

領域略称名: ヤポネシアゲノム

領域番号: 8004

令和2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)」
に係る中間評価報告書

「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2年6月

領域代表者 国立遺伝学研究所・ゲノム・進化研究系・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 研究領域の目的及び概要	5
4 審査結果の所見で指摘を受けた事項への対応状況	7
5 研究の進展状況及び主な成果	8
6 研究発表の状況	13
7 研究組織の連携体制	18
8 若手研究者の育成に関する取組状況	19
9 研究費の使用状況・計画	20
10 今後の研究領域の推進方策	21
11 総括班評価者による評価	23

研究組織

(令和2年6月末現在。ただし終了した研究課題は終了時現在、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	斎藤 成也	国立遺伝学研究所・ゲノム・進化研究系・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	斎藤 成也	国立遺伝学研究所・ゲノム・進化研究系・教授	5
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・研究調査役	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・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			
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 7 件 (廃止を含む)					

[1] 総:総括班、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	北海道大学・情報科学研究科・特任助教	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・准教授	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	金沢大学・医薬保健研究域・ 医学系・准教授	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・准教 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・ 遺伝資源センター・主任研究 員	1
B04 公	19H05340	令和元年度 ～ 令和2年度	河田 雅圭	東北大学・生命科学研究所・ 教授	1

	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				
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
公募研究 計 17 件 (廃止を含む)					

[1] 総:総括班、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。)

研究領域全体に係る事項

3 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。

申請時の内容は以下のとおりです。

1) 研究の学術的背景

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。その後、古典的遺伝マーカーやHLAデータを用いた解析でも、アイヌ人と沖縄人の共通性が示されたが、沖縄人が本土人ときわめて近いことや、北海道では考古学的にもミトコンドリアDNAのデータからも、奈良～平安時代に北海道北岸に到来したオホーツク文化人の影響がアイヌ人にあることから、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、2008年に理化学研究所のグループが7000人のデータを解析し、北海道から沖縄までの遺伝的地域差を明らかにした。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った時代である。

2016年に縄文時代晩期にあたる福島県三貫地貝塚出土の歯から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一方、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おり、現在解析中である。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。

日本列島人の文化的起源とその発展についても、まだまだ未知の点が多い。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。ま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。それ以後多くの論争があり、この年代はいまだ日本考古学では定説とはなっていないが、自然科学的な手法による結果であり、やがて定着すると期待される。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。同じ日本列島内で話されているながら、アイヌ語も日本語との近縁関係を否定する言語学者が多い。一方、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) 対象とする学問分野

本研究は、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、自然人類学、考古学、日本語学の複合分野である。本研究に含まれる研究分野には、以下のものがある。これら生物学分野と人文社会科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ものであり、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。

3) 本領域の重要性・発展性

2004年にヒトゲノムの塩基配列が決定され、2005年にはその基盤のもとにヒトのゲノム多様性を調べたHapMapのデータが公開された。これらの基盤データを用いて、現代人の進化研究はまったくあたらしい局面を迎えた。パラダイムの転換があったともいえるだろう。斎藤らは2017年に福島県三貫地貝塚の縄文時代人の系統が、南北アメリカ大陸に人々が移住したよりも前に他のアジアの系統から分かれたという可能性がある系統樹を発表した。この系統関係がもっとずっと塩基配列データの大きい縄文人ゲノムで追認されれば、出アフリカ以降の現代人進化について、きわめて重要な貢献をすることができるだろう。篠田らが、縄文時代人だけでなく、弥生時代、古墳時代、鎌倉時代、江戸時代といったいろいろな時代の遺跡から発掘されている多数の人骨から、質のよいDNAを抽出できれば、現代人のゲノムデータも含めて、さまざまな感染症に抵抗性があるHLAなどの型がどのようにして生き残ってきたのか、身長、鼻高、頭指数の時代変化がどれだけゲノム変化に依っているのかという疑問にも答えることができる可能性がある。人類進化に関するこれらの課題は、まさに世界中で今つぎつぎに研究が進められているところなのである。一方、考古学や言語学についても、今世紀にはいって急速にデータが増加しており、ゲノムデータとの対応を議論できる段階がいつに到来した。これらの状況を考慮すると、本領域の対象は、「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」に該当する。

4) 研究期間終了後に期待される成果等

・研究期間終了後に期待される成果

(1) ヤポネシア人の起源した時代と集団が、現代人・古代人のゲノムデータによって明確に推定される。(2) 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が詳細に解明される。(3) 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。

・どのような学術的又は社会的意義・波及効果等が期待されるのか

(1) 本研究で現代人のゲノムを日本列島の多くの地域で決定することにより、個人ゲノム決定が日常的におこなわれるようになることが期待される。(2) ヤポネシア人の歴史が古代人ゲノム配列を使って直接調べることができるという認識を一般の人々にも持ってもらえるようになる。(3) 考古学の詳細なデータとゲノムの膨大なデータから推定される遺伝情報がタイアップされることにより、日本列島人の歴史研究にまったく新しい方法論を導入することができる。(4) ゲノム情報からの視点は、日本人と日本語の起源の研究に、きわめて高い貢献をすることができ、一般社会に大きなインパクトをあたえるのは、まちがいないだろう。

4 審査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。

<指摘事項1>

本研究領域が明らかにしようとするヤポネシア人の起源と成立は、出アフリカ以降のホモ・サピエンスの大移動の歴史の一部を成すものである。人類の拡散と文化の形成という、地球規模の研究の視野の中で、本研究領域がどのような貢献をし得るかという点を考慮の上、日本人の起源に範囲を限定しない大きな枠組みを維持しながら研究を推進することが不可欠である。

<上記の指摘1への対応状況>

ヤポネシア人ゲノム解析では、現代人ゲノム・古代人ゲノムを問わず、指摘を受けるまでもなく、つねに「出アフリカ以降のホモ・サピエンスの大移動の歴史」を前提とした解析をしている。動植物のゲノムでも、ヤポネシア以外の地域に起源を持っていたり、あるいは家畜化・栽培化された可能性のあるものが多いので、広く比較をしている。言語学においても、ヤポネシア内の言語多様性の研究にとどまらず、東ユーラシアにおける言語多様性の中で、日本語（および琉球語）がどのように位置づけられる可能性があるのかを明らかにしようとしている。考古学においては、ヤポネシア周辺の東アジアを中心に遺物の比較をおこなっている。

<指摘事項2（所見の「留意事項」）>

研究項目B01等の計画研究において、考古学的手法による社会経済的背景や生活様式に関する研究について言及がある。一方、研究領域全体の枠組みの中では、そのような研究の位置付け、考古学研究とゲノム解析研究の連携と融合の方法に不明瞭な点が含まれるため、相応の改善又は明確化が必要である。

<上記の指摘2への対応状況>

考古学B01班より：墓から出土する人骨の年代を炭素14年代測定して、同時期の人骨であることを確認した上で、人骨間にどのような血縁関係があるのかをA02班のDNAにより決定できれば、当時の親族・社会構造や生活様式、およびそれを支えた社会経済的背景を推定する手段を得ることができる。そのためには、多数の人骨が出土している佐賀県吉野ヶ里遺跡の前三世紀の弥生中期の人骨を中心に調査・測定する必要がある。

