの親種の混合によって生まれた各種交雑動物と交雑することもでき、そこから特に顕著な問題は何も見出されない。

現在、世界的に種間交雑に関する研究を最も広範かつ権威的に行っているのは、ユージン・マッカーシー（Eugene M. McCarthy）だろう。彼は当初、鳥類の交雑を研究する権威的専門家だったが、後に他の種間の交雑状況の記録を始め、信頼性に欠けるブタと類人猿の交雑理論を提唱した。彼の研究は私が基本的にすべて大まかに目を通したところ、大部分の種は確かに第一の場合、すなわち胚致死または出生後夭折に留まるものの、自然界には「種を超えて」交雑できる現象も大量に存在することは否定できないという結論に至った。

実際、大多数の種の集団間における遺伝子交流能力は、環状種（Ring Species）の様相を呈している。すなわち、異なる集団間は正常に交流でき、隣接し交流が頻繁な集団同士は順調に交雑できるため、全体として分類学上は同一種に帰属される。しかし環の両端に位置する集団が遭遇した場合、軽度の生殖隔離が生じ得る。こうした状況では種概念は失效する。これもまた、種が固定的な分類単位ではなく、連続的に漸変する進化の系譜であることの証拠の一つだ。

したがって種の画定をそれほど厳格に行うべきではない。他の古人類は現生人類に極めて大きな影響を与えてきた。研究によれば、オーストララシア先住民は世界で最も高い割合のネアンデルタール人とデニソワ人の血統を保有しており、古人類が現生人類に与えた影響が均一でないことは明らかだ。「種」と「種」の間の交雑現象は極めて頻繁であり、特にヒトについ

てはなおさらだ。最終的に私の移動に関する基本的枠組みは、伝統的なアフリカ脱出説ではなく、「アフリカ脱出・連続進化・交雑付随」説により近いものとなる。

異なる人類集団の体格的差異を説明する際、大衆から一部の伝統的学者に至るまで、よく用いられる概念は遺伝子突然変異である。彼らは、異なる環境下にある種は環境に適応するために、それに適応した遺伝子突然変異を生じると考える。典型的な例は気候変動であり、気温、紫外線、湿度の変化がこれに含まれる。しかし実際には、これらはすべて仮想の段階に留まっており、実際の証拠による支持も十分ではなければ、合理的な論理連鎖による裏付けもなく、十分な観察標本も存在しない。

局所的に優位性を呈する複雑な適応的形質の発生は、特定の環境、歴史的偶然、そして特定の遺伝子型を持つ種自身と環境との相互作用の共同産物である。こうした形質の発生は低確率事象であり、通常は複製することが極めて困難で、単純に時間を積み重ねれば解決する問題ではない。ある集団が偶然にこの形質を進化させた場合、他の集団がこの形質を効果的に獲得する経路は、自らがこの形質を進化させるのを待つことなく、当該集団と交雑することで関連遺伝子を獲得することにある。この方式は適応的遺伝子移入（adaptive introgression）と呼ばれる。

こうした交雑を通じて新種が生まれる様式は、伝統的な生物進化が語る樹状進化構造ではなく、マイケル・アーノルド（Michael L. Arnold）が提唱した種の網状進化（Reticulate Evolution）構造により近い。種の進化は交雑による遺伝子移動と移入によるものにより近いとするこの結論は、ここ数年、全ゲノム解読のコスト低下により、学術界においてようやく、大量の種間に交雑による遺伝子断片が存在することが次第に発見されるようになったものだ。初期は技術力が弱かったため結果を得られなかったが、現在では種の進化が樹状と網状の結合によるものであることを証明する証拠がますます明らかになりつつある。

これは表現型の収斂が二つの経路で実現されることを意味する。第一は、それぞれが近似した遺伝子に加え、類似した環境への対応の組み合わせにより、類似した遺伝子表現型を生じ

る、すなわち収斂進化である。第二は、単純に遺伝子交流、すなわち交雑の方式により、完全に共通の対立遺伝子を獲得することだ。この二つはいずれも表現型の類似という結果を実現し得る。そしてこの二つは相補的な効果を持つはずだ。生命は類似した制約の下でいわゆる最適解へと向かい、その過程で交雑を通じて最適解の実現を加速する。種が類似した生態的地位に入り、行動と表現型がより接近した時、この時点で交雑が生じやすくなる。

ダーウィン（Charles Darwin）自身は、大衆と比べれば少なくとも理論の欠陥を識別し、修復を試みる能力、そしてより厳密な論理能力を備えていた。彼は晩年、自然界に大量の交雑現象が観察されることを否定しなかった。そして遺伝機構を説明するため、進化論のパッチとして泛生論（Pangenesis）を持ち出した。この理論はラマルク（Jean-Baptiste Lamarck）の獲得形質遺伝を結合したものだ。後に泛生論はメンデル遺伝理論によって淘汰され、1940年代に学界は遺伝学理論を導入して進化論を現代的進化総合（Modern evolutionary synthesis）へと更新した。そして最後の更新は、2010年以降に生物発生学を進化論に融合させ、拡張的進化総合（Extended evolutionary synthesis）としたものだ。

種が長期的に変化しないとする考えも、全く根拠がないわけではない。キュヴィエ（Georges Cuvier）は大量の古生物化石を観察し、種には体格的変化が存在しないと結論づけた。スティーブン・ジェイ・グールド（Stephen Jay Gould）の断続平衡説（Punctuated Equilibrium）。ウィリアム・ローレンス卿（Sir William Lawrence）は、気候と環境は人類の体格に影響を与えることはできず、人類の体格は遺伝子によって決定され则认为した。

マッシモ・ピリチ（Massimo Pigliucci）が提唱する拡張的進化総合（Extended Evolutionary Synthesis, EES）において言及されている主要な見解によれば、種に変化が生じる主要な駆動力は遺伝子突然変異ではない。第一は対立遺伝子の調節差異である。調節においては遺伝子の配列自体には一切変化が生じないものの、その発現形質が変化する。第二は種間の遺伝子交流である。これには交雑など、遺伝子移入を通じて外来遺伝子を他の集団に安定的に融合させ、新たな形質を再構成することが含まれる。

これは遺伝子突然変異が種の変化において基礎的役割を果たしていることを否定するものではない。遺伝子突然変異は依然としてすべての遺伝的変異の最底層にある起源である。ただし、自然界において有利な突然変異が実際に生じる確率は極めて低く、複雑な形質を生み出す核心的駆動力とはなり得ない。実際に大量に観察されているのは、遺伝子自体の突然変異ではなく、遺伝子調節がもたらす種の形質変化である。

これは、特定の相貌を持つ人が相貌の全く異なる地域へ移り住み、ある程度の時間が経過した後、その子孫がある時点で徐々に当地人の相貌へと収斂し、あるいは完全に溶け込んでしまう状況に似ている。こうした状況が生じた時、まず考えるべきでないのは、何らかの環境への適応がこの変化を引き起こしたとすることだ。例えば、当地人特有の食物を長期的に摂取することで特定の栄養素を摂取したとか、あるいは当地の気候に関連する要素、例えば湿度や気温に適応するために遺伝子突然変異が生じたといった説明だ。最も生じやすい事態は、この人またはその子孫が不断に当地人と通婚し、それによって遺伝子交流が実現することだ。この遺伝子交流が生じれば、体格は自然に変化するのであり、複雑で長大な遺伝子突然変異を必要としない。

古人類の遺骸を研究する際にも、この思考法に注意すべきである。ある地域から一遺体が出土し、同じ場所から別の遺体が発掘されたものの、その遺体の年代が前者とは異なり、かつ体格的混合の状態を呈している場合、この時点で環境適応のための遺伝子突然変異という思考法は脇に置き、むしろどのような集団が後にこの集団に溶け込み、遺伝子交流を行ったのかを考えるべきだ。

長期的な遺伝子選択を通じて体格を変化させる目的を達成できることは否定しない。これはそうした急速な遺伝子交流の方式とは異なるものの、特殊性を持ち極めて緩慢である。もし一部の状況において体格の急速な変化が見られるのであれば、この様式を考慮すべきではない。そして遺伝子突然変異は往々にして有害であり、安定した遺伝子を得る最も確実な方式

は、この遺伝子を既に保有する集団と遺伝子交流を行うことであって、遺伝子突然変異に期待することではない。

したがって私は、現生人類の異なる地域における急速な体格変化について、断固とした立場を持っている。これが私の第三の基本的枠組みである。すなわち、すべての変化はほぼ交雑、言い換えれば遺伝子交流に関連しており、俗に言う混血である。「遺伝子突然変異」とはほぼ無関係だと言ってよい。特に一部の事例に関しては、これらの事例の共通特徴はある地域で急速に体格変化が生じていることであり、私の基本的枠組みにおいてこれは必ずや外来集団が到来したか、あるいは外来集団の視点から見れば新たな地域に進出し、その地域には彼らにとっての「外来集団」たる在来民が存在したということだ。いずれにせよ、当地の環境が変化して遺伝子突然変異が生じたのでは決してない。私の基本的枠組みにおいては、まず環境にどのような変化が生じたかを考えることはせず、この外来集団を何とかして見つけ出すことこそが私の最大の関心事なのだ。

また事前に説明しておくべき点として、長い連鎖を構造とする理論は、多くの段階で明確な直接証拠に欠けることが運命づけられており、より多くは間接証拠の集積によって推論を実現するものだ。ただしこうした状況は私に限ったことではなく、現在のすべての統合型理論が、公式か民間かを問わず備えている特徴である。しかし新理論の発展初期においては、多くの場合、直接証拠の重要性はかえって間接証拠ほど高くない。問題は、もし事前にすべての間接証拠を連鎖として繋ぎ合わせることができなければ、将来いかに多くの直接証拠が得られたとしても、理解できないがために無視され、あるいは軽視されてしまうことだ。

したがって事の要点は、現在なお直接証拠に欠けているとしても、新たなパラダイムの構築はなお行わなければならないということだ。なぜなら、いかなる「直接証拠」の発見も、理論を構築し終えた後のことだからである。真の順序は、直接証拠を発見した後に新理論を証明することではなく、先に新理論の構築があって初めて、以前は見えなかった直接証拠を「見

る」ことができるようになるのだ。大多数の場合、直接証拠は「思い当たる」前には見えないものであり、それが実際には極めて長い間存在していたとしてもだ。

これが、直接証拠に欠ける現在においてもなお私がこの仮説を発表する理由でもある。先に構想を立ててこそ、将来より多くの実質的証拠が発見されるのだ。さもなければ、誰もがこうした理論的前提を持たないままでは、考古学によって直接的証拠が発掘されたとしても、理解または説明できないがために、該当するデータの公表を先送りする選択がなされてしまうだろう。

最後に、この仮説に対する見解についてだが、直ちに全面的に受け入れるか全面的に否定するかは、思考力と論理力に欠けることの表れだ。歴史の経験が繰り返し証明しているように、いかなる新型の説明モデルも、時間の経過とともにその正しい部分と誤った部分が露呈する。私たちは混沌とした思考の中にある正しい思路と結論だけを拾い上げ、細部における誤りを捨て去った上で、前進し続けられればよい。真に重要なのは思路の提示であり、そして新たなパラダイム時代の生成を識別し、これを受け止める能力があるか否かだ。理論の当否に完全に焦点を当てるのは、庸衆のやり方である。

本文

アジア周縁地域部族総覧

アンダマン諸島のミトコンドリアと他の集

アンダマン諸島は、北部に偏る大アンダマン語系諸集団（Great Andamanese languages）と、南部に偏るオンガン語系諸集団（Ongan languages、南アンダマン語系とも称される）に区分される。前者は 18 世紀末より英国植民者との接触が比較的頻繁であり、当初はアカ＝カリ人（Aka-Cari）、アカ＝コラ人（Aka-Cora）、アカ＝ボ人（Aka-Bo）、アカ＝ジェル人（Aka-Jeru）、アカ＝ケデ人（Aka-Kede）、アカ＝コル人（Aka-Kol）、オカ＝ジュウォイ人（Oka-Juwoi）、アカ＝プチクワル人（Aka-Pucikwar）、アカル＝バレ人（Aka-Bale）、アカ＝ベア人（Aka-Bea）など、十余りの部族を含んでいたが、20 世紀中後期には外来の影響によりほぼ絶滅に至った。したがって、現在いわゆる大アンダマン人（Great Andamanese）は、実のところ当初の大アンダマン語系を構成した多数の部族のうち、極めて少数の生き残り人口に過ぎない。

オンガン語系には、現在既に発見されたか、あるいは未だ明確でないものとして、ジャンギル人（Jangil People）、ジャラワ人（Jarawa People）、オンゲ人（Onge People）、そしてセンチネル人（Sentinelese People）が含まれる。このうちジャンギル人は既に絶滅しているため考証不能であり、センチネル人は当面北センチネル島に上陸して研究を展開することができず、その言語的帰属は未だ確認されていない。ただし、既知の地理的分布その他の間接証拠から見て、オンガン語系諸集団に属する可能性が極めて高い。アンダマン諸島における二つの語系の類縁関係については、ジョセフ・グリーンバーグ（Joseph Greenberg）がかつて、大アンダマン語系は西パプア語系と共により大きな一語系に属すると主張した。一方、オンガン語系については、ジュリエット・ブレヴィンス（Juliette Blevins）らの言語学者により、南島語系

と類縁関係にあると考えられてきたが、この見解は現在なお論争的となっている。反対意見を持つ学者は、両者間の類似性は基層的な同源によるものではなく、接触または借用に由来する可能性があると考えている。

ただし語系の区分が明らかにここでの重点ではない。その役割はアンダマン諸島内の各部族間の内在的関係を簡潔に区分するに過ぎず、最終的にはこれを基礎としてミトコンドリアとY染色体の規則性を抽出することこそが鍵となる。ミトコンドリアの観点から見れば、現在既知のアンダマン諸島諸集団は基本的に M31 と M32 のミトコンドリアを主体としている。M31の下流に位置する M31a1 はアンダマン諸島内部にのみ分布しており、このうち大アンダマン人は M31a1a を保有する。一方、小アンダマン島（Little Andaman）に居住するオング人とアンダマン島南部のジャラワ人は、その姉妹分岐である M31a1b を互い違いに保有しており、M31a1c はジャラワ人から、M31a1d はオング人から検出されている¹⁶⁾。

ただし M31a1 の姉妹分岐である M31a2 および M31a₁ は、インドにおいては F-M89 下流の R-M124、J-M172、H-H69、O-M95 と少量の F-M89₁ を父系とするローダ人（Lodha People）²⁶⁾、その他チェンチュ人（Chenchu People）、ランバディ人（Lambadi People）らの集団²⁷⁾ に分布しており、ミャンマー、特に同国北部地域にも分布する。これ以外にも中国南西部に少量の分布が見られると同時に、スリランカ（Sri Lanka）にも分布している。M31a2 は、スリランカならびにインド東部・南東部地域に出現する唯一の M31 であると思われる²⁸⁾。M31a1 の姉妹分岐である M31a2a は、パウリ・ブイヤ人（Pauri Bhuiya）とムンダ人（Munda People）の中で発見されている。初期は標本数が少なかったため M31 ミトコンドリアの地理的分化位置は明確でなかったが、現在では M31a1 と M31a2 の分化位置がミャンマーまたはインド北東部地域であることがほぼ確定している。

M31 ミトコンドリアはインドのカルナータカ州、アーンドラ・プラデーシュ州、マハーラーシュトラ州でも発見されている。M31a の姉妹分岐である M31b'c のうち、下流の M31b はラージバンシ人（Rajbanshi People）と西ベンガル地域で検出されている。M31b1 の下流は主に

ミャンマーに分布するほか、雲南省辺境のアチャン族（阿昌族）、チンポー族（景颇族）など、雲南の O2a2b1a1-M117 を核心とするチベット・ビルマ語族⁵⁹に分布する。M31c はネパールおよびインド北東部地域に分布すると同時に、南アジアのカシ人（Khasi People）には約 5% の頻度で、ボーイ人（Bhoi People）には約 17% の頻度で出現する⁶⁰。

M32 ミトコンドリアの下流である M32a はオング人とジャラワ人に存在し、その姉妹分岐である M32b は分布を互い違いにして大アンダマン人に存在する⁷⁰。そしてアンダマン諸島以外にもマレー半島南部に散発的な分布が見られる。M32a の姉妹分岐である M32c は基本的にマダガスカル以南島系諸集団に分布する。現在ではフィリピン諸島に起源を持つことが明らかになっており、当初は南島系諸集団の拡散に伴いインドネシア西部に短期間停留した後、直接マダガスカルへと移住した。この集団は B4a1a1a1a1 ミトコンドリアとその姉妹分岐 B4a1a1a1a2、ならびにフィリピンの F3b1b * および関連分岐 F3b1b2、F3b1b3、F3b1b4 によって構成されると同時に、インドネシア西部とマレー半島南部のミトコンドリアの一部をも巻き込んでマダガスカルへと移住した。

アンダマン諸島で一般的な M31 と M32 のミトコンドリア以外にも、大アンダマン人は低頻度ながら M3 と R22 を含んでいる。R22 はアンダマン諸島の南方、ニコバル諸島に住むニコバル人（Nicobarese）にも見られる。ニコバル人はさらに高頻度の B5a、F1a ミトコンドリア、中頻度の M74b、そして低頻度の M5c1 と M6a7 を保有している。ニコバル人の東方、タイ西海岸に住むチャオ・レイ人（Chao Lay People）も同様に一定の割合で F1a1a1 ミトコンドリアを保有するが、D4e1a、E1a1a1a、M21b2、M46a、M50a1、M71c などの少数派 M ミトコンドリアも含んでいる⁸⁰。ニコバル人とアンダマン人の間には明らかな区別が存在する。常染色体分析によれば、オング人とジャラワ人は互いにクラスターを形成し、大アンダマン人とは一定の距離があるものの、この三者はいずれもニコバル人から明らかに遠く離れている⁹⁰。ニコバル人とクラスターを形成するのは、ラオス出身のモンクメール語系集団に属するティン・マル人（Htin Mal People）である。

大アンダマン人から検出された R1a1-M459 父系が後に現代的混血の結果であることが証
実されたのを除外すれば、その原生的父系は F-M89 下流の細分である P-M45、K-M9、L-
M20、O-M122、O-M95 である¹⁰⁾。ただし残念ながら、これらの支系についてさらなる年代測
定は行われていない。大アンダマン人における K1 すなわち L-M20 と、K2 すなわち P-M45 お
よび O-M175 の共祖年代を採用すれば、それらの内部共祖は 4 万年に近づくことになるが、こ
れはアンダマン人の島嶼到達年代を判断する上で実質的な助けとはならない。

ただし幸いなことに、オンガン語系諸集団のうちオンゲ人とジャラワ人は同時に D-M174
下流の細分岐 D1a2b-Y34736 を保有しており、その内部共祖年代は約 3400 年である¹¹⁾。この年
代は M31a1 ミトコンドリアの約 3200 年という内部共祖年代に近く、アンダマン諸島の貝塚そ
の他の遺跡における現在のところ 3000 年に満たない最古の考古学的記録よりもやや早い¹²⁾。
さらに、アンダマン諸島のイノシシはミャンマーのイノシシと同一のミトコンドリア分岐に属
することが証明されており、約 3000 年前に人類の移動に伴って島嶼に持ち込まれた。この年
代もまた前述のデータと近似している¹³⁾。

初期の研究者はアンダマン諸島と南アジアにおける M31 と M32 ミトコンドリアの間の移
動関係を判断することが困難だったが、現在では南アジアの M31b と M31a2 がアンダマン諸
集団から南アジアへと回帰移動したのではなく、南アジアから外へと拡散した結果であること
がほぼ確定している。したがって、アンダマン諸島の人々全体を、南部のニコバル諸島の人々
を含めて、孤立した初期人類の残存集団と単純化して定義することは明らかにできない¹⁴⁾。

父系の共祖年代から見れば、ニコバル人の核心的父系である O1b1a1a-M95 の内部共祖年
代も 4000 年程度である¹⁵⁾。したがってこれらの集団は、複数のミトコンドリア姉妹分岐が南
アジアとインドシナ半島に頻繁に出現するだけでなく、その父系の内部共祖年代もおおむね
3000～4000 年前に集中している。大アンダマン人については未だ測定が行われていないが、
オンガン語系諸集団やニコバル人と大きな隔たりがあるとは考えられない。

考古学の観点から見れば、アンダマン諸島で現在知られている最古の多数の貝塚遺跡の放射性炭素年代は、今から約 2000 年前に過ぎない。アンダマン人が保有する約 2~4% のネアンデルタール人成分は他のアフリカ脱出集団と同様であり、デニソワ人成分についても東アジア集団と比較して明らかな差異はない。これはパプア・オーストラリア系集団とは対照的である¹⁶⁾。

アンダマン人の集団的帰属の問題については、現代では通常ネグリート人種に区分される。ただし初期の人類学において、「ネグリート」は元々フィリピン地域の低身長先住民を指す語であり、後にこの概念がマレー半島の先住民とアンダマン諸島の先住民へと拡大された。その後 20 世紀には、研究者がフィリピン諸島、マレー半島、アンダマン諸島の関連集団が体格的に互いに独立していることを既に発見していた。特にアンダマン諸島の先住民は、典型的なネグリート集団と体格に差異があり、言語的にもフィリピンとマレー半島のネグリート人から独立しており、後二者と同一語系に属することもない。

異なる地域から来たネグリート様表現型を持つ集団の体格的差異の観点から見れば、アンダマン人は全体として上腕骨が短く、マレー半島のセマン人（Semang People）は大腿骨が短く、フィリピンのアエタ人（Aeta People）は橈骨が短い。19~20 世紀の西洋人類学界では、これらの集団の特殊な体格的特徴は明らかにそれぞれ独立して形成されたものであると広く考えられていた¹⁷⁾。一方、中国南西部からインドシナ半島一帯にかけてのホアビン文化（和平文化）の集団は、体格的にはオーストラリア・メラネシア系集団により近く、アンダマン諸島の集団とは一定の差異が存在する¹⁸⁾。

石器技術の差異の観点からアンダマン諸島とホアビン文化を見れば、アルフレッド・ラドクリフ＝ブラウン（Alfred Radcliffe-Brown）の記録によると、アンダマン人は大量の小型石刃、複合工具、極小石鏃を保有し、原木の伐採、樹幹の割り抜き、カヌーの製作という一連の技術を習得していた。これはインドシナ半島のホアビン文化が使用した旧石器時代のスマトラ

石器（Sumatralith）とは明らかに異なっており、アンダマンの石器工業がホアビン文化体系に属さないことを傍証的に示してもいる。

アンダマン諸島内部の身長差の観点から見ても、それは一律不変ではない。ジャラワ人の男性は、平均 1.48 メートルのオング人男性より約 6 センチ高く、平均 1.51 メートルの大アンダマン人より 3.5 センチ程度高い¹⁹⁾。インド南部において、低身長、暗い肌色、縮れ毛により、初期には一種のネグリート人とも考えられた、H1-M52、F-M89₋、C-M130₋を父系の核心とするカダール人（Kadar People）の男性²⁰⁾の平均身長は 1.56 メートルである。カダール人の木製の櫛に刻まれた彫刻紋様に関する研究から、彼らはマレー半島のネグリートおよびフィリピン諸島のネグリートと非常に古い文化的連関を持つ可能性が示されている。エゴン・フォン・アイクシュテット（Egon von Eickstedt）の言説によれば、カダール人は体格的にアンダマン人よりもいわゆる「大陸原型」ネグリート人に属する可能性が高い²¹⁾。インドにおいて同様の表現型を持つ集団としては、高頻度の O-M95 と H-M69 によって構成されるビルホール人（Birhor people）がある²²⁾。

実のところ、古典的なフィリピン諸島、マレー半島、アンダマン諸島、そして後に拡張されたインドに留まらない。インドネシア諸島とニューギニア地域でも 19～20 世紀に多くのネグリート様表現型を持つ部族が発見されている。例えばマダン（Madang）西部の山岳地帯において K2b-P331 を父系の核心とする「矮化パプア」のアイオメ人（Aiome people）は、男性の身長が約 1.48 メートル、女性が約 1.37 メートルであり、顔面は口幅が広く上唇が突出するなどオーストラリア人種的特徴を呈し、肌色は浅い茶色または濃い茶色であるが、ニューギニア高地の新石器技術を保有している²³⁾。彼らの体内のヘモグロビン値は普遍的に低く、これは原始部族に共通の特徴であると思われる²⁴⁾。アンダマン人の平均身長 148.4 センチ、アエタ人の平均身長 147 センチに匹敵する。

その他の西ニューギニアの部族としては、M-M4 を父系の核心とするウナ人（Una People）とケテンバン人（Ketengban People）があり²⁵⁾、彼らの身長は基本的にいずれも 1.5

メートル程度である²⁶⁾。その他、バレム溪谷付近のヤリ人 (Yali People)、コシペ人 (Kosipe People)、ランパササ人 (Rampasasa People)、もちろん東部高地オカパ地区のフォレ人 (Fore People) を含め、いずれの集団にも低身長 of ネグリート様の人々が存在する。同時に彼らには顎の欠如という特徴が備わっていることも発見されており、これはオーストラロ・パプア人 (Australo-Bapuan population) の独特な特徴でもあり、同時にフローレス人においても発見されている。ただし M-M4 の近接姉妹分岐である S-B254 を主体とするフリ人 (Huli People)、ギミ人 (Gimi People)、ゴロカ人 (Goroka People) は、いずれも高身長で頑強なパプア人を主体としている。

フィリピンとマレー半島のネグリート

フィリピン諸島のネグリート諸集団は通常、北部と南部に区分される。北部には主にルソン島のアエタ人 (Aeta People) と、さまざまな地理的位置に分布するその他のアエタ系諸集団 (Ayta、Agta、Arta、Atta、Dumagat などを含む) が含まれる。ルソン島西部に居住するものはアエタ人と呼ばれ、ルソン島東部に居住するものはアグタ人 (Agta People) と呼ばれる。呼称は異なるものの、両者は実際に同源であり、単に地理的に分離して居住しているに過ぎない。これは父系のデータからも証明でき、アエタ人とアグタ人はいずれも K-M9*、O-M175、C-M216、P-M45 を核心的父系としている²⁷⁾。フィリピン諸島南部は主にルソン島以南の地域を指し、パラワン島 (Palawan Island) のバタク人 (Batak People)、セブ地域とパナイ島のアティ人 (Ati People)、そしてミンダナオ島のママンワ人 (Mamanwa People) が含まれる。

このうちアエタ人の一支系であるアイタ・マグブコン人 (Ayta Magbukon) は、以前の研究において、現在知られる限り世界で最も高いデニソワ人成分を保有することが意外にも発見された²⁸⁾。これはメラネシアのパプア人やオーストラリア先住民よりも 30~40% 高い。研究ではさらに、フィリピンのネグリート諸集団はいずれも約 2200 年前に南島系諸集団との遺伝子交流を開始し、そこから東アジア的成分を獲得したことが判明している。この交流に伴い、

デニソワ人成分の一部が希釈された。アイタ・マグブコン人は、歴史において南島系諸集団との接触を逸したに過ぎず、東アジア的遺伝子成分の混入が少なかったために高いデニソワ人成分を保持したに過ぎない可能性がある。そしてフィリピン・ネグリートのデニソワ人成分とパプア人のデニソワ人断片は相通じるものではなく、これは両者の祖先が異なるデニソワ人分岐から混入したのであって、同一分岐に属するのではないことを示している。

アエタ人とは異なる父系構造を呈するネグリート諸集団は、パラワン島のバタク人、ママンワ人、そして南部に偏って分布するアティ人である。父系はいずれも O-M175 を核心としており、このうちバタク人は O1a2-M110、O1a1-P203、O2a2-P201 を核心とし、少量の O1a-M119、O-M122、K-M9 * を加えて構成され²⁹⁾、ミトコンドリアは M21a を主体とし、少量の R21、B5a、B5b が混合している。

ママンワ人は O-M122 と O-M119 を核心的父系とし、少量の K-M9、C-M130、NO-M214、O-M95 を加えている³⁰⁾。最後にアティ人は O-M110、K-M9、C-RPS4Y を核心的父系とし、少量の O-M122、O-M7、O-M134 を加えて構成される。ミトコンドリアは南島系特色のある約 60% の R9c ならびに F1a3、F3b2、M7c1c、Y2a1 分岐が支配的であり、少量の M19、M21c、M24、そして東アジア主流の D ミトコンドリアの姉妹分岐である M80 を含む。M21c の下流分岐である M21c1a はルソン島に分布する³¹⁾。

フィリピン諸島のネグリート、例えばアエタ人、アグタ人、ママンワ人の R ミトコンドリアは、南島系諸集団がもたらした分岐（B4a1a、B4b1a、M7c3c、E1a1a、E1b1、Y2a1、R9/F を含む）以外に、メラネシア特色のある P9 と P10 を有しており、最後に低頻度ながらインドシナ半島の少数派ミトコンドリア M7b3 を含む。アエタ人とアグタ人はさらに比較的高頻度の M52 と M58 ミトコンドリアを有しており、研究によればこれらはインドに由来するようだ。一方ママンワ人は高頻度で独特な N11、M7b3a、M7c3、M74b1 を保有する³²⁾。

マレー半島の先住民族には、ネグリート様表現型を持つセマン人（Semang People）とセノイ人（Senoi people）があるほか、新石器時代に華南地域から南下して融合し、明確なネグ

リート表現型を持たない「原始マレー人」(Proto-Malay)も存在する。セマン人のうちマニク人(Maniq People)の父系はほぼ K2b1-P397 を主体としており、共祖年代は約 4.1 万年である。ミトコンドリアは 2.3 万年の M17a、1.8 万年の M21a、9 千年の R21 を主体としており³³⁾、高い割合で 2 型糖尿病の潜在的リスクを抱えている。研究によれば、これは彼らが農業を開始した時期が遅かったことに関連するという³⁴⁾。

セマン人のうちジャハイ人(Jahai People)はマニク人と構造が比較的類似しているが、ジャハイ人における R2a-L266 と R1a1a1b2a-Z94 は晩近の混入であるはずで、検出された K2b-P331 * は原生的な住民のものである。そしてミトコンドリアには高頻度の R21 と N9a6、M21a があり、一部に低頻度の M21b もある。もう一つのセマン人支系であるメンドリク人(Mendriq People)からは K2b1-P397 のみが検出されており、このうち共祖年代約 8000 年の R21 と共祖 8000 年の F1a1a は、共祖 2.3 万年の M21a と共祖 1.9 万年の M17a よりもはるかに小さい³⁵⁾。

マレー半島のネグリート人、例えばセマン人、セノイ人のその他の共通特徴は、Gua Cha 遺跡の標本番号 MA911 と同一のミトコンドリア M21a およびその姉妹分岐 M21b を高頻度で保有することであり、同時に一部の新石器時代ミトコンドリア F1a1 と B5b1 も含む。セマン人とセノイ人はさらに異常に高い割合の少数派 R ミトコンドリア分岐 R21 を保有する³⁶⁾。マレー半島のセマン人とセノイ人の父系型は基本的に O-M175 と K-M9 の両者の混合を主体としている。明白な常識として、セマン人やセノイ人、あるいはフィリピン諸島のアエタ人などはいずれも一つの集団を指す称であり、集団の下には異なる支系や部族が存在する。これはアンダマン諸島における大アンダマン人と同様に、大アンダマン人という一つの部族を指すのではなく、大アンダマン人は多数の部族の総称に過ぎない。したがってセマン人とセノイ人には明らかにまだ統計されていない多数の部族が存在するが、いずれも同一集団に属する以上、ミトコンドリアと Y 染色体の構成に大きな差はないはずだ。

現在の古 DNA の結果と現代集団の比較から見れば、彼らは現在知られる限りホアビン文化祖源成分（Hoabinhian ancestry）を最も豊富に保持する現代集団の一つでもある。特にマニク人とジャハイ人は多くの研究において LA368 との遺伝的距離が非常に近いことが示されており³⁷⁾、さらに一部の研究は現代マレー半島のセマン人が Gua Cha 遺跡と強い連続性を持つことを指摘している³⁸⁾。これは地理的分布とミトコンドリアからも看取できる。現在僅かに検出されたホアビン文化の年代がやや遅い二例の標本 LA368 と MA911 を代表とすれば、現代東南アジアで最も多く保持する集団の一つはマレー半島のジャハイ人、バテク人（Bateq people）、メンドリク人であり、彼らのミトコンドリアは M21a が絶対的に支配的で、次いで B5b、M21b、R21 が補助的に存在する。

ただし現在のホアビン文化の古標本は年代が普遍的に遅く、検出済みの数も極めて不足していることを考慮すれば、結論を早急に下すことはできない。年代の観点から見れば、ホアビン文化の最盛期は約 0.8 万年前から 1.5 万年前であり、今から 7000 年前のラオス Pha Faen 遺跡の LA368 は正にホアビン文化が盛期から衰退へと転じる前夕に位置する。さらに遅く今から 3900 年前にマレーシア Gua Cha 遺跡から出土した MA911 は、基本的にホアビン文化末期とインドシナ半島新石器技術の交接時代に位置する。

