

領域略称名：ヤポネシアゲノム
領域番号：8004

令和5年度科学研究費助成事業
「新学術領域研究（研究領域提案型）」
に係る研究成果報告書（研究領域）兼
事後評価報告書

「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」

領域設定期間
平成30年度～令和4年度

令和5年6月

領域代表者 国立遺伝学研究所・特任教授・斎藤 成也

目 次

研究組織

1 総括班・総括班以外の計画研究	2
2 公募研究	3

研究領域全体に係る事項

3 交付決定額	7
4 研究領域の目的及び概要	8
5 審査結果の所見及び中間評価結果の所見で指摘を受けた事項への対応状況	10
6 研究目的の達成度及び主な成果	11
7 研究発表の状況	16
8 研究組織の連携体制	21
9 研究費の使用状況	22
10 当該学問分野及び関連学問分野への貢献の状況	23
11 若手研究者の育成に関する取組実績	24
12 総括班評価者による評価	25

-----【以下、非公開部分】-----

13 参考データ	26
----------	----

研究組織（令和5年3月末現在。ただし完了した研究課題は完了時現在、補助事業廃止の研究課題は廃止時現在。）

1 総括班・総括班以外の計画研究

研究項目[1]	課題番号 研究課題名	研究期間	研究代表者 氏名	所属研究機関・部局・職	人数 [2]
X00 総	18H05505 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	平成30年度 ～ 令和4年度	齋藤 成也	国立遺伝学研究所・ゲノム・進化研究系・特任教授	7
A01 計	18H05506 現代人ゲノム配列解析にもとづくヤポネシア人進化の解明	平成30年度 ～ 令和4年度	齋藤 成也	国立遺伝学研究所・ゲノム・進化研究系・特任教授	4
A02 計	18H05507 古代人ゲノム配列解析にもとづくヤポネシア人進化の解明	平成30年度 ～ 令和4年度	篠田 謙一	独立行政法人国立化学博物館・館長	5
A03 計	18H05508 動植物ゲノム配列にもとづくヤポネシアへのヒトの移動の推定	平成30年度 ～ 令和4年度	鈴木 仁	北海道大学・地球環境化学研究院・名誉教授	4
B01 計	18H05509 考古学データによるヤポネシア人の歴史の解明	平成30年度 ～ 令和4年度	藤尾 慎一郎	国立歴史民俗博物館・研究部考古研究系・教授	5
B02 計	18H05510 日本語と関連言語の比較解析によるヤポネシア人の歴史の解明	平成30年度 ～ 令和4年度	遠藤 光暁	青山学院大学・経済学部・教授	5
B03 計	18H05511 ヤポネシア人の人口推定を中心とした巨大データ解析	平成30年度 ～ 令和4年度	長田 直樹	北海道大学・情報科学研究科・准教授	4
計		平成30年度 ～ 令和4年度			
計		平成30年度 ～ 令和4年度			
総括班・総括班以外の計画研究 計 6 件（廃止を含む）					

[1] 総：総括班、国：国際活動支援班、計：総括班以外の計画研究、公：公募研究

[2] 研究代表者及び研究分担者の人数（辞退又は削除した者を除く。）

2 公募研究

研究 項目[1]	課題番号 研究課題名	研究期間	研究代表者 氏名	所属研究機関・部局・職	人 数 [2]
A04 公	19H05339 雑穀アワとキビの遺伝的多様性 から擦文時代の農耕文化と自然 環境の歴史を解明する	令和元年度 ～ 令和2年度	里村 和浩	長浜バイオ大学, バイオサイ エンス学部, プロジェク ト特任講師	1
A04 公	19H05341 核ゲノム配列情報に基づくヤポ ネシア人集団史モデルの構築	令和元年度 ～ 令和2年度	大橋 順	東京大学・理学系・教授	1
A04 公	19H05342 日本列島人の寒冷適応能多様性 の起源	令和元年度 ～ 令和2年度	中山 一大	東京大学・新領域創成科 学研究科・准教授	1
A04 公	19H05343 日本犬の成立に寄与したニホン オオカミのゲノム領域の解明	令和元年度 ～ 令和2年度	寺井 洋平	総合研究大学院大学・先 導科学研究科・助教	1
A04 公	19H05344 HLA遺伝子の多様性にもとづ くヤポネシア人進化の解明	令和元年度 ～ 令和2年度	細道 一善	東京薬科大学・生命科学 部 ゲノム情報医科学研究 室・教授	1
A04 公	19H05346 Y染色体からみたヤポネシア男 性の起源・成立の解明	令和元年度 ～ 令和2年度	佐藤 陽一	徳島大学・薬学部・准教 授	1
A04 公	19H05348 日本栽培ダイコンの起源と進化	令和元年度 ～ 令和2年度	花田 耕介	九州工業大学・情報工学 研究院・准教授	1
A04 公	19H05349 琉球列島集団の形成過程と遺伝 的および形態的多様性の解明	令和元年度 ～ 令和2年度	木村 亮介	琉球大学・医学研究科・ 教授	1
A04 公	19H05350 澎湖水道出土古人骨の全ゲノム 解析	令和元年度 ～ 令和2年度	太田 博樹	東京大学・理学系研究 科・教授	1
A04 公	19H05351 ゲノムワイドな多型解析に基づく ヤポネシア人集団の進化モデル 構築	令和元年度 ～ 令和2年度	今西 規	東海大学・医学部・教授	1
A04 公	19H05355 ダイズおよびアズキのヤポネシ ア栽培起源に関する全ゲノム解 析	令和元年度 ～ 令和2年度	内藤 健	国立研究開発法人農業・ 食品産業技術総合研究機 構・遺伝資源研究センタ ー・上級研究員	1

B04 公	19H05340 日本列島人で交雑後特異的に適 応進化した精神的特性・食物に 関連する遺伝子の検出	令和元年度 ～ 令和2年度	河田 雅圭	東北大学・生命科学研究 科・教授	1
B04 公	19H05345 プロテオミクスで紐解くヤポネ シア人の食生活の復元	令和元年度 ～ 令和2年度	西内 巧	金沢大学・学際科学実験 センター・准教授	1
B04 公	19H05347 列島渡来系形質拡散背景の解明 —西日本弥生時代を対象として —	令和元年度 ～ 令和2年度	舟橋 京子 (石 川京子)	九州大学・比較社会文化 研究院・講師	1
B04 公	19H05352 古人骨新資料発見への取組と既 出土人骨の資料化による南九州 南西諸島域の人類史の解明	令和元年度 ～ 令和2年度	竹中 正巳	鹿児島女子短期大学・生 活科学科・教授	1
B04 公	19H05353 南琉球八重山諸語における伝播 過程の解明と言語系統樹の構築	令和元年度 ～ 令和2年度	麻生 玲子	国立国語研究所・言語変 異研究領域・特任助教	1
B04 公	19H05354 日琉諸語の歴史と発展について の総合的研究に向けて	令和元年度 ～ 令和2年度	林 由華	国立国語研究所・言語変 異研究領域・特別研究員	1
A04 公	21H00336 核ゲノム配列情報からみた日本 列島基層集団の起源	令和3年度 ～ 令和4年度	大橋 順	東京大学・大学院理学系 研究科(理学部)・教授	1
A04 公	21H00337 縄文人とデニソヴァ人のゲノム配 列を用いたヤポネシア人形成史 の研究	令和3年度 ～ 令和4年度	太田 博樹	東京大学・大学院理学系 研究科(理学部)・教授	1
A04 公	21H00339 家畜のヤポネシアへの移入と拡 散の軌跡の解明	令和3年度 ～ 令和4年度	新村 毅	東京農工大学・(連合)農学 研究科(研究院)・准教授	1
A04 公	21H00341 日本列島への人類の渡来に伴っ て形成された日本犬ゲノムの多 重構成	令和3年度 ～ 令和4年度	寺井 洋平	総合研究大学院大学・先 導科学研究科・助教	1
A04 公	21H00342 HLAハプロタイプの多様性にも とづくヤポネシア人進化の解 明	令和3年度 ～ 令和4年度	細道 一善	東京薬科大学・生命科学 部・教授	1
A04 公	21H00344 ヤポネシア人とサトイモの来た 道	令和3年度 ～ 令和4年度	本橋 令子	静岡大学・農学部・教授	1