古代人ゲノムA01班より：これまで人骨の形態学的な研究から得られる知見は、埋葬人骨に関する情報を必ずしも考古学が求める精度で明らかにすることができなかった。本研究ではNGS(次世代シーケンサー)を用いた古代ゲノム解析によってその壁を乗り越え、考古学と自然人類学の新たな連携と融合を目指している。たとえば古代ゲノム解析によって埋葬人骨間の血縁関係を正確に推定することで、これまで考古学が副葬品や埋葬の順などによって推定してきた社会や家族制度を検証する。また、集団の遺伝的な性格を詳しく知ること、文化の変容と集団の混合や置換などについての関係を明らかにすることができる。ヤポネシアゲノム研究では、ゲノム情報によって解決することのできる考古学上の問題に注目し、両者がサンプル採取の現場から共同作業を行い、問題意識を共有して解析に当たることで、連携と融合を図っている。

5 研究の進展状況及び主な成果

(1) 領域設定期間内及び中間評価実施時までには何をどこまで明らかにしようとし、中間評価実施時までにはどこまで研究が進展しているのか、(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)

現代人ゲノムを研究する**計画研究 A01 班**は、領域設定期間内に、全国 50 地域、各 50 名からゲノム DNA を収集し、全個体についてゲノム規模 SNP マイクロアレイを用いてデータを出し、他の現代人や古代人データと比較解析したあと、各地域の特性をあらわす個体を各地域から 10 個体選んで合計 500 名の全ゲノム配列決定をおこない、同様の比較解析をおこなう。これら二段階の解析によって、現代ヤポネシア人のゲノム多様性および周辺地域の人類集団や古代人との関係を明らかにして、斎藤成也らが提唱した「三段階渡来モデル」と「うちなる二重構造モデル」を検証する。中間評価実施時までには、沖縄県内 5 集団（沖縄本島、久米島、宮古島、石垣島、西表島など合計 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）の、合計 1 万名近い DNA データが収集されている。今年度中に、さらに 12 地域（奄美大島、種子島、別府、呉、隠岐、鳥取、徳島、淡路島、和歌山、越前南部、下田、八丈島）の DNA サンプルを収集する予定であり、関係する地方自治体、共同研究者、地方の医師会などに連絡をとっているところである。

古代人ゲノムを研究する**計画研究 A02 班**は、領域設定期間内に、縄文時代を中心とするヤポネシアの古代人 100 個体のサンプルから DNA を抽出し、古代人のゲノム配列を決定して現代人や他の古代人ゲノム配列データと比較解析をおこない、ヤポネシア人 4 万年のゲノム史をあきらかにする。中間評価実施時までには縄文時代人 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。今年度中に、さらに西日本の縄文時代 2 遺跡、弥生時代 6 遺跡、古墳時代 13 遺跡の人骨から DNA 抽出を試みる計画である。

動植物ゲノムを研究する**計画研究 A03 班**は、領域設定期間内に、国内外のマウス、ヒグマ、イタチ、タヌキ、ニホンテン、ハクビシン、現生と古代のヒョウタン、イネそれぞれについて、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。中間評価実施時までには、マウス 98 個体、ヒグマ 6 体、赤米とその類似系統約 30 について全ゲノム配列決定を終えている。

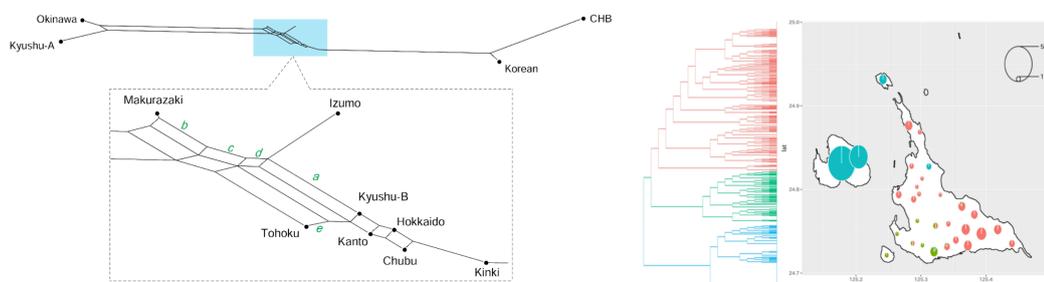
考古遺物を研究する**計画研究 B01 班**は、領域設定期間内に、縄文時代、弥生時代、奄美・沖縄の先史時代、古墳時代の遺跡から出土した人骨の炭素 14 年代を推定し、これらの人骨サンプルを A02 班に提供する。これらの共同研究により、古代人のゲノム変化を客観的な時間軸でたどることができ、同時にこれまで蓄積されてきたヤポネシアの考古遺物との新しい対応関係も明らかにする。中間評価実施時までには、縄文時代 3 遺跡、弥生時代 4 遺跡、古墳時代 19 遺跡から発掘された人骨の炭素 14 年代測定をおこなった。今年度には、熊本大学医学部保管人骨、韓国慶尚地域三国時代の古墳出土人骨の炭素 14 年代測定をおこなう予定である。

言語を研究する**計画研究 B02 班**は、領域設定期間内に、日本語と琉球語それぞれの方言の膨大なデータを整理して、それらをもとにした系統樹を作成し、ふたつの言語の相互関係を明らかにする一方、アイヌ語・ツングース語をはじめとする東ユーラシアの諸言語のなかで日本語がどのように位置づけられるのかをさぐる。中間評価実施時までには、a) 琉球語方言データを集団遺伝学の手法で解析した、b) ツングース系の言語（チュヴァシュ語、エウエン語）とモンゴル系の言語（モンゴル語、ダグール語）について、現地調査で新しい語彙を収集した、c) アイヌ語十勝方言の資料分析をおこなった、d) 日本語諸方言の言語システムの比較をおこなった、e) 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をおこなった。

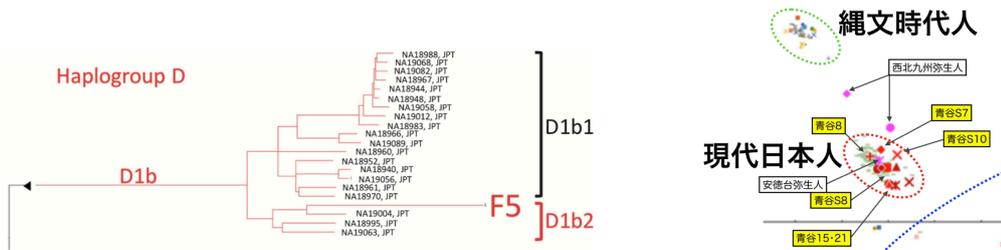
大規模ゲノムデータを比較解析する**計画研究 B03 班**は、領域設定期間内に、ヤポネシア人の発展段階の解明のために理論的枠組みの整備と実際のデータ解析を行ない、ゲノム歴史学という新しい領域の理論的裏打ちを作り出す。中間評価実施時までには、a) 性染色体の分化様式から性に偏った移住様式を推定する手法を開発した、b) ハプロタイプ共有長の情報を用いて、集団間の分岐年代を、シミュレーションを用いて推定する手法を確立した、c) マイクロサテライト配列の多型をゲノムワイドに推定する手法を開発した、d) 長鎖シーク エンス技術を用いて発見された変異についての検証を行なった、e) 希少変異の情報を用いて古代人を含む東アジア集団の関係についての推測を行なった、f) ヤポネシア人 集団 mtDNA を用いて、旧石器時代から弥生時代にかけての人口動態を推定した。

(2)