インドシナ半島全体の観点から言えば、ホアビン文化は今から 6000 年前より正式に衰退段階に入った。古 DNA の観点からは、O1b1-F2320 ならびに F1a1、B5a1 のベトナムにおける頻度の大幅な上昇が、正にオーストロアジア語族の興隆に対応している。実際に約 6000 年前より O1b1-F2320 父系がインドシナ半島で検出され始め、その後今から 3000～4000 年前にインドシナ半島は漸次新石器時代へと転換していった。

Gua Cha 遺跡のホアビン文化層は約 8000～9000 年前に始まり、約 3000 年前頃に正式に新石器時代が開始された³⁹⁾。MA911 が生きた年代には、マレー半島の多くの地域で既に陶器、磨製石器、新石器的習俗の墓墳が出現し始めており、明らかに MA911 標本はホアビン文化の研究にとっては依然として晩近すぎる。体格の観点から見れば、デイヴィッド・ブルベック

(David Bulbeck) は Gua Cha 遺跡から出土した数十体の遺骸を研究し、Gua Cha 遺跡の標本は体格的にホアビン文化典型的なオーストラロ・メラネシア人種 (Australo-Melanesian) の特徴に近くなく、当然ながら当地の東南アジア人とも一定の距離があり、複雑な組み合わせの特徴を呈していると結論づけた⁴⁰⁾。これは実のところ、晩近の混血集団の特徴に他ならない。

数量の観点から見れば、中国南部からスマトラ島に至る範囲に普遍的に存在するホアビン文化 (Hoabinhian) は、現在合計で数百箇所に近い遺跡が発見されており、ベトナム国内だけでも 150 箇所に達する⁴¹⁾。年代がやや早いものとしては、1.8 万年前の福迪洞 (Fodongdi)、2 万年前の徳丹洞 (Dedan)、2.3 万年前の典姆洞 (Diem cave)⁴²⁾、2.4 万年前の特朗洞 (Hang Trong)、2.5 万年前の昆蒙洞 (Con Moong)、3 万年前の桑昆洞 (Tham Khuong) があり、最古のものは今から 2.4~4.3 万年前に遡る最古のホアビン文化である小洞遺跡 (xiaodong) である⁴³⁾。ただしこれらの年代の比較的早い遺跡からは現在まだ古 DNA データが得られていない。同様に、ベトナム北部ニンビン省の今から 1.2 万年前のホアビン文化晩期にあたる Thung Binh 1 洞遺跡から出土した M59 ミトコンドリアを持つ TBH1 から同時に父系データは公表されておらず⁴⁴⁾、2025 年に最新発見された今から約 3 万年前のタイ国大隠洞 (Tham Din Cave) の Pangpond 小児標本についても、これらは同様に一切の遺伝子データが存在しない。

その他、マンバ遺跡 (Manbac) のように体质学的計測において典型的なホアビン文化遺骸に非常に偏る遺跡もあるが、これらの明確な遺骸が判明しており遺伝子検出の条件を備えた重要遺跡からも依然としてデータが得られていない。したがって現在僅かに公表されている今から 7000 年前の LA368 (C1b-F1370 父系、M5 ミトコンドリア。M5 ミトコンドリアは主にインドに分布するものの、ネパールとビルマ北部にも一定の分布がある)、および今から 3900 年前の MA911 (D1b*-TY92016 父系、M21b1a ミトコンドリア) のみでは、歴史上のホアビン文化全体に対する研究を支えるには困難がある。このうち M21b1a ミトコンドリアは現在でも東南アジア (インドシナ半島およびマレー半島の先住民族を含む) の一般的なミトコンドリアである。

これ以外にも、一部の研究はムラブリ人（Mlabri People）もセマン人と同様にホアビン文化の直系子孫であると推測している⁴⁵⁾。ただしムラブリ人には、新石器時代に華南地域から南下した、共祖約 1000 年の B5a1b1 ミトコンドリアを主体とし O1b1a1a1b-M1283、O1b1a1a1a1-F2924 父系を核心とする新石器的住民の成分がより多く混入しており⁴⁶⁾、タイ北東部で同様にこの影響を受けたサーク人（Seak People）、ソア人（Soa People）、ブルー人（Bru People）と遺伝的関係が最も近い。これらの集団は同様に、O-M175 を核心とし少量の C1b1a2-B65、C1b1a2b-F725、C1b2a-M38、F2-M427、S-B254、P-M45（18%）を加えた現代マレー人⁴⁷⁾とも関係がより近い。

ムラブリ人を代表とする原始マレー人はマレー半島のネグリート人とは異なり、より多くが二種の血統の混合によって形成されている。例えばジャクン人（Jakun People）の底層はセマン人やセノイ人に類似するホアビン文化様のマレー半島狩猟採集先住民成分であり、上層は新石器時代華南稲作集団の大規模な移入によってもたらされた東アジア血統である⁴⁸⁾。すなわち両者の混血である。ミトコンドリアの観点から見た効果としては、ジャクン人は 50% の F1a1a と 50% の M* の混合によって構成される。一方現代マレー人はマレー先住民と華南新石器移民と晩近のインド商業移民の混血としてモデル化でき、前二者の寄与が最大であり、かつ明確なミトコンドリア差異が存在する⁴⁹⁾。これはまた、セマン人の支系であるマニク人が約 35% の東アジア関連祖先成分と 65% のホアビン文化様成分の混合によって形成されていることも説明できる。前者は後の農業関連集団によってもたらされたものだ。

原始マレー人、例えばセメライ人（Semelai People）、テムアン人（Temuan）のミトコンドリア的特徴は主に、晩近にオーストロアジア語族がもたらした B5a と F1a1、インドシナ半島からより早く移住してきた R21 と N9a6、M21 ミトコンドリアに関連する姉妹分岐 M21b、M21a、M21c、そして南島語族の M7c1 を高頻度で保有することにある。

その他の原始マレー人、例えばカナク人（Kanaq People）、セレタール人（Seletar People）については、現在ミトコンドリア関連データは見つかっていないものの、おそらく同

様であろう。その後の現代マレー人はこの基礎に加えて一部の B4c、C、D、E、F3、H、M7b、M12、P、Q、R9、Y2 を増加させており、ここでの Y2 は南島語族特有の Y2a1 を指すはずである。

このうち R21 と R22 はいずれも東南アジアの少数派 R ミトコンドリア分岐に属し、当地での存在感は M ミトコンドリアや後から到着した B と R9/F に及ばないものの、内部年代は M ミトコンドリア分岐よりも明らかに小さい。これは一部のミトコンドリアが後から到着したため、早く到着した M ミトコンドリアが地理的先発優位を占めた上に、後のオーストロアジア語族や南島語族における B と R9/F のような完全な農業優位も持たなかったことに起因する可能性がある。

東南アジア（マレー半島、ボルネオ、フィリピン諸島、インドネシア諸島全体を含む）の原始マレー人の相貌については、実のところ 18～20 世紀の多数の西洋探検家と人類学者が、インドネシア諸島（マレー半島、ボルネオ、フィリピン諸島、スマトラ島、ジャワ島、小スンダ諸島を含む）の多数の辺縁部族を記録しており、古い文字と画像の書籍資料は実際には人々が想像するよりも豊富である。共通の記述はおおむね、前額は低く丸い、鼻は非常に幅広く扁平で展開した状態を呈する、頬は豊満だが頬骨は明確でない、目は円形を呈する、顎の発達は明確でなくすなわち丸鈍な状態を呈する、唇は大小さまざまで時には外反する、体毛は少なく通常は希薄で乱雑である、というものだ。

ニューギニアとオーストラリアの遺伝的構成

歴史的に東南アジアのインドネシア諸島と若干の遺伝子交流を行ってきたのは、それらよりも南東に偏るオセアニア諸集団、すなわちメラネシアとオーストラリアの旧サフル大陸一帯の人々である。ただし父系の観点からは、CF-P143 に共通して集中する点を除けば、原始マレー人とは若干の区別がある。例えばオーストラリア先住民は多くの地域で CF-P143 下流の C1b2b-M347、K2-M526、S-B254 父系を高頻度とし、これに低頻度の C-M130、M-Z30840 父系

が加わる⁵⁰⁾。また、近 3500 年にわたりニューギニア低地の沿海地域に不断に融入してきた南島系ラピタ人の分岐 O-M119 と O-M122 を除外すれば、ニューギニア・パプア人の父系型は F-M89 下流の K-M9、K2b1-P397 下流の S-B254 と M-Z30840 父系、そして一部の C-M38 に高度に集中している⁵¹⁾。

K2b1-P397 はほぼインドネシア東部、オセアニア、オーストラリア先住民、フィリピンのアエタ人にのみ局限されており、このうち K2b1a1-P308 はオーストラリアにのみ分布する。K2a-M214 (NO) と K2b-P331 (PQR) が同時期に分化した K2c-P261、K2d-P402、K2e-M147 は、極めて低頻度ながらインドネシア諸島に広く分布する⁵²⁾。したがって CF-P143 の多様性はオセアニアよりも東南アジアの方がやや高いようであり、オセアニアはその延伸に過ぎない可能性がある。C-M38 * の STR 多様性もメラネシアではなくインドネシア東部で最高頻度に達しており、その下流の C-M208 はメラネシアと太平洋諸島に局限される⁵³⁾。またインドネシア東部の M-P34 と S-M254 の多様性はニューギニアを上回っている。

ミトコンドリアの観点から見れば、B4a1a と E1a は北サフル先住民族のミトコンドリアではない。サフル地域は主に QP ミトコンドリアを主体とし、低頻度の M27、M28、M29 が分布し、さらに北サフル由来の極低頻度の R14 と M73 も存在する。C1b2-Z31885 父系を主体とするオーストラリア先住民は主に N13、N14、O、S1、S2 といった N ミトコンドリアを主体とするのに対し、K2b-P331 と M-Z30840、S-B254 父系を主体とするパプア人は主に M ミトコンドリア下流の M15、M27、M28、M29'Q ミトコンドリアを主体としており⁵⁴⁾、さらに R ミトコンドリア下流の極低頻度 R12 と P ミトコンドリアがいずれもオーストラリア先住民とパプア人の双方に一定の割合で分布する⁵⁵⁾。このうち P3a と P4b はオーストラリアに分布し、P3b と P4a はニューギニアに分布することから、サフル・オーストラリア間で先史時代に持続的な遺伝子交流があったことが示唆される⁵⁶⁾。

実のところこの二地間に限らない。M42 の下流である M42a、M42c はオーストラリアにのみ局限されるが、M42b は南インドの部族集団に分布しており、研究によればその分化年代

は 5.5 万年以上である。M42 の姉妹分岐である M42'74 のうち M74 は、3.5 万年前の C-M130 * 父系・M74 ミトコンドリアを持つブルガリアの GoyetQ376-3 標本にも出現している。

残念ながらメラネシアとオーストラリア先住民に関する古 DNA は非常に少なく、後者の一部の鍵となる標本は現代オーストラリア先住民によって再埋葬されてもいる。現在知られるインドネシア最古で公表済みの古 DNA は、今から 7200 年前に南スラウェシ島の蝙蝠洞（Leang Panninge）から出土した、トアレアン文化（Toalean）に属する 17～18 歳程度のベッセ少女（Bessé'）の一例のみであり、そのミトコンドリアは M * である⁵⁷⁾。

南西地域と古華南地域の集団遺骸

現在中国から出土した遺跡のうち、「オーストラロ・メラネシア人種」と頭蓋骨に類似特徴を持つものには、古福建の奇和洞 3 号と曇石山、および広西の頂獅山文化などの集団のほか、比較的知名な O1a1b-CTS5726 父系・E1 ミトコンドリアを持つ亮島 1 号がある。この個体は頭蓋顔面と歯の形態においてパプア・オーストラリア型、すなわちオーストラロ・メラネシア人種に属し⁵⁸⁾、身長が低いこと、初期華南先住民族にのみ見られる側身屈肢葬、肌色が濃く頬骨が外方に張り出していること、顔面が扁平であることを伴っている。これに対応するのは、古福建のもう一つの奇和洞男性標本と、寧波大樹遺跡の M7b1a1 を持つ集団であり、いずれも低身長で頑丈、粗野、頬骨が外方に張り出すなどの特徴を備えている。

彼より 600 年遅い、研究によれば R9 の細分岐 R9c1 * を持つ亮島 2 号の女性⁵⁹⁾ は、体质人類学的に見れば明らかにオーストラロ・メラネシア人種の特徴から遠く、頭骨はより現代東アジア人に偏り、身長は 1.7 メートル近い。亮島人はその後、明らかに体质、石器技術、文化風俗などあらゆる面で直接的な急変を経験しており、中間にはいかなる過渡期も存在しなかったようだ。同時に父系には変化が生じなかったもののミトコンドリアには変換が生じ、変換前は M ミトコンドリアであったのが変換後は R9 ミトコンドリアとなった。この両者は明らかに異なる起源を持つ。

年代がより遅い亮島 2 号は亮島 1 号よりも多くの現代東アジア北方成分を持ち⁶⁰⁾、ホアビン文化との親和性も仰韶文化、山東古人、現代北方漢族に及ばない。これは亮島 2 号に混入した基礎的東アジア成分が東アジア北部集団よりも少ないことを示しており、亮島 1 号と奇和洞 3 号は明らかにそうではない。現在では基本的に、R9 ミトコンドリアは M、E ミトコンドリアよりも遅れて東アジアで拡散し、R9 ミトコンドリアもまたより遅く新石器時代の開始に至って亮島 1 号父系集団に融入したはずだと確定できる。亮島人より年代の早い奇和洞遺跡は亮島の南西方に位置し、同様に E ミトコンドリアから R9 ミトコンドリアへの変遷と同時に体质及び文化の急変を経験している。

したがって亮島古人は実のところ、先史時代に北方東アジア成分が南下して華南沿海先住民族と混合し、台湾、フィリピン諸島へと拡散する際の中間的かつ鍵となる祖先である。後の台湾先住民族、例えばアミ族とタイヤル族もまた東アジア北部に関連する祖先、すなわち甘青・黄河上流域新石器集団成分を示しており、これはフィリピン・ルソン島のイゴロット人 (Igorot people) の混合が少ないことと対照的である。フィリピンに限らない。台湾の小馬洞から出土した女性は身長が 1.4 メートル程度で、頭骨はフィリピン諸島内のネグリート諸集団に類似しており、少なくとも台湾が数千年前にはフィリピンと同様に一定規模のネグリート様集団が生活していたはずだことを証明できる⁶¹⁾。

亮島 1 号と亮島 2 号にはもう一つ鍵となる違いがある。後者は東アジア主流の浅肌色遺伝子 OCA2 rs1800414 を保有しているが、8000 年前の亮島 1 号はこれを保有しておらず、7000 年前の亮島 2 号になって初めてこの遺伝子が発見された。そしてこの遺伝子の発生は約 1 万年前に遡るため、初期の見解である OCA2 rs1800414 が南島系諸集団に誕生して南から北へと伝播したとする説は明らかに不正確である。亮島 2 号よりも古い亮島 1 号がこれを保有していないからだ。

ヨーロッパでは OCA2 遺伝子が虹彩の色に用いられるのに対し、東アジアでは OCA2 遺伝子が浅肌色に用いられる。R9 が拡散する前、元々の E ミトコンドリアは東アジア型 OCA2

浅肌色遺伝子を保有しておらず、初期南西地域の M9、M71、M61 ミトコンドリアも一切これを保有していなかった。その後 R9/F と B ミトコンドリアが拡散して主体的ミトコンドリアとなるにつれ、いずれもこれを保有するようになった。ただしそれでもなお、F1a1 と B5a1 ミトコンドリアが導入されたオーストロアジア語系諸集団、例えばワ族は依然として濃い肌色に傾いており、頭骨は既に現代人を主体としているものの。

現在古人標本の面で明らかになっているところでは、亮島 2 号から OCA2 rs1800414 突然変異が発見されているほか、今から 3800 年前の日本の船泊遺跡（Funadomari site）の F23 縄文個体も同様に rs1800414 C/T ヘテロ型を有している。これに対し、この突然変異が北方東アジアで明らかに高頻度化し始めたのは完新世後期に至ってからであり、過去約 3000～2000 年間に急速に拡散した。同時に K2b-P331 と C1b-F1370 を主体とするオセアニア地域では、rs1800414 派生対立遺伝子は基本的に欠失している。

亮島人と密接な関連を持つ奇和洞 3 号は、最初の公式論文では R9c1b ミトコンドリアと標記されていたが⁶²、後に民間プラットフォームが原始データを用いて測定を行ったところ、奇和洞 3 号と奇和洞 2 号に番号の疏漏が存在することが発見された。奇和洞 3 号（qihe3）は今から 11700 年前の E* ミトコンドリアであり父系は測定されておらず、奇和洞 2 号（qihe2）は今から 8400 年前の R9c1b ミトコンドリアである。このうち年代がより古い奇和洞 3 号は、新石器時代の南方・北方集団と更新世後期の人類の混合特徴を呈しており⁶³、その顔面は高く狭窄し、中眼窩型、鼻骨は幅広く低矮、頭蓋骨は長く大きく、骨壁は薄く、眉間は突出せず、頬骨は突出し、上面は扁平、下顎は繊細であるなど、原始的特徴と現代的特徴を兼ね備えた「モザイク的形態」を示している。

一方、年代がより遅い奇和洞 2 号の女性は一整套の完全な新石器技術体系を有し、穀物を主食とし、身長も新石器時代南方の成年女性個体の中では比較的高い水準にある⁶⁴。これに対し奇和洞 3 号の男性標本には新石器技術の痕跡はなく、同時に身長が低く穀物を摂取しておらず糖尿病を患っている。この両者の関係は福建の亮島人と類似の構造を持っており、奇和洞全

体の常染色体も亮島人に近い⁶⁵⁾。同じ地理的位置にありながら異なる年代で異なる石器技術と
体質特徴を持ち、いずれもより早い E ミトコンドリアとより遅い R9 ミトコンドリアを構造と
している。違いは奇和洞の二例の標本の年代差が約 3000 年であるのに対し、亮島の二例の標
本の年代差はわずか数百年であることに過ぎない。奇和洞のミトコンドリア変遷は亮島のミト
コンドリア変遷の前兆であり、ミトコンドリアの切り替えは体質を直接的に変化させるだけで
なく、技術と生活も変化させ、人口規模も大規模な成長を遂げた。

亮島 2 号は亮島 1 号、奇和洞などの古華南標本と遺伝的連関を持つほか、現在知られる
データによれば、実はある辺縁的な部族集団とも異常な関連を持っている。それがアンダマン
諸島のオンゲ人（Onge People）である。この件を説明する前に、いくつかの前提背景を回顧
しておこう。最初に私が述べたように、当年英国植民者がアンダマン諸島に上陸した際、多数
の大アンダマン語系部族は上陸点からの距離が近かったため最も深刻な損害を受け、後に 20
世紀後半にはほぼ絶滅に至った。これとは逆にアンダマン諸島南部に生息するオンガン語系諸
集団は地理的要因により人口が比較的保持され、その後小アンダマン島に居住するオンゲ人の
サンプリングが比較的容易であったことと島嶼の天然的隔離の影響により、後の分子人類学論
文におけるアンダマン人の代表とされた。ただし明確にしておくべきは、オンゲ人は多数のア
ンダマン部族の一つに過ぎないということであり、したがって以下の結論はオンゲ人にのみ適
用されアンダマン人全体には適用されない可能性もあれば、アンダマン人全体に適用される可
能性もある。

事の経緯はおおよそ次の通りである。一部の研究における特定の f4/qpGraph モデルの中
で、亮島 2 号とオンゲ人は明らかな追加的親和性を呈する⁶⁶⁾。例えば Wang et al. 2021 の論文で
は、亮島 2 号を直接約 27% のオンゲ人様祖源としてモデル化できる。問題は亮島 2 号がホア
ビン文化とは相近くないのに対し⁶⁷⁾、オンゲ人とホアビン文化はほぼすべての研究において非
常に近いことにある。この現象には少なくとも二類の比較的直截的な解釈が存在する。一つは
オンゲ人自体が晩近の混合構造である可能性であり、この集団には東アジア関連様の成分が一

種混入しているというものだ。もう一つはオング人と亮島 2 号があるより深層の祖先分岐を共有しており、いずれもより古く、現在まだサンプリングされていない東アジア南部深層ゴーストを継承しているというものだ。ただしオング人は後により多くのホアビン文化様祖源を継承したため、最終的にオング人はホアビン文化と亮島 2 号の混合としてモデル化できるに過ぎない。

前一種の解釈を採用すれば、さらにオング人が晩近に東アジア成分由来の集団を一種混入したか、あるいはある亮島 2 号様集団が南下して大量のホアビン文化常染色体を混入した後にオング人が形成されたと推測できる。またある純粋なホアビン文化集団が晩近に南下してきた亮島 2 号様集団と接触したと解釈することもできる。前述の通り、アンダマン諸島に対する研究はより多くがオング人のみを対象としているため、オング人の現象を他のアンダマン諸島人、特にオング人からの距離がより遠い大アンダマン人に直接当てはめることはできない。最終的な結論が、すべてのアンダマン人がこの特徴を持つのか、それともオング人に関連するオングアン語系諸集団のみが持つのかは、将来学界が大アンダマン人、ジャラワ人と亮島 2 号を比較して初めて判明することである。

約 9000 年前の B4a1e ミトコンドリア・O2a2a1a2a1a1-F1275 父系を持つ独山人は、全套のサトイモ作農業を携え、石磨と家鶏も有していたが、福建奇和洞を代表とし、北方・華東沿海地域との晩近の混血状態を呈している。独山人の年代は 6000 年前の興義遺跡 M61 ミトコンドリアおよび 8000 年前の亮島 1 号 E1 ミトコンドリアよりも古いにもかかわらず、技術と文化はこの両者を全面的に凌駕している。これもまた、技術進化と時間的な晩近さには直接的な対応関係がないことを改めて示している。

雲南の馬鹿洞人 M9 ミトコンドリアは、体质測定の言説によれば原始的古人類の特徴と現代人類の特徴を併せ持ち、両者が混合状態を呈しており、この体质は古人類との交雑によるものである可能性が大きい。そして 1.4 万年前の馬鹿洞人の遺伝子は、華南、東南アジアの古代・現代集団と最も強い遺伝的連続性を持ち、北方集団との類縁関係は弱い⁶⁸⁾。残念ながら現

在初期南西地域の古人には男性標本がなく、雲南馬鹿洞人の M9、広西隆林人の M71、そして貴州清水苑人の M71⁶⁹⁾ はいずれも女性のみである。広西隆林人の頭骨と類似の特徴を持つのは、雲南楚雄元謀県に位置する磨盤山遺跡であり、この遺跡の標本も同様に Mopanshan_M3 と番号付けられた M ミトコンドリア下流の M13a1b ミトコンドリアを持つ女性である。

今から 7100 年前の新石器早期興義遺跡の Xingyi_H4 と番号付けられた標本は M61a ミトコンドリアであり⁷⁰⁾、陶片と細石器技術の痕跡はない。その後の今から 4000 年前の新石器晚期興義遺跡からは高頻度の M75 ミトコンドリアが検出されており、興義遺跡およびその他の雲南新石器晚期中部地域の遺跡を含め、M75 ミトコンドリアと F1a1 ミトコンドリアが混住する現象が呈されている。父系は O1b1a1a-M95 に高頻度で集中しており、技術と体质に急変が生じると同時に晩近の混血の痕跡を伴い、一套の成熟した新石器技術体系ならびに製陶と稲作技術が導入された。後の F1a1 ミトコンドリアは現代インドシナ半島のオーストロアジア語族でも高頻度を保持しているのに対し、M75 と M61 などのミトコンドリアの頻度は現代集団では大幅に下降している。興義遺跡は明らかに新石器晚期から青銅器時代にかけてミトコンドリア構造の急変を経験している。その中の突発的な体质と技術の急変は自発的なものではなく、外来集団の涌入により在来集団が受動的に全方位的な急変を迎えたものである。

現在 M75 の姉妹分岐である M23 は基本的にマダガスカルに分布している。これはおそらく最初に M75 が東南沿海に沿って西進して広西に至り、その後 M23 ミトコンドリアがボトルネック期に直面した後、B4a1a1b、F3b1b3、M7c1c3 と共にマダガスカルへと移住したためであろう。雲南で M75 ミトコンドリアが検出された興義遺跡が雲南の南東方向に位置するにもかかわらず、M75 ミトコンドリアはチベット・ビルマ語族、特により西で標高のより高いチベット族には基本的に分布がないと見なしてよい。

常染色体成分の観点から見れば、古代東アジア人と比較して、Xingyi_EN（新石器早期興義成分）と Xingyi_LN（新石器晚期興義成分）の間には密接な親和性はなく、後者は前者の古い祖源成分を保有していない。これは集団に置換が生じたことを示す多くの証拠の一つであ

る。現有の資料から見れば、より多くはミトコンドリアに置換が生じており、東南沿海の古福建では既にミトコンドリア変遷がもたらした全方位的な変化が上演されている。東南地域と南西地域では新石器時代の今から 6000～9000 年前に突如飛躍が生じ、体质の変化と同時に外来石器技術の導入が伴い、分子人類学のデータ上は主体的ミトコンドリアの切り替えとして現れ、体质人類学的時代の結論と一致している。

Xingyi_EN は最早、チベット高原古人集団のゴースト祖先として定義されている。東アジア北部黄河集団を Shimao_LN（新石器晩期石峁成分）と亮島 2 号の混合と定義すれば、現代チベット族集団は 85～90% の東アジア北部黄河集団に 10～15% の Xingyi_EN 成分を加えたものとしてモデル化できる。ただし残念ながら、高い Xingyi_EN 成分を含む個体の古標本は現在比較的稀少である。広西隆林人が 50% の Xingyi_EN と 50% の古福建奇和洞 3 号の混合としてモデル化できるほか、最近発見された 3500 年前のチベット南部マブ錯（Mabu Co）遺跡の C2b1b1-CTS10923 父系・D4j1b ミトコンドリアを持つ一例⁷⁴がある。彼は約 60% が Xingyi_EN に関連し、40% が北方東アジア成分を帯びるものとしてモデル化でき、現在知られる最も高い Xingyi_EN 成分を含む古 DNA の一つでもある。

チベット高原古人と直接的に関連する標本以外にも、Xingyi_EN が代表する深層祖源は東アジア南部のその他の先史集団にも程度の差こそあれ遺伝的連関を残している。例えば曇石山などの福建晩期新石器集団は、一部の遺伝子統計において Xingyi_EN に対する高い共有漂変を示している。もちろんこの親和性を明確な Xingyi_EN 祖源の導入と直接同一視することはできないが、約 1.1 万年前の広西隆林人からは既に明らかな Xingyi_EN 祖源がモデル化できる。ただし齊家文化喇家遺跡などの黄河上流域集団を代表とする関連古人は、全体としてより北方東アジア集団に近く、チベット高原古人に見られるような明らかな Xingyi_EN 祖源は示していない。

特に非高原集団である漢族、イ族、ナシ族、ナガ族、および雲南の大理白族と怒江プミ族は、普遍的に高い水準の北方東アジア血統を持っている。例えば現代で一定の割合の D1a1b1-

P47 父系を持つ怒江プミ族は、85% の東アジア北部祖先と 15% の Xingyi_EN 成分としてモデル化できる。また古代雲南中部の新石器晩期から青銅器時期にかけての各種遺跡の中で、AR14K と Shimao_LN という二つの北東アジア祖先および Xingyi_LN 関連祖先の混合体として最も適する高寨遺跡⁷²⁾からは、高頻度の D1a1b1-P47 父系が検出されている。

地理的位置がより南部に偏る紅河ハニ族は、より多くの雲南中部血統を示している。大理白族と紅河ハニ族を比較すれば、この二つの族群はいずれも Shimao_LN と Xingyi_LN 関連祖先の混合としてモデル化できるが、大理白族の北方東アジア祖先成分は紅河ハニ族よりも多い。二つの族群の父系の違いは、大理白族からは約 10% 程度の D1a1a1a1-Z27269 父系が検出されるのに対し、紅河ハニ族からは検出されないことにある。

タイのカレン人、ブラウン族とワ族を含む南アジア系諸集団は、それらの祖先と Xingyi_LN すなわち雲南中部祖先との関係が北方東アジア祖先よりも高い。O2a2b1a1-M117、O1b1a1a-M95 父系が高頻度のワ族、O1b-M268 父系が高頻度のモン族は、より高い水準の約 90% 近い Xingyi_LN 成分と低い東アジア北部祖先を持つ。チワン・トン諸集団は約 60% の亮島 2 号、30% の Xingyi_LN 成分、10% の東アジア北部成分としてモデル化できる。南アジア系諸集団は 50% の Xingyi_LN 成分、25% の LA368 を代表とするホアビン文化成分、および 25% の東アジア北部成分としてモデル化できる。そしてインドシナ半島において K2b と O-M175 が高頻度のセマン人とセノイ人の細分部族、例えばバテク人、チェウオン人（CheWong People）、ジャハイ人、キンタク人（Kintaq People）、メンドリク人は、Xingyi_LN と LA368 関連祖先の混合を示している。

参考文献

- [1] Maji S, Krithika S, Vasulu T S. Phylogeographic distribution of mitochondrial DNA macrohaplogroup M in India[J]. Journal of Genetics, 2009, 88(1): 127-139.
- [2] Thangaraj K, Chaubey G, Kivisild T, et al. Maternal Footprints of Southeast Asians in North India[J]. Human Heredity, 2008, 66(1): 1-9.
- [3] Endicott P, Metspalu M, Stringer C, et al. Multiplexed SNP Typing of Ancient DNA Clarifies the Origin of Andaman mtDNA Haplogroups amongst South Asian Tribal Populations[J]. PLoS ONE, 2006, 1(1): e81.

- [4] Wang H W, Mitra B, Chaudhuri T K, et al. Mitochondrial DNA evidence supports northeast Indian origin of the aboriginal Andamanese in the Late Paleolithic[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2011, 38(3): 117-122.
- [5] Barik S S, Sahani R, Prasad B V R, et al. Detailed mtDNA genotypes permit a reassessment of the settlement and population structure of the Andaman Islands[J]. *American Journal of Physical Anthropology*, 2008, 136(1): 19-27.
- [6] Sitalaximi T, Varghese N, Kashyap V K. Genetic differentiation of Andaman Islanders and their relatedness to Nicobar Islanders[J]. *Human Gene*, 2023, 35: 201148.
- [7] Sitalaximi T, Varghese N, Kashyap V K. Genetic differentiation of Andaman Islanders and their relatedness to Nicobar Islanders[J]. *Human Gene*, 2023, 35: 201148.
- [8] Kutanan W, Srikummool M, Kampuansai J, et al. Maternal genetic origin of Chao Lay coastal maritime populations from Thailand[J]. *BMC Biology*, 2025, 23(1): 45.
- [9] Thangaraj K, Singh L, Reddy A G, et al. Unique origin of Andaman Islanders: insight from autosomal loci[J]. *Journal of Human Genetics*, 2006, 51(8): 800-804.
- [10] Thangaraj K, Singh L, Reddy A G, et al. Genetic Affinities of the Andaman Islanders, a Vanishing Human Population[J]. *Current Biology*, 2003, 13(2): 86-93.
- [11] Sitalaximi T, Varghese N, Kashyap V K. Genetic differentiation of Andaman Islanders and their relatedness to Nicobar Islanders[J]. *Human Gene*, 2023, 35: 201148.
- [12] Cooper Z. Analysis of the nature of contacts with the Andaman Islands during the last two millennia[J]. *South Asian Studies*, 1989, 5: 133-147.
- [13] De A K, Sawhney S, Jeyakumar S, et al. First Account on Maternal Lineage of Andaman Wild Boar (Moupin Pig), an Endangered Endemic Species of Andaman Archipelago[J]. *Exploratory Animal and Medical Research*, 2022, 12(1): 54-68.
- [14] Chaubey G, Endicott P. The Andaman Islanders in a Regional Genetic Context: Reexamining the Evidence for an Early Peopling of the Archipelago from South Asia[J]. *Human Biology*, 2013, 85(1-3): 153-172.
- [15] Mishra R K, Singh P P, Rai N, et al. Reconstructing the population history of the Nicobarese[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2024, 32(12): 1875–1883.
- [16] Mondal M, Casals F, Xu T, et al. Genomic analysis of Andamanese provides insights into ancient human migration into Asia and adaptation[J]. *Nature Genetics*, 2016, 48(9): 1066-1070.
- [17] BANERJEE, A. R. 1957: Further histological studies on Negrito hair: the Onges of the Andaman Islands. *Man in India*, 37: 249-256.
- [18] Matsumura H, Yoneda M, Dodo Y, et al. Terminal Pleistocene human skeleton from Hang Cho Cave, northern Vietnam: implications for the biological affinities of Hoabinhian people[J]. *Anthropological Science*, 2008, 116(3): 201-217.
- [19] Sitalaximi T, Varghese N, Kashyap V K. Genetic differentiation of Andaman Islanders and their relatedness to Nicobar Islanders[J]. *Human Gene*, 2023, 35: 201148.
- [20] ArunKumar G, Soria-Hernanz D F, Kavitha V J, et al. Population Differentiation of Southern Indian Male Lineages Correlates with Agricultural Expansions Predating the Caste System[J]. *PLoS ONE*, 2012, 7(11): e50269.
- [21] Gates R R. The Melanesian dwarf tribe of Aiome, New Guinea[J]. *Acta Geneticae Medicae et Gemellologiae*, 1961, 10(3): 277-311.
- [22] Kumar V, Reddy A N S, Babu J P, et al. Y-chromosome evidence suggests a common paternal heritage of Austro-Asiatic populations[J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2007, 7(1): 47.
- [23] Moyne L, Haddon K. The pygmies of the Aiome Mountains, Mandated Territory of New Guinea[J]. *The Journal of the Royal Anthropological Institute of Great Britain and Ireland*, 1936, 66: 269-290.
- [24] Champness L T, Kooptzoff O, Walsh R J. A STUDY OF THE POPULATION NEAR AIOME, NEW GUINEA[J]. *Oceania*, 1960, 30(3): 209-222.
- [25] Kayser M, Brauer S, Weiss G, et al. Reduced Y-Chromosome, but Not Mitochondrial DNA, Diversity in Human Populations from West New Guinea[J]. *American Journal of Human Genetics*, 2003, 72(2): 281-302.
- [26] Tommaseo-Ponzetta M, Mona S, Calabrese F, et al. Mountain pygmies of Western New Guinea: A morphological and molecular approach[J]. *Human Biology*, 2013, 85(1-3): 285-308.
- [27] Heyer E, Georges M, Pachner M, et al. Genetic diversity of four Filipino Negrito populations from Luzon: comparison of male and female effective population sizes and differential integration of immigrants into Aeta and Agta communities[J]. *Human Biology*, 2013, 85(1-3): 189-208.
- [28] Larena M, McKenna J, Sanchez-Quinto F, et al. Philippine Ayta possess the highest level of Denisovan ancestry in the world[J]. *Current Biology*, 2021, 31(19): 4219-4230.e10.

