

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 6 年 6 月 2 日現在

機関番号：14401

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2021～2023

課題番号：21K18382

研究課題名（和文）考古資料に最適化した生物種同定法における新規メソドロジーの構築

研究課題名（英文）Novel Platform for Bioorganism Identification Optimised for Archaeological Research

研究代表者

押鐘 浩之（OSHIKANE, Hiroyuki）

大阪大学・大学院薬学研究科・特任准教授（常勤）

研究者番号：10727283

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 4,900,000円

研究成果の概要（和文）：本研究は考古資料や文化財資料に含まれるDNAなどの生体情報を有する分子を標的とした新規分析法の開発と実証に関し、生体情報から当時の人々や地理的・年代情報、および技術を可視化することを目的としている。一般的に古いDNAからの情報抽出は技術的に難易度が高いが、本研究では環境中のDNAの直接的な定量法およびDNAバーコーディングを用いた方法論の構築に成功し、実証例として江戸時代～明治時代に制作された浮世絵で画材として用いられた膠のソースとなった動物種の同定を行い、当時の技術の一端を科学的に可視化することができた。本方法は古い資料の「可視化」に対し新しいアプローチを提供するものと期待している。

研究成果の学術的意義や社会的意義

文化や歴史は過去から現代に至るまでその長い時間の中で形作られ、人々も離合集散を繰り返してきたが、従来の方法論ではその具体的な流れを知ることには限界があった。一方、昨今の生命科学の発展によりDNAを通じた可視化が可能となってきており、考古学や文化財学における応用も為せる様になってきた。本研究では本研究グループで独自に開発したDNAを通じた可視化技術の有効性について科学的な実証に成功した。本成果は人々がどの様に生き、どの様な文化を形成していたかについて継承する道筋の提供に貢献すると考えられ、今後の人文知を現代の科学技術を通して支援する方法論の学術的基盤の一端に発展することを期待している。

研究成果の概要（英文）：This study pertains to the development of novel analytical methodologies capable of visualising ancient people, geographic and chronological information, and technology through high-end biological tools. Although it is still deemed to be technically demanding to analyse ancient DNAs, we succeeded in developing novel methodologies comprising a direct quantification system for environmental DNA coupled with DNA barcoding via direct PCR method, which allows for substantial detection of the species of interest regardless of the environmental contaminants. Also, we illustrated the source authentication of the gelatins utilised for manufacturing Ukiyo-e, Japanese classical block printing via our developed methodologies. We hope that these molecular methods will pave the way for further development of unprecedented visualisation techniques for ancient samples.

研究分野：分子生物学

キーワード：文化財科学 考古科学 DNAバーコード技術

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

考古学・文化財科学・文化人類学の学問領域でヒトを含む生物由来の資料を分析する際、従来の方法論として ^{14}C を用いた放射性炭素年代測定法や地層などの地質学的アプローチ、また生物遺存体の形態学的・博物学的な特徴などと、遺物資料や文献資料などを組み合わせることを通して、その生物遺存体が有する生物種・年代・地理といった情報を抽出してきた。

一方、近年の生命科学分野の技術的発展は目覚ましく、特に 2003 年のヒトゲノム計画の完了によるヒトの設計図となる全 DNA 暗号の解読では費やした時間は約 10 年、費用も億単位であったのに対し、現在では次世代シーケンス (Next Generation Sequencing; NGS) 法の台頭によりヒトゲノムは 1~2 週間程度で費用も 10 万円程度で解読可能となってきている。この DNA 分析技術の技術的躍進により、最近では、遺伝情報の個人差 (SNP: single nucleotide polymorphism) に立脚したテーラーメイド医療の提供もそう遠くない将来に達成し得ると考えられている。

考古学領域での DNA 分析も進んでおり、例えばネアンデルタール人のミトコンドリアゲノムを解読したスパンテ＝ペーボ博士が 2022 年にノーベル生理学・医学賞を受賞したことは記憶に新しいと思われる。その他、最近では中世において流行したペスト (黒死病) が中央アジアが起源であるとする分析例 (Spyrou, *et al.* (2022) *Nature*) や、骨製ペンダントから抽出した DNA による「持ち主」の遺伝的特性に対する分析 (Essel, *et al.* (2023) *Nature*) など、残存する DNA を手掛かりとした画期的な分析例も報告されている。