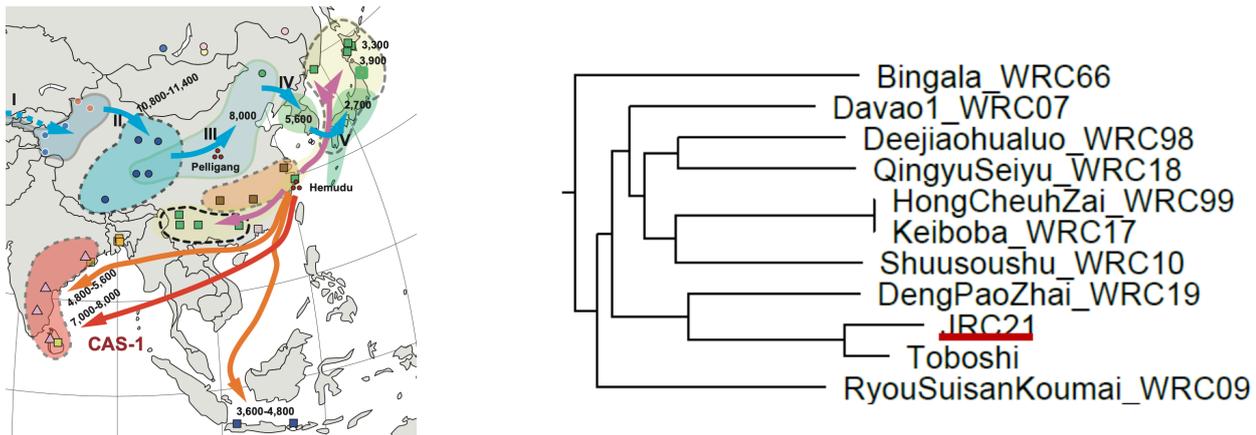
計画研究 A01 班の成果：理化学研究所のバイオバンクデータと、新しく決定した島根県出雲市と鹿児島県枕崎市出身者のゲノム規模 SNP データ（50 万 SNP；ジャポニカアレイ）およびその他周辺集団のデータをあわせて解析し、出雲集団が枕崎集団と東北集団の中間に位置しており、九州北部、中部、関東、北海道がまとまっており、近畿集団が若干大陸集団に近いことがわかった（下の左図を参照）。また理研の九州地域のデータは大きく 2 種類に別れ、ひとつはオキナワ人にとても近く、もうひとつは関東のヤマト人にとても近い。これらの結果は「うちなる二重構造モデル」を支持している（Jinam・斎藤ら；論文を投稿中）。琉球大学医学部で進められている沖縄バイオインフォメーションバンクの活動に参加し、Asian Screening Array により約 70 万 SNP データを 6000 人から得て、まず宮古島のデータ解析をした結果、島主要部、島西南部、池間島・伊良部島の 3 グループにわかれており（下の右図を参照）、最後の集団は約 10 世代前に大きな人口減少を経たと推定された（松波ら；論文を投稿中）。九州の五島・壱岐・延岡を中心とした 96 名の DNA を Asian Screening Array で SNP タイピングをおこなった結果、五島と壱岐が近く、延岡がこれら島嶼部とは若干離れていることがわかった（吉浦・Jinam；解析進行中）。昨年 A02 班が中心となって発表した礼文島船泊遺跡の縄文人ゲノムデータを解析して、現代人口腔内に存在するファージ Siphovirus の完全長ゲノムを構築することができ、系統樹を描いたところ、縄文人のファージは現代人の大きな 2 グループの中間に位置しており、その進化速度は縄文人の炭素 14 年代と現代人との年代差を用いて、1 塩基サイトあたり 1 年あたりでおよそ 4×10^{-5} と推定された（井ノ上；解析進行中）。



計画研究 A02 班の成果：北海道礼文島の船泊遺跡から以前発掘されていた男性 F5 と女性 F23 のゲノム配列を決定し、詳細に解析した結果を 2019 年に論文として発表した（神澤・篠田・安達・角田・佐藤ら；Anthropological Science）。近親婚の程度が高かったことや、現代ヤマト人（いわゆる本土日本人）へ伝えられたゲノムの割合が 10% だったのに対して、オキナワ人には 25% 前後、アイヌ人には 60% 前後という高い割合が伝えられたと推定された。縄文人ゲノムと台湾原住民ゲノムとの親和性がそれなりに高いことや、アイヌ人ゲノムから縄文人ゲノムの部分を取り去ったあとの部分は、カムチャッカ半島の少数民族ゲノムと親和性があるという結果も得られた。高精度のゲノムが得られた F23 女性については、耳垢、ABO 式血液型、HLA その他、興味深い形質を決定する遺伝子の型が決定できた。一方、F5 男性については Y 染色体のハプロタイプが詳細に決定でき、日本人、チベット人、アンダマン諸島人に特徴的な D ハプロタイプの系統であることがわかった（次頁上の左図を参照）。1 個体のみのサンプルではあるが、縄文時代の男性は D ハプロタイプの頻度が現代ヤポネシア人よりもずっと高かった可能性をうかがわせた。弥生時代については、鳥取市青谷上寺地遺跡出土人骨（炭素 14 年代推定法により、西暦紀元 1~2 世紀と推定された）5 個体について核 DNA 解析をおこなった結果、現代ヤマト人の多様性の範囲内に入っていた（篠田ら、2020；国立歴史民俗博物館研究報告）。一方、西北九州弥生人 2 個体の核 DNA は縄文人との親和性がずっと高かった（篠田ら、2019；Anthropological Science Japanese Series）（次頁上の右図を参照）。韓国との共同研究により、朝鮮半島南部の加徳島遺跡（約 5000 年前）出土人骨の核 DNA 解析をおこない、縄文人のゲノムが現代ヤマト人と同等程度（~10%）含まれていることを発見した。これは現代韓国人に含まれる縄文ゲノムの割合（ほとんど 0%）と比べて明らかに異なっている。礼文島のオホーツク文化人遺跡から出土した人骨から DNA 抽出をおこない、核 DNA ゲノム配列を決定して、周辺集団と比較解析をおこなった（佐藤ら、論文投稿中）。