- [29] Scholes C, Siddle K, Ducourneau A, et al. Genetic diversity and evidence for population admixture in Batak Negritos from Palawan[J]. *American Journal of Physical Anthropology*, 2011, 146(1): 62-72.
- [30] Delfin F, Salvador J M, Calacal G C, et al. The Y-chromosome landscape of the Philippines: extensive heterogeneity and varying genetic affinities of Negrito and non-Negrito groups[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2011, 19(2): 224–230.
- [31] Tabbada K A, Trejaut J, Loo J H, et al. Philippine mitochondrial DNA diversity: a populated viaduct between Taiwan and Indonesia?[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2010, 27(1): 21–31.
- [32] Delfin F, Ko A M S, Li M, et al. Complete mtDNA genomes of Filipino ethnolinguistic groups: a melting pot of recent and ancient lineages in the Asia-Pacific region[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2014, 22(2): 228-237.
- [33] Kutanan W, Kampuansai J, Changmai P, et al. Contrasting maternal and paternal genetic variation of hunter-gatherer groups in Thailand[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 1976.
- [34] Herzog T, Larena M, Kutanan W, et al. Natural selection and adaptive traits in the Maniq, a nomadic hunter-gatherer society from Mainland Southeast Asia[J]. *Scientific Reports*, 2025, 15(1):4123.
- [35] Aghakhanian F, Hoh B P, Yew C W, et al. Sequence analyses of Malaysian Indigenous communities reveal historical admixture between Hoabinhian hunter-gatherers and Neolithic farmers[J]. *Scientific Reports*, 2022, 12(1): 13578.
- [36] Hill C, Soares P, Mormina M, et al. Phylogeography and Ethnogenesis of Aboriginal Southeast Asians[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2006, 23(12): 2480-2491.
- [37] Yang M A. A genetic history of migration, diversification, and admixture in Asia[J]. *Human Population Genetics and Genomics*, 2022, 2(1): 1-32.
- [38] Higham C F W. Hunter-Gatherers in Southeast Asia: From Prehistory to the Present[M]//Bellwood P, Renfrew C. *The Global Prehistory of Human Migration*. Oxford: Wiley-Blackwell, 2014: 227–243.
- [39] Adi Haji Taha. Gua Cha and the archaeology of the Orang Asli[J]. *Bulletin of the Indo-Pacific Prehistory Association*, 1991, 11: 363-372.
- [40] Brumm A, Bulbeck D, Hakim B, Burhan B, Oktaviana A A, Sumantri I, Zhao J X, Aubert M, Sardi R, McGahan D, Saiful A M, Adhityatama S, Kaifu Y. Skeletal Remains of a Pleistocene Modern Human (*Homo sapiens*) from Sulawesi[J]. *PLoS One*, 2021, 16(9): e0257273.
- [41] Nguyen K S. Hoa Binh Culture in Vietnam after Nearly A Century since Its Discovery[J]. *Vietnam Social Sciences*, 2021, 202(2): 26-43.
- [42] Kandyba A V, Nguyen K S, Chekha A M, et al. Diem Cave: A Stratified Late Pleistocene and Early Holocene Site in Northern Vietnam[J]. *Archaeology, Ethnology & Anthropology of Eurasia*, 2023, 51(3): 130-139.
- [43] Ji X P, Kuman K, Clarke R J, et al. The oldest Hoabinhian technocomplex in Asia (43.5 ka) at Xiaodong rockshelter, Yunnan Province, southwest China[J]. *Quaternary International*, 2016, 400: 166-174.
- [44] Stimpson C M, Wilshaw A, Utting B, et al. TBH1: 12 000-year-old human skeleton and projectile point shed light on demographics and mortality in Terminal Pleistocene Southeast Asia[J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2025, 292(2032): 20251819.
- [45] Kampuansai J, Wongkomonched R, Kutanan W, et al. Genetic diversity and ancestry of the Khmuic-speaking ethnic groups in Thailand: a genome-wide perspective[J]. *Scientific Reports*, 2023, 13: 14975.
- [46] Kutanan W, Kampuansai J, Changmai P, et al. Contrasting maternal and paternal genetic variation of hunter-gatherer groups in Thailand[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 1536.
- [47] Sun J, Wei L H, Wang L X, et al. Paternal gene pool of Malays in Southeast Asia and its applications for the early expansion of Austronesians[J]. *American Journal of Human Biology*, 2020, 33(3): e23486.
- [48] Yap W S, Cengnata A, Saw W Y, et al. High-coverage whole-genome sequencing of a Jakun individual from the “Orang Asli” Proto-Malay subtribe from Peninsular Malaysia[J]. *Human Genome Variation*, 2025, 12(1): 4.
- [49] Hatin W I, Nur-Shafawati A R, Etemad A, et al. A genome wide pattern of population structure and admixture in peninsular Malaysia Malays[J]. *The HUGO Journal*, 2014, 8(1): 5.
- [50] Nagle N, Ballantyne K N, van Oven M, et al. Antiquity and Diversity of Aboriginal Australian Y-Chromosomes[J]. *American Journal of Physical Anthropology*, 2016, 159(3): 367-381.
- [51] Mona S, Tommaseo-Ponzetta M, Brauer S, et al. Patterns of Y-Chromosome Diversity Intersect with the Trans-New Guinea Hypothesis[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24(11): 2546-2555.
- [52] Karafet T M, Mendez F L, Sudoyo H, et al. Improved phylogenetic resolution and rapid diversification of Y-chromosome haplogroup K-M526 in Southeast Asia[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2015, 23(3): 369-373.

- [53] Karafet T M, Hallmark B, Cox M P, et al. Major East–West Division Underlies Y Chromosome Stratification across Indonesia[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2010, 27(8): 1833-1844.
- [54] Nagle N, Ballantyne K N, van Oven M, et al. Mitochondrial DNA diversity of present-day Aboriginal Australians and implications for human evolution in Oceania[J]. *Journal of Human Genetics*, 2017, 62(3): 343-353.
- [55] Pedro N, Brucato N, Fernandes V, et al. Papuan mitochondrial genomes and the settlement of Sahul[J]. *Journal of Human Genetics*, 2020, 65(10): 875-887.
- [56] Gandini F, Almeida M, Foody M G B, et al. Genomic evidence supports the “long chronology” for the peopling of Sahul[J]. *Science Advances*, 2025, 11(47): eady9493.
- [57] Carlhoff S, Duli A, Nägele K, et al. Genome of a Middle Holocene Hunter-Gatherer from Wallacea[J]. *Nature*, 2021, 596(7873): 543-547.
- [58] Hung H C. The formation and dispersal of early Austronesian-speaking populations: new evidence from Taiwan, the Philippines, and the Marianas of western Micronesia[M]//*Austronesian Diaspora: A New Perspective*. Yogyakarta: Gadjah Mada University Press, 2016: 35-56.
- [59] Larena M, Sanchez-Quinto F, Sjödin P, et al. Multiple migrations to the Philippines during the last 50,000 years[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2021, 118(26): e2026132118.
- [60] Larena M, Sanchez-Quinto F, Sjödin P, et al. Multiple migrations to the Philippines during the last 50,000 years[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2021, 118(26): e2026132118.
- [61] Hung H C, Matsumura H, Nguyen L C, et al. Negritos in Taiwan and the wider prehistory of Southeast Asia: new discovery from the Xiaoma Caves[J]. *World Archaeology*, 2022, 54(2): 207-228.
- [62] Wang T Y, Wang W, Xie G M, et al. Human population history at the crossroads of East and Southeast Asia since 11,000 years ago[J]. *Cell*, 2021, 184(14): 3829-3841.e21.
- [63] 吴秀杰, 范雪春, 李史明, 等。福建漳平奇和洞发现的新石器时代早期人类头骨 [J]. *人类学学报*, 2014, 33 (4): 448-459.
- [64] 方园, 范雪春, 李史明。福建漳平奇和洞新石器时代早期人类身体大小 [J]. *人类学学报*, 2015, 34 (02): 202-215.
- [65] He G L, Sun Y T, Duan S H, et al. Ancient genomes give insight into 160,000 years of East Asian population dynamics and biological adaptation[J]. *Genome Biology*, 2025, 26(1): 420.
- [66] Yang M A, Fan X C, Sun B, et al. Ancient DNA indicates human population shifts and admixture in northern and southern China[J]. *Science*, 2020, 369(6501): 282-288.
- [67] Wang T Y, Wang W, Xie G M, et al. Human population history at the crossroads of East and Southeast Asia since 11,000 years ago[J]. *Cell*, 2021, 184(14): 3829-3841.e21.
- [68] Zhang X M, Ji X P, Li C M, et al. A Late Pleistocene human genome from Southwest China[J]. *Current Biology*, 2022, 32(14): 3095-3109.
- [69] Bai F, Zhang X L, Ji X P, et al. Paleolithic genetic link between Southern China and Mainland Southeast Asia revealed by ancient mitochondrial genomes[J]. *Journal of Human Genetics*, 2020, 65(8): 1125-1128.
- [70] Wei X Y, Zhang M, Min R, et al. Neolithic to Bronze Age human maternal genetic history in Yunnan, China[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2025, 52(4): 483-493.
- [71] Ran J K, Liu Y C, Wangdue S, et al. Ancient genomes reveal Basal Asian ancestries and dynamic population interactions over time on the southern Tibetan Plateau[J]. *iScience*, 2025, 28(10): 113676.
- [72] Wang T Y, Qiao S Y, Chen Z H, et al. Prehistoric genomes from Yunnan reveal ancestry related to Tibetans and Austroasiatic speakers[J]. *Science*, 2025, 388(6730): eadq9792.
- [73] Macholdt E, Arias L, Duong N T, et al. The paternal and maternal genetic history of Vietnamese populations[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2020, 28(5): 636-645.
- [74] Xu Y, Wiradnyana K, Zhou H, et al. Reconstructing the west-east genetic division in Indonesia using ancient genomes[J]. *iScience*, 2026, 29(6): 115974.

東アジア集団におけるミトコンドリア多様性格差

南島系 B ミトコンドリアは分岐単一状態を呈する

まず、B、F などの東アジア主流 R ミトコンドリアが南島語族に伴って南から北へ、すなわち東南アジアから東アジア地域へと移動したとする初期の見解に対し、いくつかのデータ上の反駁を行っておこう。現在では南島語族が中国沿海から東南アジア地域へと移住したことが明確に証実されていることは措くとして、ミトコンドリアの多様性分岐の観点から見ても、現有のデータからはこの結論に対して合理的な説明を行うことはできない。

四川イ族と南島語族のミトコンドリアを比較すれば、前者の四大ミトコンドリアはそれぞれ A、B、D、F であり、後者の四大ミトコンドリアはそれぞれ B、E、F、M7 である。両者に共通するのは B と F ミトコンドリアのみであり、しかも南島系諸集団の B と F ミトコンドリアはデータ上見る限り外来の特定分岐に過ぎず、分岐が単一であると同時に内部共祖は約 6000 年程度である。四川イ族の B と諸多の R9 分岐は多様で内部共祖は普遍的に 1 万年以上であり、原生的な主導分岐の特徴が相対的により強い。四川イ族と台湾高山族の違いは、前者の位置がより西に偏ることにある。

これは B4a と B4b ミトコンドリアが最初に南島語族から命名されたものの、後に南島語族には B4a1a 下流の特定の南島分岐しかなく、B4b にも B4b1a2 下流の特定の南島分岐しかないことが発見されたのに似ている。台湾高山族が保有する B4a1a1 と B4a1a21 分岐に対し、大陸、特に広東と福建には B4a1a1 と B4a1a2 以外の B4a1a の他分岐が比較的高頻度に存在する。B4a1b は中国東南沿海と北東アジアに分布し、B4a1e は今から 9000 年前の広西独山人から検出されており、B4a * の多様性は大陸地域に集中している。フィリピンとインドネシア諸島などの南太平洋の南島系諸集団の中では、B4a は B4a1a1a の下流分岐に局限されている。

南島系ミトコンドリア B4a1a の姉妹分岐である B4a1 は華南および福建一帯に分布し、B4a1 の姉妹分岐の多様性は四川付近一帯の諸族群に見られる。B4a4 もまた漢藏共有ミトコン

ドリアの一つである。ただ B4a1a の南島語族における拡散があまりに順調だったため、初期には B4a が主に南島語族に分布し東南アジアから北上して東アジアへ拡散し、後にさらに東部から西部へと拡散したと考えられるに至った。しかし B4a3、B4a4、B4a5 がいずれもラダックで検出され、このうち B4a5 * は主に西部チベット・ビルマ語族から検出されていること、そして南島語族の B4a の多様性が単一であることを考慮すれば、B4a が東部沿海から移動してきたと仮定するのは異常に思われる。

B5 ミトコンドリアには B5a2a2 と B5b1c1 下流の南島分岐しかなく、しかも年代と多様性から見て中後期に参加したものである。F2 ミトコンドリアには南島分岐はなく、F3 ミトコンドリアには F3b1 下にのみ存在し、F4 には F4b1 下にのみ存在する。F3b1 には F3b1b3 マダガスカルといった代表的分岐はあるものの、F3b1 南島分岐は分岐多様性から見て台湾高山族に高度に集中しており、その上大陸東南地域にも一部の F3b1_が存在する。さらに漢本遺跡からは多くの F3b1、特に F3b1a が検出されているのに対し、F3b2 と F3b_ は主に中国南西部および華南、雲貴川一帯に分布することを考慮すれば、明らかに F3b1 下流の南島分岐は特定分岐が東部へ移住したものにより近い。

新石器時代が開始された後、B5b2 は黄河に沿って西から東へと移動した最初の B ミトコンドリア分岐であり、9000 年前の山東における現在知られる最古の新石器文化である博山遺跡から検出されている。これに対しその他の東部地域の B、F/R9 ミトコンドリアは、4000～5000 年前の大汶口晩期、特に龍山文化に至るまで出現しなかった。B5b2 の姉妹分岐である B5a1 もまた、西から東へ、華中方向へと移動した最初の B、F/R9 ミトコンドリア分岐であり、古苗瑶・オーストロアジア語族の形成に参加した後、さらにインドシナ半島へと拡散移動した。これが B5b ミトコンドリアが主に漢藏語族に分布し、雲貴川の B5a もまたチベット・ビルマ語族に分布する理由でもある。B4a1 が南線たる両広地域を通ると同時に B4a4 が北線たる黄河流域を通り、それぞれ西から東へと拡散した背景には、B4a ミトコンドリアが元々西部に由来することがあり、現在の分岐多様性も同様である。

さらにメラネシア地域の B ミトコンドリア多様性を見れば、なおさら起源地たり得ない。それは本質的に南島系諸集団がもたらした特定の B4a1a 分岐を継承したに過ぎないからだ。最初に南島系諸集団がメラネシア地域に到達して当地のパプア系諸集団と相遇した際、南島系諸集団は外来人口として環境適応において優位を占めておらず、また晩近になってようやく漸次父系社会へと移行した可能性があるものの、当時今から 4500～5000 年前には南島系諸集団が未だ母系社会にあったこと、すなわち知識文化さらには祭司が少数の高知女性によって掌控されていた状況が観察される。最終的にもたらされた結果は、先史時代の南島系諸集団が約 3300 年前に台湾島から出発して急速にメラネシアに到達し、ニューギニアと低地沿海の父系社会たるパプア系諸集団と軽度の融合と拡散を行い、最終的に南島系女性が在来のパプア系諸集団に嫁入る形で融入して部族間の同盟を達成したことである。この過程において南島系諸集団はほぼパプア系諸集団に対して一方的にミトコンドリアを出力している²⁶。

そしてその後、元々パプア語を話していた集団がミトコンドリアの影響を受けて漸次南島系諸集団の言語へと変更した。学界では既に各種研究により、南島語を話すメラネシア系諸集団の中では言語が南島系諸集団のミトコンドリアを通じて伝播したこと、すなわち最終的に南島系諸集団が原オセアニアに属する言語をもたらし、当地の非南島系住民が彼らの当地言語を放棄するよう影響を与えたことが証明されている。ただし原メラネシア人の父系の影響はミトコンドリアよりも大きく、南島系諸集団の父系は逆である³⁰。現在南島語を話すメラネシア系諸集団のうち、O-M110 と O-M324 は南島系諸集団起源であり、C-M38、C-M208、M-P34、K-M9、K-P79、K-M254、K-M226 は原メラネシア人起源である。こうした外来ミトコンドリアが当地の文化と技術の様式を変更した現象は南島系諸集団に限らない。同様に謝国先教授の説明によれば、先史時代南西地域のチベット・ビルマ語族には天女が穀物の種を伝播したとする説が普遍的に存在しており、少なくとも神話の観点から見れば女性が文化を伝播することは稀ではない⁴⁰。

F ミトコンドリアの地理的分布と多様性

F1a'c'f の下流分岐である F1a_ は西部地域、特に漢藏語族に分布し、F3a、F3b_、F4a、F4b* も同様である。起源を考察するにあたっては、当然ながら特定の下流の人口占比のみを見るのではなく、各地の多様性を総合的に比較しなければならない。F1a と同じく F1a'c'f に属する F1c と F1f は漢藏共有ミトコンドリアである。共祖先年齢約 9000 年の F1a1 は稲作農業の標識的ミトコンドリアとして、漢藏語族、侗傣語族、苗瑶語族、南アジア語族の諸集団を横断している。このうち南島語族の F1a は共祖約 2000 年の F1a4a1 と共祖約 4000 年の F1a1d のみであり、しかも F1a の分岐多様性は明らかに中国大陆、特に南部地域にある。初期に F ミトコンドリアが東南沿海または東南アジア地域起源であり、東部から西部へと拡散したとする見解に対して説明を要するのは、南島系諸集団の F ミトコンドリア分岐には F1a1d または F1a4a 下流分岐のみが参与しており、しかも F1a1 には北方分岐があるだけでなく F1a1c は西部の諸族群に分布しているのに対し、逆に東南沿海と南島の人口規模は主に F1a1d という一分岐によって支えられていることである。これは F1a1 の最初の拡散源が東南沿海に偏っておらず、やや西、おそらく湖南一帯にあったことを傍証的に示している。

F ミトコンドリアは最初にインドシナ半島から命名され、後に F1'2 の元来の基礎の上に R9 ミトコンドリアの他分岐が新たな F3、F4 分岐として更名された。F3 と F4 に比較すれば F1 と F2 の類縁性はより近い。集団の分布から見れば F2 ミトコンドリアは明らかに F1 ミトコンドリアよりも遅く拡散しており、しかも登場時点で漢藏共有ミトコンドリアとなっている。晩期の漢藏語族が民族を変更したケースを除外すれば、F2 ミトコンドリアは南島語族、南アジア語族、ツングース語族とは直接的に無関係であり、苗瑶語族と壮侗語族に低頻度分布があるに過ぎないが、漢藏語族には広く分布している。

カシミール地域のラダック・チベット族、福建のタンカ（疍家人）、スキタイ人を含め、いずれも F2 ミトコンドリアを含有している。ただし苗瑶語族と壮侗語族の頻度は極めて低く、インドシナ半島への南遷には参与しておらず、南島語族と南アジア語族には分岐分布がな

い。これは拡散が比較的遅く、明らかに漢藏語族から外へ拡散したことを傍証的に示している。現在のチベット高原北西部には F2a、F2b、F2g、F2e、F2f、F2h、F2i といった多くの少数派 F2 ミトコンドリア型が存在する。F2 ミトコンドリアのチベット高原における拡散が F1c、F1d に及ばないのは、最初の人口基数に元々差異があったためと考えられるが、F2 が最初にチベット高原北東角にあり、その後半月弧帯に沿って南北へ、同時に東西へと拡散したことには影響しない。南東へ拡散した際には南島語族と南アジア語族が既に大陸を迂出していたため参与しなかったものであり、これもまた最初が南東になく拡散が遅かったことを傍証的に示している。

F3 ミトコンドリアは F3a1 と共祖約 6000 年程度の F3b1 下流のみが南島分岐において人口成長を獲得しており、F3_ は基本的に西部の雲貴川一帯に低頻度分布している。F3 と F4 ミトコンドリアの状況はよく似ており、F4a1 は南島分岐以外には他の F4a1_ も主に西部地域に分布しているのに対し、F3a1 は少なくとも各地へと進出している。そして約 8000 年前に分化した南島系ミトコンドリア F3b1a'b の姉妹分岐 F3b1_ および上流姉妹分岐 F3b_ は、同時に中国西部のチベット・ビルマ語族（例えばイ族）、または壮侗語族（例えば水族）などの少数派集団に広く分布している。F1a4、F3b1、F4b1 の他の姉妹分岐は依然として広東と福建などに分布しており、そのうちの個別分岐のみが南島語族の形成に参加している。以前に R9a と標記されていた F3b は雲南の白族に出現し、中国南部と西部に低頻度分布している。

したがって F3、F4 の分岐多様性は中国西部地域に分布しており、同様なものに R9b、R9c ミトコンドリアがある。R9b と R9c は明らかに東南アジアから東アジアへ拡散したものではなく、西部全体では漢族であれチベット・ビルマ語族であれ、普遍的に少量の上流少数派分化した R9b と R9c ミトコンドリアが分布している。例えば、広西壮族よりもより正統な壮侗語族早期分化の風俗（言語を含む）を保持する貴州布依族では、一部の研究において F 以外の R9 ミトコンドリアの占比较高だけでなく、多くが未命名分岐となっている。

ただ南島分岐とその姉妹分岐の人口が大規模に成長したのに対し、西部のチベット・ビルマ語族の部分は人口成長を全く獲得しなかったため、小標本量スクリーニングでは検出されず、大標本量スクリーニングでも低頻度状態を呈するに至っている。各ミトコンドリアの分岐状況を詳しく見れば、B4b'd'e'j のうち B4e と B4j の中国における人口占比は無視できる程度であり、B4d のうち B4d1 が中国人口規模の約 0.5% を占める以外、他分岐には基本的に人口規模がない。また例えば漢藏共有の F1d、F1c1a は、仰韶文化の東進、すなわち 5000 年前になってようやく原古漢藏から分離した漢語族が華北へ東進したことに伴って開始されたものである。F1b1、F1d、F1c1a の三支は約 2.5% を占め、同じく四五千年前に拡散した F3a1 を加えれば、この四支の F ミトコンドリア分岐の占比は約 3% となる。F ミトコンドリアから以上六支を除外すれば、占比は約 15% から 6% 未満へと直線的に下降する。したがって F/R9 と B ミトコンドリアの東アジアにおける人口拡散は、そのうちの十数支が新石器時代に超常的な人口成長を獲得したに過ぎず、他の大部分の少数派分岐は西部地域に留まっている。B4、B5、B6、R11 ミトコンドリアの拡散しなかった分岐も、分岐多様性から見て同様に主に中国南西部の非高原地域にある。

人口頻度の面から見れば、漢族における F ミトコンドリアの頻度は通常約 16.5% を占め、その亜分岐 F1a1 は 3.5%、F1d は 0.5%、F1c は 0.85%、F1g は 0.8%、F2a は 2.5% である。F3 と F4 は個別分岐のみが新石器時代に至って大面積に拡散し、F1 は新石器時代に南北同時に拡散した型であるのに対し、F2 は拡散が非常に遅く南方漢族の常染色体が形成される時期にまで及ぶ。F2a は最近 5000 年に中国東南沿海で急速に拡散し、F1a1 に次ぐ第二の F ミトコンドリア分岐となった。そして F2a のみが全国的ミトコンドリアとなり、他の姉妹分岐は主に西部地域に分布し、漢藏語族外では稀である。F3 と F4 は南東への拡散がより早かったものの、外来であったため大規模な拡散には至らなかった。F1 の拡散は南北のミトコンドリア構造を直接的に書き換え、F2 は F1 よりも拡散が遅かったため F2a のみが一定規模の人口を獲得するに至った。

東南アジアからの北上の可能性を排除した後、先史時代シベリアの F ミトコンドリアは基本的に祭祀階級に集中しており、古 DNA から見て主に F1b1 である。その他のミトコンドリアとしては既に B4d1、F1b1、F1d が観察されており、しかも姉妹分岐と上流の多様性はいずれもチベット・ビルマ語族にある。モンゴル語、満洲・ツングース語族の集団の F1b ミトコンドリアは分岐が単一であり、多くが F1b1 下流分岐である。すなわち F1b1 の他の少数派姉妹分岐 F1b1 * は、チベット・ビルマ語族北部集団、特に陝甘川一帯の北方漢族の中に探さなければならない。この状況は前述の南島語族と南アジア語族にも同様に見られ、それらの B、F/R9 ミトコンドリアはいずれも下流の特定分岐である。

シベリアから日本へ流入した F ミトコンドリアを含め、最近 2000 年に日本で爆発的に広まった F1b1a 一支のみである。日本の古 DNA から見れば、F1b1a が拡散する前には後の古墳時代および中国移民が一部の F ミトコンドリア分岐を移入した以外にはないが、これらの分岐は本質的に日本に人口規模を持つ F1b1a ミトコンドリアを希釈したに過ぎず、これは F ミトコンドリアの中国における分岐多様性とは明らかな区別がある。理由は、F ミトコンドリアは西部ミトコンドリアではあるものの、実は東アジアに来てから長らく西部北方に留まっていたためである。だからこそスキタイ人から F2a ミトコンドリアが検出され、スキタイ後裔集団から F1f と F1g などが検出されるのであり、M71、M74、M75、あるいは M7、M9、M12 が検出されないのは最初の拡散前の初期位置が異なるからである。

シベリアから東アジアへの南下という可能性を排除した後、漢藏分離初期の早期チベット・ビルマ語族を見れば、現有の古 DNA 標本である O-M134 に少量の D-Z27269 父系を加えて構成される齐家文化を例にとっても、そのミトコンドリア面では高頻度の A、B、F ミトコンドリアを有している。齐家文化喇家遺跡の現在知られる合計 21 例のミトコンドリアのうち、NR ミトコンドリア中 A ミトコンドリアは 6 例、B と F ミトコンドリアは各 4 例の標本であり、これ以外に 1 例の R11'B6 下流の R11a があり、総占比は約 70% である。M ミトコンド

リア中 G ミトコンドリアは 3 例、M10a1 と M11a は各 1 例、D4h1b は 1 例であり⁵⁶、これは現代漢族集団の ABF ミトコンドリアの総占比よりも高い。

また LJM25 標本から検出された B4c1b2c2 ミトコンドリアは、古スキタイ人に伴って西方のスラブ後裔であるスイス人の中にも出現しており、早期仰韶文化の南拡または黄河中下流の龍山文化にも出現し、晩期には南アジア語族に融入してベトナムとタイなどに出現している。B4c1b2c2 の上流姉妹分岐 B4c1a は今から約 10000 年前の東北・後套木哈木嘎遺跡から検出されており、後に日韓およびシベリアなどに分布すると同時に、中国北西部と南西部にも分布している。B4c1b2c2 もまた非南島分岐であり、ラダック・チベット族からも検出される漢藏主体のミトコンドリアである。

B4c1b2c2 と共祖がより近い B4c1b2a2 は南方漢族と南島語族のミトコンドリア分岐である。早期に主にインドシナ半島地域に分布すると認定されていた B4c2 ミトコンドリアは、近年になって雲南の各民族に遍布していることが発見されており、インドシナ半島は雲南の拡散の延伸に過ぎない。これらのデータに対する比較的合理的な解釈は、B4c ミトコンドリアが最初に中国西部のある地域にあり、B4c2 が直線的に南遷したのに対し、相対的に遅く南遷した B4c1 には北遷を主体とする B4c1a 及び B4c1c があるだけでなく、主に南東へ遷移する B4c1b もあるというものだ。このうちには、より早期に南遷した後に東へ向かい、同時に南方漢族及び南島語族の形成に参加した B4c1b2a2、ならびにより遅く南遷し、一部は北西へさえ遷移して南北方の各族に同時に存在感を持つ B4c1b2c2 が含まれる。

チベット族ミトコンドリア構造の分布と多様性

チベット・チベット族のミトコンドリア的特色は、主に東部に分布する N9a ミトコンドリアがほぼ存在しないことである。B ミトコンドリアの頻度もチベットの各地区で 5% 未満に過ぎない。ただし A と F ミトコンドリア、および晩近に融入した西ユーラシア系ミトコンドリアの頻度は、いずれも漢族の平均値を上回っている。例えば F ミトコンドリアは、アリ地区

を除けば普遍的に 10% に達しないものの、他の地区ではいずれも 15% 程度の頻度であり、一部の地区、例えばシガツェ・ティンリでは約 27.27%、チャムド・ティンチェンでは約 24.19%、リンチ・ボミ県では約 24% であり、これらの地区はいずれも平均約 25% の頻度である⁶⁾。その他多くの地区でも 20% 程度となっている。A ミトコンドリアもチベット各地のサンプリングでは基本的に 10~20% の間であり、すなわち A ミトコンドリアのチベットにおける頻度は漢族平均の約 2 倍である。ただしチベット・チベット族には、雲南のチベット・ビルマ語族で普遍的に検出される F3 と F4、R9b と R9c がほぼ存在しない。ただし F1 と F2 は多くの分岐に関わり、内部共祖時間は約 1 万年に達する⁷⁾。さらに辺縁へ拡散したネパールの F1 には F1c、F1d1、F1g があり、F2 には F2b がある⁸⁾。

チベット族ミトコンドリアの最大の起源は、仰韶文化が黄河上流域に沿ってチベット高原から移動したことにある。チベット高原で最高頻度の B4 ミトコンドリアたる B4d1 と、最高頻度の F ミトコンドリアたる F1d が、仰韶文化期の河南・汪沟遺跡に同時に出現していることがこれに含まれる。チベット族の ADF ミトコンドリアの姉妹分岐も基本的に甘粛、青海などの周辺に分布している。齐家文化はチベット高原に登ることなく早期に分化したチベット・ビルマ語族であり、前述の通り主要ミトコンドリアは ABDF であって、現在のチベット・チベット族四大ミトコンドリアの一つである M9 は含まれていない。また齐家文化および南西部の非高原チベット・ビルマ語族には普遍的に高頻度の B ミトコンドリアが存在することから、高原チベット族が形成された際には B ミトコンドリアの参与が少なかったのに対し、M9 ミトコンドリアは大拡散を経験したことがわかる。チベット高原の F1b、F1c1a、F1d、F2、B4d が、それ自体が馬家窯 — 齐家文化体の後にチベット高原へ移住したものであることは正常である。ただし同時にチベット高原上の M13a、M62b は南アジア語族に分布している。

したがってチベット族と他のチベット・ビルマ語族のミトコンドリア上の区別は、前者が A、D、F、M9 を前四大ミトコンドリアとするのに対し、後者は A、B、D、F を前四大ミトコンドリアとすることにある。チベット・チベット族は平均約 25% の M9 ミトコンドリアを有

し、共祖約 5000 年の M9a1a1c1b に集中しているのに対し、M9 ミトコンドリアの中国における平均は約 1% 程度に過ぎない。M9a の姉妹分岐である M9b はチベット族集団には全く集中しておらず、中国南部と南西部およびインドシナ半島の非チベット族集団に分布している。M9 下流の M9a'b と E のうち、E2 ミトコンドリアの E2a はインドネシア諸島とマレーシア東部、フィリピンに分布し、E2b は台湾に分布する⁹⁾。E1 下流の E1a1 は台湾に分布し、E1a2 と E1b はインドネシア諸島とマレーシア東部に分布し、M9b1 は浙江に分布し、M9b2 はインドシナ半島のベトナムに分布する。

注目に値するのは白馬人、すなわち甘肅南東部に生活するチベット語方言を話す集団である。彼らは 60% 以上の頻度で D-P47 と D-F729 父系を有しており、これはチベット族の父系構造に類似している。白馬人とチベット・チベット族のミトコンドリアの類似点は、同時に高頻度の A、D、F ミトコンドリアを有することであるが、異なる点はチベット族の第一大ミトコンドリアである M9a1a1c1b が白馬人の中では低頻度であることであり¹⁰⁾、さらにスキタイ人由来の H6a1b が 5% を占めている。現在のチベットにおける M9a1a1c1b の古 DNA データから見れば、主に同じく共祖約 5000 年程度の O-M134 西部チベット・ビルマ語族特色分岐 O2a2b1a1a1a4a1-CTS5308 に集中している。M9 のチベット各地区における頻度分布に従えば、M9 が最高頻度の地区はシガツェ・ギャンツェ県で約 40% である。またチベット M9 の各地区の平均頻度は、アリ約 26%、チャムド約 13%、ラサ約 23%、リンチ約 12%、ナクチュ約 16%、シガツェ約 30%、サンナン約 25% であり、このうちチャムド、リンチ、ナクチュの三地区は他の地区よりも明らかに少ない。

参考文献

- [1] Trejaut J A, Kivisild T, Loo J H, et al. Traces of Archaic Mitochondrial Lineages Persist in Austronesian-Speaking Formosan Populations[J]. PLoS Biology, 2005, 3(8): e247.
- [2] Jordan F M, Gray R D, Greenhill S J, et al. Matrilocal residence is ancestral in Austronesian societies[J]. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2009, 276(1664): 1-9.
- [3] Kayser M, Choi Y, van Oven M, et al. The Impact of the Austronesian Expansion: Evidence from mtDNA and Y Chromosome Diversity in the Admiralty Islands of Melanesia[J]. Molecular Biology and Evolution, 2008, 25(7): 1362-1374.

