

令和 3 年 5 月 26 日現在

機関番号：13301

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2018～2020

課題番号：18H00755

研究課題名（和文）遺跡出土馬のゲノムワイド解析に基づく日本列島馬の起源と交雑史に関する研究

研究課題名（英文）Genome-wide analysis of ancient and modern horses on the origin and admixture history in the Japanese Archipelago

研究代表者

覚張 隆史（Gakuhari, Takashi）

金沢大学・国際文化資源学研究中心・助教

研究者番号：70749530

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,400,000円

研究成果の概要（和文）：本研究は日本列島において古くから飼育されてきた家畜馬の起源と系統の一端を解明することを目的として、現生日本在来馬および遺跡出土馬からゲノムデータを取得し、分子系統解析と他地域との混血の影響の可視化を試みた。古墳時代・古代・中世・近世・近代における遺跡出土馬の全ゲノムデータから日本列島馬の遺伝的ヒストリーを初めて評価した。さらに、ロシア沿海州・モンゴル・中国の遺跡出土馬のゲノムデータを取得し、各地域からの遺伝的寄与について評価を行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

日本列島には古くから飼育されてきた現生家畜馬品種である日本在来馬が8品種存在する。従来の家畜遺伝学的研究では、この家畜馬はモンゴル系統の馬が日本列島に古い時期に海を越えて持ち込まれた可能性が示唆されていた。品種の類型化に関する研究において、モンゴル系統と識別された日本在来馬であるが、これら日本在来馬が具体的にどこから持ち込まれ、どの様に拡散したかという過去の移動史を復元する試みは従来の遺伝学的手法では極めて困難であった。本研究では、新たなパレオゲノミクス研究を実施し、各時代の馬の起源・系統を世界で初めて評価した研究として位置付けられる。

研究成果の概要（英文）：The goal of this study was to clarify the origins and genealogy of domestic horses that have been bred in the Japanese archipelago since the past. We obtained genomic data from eight Japanese native horses and horse remains excavated from archaeological sites, and carried out molecular phylogenetic analysis and visualized the effects of admixture with other regions. Genomic data from horse remains in the Kofun, Nara, medieval, early modern, and modern periods allowed us to evaluate the genetic affinities between horses in the Japanese archipelago. In addition, we obtained genomic data of horse remains excavated from archaeological sites in Primorsky Region, Russia, Mongolia and China, and evaluated the genetic contribution from each region.

研究分野：パレオゲノミクス

キーワード：パレオゲノミクス 馬 日本列島 起源 系統 古代DNA 混血 古墳

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

ウマはヒトとともに長距離を移動し、戦争や交易で大きな役割を遂げてきた重要な家畜種である。各地域におけるウマの起源と系統を議論することは、そのウマを飼育していた人々の文化的背景を考察するための基礎情報を提示してくれる。日本の考古学・人類学においても、ウマの起源に関する興味は絶えず、古くから日本で飼育されている「日本在来馬」を過去に日本列島で飼育されていた馬として重ね合わせて議論が展開されている。しかしながら、この「日本在来馬」が果たして古くから変わらぬ系統を維持していたかという問いに答えた研究は、農学・人類学・考古学においても未だ存在していない。そこで本研究は、遺跡出土馬骨の直接的なゲノム解析から、日本列島で飼育された馬の系統と雑種化の歴史を復元する。

2. 研究の目的

本研究は、日本列島で飼育された家畜馬と大陸で飼育された家畜馬が交雑した「雑種化イベント」のゲノムデータを用いて評価することを目的とする。

3. 研究の方法

各時代の雑種化イベントを評価及び可視化するために、日本列島の古墳・古代・中世・近世・近代・現代の6時代区分から、遺跡出土馬及び現生在来馬の分析試料をそれぞれ取得した。分析において、遺跡出土馬の側頭骨錐体部内腔および耳小骨を対象にDNA抽出を実施し、DNAライブラリを作成したのちに、小型次世代シーケンサーのMiseq(Illumina社)で遺跡出土馬のDNA抽出液中のウマDNA含有率(Endogenous content)を評価した。ウマDNA含有率が高かったゲノムライブラリは、大規模アウトプット型の次世代シーケンサーであるHiseqおよびNovaSeqにかけて、全ゲノムデータを取得した。得られたゲノムデータと世界ですでに公開されたウマゲノム配列と比較するために、新たに設置したパレオゲノム解析サーバーで、データクオリティと末端トリミングの検討(*adapterremoval*, *samtools*, *picard*, *mapdamage2*など)、参照配列へのマッピング(*BWA*)、SNPsの抽出(*GATK*)、集団ゲノム解析のためのデータ変換(*PLINK*, *AdmixTools*など)、主成分分析(*PCA*)、遺伝的親和性の評価(*f* statistics)、分子系統解析(*TreeMix*など)、混血の評価(*ADMIXTURE*など)、混血史の最適モデルの探索(*qpGraph*, *qpAdm*, *qpWave*)を試みた。

