

機関番号：63801

領域設定期間：2018～2022

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 Japonians mainly based on genome sequence data

領域代表者

斎藤 成也（さいとう なるや）国立遺伝学研究所・ゲノム・進化研究系・教授

研究者番号：30192587

交付決定（予定）額（領域設定期間全体）：（直接経費）528,000,000円

研究の概要

ヤポネシア人の起源と成立の歴史を、人間のゲノムDNAデータの解析を中心として、考古学や言語学分野とも文理融合研究をおこない、これまでのヒトゲノム決定以前の研究とはまったく異なる、革命的な仮説を提唱しようとするものである。本研究が対象とする基礎研究分野は、ゲノム配列を中心とした自然人類学、考古学、言語学の複合分野である。生物学分野と人文社会学分野の研究者が本研究領域に一堂に会することにより、これまでとは比較にならない、きわめて高い解像度でえられる現代および古代のヤポネシア人のゲノム配列データを基盤としてはじめて、年単位で詳細な時間変動をとらえる考古学の研究成果と日本列島の言語の多様性を解明しつつある言語学の研究成果を統合できる。このような状況は、32億個の塩基配列が含まれるヒトゲノムだからこそ可能なのであり、考古学だけでなく歴史学の成果も取り入れて、百年単位の変化を考察する。これによって「ゲノム歴史学」という新しい研究分野をヤポネシア人の研究に導入することが期待される。

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. 研究の進展状況及び成果

計画研究 A01 班は、これまでに、沖縄県内 5 集団（6000 名）、九州地方の 4 集団（枕崎、五島列島、壱岐、延岡など合計 170 名）、中国地方の 1 集団（出雲 45 名）、北陸地方の 1 集団（佐渡島 3000 名）、および東京近縁の集団（400 名）と北海道平取町のアイヌ系集団（30 名）などの DNA データを収集し解析した。

計画研究 A02 班は、これまでに縄文時代人 20 個体、弥生時代人 14 個体、古墳時代人 40 個体、中世時代人 3 個体、国外 10 個体の計 89 個体の DNA を抽出し、ミトコンドリア DNA タイプを決定済みである。核ゲノム配列については、これらのうちの 40 個体について決定した。

計画研究 A03 班は、国内外のさまざまな動植物について、多数個体のゲノム解析をおこない、これらヤポネシアに渡来した動植物の多様性から、人間の移動を考察する。これまでに、マウス 98 個体等について全ゲノム配列を決定した。

計画研究 B01 班は、これまでに縄文時代 3 遺跡、弥生時代 4 遺跡、古墳時代 19 遺跡から発掘された人骨（一部は貝類など）の炭素 14 年代測定をおこなった。測定値は A02 古代人ゲノム班に提供した。

計画研究 B02 班は、これまでに、琉球語方言データの集団遺伝学手法による解析、ユーラシアの複数言語の現地調査で新しい語彙を収集、アイヌ語十勝方言の資料分析、日本語諸方言の言語システムの比較、朝鮮の三国史記に記載されている地名の漢字音と九

州・琉球の方言との比較等をおこなった。

計画研究 B03 班は、これまでに、性染色体の分化様式から性に偏った移住様式を推定する手法開発、ハプロタイプ共有長の情報を用いて、集団間の分岐年代を推定する手法確立、マイクロサテライト配列の多型をゲノムワイドに推定する手法を開発、希少変異の情報を生きた東アジア集団の関係推測、ヤポネシア人集団のミトコンドリア DNA データからの人口動態推定などをおこなった。

5. 今後の研究計画

斎藤成也 (2015, 2017) の提唱したヤポネシア人形成に関する三段階渡来モデルと「うちなる二重構造」モデルが、現代人の多様性、古代人の時間変化、ヒトと帯同する動植物のゲノム時空パターン、および考古学や言語学の知見と整合性をもつかどうかを検証してゆく。

6. 主な発表論文等 (受賞等を含む)

Saitou N. (2018) *Introduction to Evolutionary Genomics Second Edition*. Springer.