A04 公	21H00345 高効率1本鎖DNAライゲーション技術の考古学への応用	令和3年度 ～ 令和4年度	三浦 史仁	九州大学・医学研究院・准教授	1
A04 公	21H00346 ピロリ菌ゲノムからさぐるヤポネシアへの人類移動	令和3年度 ～ 令和4年度	山岡 吉生	大分大学・医学部・教授	1
A04 公	21H00347 琉球列島集団における遺伝的および言語的近縁性の比較	令和3年度 ～ 令和4年度	木村 亮介	琉球大学・医学(系)研究科(研究院)・教授	1
A04 公	21H00348 漆の過去・現在・未来	令和3年度 ～ 令和4年度	菅 裕	県立広島大学・生物資源科学部・教授	1
A04 公	21H00349 ヤポネシア人ゲノムの地域差に基づく難治性疾患の関連遺伝子解明	令和3年度 ～ 令和4年度	今西 規	東海大学・医学部・教授	1
A04 公	21H00350 日本列島後期更新世、縄文早期ならびに前期古人骨の核ゲノム	令和3年度 ～ 令和4年度	水野 文月	東海大学・医学部・助教	1
A04 公	21H00351 古人骨新資料発見への取組と既出土人骨の資料化による南九州南西諸島域の人類史の解明	令和3年度 ～ 令和4年度	竹中 正巳	鹿児島女子短期大学・生活科学科・教授	1
A04 公	21H00355 ダイズおよびアズキのヤポネシア栽培起源に関する全ゲノム解析	令和3年度 ～ 令和4年度	内藤 健	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・遺伝資源研究センター・上級研究員	1
A04 公	21H00356 全ゲノムSNP解析によるソバの日本への伝播過程の解明	令和3年度 ～ 令和4年度	FAWCETT JEFFREY	国立研究開発法人理化学研究所・数理創造プログラム・上級研究員	1
A04 公	21H00357 比較ゲノム解析からたどる日本猫の起源	令和3年度 ～ 令和4年度	松本 悠貴	アニコム先進医療研究所株式会社(研究開発課)・研究開発課・研究員	1
A04 公	21H00358 ヤポネシア人とウイルスの共進化	令和3年度 ～ 令和4年度	加藤 哲久	東京大学・医科学研究所・准教授	1
B04 公	21H00343 プロテオミクスで紐解くヤポネシア人の食性復元	令和3年度 ～ 令和4年度	西内 巧	金沢大学, 疾患モデル総合研究センター, 准教授	1
B04 公	21H00352 日琉語族の語順の変異とその相関変数の解明	令和3年度 ～ 令和4年度	中川 奈津子	大学共同利用機関法人人間文化研究機構国立国語研究所・研究系・准教授	1

B04 公	21H00353 (途中で離脱*) 南琉球諸語を対象とした言語変化モデルの構築と系統樹への応用	令和3年度 ～ 令和4年度	CELIK K ENAN	大学共同利用機関法人人間文化研究機構国立国語研究所・研究系・プロジェクト非常勤研究員	1
B04 公	21H00354 北海道諸方言の歴史言語学的研究と方言形成時期の推定	令和3年度 ～ 令和4年度	中澤 光平	信州大学・学術研究院人文科学系・講師	1
公募研究 計 38 件 (廃止を含む)					

[1] 総：総括班、国：国際活動支援班、計：総括班以外の計画研究、公：公募研究

[2] 研究代表者及び研究分担者の人数（辞退又は削除した者を除く。）

*途中で離脱した理由：科研費を受け取ることができない身分に変更となったため。

研究領域全体に係る事項

3 交付決定額

年度	合計	直接経費	間接経費
平成30年度	118,300,000円	91,000,000円	27,300,000円
令和元年度	176,800,000円	136,000,000円	40,800,000円
令和2年度	178,230,000円	137,100,000円	41,130,000円
令和3年度	184,210,000円	141,700,000円	42,510,000円
令和4年度	184,730,000円	142,100,000円	42,630,000円
合計	842,270,000円	647,900,000円	194,370,000円

4 研究領域の目的及び概要

研究領域全体を通じ、本研究領域の研究目的及び全体構想について、応募時の領域計画書を基に、具体的かつ簡潔に2頁以内で記述すること。なお、記述に当たっては、どのような点が「革新的・創造的な学術研究の発展が期待される研究領域」であるか、研究の学術的背景や領域設定期間終了後に期待される成果等を明確にすること。

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知見を刷新する成果が期待できる。

5 審査結果の所見及び中間評価結果の所見で指摘を受けた事項への対応状況

研究領域全体を通じ、審査結果の所見及び中間評価結果の所見において指摘を受けた事項があった場合には、当該指摘及びその対応状況等について、具体的かつ簡潔に2頁以内で記述すること。

(審査結果の所見において指摘を受けた事項への対応状況)

「文理融合型の研究に関して、一層の進捗が望まれる。領域代表のリーダーシップの下、公募研究を含めた研究項目間の有機的な連携による更なる研究成果を期待したい。」という指摘をいただいた。

(中間評価結果の所見において指摘を受けた事項への対応状況)

この指摘に対する対応としては、古代人ゲノム研究グループ（計画研究A 0 2班および公募研究班のいくつか）と考古学研究グループ（計画研究B 0 1班）が炭素14年代データの共有という形で、文理融合型の研究をおこなった。また現代人ゲノムを研究する計画研究A 0 1班と言語学研究グループ（計画研究B 0 2班および公募研究班のいくつか）が、日本語および琉球語の方言データから言語の系統樹および系統ネットワークを構築するという形で、文理融合型の研究をおこなった。

6 研究目的の達成度及び主な成果

(1) 領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとし、どの程度達成できたか、(2) 本研究領域により得られた成果について、具体的かつ簡潔に5頁以内で記述すること。(1)は研究項目ごと、(2)は研究項目ごとに計画研究・公募研究の順で記載すること。なお、本研究領域内の共同研究等による成果の場合はその旨を明確にすること。

(1) 領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとし、どの程度達成できたか

研究項目A01 (計画研究；現代人ゲノム班)

〈領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとしたか〉

現在実際に日本列島(ヤポネシア)に居住している人々のゲノムDNA配列を決定・解析することにより、以下の6種類を中心とした研究をおこなう：(1) ヤポネシア人(日本列島人)の起源した時代と集団を特定し、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、(2) HLA遺伝子群ハプロタイプを推定し、それぞれの生成過程と頻度変化を推定することにより、ヤポネシアを中心とした地域ごとの感染症の変遷を解明する、(3) 考古学データとの比較解析から、文化要素によってどの程度の人間の移動が存在したのかを明らかにする、(4) 言語データとの比較解析から、ゲノムと言語のあいだの相関関係をあきらかにする、(5) 日本語の起源について、ゲノムデータから系統が近い言語族をしぼりこむ、(6) ヤポネシアに居住してきた人々の人口変動を詳細に解明する。