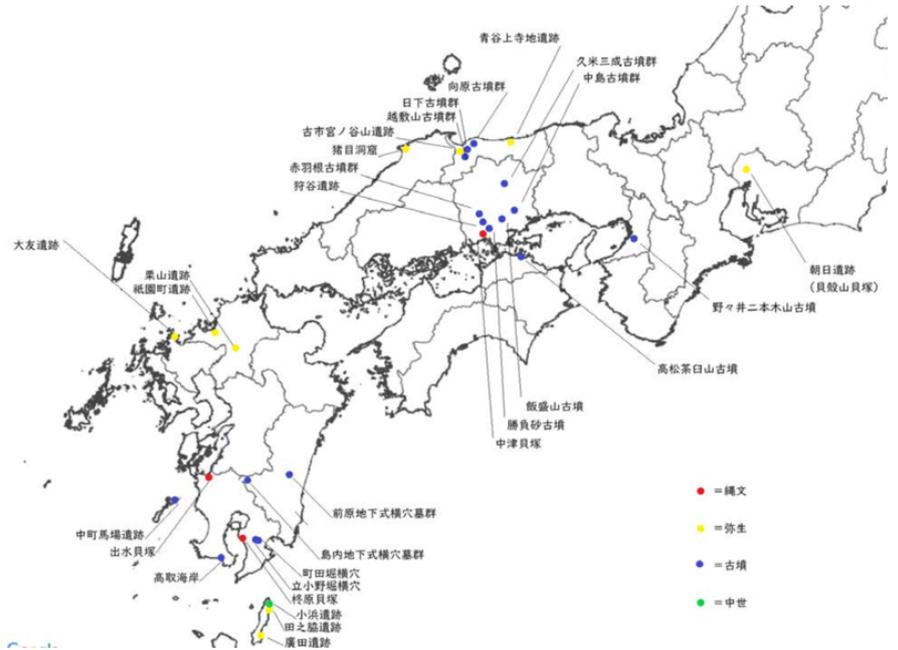


計画研究 A03 班の成果：本新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」の予算と、大学共同利用機関法人機構間連携共同研究経費を用いて、故森脇和郎（国立遺伝学研究所と理化学研究所バイオリソースセンターに勤務）および研究代表者の鈴木仁が収集したマウス 98 個体の全ゲノム配列決定をおこなった。核ゲノムについては B03 班が解析中だが、鈴木らはミトコンドリア DNA ゲノム配列の解析をおこない、すでに推定済みの進化速度を用いて、まず南アジアに起源地を有する CAS1 亜種系統が南中国を放散の起点としてヤポネシアに 3500-3000 年前に渡来し、その後 MUS1 亜種系統が朝鮮半島を放散の起点としてヤポネシアに約 2700 年前に渡来したと推定した（鈴木ら、論文投稿中）（下の左図を参照）。MHC 中の遺伝子配列を用いて、ヤポネシアにおけるタヌキとテンの分子進化を推定し、ミトコンドリア DNA の遺伝子配列を用いて、イタチとジャコウネコの分子進化を推定した（増田ら、Biological Journal of the Linnean Societyほか、2020）。縄文時代の遺跡出土のヒョウタン種子から DNA 抽出を試みている（遠藤ら、解析進行中）。農業・食品産業技術総合研究機構の農業生物遺伝子バンクの日本在来イネのコアコレクションに含まれている赤米が古代米である可能性をゲノム配列解析から調べた結果、高知県で採取された JRC21 と JRC42（トウボシ；日葡辞書に記載あり）は互いに近縁でありインディカに近かった（伊藤ら、解析進行中）（下の右図を参照）。



計画研究 B01 班の成果：上記 (1) で記したように、これまでに全 26 遺跡（次ページの図参照）から出土した人骨やアンボンクロザメ、ゴボウラ貝、モモなど、全 85 サンプルの炭素 14 年代を推定した。これらの結果とあわせて、古代人ゲノムを研究する A02 班とともに、国立歴史民俗博物館研究報告第 219 集 119-338 頁に、合計 21 編の論文を発表した。佐賀県大友遺跡（九州大学が調査した弥生早～前期の支石墓群を中心とする遺跡で、半農半漁の生活をしていただと考えられる）の韓半島に伝統的な墓に葬られていた 8 号人骨の年代補正と核 DNA の調査を行なった結果、紀元前 800～前 700 年ごろの縄文系の DNA を持つ女性であることを確認した。愛知県朝日遺跡は、東海地方でもっとも早く水田稲作を始めた地域だが、年代測定と核 DNA 解析の結果、1 体は東海地方でもっとも古い紀元前 6 世紀の人骨で、3 体が渡来系弥生人であることを確認した。九州北部で水田稲作が始まってから 400 年で渡来系弥生人が伊勢湾沿岸地域において水田稲作を行っていたことを意味する。九州北部の成人甕棺に葬られていた渡来系弥生人が顕在化するのには紀元前 4 世紀前葉以降なので、紀元前 6 世紀の伊勢湾沿岸地域に渡来系弥生人が暮らしていたことは、この時期の西日本にはすでにかかなりの密度で渡来系弥生人が存在していた可能性をうかがわせるものである（以上、藤尾ら、2020）。沖縄の貝殻採取動向は九州北部弥生人の琉球列島産貝殻の消費動向（貝製腕輪の消費動向）に非常によく対応する、九州北部弥生人と沖縄貝塚人との関係は弥生時代開始期に至りさらに遡る可能性がある。弥生時代の貝交易と古墳時代の貝交易との間の空白期は、交易主体が九州北部弥生人から近畿の古墳人に移動する時期（弥生時代終末期～古墳時代前期前半）に対応する。ゴボウラ粗加工品の年代測定の結果、九州弥生人と沖縄貝塚人との貝交易の開始時期は弥生前期初頭（calBC770～690）に遡る可能性が強まった（以上、木下ら、

2019, 2020)。熊本大学医学部に保管されている縄文時代から古墳時代にかけての人骨の現状を確認し、年代測定ほかの研究に供するための検討を行った結果、過去の報告の事例との対応が困難であり、埋葬位置や埋葬形態などの考古学的な出土状況の確定はできていない(以上、山田)。中国四国地方の古墳時代人骨を中心に、12 遺跡から 30 個体について、炭素 14 年代測定と古代人 DNA の分析資料を収集し、同一古墳から出土した人骨だがミトコンドリア DNA のタイプ (A02 班による) が異なる結果が得られた(以上、清家ら, 2020)。鳥取県鳥取市青谷上寺地遺跡出土の人骨とモモ核の炭素 14 年代を測定した結果、較正年代は土器型式の年代(紀元後 2 世紀後半)と整合性のあるものだった(浜田ら, 2020)。



計画研究 B02 班の成果：地理言語学的アプローチにより、東アジアの言語地図を各種描画し、その形成過程を考察した(遠藤, 2019)。韓半島の『三国史記』地理志に見られる古地名のデータベースおよび『古事記』・『日本書紀』・『万葉集』・『風土記』の万葉仮名のデータベース構築をおこなった(遠藤、解析進行中)。国内 47 都道府県 48 地点の 24 時間の談話データを収録した『日本語諸方言コーパス (COJADS) モニター版』を 2018 年度に作成し、公開するとともに、それを活用して日本本土諸方言のバリエーションの研究をおこない、論文を発表した(木部, 2020)。日琉祖語の *p と *k を語頭に持つ単語を集団遺伝学的手法で解析し、言語地図化もおこなった結果、分岐後の時間が短い琉球諸語では、単語を構成する音節を音素に分解して数値化した分析が有効であること、先行研究とほぼ同じ地域区分が示されたことを確認した(狩俣ら, 2020)。帯広市図書館に所蔵されているアイヌ語十勝方言に関する故沼田武男氏(帯広在住の市井の研究者)の筆録資料の分析をおこない、驚くべき正確さでアイヌ語テキストの記録が行なわれている画期的な資料であることがわかり、現在解読作業をおこなっている(中川ら、解析進行中)。チュヴァシ語の多くの方言、モンゴル語の文法、エウエン語 2 方言の現地調査、ダグール語・満州語・河西回廊モンゴル諸語の現地調査、ツングース語諸語の辞典作成、およびチュルク諸語・モンゴル諸語対照基礎語彙の作成などの一連の結果を得た(風間, 2019 および解析進行中)。

計画研究 B03 班の成果：Admixture Graph や Fst から計算された Q 値を用いて、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を開発し、パイロット的に霊長類(旧世界ザル)ゲノムデータに適用した結果、性に偏った移住が現在の集団の遺伝構成に大きな影響を及ぼしたことが明らかになり、またその手法をヤポネシア人集団と東アジア集団の集団ゲノムデータに適用した(長田、論文準備中)。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シミュレーションを用いて推定する手法を確立し、本土日本人集団と古代人を含む他の集団との分岐年代推定に応用した結果、オキナワ人 70 世代前、アイヌ人 83 世代前、韓国人 101 世代前、北京漢族 187 世代前、ベトナム人 228 世代前という推定値を得た(河合、論文準備中)。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し、手法の正確性や、日本人集団内での多様性について検討した(藤本, 2020)。北京漢族ゲノム中の希少変異の情報を用いて、東アジア 4 集団との関係についての推測を行なった結果、共有アレルの割合が高いのは、中国南部集団であり次にベトナム人が位置し、日本人と中国南部のダイ族は同等に共有アレルの割合が低かった(五條堀、論文準備中)。京都大学から供与を受けた約 2000 人のヤポネシア人ミトコンドリア DNA 完全長配列データを用いて、旧石器時代から弥生時代にかけての人口動態推定を行なった結果、旧石器時代・縄文時代・弥生時代のそれぞれに集団の有効な大きさの増加がみられた(五條堀、論文準備中)。