生命科学分野における分析法は DNA に限らず、タンパク質を対象とした分析法も躍進を続けている。2002 年ノーベル化学賞に受賞した田中耕一博士によるソフトイオン化法を基礎とした新規質量分析法である MALDI-TOF/MS (Matrix Assisted Laser Desorption/Ionization – Time of Flight Mass Spectrometry: マトリックス支援レーザー脱離イオン化飛行時間型質量分析) 法の確立により、これまで難しいとされてきたタンパク質の可視化が急速に進展してきた (Tanaka, *et al.* (1998) *Rapid Commun. Mass Spectrom.*)。技術昨今では MALDI-TOF/MS 法を基礎とした微生物同定プラットフォームの構築・医療応用や、顕微鏡と MALDI-TOF/MS とを組み合わせた「イメージング MS」も普及されつつあり、タンパク質に対する質量分析を通じた医療応用の研究が盛んになってきている。考古学分野においても、ZooMS (Zooarchaeology by mass spectrometry) と呼ばれるペプチドマスフィンガープリンティング (Peptide Mass Fingerprinting; PMF) 法を考古学研究に応用した生物種同定が盛んに用いられており、タンパク質性試料を中心とした報告例が重ねられてきている。しかしながら、動物種の同定のみならず、系統・株といった細分化された情報や地理的情報、年代情報の抽出についてはタンパク質を手掛かりとした方法では難しいのが現状であった。

このような技術的背景から、DNA による方法論が考古学的応用を考えた時依然として優位であり、今後の考古学の発展を見据えると考古学的用途に特化した DNA 分析法の構築は益々必要になるとと思われる。DNA を分析対象とする利点として一番大きなものとして、DNA は PCR を通じて増幅し得るという点がある。上記タンパク質による分析の場合はサンプルを消費するのみであり、生体情報の絶対値 (質量) を増やすことが出来る技術は未だ確立されていないが、PCR では謂わば生体情報のコピーを通して指数関数的に増幅することが出来るため、生命科学分野における実験においては不可欠の方法となっている。とりわけ考古資料は量的に稀少であるため、情報を増幅できるという点は考古学研究の遂行に対し極めて有利であると考えられる。

生命科学で扱う DNA と比較した時、考古資料由来の DNA の特徴として大きく、DNA が高度に細分化されている、DNA の経時変化による変質、環境からの混入物質の存在、などが挙げられる。については、環境微生物や UV などによって対象となる DNA が物理的または化学的に切断されてしまっていることが挙げられ、PCR を実施を考えると、情報 (文字列) が断片化されてしまっていることは、コピー元の文字列が寸断されていることを意味するため、PCR による検出を大いに妨げる要因となり得る。については、DNA を構成する 4 種の塩基 A (アデニン)、T (チミン)、C (シトシン)、G (グアニン) の内、生物体死後にシトシン (C) 塩基が環境要因によって修飾を受け、最終的に U (ウラシル) へと変化することが知られている。PCR 技術において、考古学研究用途の様に配列解析を含む研究に対しては、鋳型 DNA をコピーする正しさを示す "fidelity" の高い酵素が好まれ、一般的に古細菌由来の PCR 酵素を用いることが多いが、古細菌由来の PCR 酵素はウリジン (U) 塩基を認識できないことから、そもそも PCR によって増幅できないといった問題がある。については、PCR は DNA ポリメラーゼによる酵素反応であるため、酵素の機能を阻害し得る物質が混入していると増幅が出来なくなることになる。特に考古資料など広義の環境サンプルではフミン酸やフルボ酸といったポリフェノール類が阻害物質として知られており、これらの阻害物質を完全に除去するか、若しくは多少混入していても増幅反応が出来る様にするか、などの工夫が必要となる。

以上、考古資料由来の DNA を分析するにおいて ~ を技術的に解決していくことが、考古学の次代的な発展にとって必要不可欠であることが分かる。

2. 研究の目的

本研究は考古学および文化財科学・文化人類学の学問領域において、生体高分子、特に DNA を通じた新規分析技術の確立を通じた、本研究領域における更なる可視化を目的としている。とりわけ、上記 ~ に挙げた技術的課題の解決に向けた方法論の構築を目標とした。