〈どの程度達成できたか〉

オキナワ人については、班員の松波雅俊が属する研究室が沖縄バイオバンクをたちあげ、2万人のDNAサンプルを収集した。宮古島人のゲノム多様性についてはすでに解析がおわり、論文が発表されている。本土日本人(ヤマト人)については、ジェネシスヘルスケア社から数万人のミトコンドリアDNAハプログループのデータの提供を受け、47都道府県の系統ネットワークが斎藤成也の提唱した「うちなる二重構造モデル」に適合することを見だし、論文に発表した。これらとは別に、日本人1500名におけるミトコンドリアDNAのゲノム配列を解析して、3000年前、ちょうど弥生時代が始まった頃以降に日本の人口が急速に増大したことを推定した。核ゲノムデータについては、われわれ自身が収集した鹿児島県枕崎市と島根県出雲市の集団に理化学研究所が収集した数万人の日本人のデータの提供を受けて、これらを解析し、枕崎市の集団が沖縄・奄美の集団に近いこと、近畿地方の集団が東アジアの大陸集団に近いことなどを発見した。これらはすでに論文として発表した。

研究項目A02 (計画研究；古代人ゲノム班)

〈領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとしたか〉

2010年頃より実用化された新たなDNAシーケンシング技術は、従来法とは比較にならない大量のDNAデータの取得を可能にし、古代ゲノム研究の姿を大きく変えている。我々も2013年よりこの技術を用いた縄文人と弥生人のゲノム解析を行っており、従来の形態学的な研究から導かれたものとは異なったヤポネシア人(日本列島人)集団成立のシナリオを明らかにしつつある。ミトコンドリアDNAの全配列を用いた解析では、縄文人は地域によって集団に遺伝的な違いがあることが示唆され、均一な縄文人という前提は崩れている。また、弥生中期の渡来系とされる集団もすでに縄文系土着人と混血していたこと示すデータを得ており、この渡来系の人々と大陸集団を同一視することにも問題があることがわかった。従来の日本人起源論は、高精度のゲノム情報が得られるようになった今、根本的に見直す必要がある。これらの状況を踏まえ、本研究では解析の地理的範囲と時間幅を広げて古代ゲノム情報を蓄積し、新たなヤポネシア人集団の形成に関するシナリオの構築を目指すとともに、関連分野との共同研究によって、列島における文化の変容と集団の変遷の過程を明らかにすることを目的とする。

〈どの程度達成できたか〉

北海道礼文島の船泊縄文貝塚遺跡から出土した人骨2個体から高濃度のDNA抽出に成功し、高カバレッジの全ゲノム配列決定をおこない、解析した。その結果、福島県の三貫地貝塚縄文人と同様に、縄文人が2万年ほど前に東アジアの大陸集団と分岐した古い系統であること、アイヌ人ゲノムの2/3は縄文人由来であるのに対して、オキナワ人は1/4程度、ヤマト人は12%程度が縄文人ゲノム由来であると推定した。アイヌ人ゲノムデータから縄文人ゲノムデータを差し引いて残ったゲノムデータは、カムチャッカ半島のイテルメンなどの集団と近縁であることなどがわかった。また高精度のゲノムデータにもとづいて、縄文人のさまざまな形質(耳垢型が湿型であるなど)が推定された。弥生時代人についても、九州西北部や北部、および鳥取県鳥取市の遺跡から出土した人骨からDNAを抽出し、ゲノム配列を決定して

解析したところ、縄文時代人よりもずっと現代人に近い位置にあった。古墳時代人についても、香川県高松市茶白山古墳出土人骨のゲノム配列決定と解析をおこなった。また沖縄についても、貝塚時代の北谷町遺跡や読谷村遺跡出土人骨のゲノム配列決定と解析をおこなった。

研究項目A03（計画研究；動植物ゲノム班）

＜領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとしたか＞

ヒトの移動に伴う動植物の日本列島への伝搬の歴史を詳細に解明し、日本人の起源に関する有益情報を得ていくことを主目的とする。これまで鈴木はハツカネズミのアジア大陸部における3つの放散現象とヤポネシアへの移入・交雑現象を探求している。伊藤はイネ科植物をはじめとして、豆類や柑橘類のヤポネシアへ・ヤポネシアからの移入について全ゲノムデータをもとに解析中である。遠藤は先史時代の水上移動に際し水筒として活用され、1万年前頃までにヤポネシアへ移入したとされるヒョウタンについて、アジア、アフリカ、アメリカの各集団が保有していた種子サンプルのDNA解析中である。一方、増田は日本に固有な野生哺乳類の種や集団のDNA解析し、ヒトの関与しない日本列島への移入の歴史や移動や古環境の変遷との関係を探求している。本研究で得られた結果を、B03班の協力を得て、現代人・古代人のゲノムデータ分析結果や考古学・言語学データと照合する。

＜どの程度達成できたか＞

野生マウス：故森脇和郎を中心に収集されたヤポネシアおよび大陸ユーラシアの野生マウス98個体の全ゲノム配列を決定し解析した結果、マウス3亜種（ドメスティカス、ムスクルス、カスターネウス）の分岐年代が187千年前～226千年前と推定された。同じ98個体のミトコンドリアDNAゲノム配列の解析結果は、斎藤成也の3段階渡来説を支持していた。イネ：インディカとジャポニカの2亜種はゲノム解析で明確に分かれるが、後者はさらに熱帯タイプ（陸稲）と温帯タイプに分かれた。ヒョウタン：栽培種と野生種48個体について、簡便なゲノム配列決定法であるRAD-seq法を用いて部分ゲノム配列を得て、解析を進めている。ヒグマ：北海道在住6個体の全ゲノム配列を決定し、大陸のヒグマのゲノム配列と比較したところ、北海道のヒグマは大陸のヒグマと大きく遺伝的に異なっていることがわかった。

研究項目B01（計画研究；考古学班）

＜領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとしたか＞

AMS-炭素14年代測定によって相対年代から数値年代への転換が進む高精度な較正暦年代にもとづいた弥生時代研究と、DNA解析が急速に進んでいる分子人類学との異分野研究によって、親族構造や通婚圏、人口増加率など弥生社会を知る上で必要な情報を得ることを目的としている。先史時代の人骨を対象としたゲノム解析は、縄文時代の人骨を中心に進んできたが、弥生時代の人骨に関して、国立科学博物館の篠田謙一（A02班研究代表者）のグループによって、福岡県安徳遺跡から出土した甕棺から見つかった人骨を対象に行われ、これまで形質的に渡来系弥生人といわれてきたなかにも多様性のあることが次第にわかってきた。一方、そうした弥生人骨の時期比定の根拠になっている甕棺の年代についても、本計画研究代表者を中心とする国立歴史民俗博物館（以下、歴博）のAMS-炭素14年代測定によって、高精度な較正暦年代が整備されてきた。こうした数値年代ごとに弥生時代人のゲノム解析を進めていけば、これまで以上に詳細な考古学的な知見を得ることが可能である。

歴博では、韓国三国時代の古墳から出土した人骨のAMS-炭素14測定によって、人骨を直接測定することによって高精度な較正暦年代を得ることも実績を持つので、ゲノム解析が行われた人骨を対象にAMS-炭素14測定を行えば、数値年代に基づいたゲノムの比較を行うことが可能となり、弥生時代の親族構造、通婚圏、人口増加率など広い分野に応用が可能となる。