公募研究 A04 班の成果：現生のアワとキビ約 200 系統から DNA 抽出をおこない、ddRAD-seq 解析をおこなっている(里村)。古代ヒョウタン 9 サンプルから DNA 抽出をおこない、薄いながら全ゲノム配列決定を進めている(里村および A03 班の遠藤)。ヤポネシア人男性の Y 染色体データを解析し、船泊遺跡の縄文人男性

F5 も持っていた D ハプログループを持つ現代人 122 人のデータを詳細に解析した結果、縄文時代晩期から弥生時代にかけて、集団の大きさが急減したあと、人口増加が生じたと推定された（大橋、2019）。収集した口腔粘膜由来 DNA のゲノム規模 SNP タイピングをおこない、PET-CT で測定した褐色脂肪組織活性の有無を標的変数として、予備的なゲノム規模関連解析を進めている（中山）。ニホンオオカミ 8 個体、ヤマイヌ 1 個体、秋田犬 3 個体、紀州犬 3 個体、柴犬 5 個体のゲノム DNA から全ゲノム配列を決定して比較解析した結果、ニホンオオカミと在来日本犬のあいだで交雑が生じていたことがわかった（寺井）。古代人の HLA 遺伝子型決定手法を確立し、計画研究 A02 班との連携のもと、青森県尻労安部の縄文時代遺跡出土人骨由来の DNA ライブラリの HLA タイピングを実施した（細道）。日本人男性約 100 名の Y 染色体の詳細なハプログループを決定し、また長崎・石川・神奈川の男性約 800 名の Y 染色体ハプログループを決定し、主成分分析をおこなったが、明確な地域差はなかった（佐藤）。国内外のダイコン計 132 個体の全ゲノム配列を決定し解析した結果、日本のダイコンは約 20 万年前にアジア多地域のダイコンと分岐しており、さらに室町時代に本州・九州の野生ダイコンから栽培化されたと推定され、ダイコンが日本で栽培化された初の作物であることを支持する結果を得た（花田）。A01 班の松波らとの共同研究により、オキナワ人計 145 名の全ゲノム配列決定をおこない、縄文人ゲノムを含む他の周辺集団と比較解析した結果、グスク時代前後に本州から渡来した人々が 3/4、沖縄の縄文人が 1/4 の割合で沖縄本島人の祖先集団が生成された一方、宮古島には縄文時代以来の土着系に何度か沖縄本島などから渡来があり、特に宮古島南部クラスターに最近沖縄本島から 1/3 ゲノムが由来したという推定を得た（木村）。澎湖水道の海底から発見された未発表の古人骨サンプルからの DNA 抽出を試みている（太田）。故宝来聡博士が沖縄、鹿児島、福岡、静岡、青森の 5 地域で収集した合計 380 個体の DNA 試料の SNP アレイによるタイピングを行ない、他の地域と比べて頻度が 10% 以上異なる 6,884 SNP を用いると、集団構造解析により 5 地域集団をよく分離できた（今西）。骨髄バンク登録者 177,041 人の HLA 型データを使って、47 都道府県ごとの HLA-A, B, C, DRB1 遺伝子座の対立遺伝子頻度およびハプロタイプ頻度の推定を行ない、主成分分析したところ、沖縄県にもっとも近いのは、青森県と高知県であり、つぎに徳島県・岩手県・秋田県・愛媛県・香川県だった（今西ら、2019）。ナノポアシーケンサーを使用してアズキゲノム全ての染色体がそれぞれ 2 本の配列（計 22 本）に収束させた（内藤）。国内のヤブツルアズキ集団の核型が、日本の東西ではっきりと分かれることを明らかにした（内藤）。栽培型アズキ 49 系統およびヤブツルアズキ 47 系統の合計 95 系統の全ゲノム塩基配列を取得し、裂莢性に関わる MYB26 遺伝子座の塩基配列を調査した結果、韓国品種の裂莢性消失の起源が日本の品種とは異なることが示唆された（内藤）。

公募研究 B04 班の成果：日本人集団独自に正の自然淘汰を受けて分化した遺伝子の検出をおこない、統合失調症、前立腺癌、痛風に関するものを含む 28 の遺伝子が新たに検出された（河田）。イネの植物遺体（炭化米）を中心にプロテオーム解析を、実験法を改善して実施したところ、検出ペプチドの数およびカバー率ともに大幅に向上し、イネ種子に特異的に蓄積していると報告されているタンパク質が多く見られた（西内）。北部九州出土弥生人骨の形質的特徴の地域性の抽出をおこなった結果、頭蓋形質におけるいわゆる「渡来系弥生人」の多様性や、本研究の基礎となっている中橋孝博氏の先行研究通り、歯冠計測値においても三国丘陵付近の出土人骨に関する特殊性を示す結果が得られた（舟橋）。過去に発掘調査が行われた吐噶喇列島の南端部に位置する宝島の大池 A・B・C 遺跡出土人骨の調査をおこない、また計画研究 B01 班の協力により、種子島の広田遺跡出土人骨、南九州出土の縄文人骨、徳之島の縄文人骨、喜界島の花良治地区岩陰出土人骨、与論島の赤崎鍾乳洞採取人骨、および宮崎県島内地下式横穴群出土人骨の年代測定や食性分析を行なった（竹中、投稿中）。鹿児島県指宿市成川遺跡（古墳時代）と西之表市小浜遺跡（中世）の発掘をおこない、出土した人骨の調査をおこなった（竹中）。研究協力者（中澤光平、セリック・ケナン、中川奈津子）と、方言系統樹作成に必要なデータベースを構築するため、八重山語に関する書籍（辞書・雑誌）のデジタル化作業と現地調査を行ない、八重山諸方言の語彙データを以下のように整備した：与那国島 25,153 語、西表島 3カ所 14,672 語、波照間島 8,508 語、鳩間島 20,238 語、小浜島 2,320 語、黒島 2,714 語、新城島 2,233 語、竹富島 22,657 語、石垣島 4カ所 43,453 語（麻生）。係り結び関連現象の基盤となる諸方言の情報構造を反映する形式の調査研究を行ない、南北琉球の祖体系のシステムを推定するための根拠となる現象を報告した（林、2020）。

6 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、一般向けのアウトリーチ活動等の状況。令和2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。

ホームページ <http://www.yaponesian.jp> (計画研究・公募研究とも同一)

計画研究 A01 班

主な雑誌論文

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*, vol. 127, no.2, pp. 83-108.