先ず対象となる試料にどれだけの DNA が含まれるかについて、抽出処理後に 260 nm における核酸の吸光極大を用いた定量法 (UV 法) が一般的であるが、抽出処理前の”そのまま”の試料にどれだけ DNA が含まれるかについての定量法はこれまで報告がなかった。そこで本研究の第一の目標として④対象試料に含まれる”そのまま”の DNA 定量法の確立を掲げた。一般的な UV 法では他の物質の吸光が核酸の特徴的な吸光の検出を邪魔してしまう。そこで研究代表者は、DNA に対し特異的結合をする蛍光色素を用いた蛍光分光法による DNA 定量によって、他の物質の存在下でも独立して DNA を選択的に定量できることを考案した。この”そのまま”の DNA 量を知ることによって、例えば抽出後の DNA 量が少なかったとして、元々試料に DNA 量が少なかったのか、若しくは抽出処理過程においてロスが生じたのか、といった考察を容易にするものと考えられる。なお、本研究④については、遺跡の発掘現場において応用し得ることを示すために、実際の遺跡の土壌を用いて本方法を実証することとした。

次に、⑤抽出した DNA を基にした PCR 法の実施を計画した。当初の計画では考古資料由来の DNA を対象とすることを考えていたが、COVID-19 の影響により考古資料に対するアクセスが難しくなったため、浮世絵に含まれるニカワを対象とした DNA 分析を通じた実施例を考えた。浮世絵ではドーサ引きというニカワとミョウバンとを混和した溶液を予め紙に前塗布し、その後配色していくことが一般的であるが、浮世絵に使用されたニカワの動物種についてはこれまで報告例がなかった。日本における近世以前の動物利用については大まかに、西日本ではウシ、東日本がウマが主流ということが知られていたものの文献に乏しく、現代においても数種のニカワを混合して使用する例が見られるなど「混ぜ物」の可能性も充分にあることが予想された。

ニカワはコラーゲンタンパク質を主成分とする材料であり、画材用途だけではなく接着用途や食品用途としても今日に至るまで我々の生活に密着した素材である。考古学的にも、ニカワに対し前述の ZooMS を用いたタンパク質によるアプローチを通じた動物種同定例が存在したが、タンパク質によるアプローチではコラーゲンを構成するタンパク質 (アミノ酸) の分子量を基に動物種同定を行うため、上述の「混ぜ物」に対しては同定が難しいと考えた。本研究では DNA によるアプローチを採用したが、DNA であれば「混ぜ物」であっても、それぞれの動物種に対して特異的な PCR プライマーを用意することで、それぞれの動物種を検出できると期待した。

DNA によるアプローチの場合、PCR において上述 ~ の解決が不可欠であるが、については DNA バーコーディング技術を用いることを考えた。DNA バーコーディング技術とは、各生物種に特異的なプライマーを用いることで同定・検出を可能にする技術であり、比較的短い DNA 領域を標的としていることが多い。したがって、考古資料など短いフラグメント状になっているであろう古い DNA (aDNA) では、DNA バーコーディング技術は本目的にとって好適であると考えた。については古細菌由来ではなく、敢えてバクテリア由来の DNA ポリメラーゼを使用することを考えた。DNA バーコーディング技術による検出では、配列解析まで経なくとも遺伝子増幅さえ確認できれば、その生物種が同定できたことに対する大きなサポートとなるためである。勿論、本研究においては試験的な段階であるので、PCR の偽陰性・偽陽性を排除する意味でも、適宜配列解析を通じた確証を得ることも重要と考えた。

以上、④・⑤の研究の実施を通じ、本研究の目的である考古資料由来の DNA (aDNA) に特化した方法論の確立に到達できると考えた。

3. 研究の方法

(1) 研究④ : on site DNA 定量法 (図 1)