- [4] 谢国先. 论中国少数民族谷种起源神话 [J]. 民族文学研究, 2006 (4): 17-23.
- [5] Li C X, Li J, Cui Y Q, et al. Ancient Mitochondrial Genomes Reveal the Maternal Diversity and Genetic Influence of the Qijia Culture in Prehistoric Eastern Asia[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2026, 53(1): 45–54.
- [6] Qi X B, Cui C Y, Peng Y, et al. Genetic Evidence of Paleolithic Colonization and Neolithic Expansion of Modern Humans on the Tibetan Plateau[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(8): 1761-1778.
- [7] Li X, Zhang X P, Yu T, et al. Whole mitochondrial genome analysis in highland Tibetans: further matrilineal genetic structure exploration[J]. *Frontiers in Genetics*, 2023, 14: 1221388.
- [8] Basnet R, Rai N, Tamang R, et al. The matrilineal ancestry of Nepali populations[J]. *Human Genetics*, 2022, 141(12): 1823–1838.
- [9] Soares P, Trejaut J A, Loo J H, et al. Climate Change and Postglacial Human Dispersals in Southeast Asia[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2008, 25(6): 1209–1218.
- [10] 毛乙臻, 王飞, 刘雨佳, 等. 线粒体 DNA 基因组揭示的白马人群的遗传结构 [J]. 中国科学: 生命科学, 2025, 55 (1): 153-167.

日本・米州・南アジアの集団遺伝構造

沖縄白保人と縄文ミトコンドリア

日本の現在最古の古 DNA データは、いずれも沖縄石垣島東海岸の白保竿根田原洞穴遺跡（Shiraho Saonetabaru Cave）に由来する。そのうち測定が完了したものの一部には、今から約 2.5 万年前のもので、現在まで沖縄に少量分布し約 0.5% を占め、アメリカ先住民族の B2 ミトコンドリアが属する B4b と同じく B4b'd'e'j 分岐に属する B4e ミトコンドリアがある。さらに 1 例の未だ更なる分型がなされていない R * があり、残り 3 例は後に縄文人の中で高頻度に出現する M7a1 である。日本の沖縄で最も早く B4e が検出されたため、B4e と後に日本で検出された B4f はいずれも最初に日本から命名された。ただし年代のより遅い縄文時代のミトコンドリアは、現在検出されているものは M7a と N9b に集中している。

したがって日本のミトコンドリア面における古 DNA の特色は、まず地理的位置が辺鄙であるため少数派の M と N ミトコンドリア分岐に欠けることであり、後の縄文時代にはほぼ M7a と N9b の二つのミトコンドリアに限定されるが、日本のより早期のデータには少数派で未だ分型されていない R ミトコンドリアの痕跡が出現する。日本特有で一定の年代、ここでは万年級またはそれ以上に近いミトコンドリア分岐を考慮すれば、日本は B4e、M7a、N9b、およびその具体的な系統が不明な 1 例の R * に限定される。さらに M7a が日韓を横断して分

布するのに対し N9b はそうではなく、韓国には約 1~4% の M7a があるものの N9b はほぼ 0% に近いことを考慮すれば、日本が現在特有で分型の明確なミトコンドリア分岐は、現在のデータから見れば B4e2 と N9b の二支に限定される。

他方、現代日本で最高頻度の D4 ミトコンドリアは、D4a、D4b、D4c、D4e、D4g などを含み、それぞれの内部共祖時間は普遍的に 9000 年を超えず、これは日本の M7a と N9b の共祖時間よりもはるかに短い。そして現在把握している少数の古 DNA データから見れば、日本で早期に出土した D4 ミトコンドリア、例えば土井浜遺跡（Doigahama）の弥生中期、番号 D1604 の D4h1a2 女性²⁷ は、測定された遺伝子成分から見れば現代日本人よりも現代韓国人により近い。したがって日本には悠久の古 DNA データがなく、高頻度の占比を持つ D4 ミトコンドリアは、少なくとも M7a と N9b に比べれば晩近に朝鮮半島から日本に到達した後に急激に拡散したものであり、それ以前は日本本土の原生ミトコンドリアではなかった。

次に日本の古 DNA 主流である M7a と N9b ミトコンドリアの上下流系統の分布状況を比較すれば、両者の上流ミトコンドリア姉妹分岐はいずれも中国東部、すなわち先史三海平原の範囲に近い地域に広く分布している。ただし下流ミトコンドリア姉妹分岐には顕著な違いがあり、前者の分岐多様性は日韓地域に集中するだけでなくアジア地域に広く分布するのに対し、後者の下流ミトコンドリアは現在のところ日本にのみ分布する。例えば M7a の最も近い姉妹分岐である M7b'c の下流 M7b のうち、M7b1a1a1 が日韓に分布する以外、残りの姉妹分岐である M7b1a1a2-7 と M7b1a1b はいずれもインドシナ半島地域に分布する。M7b1a2 は台湾原住民およびその他の南島語族の中に分布し、M7b1a と 1 例の M7b * は良渚文化区域内の寧波大樹島遺跡から検出されており²⁸、前者は雲南壮侗語族の雲南タイ族、苗瑶語族の広西瑶族、南島語族のアミ族、および中国南部地域にも高頻度に分布する。M7b1b は中央アジア、シベリアなどに分布し、M7b2、M7b3 はインドシナ半島に分布する。M7b'c のもう一つの下流分岐である M7c のうち、M7c1、M7c2、M7c3 は主に南島語族に分布し、東南沿海地域、例えば O1a1-

M119 と O1b1-M95 を核心とするタンカ（晝家人）では、ミトコンドリア面で高頻度の M7b と M7c が出現する^{4e}。

他方 N9b の下流分岐は全て日本に分布しており、しかも N9b の日本における古代から現代まで含めた地理的分布の特色は全体的に東部に偏り、ほぼ日本本州東部と東北部、さらに北海道地域に分布する。考古学的に見ても区別があり、日本の北海道から本州島中部以北の東日本地域では、縦長剥片の細石刃石器が多く用いられるのに対し、西日本地域では中国華北および東南沿海地域に近い横長剥片技術がより多く用いられる。したがって日本の N9b と M7a の分布規則の違いは、古代を含む日本の N9b が東部及び東北部で占比が多いのに対し、M7a は日本の古遺跡では東西両側にそれぞれ分布するものの、既知の研究から見れば西部の占比がより多い特徴を呈することにある^{5e}。さらに縄文成分が日本本州関東及び東北地域で比例がより高く、四国と近畿では低いことを考慮すれば^{6e}、N9b はこの成分の地理的位置とより同調しており、M7a がこの占比とより符合するわけではない。

M7 ミトコンドリアの日本分岐である M7a の地理的分布について、最も合理的な解釈は、先史時代に O1-F265 父系が東アジアに進出した際、最終氷期最盛期の影響を受け、O1b-M268 父系のうち O1b2-P49 が東へ移動した以外、O1b1-F2320 と O1a-M119 は東部に沿って南へ移動したというものである。これはまた M7 ミトコンドリアが日韓の M7a と中国南部の M7b'c に分化する直接的な原因ともなった。これは O1b2-P49 が約 2.8 万年前に分離し、M7a ミトコンドリアの起源時間も測定によれば約 2.6 万年前であり、両者の誕生時間も近いことを考慮したものである。近年の研究では日本の縄文人の中に、現在の南島語族、および東アジア南部沿海の集団に由来する成分が頻繁に発見されており^{7e}、これは最初に M7a ミトコンドリアがもたらした成分に関連するはずである。

M7a と同じく日本の古 DNA 主要ミトコンドリアである N9b について、東アジア全体の角度から見れば、N9 ミトコンドリアの東アジアにおける分布及び分岐多様性の重心も東部に偏り、先史時代には三海平原地域に起源した可能性があり、これは後に N9a、Y と N9b が島を跨

いで分化・隔離される重要な原因ともなった。そして後から見れば N9b は日本地域にのみ分布し、その姉妹分岐である N9a と Y は中国東部及び朝鮮半島と北東アジア地域に広く分布し、N9a 下流は主にインドシナ半島の N9a6 に分布する。古 DNA により、後に比較的早く東欧へ西遷した N9a8 と N9a9 は東アジア東部地域の N9 ミトコンドリアのわずかな波及に過ぎないことがわかっている。より重要な点は、共祖約 2500 年の Y2a1 がアジア南部寄りの南島語族に高頻度分布することは、N9 ミトコンドリアが南から北へ拡張したことを証明できないということである。

Y2a の姉妹分岐には、当時南下して日韓へ拡散しなかった Y2b と Y2d、およびシベリアへ拡散した Y2e がある。拡散前の大本営が河套地域にあり、その後北東の日韓と南東へ拡散した Y2 ミトコンドリアとは異なり、Y1 ミトコンドリアの後の拡散は主に半月弧形地帯への拡散である。Y2 ミトコンドリア下流の Y2a1 が南部寄りの南島語族に分布するものの、Y2a の他の姉妹分岐は東アジア地域に分布し、そのうち Y2_ も主に漢族に分布し、Y2a_ は中国東南沿海省份及び台湾地域に分布し、Y2b、Y2c、Y2d、Y2e、Y2f は中日韓に分布し、共祖 2500 年の Y2a1 は完全にフィリピン、インドネシア、東南アジアなどの地域に分布する。Y2a2 は台湾に分布し、Y2a3 はブルネイに分布する。これ以外にも、以前に台湾漢本遺跡の LMCM1 と LMCM2 を対象とした研究において、著者は Y2a1 が南島人に伴って東南沿海地域からインドネシア諸島へ進入したのであり、その逆ではないと見なしている⁸⁶。

日本先史時代の石器技術文化

日本の石器技術は旧石器時代を通じて中国華北 - 西北地域と同一水準の梯団にあり、極東の他地域、ここでは主に中国華南、インドシナ半島、インドネシア諸島、フィリピン諸島およびウォレス線以东のオーストララシアなどを全面的にリードしてきた。また日本縄文時代の縄文人は歴史上の登場時点で完全な磨製細石器技術を具備しており、例えば琉球北部の種子島（Tanegashima）では旧石器晩期の考古発見として、辺磨軸、片状工具、梯形器、磨石、飯石

のほか、木炭を伴う燃烧卵石簇と狩猟陷穽が発見されている。このうちマイクロブレードは日本本土九州で発見されたマイクロブレードと類似しており、距離が近く、しかも以前は島同士が連なっていた可能性が高いことを考えれば正常である。これとは逆に、東南アジア、華南地域では新石器時代が始まってもおお細石器技術を具備していなかった。

細石器技術は投擲用の石鏃を製造するほか、貿易網の手工品と装飾品、さらに各種生活用品の製造にも用いられた。例えば骨針は衣服を縫製し頭簪を作ることができるほか、骨削り、骨髓掘りの道具としても用いられた。また石臼で種子などの食物をより細かく磨ることで、咬合筋への需要を軽減でき、咬合筋が退化すれば頬骨の外拡を保留する必要もなくなる。特に鍋などの調理用品を製造してスープを煮ることもでき、縄文人は歴史上の登場時点で陶器の痕跡が出土しており、初歩的な鍋煮食体系を有していた。日本では本州地域のみならず沖縄地域を含め、例えば下原洞穴遺跡（Shimobaru Cave）では 1.6 万年前に特定の陶器破片が発見されている。陶器の用途は貯蔵のほか調理であり、石鏃が細石器時代早期段階を代表するとすれば、陶器は細石器晩期段階を代表する。

また日本縄文時代には、現在の学界の研究によれば明確に原始農業が存在しており、縄文人は純粋な狩猟採集者ではなかった。例えば日本北部青森県の三内丸山遺跡（Sannai-Maruyama Site）では、縄文人がそれ以前にクリ（*Castanea crenata*）、オニグルミ（*Juglans mandshurica*）、ダイズ（*Glycine max*）、アズキ（*Vigna angularis*）⁹⁶などの作物を意図的に馴化していたことが発見されている。もちろんこれは後に朝鮮半島から渡来した弥生人がもたらした完全な稲作農業技術とは異なり、前者は原始的な初歩農業に過ぎず、後者は完全な晩期農業である。

ただし注意を要する誤解は、日本史上晩近に朝鮮半島から渡来した弥生人群が、現在の研究によれば日本本土の縄文人と類似の遺伝子成分を有していることである。あるいはさらに言えば、現在実際に弥生時代の本州から出土した男性個体は普遍的に縄文成分が高く、現在の琉球諸島地域よりも高い場合さえある。研究済みの古弥生人はおよそ約 50% の縄文成分と

50% の北東アジア関連成分に拟合でき¹⁰⁾、この両者と、その後古墳時代に大量に流入した東アジア黄河流域関連の遺伝子を持つ人群とが合わさって、現在の日本人が形成された。これは弥生人自体が晩近の混血人群に属することを意味し、簡単に言えば縄文成分人群と先史北東アジア関連人群の二分混合であり、しかもその含有する縄文成分は、現代日本人の体内にある約 10% 程度の縄文成分よりもはるかに高い。

次に、弥生人の中には同じく高頻度で日本縄文人父系 D1a2a1c-CTS6609 の姉妹分岐である D1a2a1a-M125 が含有されていることを考慮すれば、後者は先史時代には朝鮮半島起源により偏っていたようである。韓国南部慶尚南道金海市の大城洞（Daeseong-dong）の墓葬、伽倻（Gaya）期における最重要の統治階層墓葬群の中から、1 例の D1a2a1-CTS9988 が発見されており¹¹⁾、これは先史時代の D1a2a-M55 全体の分布が日本列島のみに限定されるのではなく、樺太とカムチャッカ地帯、特に朝鮮半島南部にも関与していたはずであることを傍証的に示している。いわゆる弥生人の形成は、O1b2-P49 と朝鮮半島南部に分布する D1a2a-M55 が出会った時点で既に始まっていたのである。

アメリカ先住民族ミトコンドリアの関連

カムチャッカ地帯以外にさらなる延伸があるかどうかについては、20 世紀 90 年代から学界は既にアメリカ最古の人類活動痕跡がクローヴィス文化（Clovis Culture）であることを正式に否決している。現在明らかとなっている今から 2.4 万年前のカナダ・ユーコン地域に位置するブルーフィッシュ洞窟（Bluefish Caves）であれ、近年新たに発見された今から 2.1～2.3 万年前のニューメキシコ州ホワイトサンズ（White Sands）の足跡であれ¹²⁾、これらはいずれも伝統的なクローヴィス文化より約 1 万年近く早い。これ以外にも、今から 3.3～2.6 万年前のメキシコ・チキウィテ洞窟（Chiquihuite Cave）のようなより古い遺跡もあるが、現在出土した石器が人工製であることを明確に証明できないため、暫定的には算入されていない。ただしこれらの遺跡はいずれも重点ではないようである。

より注目に値する情報は、現在発見されているプレクローヴィスの諸文化と後のアメリカ先住民族文化の間には、石器技術の伝承関係がないことである。これらの人群はそれぞれ異なる石器技術体系を用いている。北米北西部地域、例えば今から 1.4 万年前のスワンポイント遺跡（Swan Point）では、今から約 2 万年前の北東アジア地域アルダン川流域のディクタイ洞窟（Dyuktai Cave）との間に石器技術の類似関係が存在することが発見されている。これらは窄楔形細石刃石核（wedge-shaped microblade cores）技術を主体とする湧別技法（Yubetsu technique）の細石刃伝統であり、後に大型投射武器に重点を置くクローヴィス文化とは区別される。同様に北海道の早期縄文人もこの湧別技法の細石葉技術を使用しており、この部分の石器技術は実は北東アジア、カムチャッカ、および北米北西部地域と共有されている。

20 世紀の一部のソ連学者、例えばアレクセイ・オクラドニコフ（Alexey Okladnikov）は、北米のその部分の先進的なインディアン文化を観察した後、多くの類似の結論を導き出している。すなわち先史時代に「縄文－カムチャッカ－インディアン」という北太平洋文化共同体が存在し、北米コアインディアンの細石器技術と縄文人の細石器技術には共通の起源があるというものだ。したがって大まかな意味は、2.5 万年以前に北東アジア地域に一種の先進的な細石器技術が出現し、後に一部の日本縄文人、カムチャッカ、およびさらに東のベーリング海峡と北米北西部地域に影響を与えたということである。ただしこの人群については現在のところ確証可能な古遺伝子データが未だ発見されておらず、間接的な石器技術の痕跡のみが存在する。そしてこの部分の未知の人群が影響を与えなかったアメリカ地域は、実は後から見れば南米地域である。

早期の研究では、南米先住民族、例えばスルイ人（Suruí People）、カリティアナ人（Karitiana People）、およびブラジル高原のシャバンテ人（Xavante People）などが、少量のオーストララシア、すなわちオーストラリアとニューギニア原サフル大陸などの先住民族成分を携帯しているとされていた¹³⁴。後にこの成分はアマゾン先住民族の中に出現するだけでなく、汎南米の太平洋沿岸集団にも同時に出現することが発見された。すなわちこれは南米先住

民族集団の中に広く分布する一種の成分である。ただしこれと対照的に、北米と中米ではこの成分が検出されておらず、あるいは一部の集団で検出されても極めて微弱である¹⁴⁾。現在知られている古 DNA の角度から見れば、北米では確かにコーカソイド類似の特徴を持つ早期人類遺骸が発見されている。例えば今から 8500 年前の北米のケネウィック人（Kennewick Man）であり、学界がこれに対して頭蓋測定を行った最初の判断は、ポリネシア人、特に北海道アイヌ人に類似し、明確なアメリカ先住民族の特徴に欠けるというものだった¹⁵⁾。ただし後に行われた全ゲノム検査では、アメリカ先住民族とより緊密な関連があることが示されており、ケネウィック人の Q-M3 父系、X2a ミトコンドリアはいずれも現アメリカ先住民族の主要な系統である。

ケネウィック人は、父系 Q-L54、ミトコンドリア D4h3a の Anzick-1 少年とは明らかに異なる。後者は中米と南米の現代部族、例えばアワフン人（Awajún People）、アヨレオ人（Ayoreo People）、グアラニ人（Guarani People）、カリティアナ人、シリオノ人（Sirionó People）、スルイ人、チマネ人（Tsimané People）などより類縁性を有する。そしてケネウィック人は、南米から出土した今から 9000 年前の Q-M848 父系、D4h3a ミトコンドリアの Sumidouro5 と同じく D4h3a ミトコンドリアであり、後者はオーストラリア先住民族集団と類縁関係があることが証実されている。D4h3 は実はアメリカ先住民族において D1 ミトコンドリア以外のもう一つの D4 ミトコンドリア下流分岐である。例えば南米南部のパタゴニア人（Patagonia）は最初は D1、C1、D4h3a ミトコンドリアの組み合わせであり¹⁶⁾、約 4000 年前には相次いで B2 ミトコンドリアが北部パタゴニアに流入した。この時点でパタゴニア人はまだ粗雑な細石器技術であったが、後に B2b ミトコンドリアが直接に一整套のアメリカ版新石器技術をもたらし、その後の 2000 年の間に直接に最高頻度のミトコンドリアとなると同時に、一整套の新石器技術の完全な方案を有するに至った。

そして B2 ミトコンドリアは実は共祖約 1.5 万年の B4b2 であり、その姉妹分岐 B4b1 は中国、特に北東部地域に分布し、同じく B4b'd'e'j 系統の B4j も現在は北東アジアの主要ミトコン

ドリアである。そして B2 ミトコンドリアのアメリカ人口はほぼ最近 6000 年以内に爆発的に増加したものであり、多様性は北米中南部地域に集中している。後のアメリカの農業拡散はさらに完全に B2 ミトコンドリアの拡散と同期しており、これもまたアメリカ先住民族が相貌、風俗、文化、技術において二つの全く異なる風貌に分化した原因となっている。例えば南米先住民族とニューギニア・パプア人にはいずれも関連する体系的な食人習俗があり、完全な内食人（endocannibalism）、すなわち自部族の死んだ親族を食べて親族の生命力を家族に回帰させること、さらに戦争復讐の性質を持つ外食人（exocannibalism）を焼き熟した形で行うことが含まれる。ただし北米先住民族には体系的な食人祭祀儀礼は存在せず、食人としても特定の飢饉条件下に限られる。三者がいずれも F-M89 下流の K2b-P331 父系である状況下で、明らかな差異は実はミトコンドリアの違いがもたらす常染色体の違いに他ならない。より膨大な数量の 18～20 世紀の資料が記載する相貌から見ても、北米と南米の先住民族には巨大な差異が存在する。

南アジア先住民族の階級的ミトコンドリア

このような同一地域に生活しながら風俗、相貌などが千差万別であるモードはアメリカ大陸のみに存在するのではなく、同様に南アジア次大陸にもこのような状況がある。歴史上、インド北西部及び北部地域とインド南部地域にも顕著な成分差異が存在した。南アジア人群の形成は簡略化して理解すれば、今から 7400～5700 年前にイランの早期農夫がインド北西部から南アジア地帯に進出し、当地の古南アジア先住民族と混合して原始ドラヴィダ人、すなわちドラヴィダ人（Dravidian people）を形成した¹⁷⁶。この形成が生じた時間は後にいわゆるインダス文明期（IVC）である。その後北部に留まった原始ドラヴィダ人は、後により遅く中央アジア草原から来た游牧民族（Central_Steppe_MLBA）と混合して古北インド人群（Ancient North India, ANI）を形成し、南へ移動したものは中央アジア游牧人群の遺伝子的影響をあまり受け

ず、その後より多くの古南アジア南部先住民族と混合して古南インド人群（Ancient South India, ASI）を形成した。

異なる人群成分の影響混合比例は、後のインドのカースト階級にさえある種の関連を持っている。周知の通りインドのカースト階級の遺伝子成分と非組換え領域は均一ではなく、例えばインド上層のバラモンとクシャトリヤは下層カーストに比べてより多くの古代北インド人群（Ancient North India, ANI）成分を携帯しており、南部底層のドラヴィダ人群はより多く本土古代南インド人群（Ancient South India, ASI）成分を主体としている¹⁸⁾。全体としては北西部地域に傾くほど、パキスタン、カシミールなどの地域の ANI 比例が同步して持続的に高まることを呈している。

非組換え領域から見れば、バラモンの中の R1a1a1b2-Z93 父系の占比はインド全体の他の階層より明らかに高く、現在学界がバラモンの創始父系と見なしているものでもある¹⁹⁾。そして西ユーラシア系ミトコンドリアはインドの高カーストの中で出現頻度がより高く、インドで最も一般的な R ミトコンドリア分岐である U または R5 はカースト人群では 15% を占めるが、カースト制度に組み入れられていない部落人群では 8% を占める²⁰⁾。U ミトコンドリアの部落とカースト人群における多様性も異なり、例えば部落では U2e が全く発見されず、U1 と U7 の頻度は非常に低い、上層カーストには U2e が存在し、しかも階級が高くなるほどその頻度も高くなる²¹⁾。H と T はインド北部ではインド南部に比べてより一般的であるが、J ミトコンドリアはインド南部人群にのみ出現する。

逆に M ミトコンドリアは部落群体の中で最も高い。M ミトコンドリアのインドにおける分布頻度は南と東へ傾斜することを呈し、U ミトコンドリアとは負の相関を呈する²²⁾。南インド部落群体の M ミトコンドリア頻度は 70~80% であり、南インドカースト群体の頻度 65% よりやや高い。ヴェッダ人の M ミトコンドリア頻度は最も低く僅か 18% であり、その R ミトコンドリア頻度約 45% もまた最も高く、主に U1a と U7a である。シンハラ人の R ミトコンドリア

アは主に R30b であるが、これらの関連民族にはいずれも一部の西ユーラシア人群の貢献が発見されている。

これ以外にも、M ミトコンドリアはインドでは南から北へ徐々に減少し、N ミトコンドリアはちょうど逆である。東インドと南インドのドラヴィダ語人群（ドラヴィダ人）は高頻度の M ミトコンドリアを有しており、南インドのナヤクポド部落の 76.32% から東インドのオラオニ部落の 81.58% まで不等である^{23°}。R30b は約 4.4 万年前のインド北部地域に生まれ^{24°}、そのうち R30b1 は主にインド北部に局限され、パンジャープ州、ジャンムー・カシミール州、ウッタルプラデーシュ州、グジャラート州を含む。R30a1c1 はインド南部のクルンバ人（Kurumba People）の一つの部落である「定住クルンバ人」（Uru Kurumban）人群の中にのみ局限されている。R30 の中で R30a は南アジアでの分布が最も広く、R30b2a はスリランカのヴェッダ人から検出されている。

U ミトコンドリアのような明らかに近東晩期から南アジアに到達した R ミトコンドリアに比べれば、R6、R7、R8 のような南アジアに起源するか、あるいは非常に早く南アジアに到達した R ミトコンドリアも存在する。R7a の頻度は主にインドのビハール州、ジャールカンド州、チャッティースガル州に集中し、R7b の頻度のピークはアーンドラ・プラデーシュ州にある。R7a の姉妹分岐である R7b はインド南部のドラヴィダ語使用者にのみ局限されるようであり、北インド人ではない。R7 ミトコンドリアは南アジア語系人群、主に北ムンダ語人群のケルワリ人（Kherwari People）の中に高頻度の R7 ミトコンドリアが出現しており、その下流で共祖僅か 3000～7000 年の R7a1 である。逆に R7 は南ムンダ語人群の中では非常に稀である^{25°}。したがって R7 が南アジア語系人群によってもたらされたとするのもあまり可能性はなく、最良の解釈は本土起源、あるいは極早期に南アジアへ移動したことである。R8 ミトコンドリアは旧石器時代中晩期には既に分化しており、同様に高頻度でインド東部のオリッサ州に出現し、低頻度でインドの各地区に分布する。最後に南アジア属性の強い N ミトコンドリアは N5、R5、R6、R7、R8、R30、R31、R32 を含むはずであり、他方 R1、R2'UT、R4、N2、

N3、N6 は汎近東、イラン、南アジア西北地帯に属するため、前者に比べれば南アジア属性は強くない。

R0a と HV_ の多様性は明らかに近東レバント一帯にあり、移動に参加せず近東大本営に留まった R ミトコンドリア分岐に属する。一部の R0a は U6 と共に北アフリカへ退いてもいる。他方 HV ミトコンドリアの全体の多様性の重心は R0a_、R0 * よりも中央アジア方向に寄っている。これもまた後に V ミトコンドリアが主に北東ヨーロッパに分布する分岐となり、H ミトコンドリアが印欧人の拡散において最大のミトコンドリアとなる原因となった。H ミトコンドリアが西ユーラシア系ミトコンドリアの中で人多勢衆であるのは、確かに印欧人と共に拡散して形成されたからに他ならない。

現在の研究によれば、古代南インド祖先（Ancient Ancestral South Indian）、すなわち AASI の標杆人群は、南インド先住民族部落の一部、例えば高頻度の F-M89、H-M69、中頻度の K-M9、C-M130、および低頻度の P-M45、R-M207、Q-M242 から構成される^{26^} イルラ人（Irula People）である。また高頻度の F-M89、少量の C-M130、および低頻度の J2a3-M68 と K-M9 から構成されるパニヤ人（Paniya People）もあり^{27^}、両者は現在知られている最も AASI を代表するインド辺縁部落先住民族と見なすことができ、その体内に含有される北方イラン新石器血統の占比は極めて小さい。これ以外にもインド南西海岸で高頻度の U1a1a、U2a1、M3a2a、M30 ミトコンドリア^{28^} から構成されるコラガ人（Koraga People）も、類 AASI とイラン新石器関連の混合に拟合することができる^{29^}。

これらの人群と類似の父系構造を有するものには、カニカラン人（Kanikaran people）、パリヤン人（Paliyan People）、プラヤル人（Pulayar People）、カダル人（Kadar People）、サントル人（Santal People）、コルワ人（Korwa People）、パルハヤ人（Parhaiya People）、ジュアン人（Juang People）、カリヤ人（Kharia People）、イルラル人（Irular People）、パニヤン人（Paniyan People）など、インドの正確な数を見積もることのできない辺縁部落先住民族がある。彼らの共通の特徴はいずれも高頻度の F-M89、H-M69 に加え、一定の頻度の C-M130、K-

M9 から構成されることである。これらの研究における K-M9 は K-M9 * 以外に、主に少数派の未分型の R1-M207 と R2-M479 を指しているはずであり、これもまた最も可能性の高い、彼らの元来のものではない晩近の外来父系である。AASI 成分の偏高い人群の普遍的な相貌特徴は、おおよそ肤色が黒く、巻き毛で、身材が低く、鼻根が陥没し、鼻梁が陥没するなどの類オーストラロ人種特徴であり、これは H1a1-M52、F-M89、J2b2-M241、C1b1-AM00694、R2a-M124、L1a-M76、Q1-M242 父系から構成されるソリガ人（Soliga People）³⁰ に対する記述である。

大衆が AASI 成分を代表すると誤解しているヴェッダ人（Vedda People）とアンダマン人は、AASI を直接代表することはできない。前者はより多くのイラン関連成分が混入していることがミトコンドリアから見て取れることが証実されており、後者は実際にはインド大陸 AASI 成分の姉妹分岐である。ミトコンドリアの頻度からヴェッダ人と純粋 AASI 部落の区別を観察すれば、ヴェッダ人の N ミトコンドリア比例は確かに M ミトコンドリアよりはるかに多く、その中には R30b、R8a1a3、R5a2b、U7a、U2a、U1a'c などの R ミトコンドリアが含まれ³¹、M ミトコンドリアには M3c1、M6a、M36a、M36d、M73'79、D4a、G3b1 が含まれる。ヴェッダ人が居住するスリランカの他の住民、例えばシンハラ人（Sinhalese）と比較すれば、後者にはより多様性のある M ミトコンドリア、すなわち M2a1、M12a1b、M36a、M45、M52、M33a1b、M35、M65a、M66 が含まれ、N ミトコンドリアには W、N1a1'2、R30b、R8a1a3、R5a2b、R6a、U1a'c、U7、U7a、P4a が含まれる³²。

父系の区別からアンダマン人とインド代表性 AASI 部落の区別を観察すれば、主な点は前者が二つの語系人群、すなわち大アンダマン語系（Great Andamanese languages）とオンガン語系（Ongan languages）を含むと同時に、全体として主に K2b-P331 と D1a2b-Y34637 の混合形態を呈することである。インド殖民者が 18 世紀にアンダマン諸島に侵入する前、大アンダマン語系の人口数はオンガン語系の人口よりはるかに多かったことを考慮すれば、K2b-P331 が主導的であっても依然として一部の D1a2b-Y34637 が混入している。他方代表性 AASI 辺縁部

落、例えばインドのイルラ人（Irula People）とパニヤ人（Paniya People）は 100% の F-M89 であり、D-M174 下流分岐を具備していない。

参考文献

- [1] Shinoda K, Adachi N. Ancient DNA Analysis of Palaeolithic Ryukyu Islanders[J]. *Terra Australis*, 2017, 45: 51-59.
- [2] Kim J, Mizuno F, Koganebuchi K, et al. Genetic analysis of a Yayoi individual from the Doigahama site provides insights into the origins of immigrants to the Japanese Archipelago[J]. *Journal of Human Genetics*, 2024, 69(12): 789-797.
- [3] 文少卿, 雷少, 孙畅, 等. 浙江宁波大榭遗址一期人骨的古 DNA 研究 [J]. *南方文物*, 2020 (06): 261-266.
- [4] He G L, Zhang Y, Wei L H, et al. The genomic formation of Tanka people, an isolated "Gypsies in water" in the coastal region of Southeast China[J]. *American Journal of Biological Anthropology*, 2022, 178(1): 154-170.
- [5] Yoshida K, Wakiyama Y, Nakamura Y, et al. Demographic history of the Jomon people: insights from whole-mitogenome analysis[J]. *Anthropological Science*, 2026, 134(1): 15-28.
- [6] Watanabe Y, Ohashi J. Modern Japanese ancestry-derived variants reveal the formation process of the current Japanese regional gradations[J]. *iScience*, 2023, 26(3): 106130.
- [7] Yang M A. A Genetic History of Migration, Diversification, and Admixture in Asia[J]. *Human Population Genetics and Genomics*, 2022.
- [8] Xu Y, Wiradnyana K, Zhou H, et al. Reconstructing the west-east genetic division in Indonesia using ancient genomes[J]. *iScience*, 2026, 29(6):115974.
- [9] Fujita M, Mizuno F, Yamasaki S. Prehistoric Migration of Homo sapiens in the Ryukyu Islands[A]//Ono R, Pawlik A. *The Prehistory of Human Migration: Human Expansion, Resource Use, and Mortuary Practice in Maritime Asia*[C]. London: IntechOpen, 2024: 1-20.
- [10] Cooke N P, Mattiangeli V, Cassidy L M, et al. Ancient genomics reveals tripartite origins of Japanese populations[J]. *Science Advances*, 2021, 7(37): eabh2419.
- [11] Gelabert P, Blazyte A, Chang Y, et al. Northeastern Asian and Jomon-related genetic structure in the Three Kingdoms period of Gimhae, Korea[J]. *Current Biology*, 2022, 32(15): 3211-3223.
- [12] Pigati J S, Springer K B, Bennett M R, et al. Independent age estimates resolve the controversy of ancient human footprints at White Sands[J]. *Science*, 2023, 382(6666): 73-75.
- [13] Skoglund P, Mallick S, Bortolini M C, et al. Genetic Evidence for Two Founding Populations of the Americas[J]. *Nature*, 2015, 525(7567): 104-108.
- [14] Castro-Silva M A, Ferraz T, Bortolini M C, et al. Deep Genetic Affinity Between Coastal Pacific and Amazonian Natives Evidenced by Australasian Ancestry[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2021, 118(18): e2025739118.
- [15] Rasmussen M, Sikora M, Albrechtsen A, et al. The Ancestry and Affiliations of Kennewick Man[J]. *Nature*, 2015, 523(7562): 457-461.
- [16] Postillone M B, Cobos V A, Urrutia C, et al. Mitochondrial DNA Diversity and Evolutionary History of Native Human Populations of Northwest Patagonia (Argentina)[J]. *Human Biology*, 2020, 91(2): 1-22.
- [17] Narasimhan V M, Patterson N, Moorjani P, et al. The Formation of Human Populations in South and Central Asia[J]. *Science*, 2019, 365(6457): eaat7487.
- [18] Moorjani P, Thangaraj K, Patterson N, et al. Genetic Evidence for Recent Population Mixture in India[J]. *The American Journal of Human Genetics*, 2013, 93(3): 422-438.
- [19] Sharma S, Rai E, Sharma P, et al. The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system[J]. *Journal of Human Genetics*, 2009, 54(3): 194-201.
- [20] Metspalu M, Kivisild T, Metspalu E, et al. Most of the extant mtDNA boundaries in South and Southwest Asia were likely shaped during the initial settlement of Eurasia by anatomically modern humans[J]. *BMC Genetics*, 2004, 5: 26.
- [21] Maji S, Basu S, Mukherjee N, et al. Distribution of Mitochondrial DNA Macrohaplogroup N in India with Special Reference to Haplogroup R and its Sub-Haplogroup U[J]. *International Journal of Human Genetics*, 2008, 8(1): 85-92.