学会発表

2019年11月8日 齋藤成也(日本人類遺伝学会大会、長崎) ヤポネシアゲノムプロジェクトの紹介

2019年11月 松波 雅俊, 今村 美菜子, 小金渕 佳江, 木村 亮介, 堀越 桃子, 寺尾 知可史, 鎌谷 洋一郎, 石田 肇, 前田 士郎. 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. 日本人類遺伝学会第 64 回大会, 長崎

2019年10月 Masatoshi Matsunami, Minako Imamura, Kae Koganebuchi, Ryosuke Kimura, Momoko Horikoshi, Chikashi Terao, Yoichiro Kamatani, Hajime Ishida, Shiro Maeda. Genome-wide association studies for metabolic traits in the Ryukyu populations. *Annual Meeting of American Society of Human Genetics 2019*, Houston (USA)

2019年10月14日 齋藤成也(日本人類学会大会、佐賀大学) 新学術領域研究ヤポネシアゲノムの現状報告

2019年10月6日 齋藤成也(日本言語地理学会第1回大会、青山学院大学) Problems when softwares for molecular evolution are applied to linguistic data

2019年9月11日 齋藤成也(日本遺伝学会年会、福井大学) シンポジウム”In search of Yaponesian Homeland using human and nonhuman genome sequence data” Introduction

2019年9月11日 Timothy A. Jinam (日本遺伝学会年会、福井大学) シンポジウム”In search of Yaponesian Homeland using human and nonhuman genome sequence data” Introduction Modern genomes of people who live in South East Asia and their relationships with Yaponesians

2019年8月23日 齋藤成也(ABC Symposium、貴陽) Introduction to Yaponesian Genome Project with special reference to modern human genome analyses

2019年8月 松波 雅俊, 今村 美菜子, 小金渕 佳江, 木村 亮介, 堀越 桃子, 寺尾 知可史, 鎌谷 洋一郎, 石田 肇, 前田 士郎. 琉球列島人の集団ゲノム解析. 日本進化学会第 21 回大会, 札幌

2019年7月23日 齋藤成也(SMBE、マンチェスター) Yaponesia Genome Project – combinations of genome sequence analyses of modern humans, ancient humans, animals, and plants as well as archeological and linguistic data analyses

2019年7月23日 Timothy A. Jinam (SMBE、マンチェスター) Whole genome sequence analysis of the Aeta, a First Sundaland people from the Philippines

2019年7月23日 松波雅俊ら(SMBE、マンチェスター) Okinawa Bioinformation Bank Project: understanding human genetic diversity in the Ryukyu Archipelago

2019年5月9日 齋藤成也(国際中国語言学学会第27回年次大会、神戸市外国語大学) In Search of Yaponesian People’s Urheimats

書籍

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.

新川詔夫(監修), 太田亨・吉浦孝一郎・三宅紀子(共著)(2020) 『遺伝医学への招待 改訂第6版』南江堂.

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4月4日ヤポネシア人の過去・現在・未来

2019年6月8日(浅間縄文ミュージアム)縄文・弥生・古墳・・・DNAからたどる日本列島人の源流

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6日(静岡県「未来を切り拓く Dream 授業」)現在から過去にわたしたちの祖先をたどる

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

2019年11月15日(宮城県南登録医会、大河原町)日本人の源流--特に東北人のルーツについて--

2019年11月24日(島根イン青山、東京)古代出雲人人骨DNA研究から日本人のルーツを探るプロジェクト研究報告会{12月1日に出雲弥生の森博物館で同一の報告会}

2019年12月7日&14日(創企社講演会、名古屋)DNAから日本列島人の起源と成立を探る(1)&(2)

2020年1月16日(第78回ゲーテの会、国際高等研究所)ゲノム解析から探るヤポネシア人の起源と成立

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

2020年1月29日(シンポジウム「沖縄県の健康長寿復興を目指した疾患ゲノム研究」、沖縄県立博物館・美術館)波頭を越えて～日本列島に渡来した人々の歴史をゲノム情報からさぐる

計画研究 A02 班

(主な雑誌論文)

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) 香川県高松市茶臼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.

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*, Vol.27, pp. 83-108.

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, 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* 9:167-186.

Shinoda, K., Kakuda, T., Doi, N. (2019) Mitochondrial DNA analysis of the skeletal remains excavated from the old Tokijin tomb, located in the Nakijin village of Okinawa Island. *Bull. Natl. Mus. Nat. Sci., Ser. D*, 44, pp. 1-8.

(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, 2019.7.4. 北九州国際会議場, 福岡県北九州市.

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. 2019.6.30. 北中城村中央公民館, 沖縄県北中城村.

(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 該当せず

(一般向けのアウトリーチ活動等の状況)

篠田謙一 (2020) DNA で解明する日本人の起源. 特別講演 3(市民公開講座), 第 125 回日本解剖学会
総会・国学術集会, 2020. 3. 27. 宇部市. (新型コロナウイルス対策のため誌上開催)

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. 長
崎ブリックホール 2019. 11. 5. 長崎市.

篠田謙一 (2019) DNA から見た弥生人. 第 73 回日本人類学会総会. 招待講演. 2019. 10. 14. 佐賀県
立美術館ホール, 佐賀市.

篠田謙一 (2018) DNA ゲノム解析からさぐる日本列島の古代人 -縄文人と弥生人の関係-, 公開シンポジウム
日本列島人 1000 万年, 2018. 10. 27, 三島市文化会館, 静岡県.

計画研究 A03 班

主な論文発表

Maung Maung Theint S., Thwe T., Myat Myat Zaw K., Shimada T., Bawm S., Kobayashi M., Saing KM, Katakura K.,
Arai S, Suzuki H. Late Quaternary environmental and human impacts on the mitochondrial DNA diversity of
four commensal rodents in Myanmar. Journal of Mammalian Evolution (in press)

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

Harigai W, Saito A, Suzuki H., Yamamoto M. Genetic diversity of *Ligidium isopods* in Hokkaido and Niigata, northern
Japan, based on mitochondrial DNA analysis. Zoological Science (in press)

Mori S., Thwe T., Thu WM., Yasuda SP., Bawm S., Tsuchiya K., Katakura K., Arai S., Yoshimatsu K., Suzuki H.
Species and genetic diversity of *Bandicota* (Murinae, Rodentia) from Myanmar based on mitochondrial and
nuclear gene sequences. Mammal Research (in press)

Endo Y., Lin L.K., Yamazaki K., Pei K.J.C., Chang S.W., Chen Y.J., Ochiai K., Yachimori S., Anezaki T., Kaneko Y.,
Masuda R. Introduction and expansion history of the masked palm civet, *Paguma larvata*, in Japan, revealed by
mitochondrial DNA control region and cytochrome *b* analysis. Mammal Study (in press)

Hosotani S., Nishita Y., Masuda R. Genetic diversity and evolution of the MHC class II *DRB* gene in the Japanese
marten, *Martes melampus* (Carnivora: Mustelidae). Mammal Research (in press)

Bartocillo A.M., Nishita Y., Abramov A.V., Masuda R. (2020) Molecular evolution of MHC class II *DRB* exon 2 in
Japanese and Russian raccoon dogs, *Nyctereutes procyonoides* (Carnivora: Canidae). Biol J Linn Soc 129: 61-73

Ishikawa K., Abramov A.V., Amaike Y., Nishita Y., Masuda R. (2020) Phylogeography of the Siberian weasel
(*Mustela sibirica*), based on a mitochondrial DNA analysis. Biol J Linn Soc 129: 587-593

Honda A, Murakami S, Harada M, Tsuchiya K, Kinoshita G, Suzuki H. (2019) Late Pleistocene climate change and
population dynamics of Japanese *Myodes* voles inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequences. J Mammal
100:1156-1168

Kinoshita G, Nunome N, Kryukov AP, Kartavtseva IV, Han SH, Yamada F, Suzuki H. (2019) Contrasting
phylogeographic histories between the continent and islands of East Asia: Massive mitochondrial introgression
and long-term isolation of hares (Lagomorpha: *Lepus*). Molecular Phylogenetics and Evolution 136:65-75

Sakuma Y, Matsunami M, Takada T, Suzuki H. (2019) Multiple conserved elements structuring inverted repeats in the
mammalian coat color-related gene *Asip*. Zoological Science 36:23-30

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

著書

増田隆一 編著 (2020) 『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.

増田隆一 (2019) 『ユーラシア動物紀行』, 岩波新書.

増田隆一 編著 (2018) 『日本の食肉類～生態系の頂点に立つ哺乳類』, 東京大学出版会.
産業財産権・主催シンポジウム 該当せず

計画研究 B01 班

【雑誌論文】 {すべて 2020 年 3 月刊行の『国立歴史民俗博物館研究報告』第 219 集に所収}

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.