本 DNA 定量方法は Qubit4 蛍光分光光度計 (ThermoFisher 社) を用いて実施することを考えた。DNA 以外の環境由来の混入物があっても蛍光定量システムにより DNA 定量が可能であるのみならず、本機はハンディタイプのものであるため、発掘現場”その場 (on site)”での核酸定量が可能であると考えた。なお、本研究の実施は山梨県北杜市中山工区内遺跡において行った。土壌サンプル 0.1 g を地層毎 (5 ポイント) に採取し、0.5% (w/v) リン酸ナトリウム溶液に溶かして全量 0.5 mL 溶液 (20% (w/v) 溶液) とし、よく攪拌をした。その後 30 分環境下で静置した後、上澄み液を Qubit4 添付のプロトコール通りに反応液に混和し、蛍光定量を行った。なお、定量については二重鎖 DNA (dsDNA) だけでなく、単重鎖 DNA (ssDNA) や miRNA に対しても行い、核酸全体の傾向として把握することとした。

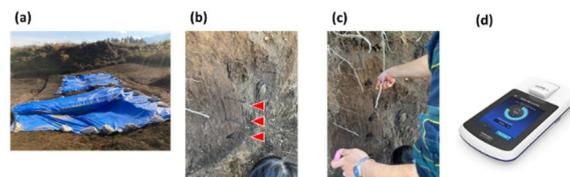


図 1 on site 核酸定量法 : (a) 山梨県北杜市中山工区内遺跡の様子、(b・c) 地層に沿った各土壌のサンプリング、(d) Qubit4 蛍光分光光度計 (ThermoFisher 社ホームページより)。Qubit4 は寸法が 13.6 cm × 25 cm × 5.5 cm と小型であるため、発掘現場に持ち込み「その場で」の核酸定量が可能であると考えた。

(2) 研究⑤ : 浮世絵のニカワ由来の DNA を対象とした動物種同定

先ず予備検討として市販のニカワを用い、上記④と同様に蛍光定量法を以て、抽出処理前の元々のニカワに含まれる DNA の定量を行った。市販のニカワとして、画材用の古典的な製法によるニカワと、食品用の近代的な製法によるニカワを複数種用意した。

次に各ニカワ試料に対し DNA 抽出処理を施し、明細にある動物種が検出できるかについて DNA バーコーディング技術を通じた同定を試行した。なお、DNA 抽出には PME Gelatin DNA Kit (Analytik Jena 社) を用い、純度については分光光度法で確かめた。DNA バーコーディングについて、対象動物種はウシ、ヒツジ、ウサギ、魚類とし、それぞれの動物種で公知のバーコーディン

グプライマーを使用し PCR 条件も公知の条件に倣ったが、Tm については使用する酵素や機器によって多少ぶれる可能性や、また確証性を高める意味でも、各プライマーの計算上の Tm 近傍で温度条件を振る gradient PCR を仕掛けることとした (Kuramata, *et al.* (2022) *Heritage Science*)。

最後に、本方法論の実証として実際の浮世絵 (江戸時代後期～明治時代初期) 4 点を用い、ニカワの原料となった動物種の同定を行った。ニカワ由来の DNA 抽出については浮世絵資料の端の部分破壊し、上記と同様の所作を行った。なお、検出の対象とした動物種は、ウシ、ブタ、ウマ、シカ、ヒツジ、ヤギ、ニワトリ、魚類と、どの生物種由来のニカワが存在するか不明であったため、検出できる生物種を広げることとし、予備検討と同様公知のプライマー配列を用いた検出を行った。なお、PCR 酵素については上記の問題があるためバクテリア由来の Taq ポリメラーゼを用いた。

4. 研究成果

(1) 研究④について

図 2 に表す様に、dsDNA, ssDNA, miRNA 共に表層から関東ローム層において同様の核酸量が存在することが分かったと共に、この様にしてフィールドにおいても迅速かつ簡便に核酸定量が可能であることが確かめられた。特に関東ローム層は火山灰層であるため、その場所においては生物の痕跡が存在することが無かったと推定されるにも関わらず核酸量が他の層と変わりがないことについて、雨水や地下水などの浸透によって核酸が地層間をかなり移動し得る可能性があるのではないかと考えた。その場合、ある地層に存在する環境 DNA を採取しても、その地層年代を正確に表していない (年代的な攪乱が存在する) 可能性もあるのではないかと考えられた。