＜どの程度達成できたか＞

古代人ゲノムを研究するA02班と密接な共同研究をおこなった。その結果、紀元前9世紀の韓半島系の墓である支石墓に葬られていた熟年女性は、核DNA分析の結果、西日本の縄文人と同じことがわかった。また、紀元前6世紀の愛知県朝日貝塚で見つかった水田稲作民のミトコンドリアDNAは、渡来系弥生人であることがわかった。韓半島から愛知県まで渡来人が直接行っている可能性は低いので、弥生時代が始まってから500年ほどで渡来系弥生人が伊勢湾沿岸地域まで進出していた可能性と同時に、九州から伊勢湾沿岸地域ま

での列島西半分には、かなりの渡来系弥生人が存在していた可能性も出てきた。さらに朝日遺跡から数十km離れた渥美半島にはほぼ同時期に縄文のミトコンドリアDNAをもつ狩猟採集民がいたことを考えると、両者が混血した人びとが存在した可能性もある。紀元後3世紀の前方後円墳である高松茶臼山古墳に葬られていた3人のDNA分析の結果、古墳に葬られた人びとの親族関係は、これまで言われてきた1親等のキョウダイよりもやや遠く、2親等から3親等の範囲にまで及んでいた可能性がでてきた。

このほか、九州と沖縄にかけての貝交易の状況が、弥生時代前期から古墳時代後期の期間について、明らかになった。また、縄文時代の埋葬小群の成因について、岩手県の蝦島貝塚について炭素14法による年代測定、出土人骨の位置、ミトコンドリアDNAや核DNA配列データの解析から、二親等以内となる血縁関係者は存在しないということが明らかとなった。

研究項目B02（計画研究；言語学班）

＜領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとしたか＞

本研究班は以下を目的とする。

- A) 日本語の内部の地域差を特に琉球・九州に重点を置いて地点数・語彙数ともこれまでにないビッグデータについて検討する。数量的方法により系統樹を作成し、歴史的形成過程を推定する。
- B) 日本語と周辺言語の関係について言語類型論的特徴に重点を置いて検討する。この百年来の比較言語学的方法に基づく日本語の系統の研究により得られなかった、より早期の類縁関係を探索する。
- C) 日本語諸方言内部における漢語などの借用語成分の検討や文献言語史との連携により、変化過程や伝播速度をこれまでにない高精度で求める。
- D) 日本語を中心としたアジア諸言語におけるイネ・雑穀・いも・豆・柑橘類、ネズミ、瓢箪などの人類集団と共に移動する動植物名、親族名称の体系、姓・地名など他班が検討する事項と緊密に関連する言語特徴を中心として地理言語学的手法によりアジア全域の地理分布を求め、解釈を与える。
- E) ゲノム人類学・考古学・人口論など他班による知見と上記A)～D)を突き合わせて、琉球・アイヌの關係に焦点を当てつつ日本語内部の地域差・歴史的変化・モノや集団の移動のプロセスを解明する。
- F) 研究集会を活発に開催して国内外の諸言語の研究者および遺伝学者・考古学者の間の緊密な交流を促進し、各分野の独立の根拠に基づきつつも、単一分野では思いつきにくい、あるいは立証が困難な着想を検証し、シナジー効果を目指す。また新たな研究拠点やネットワークを構築する。

＜どの程度達成できたか＞

遠藤：日本語は5000年程度以前には既に骨格が形成されていたらしい。つまり渡来人は日本語話者だった。呉音・漢音・朝鮮漢字音などの8世紀前半ないし7世紀後半までしか遡らない日朝漢字音より更に古く、古墳時代ないし弥生時代後期まで遡る漢字音や日本語の様相がかなり推定できるようになった。

木部：国立国語研究所の『日本語諸方言コーパス』を解析した結果、主語・目的語を無助詞であらわす地域が東北、北陸、関西、沖縄に分布すること、どの地域も主語よりも目的語のほうが無助詞であらわされる割合が高いことがわかった。

狩俣：琉球諸語について、多数地域の方言を詳細に比較検討した。その結果、日琉祖語から琉球祖語が分岐したあとに、北琉球に大きな人間の移動があったことを推定した。

研究項目B03（計画研究；大規模ゲノム解析班）

＜領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとしたか＞

本研究班では、巨大ゲノムデータから過去の人口動態、特にこれまでのゲノム解析手法では困難であった数千年～数百年前の人口動態を正確に推定するゲノム解析統計手法を開発することを目的とする。また、ヤポネシア人の祖先がどのように移住・混血し、社会構造の変化とともにどのように婚姻形態などを変化させてきたのかを遺伝情報から推定する手法も開発する。解析にあたっては、従来用いられてきたSNPだけではなく、複雑な構造変化など、従来手法では大規模な解析が難しかった非SNP変異にも注目し、様々な角度から人口動態推定を行う。開発された手法を、A01～A03班の研究結果に適用し、その結果とB01、B02班が行う考古学・歴史学・言語学的解析における結果を統合し、ヤポネシア人の歴史の統合的理解を目指す。

本研究計画の研究メンバーはゲノム情報を利用した集団遺伝統計解析を専門としており、新しいゲノム解析手法について日常的に多くのアイデアを交換している。領域内の有機的結合を促進するために、A01～A03班のデータ解析担当研究者と十分な連携を行い、領域全体の大量データ解析がスムーズに進むように、調整を行う。得られた研究成果は、オープンアクセス紙を中心とした専門的な雑誌に発表するだけでなく、適切にプレスリリースや領域ウェブサイト等での発表を行い、広く一般の目に触れるように努力する。また、大量データ解析のノウハウを若手研究者に伝えるためのワークショップ等を行うことにより、将来的な領域全体の活性化を試みる。

＜どの程度達成できたか＞

長田：常染色体とX染色体の遺伝的分化度から計算されるQ値と呼ばれる統計量を用いて、現代日本人と現代韓国人の間では、X染色体での遺伝的分化が相対的に低いことを示した。これは大陸からの女性の移住が多かったという、一般的な常識とは異なる要因によって説明することができる。またA03班に協力して、マウスの核ゲノム配列解析を担当した。

藤本：中間サイズ（30-5000塩基）の挿入・欠失、マイクロサテライト、構造異常を検出する手法を開発し、多型の解析を行なった。また、マイクロサテライト多型を用いて人類集団の集団構造を解析した。

五條堀：Rare allele sharingを用いて、ヤポネシア集団とその近縁な集団の関係を明らかにした。日本列島後期更新世、縄文時代、弥生時代の古人骨の古代DNAの研究に協力した。ニホンオオカミゲノムを用いたハイイロオオカミやイヌとの関連を明らかにする研究にも協力した。

河合：ゲノムデータから過去の人口の推定を行なった。また、個人のゲノム間で共有するハプロタイプの長さに着目して完全に分岐した2つの集団の分岐時間を推定するためのモデルを作成し、実際のデータに応用した。沖縄県と本土の集団は約3700年前まで同一の集団サイズの変動パターンを示しているが、その後は異なる変化をしていた。またIBD共有長の分析では本土集団は約75世代前と約18世代前に始まる2度の人口減少があることがわかった。さらに、ナショナルセンター・バイオバンクネットワーク(NCBN)のバイオバンクで解析した全ゲノムシーケンシング解析の結果を利用して、日本列島内の詳細なゲノム多様性を明らかにした。これについてはA01班と共同で論文を発表した。

研究項目A04（公募研究；ゲノム研究分野）

＜領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとしたか＞

計画研究にこだわることなく、新しい異分野融合研究の提案を歓迎する。現代人、古代人、あるいは動植物のゲノム決定、ゲノムでなくても大規模なデータ収集活動を含む公募研究は費用がかかるので、応募上限額を400万円としたが、何らかの異分野融合が含まれる申請内容が望ましい。

＜どの程度達成できたか＞

今西規：日本列島における多型遺伝子の地理的分布と強く相関する網膜色素変性症についての解析をおこない、疾患に関連するHLA対立遺伝子として、HLA-A*02:10とHLA-DQB1*06:09が推定された。