藤尾慎一郎・坂本稔・瀧上舞 : 大阪府東大阪市近大山賀遺跡第 5 次調査出土弥生中期人骨の年代学的調
査, pp. 139-146.

- 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、pp. 147-162.
- 濱田竜彦・坂本稔・瀧上舞：鳥取県米子市古市宮ノ谷山遺跡出土の弥生後期土器に伴うモモ核の年代学的調査、pp. 179-187.
- 藤尾慎一郎・坂本稔・瀧上舞：福岡県那珂川市安德台遺跡出土弥生中期人骨の年代学的調査、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、pp. 211-220.
- 木下尚子・坂本稔・瀧上舞：鹿児島県宝島大池遺跡 B 地点出土貝塚前期人骨等の年代学的調査、pp. 231-241.
- 木下尚子・坂本稔・瀧上舞：沖縄県伊是名村具志川島遺跡群出土貝塚前期人骨の年代学的調査-岩立遺跡、岩立遺跡西区-、pp. 265-271.
- 木下尚子・坂本稔・瀧上舞：沖縄県伊江島具志原貝塚出土貝塚後期の貝殻集積の年代学的調査、pp. 273-275.
- 木下尚子・坂本稔・瀧上舞：沖縄県読谷村所在遺跡出土貝塚後期の貝殻集積と人骨等の年代学的調査-浜屋原貝塚 B、大久保原遺跡、中川原遺跡、片江原遺跡、大当原貝塚 A 地点、木綿原遺跡-、pp. 277-294.
- 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-具志川グスク崖下地区、平敷屋トウバル遺跡、宇堅貝塚、津堅貝塚-、pp. 301-312.
- 木下尚子・坂本稔・瀧上舞：沖縄県北谷町所在遺跡出土貝塚後期の貝殻集積の年代学的調査-伊礼原遺跡・伊礼原 D 遺跡・小堀原遺跡-、pp. 313-320.
- 木下尚子・坂本稔・瀧上舞：沖縄県宜野湾市新城下原第二遺跡出土の貝殻集積の年代学的調査、pp. 327-331.
- 木下尚子・坂本稔・瀧上舞：沖縄県浦添市所在遺跡出土貝塚後期の貝殻集積の年代学的調査-嘉門貝塚 B・嘉門貝塚 A-、pp. 333-338.
- 【学会発表】
- 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 回総会研究発表 2020 年 5 月 18 日 専修大学、東京（新型コロナウイルスにより中止になったが、記録上は発表要旨集の刊行により、報告済みという位置づけである。）
- 計画研究 B02 班**
- 雑誌論文・書籍
- 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.
- 木部暢子 (2020) 方言コーパスに見るモダリティ形式のバリエーション-推量表現の地域差. くろしお出版『データに基づく日本語のモダリティ研究』 41-61.
- 木部暢子 (2020) 九州方言のゴトアルについて-COJADS のデータより-. 創想社『坂口至教授退職記念日本語論集』、150-62.
- 青井隼人・木部暢子 [編] (2020) 青森県むつ市方言調査報告書. 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、総 65 頁.
- 狩俣繁久 (2020) 沖縄語那覇方言の焦点助詞と情報構造. 『南島文化』 第 42 号 pp. 101-110.
- 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-琉球語と九州方言の関係を問う-. 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 -対照文法の試み-. 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-日本言語学史の光と影』 東京：三省堂
- 風間伸次郎 (2020) アルタイ型言語の語順特性およびそれと内的関連性を持つ諸特徴について. 『北方言語研究』 10:17-40.
- 鈴木博之・倉部慶太・遠藤光暁編 (2019a) 『東部アジア地理言語学論文集』 *Studies in Asian Geolinguistics*, Monograph Series No. 6, ILCAA, Tokyo University of Foreign Studies. <https://publication.aa-ken.jp/>
- SUZUKI Hiroyuki, KURABE Keita, and ENDO Mitsuaki (2019b) *Papers from the Workshop "Phylogeny, Dispersion, and Contact of East and Southeast Asian Languages and Human Groups"*. *Studies in Asian Geolinguistics*, Monograph Series No. 7, ILCAA, TUFU. <https://publication.aa-ken.jp/>
- 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—語彙と文法から移動の時期を考える—、『国際琉球沖縄論集』第8号、pp. 1-10.
- 中川裕 (2019) 白沢ナベ口述 カムイユカラ ソレイパソレ：和人の若殿の物語『千葉大学 ユーラシア言語文化論集』21:155-173.
- 風間伸次郎 (2019) アルタイ諸言語の場所表現における名詞的性格について『北方言語研究』9: 41-65.
- KAZAMA, Shiinjiro (2019) On the internally headed relative clause in Altaic-type languages. *Asian and African linguistics* 13: 1-40.
- 風間伸次郎 (2019) 言語類型論から見た日本語の格, 木部暢子・竹内史郎・下地理則 (編) 『日本語の格表現』 141-175. 東京：くろしお出版
- 風間伸次郎 (2019) (特集「否定、形容詞と連体修飾複文」) まえがき, 『語学研究所論集』23 東京外国語大学語学研究所 17-37.
- 風間伸次郎 (2019) 《データ：「否定、形容詞と連体修飾複文」》 ナーナイ語・エウエン語・ソロン語, 『語学研究所論集』23. 東京外国語大学語学研究所 249-257.

計画研究 B03 班

査読付き論文(英語)

- 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**, vol. 79, Issue 1, pp.164-166
- 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**, vol. 127, no.2, pp. 83-108.
- Shigemizu D, Miya F, Akiyama S, Okuda S, Boroevich KA, Fujimoto A, Nakagawa H, Ozaki K, Niida S, Kanemura Y, Okamoto N, Saitoh S, Kato M, Yamasaki M, Matsunaga T, Mutai H, Kosaki K, Tsunoda T (2018) IMSindel: An accurate intermediate-size indel detection tool incorporating de novo assembly and gapped global-local alignment with split read analysis. **Sci Rep** 8: 10367 他 15 報

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 2019年9月13日 *国内学会, ペストペーパー賞受賞 他 25 件