(2) 研究⑤について

文化財資料に使用ニカワの動物種同定については ZooMS での実施例が報告されているが、DNA を用いた報告例はこれまでなかった。そこで、先ず DNA を用いた同定法が可能であるか、ニカワに含まれる核酸量の定量から始めることとした。方法としては研究④の Qubit4 による蛍光定量法を用い、ニカワに純水を加え加熱して溶解させた状態 (ニカワ溶液) を作り、そのまま Qubit4 での蛍光定量に供することで、ニカワに含まれる intact な核酸量を測定した。

ニカワ試料としては、右の表 1 (Kuramata, *et al.* (2022) より抜粋) に示した様に昔ながらの製法で制作されたもの (#1～#11: 古典的膠・和膠) と、近代的な製法によるもの (#12～#16: 洋膠) およびどちらか不明のもの (#17) を用いた。すると、図 3 に示す様に全体的に昔ながらの製法のもの、近代的な製法のものよりも dsDNA が多い傾向にあった。これは近代的製法ではコラーゲンの精製度が高い、裏返せば DNA など夾雑物が少ないためと考えた。この定量結果は、昔ながらの製法で制作されたニカワは、近代的製法によるニカワよりも DNA による分析に有利であることを示しており、DNA によるアプローチは文化財資料を対象とした分析にむしろ適していると考えた。

次に、これらニカワ試料のオリジンとなった動物種は表 1 の様に記載されていることから、PCR による同定結果とこれら記載の動物種とが一致するかについて、DNA バーコーディング技術を用いて同定を行った。

例えば#6 はウシ由来と記載されていたが、DNA バーコーディングによる同定結果も「ウシ」と出たことから、本研究の方法論としての正確性を確認できた (図 4)。

同様にして#7 ではヒツジ由来と記載があったが、DNA バーコーディング結果はヒツジ以外にウシも検出された (図 5)。昔ながらのニカワの製造法では、例えばニカワを煮詰める釜はロット毎に水洗いをするのが一般的ということであるが、同じ釜を使うという意味で DNA レベルでは製造現場で混入し得る可能性があると考え

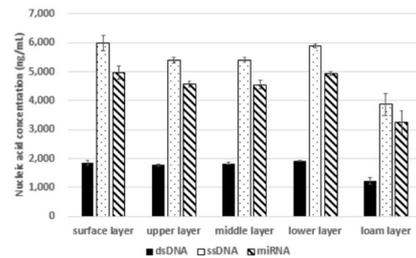


図 2 on site 核酸定量法の結果: Qubit4 を用いて各地層 (未処理) に含まれる dsDNA, ssDNA, miRNA の含量。どの地層にも同様な量の核酸が含まれていることが分かる (Oshikane, *et al.* (2022)より抜粋)。

Table 1. Gelatin samples analysed in this study.

Sample No.	Specification	Origin	Code
1	Bone glue, pearls	Cattle	Kremer Pigmente, Germany #63000
2	Hide glue	unspecified	Kremer Pigmente, Germany #63020
3	Rabbit skin glue	Rabbit	Kremer Pigmente, Germany #63025
4	Rabbit skin glue	Rabbit	Kremer Pigmente, Germany #63028
5	Technical gelatin	Cattle	Kremer Pigmente, Germany #63045
6	Bookbinding glue	Cattle	Kremer Pigmente, Germany #63060
7	Parchment glue	Sheep	Kremer Pigmente, Germany #63035
8	Sanzenbon Asuka	Cattle	Sankichi, Japan #06-00003
9	Toku Sanzenbon Nikawa	Fish	Sankichi, Japan #06-00042
10	Sturgeon air bladder 7g*	Sturgeon	PAReT, Japan
11	Sturgeon air bladder 8g*	Sturgeon	PAReT, Japan
12	Cook gelatin	unspecified	Moringa, Japan #4902888544019
13	Cooking jersey	unspecified	House Foods, Japan #4902402333198
14	Nippi gelatin	Cattle	Nippi, Japan #KY30
15	Nippi gelatin	Pig	Nippi, Japan #AP-250
16	Nippi gelatin	Fish	Nippi, Japan #FGS-230
17	Kissho gelatin solution	unspecified	Kissho, Japan #4514373600010

* Sturgeon air bladder from different lot.