太田博樹：縄文人骨由来DNAのゲノム配列決定を進め、合計21検体について、最大30xカヴァレッジの深度を目標としたシーケンシングおよびデータ解析を進めている。また、縄文人ゲノム中にデニソワ由来セグメントを1.1Mb検出することができた。

大橋順：現在の日本人集団の形成過程を明らかにするために、要約統計量(AMI)を開発し、縄文人に由来すると思われる一塩基多型(SNP)208,648個を同定した。縄文人との混血比率は都道府県によって異なっており、これはおそらく縄文時代の集団サイズの差に起因していると考えられた。

木村亮介：琉球列島においてヒト・モノ(物質)・コト(言葉を含む抽象概念)のそれぞれが如何にして移動・伝播・拡散してきたのかを明らかにすることを目的とし、ゲノムデータと言語データの双方における集団間の近縁性を明らかにしながら比較検討を行なった。

菅裕：ウルシのゲノム配列を決定し、解析の基盤を整備した。国内のウルシ植栽地からのサンプルを解析し、日本のウルシは東北地方から広がったことを示唆するデータを得た。また、中国各地や韓国の96サンプルを用いてGRAS-Di解析を行なった。

竹中正巳：鹿児島県内の中世や、縄文時代のいくつかの遺跡の発掘をおこない、人骨も発見した。

寺井洋平：縄文時代の小竹貝塚(富山県)出土のイヌの骨3個体、向台遺跡、および上黒岩岩陰遺跡出土

のイヌそれぞれ1個体から決定したゲノム配列を解析した。縄文犬のゲノムには9-11%ものニホンオオカミの祖先のゲノムが含まれていることがわかった。

内藤健：縄文時代の日本で栽培化が起きたと考えられるアズキおよびダイズについて、全ゲノム解析による遺伝学的な検証を行なった。その結果、東南アジアの野生型から日本の野生型が派生し、そこから日本・中国北部の栽培型が派生、最後に中国の野生型と日本の栽培型との交雑によって、中国南部の栽培型が生まれたとする結果が得られた。また、アズキの栽培起源地は北関東～東北南部と推定され、考古学的な証拠と比較的近い結果となった。

新村毅：ニワトリの全ゲノム情報を用いて、ヤポネシア人が好んで残してきた形質の遺伝基盤を明らかにし、ヤポネシアへの移入と拡散の歴史を推察した。

細道一善：古代人のHLA領域のハプロタイプ構造を明らかにし、免疫学的な視点からヤポネシア人の歴史を探った。特に北海道縄文晩期の有珠モシリ遺跡出土人骨11体はすべてのHLAハプロタイプを決定できた。現代日本人集団における頻度を求めたところ、いずれも1%以下の低頻度であった。

松本悠貴：国内外の128個体のイエネコおよびイエネコに近縁な野生ネコ科動物から得られた全ゲノムデータにより、国内のイエネコの集団構造や集団の歴史を検討した結果、国内各地のイエネコは、4集団に分けられることがわかった。

三浦史仁：高効率な1本鎖DNA(ssDNA)ライゲーション技術を基盤として、1本鎖DNAから高感度にライブラリー調製を行う技術を確立した。

水野文月：日本列島後期更新世、縄文早期ならびに前期人骨から抽出したDNAから核ゲノム配列情報を取得した。居家以1号、居家以4号、轟5号人骨では、ヒトDNAの割合は良好であった。

本橋令子：自生イモや、アジアからオセアニア圏内で採取した野生サトイモ、栽培サトイモを供試し、葉緑体ゲノムのPS-ID領域の配列、SSRマーカー解析、GRASDi解析による系統比較を行なった。

山岡吉生：ヤポネシア人のピロリ菌全ゲノム解析をおこない、沖縄と北海道でヤポネシアの他地域とは異なるピロリ菌を発見した。

Jeffrey Fawcett：中国南西部および周辺地域の栽培種57系統、野生種47系統の全ゲノム配列を用いた集団遺伝学的解析を行なった結果、チベット南東部の野生種集団が栽培種に非常に近縁であり、この周辺地域が栽培ソバの起原に寄与したことが示唆された。

加藤哲久：ヒト・ヘルペスウイルスのゲノムを、古代人の遺体から抽出してゲノム配列を決定した。

研究項目B04（公募研究;考古学と言語学分野）

＜領域設定期間内に何をどこまで明らかにしようとしたか＞

新しい異分野融合研究の提案を歓迎する。計画研究がカバーしていない古代史を中心とした分野における、意欲的な研究テーマの申請を歓迎する。

＜どの程度達成できたか＞

中川奈津子：日本語と琉球語について、名詞標識と語順の分布について検討した。

中澤光平：南海道地域の諸方言の系統関係を、言語データから構築し、方言形成時期を推定した。

西内巧：土器付着物に含まれる植物由来のタンパク質同定を試みた。

(2) 本研究領域により得られた成果について

＜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。

7 研究発表の状況

研究項目ごとに計画研究・公募研究の順で、本研究領域により得られた研究成果の発表の状況（主な雑誌論文、学会発表、書籍、産業財産権、ホームページ、主催シンポジウム、一般向けアウトリーチ活動等の状況。令和5年6月末までに掲載等が確定しているものに限る。）について、具体的かつ簡潔に5頁以内で記述すること。なお、雑誌論文の記述に当たっては、新しいものから順に発表年次をさかのぼり、研究代表者（発表当時、以下同様。）には二重下線、研究分担者には一重下線、corresponding author には左に*印を付すこと。

計画研究A01班

【主な雑誌論文】

Nishimura L., Fujito N., Sugimoto R. and *Inoue I. (2022) Detection of ancient viruses and long-term viral evolution. **Viruses**, vol. 14, pp. 1336~1336.

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 T 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.

Saitou N. (2021) Preface to the special issue on the Yaponesia Genome Project. **Anthropological Science**, vol. 129, pp. 1-2.

Hirata J., Hosomichi K., Sakaue S., Kanai M., Nakaoka H., Ishigaki K., Suzuki K., Akiyama M., Kishikawa T., Ogawa K., Masuda T., Yamamoto K., Hirata M., Matsuda K., Momozawa Y., Inoue I., Kubo M., Kamatani Y., and *Okada Y. (2019) Genetic and phenotypic landscape of the major histocompatibility complex region in the Japanese population. **Nature Genetics**, vol. 51, pp. 470-480.

斎藤成也 (2018) 日本列島人の起源に文理融合研究でせまる **実験医学**, 36巻, 2788頁.

【学会発表】

斎藤成也 (2022) ヤポネシア人の起源をもとめて. 日本遺伝学会第94回大会

斎藤成也 (2022) ヤポネシア人への道はるかなり. 日本人類学会・日本霊長類学会合同大会.

松波雅俊 (2022) ヤポネシアのしっぽの集団ゲノミクス. 第76回日本人類学会大会

松波雅俊 (2022) ゲノム情報から復元された琉球列島人の集団史. 東京外国語大学アジア・アフリカ言語文化研究所・海外学術フォーラム.

斎藤成也 (2020) ヤポネシア人の「うちなる二重構造」モデルを支持するデータ. 日本人類遺伝学会

井ノ上逸朗 (2019) ヤポネシアゲノムプロジェクトにおけるHLA遺伝子群を用いた集団遺伝学. 日本人類遺伝学会第64回大会

松波雅俊 (2019) 沖縄バイオインフォメーションバンクの情報から琉球列島人の遺伝的多様性を探る. 日本人類遺伝学会.

