

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 6 日現在

機関番号：13501

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2014～2016

課題番号：26840157

研究課題名(和文) イノシシ属の古DNA解析を用いた、先史人類の島への移動と適応の解明

研究課題名(英文) Investigation of prehistoric human movement and adaptation to islands based on ancient DNA analysis of *Sus scrofa*

研究代表者

高橋 遼平 (TAKAHASHI, Ryohei)

山梨大学・総合研究部・助教

研究者番号：40728052

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,100,000円

研究成果の概要(和文)：太平洋の島々への先史人類の移動と適応を探るため、先史人類に食料として運搬される機会が多かったイノシシ・ブタのDNAを解析した。琉球列島の野生イノシシであるリュウキュウイノシシは全ての島の個体が遺伝的に近く、同一系統に由来する事が示唆された。しかし琉球列島の先史遺跡を対象とした古代DNA解析では、リュウキュウイノシシと異なる系統に属する個体が検出された。これらから、琉球列島では先史時代にイノシシ属を伴う人類の移動があった可能性が考えられた。先史人類の移動の経路や時期を探るため琉球列島の周辺地域の遺跡出土試料の古代DNA解析も試みたが、試料の状態が悪くDNAを増幅できなかった。

研究成果の概要(英文)：To understand prehistoric human movement and adaptation to Pacific islands, DNA analyses of *Sus scrofa*, often transported by prehistoric human as a food item, were carried out. DNA analysis of modern Ryukyu wild boar (RWB), one of the subspecies of wild boar inhabits the Ryukyu, show that all the individuals are genetically close to each other. This result suggests that RWB is derived from a single unique population. Ancient DNA (aDNA) analysis, however, revealed that some *Sus* samples from prehistoric sites in the Ryukyu had different genetic characteristics from RWB. In light of these results, there is a possibility that *Sus scrofa* with different genetic background from RWB was introduced to the Ryukyu during prehistoric times. To investigate the route and timing of human movement, aDNA analysis of *Sus* excavated from prehistoric sites in surrounding areas of Ryukyu was also attempted. However, nucleotide sequence of aDNA was not successfully amplified due to poor DNA preservation.

研究分野：動物考古学

キーワード：先史人類 ancient DNA イノシシ ブタ 島嶼地域

1. 研究開始当初の背景

ヒトは広範囲へ移動し様々な環境に適応した生物である。特に、周囲を海に囲まれ、大陸部より資源の乏しい「島」への移動と適応には多様な技術の工夫が必要であり、島の人類史はヒトの生存戦略を探るうえで重要である。本研究では先史時代の遺跡から出土したイノシシとブタ(以下イノシシ属と省略)の骨の ancient(古代)DNA 解析を軸に、ヒトがアジア・太平洋地域の島々を「いつ、どこからどのように」イノシシ属を携えて移動・交流したのか探った。

これまでに、先史時代の琉球列島(12世紀以前)を対象にイノシシ属の古代 DNA 解析を行った。先行研究の結果、文献で示される最古のイノシシ属導入(14-15世紀)より古い先史時代に、ヒトがイノシシ属を運搬していた可能性が浮上した。しかし(1)琉球列島の現生資料および遺跡出土資料の解析事例数が少ないため、その実態は不明瞭であった。また(2)周辺諸地域での解析事例も少なく、運搬の起源地域や経路、その時期については明らかにされていない。

2. 研究の目的

先史人類が太平洋島嶼域を舞台に移動した時期や経路を探り、ヒトの島への適応を考察する事が目的である。現生・遺跡出土のイノシシ属から得たミトコンドリア(mt)DNAの解析を通じて、どの時代・地域のイノシシ属の遺伝的特徴が共通するか確認する。解析結果に遺物の情報などの様々な分野の知見を合わせることで、先史人類の移動や適応を探る。具体的には以下の3点の研究を行った。

(1) 琉球列島の野生イノシシ集団の遺伝的変異幅を把握するため、現生リュウキュウイノシシの DNA 解析を行った。

(2) 先史時代の琉球列島でイノシシ属の運搬があったか再検証するため、遺跡出土試料の DNA 解析を行った。

(3) 太平洋島嶼域におけるイノシシ属の運搬を探るため、琉球列島の周辺諸地域の遺跡出土試料の DNA 解析を行った。

3. 研究の方法

(1) 現生リュウキュウイノシシの DNA 解析

野外調査と国内研究機関でのサンプリングによりリュウキュウイノシシの骨・肉片試料を採集した。mtDNA を対象にリュウキュウイノシシ集団が持つ遺伝的特徴を確認した。