- [22] Basu A, Mukherjee N, Roy S, et al. Ethnic India: A Genomic View, With Special Reference to Peopling and Structure[J]. Genome Research, 2003, 13(10): 2277-2290.
- [23] Singh R, Thangaraj K, Singh L, et al. Common genetic heritage and admixture among Indian population groups as revealed by mtDNA markers[J]. Annals of Human Genetics, 2012, 76(6): 487-496.
- [24] Desai S, Kumar L, Sylvester C, Krishna M S, Rao J S, Chandrasekar A. South Asian Maternal Lineage haplogroup R30 Provides Phylogenetic Evidence of human dispersal across South Asia[EB/OL]. bioRxiv, 2025.
- [25] Chaubey G, Karmin M, Metspalu E, et al. Phylogeography of mtDNA haplogroup R7 in the Indian peninsula[J]. BMC Evolutionary Biology, 2008, 8: 227.
- [26] ArunKumar G, Soria-Hernanz D F, Kavitha V J, et al. Population Differentiation of Southern Indian Male Lineages Correlates with Agricultural Expansions Predating the Caste System[J]. PLoS ONE, 2012, 7(11): e50269.
- [27] Yelmen B, Mondal M, Marnetto D, et al. Ancestry-Specific Analyses Reveal Differential Demographic Histories and Opposite Selective Pressures in Modern South Asian Populations[J]. Molecular Biology and Evolution, 2019, 36(8): 1628-1642.
- [28] Sequeira J J, Vinuthalakshmi K, Das R, et al. The maternal U1 haplogroup in the Koraga tribe as a correlate of their North Dravidian linguistic affinity[J]. Frontiers in Genetics, 2024, 14: 1303628.
- [29] Sequeira J J, Krishna M S, van Driem G, et al. Novel 4400-year-old ancestral component in a tribe speaking a Dravidian language [J]. European Journal of Human Genetics, 2025, 33 (12): 1897-1905.
- [30] Rowold D J, Chennakrishnaiah S, Gayden T, et al. The Y-chromosome of the Soliga, an ancient forest-dwelling tribe of South India[J]. Gene, 2020, 763: 100026.
- [31] Ranasinghe R, Tennekoon K H, Karunanayake E H, et al. A study of genetic polymorphisms in mitochondrial DNA hypervariable regions I and II of the five major ethnic groups and Vedda population in Sri Lanka[J]. Legal Medicine, 2015, 17(6): 539-546.
- [32] Ranaweera L, Kaewsutthi S, Tun A W, et al. Mitochondrial DNA history of Sri Lankan ethnic people: their relations within the island and with the Indian subcontinental populations[J]. Journal of Human Genetics, 2014, 59(1): 42-49.
- [33] Adachi N, Shinoda K, Umetsu K, et al. Mitochondrial DNA analysis of Hokkaido Jomon skeletons: Remnants of archaic maternal lineages at the southwestern edge of former Beringia[J]. American Journal of Physical Anthropology, 2011, 146(3): 346-360.

先史東アジア母系系統拡散モデル

先史 R ミトコンドリアの技術誕生史

古 DNA によれば、今から 4 万年前のブルガリア・バチョキ口洞窟（Bacho Kiro Cave、以下略して BK 洞窟）では、考古発見により副葬品の中に洞熊の牙の穿孔ペンダント、象牙の珠などの個人装飾品が既に出現しており、体质、生産技術、生活形態の上で既に現代知人に接近していた¹⁹。これとは逆に、今から 1 万年前の広西隆林人と雲南馬鹿洞人は、遺伝子検査が行われる前は長らく非知人であると誤認され、しかも男性と誤認されており、体质と文化の上で全方位的に BK 洞窟の女性古人に落后していた。

また今から 3 万年前の東北地域には骨針技術を有する AR33K 女性古人がおり、同時に AR33K には石磨及び意図的に種子を採集する意識もあり、これが製陶の基礎を築き需要を催生した。したがって一部の R ミトコンドリアが大規模かつ急速に拡散する以前に、それと数

万年の間隔を置く M ミトコンドリアの姉妹分岐と相遇した際、各方面に明らかな差異があったはずである。極東における真の意味での現代晩期知人の体质特徴は、最終氷期最盛期後の東北地域の類鬼門洞人群、および華南新石器時代前の類広西隆林人と雲南馬鹿洞人に由来するものではない。

晩期知人を除けば、既知のヒト属下の各人種は全て旧石器時代で止まっている。アフリカを出てネアンデルタール人（以下二人）に直面する生存圧力の下では、投擲類武器を製作する必要があり、さらに一整套の工具と生活様式が派生し、食物を精細加工する可能性も生まれ、骨針と骨笛が派生した。これらは装飾品、例えば髪簪に用いることができるほか、骨針で衣服を縫製することもでき、さらには草鞋、草籠、草船、あるいは皮で縫製した船さえも可能であった。これがアメリカ先住民族のうち草製の船を製作する人群が一部の地域にのみ集中し、全てのアメリカ先住民族に及ばない理由でもある。

標準化された細石葉、背刃小石器、複合嵌込工具を特徴とする技術は、後期更新世において全ての現代人群が共有していたわけではない。二人は近接格闘に長けてはいたものの、細石器技術を掌握した小型の嵌込石器は発見されておらず、一部の刺矛と手投矛などの狩猟工具しかなく、これも後に知人が二人に対して持った優位の一つである。ただしもし人類がアフリカを出た時点で既に細石器技術を掌握していたと仮定すれば、広西隆林人と雲南馬鹿洞人が依然として主に石核 — 石片と礫石工具を使用していることを説明できず、早期アマゾン地域にも北東アジア式楔形細石葉伝統が出現しなかったことも説明できない。これは恰恰に、細石器技術が全ての人群の拡散に完全に随伴して安定的に携帯されたのではなく、異なる地域で独立に生まれたことを示している。

もし細石器技術が人類の標準装備であるならば、近代の人類学者が考古及び体质分析に基づき、細石器技術を製作しかつ貿易網を有するようになるのは約 6 万年前になってようやく零星に出現し始めると見なしていることになる。R ミトコンドリアは 5～6 万年頃に出現するが、現在の古 DNA データから見れば空白である。ただしこの期間は実は現代晩期知人の現代

化行動が萌生し、強化され、安定的に遺伝し、初歩的に拡散した時期である。4.5 万年頃に R ミトコンドリアが中欧に出現した時点では既に現代知人の早期形態となっており、これらの人群は旧称クロマニヨン人、現在ではヨーロッパ早期人類を泛指するが、彼らは実は 4 万年前に最も早くユーラシア大陸北部で R ミトコンドリア化が生じた一批の人群である。

したがって真の意味での晩期知人、すなわち現代解剖学・行動学的意味での晩期知人はアフリカを出る際の標準装備ではなく、N ミトコンドリアの下流である R ミトコンドリアは正に二人がもたらした生存挑戦の中で崛起した。R ミトコンドリアが拡散を開始したのは丁度二人が隕落し始めた時期にも対応している。R ミトコンドリアは登場時点で細石器技術を有しており、二人は周知の通り細石器技術を発明していなかった。最後には細石器技術によって二人の防線を突破したのかもしれない。すなわち 5 万年前のヨーロッパは依然として二人の生存空間であったが、約 4.5 万年前には細石器技術を携帯する R ミトコンドリアが考古学的に見て既にドイツとブルガリアなどを占拠していた。3.9 万年前のナポリ超級火山噴火がこのプロセスを中断したことはあったものの、その後も依然として近東地域から源源不断と移住が続いた。

実際には約 5 万年前に N ミトコンドリア人群が既にヨーロッパ、フランス南東部及びドイツなどを含む地域への拡張を試みていたが、後から見れば二人に対して決定的な優位はなく、拡散は順調ではなかった。ヨーロッパにおける 4.5 万年は一つの分界線であり、それ以前に遷来した N ミトコンドリアは石器技術が未だ細石器技術に升级していなかったため、実質的に二人に対して優位を生むことができなかった。その後 N ミトコンドリアの下流分岐である R ミトコンドリアが到来して二人に直面した際、多輪の天災と投擲工具の使用の下で直接的かつ永久的に二人を替代した。そしてそれ以前に知人が数十万年にわたってアフリカを出ることができなかったのは、近東とヨーロッパに近接格闘能力の極めて強い二人が盤踞していたからである。これはまた、R ミトコンドリアの近東からの拡散が M と N ミトコンドリアに比べてより遅いことを傍証的に示しており、最も早く極東へ向かったオーストラリア大陸についても MN ミトコンドリア混合人群であり、同時に明確に R ミトコンドリアを有していない。

R ミトコンドリアは旧石器時代晩期から現在まで頻度が不断かつ急速に上昇し続けているミトコンドリアとして、明らかに細石器技術の恩恵を受けており、しかもこの技術変革の恩恵を受けた唯一のミトコンドリア大類である。これは二人の生存圧力が R ミトコンドリアの行動に変化をもたらし、ひいては細石器技術及び体质・社会などの変化が生まれ、同時に遺伝子上に痕跡を残したことによるものであり、発現時の選択偏好を含む。そして R ミトコンドリアは分離した時点で既に意識的に種子を採集することができたため、アメリカ、南アジア、北アフリカ、ヨーロッパ、東アジア各地の R ミトコンドリア人群はいずれも自主的に農業時代へ升级することができた。

東アジア R ミトコンドリア多様性の分析

インドシナ半島の南アジア語族の B と F ミトコンドリアは B5a1、F1a1、F1f に高度に集中している。F1a1 が同時に東アジアの諸族群に遍布しており、しかも F1a の姉妹分岐である F1c と F1f がいずれも主にチベット・ビルマ語族に分布し、F1 の姉妹分岐である F2 は南島語族と南アジア語族には基本的に分布しておらず、後にインドシナ半島へ移動した苗瑶語族と壮侗語族にも少量分布するに過ぎないのに対し、チベット・ビルマ語族はラダック・チベット族を含めていずれも高頻度であることを考慮すれば、この現象に対する最良の解釈は、F2 ミトコンドリアが F1 ミトコンドリアよりも拡散が遅かったため、南アジア語族と南島語族の拡散を完全に逃したことである。

これは B6 が漢藏人群とインドシナ半島関連人群の両方に同時に存在するのに類似しているが、B6 の姉妹分岐である B6'R11 下流の R11 は南アジア語族と南島語族には基本的に分布していない。R11 ミトコンドリアは 9000 年前に嫩江流域に出現し、甘粛の仰韶文化にも古 DNA があり、漢藏から延伸したモンゴル語、満洲・ツングース語族の集団のミトコンドリアはいずれも半月弧文化分布である。したがって南アジア語族は分岐単一の F1a1 と B5a1 を除外すれば、ほぼ各種の少数派 M ミトコンドリアを主体としており、カンボジア国内だけでも M20、

M12b1a2、M13c、M7b1a1、M17a、M17c、M21b、M23'75、M24、M74b、M46b、M73c、M21b3、M74b3、M74cなどを有する²⁹。

同様な点として、北方漢族とチベット・ビルマ語族の B、F/R9 ミトコンドリアの多様性は南方漢族と壮侗語族、苗瑶語族よりも高く、そのうちの一部は純粋な南方特有分岐でさえある。例えば F1a'c'f は F1a1'4 のみが南部特色分岐と見なせるが、それでも依然として南部と北部、および南西部、漢藏語族に同時に分布している。他方東南アジア境内の主流の B、F/R9 の現存最古は約 4000 年であり、上限は多くとも 6000 年程度に達する可能性がある。さらに南アジア語族と南島語族がいずれも約 4000 年前になってようやく大面積でインドシナ半島と南太平洋諸島へ拡散したことを考慮すれば、

早期に主張された中国南東から上陸したとする説は、R ミトコンドリアが先史時代にスランド（巽他古陸）起源であることを論証する必要があることを意味する。ただし南島語族と南アジア語族の分岐は単一で共祖は 6000 年を超えず、しかも南島人が最初に東南沿海から外へ拡散したことは既に国際的な定説であり、言語およびミトコンドリア分化の両面から見て明らかである。苗瑶語族と壮侗語族は登場時点で既に稲作農業を有しており、しかもミトコンドリア主導の神話体系を有し、南西部低海拔のチベット・ビルマ語族と同様に女神が高山から来たという伝説を有する。その B と F ミトコンドリアの頻度も高く、多様性は南部特有分岐に局限されるものの、関与する分岐は南島語族と南アジア語族をはるかに超えている。

したがって東アジア主流の B、F/R9 ミトコンドリアは、現代分布から古 DNA、さらには現在の分岐多様性に至るまで、新石器時代に大規模拡散する前に、最初に横断山脈以東、すなわち現在の陝甘川一帯に起源したことが見て取れる。このようであってこそ、ABF ミトコンドリアが新石器時代に拡散すると同時に、中央アジアへ西遷してスキタイ人の形成に参与することもできれば、シベリアへ北上して参与することもでき、東部平原へ東進することもでき、あるいは南西部、インドシナ半島地域へ南遷することもできるのであり、他のミトコンドリアは地理的位置に制限されるためこのような現代分布を呈することができない。新石器時代に爆

発的に広まったその十数支の分岐を除去すれば、上流の姉妹分岐は現在でも基本的に雲貴川西部、および横断山脈以東の陝甘川、さらには雲南などの漢藏語族人群の中にある。

したがって新石器時代前の B、F/R9 ミトコンドリアの東アジアにおける大本営はチベット高原北東縁の陝甘川一帯に位置し、最終氷期最盛期には主力が横断山脈東部に沿って南下した。これが現代のこの一帯に早期分化の少数派分岐が多い理由でもある。新石器時代以降は圧倒的な形で南方と東南アジアへ拡散し、これが F1a1 が南方に遍布するだけでなく北方にも同様に遍布し、同時に F1a の姉妹分岐である F1c と F1f も主にチベット・ビルマ語族に分布する理由でもある。F1a1 は現在の占比が 3% を超えてはいるものの、僅か約 9000 年であり、新石器時代の拡散は劇烈であった。多くの人群にとって B、F/R9 ミトコンドリアが比較的遅い外来であり、拡散前に元々居住していた地域の海拔が高く、しかも多様性が横断山脈以東のやや原始的な漢藏羌人群の中にあり、苗瑶語族と壮侗語族はその延伸に過ぎず、南アジア語族と南島語族はわずかに波及したに過ぎないという点に思考の重点を置けば、一見異常に見える一部の現象を很好に説明することができる。

極東 R ミトコンドリアは最初に父系に随伴

したがってこれらの手がかりは全て、現在未だ察知されていない一種の人群が存在し、最初に東アジアと東南アジアの主流の R ミトコンドリア分岐に随伴して極東地域へ移動し、共同で東アジアに古近東地域の外貌形質特徴をもたらしたことを指し示している。後に不断に希釈されはしたものの、この成分は北から南へと順次東アジアから東南アジア地帯へと流れ、過程の中で一部の北米地域に間接的に影響を与えた可能性さえある。ただし現在のところインドネシア諸島にはあまり影響を与えておらず、メラネシアおよびオーストラリア大陸にはこの影響は殆ど見られない。現在の分子人類学の限界性に制限され、我々は常にある種の直接的な決定的証拠を掌握することができないが、各種の間接的な証拠を通じて積み重ねることはでき

る。ここでは一つの条件を満たすだけでは足りず、他の可能性に比べてより多く、あるいは全ての条件を満たして初めてこの構想を支持することができる。

一、この父系は旧石器時代に最も早く極東へ向けて出発し、最も早く極東に到達した父系の一つである。ただし关键点は、この人群が明らかに他の人群よりも到達または拡散がやや遅いことにある。これは現在の東アジア主流の R ミトコンドリアの拡散が比較的遅いことに対応するだけでなく、同時に私が以前繰り返し言及した通り、オーストラリア大陸とメラネシア地域はこの部分の人群の影響が最も小さく、しかもこの二つの区域は極東で最も深く、学界が明確に最も早い一批の移動をした現代人類でもある。したがってアメリカ大陸を人類が極東で最も遅く踏みしめた土地として参考にしないことを除外すれば、私の意味するところは、この人群のオーストラリア大陸およびメラネシア地域における分布は少ないか、あるいは分布が全くない可能性さえあるということである。

二、早期に拡散した人群は他の当地の古人類と遺伝子交流を行うことを避けられないが、逆に拡散が遅い人群ほどこの部分の常染色体に接触するのが遅くなる。それに対応するのは、この父系が拡散上比較的遅い以上、古人類成分、例えばネアンデルタール人あるいはデニソワ人、および最近の中国直立人遺伝子の占比についても、他の人群より少ないはずであるということである。

三、以前に何度も暗示した通り、R ミトコンドリアは実は最初から近東地域周辺に由来する。これはこの父系が二つの可能性を持つことを意味する。一つは直接的に近東起源であり、一部の当地の R ミトコンドリアを携帯していること、二つ目は近東以外の地域に起源するが、極東へ向かう途中で近東を経由することである。これはもし第一の場合であれば、この人群の平級分岐は近東周辺地域に依然として残留しているはずであり、第二の場合であれば、他の分析を通じてこの人群の移動が近東を経由したかどうかを判断するしかないことを意味する。

四、最も关键点なのは、私が以前に行った東アジア - 東南アジアの主流 R ミトコンドリア分析、および人類学界の不文律たる定理、すなわち絶滅または絶滅寸前の場合を除き、父系と父系の間でミトコンドリア多様性を容易に交換することはできないため、拡散末端が孤立している人群ほど分岐が単一になるという点を結合することである。したがってこの父系と B、F/R9 の多様性は同期しているはずであり、すなわちより多くが漢族、チベット・ビルマ語族に集中し、次いで苗瑶語族、壮侗語族に零星分布がある可能性があり、南アジア語族、南島語族は最も分布が少ないはずである。

五、同様に R ミトコンドリアの拡散とも同期しているはずであり、すなわち少なくとも一つの分岐が新石器時代以前に明らかにチベット高原北東部縁地帯に集中しており、北西地域に他の地域より高い多様性と頻度を有しているはずである。中国の範囲から見れば、この父系の分布特徴は偏西分布であるはずである。

六、最後に、この父系が他の人群の影響をあまり受けていない状況にあることも排斥しない。序言で私が言及した通り、人群の相貌は混血しない限り容易に変動しないため、近東から来た時の相貌を保留している可能性があり、すなわち一種の類古コーカソイド的相貌を呈する。これは近代に一部の西方人類学者によってコーカソイド特徴を帯びた人群と見なされた可能性があるが、この一批の人群は旧石器時代以前に移動してきたものであり、現在の近東人群とは明らかに同一の人群起源ではないため、非組換え領域の検出にのみ用いられる粗雑な測算では東アジア特徴と認識され、一部の遺伝子分析プログラムでは痕跡はあるものの近東人群との直接的な関係は見られない可能性がある。したがって肉眼で見えるコーカソイド特徴が観察されたとしても、最終的には「偽コーカソイド特徴」と区分されることになる。

以上の条件の全てに符合する極東の父系は実は D1-M174 である。地理的分布から見れば、D1-M174 の绝大部分の人口は殆ど東アジア地域にのみ局限されており、他の人口は低頻度の形でインドシナ半島と中国南西部の境界部の各国に分布している。これ以外にインドネシア諸島、フィリピン諸島、メラネシア、オーストラリア大陸の先住民族部落は、分子人類学の

この十数年の発展の中で不断に繰り返しテストされてきたが、現在の状況は原生部落が CF-P143 下流の K2-M526 と C1b-F1370 父系を主体としており、D1-M174 の痕跡は全くない。

D1b-L1378 は D1-M174 全体の中で最も極東に深く入り込んだ系統として、現在は商業的にのみ、原生辺縁部落のないフィリピン中部セブ区域付近、ならびにインドシナ半島及びマレー半島などの地域から検出されている。先史時代にスンダランド（巽他古陸）北部へ拡散した疑いがあるが、現代の地理的分布から見れば明らかに K2-M526 および C1b-F1370 の所在するインドネシア諸島、オーストララシアなどの地域には深く入り込んでいない。すなわちそれはウォレス線以西にのみ局限されているだけでなく、スンダランド南部、すなわち現在のインドネシア諸島のスマトラ島、ジャワ島、ボルネオの众多の辺縁部落からも現在のところ検出されていない。

他の要因を考慮しなくとも、現代の地理的分布から見るだけで、D1-M174 が同時期に極東へ向かった CF-P143 下流、K2-M526 と C1b-F1370 父系よりやや遅く向かったか、あるいは少なくともやや遅く極東地域に深く入り込んだと推測できる。具体的な時間差は依然として未知であるが、これらの父系がいずれも早期に極東へ向かった父系であることを考慮すれば、数千年の時間間隔がある可能性があり、この間隔はこのような地理的分布の差異を生むに十分である。

さらに現存する D1-M174 全体の共祖時間が各機関の測算により約 4.5 万年であること、また琉球諸島の考古学的証拠が少なくとも約 3.5 万年前には既に人が居住していたことを示していること、チベット高原北部縁の最古の遺跡が約 4 万年に近いことを考慮すれば、私は D1-M174 が 4.5 万年前に地中海東岸付近から東へ向けて移動を開始し、その後今から 3.5～4 万年前に D1a1-F6251 と D1a2-M55 が相次いでアルタイ山脈付近とカムチャッカ - 日本列島地域に到達し、残りの D1-M174 * は直接南へ向かってスンダランドへ深く入り込んだ可能性があるが、現代のデータから見ればウォレス線以東の地域を穿越するには至らなかったと推測する。

巧合なことに、ネアンデルタール人とデニソフ人の遺伝子は丁度ウォレス線以東の地域に広くかつ高頻度に分布しており、これにはフィリピン諸島、メラネシア、サフル大陸などが含まれる³⁾。彼らのデニソフ人含有量は各種の研究において明らかに他の人群より高く⁴⁾、その上オセアニア人群は既に明確に大量のデニソフ人の免疫系遺伝子断片を含有することが証実されており、これは当然長期的な遺伝子交流接触の結果である⁵⁾。ならびに以前に言及した最高のデニソフ人成分が、K2b-P331 父系を主体とするフィリピンのマグブコン・アエタ人 (Ayta Magbukon) ネグリートから検出されている。

パプア - メラネシア、オーストラリア地域の先住民族はネアンデルタール人と同様の稀な RHD (Rh 血液型) 系統変異体の組み合わせを有しており⁶⁾、これはもし一名のネアンデルタール人が現代社会に生活していて緊急輸血を必要とした場合、この時ニューギニアとオーストラリアの土着先住民族コミュニティでこの血液型を探せば最大効率で適合する血液型が得られることを意味する。このような現象が生まれるのは古人類との遺伝子交流によるほかない。これがまた二人成分がオーストラリア - メラネシアでは東アジア - 東南アジア人群より高く、東アジア - 東南アジア人群の二人成分はまたヨーロッパ人群より高く、ヨーロッパ人群は北アフリカ - アフリカ人群より高い理由でもある。このような比例上の差異に対する合理的な解釈は、先史時代の E-M96 は基本的に二人と頻繁な遺伝子交流を行わなかったか接触が少なく、CF-P143 と D1-M174 父系はアフリカを出る際に二人と一部の遺伝子交流を行った可能性があり、F-M89 の下流 K2-M526、特に K2b-P331 は歴史上二人と頻繁な遺伝子交流を行ってきたというものである。

したがって二人とデニソフ人の高比例成分の地理的分布は D1-M174 の分布範囲を完全に避けている。また現在の縄文人に対する研究では、その体内のデニソフ人と二人成分が古今東アジア人群の中で最も低く、現代西ユーラシアの水準にさえ相当することが証実されている⁷⁾。研究はこれが縄文人が根部東アジア系統に由来し、この系統がデニソフ人、ならびにネアンデルタール人との接触が少なく、縄文後期になってようやく他の東アジア人との接触を通じ

て少量のデニソワ成分を獲得したことを示すに過ぎないと見なしている。そしてこの東アジアに存在する早期分化しかつ殆どデニソワ人の影響を受けていない現代人系統こそが、早期に極東へ来た D1-M174 である。

少なくとも最初に極東へ来た人類が一部の古人類と交雑する中で、縄文人はあまり参与しなかったことを示しており、他の関連する父系分岐についてはまだこのような研究が明確に行われていないが、同様であるはずである。東アジアとアメリカの特色突然変異である EDAR 370A 突然変異が縄文人群体の中で基本的に頻度を持たないことも含まれる。縄文人はまた大部分の東アジアとアメリカ先住民族が有する铲形構造の門歯も持っておらず、铲形門歯は最初直立人と関係があると思われ、多くの出土した直立人化石はその歯に铲形特徴が存在することを示している。

歯の大きさから見れば、世界範囲で歯が最も大きいのはオーストラリア先住民族であり、次いでメラネシア、ミクロネシア、サハラ以南アフリカとアメリカ先住民族、ならびにフィリピンのネグリート人 (Negritos) である。中間に位置するのは東アジア、東南アジアとポリネシアである。そして歯が最も小さいのは西ユーラシア、日本縄文、と日本現代アイヌ人であり、同時にこれらの歯が最も小さい人群は最も早く陶器の調理を使用して食物を準備した人群でもある⁸⁶。以前に言及した雲南馬鹿洞人、広西隆林人、福建奇和洞人と亮島 1 号も歯が偏大であることを含む。ただし晩期に直接成熟新石器時代へ移行した B、F/R9 ミトコンドリアは直接的に小歯である。大きさだけでなく、ターナー二世 (Christy G. Turner II) がアメリカとスンダランドの歯の形態を比較した際にも、縄文人と前者の铲形門歯には顕著な区別があることを発見している。

現代アイヌ人の父系は殆ど 82% の D-M55_原生分岐、ならびに後期に流入した可能性のある約 7% の D1a2a1a-M125 大和分岐、さらに約 12% の晩期に融入した樺太ニヴフ人の C-M217_から構成される⁹。ニヴフ人からは D-M55 * が検出されていないこと、またアイヌ人には少なくとも很大一部分の北アジアミトコンドリア元素があることを考慮すれば、この流入はニヴフ

人群からアイヌ人への流向である。そして類鬼門洞人群の直系継承者たる下アムール川、オホーツク海地域の先住民族の影響を受けたため、後期アイヌ人にはしばしば一種の混合相貌特徴が出現し、この相貌は扁平な面部と濃厚な髭を兼ね備えており、これも 19 世紀末に西方人類学者がアイヌ人を撮影した際にアイヌ人の夫婦がしばしば全く異なる状況を呈することを観察した理由でもある。

近東起源または近東経由については、早期の極東父系は私の見るところいずれも符合する。K2-M526 の兄弟分岐 K1-L298 は現在一部が近東地域に分布している。C1a-M8 と C1b-F1370 の兄弟分岐 C1a-V20 も最も早くヨーロッパのプロセスに参加した父系である。同様に D1-M174 の平級兄弟分岐 D2-FT75 は現在近東 - 西アフリカ地域に分布しており、したがってこの項目については各系統間に大きな差異はない。

現代分布から見れば、最初 C1b2-Z31885 と K2-M526 も一部の NR ミトコンドリアを携帯していた可能性があり、これはヨーロッパ先住民族の中に一定比例の N13、N14、O、S が存在することを説明できる。ならびに P ミトコンドリアの多様性はフィリピン諸島とメラネシアに分布し、最終氷期最盛期の約 2 万年前にオーストラリアへ迁入し、その後まもなくメラネシアとオーストラリア先住民族の主流ミトコンドリア分岐となった。P5 ミトコンドリアはインドおよびスリランカのタミル人にも存在し、P4a はスリランカからも検出され南アジアと関係がある。ただし古 DNA 関連情報があまりに欠如していること、およびこれらが明らかに後に大規模拡散し極東特色の現代体質を携帯したミトコンドリア分岐ではないことから、当然東南アジアの R21、R22、R23、N7、N8、N11、N21、N22 についても現在掌握している情報が少なすぎるため、私の現在の研究ではこれらのミトコンドリアの判断分析には涉及しない。

父系とミトコンドリアの同歩拡散の問題について、D1a1-F6251 は最高の多様性が漢蔵語族に集中し、次いで苗瑶語族、壮侗語族、そして R ミトコンドリア多様性が最も低い南アジア語族、南島語族という条件を満たす唯一の父系である。南方漢族、苗瑶語族、壮侗語族が南

アジア語族、南島語族に比べて父系上の差異を持つのは、丁度前者に一定比例の D-F1070 父系頻度があるのに対し、後者には全く D1a1-F6251 分岐の頻度がないことにある。