松波雅俊 (2019) 琉球列島人の集団ゲノム解析. 日本進化学会.

斎藤成也 (2019) ヤポネシアゲノムプロジェクトの紹介. 日本人類遺伝学会第64回大会.

斎藤成也 (2019) Yaponesia Genome Project - combination of genome sequence analyses of modern humans, animals, and plants as well as archeological and linguistic data analyses. 国際分子進化学会(SMBE2019)

松波雅俊 (2019) Okinawa Bioinformation Bank Project: understanding human genetic diversity in the Ryukyu Archipelago. 国際分子進化学会(SMBE2019).

斎藤成也 (2019) Problem when softwares for molecular evolution are applied to linguistic data. 日本言語地理学会第1回大会.

斎藤成也 (2018) 現代出雲人と出雲神話をつなげるゲノムDNA研究. 日本DNA多型学会.

斎藤成也 (2018) 東ユーラシアにおけるヤポネシア人の起源とその成立 釜山大学博物館特別講演会

【図書】

齋藤成也、木村亮介、鈴木留美子、河合洋介、松波雅俊 (2020) 最新DNA研究が解き明かす。日本人の誕生 秀和システム 240頁

齋藤成也(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』三省堂, 253-267頁.

【産業財産権・主催シンポジウム】 該当せず

【一般向けのアウトリーチ活動等の状況】 (すべて齋藤成也による)

2019年6月17日(農林水産・食品産業技術振興協会)ゲノムから明らかとなった日本列島人の来歴

2019年8月10日(日本進化学会大会公開講演会、札幌)ゲノムからさぐる日本列島人の歴史

2019年8月24日(全国邪馬台国協議会連絡会第10回記念講演会、東京)ヤポネシア人(日本列島人)はどこから来たか

2019年9月14日(さばえライブラリーカフェ、鯖江)日本人はるかな旅～DNAと言語からさぐる～.

2019年9月27日(交詢社、東京)ゲノムDNAデータからさぐる日本列島人の由来.

2020年1月18日(第20回 武田セミナー、東京)日本列島人のゲノム進化.

計画研究A02班

(主な雑誌論文)

*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.

篠田謙一, 神澤秀明, 角田恒雄, 安達登, 土肥直美. (2020) 沖縄県北谷町出土貝塚後期人骨のDNA分析 - 伊礼原D遺跡・平安山原A遺跡-.国立歴史民俗博物館研究報告』第 219 集, pp.321-326.

篠田謙一, 神澤秀明, 角田恒雄, 安達登, 土肥直美. (2020) 沖縄県読谷村出土貝塚時代人骨のDNA分析 - 木綿原遺跡・大当原遺跡-.国立歴史民俗博物館研究報告』第 219 集, pp.295-300.

神澤秀明, 角田恒雄, 安達登, 篠田謙一. (2020) 鹿児島県宝島大池遺跡 B 地点出土貝塚前期人骨DNA 分析. 国立歴史民俗博物館研究報告』第 219 集, pp.257-264.

篠田謙一, 神澤秀明, 角田恒雄, 安達登. (2020) 香川県高松市茶白山古墳出土古墳前期人骨のDNA分析. 国立歴史民俗博物館研究報告』第 219 集, pp.221-230.

篠田謙一, 神澤秀明, 角田恒雄, 安達登. (2020) 福岡県那珂川市安徳台遺跡出土弥生中期人骨のDNA分析. 国立歴史民俗博物館研究報告』第 219 集, pp.199-210.

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』第 219 集, pp.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)** Vol. 127, pp. 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巻, 167-186頁.

(主な学会発表)

篠田謙一(2019) 骨形態とゲノムで解明する日本人の成り立ち. 第39回骨形態計測学会特別講演,

篠田謙一, 神澤秀明, 角田恒雄, 安達登, 土肥直美. (2019) 貝塚前期を中心とした人骨のDNA分析. 沖縄考古学会.

(著書)

篠田謙一 (2019) 新版日本人になった祖先たち. NHK出版.

(産業財産権・主催シンポジウム) なし

(一般向けのアウトリーチ活動等の状況)

篠田謙一 (2019) DNA研究が明らかにする日本人の起源. 第64回日本人類遺伝学会大会特別講演.
篠田謙一 (2019) DNAから見た弥生人. 第73回日本人類学会総会.

計画研究A03班

(主な論文発表)

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.

鈴木仁 (2019) ヤポネシアの哺乳類の系統学的特性 ANIMATE Vol. 15, pp. 10-17.

(産業財産権・主催シンポジウム) なし

(学会発表)

藤原一道, 鈴木仁, 長田直樹 (2022) 野生ハツカネズミの全ゲノム集団解析: 亜種間比較と移住・混合様式の解明, 日本分子生物学会

熊谷 真彦, 坂井 寛章 (2022) ヤポネシアにおけるイネ受容の歴史をゲノム情報から探る, 日本遺伝学会.

渡部大, 長田直樹, 湯浅浩史, 遠藤俊徳 (2022) RAD-seqと全ゲノムデータに基づく広範な地域のヒョウタンの地理的分岐モデルを推定する集団遺伝解析, 日本遺伝学会.

遠藤優, 長田直樹, 間野勉, Alexei V. Abramov, 増田隆一 (2022) ヒグマはどのように分散し、定着したか? ~: 全ゲノム解析によるユーラシア内陸部と島嶼のヒグマの移動史 ~, 日本進化学会.

鈴木仁 (2021) 氷期最盛期の日本産小型哺乳類の集団動態を考える, 旧石器学会.

鈴木仁, 藤原一道, 河合洋介, 高田豊行, 城石俊彦, 斎藤成也, 長田直樹 (2020) mtDNAゲノム配列に基づく野生ハツカネズミの東方移動とAsip遺伝子解析にもとづく毛色の多様化, 2020年日本進化学会.

鈴木仁 (2019) ゲノム情報に基づくヒトに帯同した野生動植物の自然史研究. 日本進化学会.

藤原一道, 河合洋介, 斎藤成也, 長田直樹, 鈴木仁 (2019) 全ゲノム解析によるハツカネズミ (*Mus musculus*) の移住拡散様式の解明, 日本進化学会.

(図書)

増田隆一 (2022) はじめての動物地理学. 岩波書店.

増田隆一 (2022) ヒグマ学への招待~自然と文化で考える. 北海道大学出版会.

計画研究B01班

【雑誌論文】

Yamada Y. (2022) Archaeological and anthropological views of Jomon society: methods and practices.

Anthropological Science, Vol. 130, no. 1, pp. 3-13.

{以降はすべて『国立歴史民俗博物館研究報告』に所収}

藤尾慎一郎・篠田謙一・坂本稔・瀧上舞 (2022) 考古学データとDNA分析からみた弥生人の成立と展開, Vol.237, pp.17-70.

木下尚子 (2022) 弥生貝交易の中継地—鹿兒島県高橋貝塚のゴホウラ分析から, Vol.237, pp.157-168.

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—, pp.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, Vol.219, pp.147-162.

藤尾慎一郎・坂本稔・瀧上舞 : 福岡県那珂川市安徳台遺跡出土弥生中期人骨の年代学的調査, Vol.219, pp.189-198.

清家章・坂本稔・瀧上舞 : 香川県高松市高松茶臼山古墳出土古墳前期人骨の年代学的調査, Vol.219, pp.211-220.