(2) 琉球列島の遺跡出土資料の DNA 解析

野外調査と国内研究機関でのサンプリングにより、琉球列島の先史遺跡から出土したイノシシ属の骨を採集した。骨から DNA を抽出し、mtDNA の断片を扱う古代 DNA 解析を行った。古代 DNA 解析の結果に上述(1)の結果を合わせることで、野生イノシシとは考えられない(=ヒトの外部導入による可能性のある)個体が存在するか確認した。

(3) 周辺諸地域の資料の解析

国内外の研究機関で遺跡出土資料や現生資料のサンプリングを行い、琉球列島の周辺諸地域のイノシシ属の DNA 試料を採集した。DNA 解析と古代 DNA 解析を行い、イノシシ属の運搬経路の検証を試みた。

4. 研究成果

(1) 現生リュウキュウイノシシの DNA 解析

奄美大島・加計呂麻島・請島・与路島・徳之島・沖縄島にて野外調査と研究機関でのサンプリングを実施した。過去に採集した DNA 試料と合わせることで、リュウキュウイノシシが生息する全ての島の個体の試料を揃えた。全ての島を対象としたリュウキュウイノシシの DNA 解析は本研究で初めて実現した。

mtDNA 解析の結果、現生リュウキュウイノシシは全島の個体が遺伝的に近く、同一の系統に由来する遺伝的集団である事が示唆された。これと同時に配列タイプ(遺伝的特徴)の検出頻度が地域により異なる事も判明し、地理的隔離の影響が集団内で生じている可能性を示した(図)。

(2) 琉球列島での古代 DNA 解析

奄美大島の嘉徳遺跡、徳之島の面縄貝塚、石垣島の白保竿根田原洞穴遺跡、宮古島の長墓遺跡から出土したイノシシ属の骨を使い古代 DNA 解析を行った。また過去に扱った沖縄島、宮古島、石垣島の出土資料由来の DNA の再解析も行った。

被解析試料の大部分は DNA の保存状態が悪く、ミトコンドリア(mt)DNA 断片を増幅できなかった。増幅が確認できた一部の試料、および再解析した試料の mtDNA を利用した分子系統学的解析の結果、沖縄島と宮古島の先史遺跡でリュウキュウイノシシとは遺伝的に異なる系統に属す個体が検出された(図)。

(1)の成果と合わせると、別系統に属す個体は先史人類によるイノシシ属運搬に由来する可能性がある。また同位体分析の先行研究や考古学などの複数の知見を融合すると、運搬経路が複数あった可能性も考えられた。

(3) 周辺諸地域での古代 DNA 解析

ベトナムでサンプリング調査を行い、Hang Cho 遺跡と Man Bac 遺跡から出土したイノシシ属の骨の古代 DNA 解析を行った。またミクロネシアの Fais 島先史遺跡から出土した骨の古代 DNA 解析も行った。これらの試料について解析を複数回繰り返したが、保存状態に起因して mtDNA 断片を増幅できなかった。特にベトナムの遺跡出土試料は年代測定の成功率も非常に悪く、DNA の劣化が激しい様子が窺える。

本研究では mtDNA を増幅できなかつた試料も多かつた。しかし今後、次世代シーケンサー解析を行うことで、これらの試料から遺伝情報を得られる可能性がある。また、琉球列島やベトナムの研究機関・研究者と深い協力関係を築くことができた。本研究を通じて得た協力関係や DNA 試料を活用し、新たな手法で解析を進めることで、イノシシ属を伴うヒトの移動についてさらに研究を深めたい。

