

# 【新学術領域研究（研究領域提案型）】 複合領域



## 研究領域名 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

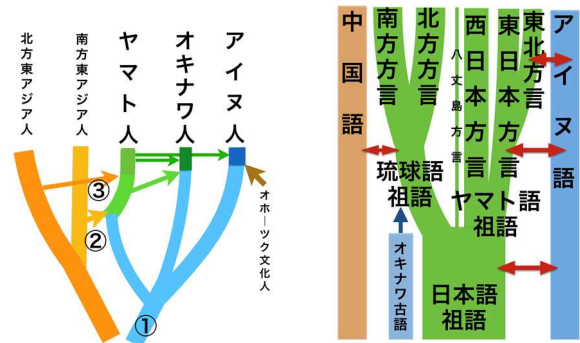
情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 教授

さいとう なるや  
齋藤 成也

研究課題番号：18H05505 研究者番号：30192587

### 【本領域の目的】

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持つのか、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、現代人と古代人多数のゲノム配列を決定し比較解析して、ヤポネシア人ゲノム史の解明を目指す。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行う。これら一連の解析を統合することにより、ヤポネシア人を対象とした「ゲノム歴史学」という新しい研究分野を確立する。



と比較しながら解析を進める (B02 班、A01 班、A02, B03 班)。本領域の中心的数据となる大規模なゲノム配列解析のために、数千年から数百年の時間幅まで狭めた人口変動や自然淘汰係数の変化の推定を行う理論を開発する (B03 班, A01 班)。公募研究 (A04 班、B04 班) では、六つの計画研究組織がカバーしている分野以外の文理融合の異分野交流研究を行う。総括班では機関誌 *Yaponesian* を刊行するとともに、国際活動を支援し、若手研究者の育成を行う。

### 【期待される成果と意義】

- ◎ ヤポネシア人の起源した時代と集団を、出アフリカ以降の拡散の中で明確にする。
- ◎ ヤポネシア人の人口変動を詳細に解明し、人間がヤポネシアに初めて到来した時代を推定する。
- ◎ ヤポネシアに渡来した人々の起源地と渡来年代を、渡来集団ごとに推定する。
- ◎ 考古学データとゲノム DNA の変化の対応から、文化要素の到来と人間の移動の間の相関を明らかにする。
- ◎ ヤポネシアで用いられている言語の変化速度を推定し、日本語と系統が近い言語族を絞り込む。

### 【キーワード】

ヤポネシア、ゲノム進化、考古学、言語学、文理融合

### 【研究期間と研究経費】

平成 30 年度 (2018 年度) - 34 年度 (2022 年度)

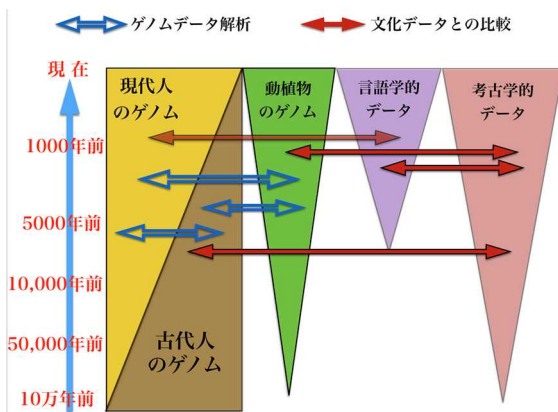
658,800 千円

### 【ホームページ等】

<http://yaponesian.org/>  
[come-together@yaponesian.org](mailto:come-together@yaponesian.org)

### 【本領域の内容】

日本列島のいろいろな地域に居住している現在の人々のゲノム DNA 塩基配列を決定して解析し、三段階渡来モデルを検証する (A01, B03 班)。様々な時代の考古遺跡から発掘された人骨から DNA を抽出してゲノム塩基配列を決定し、現代人のゲノムデータと比較解析する (A02 班、A01 班、B03 班)。これらのゲノム配列中から、遺伝子の発現パターンを変化させたり、病気に関連するゲノム変化の痕跡や自然淘汰のパターンを解析する (A01 班、A02 班、B03 班)。ヒト以外の生物についてもゲノム配列比較を行い、人間の渡来時期や大陸との交渉時期の推定に役立つ (A03 班、B03 班)。ヤポネシアの様々な時代の遺跡から出土する考古学遺物そのものの解析とそれらの年代測定を詳細に行う (B01, A02 班)。日本列島内の日本語・琉球語の方言データを詳細に解析するとともに、大きな謎である日本語の系統関係について、ゲノムデータ



**【Grant - in - Aid for Scientific Research on Innovative Areas(Research in a proposed research area)】**  
**Interdisciplinary Area**