【学会発表】

藤尾慎一郎・篠田謙一 (2022) ゲノムからみた弥生時代人の多様性、令和4年度九州考古学会総会

山田康弘・神澤秀明・角田恒雄・安達 登・篠田謙一 (2022) 岩手県蝦島貝塚出土の縄文人骨を対象とした考古学と人類学のコラボレーション, 第76回日本人類学会大会

藤尾慎一郎 (2022) 数値年代とDNAがもたらすこれからの弥生文化研究. 日本考古学会第120回総会 (招待講演)

藤尾慎一郎・木下尚子・清家章・山田康弘・濱田竜彦・坂本稔・瀧上舞・篠田謙一：新学術領域「考古学データによるヤポネシア人の歴史の解明-2018年度の調査について-」日本考古学協会第86回総会。

計画研究B02班

雑誌論文

狩俣繁久(2022) 語構成からみた幸喜方言の形容詞, 琉球方言研究、vol. 6, pp. 251-262.

*狩俣繁久・島袋幸子(2022) 名護市饒平名方言の動詞活用形 調査の資料, シマジマのしまことば、vol. 3, pp. 134-158.

Endo M. (2021) Geographical distribution of certain toponyms in the Samguk Sagi. *Anthropological Science*, vol. 129, pp. 35-44.

木部暢子(2020) ことばから見た日本列島人の起源. 『歴博』 218: 12-15.

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ー琉球語と九州方言の関係を問うー. 長田俊樹編『日本語「起源」論の歴史と展望』、227-249、三省堂.

風間伸次郎(2020) アイヌ語はどの言語と似ているかー対照文法の試みー. 長田俊樹編『日本語の起源はどのように論じられてきたかー日本言語学史の光と影』 東京：三省堂

狩俣繁久(2019) 言語接触がもたらした琉球語の南北差、 『方言の研究』 5号、 pp.5-23.

狩俣繁久(2019) 言語から考える九州から琉球へのヒトの移動ー語彙と文法から移動の時期を考えるー、 『国際琉球沖縄論集』 第8号、 pp.1-10.

(学会発表)

木部暢子(2021) 日本語音声のダイバーシティー日本の方言音声についてー. 日本音響学会.

(図書)

木部暢子(2022) 日本語諸方言の主語・目的語の格標示形式, 木部暢子・竹内史郎・下地理則 [編] 『日本語の格表現』、くろしお出版

木部暢子(2022) 丁寧表現形式「デス」の地域差ー日本語諸方言コーパス (COJADS) からー, 窪園晴夫・朝日祥之 [編] 『言語コミュニケーションの多様性』、くろしお出版

Endo M. et al. (2021) Linguistic Atlas of Asia, ひつじ書房

計画研究B03班

(査読付き論文)

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

学会等発表

藤原一道, 河合洋介, 斎藤成也, 長田直樹, 鈴木仁 ハツカネズミ (*Mus musculus*) 亜種を用いた全ゲノム集団解析 第91回日本遺伝学会

アウトリーチ活動

長田直樹 サイエンスカフェ 時をかけるゲノム～膨大な遺伝情報からたどるヤポネシア人の起源

紀伊国屋書店札幌本店1Fインナーガーデン

五條堀淳 日本学術会議シンポジウム「日本旧石器人研究の発展: 沖縄の現場から」 日本学術会議 2019年

主催シンポジウム・ワークショップ なし

公募研究 (主要な発表論文のみ)

竹中正巳, 峰和治, 設楽博己, 春成秀爾 (2020) 鹿児島県大池B遺跡出土貝塚時代人骨の形質人類学的調査. 国立歴史民俗学博物館研究報告, 第219集, 111-123頁.

松尾樹志郎, 富田啓貴, 中野真澄, 星野宙也, Loftus J. F. III, 米元史織, 舟橋京子 (2020). 栗山遺跡第5次調査出土人骨の埋葬様態と形質の特徴. 栗山遺跡5次. 朝倉市教育委員会, 福岡.

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

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

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, Takashi 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.

*Robbeets M., ..., Kanzawa- Kiriyama H., Oota H., Ishida H., Kimura R., Sato T., ..., and Chao N. (2021) Triangulation supports agricultural spread of the Transeurasian Languages. **Nature**, vol. 599, pp. 616-621.

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.

T. Gakuhari#, S. Nakagome#, S. Rasmussen, M.E. Allentoft, T. Sato, T. Korneliussen, B.N. Chuiñeagóin, H. Matsumae, K. Koganebuchi, R. Schmidt, S. Mizushima, O. Kondo, N. Shigehara, M. Yoneda, R. Kimura, H. Ishida, T. Masuyama, Y. Yamada, A. Tajima, H. Shibata, A. Toyoda, T. Tsurumoto, T. Wakebe, H. Shitara, T. Hanihara, E. Willerslev, M. Sikora*, H. Oota* (2020) Ancient Jomon genome sequence analysis sheds light on migration patterns of early East Asian populations.

Communications Biology, vol. 3, 437.

和文総説 (査読無し)

寺井洋平 日本犬とニホンオオカミの関係をゲノムから知る. **BIOSTORY** 印刷中, (2023)(査読なし)

寺井洋平 全ゲノム情報から知るニホンオオカミ. **Mammal Study** (2022年度年出版) (査読つき)

寺井洋平, ゲノムから探るニホンオオカミと日本犬の歴史の紹介: ニホンオオカミと日本犬、Yaponesia あき号、(2022) (査読なし)

寺井洋平 ゲノムから探るニホンオオカミと日本犬の歴史 生物の科学「遺伝」 76(5) 2022年(査読なし) 学会発表

*Fawcett JA, Takeshima R, Kikuchi S, Yazaki E, 20 authors, *Li C, *Hirakawa H, *Ota T and *Yasui Y. (2023) Genome sequencing reveals the genetic architecture of heterostyly and domestication history of common buckwheat." **Nature Plants** (In Press)

*Yasui Y, Fawcett JA and Ohsako T. (2022) 野生ソバの遺伝資源を求めて起原地へ そしてゲノム育種へ」
アグリバイオ 2022 6:23-27

