

科学研究費助成事業「新学術領域研究（研究領域提案型）」 研究概要
〔令和5年度事後評価用〕

令和5年6月30日現在

機関番号：	
領域設定期間：	2018年度～2022年度
領域番号：	8004
研究領域名（和文）	ゲノム配列を核としたヤポネシア人の起源と成立の解明
研究領域名（英文）	Deciphering origin and establishment of Yaponese mainly based on genome sequences
領域代表者	
	齋藤 成也 (SAITOU Naruya)
	国立遺伝学研究所・特任教授
	研究者番号：30192587
交付決定額（領域設定期間全体）：（直接経費）	647,900,000円

研究成果の概要

ヤポネシア（日本列島）には約4万年前に最初のヒトが渡来し、その後も何度か渡来の波があった。この枠組みの中で、ヤポネシア人（日本列島人）はどのような集団にその起源をもつのか、ヤポネシアにおける成立・発展の過程はどうであったのかを、多地域から選別した現代人数百個体と旧石器時代～歴史時代の古代人100名のゲノム配列を決定し比較解析することで、ヤポネシア人ゲノム史の解明をめざす。ヒトとともにヤポネシアに移ってきた動植物についても、それらのゲノム配列の比較から歴史を解明する。過去の人口増減の詳細な歴史を、ゲノム配列から推定する既存の方法や新規に開発する方法を用いて、再構築する。ヤポネシア人の歴史を多方面から検討するために、これらゲノム研究と、年代測定を取り入れた考古学研究や、日本語・琉球語の方言解析を含む言語学の研究グループとの共同研究をおこなう。これらから、文理融合のあらたな研究領域を確立する。

本研究領域は、分子人類学、ゲノム進化学、人類遺伝学、考古学、言語学、歴史学等を融合させて、日本列島に居住してきた人類集団「ヤポネシア人」の起源と成立の歴史について総合的な解明を試みるものであり、既存の学問分野の枠に収まらない新興・融合領域の創生など、研究の発展が期待される。人間及び動植物のゲノムデータの解析を中心に、考古学・言語学等の詳細なデータの分析を取り入れた「ゲノム歴史学」の手法により、旧石器時代から歴史時代、そして現代に至るヤポネシア人4万年の歴史を多角的に明らかにすることを目指す革新的な研究である。日本列島への三段階渡来説の検証など、日本人の起源等を中心に従来の知見を刷新する成果が期待できる。

研究分野：自然人類学、考古学、言語学

キーワード：ヒトゲノム、動植物ゲノム、炭素14年代、方言、日本語、琉球語

1. 研究開始当初の背景

日本人の起源とその発展の歴史は、われわれ自身のアイデンティティーにとって非常に重要な問題である。これまで人類学や考古学の研究が多数おこなわれてきたが、近年

急速に発達したゲノム解析技術により、これまでにない「革命」ともいえる規模で、日本人の起源について研究することが可能となってきた。また現代と古代の日本人における遺伝的な多様性が明らかにされつつあり、その複雑な形成過程は、単純に「日本人の起源」という言葉では片づけられない。本研究領域では歴史的に日本列島に居住していた人類集団という視点から「ヤポネシア人」（島尾敏雄が提唱した）の歴史を明らかにし、これまでにない新しい視点からヤポネシア人像を明らかにすることを目標としている。ヤポネシア人の起源とその成立に関する定説は、ベルツのアイヌ・沖縄同系説をとりこんだ山口敏や埴原和郎らの「二重構造モデル」である。二重構造モデルは日本列島人の形成を考える第一近似としては考えられるが、細部については修正や変更が必要であることがわかってきた。21世紀にはいり、ヒトゲノムの塩基配列が決定されると、現代人の遺伝的多様性をゲノム全体のSNP（単一塩基多型）で比較する研究が急速に発展した。日本列島人についても、2012年には本新領域研究の代表者である斎藤成也らが、アイヌ人と沖縄人（琉球人）に共通性が明確にあることを示すとともに、それらのデータを用いた2015年の論文では、アイヌ人と本土人の祖先集団が混血をはじめたのは古墳時代であるという推定が得られた。日本書紀によれば、大和政権が東北に進出していた時代である。