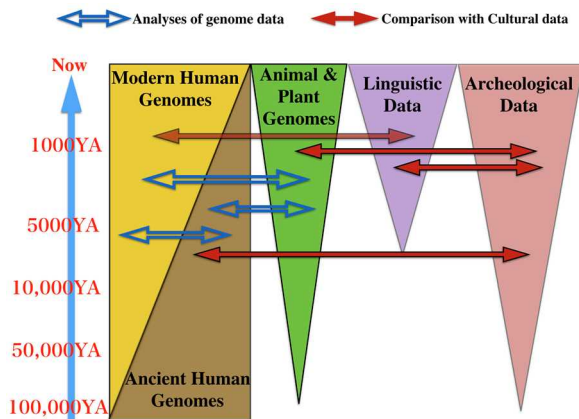
**Title of Project :** Deciphering Origin and Establishment of Japoneseans mainly based on genome sequences date

**SAITOU Naruya**  
 (National Institute of Genetics, Division of Population Genetics, Professor)

Research Project Number : 18H05505    Researcher Number : 30192587

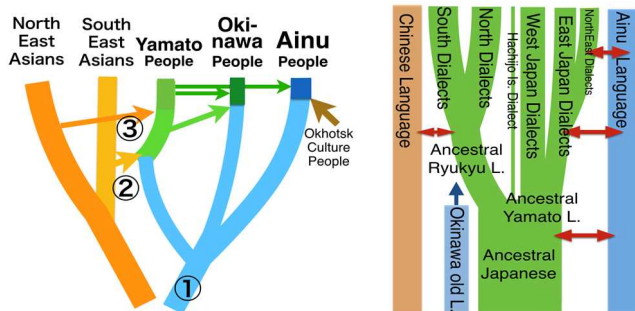
**【Purpose of the Research Project】**

People reached Yaponesia (Japanese Archipelago) around 40,000 years ago for the first time, and many waves of migration occurred after that time. Within this framework, we seek to decipher the genomic history of Yaponeseans (people on Japanese Archipelago) through determination and comparative analyses of many modern and ancient human genomes. We also analyze genome data of animals and plants which moved to Yaponesia with Yaponeseans. Temporal changes of population size are also estimated from genome sequence data by using existing methods and newly developed methods. Because we need to examine history of Yaponeseans from many aspects, archeology with special reference to age estimation (dating) of artifacts and ancient organisms and linguistics with special reference to dialect analyses of Japanese and Ryukyuan languages will have collaborative fusion study with evolutionary genomics. We aim to establish new discipline, “genome history” of Yaponeseans, through integration of these various analyses.



**【Content of the Research Project】**

Collect modern Yaponesean DNA samples from various geographical area, and examine the three-migration hypothesis by analyzing their genome sequences (A01 and B03 groups). Extract DNAs from ancient Yaponesean of archeological sites in various periods and area, and compare their genome sequences with modern ones including analyses on natural selection and disease related genomic changes (A02, A01, B03 groups). Analyze genome sequences of animal and plant species and use them for estimating timings of human migrations to Yaponesia and interactions with continental people (A03 and B03 groups). Examine artifacts found from archeological sites of various



periods and area with special reference of detailed dating (B01 and A02 groups). Examine dialect data of Japanese and Ryukyuan languages in detail and also infer phylogenetic relationship of Japanese by comparing genome data (B02, A01, A02, B03 groups). Develop new theories to estimate population size change and selection coefficient changes during very short time scale (B03, A01 groups). Study different area of interdisciplinary researches not covered by A01-A03 and B01-B03 groups in A04 and B04 publicly offered groups. We publish magazine “Yaponesian”, as well as supporting global collaborations and assisting career development of young researchers.

**【Expected Research Achievements and Scientific Significance】**

- # Clarify periods and source populations of Yaponesia within the framework of Out-of-Africa dispersal of anatomically modern humans.
- # Clarify population size changes of Yaponeseans and their ancestors and estimate major migration times.
- # Estimate locations and periods of migrants to Yaponesia.
- # Clarify correlations between arrivals of cultural elements and human migrations from comparison of archeological data and mutational changes of genomic DNA.
- # Estimate the rate of changes of languages spoken in Yaponesia and narrow down language family that may be phylogenetically closer to Japanese.

**【 Key Words 】** Yaponesia, Japanese Archipelago, human evolution, genome, archeology, linguistics, human history

**【Term of Project】** FY2018-2022  
**【Budget Allocation】** 658,800 Thousand Yen  
**【Homepage Address and Other Contact Information】**

<http://yaponesian.org/>  
[come-together@yaponesian.org/](mailto:come-together@yaponesian.org/)