したがってこれが壮侗語族、南島語族、ならびに苗瑶語族、南アジア語族がいずれも核心東アジア常染色体を携帯する B、F/R9 ミトコンドリアを南へ拡散させ、B、F/R9 南方分岐のみを有し、より外縁の南島語族と南アジア語族は分岐が非常に単一であり、壮侗語族と苗瑶語族には北方分岐が見つからないのに対し、D1a1-F6251 が深度参与するチベット・ビルマ語族は直接各種の分岐が揃っている理由でもある。

壮侗語族と苗瑶語族も同様に多様性に富む B、F/R9 を有してはいるが、その特徴は晩近の漢族融入を考慮しなければ殆ど北方分岐の痕跡がないことである。他方四川および後に南遷した雲南の一部の貴州チベット・ビルマ語族では、B、F/R9 は主に北方分岐ではあるものの南北を横断し同時に一定比例を占めている。

また D-F1070 は今から 2 万年前の最終氷期最盛期に D-F849 大部隊から離脱したに過ぎず、分岐多様性はおおよそ D-Z27269 に及ばない。したがって同時に南西部地区、苗瑶語族と壮侗語族に位置する B、F/R9 は南方特定分岐にのみ局限され北方分岐を持たないのに対し、チベット・ビルマ語族は D1a1-F6251 父系が明らかに高頻度の人群であるため北方分岐と南方分岐が同時に存在する。

D1a1-F6251 の中国における平均占比 2.5% の人口分布は明らかに均一ではない。早期の研究が提供するデータによれば、その中国北部と西部における頻度は平均水準より高く、例えば陝西漢族は 9%、甘肅漢族は 6%、雲南漢族は 4.4%、広西漢族は 3.7%、湖南漢族は 3.3%、四川漢族は 3.2% であるのに対し、東部沿海省份である江蘇、浙江、福建を含む漢族人群は約 1～1.5% に過ぎず、甚だしきは甘肅、四川、貴州、雲南の一部の地区では漢族のサンプリングが 10% を超えており¹⁰⁾、逆に東南沿海地区の一部のサンプリングは直接 0% に逼近している。

人口密度から見れば、D1a1-F6251 の人口は主に陝甘川一帯に集中しており、人口頻度から見れば、D1a1-F6251 はチベット、青海、甘肅の三つの省份に高頻度で集中している。した

がって全体的に見れば北西から南東方向へ減衰する傾向があり、西部の多様性と人口は東部より高い。D1a1a1a1-Z27269 の公式分布頻度からも西部地区に集中し、東南地区の頻度が最も低いことが見て取れる¹¹⁾。

古 DNA から見れば、現在のところ D1a1-F6251 の最古の標本は今から 5750±200 年の甘肅天水王家陰窪遺跡にある。したがって現代遺伝子研究、古代遺伝子研究、民族歴史記載などの多方位から考察すれば、先史時代の D1a1-F6251 は基本的に蘭州以西の黄河中上流の河湟一帯に起源したことを確定でき、歴史上不断に南へ、すなわち現在の川西地区へ、一部は東部平原へ拡散し、さらに後に馬家窯期に一部の系統がチベット高原地帯へ移動した。初始拡散地は甘肅周辺一帯付近に位置する。

D1a1-F6251 下の D1a1a1b-F1070 は比較的早く南下した系統であり、最終氷期最盛期に D1a1a1-F849 主部隊から離脱して南下した。その下流は 3500 年前に形成された一支の D1a1a1b1a-Z41068 が広西地区に集中分布する以外、他の分岐である D-Z41207 は基本的に湖南、貴州などの長江中上流流域一帯に集中している。そして D1a1a1b-F1070 のもう一つの平級分化した少数派分岐 D-MF56257 は現在四川および長江流域省份に分布している。他の父系の状況については、西部チベット・ビルマ語族の O2a-M134 は基本的に分布偏西分岐、特に創始者効果の強い O-CTS5308 であるのに対し、比較すれば D1a1-F6251 父系は西部に創始者効果が存在せず、分岐多様性が高く、少なくとも現在明らかな西部属性を持つ大父系分岐は D1a1-F6251 の一支のみである。

最後に近代西方人類学者、例えばソ連出身のニコライ・チェボクサロフ（Nikolai Tscheboksarow）らの学者の説によれば、東アジアの中で日本北海道アイヌ人、中国川西一帯、および一部の台湾先住民族にはコーカソイド常染色体が混入しており、外貌形質に類コーカソイド特徴が出現すると見なされている。19～20 世紀の複数の著名な、アイヌ人の文化と言語を実地考察した英国宣教師バチェラー（John Batchelor）、フランス人類学者ジョルジュ・モンタンドン（George Montandon）、さらに多くの専門的な体质人類学者、例えばドイツ人類

学者エゴン・フォン・アイクシュテット（Egon von Eickstedt）、米国人類学者マリア・イネス・ヒルガー（Marie Inez Hilger）、米国人類学者カールトン・S・クーン（Carleton S. Coon）、英国のイザベラ・バード（Isabella Bird）、英国のトーマス・ライト（Thomas Wright）はいずれも一致してアイヌ人がコーカソイド人特徴を携帯していると見なしており、彼らの説によればアイヌ人はユーラシア原始コーカソイドの残留である。一部の説ではアイヌ人は先史ロシア人と混血したとされるが、父系とミトコンドリアから見れば関連する痕跡は一切発見されていない。

当然一部の人が意図的に 20 世紀以降のアイヌ人とニヴフ人の大規模混血後の扁平退化型アイヌ人を探すことがあるが、これは全く意味がない。近代には実は非常に多くの専門的な西方可人類学者が比較的原始的な段階で既に実地考察を行っており、彼らは自ら実地へ赴いて考察し、しかも年代が十分に早く、専門的な人類学の蓄積知識という基本功底を満たしていたからである。アイヌ人は歴史上近代以前に現代文明に接触したことの無い巨量の人群の一つとして、その技術水準と文化風俗は基本的に第一梯団に属すると見なすことができ、この結論を得るには南アジア、東南アジア、オーストラリア、南米、サハラ以南アフリカの千奇百怪な辺縁部落を繰り返し比較するだけで十分である。

ニコライ・チェボクサロフの言う川西地帯については、後から分子人類学の角度から見れば川西一帯は D1a1b1-P47 高頻度分布区域であり、アイヌ人は非大和分岐 D1a2a-M55 * の高頻度分布区域であり、最後に台湾先住民族は高頻度の B、F/R9 ミトコンドリアを継承しかつ創始者効果を持つ O1a-M119 と O2a-M324 である。

早期体质人類学界はチベット族人群を二類に区分していた。第一種は僧侶型、別名チベット A 型と呼ばれ、主に衛蔵地区に分布し、短寛頭（brachycephaly）、闊面（euryprosopic）、面部が寛闊扁平で、面中部が舒展し、乳突が偏小、枕外隆突が平緩、眉弓が弱いなどの特徴を有する。第二種は武士型、康巴型、別名チベット B 型と呼ばれ、主に康巴、安多地区に分布し、長狭頭（dolichocephaly）、頭蓋が前後により長く横に狭く、顔型が狭長で面部の立体縦深

がより強く、鼻骨が前突し眉弓が粗壯であり；乳突が発達して外凸し、枕外隆突が顕著に突出し、眶上隆起が明らかであるなどの特徴を有する。

現在公式が提供する既知のチベット地区 D1a1b-P47 父系の占比データによれば、衛蔵地区は日喀則チベット族が約 40%、ラサチベット族が約 48%、山南チベット族が約 38%、アリチベット族が約 30% を占める。安多地区は甘南チベット族が約 52%、青海チベット族が約 48%、那曲チベット族が約 54% を占める。最後に康巴地区は昌都チベット族が 62%、川西チベット族が 57%、木雅人が 60% を占める¹²⁾。より大規模な統計によれば、D1a1b-P47 父系のチベットにおける分布は低から高への規則がそれぞれ日喀則、山南が約 40%、アリ、ラサが約 55%、林芝、昌都、那曲が約 70% 程度である¹³⁾。

アンダマン人については、18 世紀に英国殖民者がアンダマン諸島に上陸した際、K2b-P331 を主体とし少量の他の F-M89 分岐を加えた大アンダマン語系人群は粗略に約 5000 人程度と推定され、D1a2b-Y34637 を主体とするオングアン語系人群は全体で粗略に約千人程度と推定された。これは近現代の殖民の影響を除外すれば、前者の人口は後者の人口の数倍以上であることを意味する。ただしアンダマン人は K2-M526 にせよ D1-M174 にせよ、長期の地理的隔離と強い遺伝的浮動を経験したため、有効集団サイズが偏小で分岐多様性が偏少である。K2-M526 を研究するにはパプア関連人群を優先的に参考にすべきであり、D1-M174 については分岐がより多様な藏羌、縄文人群を選択すべきである。アンダマン人の K2b-P331 分岐は現在まで細分されてはいないものの、D1-M174 の状況とほぼ同様に共祖年齢が非常に晩近の分岐であると推測される。

私がここで言いたいのは父系染色体と相貌を結びつけることではなく、現有のデータが指し示す一種の傾向性であり、これは本質的に確率の問題である。そして新石器時代、例えば中国地区の各人群の父系とミトコンドリアが未だ大規模に融合していなかった時期には、体质差異は真実に存在した。融合は少なくとも東アジア地区では 4000 年前に基本的に既に融合均一となり、現在ではなおさらであるため、この差異が現在まで存続していると言うのではない。

そして現在内部婚姻を実行しているように見える孤立した人群であっても、歴史に登場した時点で既に晩近に他の人群と混合した状況が出現している可能性があるため、純粋に影響を受けていない人群は存在しない。

R ミトコンドリアのその他諸多の隠密な証拠

最初に設定した D1a1-F6251 の随伴ミトコンドリアを、チベット・ビルマ語族五大ミトコンドリア ABDFG のうちの DG ミトコンドリアから ABF ミトコンドリアへ変更すれば、全ての自己矛盾する点が瞬く間に氷解する。最も主要なのはやはりチベット南東部、インド北東部のチベット・ビルマ語族、例えば O-M134 父系の占比が 95% 以上に達するデン人（僮人）、メンバ族（門巴族）を観察する必要があることであり、彼らの DGM9 ミトコンドリアは各研究データにおいて普遍的にチベット族、ロツパ族（珞巴族）よりも高い¹⁴⁾。O-M122 を主体とするナガ人（Naga People）はまた独特の M49、M55、M72、M83 などのミトコンドリアを有しており、そのうち M49、M55 と M83 は O-M122 と O-M95 を主体とするチン族（Chin People）にも同時に存在し、M84 はチン族とラカイン人（Rakhine People）に共同分布し、後者にはまた独特の M24、M82 ミトコンドリアがある。ならびに M90 はカレン族（Karen People）に存在し、M91 はダウエー人（Dawei People）に存在する¹⁵⁾。

M49、M72、M83 が所在するミャンマーと周辺地域であれ、M54、M55、M84 がミャンマーとインド北東部の境界地帯に分布しかつ众多の少数派分岐を有する場合であれ、あるいは M24、M90、M91 がミャンマーと南西部地区に分布する場合であれ、これらの地域の人群はいずれも O-M122 父系人群で概括することができる。また鄭州大学人骨考古学実験室は既に、O-M117 父系の双槐樹遺跡の最高頻度ミトコンドリア約 18% が M46 ミトコンドリアであることを明確にしている。M46 と M13、M61 は M13'46'61 に属する姉妹分岐であり、チベット・ビルマ語族と南アジア語族に同時に存在する。チベット高原の M61a は南西部地区にも存在し、ならびにその姉妹分岐 M61b は後に壮侗語族と南アジア語族と共にインドシナ半島へ南遷した。

ただし現在 M46 下流は基本的にインドシナ半島の南アジア語族集団、例えばカンボジアにのみ分布しており、タイにも一定の頻度がある。M13c は雲南及びインドシナ半島地域に分布し、雲南タイ族からは低頻度ながら検出されており、これは南アジア語族が東南アジアへ向かったのが壮侗語族より早いことを傍証的に反映している。M13a はチベットにも一定の頻度分布があるが、雲南南アジア語族のデアン（徳昂）語族、ならびに印緬（インド・ミャンマー）にも同様に存在する。

M13'46'61 は元々中国南西部早期先住民族のミトコンドリアであり、例えば主に南アジア語族に分布する F2-M427 父系がそうである。O-M117 はチベット・ビルマ語族の拡散外縁かつ拡散主力の前鋒として、中国南西部へ拡散する際に不可避免的に M13'46'61 ミトコンドリアに接触する。M46 ミトコンドリアは現在基本的にインドシナ半島の南アジア語族に分布するものの、M46 の姉妹分岐は M13 と M61 であり、いずれも M13'46'61 に属する。そして M13 と M61 はチベット族、特に O-M134 が分布する海拔の低いチベット南部及びミャンマー北部の主要な非 CDG の M ミトコンドリアである。また南アジア語族、例えば O-M117、O1b1-M95、N を核心とし、低頻度の C-M217 と F2 を加えた父系を核心とする雲南ワ族（佤族）とラフ族（拉祜族）がある。先史先住民族は DG ミトコンドリアの頻度が低下しにくい状況下で、M46 のような低頻度ミトコンドリアを優先的に選択して徐々に B、F/R9 ミトコンドリアへ置換した。早期中原でも占比の比較的多い、D または M7-12 に帰類できないミトコンドリアが検出されているが、現在では殆ど見られなくなっている。

インドに位置する南アジア語族のムンダ人、ならびにヒマラヤ山脈に近いチベット・ビルマ語族および壮侗語族のアッサム州アホム人（Ahom people）は、いずれも O-M175 父系を主体とする民族であり、基本的に低頻度の B、F/R9 ミトコンドリアを呈する。ただしチベット・ビルマ語族で D1a1b-P47 が高頻度で占比 35% のシッキム州ブーティア人（菩提垂人）¹⁶⁾ は、高頻度の F ミトコンドリアを有している。またインド北東部で O-M95、O-M175*、O-M134、O-M122、P-M45、R-M173、F-M89、C-M217、K-M9、H-M69 から構成されるカシ人

(Khasi people) は、M48、M49、M50、M31c、M33b といった少数派 M ミトコンドリアを含有しており、そのうち M33a はガロ地区で 55% の頻度に達するのに対し、カシ人では 5% の頻度に過ぎず、M33b はカシ人では僅か 0.4% しか検出されないが、O-M175 を主体とするプナール人 (Pnar People) では 22% を含有する¹⁷⁾。

これはミトコンドリア上の頻度と多様性の問題だけでなく、一部の文化習俗からも端緒を窺うことができる。例えば東南アジア、インドシナ半島、インドネシア諸島、フィリピンを含む近代以前に高頻度の B、R9 ミトコンドリアを含有する部落人群は、いずれもインドに類似した手掴み方式で食物を摂取している。ただし問題は、漢蔵語系関連の先史人群は宗日遺跡を参考にすれば非常に早期から食器を使用し始めていることであり、これは東アジアから東南アジアへ移動する過程で食事の方式までが変化したことを意味する。これに対する一種の合理的な解釈は、B、F/R9 が外来ミトコンドリアとして、食事方式において当地の旧来の伝統を変えることができず、当地の習俗に適応するしかなかったというものである。

東アジアの現在主流の R ミトコンドリア分岐は、新石器時代以前には最初 D1a1-F6251 と同源であり、新石器時代以降の最近数千年に人口基数のより龐大な O-M175 に随伴して人口の大規模な爆発と拡散を実現した。両者は相互に矛盾するものではなく、研究の過程では当然、拡散群体と最初の常染色体来源群体が一致しない状況を考慮する必要がある。

参考文献

- [1] Hublin J J, Sirakov N, Aldeias V, et al. Initial Upper Palaeolithic Homo sapiens from Bacho Kiro Cave, Bulgaria[J]. Nature, 2020, 581(7808): 299-302.
- [2] Kloss-Brandstätter A, Summerer M, Horst D, et al. An in-depth analysis of the mitochondrial phylogenetic landscape of Cambodia[J]. Scientific Reports, 2021, 11(1): 10816.
- [3] Teixeira J C, Jacobs G, Hudjashov G, et al. Widespread Denisovan ancestry in Island Southeast Asia but no evidence of substantial super-archaic hominin admixture[J]. Nature Ecology & Evolution, 2021, 5(5): 616-624.
- [4] Vernet B, Tucci S, Kelso J, et al. Excavating Neandertal and Denisovan DNA from the genomes of Melanesian individuals[J]. Science, 2016, 352(6282): 235-239.
- [5] Choin J, Mendoza-Revilla J, Arauna L R, et al. Genomic insights into population history and biological adaptation in Oceania[J]. Nature, 2021, 592(7855): 583-589.
- [6] Condemi S, Mazières S, Faux P, et al. Blood groups of Neandertals and Denisova decrypted[J]. PLoS One, 2021, 16(7): e0254175.
- [7] Yang J, Peyrégne S, Gakuhari T, et al. An early East Asian lineage with unexpectedly low Denisovan ancestry[J]. Current Biology, 2025, 35(20): 4898-4908.e4.

- [8] Hanihara T, Ishida H. Metric dental variation of major human populations[J]. American Journal of Physical Anthropology, 2005, 128(2): 287-298.
- [9] Tajima A, Hayami M, Tokunaga K, et al. Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages[J]. Journal of Human Genetics, 2004, 49(4): 187-193.
- [10] Zhong H, Shi H, Qi X B, et al. Extended Y chromosome investigation suggests postglacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route[J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(1): 717-727.
- [11] Luo L T, Liu Y L, Liu Y L, et al. Paternal genomic history and Y-chromosome phylogeny from the Chengdu Plain reveal multiple Indigenous East Asian farmer contributions to ancient Shu and their descendants[J]. BMC Biology, 2026, 24(1): 54.
- [12] 王飞, 王萌, 张兴华, 等。中国西南地区 3 个隔离人群遗传亚结构分析 [J]. 遗传, 2022, 44 (5): 424-431.
- [13] Qi X B, Cui C Y, Peng Y, et al. Genetic Evidence of Paleolithic Colonization and Neolithic Expansion of Modern Humans on the Tibetan Plateau[J]. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(8): 1761-1778.
- [14] 毛乙臻, 王飞, 刘雨佳, 等。线粒体 DNA 基因组揭示的白马人群的遗传结构 [J]. 中国科学: 生命科学, 2025, 55 (1): 153-167.
- [15] Li Y C, Wang H W, Tian J Y, et al. Ancient inland human dispersals from Myanmar into interior East Asia since the Late Pleistocene[J]. Scientific Reports, 2015, 5: 9473.
- [16] Debnath M, Palanichamy M G, Mitra B, et al. Y-chromosome haplogroup diversity in the sub-Himalayan Terai and Duars populations of East India[J]. Journal of Human Genetics, 2011, 56(11): 765-771.
- [17] Reddy B M, Langstieh B T, Kumar V, et al. Austro-Asiatic Tribes of Northeast India Provide Hitherto Missing Genetic Link between South and Southeast Asia[J]. PLoS ONE, 2007, 2(11): e1141.

極東古地中海ゴースト仮説

東アジア主流ミトコンドリア拡散史の回顧

B、F/R9 ミトコンドリアは約 9000 年前に相次いで華南一帯に到達し、その後約 6000 年前に台湾島に上陸し、さらに外へとインドネシア諸島、フィリピン諸島などへ拡散した。南島人は最初 B4a1a と M7c の融合によって形成され、後者は現在華南ならびに華東地区に遍布しているが、西部のチベット・ビルマ語族では稀である。融合後に E ミトコンドリアを徐々に周辺化し始めると同時に、他方ではインドシナ半島への試験的な拡散を開始し、その後新石器時代に入ると B、F ミトコンドリアの拡散速度は D1a1-F6251 父系を大幅に上回るようになった。

最初のインドシナ半島のミトコンドリアは、M5、M13c、M20、M21、M60 など、東アジアでは現在に至るまで非常に稀な M ミトコンドリア分岐を主体とすべきであった。その後、インドシナ半島で現在高頻度となっている N9a 分岐、すなわち N9a6 ミトコンドリアの一波の拡散を受けたが、この拡散はミトコンドリア構造を徹底的に変更するには至らなかった。同様の可能性として、インドシナ半島におけるより早期で起源不明、東アジアとメラネシアでは検

出されていない R21、R22、R23、N21、N22 も小規模な拡散であった。この後さらに F1a1 ミトコンドリアの一波の拡散があり、この拡散はインドシナ半島のミトコンドリア構造を徹底的に変化させ、インドシナ半島を全面的に新石器時代後期へと進入させると同時に、現在に至るまでインドシナ半島で最高頻度のミトコンドリア分岐ともなっている。その後の青銅器時代と鉄器時代には、F1c1a2、F1e、F1f、さらに B5a1a、B5a1d、ならびに G2b1a と M7b1a1 など、中国では全国的に分布する主流ミトコンドリア分岐が同地区に進入した。

D1a1-F6251 がアルタイ山脈から南下して西部の甘粛一帯に到達した頃、東部地区には基本的に既に O-M175 父系が遍布していた。D-F6251 と B、F/R9 ミトコンドリアが東アジアに到達した後、新石器時代以前の大本営はおおよそチベット高原の北東角、すなわち甘粛一帯にあった。後にチベット高原へ拡散したのは近接拡散に属し、これが現在のチベット高原で D1a1b1-P47 が高頻度となる理由でもある。集団的な移住が行われたのは仰韶文化の馬家窯の頃、すなわち約 5000 年前であり、4000 年以上前にはチベット高原上に馬家窯文化風格の彩陶遺址が複数存在した。

R9 と B ミトコンドリアの拡散時間も完全には同期しておらず、前者は後者によって西部後方に保護されているかのようである。現代の分布から見れば、一部の B ミトコンドリア分岐はより早期に極東の奥深くへ移住しており、これはアメリカに B2 ミトコンドリアが存在するが F ミトコンドリアが存在しないこと、また日本の先史時代にも同様に B4e ミトコンドリアが存在するが F ミトコンドリアが存在しないことを説明できる。南島人ならびに苗瑶語族、南アジア語族の B ミトコンドリア頻度が F ミトコンドリアより高いことは、B ミトコンドリアがより早期に極東へ移住・拡散し、新石器時代にもより早期に東部へ拡散したことを意味する。

D-F6251 は D-M174 が先史時代に極東へ移住した本部の分岐であり、日本は古 DNA から見ても現代データから見ても、F/R9 ミトコンドリア分岐は存在しないはずであり、B ミトコンドリアでさえ B4e2 の一支しかない。対照から見れば、同じく島嶼辺陲の環境にある縄文人の文明状態はメラネシア人より高いものの、辺縁地帯にあるがゆえに文明の衝突や昇格、なら

びに人口規模といったものは享受できない。ただし利点としては、自身の主体性を確保でき、周囲の人群の影響を受けにくいことが挙げられる。

古 DNA ならびに分岐年代から見れば、東アジアでの拡散は比較的遅く、東南アジアでの拡散はさらに遅い。D4 ミトコンドリアは早くも LGM 時代に華北と東北で主体ミトコンドリアとなり、高頻度分岐もその頃に分化した。同様に M7b'c ミトコンドリアも南方で早くから主体ミトコンドリアであり早くから分化していた。これに反し B、R9 ミトコンドリアは南方と北方で同時に頻度が大幅に上昇し、かつ拡散分岐はいずれも約 1 万年前に新石器技術が東部で拡散するのと同期して大幅に拡散した。

母系社会のモソ人（摩梭人）とその関連民族であるナシ族（纳西族）とプミ族（普米族）は高頻度の D1a1b-P47 分岐を有する¹⁹。ナシ族とプミ族の B4 ミトコンドリアはチベット高原と同じく主に B4d1 であり、かつ高頻度の F1b1 以外の F1b * 分岐も有する。さらにバイマ人（白马人）も高頻度の F1b1 以外の F1b を有することを考慮すべきである。モソ人にはもう一つの特色として B と F ミトコンドリアが高頻度であり、B ミトコンドリアが 30%、F ミトコンドリアが 21% で合計 50% 以上に達し、ナシ族も同様である。古代漢チベット核心人群はおおよそ 9000 年前に全面的に拡散し、北へはアルタイ語連合へ、南東へは壮侗・南島ならびに苗瑶・南アジアへ、南へはチベット・ビルマへ、東へは漢語族へ、西へはエラム、スキタイへと、同時に進行した。

したがって B、F/R9 ミトコンドリアは現在中国の約 3 分の 1 を占めるものの、基本的にはここ数千年の劇的な拡散の結果である。これがまた、蔵南・ビルマ北部ならびにインド北東部のほぼ純粋な O-M134 のチベット・ビルマ語族が DGM9 ミトコンドリアを主体とし ABF ミトコンドリアが少ない理由でもある。より東部の大汶口文化は B5b2 の一支を除きほぼ他の B、F/R9 ミトコンドリア分岐を有さないのに対し、河南仰韶文化では現在基本的に漢チベット共有の B、F/R9 ミトコンドリア分岐が検出されており、この部分のミトコンドリア分岐は後に山東の龍山文化にも出現し、一部の分岐はラダック・チベット族にも出現している。西北と中

中央アジアの少数の非漢チベット・ミトコンドリア分岐は、最初から黄河上流地区に留まっていたため同時に中央アジアと華北へ拡散し、主に仰韶文化において生じた。また南へ拡散してチベット・ビルマ語族に参与し、北への支えは北アジアと中央アジアのアルタイ・トルコ語族の形成に参与し、東北分岐は後期に日韓の形成に参与した。

現在解決すべきは付随する南北線移住の問題である。南線が成立するには多くの考古遺址が必要であるが、南線は土壌の酸性が強く保存性が悪いのに対し、北線は凍土の保存性が比較的良好であることを考慮すれば、現在までのところ南線には証実可能な人類遺骸はほぼ存在せず、先史時代の痕跡も不足している。現在国際的にも東アジアの B、F ミトコンドリアは北方ルートを通ったと推測されている²⁴。

「如無必要、勿増実体」は各分野に適用されるだけでなく、分子人類学にも同様に適用される。単純な論理推演によって結論を導き出せるものについては、余分に複雑な仮説を凭空に付け加えてはならない。例えば考古学、歴史学、ならびに現代分布の下で多角的に D1-M174 が普遍的に北に偏ることが確定できる状況では、それが南線を通ったと仮定する必要はない。もし南線を通ったとするなら、D1-M174 がインドネシア諸島ならびにワラセ線以東などに到達し、主力分岐が居住したことを証明する必要があるが、現実には現在のデータから見てそのような事実はない。歴史学的に見ても、D1a1-F6251 が代表する蔵羌民族が南から北へ拡散したと考える学者はこれまで存在しない。すなわち南線ではさらに D1a1-F6251 が先に南から北へ拡散し、その後ここ千年ほどの間に用もなく再び南へ移住したことを証明しなければならず、このような結論を導き出すにはより多くの仮説が必要となる。これはまさに実体を徒に増やすことであり、理論をぐらつかせる。正しい思路は、スンダランド（巽它古陸）に D1-M174 の原生辺縁部落が普遍的に欠如しており、かつ歴史がその代表する先史民族の移住ルートを既に示している状況では、北線を優先的に考慮することである。

実際には早くも学界は純粋な南線の可能性を否定しており、北線は東アジア定住史において重要な地位を占めている。現在のより多くの論争は、南線と北線が同時に存在する状況で、

両者が長期的な混居または長期的な孤立の可能性を有するかどうかにある。現在のところ前者の可能性は後者をはるかに上回り、すなわち南北線の人群は東アジア北部に到達した後、長期的に混居し遺伝子交流を行った³⁶。チベット・ビルマ語族全体、特にチベット族の常染色体は北方漢族よりもさらに北に偏り、縄文人もより東北アジアに偏向する。呉新智の時代には体質測定を通じて日本縄文人が大陸東北地区から来たことも提唱されている。

分布から見れば、以前に詳述した D1-M174 の地理分布（サフル大陸を含む極東全体を中心とする）も全体的に北に偏っている。中国では東南沿海地区だけでなく、海南の原住民のような南部地区でも父系は基本的に O1a と O1b1 を主体とし、D、N、Q 父系は存在しない⁴⁰。F-Y27277 は真に西南地区に集中分布しており、現在の東アジア主流父系の中で南線の可能性が最も高いものの、現在のところ古 DNA 証拠は依然として不足している⁴¹。

人群の移住ルートを研究するには非組換え領域だけでなく、一部の特殊な血液型、例えば GM 血液型と HLA 血液型のような高度な多型性を有する免疫遺伝的血液型も存在する。HLA 血液型の角度から見れば、アイヌ人は比較的高頻度の DRB*1406 を有しており、これは元々アメリカ先住民族と東北アジア民族で高頻度を呈し、中国南方では発見されていなかったものである⁴²。アイヌ人は全体的に他の東アジア人群とアメリカ先住民族の間に位置する。より巨視的なレベルから言えば、HLA に関する一部の研究は、東アジア人群の中にそもそも中国北西方向から北から南へ拡散する移住ルートが存在することを発見しており⁴³、少なくとも HLA の角度から見ればアイヌ人とチベット族は全体的にいずれも北東アジア人に属する。

さらに日本沖縄で発見された特有のピロリ菌も众多の証拠の一つとなりうる。沖縄の二種類の特有菌株亜群は、それぞれ比較的近期に分化した hspOkinawa が 14%、より古く分化した hpRyukyu が 16% を占め、残りは東アジアで一般的な hspEAsia である。hpRyukyu は沖縄の既存菌株の 16% を占め 4.5 万年前に分化しており、その最も近い親縁菌株はアフガニスタン、パَنْジャブ（パキスタン）、ネパールから来ており、研究ではその起源を中央アジアと推測している。

研究は遺伝子流分析を通じ、当該菌株を携帯する人群が南線の沿海ルートを通して日本沖縄へ移住した可能性を排除し、むしろ北線を通してヒマラヤ山脈の北麓を迂回して東アジアへ移住したと推測している⁸⁶。日本本島の大多数のピロリ菌は南線由来の hspEAsia 菌株である。hspEAsia は中国、韓国、ベトナム、タイ、ブータンなどの国々に広く分布している。

D1-M174 父系はおおよそ 4.5 万年前に地中海東岸または中央アジア付近から極東方向へ出発した。早期の国際的には D1-M174 の起源地を中央アジアと定めていたが、私はこれは思路上は正確であると考えたものの、より早期の起源も考慮すべきである。現在のところ全ての DE-M145 * は中央アジアに分布していないからである。ただし D1-M174 がその平級の兄弟分岐に比べて中央アジアに寄っている可能性はあると私は考える。何しろその中で唯一極東へ向かったものであり、このような行動の背後には何らかの理由があるはずで、他の兄弟分岐に比べて中央アジアに寄っていることは合理的な理由の一つである。ただしどうしても一つの起源点を選ぶとすれば、私の直感は地中海東岸の某地により傾くが、これらはいずれも今後の古 DNA を待つ必要がある。

最終氷期最盛期前、D1a1-F6251 父系の大本営はアルタイ一帯にあった可能性があり、最終氷期最盛期後に全体が甘粛一帯へ南移した。新石器時代以降に平原への東拡を開始し四川盆地へ南下した。D1-M174 全体がアルタイ地区を通過した後、日本の D1a2a-M55 はさらに東へ進んだ。チベット族で D-M533 の頻度が高いのは、D-F6251 自体が甘粛一帯の原住民父系であり近接拡散したためであり、後に D-M533 が分批的にチベット高原へ拡散した。日本の状況もこれに類似する。

D1-M174 は比較的遅く到着したため、東アジアに到着した頃には各人群が既に各地に遍布しており、最終氷期最盛期前には東アジアの腹地に深入りすることはほとんどなく、往々にしてその辺縁に留まっていた。ただし一部の支系は深入りしており、例えば D1b-L1378 はかつてスダランド（巽它古陸）へ深入りしようと試みたはずであるが、地理分布から見ればワラセ線を越えてはおらず、東部では最大でフィリピン諸島に到達した。もちろん他にも、人口

が少なすぎて技術が旧石器時代後期に停滞し、極東に深入りして当地人と衝突して不測の事態に遭遇したり、かつて一時的にインドシナ半島に到達したものの後期に意外に絶滅したりした D1-M174 * も確実に存在するはずである。

また D1a2b-Y34637 のアンダマン分岐は直接南下して横断山脈を越えインドシナ半島に到達し、一部の K2b-P331 分岐と相遇した。M31a1 ミトコンドリアは最初に横断山脈以東から来て雲南・ミャンマーを經由し、おそらく縁によって 3000～4000 年前に D-Y34637 と共にマレー半島沿海へ向かい、当地の K2b-P331、P 父系の大アンダマン人と共にアンダマン諸島への移住を行った。M32a ミトコンドリアは最初からマレー半島に存在した。

東アジア人群体質変化分析モデル

考古学的に見れば、8000～9000 年前には農業が既に中国に存在していたものの主流現象ではなかったため、この頃の R ミトコンドリアはまだ試験的な拡散に過ぎなかった。そして 6000～7000 年前になると猛烈に拡散し、徐々に各地区の人群と混合するようになり、同時に伴ったのは体質と文化上の全面的な変遷であった。