4. 研究成果

(1) 日本列島の遺跡出土馬のゲノム解析

本研究では、日本列島の遺跡出土馬骨(吉田南遺跡(古墳・兵庫)・松崎遺跡(古墳~古代・愛知)・藤原宮跡(古代・奈良)・根城(中世・青森)・大光寺新城跡(中世・青森)・由比ヶ浜南遺跡(中世・神奈川)・今帰仁城跡(中世~近世・沖縄)・大嶺村跡(近代・沖縄))からゲノムデータを取得した。Miseqを用いたブレスクリーニングの結果、側頭骨錐体部内腔C部位表面のウマDNA含有率は6~70%と高い値を示した。成績が良好であったDNA抽出液をもとに新たにNGSライブラリを作成し、Hiseqを用いて低カバレッジのゲノムデータの取得を行った。個体間の遺伝的親和性(genetic affinity)を求めるために、Admixtoolsを用いた f_3 statisticsを実施した。その結果、これらの遺跡出土馬は東ユーラシアにおける家畜馬品種と相対的に高い親和性を示しており、先行研究で示唆されていた結果と矛盾がなかった。一方で、 f の値は時代ごとに親和性が近似せず、各地点での遺伝的差異が大きいことが判明した。

(2) 日本列島周辺地域における遺跡出土馬のゲノム解析

日本列島周辺地域における遺跡出土馬とのゲノム比較を実施するために、ロシア沿海州の渤海関連遺跡であるチェルニアチノ2遺跡および近世~近代の遺跡であるアルセーニエフ博物館収蔵の馬骨からDNA抽出を試みた。Miseqを用いたブレスクリーニングの結果、50~95%を示すウマDNA含有率を示し、保存状態の良いDNA抽出液が得られた。これらDNA抽出液をNovaSeqでデータ取得し、全ゲノム配列の決定が完了した。チェルニアチノ2遺跡とアルセーニエフの個体間で大きな遺伝的差異が確認された。このことは、近世以降に異なる地域から別系統の家畜馬が持ち込まれたことを示している。また、本科研とは別の研究プロジェクトでデータ取得した中国およびモンゴル遺跡出土馬のゲノムデータと比較を実施した。これらの結果は現在、海外学術誌への投稿を進めている。

(3) 日本在来馬の集団ゲノム解析

最後に、現生日本在馬 46 個体の全ゲノムデータを HiSeq および Novaseq を用いてデータ取得し、遺跡出土馬のゲノムデータと比較した。遺跡出土馬の多くは日本在来馬のゲノム領域に特有の共通配列を有しているものの、他地域との類似性が高い領域も検出された。日本列島周辺域の遺跡出土馬のゲノムデータと比較し、これらの詳細についても海外学術誌にて順次公開を進めていく。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計0件

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	植月 学 (Uetsuki Manabu) (00308149)	帝京大学・付置研究所・准教授 (32643)	
研究分担者	川嶋 舟 (Kawashima Shu) (00401711)	東京農業大学・農学部・准教授 (32658)	
研究分担者	丸山 真史 (Maruyama Masashi) (00566961)	東海大学・海洋学部・講師 (32644)	
研究分担者	小嶋 芳孝 (Kojima Yoshitaka) (10410367)	金沢大学・人間社会研究域・客員研究員 (13301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計1件

国際研究集会 Future Perspective on Ancient Genomics in East Asia	開催年 2018年～2018年
---	--------------------

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------

フランス	トゥールーズ第三大学			
ロシア連邦	ロシア科学アカデミー 歴史考古民族研究所			
中国	中国社会科学院			