斎藤成也 (2020) 第 10 章: ゲノムデータと言語データの関係. 長田俊樹編『日本語「起源」論の歴史と展望』、253-267 頁、三省堂。

Kanzawa-Kiriyama H., Jinam T. A., Kawai Y., Sato T., Hosomichi K., Tajima A., Adachi N., Matsumura H., Kryukov K., Saitou N., Shinoda K. (2019) Late Jomon male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan. **Anthropological Science**, 127: 83-108.

篠田謙一, 神澤秀明, 角田恒雄, 安達登 (2020) 鳥取県青谷上寺地遺跡出土弥生後期人骨の DNA 分析. 国立歴史民俗博物館研究報告 219: 163-178.

篠田謙一, 神澤秀明, 角田恒雄, 安達登 (2019) 西北九州弥生人の遺伝的な特徴-佐世保市下本山岩陰遺跡出土人骨の核ゲノム解析-. **Anthropological Science (Japanese Series)** 127:25-43.

篠田謙一, 神澤秀明, 角田恒雄, 安達登 (2019) 韓国加徳島獐項遺跡出土人骨の DNA 分析. **文物** 9:167-186.

篠田謙一 (2019) 新版日本人になった祖先たち. NHK 出版.

Suzuki H (2020) Evolutionary history of the subgenus *Mus* in Eurasia with special emphasis on the house mouse *Mus musculus*. **The Records of the Australian Museum** (印刷中)

増田隆一 (2019) ユーラシア動物紀行. 岩波新書.

増田隆一 (2019) 日本動物学会と日本哺乳類学会からそれぞれ学会賞を受賞

藤尾慎一郎・木下尚子・坂本稔・瀧上舞・篠田謙一: 考古学データによるヤポネシア人の歴史の解明-2018 年度の調査-. 国立歴史民俗博物館研究報告 219:119-138.

濱田竜彦・坂本稔・瀧上舞: 鳥取県鳥取市青谷上寺地遺跡出土弥生中・後期人骨等の年代学的調査. 国立歴史民俗博物館研究報告 219:147-162.

木下尚子・坂本稔・瀧上舞: 沖縄県うるま市所在遺跡出土貝塚時代の人骨と貝殻集積の年代学的調査. 国立歴史民俗博物館研究報告 219:301-312.

狩俣繁久 (2020) 第 9 章: 琉球語の起源はどのように語られたか. 長田俊樹編『日本語「起源」論の歴史と展望』、227-249 頁、三省堂。

風間伸次郎 (2020) 第 11 章: アイヌ語はどの言語と似ているか —対照文法の試み—. 長田俊樹編『日本語「起源」論の歴史と展望』、269-313 頁、三省堂。

長田直樹 (2019) 進化で読み解くバイオインフォマティクス入門. 森北出版.

Higashino T., Morimoto K., Nakaoka H., Toyoda Y., Kawamura Y., Shimizu S., Nakamura T., Hosomichi K., Nakayama A., Ooyama K., Ooyama H., Shimizu T., Ueno M., Ito T., Tamura T., Naito M., Nakashima H., Kawaguchi M., Takao M., Kawai Y., Osada N., Ichida K., Yamamoto K., Suzuki H., Shinomiya N., Inoue I., Takada T., Matsuo H. (2019) Dysfunctional missense variant of OAT10/SLC22A13 decreases gout risk and serum uric acid levels. **Annals of the Rheumatic Diseases** 79:164-166.

Koganebuchi K, Kimura R (2019) Biomedical and genetic characteristics of the Ryukyans: demographic history, diseases and physical and physiological traits. **Annals of Human Biology** 46: 354-366.

Nakayama K., Inaba Y. (2019) Genetic variants influencing obesity-related traits in Japanese population. **Annals of Human Biology** 46: 298-304.

ホームページ <http://www.yaponesian.jp/>