2016年に福島県三貫地貝塚出土の縄文時代晩期人の歯からDNA抽出をおこない、ゲノム配列を一部決定して解析した論文を、斎藤や篠田らが発表した。本土日本人が縄文人と現在東アジア大陸部に分布する人々との混血であることが明瞭に示された一方、系統樹解析からは、縄文人の系統が現在の東アジア集団が分岐する以前に分岐した可能性が高い、縄文人が本土人に伝えたゲノムの割合がわずかに12%程度であるなど、これまでとは異なる推定がされた。篠田らは、次世代シーケンシング法を用いて、現代人に匹敵する高精度のゲノム配列を北海道礼文島の船泊遺跡出土の人骨などから得ている。斎藤のグループは、出雲人や薩摩人などの全ゲノムSNP多型を調べ、出雲人と東北地方人が若干類似している可能性や、薩摩人と沖縄人の共通性を見いだしている。

2003年に国立歴史民俗博物館のグループは、AMS-炭素14年代測定法を用いた推定から、弥生時代の開始を従来の推定から500年ほどさかのぼる紀元前10世紀だと発表した。九州北部からはじまった水田稲作は、数百年かけて日本列島を北上していったことがわかってきた。日本語の起源についてもさまざまな説があるが、定説といえるものはない。アイヌ人と明らかに遺伝的共通性を持つことが示されたオキナワ人は、琉球語を話す。日本語と琉球語については明確な近縁性があり、特に琉球語内の方言は変化が大きいこともあり、現在活発な研究が進んでいる。

2. 研究の目的

ヤポネシア人の起源した時代と集団を、現代人・古代人および人間に帯同する動植物のゲノムデータによって明確に推定する。ヤポネシアに居住してきた人々の人口変動、ヤポネシアに渡来した人々の起源地と渡来年代を詳細に解明する。日本語や琉球語の変化速度および借用の割合を推定し、それらのパターンとゲノムの変化速度と混血度との対応を解析して、ゲノムと言語のあいだの相関関係をあきらかにする。

3. 研究の方法

ゲノムについては、DNAの塩基配列を次世代シーケンサーで決定し、コンピュータ解析でつないでゆくのが基本である。ヒトゲノムについては、これら全ゲノム配

列決定の前に、スクリーニングとして、ゲノム規模SNP（単一塩基多型）のマイクロアレイを用いる。古代人ゲノムについては、骨や歯の資料から粉状にしたものを削り出し、それからDNAを抽出し、一連の化学修飾（ライブラリー化）のあとに、次世代シーケンサーで配列決定をおこなう。現代人と古代人はどちらも同じヒトなので、解析のときにはまとめて比較する。

考古学研究では、まず人骨からコラーゲンを取り出して炭素14年代を推定し、古代人ゲノムを研究するグループに渡す。その他の遺跡の資料を比較解析し、古代人ゲノムから得られた結果と比較する。

言語学研究では、現代方言の研究の場合は現地調査によって現在使われている方言資料を収集し、歴史的な変遷を調べる場合には、文献資料を用いる。日本語・琉球語と他の言語との比較の場合には、文献資料を用いる。このほか地名や苗字といったデータを用いる場合もある。

4. 研究の成果

<計画研究>ヤポネシアの現代人（A01班）、古代人（A02班）、および動植物（A03班）のゲノムを多数決定し、それぞれ興味深い成果をあげることができた。現代人ゲノムは「内なる二重構造モデル」を支持しており、また縄文・弥生・古墳3時代の古代人ゲノムは、それぞれの時代に明確な特徴を示した。マウス、ヒグマ、イネ、ヒョウタンなどのゲノムを決定し、それぞれ独特の歴史を持つことがわかった。考古学（B01班）と言語学（B02班）はそれぞれヤポネシアの考古学データと言語学データを解析した。B03班はA01～A03班のゲノム配列解析に協力した。<公募研究>アズキ、ウルシ、イネ、サオトイモ、ニワトリ、イヌ、ニホンオオカミ、ネコ、ピロリ菌、ヘルペスウイルスなどについて興味深い発見があった。また方言データの解析もそれぞれ独自のものが得られた。

5. 主な発表論文等（受賞等を含む）

Matsunami M., Koganeguchi K., Imamura M., Ishida H., Kimura R., and *Maeda S. (2021)

Fine-scale genetic structure and demographic history in the Miyako Islands of the Ryukyu Archipelago. **Molecular Biology and Evolution**, vol. 38, no.5, pp. 2045-2056.