したがって先史中国の体質と技術の劇的な変遷は、近代体質人類学の段階では約 6000～9000 年前に徐々に生じ、約 4000 年前には基本的に安定して今日に至ると考えられてきた。分子人類学以降、F1a1 を代表とする B、F/R9 分岐はちょうど約 1 万年前頃から東アジアで拡散を開始している。吉林大学の趙冬月（Zhao dongyue）による漢民族体質起源の研究によれば、新石器時代以降、古西北類型が徐々に中国の主流を占めるようになり、次第に南方と西南地区へ流動した。古西北類型は主に甘青地区に分布するが、古西北類型が参考とするのも宗日文化のような距今 5000 年前に明らかに既に混合しているものであることを考慮すれば、古西北類型は実は最初の混合類型と見なすこともできる。

新石器時代の居民の中で、現代漢族との距離が最も近いのは順に古華北類型、古西北類型、古中原類型、古華南類型である。したがって現代漢族だけでなく、現代華南居民も新石器

時代以前の古華南居民より距離が遠く、彼女の思路に従えば最終的に導き出される結果は、現代華南漢族の祖先が最初に北方から来たということになる。古華南類型が現代華南人群の中で既に完全に消失していることは、現代華南人群の体質が新石器以前の、例えば亮島 1 号を代表とする人群と、ほぼ二つの人群と見なせることを意味する。したがって現代北方人であれ現代南方人であれ、いずれも最大限に先史古華北から古西北類型を継承している。

青銅器・早期鉄器時代になると人群のさらなる融合により、古西北類型の居民には明らかな鼻頬角の増大が見られ、これは上面部の扁平度が増し、鼻型が広がったことを意味する。このような時間が後になるほど測定される面部扁平度が大きくなる状況は、実は日本にも存在する。日本において江戸時代以前の縄文人の頭骨特徴は通常現代日本人よりも顕著であり、19～20 世紀初頭と現代日本人の頭骨を比較すれば、現代日本人の頭蓋には明らかな系統的形態変化が見られ、頭がより短くより広くなって「短寛頭化」(brachycephalization)を形成している。すなわち頭蓋が横方向に広くなり、前後が短縮し、頭頂骨の弧度と頭頂高さに相対的な変化が生じている⁹⁾。前者はより康巴地区チベット族の武士型頭骨特徴に接近し、後者の面部はより扁平である。実際に日本人の頭蓋は、特に江戸時代以前には、常に比較的重い縄文特徴を有していた。

したがって実は東アジア人の面部の立体度は、歴史から現在にかけてますます扁平になったりますます立体になったりしているのではなく、徐々に混合態へと趋近している。すなわち元々立体的な人群はやや扁平になり、元々扁平な人群はより立体的へと趋近する。次に東南アジア人であるが、インド北東部の状況から見れば、マレー成分はチベット・ビルマと AASI の混合として拟合できる。マレー人の面部特徴は、実は簡単に言えばネグリート類似とコーカサス類似人群の混合と類比できる。いわゆる東南アジアの「マレー长相」が晩近に混合して生まれたものであるがゆえに、現代人の特徴を兼ね備えつつも言いようのない原始的特徴を漂わせているのである。また晩近の混合ゆえに東南アジア人の肤色は東アジアより深く、東アジアの

影響をほとんど受けていないメラネシアならびにオーストラリア原住民、さらにマレー半島、アンダマン諸島原住民はほぼ純粋な棕黒肤色ならびに原始的状態にある。

東アジア先史人群接触の母系社会

K2-M526 父系、特に K2b-P331 は人類史上最初に父権制を発祥した人群であるはずであり、体内の二人成分が比較的高いことに起因する可能性があって、種族絶滅、男殺して女を残す、ならびに考古学的に明らかな生け贄などの風俗を有しており、メラネシアのパプア人、ならびにアメリカ先住民族、古代東欧草原の中でかなり一般的である。このような風俗の具体的な形成原因は不明であり、ネアンデルタール人成分が高い影響も一つの可能性に過ぎないが、議論の余地なく、古 DNA であれば現代人であれば、高いネアンデルタール人成分はいずれも K2-M526 父系人群と相関性を有している。

田園洞人の特殊な点は、携帯するネアンデルタール人の割合が現代人よりやや高いことであり、これは 4.2 万年前のルーマニアの Oase1 に類似する。Oase1 のネアンデルタール人成分は約 6～9% であり、これは Oase1 の家族が 4～6 世代以前に純粋なネアンデルタール人祖先を一人有していたことを意味する¹⁰⁾。同時にこれも K2-M526 の特徴の一つであり、以前に言及した通り、現在世界で二人含有量が最も高いのは K2b-P331 が高頻度のパプア・オーストラリア人群であり、次いで東アジア・東南アジア、そしてヨーロッパと近東地区である。この占比の順序も K2-M526 父系の人口基数に符合する。

したがって鍵となるのは、R-M207 父系が西進した歴史モードを無意識のうちに先史の他の地区、特に東アジアの歴史プロセスにそのまま当てはめてはならないことである。新石器早期の中国、特に北方地区は、大母神信仰の下にある神権制部落連盟に属しており、早期ヨーロッパに見られたような印欧人が西進して村から村へと虐殺するモードや、後に南アジアに進入して階級分明の種族隔離制度を開始したような形跡は発見されていない。したがって D1a1-F6251 のような宗教を紐帯とする人群については、共同信仰があれば一家族という心理が働く

ため、そのようなモードは通用しない。D1-M174 父系内部でも階級分明で敬語が豊富な封建制が盛行してはいるものの、早期はやはり父権制ではなく、加えて神権制の下には多くの隙があったため、陣営に引き入れる方式としては直接的に相手の中上層ミトコンドリアを置換することを採った可能性があり、先史において何の構わず虐殺を行った K2b-P331 とは異なっている。これもまた先史ヨーロッパが父系の更替を辿り、東アジアがミトコンドリアの更替を辿った理由である。

D-F849 は先史に西北から東部へ拡散し、東部人群との拉鋸戦において短期的に優勢を占めたとしても根基を揺るがすことはできず、情勢が不利な場合には己方のミトコンドリアを減らし、情勢が有利な場合には相手のミトコンドリアを増やし、西部へ後退する際には原生常染色体と東部 M ミトコンドリアの常染色体が混合した新たな常染色体人群をもたらした。後退した人群は必然的に拡散期間中に融入した混合常染色体を大本营に持ち帰り、原生成分の含有量はやや下降したものの、東方への適応も同時に増加した。常に人数的劣勢にあるのであれば、直接的に混血して相対的な適応力を獲得した方が良い。

したがって当地原住民と冷兵器の衝突を起こす状況では、勝てば元から数少ない族人を死なせることを意味し、一度負ければ西部へ後退しなければならない。最適解は間違いなく周囲の部落を引き寄せて神権部落連盟に加入させ、文化とミトコンドリアの拡散を実現し、父系が当地の中上層に一定の分布を有すれば十分である。新石器時代開始前、O2a2b1-M134、特に下流の O2a2b1a1a1-F8 は、D1a1a1-F849 が東へ拡散した際に最初に接触した原住民分岐であったはずである¹¹⁶。後に両者が共同で拡散し、早くから生育優位を生じたのは、東部が膨大な人口基数を占める人群と西部人群が混合したためである。D5'6 ミトコンドリアも同様に東部沿海のミトコンドリアであるが、ただ D5 ミトコンドリアは仰韶文化の西拡により比較的順調ではあったものの、西部の頻度は依然として東部より明らかに低く、かつ分岐多様性も東部に及ばず D6 と同様である。

したがって東アジアが先史文明化のプロセスを辿る際に採ったのは、R1b-L151 のヨーロッパにおける種族絶滅モードやアメリカにおける大追放でもなければ、R1a-Z93 がインドで樹立した種族隔離制度でもなく、当地の適応力がより強い原住民上層と協力する神権部落連盟であった。比較的平和な融合の下では、共同の信仰体系を有し、言語などの文化風俗を変更すれば、友好的に発展する。ただし外来人群が大面積で種族虐殺や種族隔離を採らなければ、外来人口は必然的に繁殖に不利となる。早期は宗教信仰によって制衡できても、後期には絶対的な人口規模の懸殊の前に容易に信仰が崩壊し、ひいては覆される。そして歴史の発展から見れば、広域国家を形成するには明確な人員分業、私有財産、都市・文字などが必要である他、最も鍵となる一環はやはり父権制である可能性があり、人類が父権制を生み出す以前は、共同信仰を有するものの緩やかな部落から構成される神権国家連盟の形態であった。

歴史と考古、ならびに現代の角度から見れば、D-M174 は先史には母系社会の伝統を採っており、これは父系の伝播に不利であった。早期の西北蔵羌人には明確な母系社会の歴史記載があり、日本の縄文時代は明確な母系社会であり、かつ武装闘争は世界の考古学的範囲内でも少ない。現代中国で唯一明確な母系社会であるモソ人（摩梭人）、ならびに近現代になって徐々に父系社会へ転向したプミ族（普米族）、ナシ族（纳西族）は、偶然にも D1a1b-P47 が高頻度である¹²⁶。ヒマラヤ山脈の付近には現在に至るまで一妻多夫制の風俗を有する人群がいくつか存在するが、このような一妻多夫制の形成は、元々はインド原住民のトダ人（Toda People）のように人為的に女兒を溺殺して女性人口を抑圧したのとは異なる。また歴史上の四川甘孜丹巴の東女国もある。もちろん大部分の分岐は歴史上既に周辺の K2-M526 父系の影響を受けて父権制へ転換している。その中で D1a2a-M55 が最初に人口の大爆発を実現したのは、半島南部で O1b2-P49 の影響を受けて父権制へ転換した日本天皇家族の D1a2a1b2b1a1a-CTS8093 という一支であり、現在のところ規模のある拡散を実現しているのはいずれも最初に父権制へ転換したものである。

ほぼ純粋な O-M134 のデン人（僥人）は明確に絶対的な父権社会ならびに一夫多妻制の風俗を有しており、またデン人とロバ族（珞巴族）の区別は、前者の A と F ミトコンドリアが極めて低頻度であり、ミトコンドリア構造がほぼ M9、D4、D5'6、M*、M12'G、Z、ならびに低頻度の C と M11 から構成され、A、B4、F などの N ミトコンドリアの占比が 10% を超えない¹³⁾ 点にあり、ロバ族とチベット族よりはるかに少ない。ロバ族とチベット族は兄弟同源の關係に属し、かつ歴史上北から南へ移住した記録があり¹⁴⁾、ミトコンドリア遺伝構造においていずれも高頻度の A、F ミトコンドリア、特に F1c1a を有し、N ミトコンドリアの占比が 45% を超える他、文化上においてもデン人と差異を呈している。これもまたチベット地区の F ミトコンドリアと D1a1-P47 父系に相関性があることを示す衆多の間接証拠の一つである。

ホールデン（J. B. S. Haldane）が提唱したホールデンの法則（Haldane's rule）は、これもまたネアンデルタール人絶滅の要因の一つであった可能性があり、早期ホモサピエンスとの交雑プロセスにおいて雄性後代が夭折するか不妊・不育となる可能性がある。この法則は生物界の多くの現象を説明できるだけでなく、一部の地区における男性の Y 染色体による弱精の現象も説明でき、これは実は外来人群と当地人群の融合によってもたらされたものである。

外来人群には現在の研究によればもう一つの特徴があり、それは男性に普遍的に生精障害が出現する割合が高いことである。具体的な原因はまだ不明であるが、私は早期融合の際に人口基数の占比が比較的大きい一方が新たな常染色体により速く適応したことに関係するのではないかと考える。西南地区で生精障害の出現確率がより高い人群は、F₋、K₋、N1₋、D1₋（D1a1）といった小衆父系を含むこれらの支系である¹⁵⁾。

日本の D1a2-M55 も同様に非常に明らかであり、研究により日本の D-M55 と K* 父系は生精障害が正常群よりはるかに高く、O2-M122 父系は生精障害が最も少ないことが証明されている¹⁶⁾。同様の状況はアンダマン諸島の中のオンゲ人（翁奇人）にも存在し、オンゲ人は世界で最も生育能力が低く最も不妊な民族の一つである。約 40% の既婚夫婦が不妊・不育である。オンゲ人の女性は 28 歳以前に妊娠することは稀である。乳児と小児の死亡率は約 40% で

あり¹⁷⁾、これらはいずれも晩近の混血後に外来男性が一定期間生育力を低下させることの体現である。

同様の状況はアイヌ人にも出現しており、早期の西方人類学者であるディケンズ (Frederick Dickins) はアイヌ人を観察し、多毛の特徴以外にもアイヌ人に混血現象が存在することを発見した。事後的にこれがニヴフ人との混血であることが分かったが、混血の後代は毛髪が疎らになり、かつ通常三、四代以降に不妊になる¹⁸⁾。もちろん私は完全な不妊・不育になるとは考えていないが、少なくともホールデンの法則に従えば、雄性後代が将来の一定期間生育力を低下させることは肯定的である。

アフリカ脱出基底父系の随伴ミトコンドリア

R 以外の N ミトコンドリアで中国において人口拡散を実現したのは A と N9 であり、そのうち A ミトコンドリアは西部に偏り、N9 ミトコンドリアは東北に偏る。西ユーラシアの場合は、HUJT ミトコンドリアと地理的分布が比較的近い N1'5、N2、X である。オーストラリア原住民で高頻度の N ミトコンドリアには N13、N14、O、S が含まれるが、人口基数は低く数十万人程度しかない可能性がある。同様に N8 ミトコンドリアは距今 1200～2100 年のタイ北西部の鉄器時代で発見されているが、現代のインドシナ半島原住民では検出されておらず、N10、N11 ミトコンドリアの状況と一致しており、いずれも大規模な拡散を実現しなかった N ミトコンドリア分岐である。華南地区と東南アジアでは、B'R11 と F/R9 ミトコンドリアが大規模な人口増加を実現する以前、N ミトコンドリアは小衆ミトコンドリアであり、占比は 10% にも満たなかった可能性がある。

F 以外の R9b と R9c、ならびに R11 などの分岐の人口規模は A と N9 より少ないものの、インドシナ半島の N10、N11 は上回る。R ミトコンドリアが大規模に増加する以前、世界範囲で N ミトコンドリア人口が M ミトコンドリアを大幅に下回っていたのは、完全な技術優位がない状況で、早期にルート選択の原因から主体が二人に直面し、このプロセスの中で R ミト

コンドリアが誕生したのは後のことであったためである。R 以外の N ミトコンドリアの世界人口占比は比較的少なく約 5% であり、そのうち R ミトコンドリアに随伴する A ミトコンドリアだけで約 40% を貢献している。すなわち N ミトコンドリアに下流の R ミトコンドリアの後期における大規模な人口爆発がなければ、N ミトコンドリアとその随伴人群を含めた現在の世界人口占比は M ミトコンドリア人群をはるかに下回っていたはずである。ただ後に N ミトコンドリア下流の R ミトコンドリアが超常的に活躍し、各地の父系が徐々に主体ミトコンドリアを R ミトコンドリアに置き換えたため、ヨーロッパ、アジア、アメリカ、サハラ以北のアフリカはいずれもそうになった。

したがって M ミトコンドリアと N ミトコンドリアがアフリカを出た後の最大の区別は、実は最初に選択した移住ルートにある。両者は同じく L3 ミトコンドリア下流の二大アフリカ脱出基底ミトコンドリアであるが、現代の地理分布から見れば、M ミトコンドリア人群は少なくとも主力分岐が最初に二人から逸脱するルートを選択し、すなわち極東とイラン高原方向の南アジア地区へ移住したのに対し、N ミトコンドリア人群は前者が既に東部へ移住した状況で、北上を続けて二人と長期の拉鋸戦を展開するしかなかった。そして現在の N ミトコンドリアと M ミトコンドリアの人口数量から見れば、最初の N ミトコンドリア人群は大量の人口を損失したはずである。これもまた現代の地理分布において M ミトコンドリアの大本営が南アジアならびにインドシナ半島にあり、N ミトコンドリアの大本営がアラビア半島、特にレバント地区にある理由である。後に先史に N ミトコンドリアと M ミトコンドリアの人口比例が懸殊となった状況で、N ミトコンドリアの下流 R ミトコンドリアの頻度が M ミトコンドリアを逆転した。ヨーロッパ・近東と南アジアから見れば、R ミトコンドリアは比較的容易に M ミトコンドリア陣営に融入できるが、M ミトコンドリアは R ミトコンドリア陣営に融入しにくい。これもまた古ヨーロッパで M ミトコンドリアの古人が検出されたものの規模のある後代を残さなかったが、南アジアでは異なる理由である可能性がある。

M ミトコンドリアは M1 ミトコンドリアの他、晩近にインドと東北アフリカに一部の往来があり、ならびに南島語族がマダガスカルへ拡散した以外、M ミトコンドリアはアフリカにほぼ影響を与えていない。アフリカ南東部のマダガスカルとセーシェル諸島（Seychelles Islands）の M ミトコンドリアには M7c などが含まれるが、以前に言及した通り南島人によって持ち込まれた純粋な下流分岐であり、かつ特定の区域分布を呈し 2000 年を超えない歴史しか有さない。

ただし R ミトコンドリアはアフリカ北部の最大ミトコンドリアであり、考古学から見ても同様である。NR ミトコンドリアはアフリカに多くの分岐を有し、サハラ以北では主体ミトコンドリアであり、サハラ以南では文明伝播者の形で既に多くの古 DNA が発見されている。そして M1 ミトコンドリアは M1'20'51 に属し、M1'20'51 * ならびに M20 と M51 はワ族（仮族）の主体ミトコンドリアである。早期の分子人類学では M1'20'51、M12'G、M80'D を全体的に M-b 下流に分類していたが、後に関連が比較的少ないことが発見された。ただし少なくとも三者が他の分岐に比べてより親近な関係を呈することを側面的に示している。

年齢の面では、アフリカ内部の M1 ミトコンドリアは近東・南アジア地区の M1 ミトコンドリアに比べて共祖年齢が小さく、かつ東アフリカではなくアフリカ北西部と近東地区で大量の M1 * ミトコンドリアが発見されている¹⁹⁾。地理的に見れば M1 と U6 ミトコンドリアにも同期拡散の可能性が存在し、地中海の他の地区とシチリア島でも発見されている。U6 ミトコンドリアがユーラシア大陸に起源することは既に明確に証実されている。したがって M1 ミトコンドリアのアフリカにおける最初の拡張は北西部で生じ、東部地区ではなかった。近東が原始 M1 拡散の起源地である可能性が最も高く、西はアフリカまで、東は中央アジアまで及ぶ。多様性の巨大な差異を脇に置けば、アフリカ内部の M1 ミトコンドリアの起源年齢は約 4.8 万年であり、南アジアの M ミトコンドリアの起源年齢は約 5.6 万年である²⁰⁾。また研究により M1 ミトコンドリアが 3.2 万年前にインドで誕生し、海路から東アフリカへ持ち込まれたことが示されている。

現在公表されている古 DNA データによれば、一定の年代を有する F-M89 父系標本は、それぞれ二例の距今 4.3 万年前の F-Y27277 の M ミトコンドリア (AA7-738、F6-620)^{21^}、距今 4.5 万年前の二例の K2a*-FTH1 の N ミトコンドリア (RNI013、RNI010)、距今 4.5 万年前の Ust'-Ishim は K-M2308 の R ミトコンドリア、距今 3.8 万年の Oase1 は K-M2308 の N ミトコンドリア、ならびに著名な距今 4.1 万年前の北京周口店の田園洞人は K2b-P331、B4'5 ミトコンドリアである。

田園洞人は絶滅した B ミトコンドリアであり、最初から体質人類学の時代に混血特徴を有すると見なされていた。現代遺伝学の DNA データによる常染色体分析でも同様の結論となっている。田園洞人は 60% の Onge 類似 (翁奇、アンダマン) 成分と 40% の早期人類がシベリアへ移住したことに関連する東ユーラシア人群として拟合でき、後者はブルガリアの BK 洞穴と遠縁関係にある。これはまさに田園洞人の父系とミトコンドリアが異なる来源を有する可能性を示している。

これ以外にも田園洞人は距今 3.5 万年前のベルギー古人 GoyetQ116-1 の C1a2-V20 父系、M32'56 ミトコンドリアとより多くの関連を有する。また Oase1、CC7-335、F6-620 も、これらの人々はいずれも田園洞人と親和関係にあり Kostenki14 とは差異が明らかであり、後者は BK1653 の K2a 父系 U8 ミトコンドリアとよりヨーロッパ人に接近している^{22^}。したがって田園洞の意義は、東アジアの混合の歴史が新石器時代から混合を開始したのではなく、少なくとも 4 万年前には既に零星的に開始していたことを証明する点にある。大腿骨指数から見れば、田園洞人は赤道付近の人群、すなわちメラネシア、インドネシアなどの地区に類似する可能性がある^{23^}。

距今 4.5 万年前の CC7-335 は C-F1370 父系、N ミトコンドリアである。距今 4.5 万年前の BB7-240 は C-F3393 父系、N ミトコンドリアである。距今 3.5 万年前の GoyetQ116-1 は C1a2-V20 父系、M32'56 ミトコンドリアである。GoyetQ376-3 は C-M130 父系、M74 ミトコンドリアである。距今 3.3 万年前の Kostenki12 は C-Y37006 父系、U2 ミトコンドリアである。距今 2.9

万年前の FRL006 は C1a2-V20 父系、M5 ミトコンドリアである。以上のこれらの標本は Kostenki12 以外の共通の特徴として、Onge 類似成分がいずれも低くないことが挙げられる。

インド・スリランカの中石器時代狩猟採集者である Udupiyangalge 洞穴と Alugalge 洞穴からは、距今 5500 年以前の M18a ミトコンドリアと M35a ミトコンドリアが出土している²⁴⁾。M18a は現代では F-M89、H、L、J、R2a を核心とする現代シンハラ人²⁵⁾、スリランカ・タミル人、スリランカ・インド・タミル人に分布している。M35a 系統は全てのスリランカ人群中で観察されており、シンハラ人で高頻度に分布している。かつ現代シンハラ人は同時に M45、M5a2a、M6a1a、M30b、M37、M65a、M30、M18'38、M30c、M37e、M30b、M65a、M35a1、M64、M65a、M2a1、M3c、M52a、M53 も有している。

スリランカは 4.8 万年前から人が居住しており、既に 24 体の遺骸が掘り出され遺伝子検査が行われているが、現在に至るまで父系とミトコンドリアのデータは公表されていない²⁶⁾。南アジア地区は古 DNA データの窪地であり続けており、インドで現在知られている最古の現代人類遺骸はスリランカにある。そのうち更新世後期のバランゴダ人（Balangoda Man）を中心に、付近の法顕洞（Fa Hien Cave）からは 3.8 万年前の人類遺骸が出土し、ベリレナ洞穴（Belilena Cave）からは 3.2 万年前の十体の人類が出土し、バタドンバレナ（Batadombalena）からも同様に久遠の人類が出土している。

現代スリランカの人群の父系とミトコンドリアは、インド大陸との差異は非常に小さい。何しろ最終氷期最盛期の後に海水面が低下したことで両者が連絡を失ったに過ぎず、先史には直系の人群交流があったはずである。例えばスリランカのタミル人（Sri Lankan Tamils）とインドのタミル人（Indian Tamils）のミトコンドリア類似度は非常に高く、区別は後者に M53、M65b、M35b があるが前者にはなく、前者に M34a、M35a、M38a があるが後者にはない点に過ぎない。したがって現在インド最古の遺骸がスリランカで発見されていることは、インドの古 DNA データに対する全体的な判断に影響を与えない。

その他の地区、例えばオセアニア、インドネシア諸島は南太平洋プレートに属し、遺骸の保存状況は理想的ではなく、現在のところ数例の全く意味のない数百年前の標本しかなく、その他の検査も積極的ではない。ごく少数が検出されたとしてもインドシナ半島のように一時的に公表されない可能性がある。オーストラリアの状況は、早期の貴重な人類遺骸が当地の原住民によって二次埋葬されたため、既に有効な DNA を取得することができなくなっている。ただしインドネシアの東ジャワ・トゥルンアグン県からは二体の Wajak 1、距今 2.8~3.7 万年前の原始オーストラリア人種の頭骨が出土しており、インドの古標本と組み合わせて比較することができる。

現在の古 DNA データの角度から見れば、アフリカ脱出父系 CT-M168 の下流 DE-M145 には、現在のところ 3 万年級以上の久遠な標本は存在せず、そのうち D1-M174 には万年級を超える標本すら存在しない。将来沖縄白保人が記録を刷新する可能性はあるものの、現在はまだ公表されていない。他方 CF-P143 の早期標本は NM ミトコンドリアの混合形態を呈している。現代の地理分布から見れば、E-M96 と D2-FT75 父系が分布する区域全体には、南アジア次大陸、インドシナ半島、マレー諸島のような M ミトコンドリアの極度な多様性の形態は存在しない。

現代 DNA データから見れば、南アジアで現在知られている M ミトコンドリアに属するものには、M2、M3、M4、M5、M6、M18、M30、M31、M32、M33、M34、M35、M36、M37、M38、M39、M40、M41、M47（M42 と共同の点位を有する）、M43、M44、M45、M49、M52、M53、M54、M56、M57、M58、M60、M63、M64、M65、M66、M67、M78、M81、M84、M86（M42'74、M4'67）^{27^} ならびにその姐妹下流が含まれる。

続いて M ミトコンドリアの別の多様性聚集区であるインドシナ半島には、M12、M13、M20、M51、M61、M16、M17、M19、M21、M22、M75、M24、M26、M48、M74、M71、M72、M73、M79、M76、M82、M83、M91、M68、M69、M50、M55、M77、M59 ならびにその姐妹下流が含まれる。ニューギニアには M25、M27、M28、M29、Q、M29 が含まれ、オー

ストラリアには M14、M15、M29'Q、M42 が含まれる。ならびに現在チベット高原にのみ存在する M62 と M70 があり、前者の古 DNA には D-BY12979、O-MF10037、N-CTS4714 父系が含まれるが、後者は現在古 DNA が全て N1-F963 父系から測定されている。

E-M96 父系分布区から、バントゥ人がここ数千年にサハラ以南へ拡散した非 L3 主体の L ミトコンドリアを除けば、その他の分布区は M1 ミトコンドリアを排出するとほぼ完全に N ミトコンドリア下流となる。他方 E-M89 * はアラビア半島とレバント地区で検出されている。CF-P143 が高頻度の南アジアのヴェッダ人（维达人）、東アジアのラフ族（拉祜族）、東南アジアのマレー半島とインドネシア西部の原住民は、いずれも分岐が高頻度で多様性に富む M ミトコンドリアを有しており、かつ西ユーラシア最古の古 DNA も同時に M ミトコンドリアを含んでいる。E-M96 はインドでもイスラム教シーア派（Shia）に低頻度で分布するに過ぎず E1b1b の一支に集中しており、分子人類学が発展して現在に至るまでいかなる南アジア辺縁部落からも検出されていない^{28°}。

現在 DE の YAP 挿入突然変異の起源地は論争が大きく、東北アフリカ起源説とユーラシア大陸起源説が存在する。D1-M174 の兄弟分岐 D2-FT75 は極低頻度の形でアラビア半島と西アフリカ地区に分布しており、その他の DE-M145 * は現在地中海東部付近に散在している。根部支系、すなわち同時間に分化したものの過度の拡散がなかったためより原生的な地理位置を保留している可能性のある分岐こそが、重点的に参考すべき支系である。

R ミトコンドリア下流の U、H は南アジアで、また B、F ミトコンドリアは東アジアと東南アジアで明らかな晩近拡散の痕跡を有している。ならびに NR ミトコンドリアは世界的な分布において M ミトコンドリアに比べて明らかに西に偏りかつより遅くアフリカを脱出している。そして CF-P143 父系に比べて分布が西に偏りかつより遅くアフリカを脱出しているのが DE-M145 父系である。NR ミトコンドリアの主体分岐は古くから現在に至るまで一貫して近東地区に分布しているため、先史にごく一部の NR ミトコンドリア分岐が未知の人群に随伴して極東へ向かったに過ぎない。E-M96 父系がサハラ以南地区へ移住した際に M ミトコンドリア

の拡散を随伴しなかったのは、最初 DE-M145 父系が N ミトコンドリアを随伴していたためである。

ただし明らかにアフリカを出た後、CF-P143 父系は南アジアを出なかった分岐を除き、その他の分岐が N ミトコンドリア人群に接触したのは明らかにより早期かつ規模がより大きかった。DE-M145 も後期に一部の M ミトコンドリア人群に接触した可能性はあるが、現代の地理分布ならびに古 DNA データから見れば、規模は前者ほど大きくなかった。人口数量から見れば、先史にアフリカを出た NM ミトコンドリア人群は選択したルートが異なるため、直面した困境も異なり、人口数量に巨大な差異が生じた。以前に言及した通り、N ミトコンドリア人群は後にその下流 R ミトコンドリアが大爆発する以前、人口数量において M ミトコンドリアに比べて相対的に少なかった。これもまた先史に M ミトコンドリアと F-M89 が随伴性を有することを示す众多の間接証拠の一つである。何しろ F-M89 父系の人口数量は先史にはおそらく他の三大アフリカ脱出基底父系を上回っており、父系人口がミトコンドリア人口と釣り合わなければ、このような凭空の繁殖は明らかに不合理である。

したがって M ミトコンドリアの分岐多様性は南アジアとインドシナ半島一帯に集中しており、人類がアフリカを出た後長時間、近東、北アフリカ、ならびにオーストラリア地区を除けば、アフリカ以外は長期的に M ミトコンドリアの一人勝ちであったと言える。オーストラリアには M14、M15、M29'Q、M42 が存在するものの、P ミトコンドリアが到来する以前は少数の N ミトコンドリアが M ミトコンドリアより高頻度であった地区でもある。したがってこれもまた R ミトコンドリアが非常に異色に見える理由であり、後期に R ミトコンドリアが拡散しなければ、サハラ以南のほぼ純粋な L ミトコンドリアの状況下で、アフリカ以外是一部の地区を除き全て M ミトコンドリアの一人勝ちであった。

距今 5~6 万年前、DE-M145 の活動範囲はまだ北アフリカ全体、東北アフリカ、地中海東岸付近にあったはずである。以前に言及した通り D1-M174 はアラビア半島北部の中央アジアに近い一帯にあった可能性がより高く、最終的に中央アジア付近から出発して極東へ向かい、

D2-FT75 はアラビア半島に留まり一部が西北アフリカへ回撤した。早期の研究が F-M89 を南アジアで分化したと見なしていることについて、私個人は认同しない。近東地区にも同様に非常に早期に一部の F-M89 分岐が出現したことを説明できないからであり、F-M89 の多くの小衆支系が南アジア地区で発見されていることだけを見るべきではない。私個人は CF-P143 がイラン高原付近で分化を開始したと傾倒しており、そのうち主力は極東ならびに南アジア地区へ拡散し、一部の支系、例えば GJ などのコーカサス典型父系はヨーロッパ南東部へ回流した。現代人の地理分布を考慮すれば、CF-P143 は明らかに全てが南アジアへ移住したわけではなく、一部は西アジア付近に留まった後、ヨーロッパ地区へ回遷したもの、例えば C1a-V20、GIJ 父系があり、一部は直接北上してシベリア地区へ向かったもの、例えば K2 父系がある。

したがって合理的な推測は、人類がアフリカを出た時期の 5～6 万年前、DE-M145_父系の分布はおおよそ北アフリカ・西北アフリカ・レバント地区にあり、この分布はアフリカならびにサハラ以南への回撤に空間を提供するだけでなく、現在 DE-M145_が環地中海ならびに近東地区を中心に分布していること、一部の E1b1b-M35 がバルカン半島へ移住したこと、より南コーカサスに偏って分布する D1-M174 が極東へ移住する十分な空間的理由を有し得たことも説明できる。CF-P143_父系の分布はおおよそイラン高原・南アジア北西部地帯ならびに一部のアラビア半島北部周辺地区にあり、これは後に F-M89_主力分岐が南アジアへ移住したこと、一部の GHIJK 分岐が東南ヨーロッパへ回流したこと、さらに一部の分岐が直接北線を通してシベリア地区へ進入したことを説明できる。

最後に 5～6 万年の時間の中で地中海東岸には徐々に安定した早期現代ホモサピエンス群体が生まれ、D1-M174 はそこから一部の NR ミトコンドリアを継承し 4.5 万年前に東への移住を開始した。この群体範囲に D1-M174 以外にどのような CT-M168_父系人群が含まれていたか、ならびに極東へ向かい R ミトコンドリアを携帯したものの絶滅した父系については、これらは既に考証不能である。また最初 D1-M174 がどのように継承したのか、自身の起源から携帯していたのか、それとも他の CT-M168_人群と交流を行ったのかについても、これらも既

に考証不能である。私が唯一断言できるのは、D1-M174 が極東へ向かう前に既にこの部分の常染色体を獲得していたことであり、一部の人類学者が上述の情報を知れば D1-M174 を「古コーカサス人」と呼ぶかもしれない。