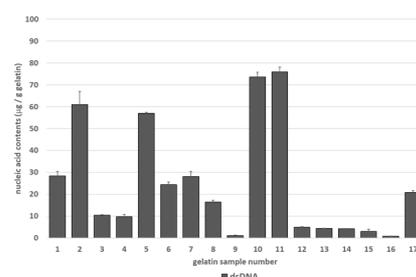


図 3 各ニカワに含まれる dsDNA 量: Qubit4 蛍光定量法を用いて測定。全体的に昔ながらの製法のもの、近代的なものに比べて dsDNA 量が多い傾向がある (Kuramata, *et al.* (2022)より抜粋)。

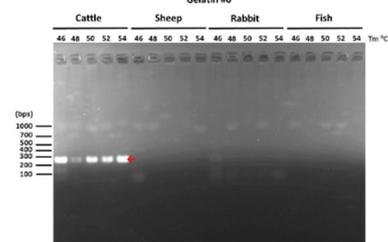


図 4 ニカワ由来の DNA を基とした DNA バーコーディングによる動物種同定例 1: この例ではウシ (cattle) にのみ PCR によって増幅した DNA が観察されることから、このニカワは「ウシ」由来であることが分かる (Kuramata, *et al.* (2022)より抜粋)。

た(妻屋膠研究所様との personal communication)。この様に DNA バーコーディングであれば、オリジンが複数の動物種に跨っても、同定可能であることをこの実験結果は示している。対照的にタンパク質によるアプローチでは ZooMS の様にコラーゲンタンパク質に対する質量分析によって動物種同定を行うが、上記の様に「混ぜ物」に対する同定は技術的に難しいことから、DNA からのアプローチの優位性を示していると考えた。加えて、一般的に日本画などの制作において、制作者は望むべきテクチャーを得るために複数の動物種のニカワを混和することも多い。文化財資料が制作された当時においても、その様に複数の動物種由来のニカワを混合した作品が多く存在する可能性がある。以上の論点をまとめると、DNA によるアプローチは上記 ~ の技術的問題点を対象物毎に最適化する形でクリアできれば、当時の技法の可視化するツールとして非常に優れているのではないかと考えた。

一方、魚類(魚鱗)由来のニカワ(#9)については DNA バーコーディングによる同定は難しかった。図3にも示した様に、昔からの製法で制作されているにも関わらず、魚類(#9)では残存する DNA 量が少ないことと何かしらの関連があることが推察された。魚類と他の動物種とのニカワの製法の違いとして、魚類では酸に曝すことが一般的であるのに対し、他の動物種ではアルカリに曝すことが一般的である。酸に曝すことによって、ニカワにとって夾雑物である核酸がコラーゲンから脱落し易くなる、または分解してしまう可能性があるのではないかと考えた。

最後に、本方法論の文化財科学的な実証として、4枚の浮世絵(江戸時代後期~明治時代)を対象とし、使用されたニカワ種の同定を試みた。例えば図6ではシカとウサギの2種が同定できた。上の議論にある様に DNA によるアプローチでは所謂「混ぜ物」に対する同定も可能であり、このアドバンテージを示した結果であると考えられる。

この様に、DNA からのアプローチを特徴とする本方法論は、実際の文化財資料に対しても極めて有効であることが実証できたと考えている。

<まとめ>

この様に、本研究では文化財資料に使用された生物由来の素材に対し、DNA によるアプローチが有効であることを実証できたと考えている。DNA によるアプローチに限らず、一般的に「存在する」ことに対する科学的証拠は提出し易いのに対し、「存在しない」ことに対する確証を得ることは極めて難しい。例えば、本研究においても魚類由来のニカワ種について、市販のニカワを用いての同定に失敗していることから、実際の浮世絵において魚類由来のニカワ種が使われていたとしても見逃している可能性も十分に考えられる。本研究の例からも、「存在しない」可能性、すなわち各科学的手法の限界を正確に理解しながらも、「存在する」科学的証拠を積み上げていくことこそが、古来の技法・文化を現代に再現するという意味で文化財科学の発展に寄与できるものと考えられる。勿論分析法の更なる発展も、この「存在する」・「存在しない」の議論において有益であることは間違いない。一見矛盾するが、どんなに科学的分析法が発展したとしても「存在しない」に対する証明が難しいという意味で、本研究で採用した DNA によるアプローチだけが優位であるとも考えづらい。したがって更なる文化財科学の発展には、1つの技術に縛られない包括的なアプローチが必要ではないかと考えられる。なお、本研究成果を基礎とし基盤研究(A)「DNA バーコード技術の考古学領域への応用とその実証」(24H00101)に発展したことから、引き続き考古学・文化財科学領域における方法論の開拓を行うことで、ともすると失われてしまう「過去」に対する更なる可視化に繋げていきたいと考えている。