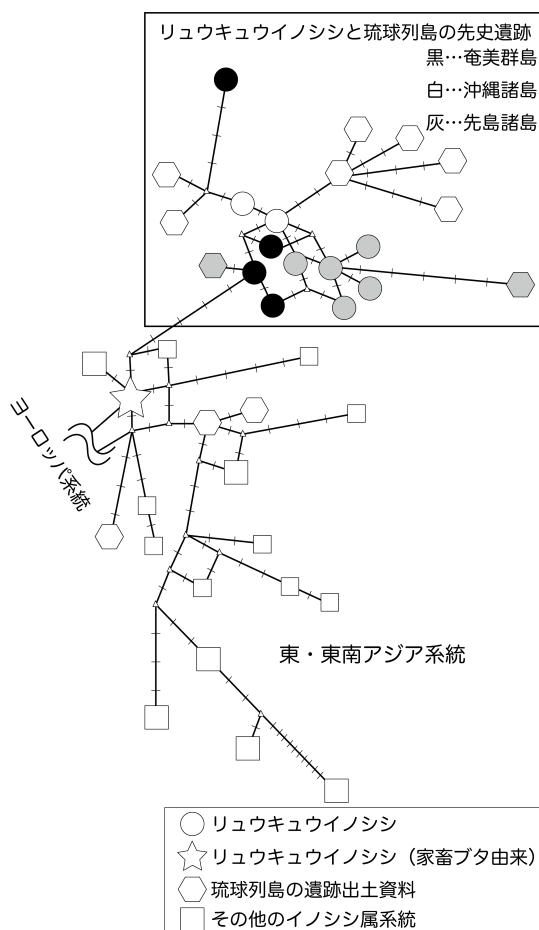


図. イノシシ属の mtDNA 断片を用いた MJ ネットワーク図

現生リュウキュウイノシシは、家畜ブタ由来の遺伝子流入を受けた個体を除き、全ての島の個体が遺伝的に近かつた。また、配列タイプの検出頻度が生息する地域ごとに異なる可能性も示された。一部で例外もあり、近年の遺伝子流入によるものか、独自の分集団化を果たしたか検証することが今後の課題である。

また、琉球列島の先史遺跡から、現生リュウキュウイノシシとは異なる系統に属すと考えられる個体が複数検出された。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕(計3件)

本郷一美、高橋遼平、琉球列島への家畜ブタの導入、BIOSTORY、査読無、VOL.27、2017、PP.16-21.

高橋遼平、黒澤弥悦、安達登、本郷一美、現生リュウキュウイノシシの DNA 解析:遺跡出土資料の解析結果を解釈するための基礎データとして、動物考古学、査読有、VOL.33、2016、PP.63-77.

高橋遼平、本郷一美、二子山山系で捕獲されたイノシシの DNA 解析、神奈川自然誌資料、査読有、Vol.36、2015、pp.73-76.

〔学会発表〕(計7件)

高橋遼平「先史時代の琉球列島ヘイノシシ・ブタは運搬されたのか? :遺跡出土・現生資料の DNA 解析」『2017 年在来家畜研究会・日本動物遺伝育種学会合同シンポジウム。2017 年 3 月 27 日。神戸大学。招待講演。

高橋遼平「考古学と DNA~家畜史研究での活用」『慶應義塾大学 民族学考古学特殊』2016 年 11 月 25 日、慶應義塾大学、東京都、特別招聘講師。

高橋遼平「考古学と DNA~家畜史研究での活用」『金沢大学平成 28 年度公開講座「人類学と考古学の最前線~先端科学による新発見~」』2016 年 9 月 24 日、金沢大学、石川県、特別招聘講師。

高橋遼平、骨資料の保存検討会「動物骨資料の損傷と残存 DNA の劣化」『日本動物考古学会 第 3 回大会』2015 年 7 月 4-5 日、奈良、ポスター発表、査読有。

高橋遼平、姉崎智子、本郷一美、黒澤弥悦「現生リュウキュウイノシシの DNA 解析:遺跡出土資料の解析結果を正しく解釈するために」『日本動物考古学会 第 2 回大会』2014 年 11 月 29-30 日、三方上中郡若狭町、口頭発表、査読有。

高橋遼平、姉崎智子、黒澤弥悦、本郷一美「先史人類は琉球列島ヘイノシシ・ブタを持ち込んだのか? :現生リュウキュウイノシシの分子系統解析」『第 68 回日本人類学会大会』2014 年 10 月 31-11 月 3 日、浜松、ポスター発表 (P-31)、査読有。

Ryohei Takahashi 「Zooarchaeological study of introduction of *Sus scrofa* into the prehistoric Ryukyu Islands based on ancient DNA analysis.」『12th International

Conference of Archaeozoology (ICAZ 2014)』
September 22nd-27th 2014、San Rafael、
Mendoza、Argentina、ポスター発表(ID=605)、
査読有。

〔図書〕(計1件)

藤田祐樹編「イノシシとブタと私たち(沖
縄県立博物館・美術館平成26年度博物館
企画展図録)」沖縄県立博物館・美術館、2015
年2月。

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.med.yamanashi.ac.jp/social/illegal0me/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

高橋 遼平 (TAKAHASHI, Ryohei)

山梨大学・総合研究部・助教

研究者番号：40728052