未来古標本への展望と可能なデータ

現在の結論もまた既存のデータを通じて間接的に推測したものに過ぎず、モデルの正確性を証明できるかどうかについてはさらに多くの直接的な古 DNA 証拠が必要である。さらに多くの直接証拠を掌握する以前は、全てもまた众多のモデルの中の一つの仮説に過ぎず、ただこの仮説が何らかの思路の中のデータに契合している可能性はあるものの、必ずしも完全に現実に符合するとは限らない。

現在、西南地区の万年以上で、かつ体質・技術・文化が全面的に後進した古標本については、女性のみが涉及しており男性の父系標本は涉及していない。雲南馬鹿洞遺址からは数十例の人類遺骸破片が出土しており、現在学界では識別可能なものは少なくとも 5 体の異なる個体に来自すると見なされているが、現在も一例の女性標本しか公表されていない。東南沿海の亮島 1 号は最初公表を拖延することを選択し、その体質・文化風俗が相近する奇和洞の男性は現在に至るまで依然として公表されていない。同時に異なる地区の人類遺骸の DNA 保存状況も考慮する必要がある、例えば成都高山古城遺址には 116 例の遺骸標本があるものの、保存が不当であったことを考慮し最終的に 3 例しか公表されていない。そのうち女性標本は M9a1a であるが、男性標本の D-Z31591 と O-Z25915 には父系データがあるもののミトコンドリア・データがないのは非常に反常的である。通常ミトコンドリアは父系染色体よりも測定が容易であるからである。

齐家文化ラジャ（喇家）遺址は、現在西北地区で D1a1a1a1a1-F729 父系の早期に古 DNA データと体質データを同時に有する遺址である。以往の齐家文化ラジャ遺址の頭骨データ研究によれば、導き出された結論はラジャ遺址が他の甘青地区の頭骨とは異なり、ラジャ遺址の頭

骨測定データが「オーロッパ人種」に接近していることである。面部扁平度の面では、鼻頬角が 141 と小さいことは面部が非常に立体的であることを示し、「南アジアモンゴロイド人種」の変異範囲に接近している。額傾角が 89° であることは額が非常に直いことを示し、頭蓋高が 147 mm であることは非常に高頭蓋であることを示しており²⁹⁾、甘青地区の他の古代居民の中等度に偏大する鼻頬角とは大きな差異がある。

ただし研究はまた、いかなるオーロッパ人種の遺伝子痕跡も発見されなかったと指摘している。実はこのいわゆるオーロッパ人種は人類学の旧称であり、頭骨形態がコーカサス類似を呈し近東・ヨーロッパ・北アフリカ一帯に分布する人群を泛指する。論文作者がこれらのデータに対して解釈を行えなかったのは、確固たる分子人類学の知識储备を具備していなかったためである。齐家文化は何しろ既に完全に混同した早期チベット・ビルマ語族であり、D-Z27269 の早期形態と常染色体に対する参考価値は限られている。齐家文化と雲南青銅器時代遺址は相対的に言えばやや早いものの、少なくとも D-Z27269 が常染色体から見て晩期に西北から来たことを証明している。

現代遺伝子のレベルから見れば、比較的高頻度の D1a1-P47 と低頻度の D1a1-Z27269 父系を有する康巴、黒彝、嘉絨、川西羌は、これらの人群が遺伝子成分測定プログラムにおいて隴西仰韶成分と非常に相似しており、漢代羌人とラジャ遺址も同様に強烈な西部仰韶特徴を有している。絶大部分のチベット・ビルマ語族の常染色体は北方漢族よりもやや北に偏っているが、彝族の中では D-Z31591 がより高頻度の黒彝のみが符合し、白彝は符合しない。

D-M174 の最古の古 DNA データについては、現在に至るまで D1a1-F6251 の最古の古標本データは D-F729 の下流 D-F17412 に来自し、距今 5750±200 年前で大地湾遺址からわずか数キロの甘肅天水王家陰窪遺址から測定されている。王家陰窪遺址は大地湾、西山坪、師趙村などの遺址と同じく早期大地湾文化の放射区域に属する。この例の標本の A25 ミトコンドリアは後に双槐樹遺址と石峁遺址にも出現しており、この二つの遺址はいずれも原漢チベット語族群が漢語族へ分化する早期の重要な遺址である。ならびに D1a2a-M55 の最古の古標本データは

日本関東群馬県のイヤイ岩棚遺址（Iyai Site）に来自し、距今 7544±26 年前の D-Z1513 父系、N9b ミトコンドリアであり、これも現在の D1-M174 全体で明確な最古の標本である。

周知の通り仰韶文化は早期、中期、晩期に分けられるが、実はまた前仰韶文化時期というものが存在し、これがいわゆる大地湾文化一期であり、高頻度でかつある程度の年代を有する D1a1-F6251 が測定される可能性が最も高い関連文化でもある。大地湾第一段階、すなわち紀元前 7800～7300 年は前仰韶文化時期と呼ばれるが、現在この時期の大地湾標本は完全に空白であり、現在最多でも中晩期の標本しかない。ならびにより晩期の既に混合した白家村遺址、西山坪遺址、師趙村遺址がある。仰韶文化には半坡遺址、姜寨遺址、北首嶺遺址、西坡遺址、南佐遺址が含まれる。さらに後期の馬家窯文化、宗日文化、宝墩文化、齊家文化、四坝文化、辛店文化、十二橋文化に至るまで、これらの遺址は理論上いずれも一定の頻度の D1a1-Z27269 を測定できるはずである。

距今 6000 年前の大溪文化には O1b1-M95、O2a-M7 ならびに D-F1070 の下流、例えば D-Z41207 が含有されているはずであり、また一部の B、F/R9 の南偏り分岐も含有されているはずである。大溪文化の前身は湖北城背溪文化であり、城背溪文化の前身は距今 9000 年前の彭頭山文化であり、これも長江中流で最初に明確に人工栽培水稻を有する新石器時代文化である。大溪文化が東南へ外拡すると同時に、南島語族と南アジア語族群は中国南方から退出した。大溪文化の後裔は主に壮侗、苗瑶ならびに南漢の形成に参加しており、したがって D-F1070 の久遠な標本は長江中上流の各遺址に期待することができる。

ただしこれらはいずれも新石器時代の標本であり、早期形態に対する参考価値は限られている。さらに先史へ遡れば、寧夏回族自治区靈武市の水洞溝遺址を備選項とすることができるが、当該遺址は現在依然としていかなる遺骸も発見されていない。理論的に言えばチベット高原北東縁ならびに日本諸島（周辺海底を含む）、さらにカムチャツカー帯には、D1-M174 の距今万年、さらには 3 万年級以上の古標本が発見される確率がある。4.5 万年級以上に達した

いのであれば、将来地中海東岸、西アジア各国、あるいは中央アジア・コーカサスなどの地区で運を試す必要がある。

現在最も可能性が高いのは距今 2.7 万年前の日本沖縄白保人であり、中国方面では甘肅省天水市武山県狼叫山遺址の距今 3.8 万年前の二例の武山人である。そのうちそれぞれ 20 歳の残缺した男性頭蓋骨と 35 歳の完全な女性頭骨があり、この位置で出土したのであれば可能性は依然として存在する。何しろ先史 D1a1-F6251 の大本営は甘肅天水付近にあったからである。次いで中国甘肅省平涼市涇川県牛角沟遺址の距今 2~5 万年前の涇川人であり、約 20 歳前後の男性頭蓋骨が一体出土しており、ヨーロッパの同期人類化石には常見だが東アジアには稀な枕外隆凸の特徴を伴っている。同期の武山人頭骨と比較すれば、両者は共同祖先を共有する「姉妹群」である可能性がある。

参考文献

- [1] 文波, 石宏, 任玲, 等. Y 染色体、线粒体 DNA 多态性与云南宁蒗摩梭人的族源研究 [J]. 中国科学 (C 辑), 2003, 33 (4): 375-384.
- [2] Stewart J B, Chinnery P F. The dynamics of mitochondrial DNA heteroplasmy: implications for human health and disease[J]. Nature Reviews Genetics, 2015, 16(9): 530-542.
- [3] Di D, Sanchez-Mazas A, Currat M. Computer simulation of human leukocyte antigen genes supports two main routes of colonization by human populations in East Asia[J]. BMC Evolutionary Biology, 2015, 15:240.
- [4] Li D N, Li H, Ou C Y, et al. Paternal Genetic Structure of Hainan Aborigines Isolated at the Entrance to East Asia[J]. PLoS ONE, 2008, 3(5): e2168.
- [5] He G L, Wang Z Y, Jiang Y T, et al. Complex peopling history and expansion events inferred from large-scale modern and ancient Y chromosome sequences[J]. Science Advances, 2026, 12(14): eadu7935.
- [6] Bannai M, Tokunaga K, Imanishi T, et al. HLA class II alleles in Ainu living in Hidaka District, Hokkaido, Northern Japan[J]. American Journal of Physical Anthropology, 1996, 101(1): 1-9.
- [7] Di D, Sanchez-Mazas A. Challenging Views on the Peopling History of East Asia: The Story According to HLA Markers[J]. American Journal of Physical Anthropology, 2011, 145(3):351-364.
- [8] Suzuki R, Saitou N, Matsuari O, et al. Helicobacter pylori genomes reveal Paleolithic human migration to the east end of Asia[J]. iScience, 2022, 25(7): 104477.
- [9] Usui S, et al. Secular Changes in Cranial Morphology and Pattern of Sexual Dimorphism in Modern Japanese: A Geometric Morphometric Analysis Using Post-Mortem Computed Tomography Data[J]. American Journal of Physical Anthropology, 2026, 189(3): e70235.
- [10] Fu Q, Hajdinjak M, Moldovan O T, et al. An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor[J]. Nature, 2015, 524(7564): 216-219.
- [11] Wang L X, Lu Y, Zhang C, et al. Reconstruction of Y-chromosome phylogeny reveals two neolithic expansions of Tibeto-Burman populations[J]. Molecular Genetics and Genomics, 2018, 293(5): 1293-1300.
- [12] 谢选华, 李辉, 毛显云, 等. 从 Y 染色体遗传结构看藏缅语族人群的起源 [J]. 遗传学报, 2004, 31 (10): 1023-1029.

- [13] 毛乙臻, 王飞, 刘雨佳, 等. 线粒体 DNA 基因组揭示的白马人群的遗传结构 [J]. 中国科学: 生命科学, 2025, 55 (1): 153-167.
- [14] 廖小韵, 郝晓光, 胡小刚, 等. 藏南地名佐证门巴与珞巴的民族归属[J]. 地理空间信息, 2011, 9(2): 136-138.
- [15] 冉静, 丁显平, 等. Y 染色体单倍群与西南地区男性生精障碍的相关性 [J]. 遗传, 2013, 35 (1):75-80.
- [16] Sato Y, Shinka T, Iwamoto T, et al. Y Chromosome Haplogroup D2* Lineage Is Associated with Azoospermia in Japanese Males[J]. Biology of Reproduction, 2013, 88(4): 107.
- [17] Sharma A N. Tribal Development Andaman Islands[M]. New Delhi: Sarup & Sons, 2003: 64.
- [18] Dickins F V. Aino hairiness and the Urvolk of Japan[J]. Nature, 1887, 35: 534.
- [19] González A M, Larruga J M, Maca-Meyer N, et al. Mitochondrial lineage M1 traces an early human backflow to Africa[J]. BMC Evolutionary Biology, 2007, 7(1): 123.
- [20] Roychoudhury S, Roy S, Basu A, et al. Genomic structures and population histories of linguistically distinct tribal groups of India[J]. Human Genetics, 2001, 109(3): 339-350.
- [21] Hublin J J, Sirakov N, Aldeias V, et al. Initial Upper Palaeolithic Homo sapiens from Bacho Kiro Cave, Bulgaria[J]. Nature, 2020, 581(7808): 299-302.
- [22] Hajdinjak M, Mafessoni F, Skov L, et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry[J]. Nature, 2021, 592(7853): 253-257.
- [23] Shuangquan; Chen, Fuyou; Trinkaus, Erik (17 April 2007). "An early modern human from Tianyuan Cave, Zhoukoudian, China" &. Proceedings of the National Academy of Sciences. 104 (16): 6573-6578.
- [24] Fernando A S, Wanninayaka A, Dewage D, et al. The mitochondrial genomes of two Pre-historic Hunter Gatherers in Sri Lanka[J]. Journal of Human Genetics, 2023, 68(2): 103-111.
- [25] Urban Aragon J A, Bandyopadhyay E, Ranasinghe R, et al. Population histories of the Indigenous Adivasi and Sinhalese from Sri Lanka using whole genomes[J]. Current Biology, 2025, 35(12): 2745-2754.e5.
- [26] Bourgon N, Oelze M, Amano N, et al. Pre-agricultural intensification of plant use in Pleistocene Sri Lankan rainforests[J]. Nature Ecology & Evolution, 2026.
- [27] Chandrasekar A, Kumar S, Sreenath J, et al. Updating Phylogeny of Mitochondrial DNA Macrohaplogroup M in India: Dispersal of Modern Human in South Asian Corridor[J]. PLoS One, 2009, 4(10): e7447.
- [28] Zhao Z, Khan F, Borkar M, et al. Presence of three different paternal lineages among North Indians: A study of 560 Y chromosomes[J]. Annals of Human Biology, 2009, 36(1): 46-59.
- [29] 王明辉.青海民和喇家遗址出土人骨研究 [J]. 北方文物, 2017 (4): 25-30.
- [30] Sato Y, Shinka T, Iwamoto T, et al. Y chromosome haplogroup D2a1 is significantly associated with high levels of luteinizing hormone in Japanese men[J]. Andrology, 2015, 3(4): 520-525.
- [31] Mao X W, Zhang H C, Qiao S Y, et al. The deep population history of northern East Asia from the Late Pleistocene to the Holocene[J]. Cell, 2021, 184(12): 3202-3213.e13.

附章

羌の原初的読音と音声学

羌の原始発音は言語学界では実は既に共通認識が形成されており、主流の擬音体系はいずれも羌を声母舌根送気塞音 k^h と擬することに同意している。このうち k^h (kh) は舌根送気塞音であり、発音は舌根爆破の後に比較的強い噴気を伴うものに類似し、聴感には力を入れて咳き出した気流に近似する。擬音の論争は現在のところ、この音節に複輔音流音 $-l-$ が存在するかどうか、および可能性のある前置隠式輔音をどう処理するかに限られている。これが一部の体系が $_k^hl-$ 複輔音を採用しない、すなわち $_k^hanj$ ($kang$) とする理由であり、別の一派は $*k^hlanj$ ($klang$) と擬する。その後歴史的な音声変化の中で、この音は爆破感を喪失して擦音 h に簡略化されたこともあれば、送気感を喪失して不送気の k に簡略化されたこともある。その来源については、トハラ語（吐火羅語） $klānk$ に由来し、「戦車兵」の意があるとする一部の少数派観点が存在する。

ただし私自身は言語学的擬構とその意味にはあまり関心がなく、この方面の功底も堅実ではない。一人の人類学独立研究者として私が関心を持つ問題はむしろ、なぜ最初は「 k 」音と発音されていたものが、後に徐々に「 q 」音へと変化したのかという点にある。この問題はこれまで上手く解決されてこなかったように思えるし、また誰も本当に言語学的角度ではなく人類学的角度から切り込んでこなかったように思える。実際にこのような現象は現代中国語においてもかなり普遍的である。キューピッド（丘比特）は国内に伝来する前は $Cupido$ であったが、国内に伝来した後に最初の k 音が q 音に置き換えられた。丘就却の原始読音は $kujula$ であり、キューピッドと同様に伝来後に k 音が q 音へと変化した。これに類似するのは君であり、最初は kun と読まれ、現代では jun である。気は最初は ki と読まれ、現代では qi である。また別の状況として、 g 音が最終的に j 音へと変化する場合があります、例えば家は最初は gia と読まれ、現在では jia と読む。見は最初は $kian$ と読まれ、現在では $jian$ と読む。

類似の現象は実は現実においてもかなり普遍的であり、例えば各地区の方言の訛りである。一部の訛りは極端な場合には、まるで無理に前へ発音しようとしているかのような感覚を与え、最終的な結果として音全体が最も前へと押し込まれ、口腔内の舌の重心も全て前に来る。これがもたらす最も一般的な特徴は平舌音と翘舌音の区別がつかないことであり、翘舌音を平舌音へと変化させる。発音時に舌位が前に偏るため、普通話のような後ろ寄りの翘舌音は到底発音できない。この形式は異なる地区でそれぞれ異なる訛りの形で呈示されるが、核心的な法則は zh/ch/sh を z/c/s に類似した発音に読むことである。例えば支持 (zhī chí) を资瓷 (zī cí) と読み、老师 (lǎo shī) を老丝 (lǎo sī) と読み、吃饭 (chī fàn) を叱饭 (cī fàn) と読み、猪 (zhū) を居 (jū) と読むなどである。類似の例はこれ以上多く挙げない。

したがって我々は実際に、二つの法則が存在するものの、起源上は同じメカニズムを持つように思える発音の問題を発見する。第一の状況で最も明らかなのは、人が話す際に発音全体が前へと押し込まれることであり、これは一種の発音実現レベルでの前移 (phonetic fronting) である。特徴は一部の舌根音、例えば k を軟口蓋から硬口蓋へと移して発音することであり、この音素は依然として存在するものの、実際に発音されるとより前になり、舌根音全体が舌面へと移動し、全体の聴感に「より尖った、より押し込まれた」効果をもたらす。一部の地区の方言はいずれもこのような前移傾向を帯びており、これは部位前移ではあるものの口蓋化ではなく、全体の聴感が口腔前部に集中する結果となる。もし一方言が長期的に前部舌位の使用に傾倒すれば、最終的には k、g 音が前移するだけでなく、付随して擦音、母音の共鳴位置も前に偏るようになる。これが一部の方言が人に「非常に押し込まれた」感覚を与える理由であり、特に一部の地区においてそうである。

他方第二の状況は、舌根音である k、g を直接 q、j 音と発音することであり、この発音法則は一種の音素レベルでの直接的置換であり、専門用語では舌根音口蓋化 (Velar Palatalization) 現象と呼ばれる。主流の定義は「音声プロセスが通常は前母音の高い舌位によって駆動され、これにより元々軟口蓋で生じていた発音が前方へ移動して硬口蓋になる」と

いうものであり、これにより軟口蓋塞音である k、g がしばしば歯茎後部塞擦音である /tʃ/、/dʒ/ へと変化する。このような舌根音口蓋化現象は実は我々が想像するよりも広範であり、例えば上古中国語において三、四、五、六、七、九などの字の声母はいずれも k/g 舌根音に属し、発音部位は喉の奥深くにあった。しかし元明以降になると、これらの舌根音は普遍的に前移を生じるようになり、すなわち舌根音口蓋化である。k/g が徐々に q/j などのより発音の前に寄った音へと変換し、全体の発音をますます前に寄せた。これも中国語音声の数千年間における最も核心的な音变法則の一つである。

一部の方言は舌根音口蓋化においてより極端な表現を示し、元々の舌根音を舌尖位置へと移動させ、全ての発音が口腔前半分に集中する。そのため聴感上はまるで舌を挟んで話しているかのように感じられ、声は扁平で厚みがない。その原理は上述の音变法則と完全に一致しており、核心はいずれも発音部位の前移と、発音器官が全ての功力を発揮していないことにある。興味深いことに、中古中国語の発音を真に継承しているのは、かえって一部の南方地区および現代日本語である。例えば日本語と現代中国語は反対の法則を呈しており、日本語の普遍的な発音法則は j、q 音を k 音と発音することである。例えば漢族の輔音は j であるが、日本語になると k へと変換し、君は日本語では kun と読み、家は日本語では ka と読む。これは一部の地区がピンインの j を g へと変換し、解字を gai と読むのと同じ原理である。

現代言語学はこのような舌根音口蓋化現象を、歴史上の古人が舌筋を省力し発音をより円滑にするために、不断の変化過程の中でこの軟口蓋発音を捨て去ったものと解釈する。しかしこのような論理は明らかに推敲に堪えない。もし単純に省力のためであるならば、人類の全ての異なる文化、異なる時期、異なる地区の人群はかなりの割合で口蓋化現象を持っているはずである。しかし現代においても多くの言語にはこのような口蓋化現象が出現しておらず、一部の地区にのみ存在している。もしこの中に省力の法則が存在するのであれば、多くの地区にこのような現象が存在しないことを説明できない。

中国内地を含め、このような変化も均一ではない。したがって「舌筋を省力するため」という説明だけでは明らかに問題を完全に説明していない。私の見るところ、主流学界の舌根音口蓋化現象に対する解釈は浅はかな理解のレベルに留まっており、より深層の原因を説明していない。これは説明を何も行っていないに等しい。解剖学あるいは人類進化、さらには遺伝子の角度からこの問題を説明しなければ、完全ではないと私は考える。

実は一部の地区の方言訛りだけでなく、舌根音口蓋化に類似する現象として舌根音前移（Velar Fronting）がある。これは通常人間の乳児早期段階に生じ、3歳以降になると徐々に消失する。この時期の乳児は生理的発達が未熟で、口腔舌筋の力量制御が弱く、喉部の発声器官が完全に成長していない。舌根音である k/g を発音するには舌根を後上方へ持ち上げ、軟口蓋を精密に押さえる必要があるが、これは乳児の幅広く柔軟性に欠ける舌にとって非常に疲れる作業である。そのため最終的に k/g 音を前移させ、発音部位を硬口蓋へと寄せる現象が生じる。

これもまた乳児が軟口蓋音（舌を軟口蓋に押し当てて発する音、例えば k/g）を通常歯茎音（舌を上歯の後方に押し当てて発する音、例えば t/d）によって置換される理由である。実際にインターネット上には乳児が k/g 音を発音できないことを矯正するための投稿が非常に多く存在する。最も一般的な問題は、「哥哥」（Gēge）を「的的」（Dēde）と言い、姑姑（Gūgu）を嘟嘟（Dūdu）と言い、狗狗（gǒu gǒu）を抖抖（dǒu dǒu）と言うことである。英語では「Key」を「Tey」と読み、「Goat」を「Doat」と読み、「Cake」を「Take」と読み、「cup」を「tup」と発音するなどがこれに類似する。

このような規則性の誤りを乳児の聴覚的失誤に帰するのは肯定的に不正確である。現代医学は早くから、このような状況は早期の舌筋発音制御能力が未熟であるためであると見なしてきた。舌根音は舌後部と軟口蓋の接触を精密に制御する必要があるのに対し、前部音は舌尖に関わるためより制御しやすい。この時期には「より発音しやすい音」で「まだ上手く習得できていない音」を置換する現象が生じる。ただしこれは基本的に成年以降には自行的に消退する

ものであり、実際に大多数の場合には乳児を意図的に矯正する必要はなく、乳児が成年に達すれば自然に好転する。

ただし乳児の発音に関する研究は、一部の地区の訛りにこのような類似の法則が出現することを説明できない。言語はその発音を含め、本質的には既に部落の権利を掌握した成年人同士が相互に交流する中で徐々に形成されるべきものであり、部落の権利を全く持たない人間の乳児によって決定されるものではないからである。したがってこの中の論理は、乳児が成長した後には部落の中の成年人を模倣するのであって、部落の中の成年人が意図的に逆に人間の乳児の発音習慣を学習するのではない、ということに他ならない。

以前に言及した乳幼児が有する舌根音前移現象は、喉部以上の発声器官が未だ完全に発達していないためであり、そのために舌根音口蓋化に類似した解決方式が生じるのである。そして現在の学界の研究発見によれば、乳幼児の発音器官に接近する人間がもう一種存在する。それがネアンデルタール人である。

認知科学者フィリップ・リーバーマン（Philip Lieberman）が以前にネアンデルタール人の骨格構造に対して行った気道再建研究、およびコンピュータプログラムによる発音シミュレーションによれば、彼が最終的に導き出した結論は、ネアンデルタール人の喉部以上の発声器官は人間の乳幼児に類似するというものであった。これはネアンデルタール人の大後頭孔が通常比較的後ろに寄っており、頭部の軽微な前伸をもたらす可能性があり、喉位も現代人類よりやや高く、それに伴って咽頭腔も短縮するためである可能性がある。これにより舌の位置が高すぎ、前に寄りすぎており、舌はほぼ完全に口腔内に位置して咽頭腔へと下降しておらず、相応の柔軟性も少なくなっている。

したがって現代人類が k/g 音を発音しようとする際には、声道中段、すなわち口腔と咽頭腔の境界部で突然かつ精密な閉鎖を行う。しかしネアンデルタール人は咽頭腔中段の収縮能力を持っていなかった可能性がある。咽頭腔が短すぎ、舌の位置が高すぎるため、この鍵となる位置で閉鎖を形成できないのである。もちろんリーバーマン自身はネアンデルタール人が k/g

のような舌根音を全く発音できないとは否定しておらず、これも多くの反論者が彼に対して抱く誤解である。彼の原意は、短咽頭腔と高位舌という特殊な声道構造に制限され、ネアンデルタール人がこのような音を発音するのは現代人類よりも「困難」であるというものに類似する。声道の中で精密かつ突然の閉鎖を形成できないため、彼らが k/g 音を発音しようと試みる際にはより前に偏り、かつ安定性が劣り、日常的な連続言語の中で真に使用することはできないのである。

したがってこれは彼らが舌根を閉鎖できないと言うのではなく、発力がより困難でより力を消費し、辛うじて k/g に類似した音を発することはできるものの、現代人類の言語における那种の明瞭で安定した連続音声に使用可能な k/g 音を支持しないということである。そして彼らの k/g 音は前移を生じ、軟口蓋音ではなく硬口蓋音、すなわち軟口蓋前音により類似する。これはもし一名のネアンデルタール人に自然に k/g 音を発音させようと試みた場合、彼に対して強行的な矯正を行わなければ、成年以降もこの前移の特色を保持し続ける可能性があることを意味する。したがって自然な状況下では、ネアンデルタール人は k/g 音を前移させる傾向があるか、あるいは私が以前に言及した別の方案、すなわち直接的に舌根音口蓋化を行い、k/g 音を q/j 音と読むかのいずれかである。

少しばかりの慧根を持つ読者であれば、私がここで言う「ネアンデルタール人」が明らかに一種の代指であることに気付くはずである。背後に暗に含まれるのは、ネアンデルタール人と同時期に世界各地に散在した他の古人類であり、当然直立人も含まれる。彼らの共通の特徴はおそらくいずれも大後頭孔が後ろに寄り、頭部が前伸し、喉位が比較的高いことであろう。ただし異なる群体の状況がより標準的であったりより糟糕であったりするという区別はあるものの、原理は同じである。そして旧石器時代に当地の直立人と遺伝子交流が頻繁であった人群は、このような声道または頭骨構造を継承した可能性がある。もちろん私の意味は、現在このような発音習慣を持つ人群の声道構造が必ずしも存古的であると言うのではない。ただし私が確認できるのは、彼らが継承したこのような訛り、すなわち発音習慣を、最も初めにこのよう

な音を発した初始群体まで遡れば、彼らは大概率において k/g 音をあまり自然に発音できなかったであろうということである。平舌音と翘舌音の区別がつかず、声が前へ押し込まれるなどの聴感、一部の方言訛りの特色そのものである。

したがって歴史上の一部の k/g 音を帯びた字詞は、当地人の声道の変化により本来の読音を変化させやすい。この中で舌根音口蓋化現象が最も深刻であり、よく見られる k が q 音に改まる例としては、Kujula が元々は庫俱拉と読むべきであったのに、現在では丘就卻と読むようになったことがある。羌も同じ道理であり、元々は必然的に q 音と発音して羌と読むことは不可能であり、むしろ k 音と発音すべきであった。もし漢文の読音に転換すればより「康」と読むに類似するはずである。したがって西羌は元々は西康と読むべきであり、羌人は元々は康人と読むべきであった。逆もまた同様であり、民国時に設立された西康省は実は西羌省と見なすこともできる。

この線に沿って進めば、康巴という二文字の直接的な意味が羌人の意味であることが発見される。康巴はチベット語では ཁམས་པ་ ʁams pa と読み、ウィリー転写では kham-s-pa である。ここでの ཁམས་པ་、すなわち kham-s は康を指し、その中の པ་、すなわち pa、巴はチベット語では人、または某地の人を指す意味である。すなわち康巴を合わせた意味は「康地の人」である。以前に私がまた言及した通り、羌の元々の読音は康であるべきであり、康の発音こそが歴史上の「羌」の真の発音により接近する。したがって康巴の直接的な意味は実は「羌地の人」であり、康巴は直白に言えば羌人の直接的な意味そのものである。

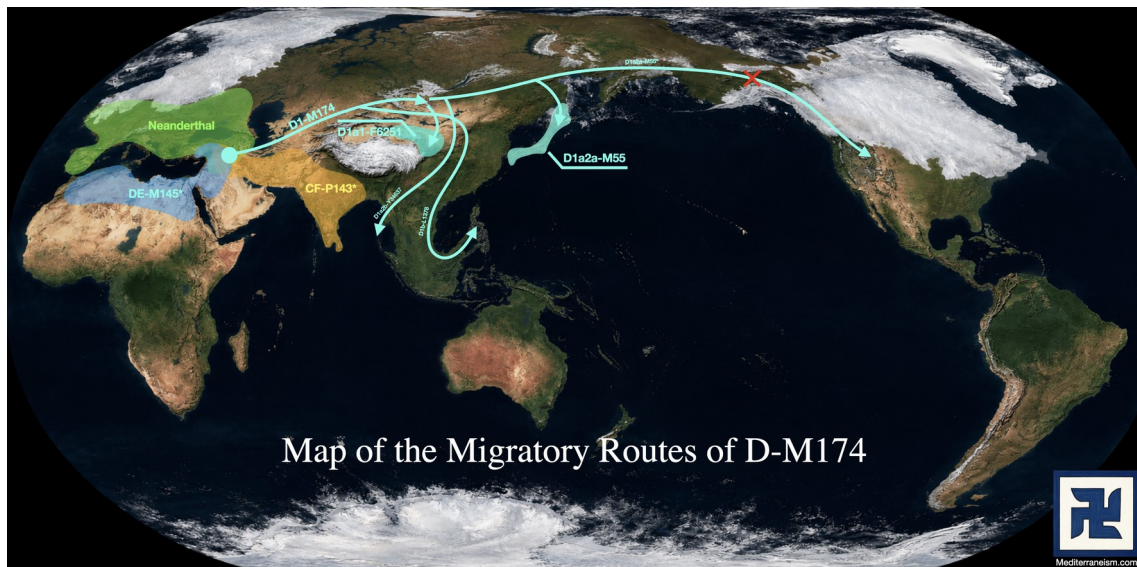
このように見れば、現在の川西、蔵東一帯の「康巴」人群は、少なくとも呼称上においては、一部の現代民族区分におけるいわゆる「羌族」よりも、歴史記載の中の羌人により接近する可能性がある。いわゆる「羌人」は西部の众多の部落に対する泛称であるが、歴史上绝大多数の羌人は不断に漢族とチベット族へと融入してきた。現代羌族が統一的な民族身分として形成される以前には、今日羌族に劃入されている多くの人群は普遍的に「羌人」を自称してはいなかった。しかし康が地域名称としての歴史は既に長期にわたって存在している。したがって

康巴は近現代に創造された民族名称ではなく、伝統的なチベット地区の地域区分に基礎を置く文化身分である。もちろん「康巴」が広範な区域文化身分として近現代に徐々に強化されたものでもある。

康巴は康区（kham）で康方言を操るチベット族に対する統称として、その範囲はおおよそ現在のチベット自治区の昌都市、那曲市と林芝市東部、青海省の玉樹チベット族自治州、ならびに四川省の甘孜チベット族自治州と雲南省ディチン（迪慶）チベット族自治州に相当する。現在の各時期の論文研究、ならびに私が以前に正篇で言及したチベット地区の父系占比統計によれば、昌都市、那曲市ならびに林芝市の D1a1-F6251 の全体的な頻度は約 60～75% 不等であり、そのうち D-M533 を主要な割合とし、少量の D-Z27269 を加えて構成される。

歴史上の西羌は各地に散在する西部游牧民族を泛指するものである。現代社会におけるいわゆる羌族は歴史上既に不断に他の民族の人群によって希釈されてきた。さらに歴史上絶大多數の羌人支系が不断に漢地へと融入してきたことを考慮すれば、多くの羌人は現代において既に DNA を通じて考証することができなくなっている。D-Z27269、特に下流の D-F729 は歴史上おそらく最も早く東拡し、かつ漢化の程度が最も深かった羌人であろう。したがって来历不明の一部の羌族を歴史上の羌人を研究するための標本として用いるよりは、むしろ川西、蔵東一帯の「康巴」を自称し、近現代以前には内部通婚を実行し、かつ 70% 以上の割合で D-P47 を有する康巴人に注意を向けるべきである。

附図



D-M174 移動ルート図