Jinam T. A., Kawai Y., and *Saitou N. (2021) Modern human DNA analyses with special reference to the inner dual-structure model of Y aponesian. **Anthropological Science**, vol. 129, pp. 3-11.

Jinam T. A., Kawai Y., Kamatani Y., Sonoda S., Makisumi K., Sameshima H., Tokunaga K., and *Saitou N. (2021) Genome-wide SNP data of Izumo and Makurazaki populations support inner-dual structure model for origin of Yamato people. **Journal of Human Genetics**, vol. 0, pp. 1-7.

*Sato T., Adachi A., Kimura R., Hosomichi K., Yoneda M., Oota H., Tajima A., Toyoda A., Kanzawa-Kiriyama H., Matsumae H., Koganebuchi K., Shimizu K.K., Shinoda K., Hanihara T., Weber A., Kato H., and Ishida H. (2021) Whole-genome sequencing of a 900-year-old human skeleton supports two past migration events from the Russian Far East to Northern Japan. **Genome Biology and Evolution**, vol. 13, evab192.

Kanzawa-Kiriyama H., Jinam T. A., Kawai Y., Sato T., Hosomichi K., Tajima A., Adachi N., Matsumura H., Kryukov K., Saitou N., and *Shinoda K. (2019) Late Jomon male and female

- genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan. **Anthropological Science**, Vol. 27, pp. 83-108.
- Li Y., Fujiwara K., Osada N., Kawai Y., Takada T., Kryukov A. P., Abe, K. Yonekawa, H. Shiroishi T., Moriwaki K., Saitou N. and *Suzuki H. (2020) House mouse *Mus musculus* dispersal in East Eurasia inferred from 98 newly determined complete mitochondrial genome sequences, **Heredity**, vol. 97, no. 4, pp. 193-207._
- Yamada Y. (2022) Archaeological and anthropological views of Jomon society: methods and practices. **Anthropological Science**, Vol. 130, no. 1, pp. 3-13.
- Endo M. (2021) Geographical distribution of certain toponyms in the Samguk Sagi. **Anthropological Science**, vol. 129, pp. 35-44.
- Fujiwara K., Kawai Y., Takada T., Shiroishi T., Saitou, N. Suzuki H., *Osada N. (2022) Insights into *Mus musculus* Population Structure across Eurasia Revealed by Whole-Genome Analysis. **Genome Biology and Evolution**, vol. 14, no. 5, evac068.
- *Osada N. and Kawai Y. (2021) Exploring models of human migration to the Japanese archipelago using genome-wide genetic data, **Anthropological Science**, vol. 129, no. 1, pp. 45-58
- Koganebuchi K. and Kimura R. (2019) Biomedical and genetic characteristics of the Ryukyuan: demographic history, diseases and physical and physiological traits. **Annals of Human Biology** vol. 46, pp. 354-366.
- Watanabe Y., Naka I., Khor S. S., Sawai H., Hitomi Y., Tokunaga K., and Ohashi J. (2019) Analysis of whole Y-chromosome sequences reveals the Japanese population history in the Jomon period. **Scientific Reports**, vol. 9, 8556.
- Hashimoto S, Nakajima F, Imanishi T, Kawai Y, Kato K, Kimura R, Miyata S, Takanashi M, Nishio M, Tokunaga K, and Satake M (2019) Implications of HLA diversity among regions for bone marrow donor searches in Japan. **HLA** 96: 24-42.
- Waku D., Koganebuchi K., Gakuhari, T. Yoneda M., Kondo, O. Masuyama, T. *Yamada, Y., and *Oota. H. (2022) Complete mitochondrial genome sequencing reveals double-buried Jomon Individuals excavated from the Ikawazu shell-mound site were not in a mother-child relationship. **Anthropological Science**, vol. 130, pp. 39-45.
- Koganebuchi K. and *Oota H. (2021) Paleogenomics of human remains in East Asia and Yaponesia focusing on current advances and future directions. **Anthropological Science** vol. 129, pp. 59-69.
- *Mizuno F., *Gojobori J., Kumagai M., Baba H., Taniguchi Y., Kondo O., Matsushita, M., Matsushita, T., Matsuda, F., Higasa, K., Hayashi, M., *Wang, L., Kurosaki, K., and Ueda, S. (2021) Population dynamics in the Japanese Archipelago since the Pleistocene revealed by the complete mitochondrial genome sequences. **Scientific Reports**, vol. 11, no. 1, 12018.