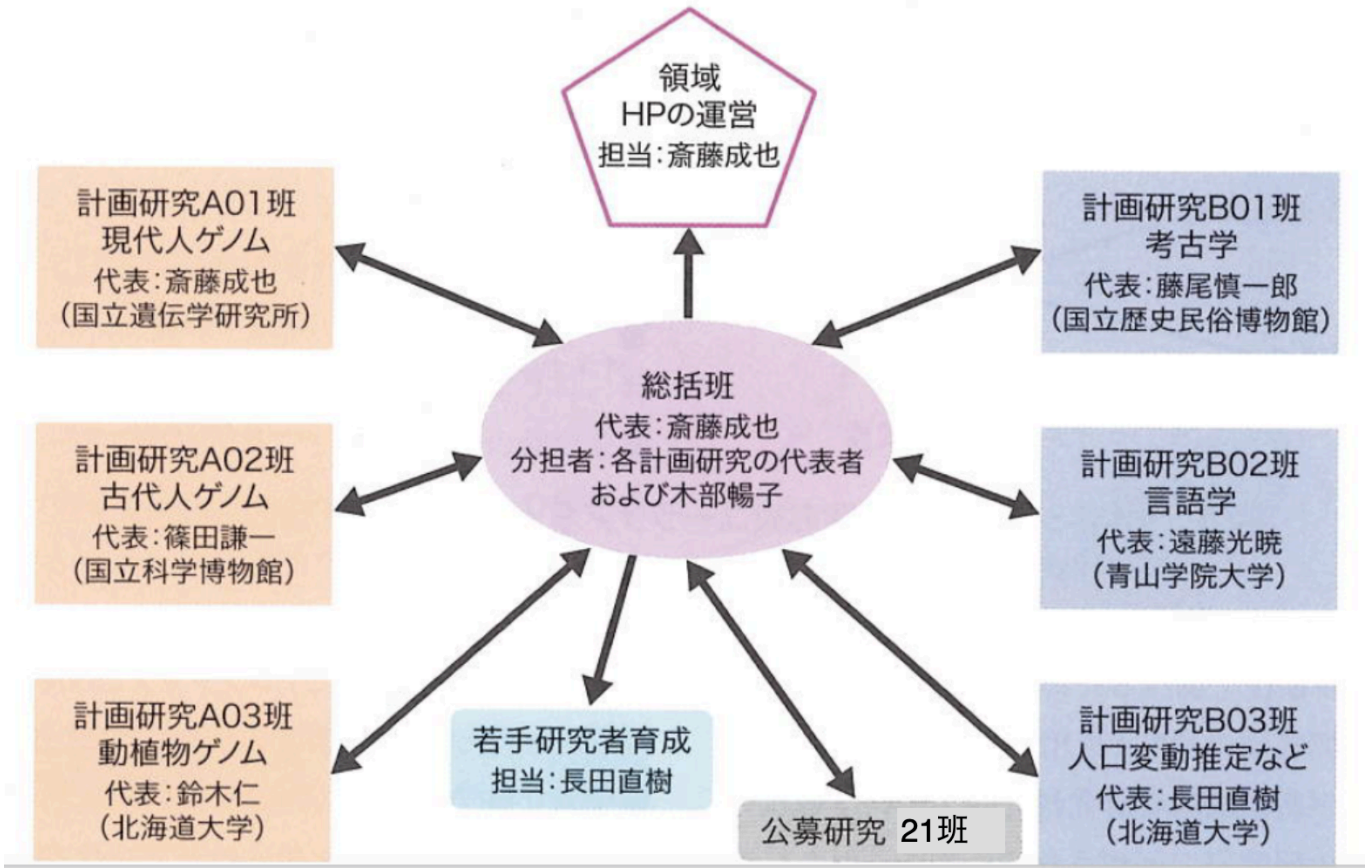
*Mizuno F., *Gojobori J., Kumagai M., Baba H., Taniguchi Y., Kondo O., Matsushita, M., Matsushita, T., Matsuda, F., Higasa, K., Hayashi, M., *Wang, L., Kurosaki, K., and Ueda, S. 2021, Population dynamics in the Japanese Archipelago since the Pleistocene revealed by the complete mitochondrial genome sequences. **Scientific Reports**, vol. 11, no. 1, 12018.

水野文月 (2023) Ancient DNA studies of human remains, 2, 46-55, 文明動態学, 10.18926/64202.

水野文月(2022) 旧石器時代人のゲノム分析, 764, 31-34, 月刊考古学ジャーナル.

8 研究組織の連携体制

研究領域全体を通じ、本研究領域内の研究項目間、計画研究及び公募研究間の連携体制について、図表などを用いて具体的かつ簡潔に1頁以内で記述すること。



6個の計画研究と21個の公募研究は、それぞれが総括班と連絡を取り合い、かつ相互にも連絡をとりあって、共同研究を進めることが推奨された。特に計画研究A02班と計画研究B01班は、遺跡のデータ（人骨から抽出したDNAから決定したゲノム配列データと、炭素14法を用いた遺跡の年代推定データ）について共有し、緊密な共同研究を推進した。

いくつかの公募研究も、動植物ゲノムの決定をおこなった班はA03班と、考古データを解析した班はB01班と、言語データを解析した班はB02班と、それぞれ研究手法などについて意見交換をおこなった。

9 研究費の使用状況

研究領域全体を通じ、研究費の使用状況や効果的使用の工夫、設備等（本研究領域内で共用する設備・装置の購入・開発・運用、実験資料・資材の提供など）の活用状況について、総括班研究課題の活動状況と併せて具体的かつ簡潔に2頁以内で記述すること。また、領域設定期間最終年度の繰越しが承認された計画研究（総括班・国際活動支援班を含む。）がある場合は、その内容を記述すること。

総括班の経費で購入した大規模コンピュータ・サーバーは、国立遺伝学研究所に設置して、A01班、A02班、A03班、B03班、および公募研究でゲノムデータを扱う班がそれぞれ活用した。

領域設定期間最終年度（2022年度）の繰越しが承認された計画研究はない。

そのほか、研究費の使用について問題となった点はなかった。

10 当該学問分野及び関連学問分野への貢献の状況

研究領域全体を通じ、本研究領域の成果が当該学問分野や関連学問分野に与えたインパクトや波及効果などについて、「革新的・創造的な学術研究の発展」の観点から、具体的かつ簡潔に1頁以内で記述すること。なお、記述に当たっては、応募時に「①既存の学問分野の枠に収まらない新興・融合領域の創成を目指すもの」、「②当該領域の各分野発展・飛躍的な展開を目指すもの」のどちらを選択したか、また、どの程度達成できたかを明確にすること。

本新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」は、応募時に「①既存の学問分野の枠に収まらない新興・融合領域の創成を目指すもの」を選択した。この目的は、ある程度達成できたと考えている。その理由としては、

(1) 計画研究のA02班（古代人ゲノムの研究）という自然科学分野の研究グループと計画研究のB01班（考古学の研究）という文化科学分野の研究グループの連携がとてもうまくいったこと、

(2) 計画研究のA01班（現代人ゲノムの研究）という自然科学分野の研究グループと計画研究のB02班（言語学の研究）という文化科学分野の研究グループの連携が、個人研究者レベルのあいだとはいえ、それなりに達成されたこと、
があげられる。

本研究領域の成果が当該学問分野（ゲノム進化学、人類学、考古学、言語学など）に与えたインパクトは、それなりに大きかった。50名ほどの研究者が「ヤポネシアゲノム」というまとまりの中で5年間研究を進められたからである。関連分野に与えたインパクトは、それほどではなかったかもしれない。波及効果については、未知数である。今後の進展を待ちたい。

11 若手研究者の育成に関する取組実績

研究領域全体を通じ、本研究領域の研究遂行に携わった若手研究者（令和5年3月末現在で39歳以下。研究協力者やポスドク、途中で追加・削除した者を含む。）の育成に係る取組の実績について、具体的かつ簡潔に1頁以内で記述すること。

総括班メンバー7名の中でもっとも若く、かつ准教授である長田直樹が担当となって、若手研究者の育成をおこなった。中心的な活動としては、「くにうみミーティング」と称して、記紀神話において最初に創られた島である淡路島で毎年泊まり込みで若手中心の研究会を開催したことである。領域代表の齋藤成也は毎回参加して、「歴史はやわかりセミナー」と題した講義をおこなった。

12 総括班評価者による評価

研究領域全体を通じ、総括班評価者による評価体制（総括班評価者の氏名や所属等）や本研究領域に対する評価コメントについて、具体的かつ簡潔に2頁以内で記述すること。

評価者・長田俊樹によるコメント

全体として、本研究領域は5年間で大きな成果をあげたといえるだろう。古代人ゲノムのA02班と考古学のB01班の文理融合型の研究連携もうまくいった。ただ、同じ文化系だが、B01班とB02班（言語学）のあいだでは、ほとんど交流がなかったようだ。それが残念である。

評価者・植田信太郎によるコメント

斎藤成也領域代表が班長となった現代人ゲノムの研究（A01班）は、コロナウイルス蔓延の影響もあったのか、当初計画したようには多くの地域の人々のDNAサンプルを得ることができなかったのが、残念である。一方、古代人ゲノムの研究（A02班）は、縄文時代人をはじめとして、弥生時代人、古墳時代人とさまざまな時代の人々のゲノム配列を得ることができ、大きな成功をおさめた。難をいえば、国際交流が韓国以外とはほとんどなかった点である。