<謝辞>

本研究を実施するにあたり、三吉商店様、妻屋膠研究所様、関玲子先生、高津善太様、株式会社ニッピ様、三栄源エフ・エフ・アイ株式会社様にはご協力賜りました。この場をお借りして、厚く御礼申し上げます。

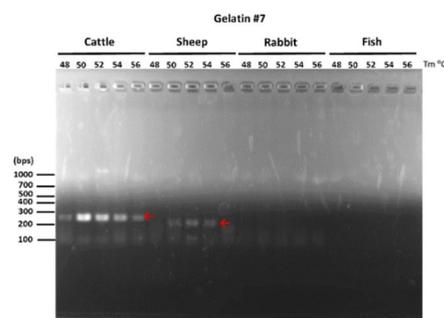


図5 ニカワ由来の DNA を基とした DNA バーコーディングによる動物種同定例2:この例では目的以外の動物種も検出されている(Kuramata, *et al.* (2022)より抜粋)。裏返せば、ニカワが複数動物種の混合であっても DNA バーコード技術であれば別々に同定することができることが特長であると言える。

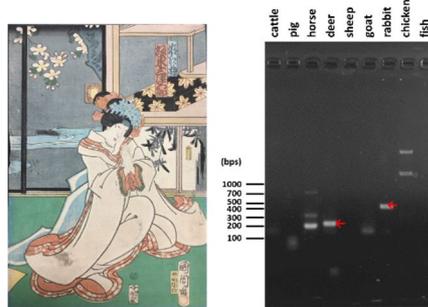


図6 浮世絵に使用されたニカワ種の同定:この例ではシカ・ウサギが同定できている(Kuramata, *et al.* (2022)より抜粋)。ウマやトリでもバンドが見られるが、PCR 増幅産物のサイズ(塩基対数)から偽陽性と考えられる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計2件（うち査読付論文 2件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Haruki Kuramata, Miho Hashiba, Yuri Kai, Kazuhisa Nishizawa, Tsuyoshi Inoue, Takane Kikuchi-Ueda, Manabu Uetsuki, Kazuya Yamauchi, Akira Fujisawa, Hiroyuki Oshikane	4. 巻 10
2. 論文標題 Animal species identification utilising DNAs extracted from traditionally manufactured gelatin (Wanikawa)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Heritage Science	6. 最初と最後の頁 183
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s40494-022-00798-z	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Hiroyuki Oshikane, Miho Hashiba, Takane Kikuchi-Ueda, Yuri Kai, Tsuyoshi Inoue, Kei Asayama, Ryuichi Fujisaki, Koichi Makimura, Manabu Uetsuki, Akira Fujisawa, Kazuya Yamauchi	4. 巻 4(2)
2. 論文標題 Novel and Rapid on site Nucleic Acid Quantification Platform Customised for Archaeological Science	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Annals of Biomedical Research	6. 最初と最後の頁 1-7
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.0000/ABR.1000124	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計2件（うち招待講演 0件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 押鐘浩之, 橋場美穂, 上田たかね, 藤澤明, 植月学, 山内和也
2. 発表標題 DNA考古学へのマイルストーン
3. 学会等名 第95回日本生化学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 上田たかね, 押鐘浩之
2. 発表標題 生体分子が有する情報の効率的な抽出法の検討
3. 学会等名 2021年度シルクロード学研究会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 押鐘 浩之	4. 発行年 2022年
2. 出版社 ニューサイエンス社	5. 総ページ数 4
3. 書名 考古学ジャーナル2022年7月号	

〔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	藤澤 明 (Fujisawa Akira) (70720960)	帝京大学・付置研究所・准教授 (32643)	
研究分担者	上田 たかね (Ueda Takane) (80459312)	帝京大学・医学部・講師 (32643)	

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0件

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
---------	---------