アウトリーチ活動

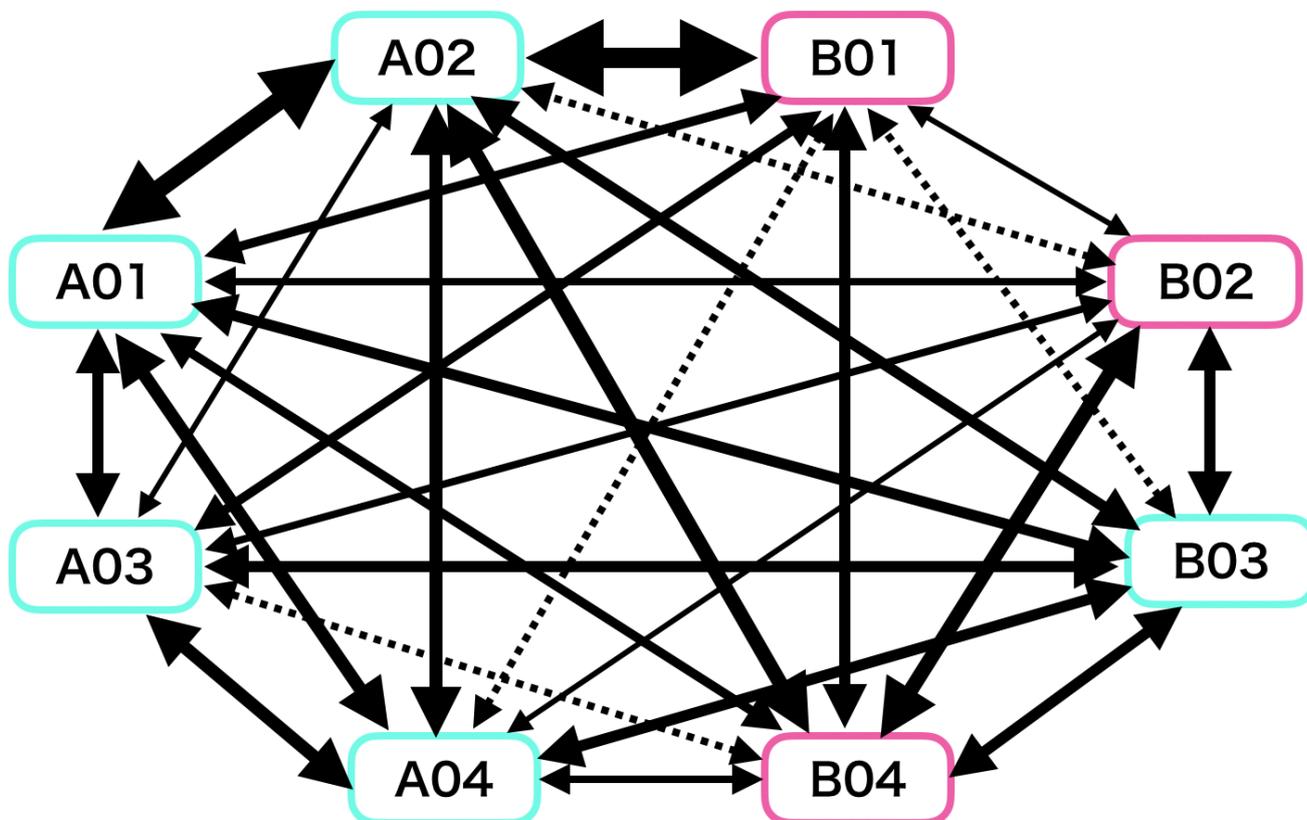
- 長田直樹 ゲノムからたどる人類進化の歴史 名古屋大学遺伝子実験施設公開セミナー「ゲノム解析が見える化する生命の成り立ち」名古屋大学 2018年12月10日 *招待講演(国内)
- 五條堀淳 日本学術会議シンポジウム「日本旧石器人研究の発展: 沖縄の現場から」日本学術会議講堂 2019年7月28日 *招待講演(国内) 他 3 件の一般向け講演
- 著書: 長田直樹 (2019) 『進化で読み解くバイオインフォマティクス入門』森北出版
- 主催シンポジウム・ワークショップ: Novel approaches for human genome diversity studies. 企画者: 長田直樹 日本進化学会第21回大会(国際シンポジウム) 他 2 件の若手研究者向けワークショップの主催

公募研究(スペースの関係で主要な発表論文のみとした)

- 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. pp111-123.
- 松尾樹志郎・富田啓貴・中野真澄・星野宙也・James Frances Loftus III・米元史織・舟橋京子. 2020年3月. 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** 46: 354-366.
- Nakayama K, Inaba Y. (2019) Genetic variants influencing obesity-related traits in Japanese population. **Annals of Human Biology**. 46: 298-304.
- Watanabe Y, Naka I, Khor SS, Sawai H, Hitomi Y, Tokunaga K, Ohashi J (2019) Analysis of whole Y-chromosome sequences reveals the Japanese population history in the Jomon period. **Scientific Reports** 9: 8556.
- Hashimoto S, Nakajima F, Imanishi T, Kawai Y, Kato K, Kimura R, Miyata S, Takanashi 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.

7 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。



- ・ A01, A02, A03, B01, B02, B03 は計画研究班、A04 と B04 は公募研究班である。
- ・ 緑色で囲った A01-A04 および B03 の 5 班はゲノム解析が中心であり、B01 班は考古学、B02 班は言語学、公募研究の B04 班は考古学 2 グループ、言語学 2 グループ、およびゲノム解析が 1 グループ含まれている。
- ・ 実線の矢印は、太いほど班相互の連携が高いことを示す。破線の矢印は、現在のところほとんど連携のないものを示す。太い細いの差こそあれ、8 個の班の連携関係はかなり緊密である。
- ・ 古代人ゲノムの A02 班と考古学の B01 班は、ほとんどの場合共同で遺跡の解析に取り組んでいる。
- ・ 領域代表（斎藤成也）が研究代表者である A01 班だけは、すべての班となんらかの連携を持っている。

8 若手研究者の育成に係る取組状況

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2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。）の育成に係る取組状況について、具体的かつ簡潔に1頁以内で記述すること。

本研究領域は文理融合の形式をとっている。したがって、革新的・創造的な学術研究の発展には、分野を超えた若手研究者の交流を促進し、相互の研究手法に対する理解・共同研究の推進などが重要な役割を果たすものだと考えられる。特に、人類進化の研究は、生物学、ゲノム科学、考古学、言語学、情報学などを基盤にした高度に分野融合的手法がとられることがあるため、学際的な研究の推進は必要不可欠である。

以上の目的を果たすために、年一度の「若手研究集会」の開催（平成30年度と令和元年度）および「若手研究者の異分野班会議への参加助成」を行い、総括班経費より開催の補助を行った。若手研究集会と命名しているが、シニア研究者と若手研究者との交流も重要なものであるため、参加者を若手研究者だけに限定せずに企画を行った。

公募班が揃っていない平成30年度では、第一回ヤポネシアゲノム若手研究集会プログラムと題して、北海道大学学術交流会館においてシンポジウムを開催した。異なった分野の若手研究者を中心に参加者の募集を行った。遠方より参加するポスドク・大学院生に対して旅費の補助を行い、27名の参加者があった。

公募研究班も追加された令和元年度には名称を変えて仕切り直し、「第一回ヤポネシアくにうみミーティング」と題して合宿形式のワークショップを淡路夢舞台国際会議場において開催した（<https://yaponesian-kuniumi.jimdosite.com/>）。計画研究班に所属する若手研究者が中心となって実行委員会を結成し、運営を行った。全員参加のポスター発表会やポスターフラッシュトークを企画するなど、異分野の若手研究者間のコミュニケーションが円滑にとれるような工夫を行った。また、優秀な発表を行った若手研究者に対する表彰を行った（千葉大学、吉川佳見氏「アイヌ語のアスペクト的表現をめぐって」に授与）。領域の研究に加わっている若手研究者だけでなく、領域外からの参加者も募り、27名が本ワークショップに参加した。令和2年度は9月に同様の会議を開催する予定であったが、コロナウィルスの流行に配慮し、2021年3月に延期することを決定した。今後の研究期間においても、最低年一回の研究集会を続けていく予定である。

その他、平成30年度に、与那国島および開催されたB02班（言語班）班会議にゲノム系若手研究者（ポスドク）が参加するための旅費を補助した。のべ2名に対して旅費補助を行った。また、令和元年度に北海道大学にて開催された進化学会シンポジウム「ヒトゲノム多様性研究の新展開」に若手研究者が海外から参加するために、2名に対して旅費の補助を行った。

上記の施策に加え、言語学の海外若手研究者と国内大学院生・ポスドク研究者などの若手研究者の研究ネットワーク構築のために、2019年1月25日～27日に国立国語研究所で、Seminar on the principles and methods for interpreting and mapping linguistic mapsと題したトレーニングコースを開催した。海外から若手研究者・学生を招聘し、約10名の若手研究者が参加した。

9 研究費の使用状況・計画

研究領域全体を通じ、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、研究費の使用状況や今後の使用計画、研究費の効果的使用の工夫について、総括班研究課題の活動状況と併せて具体的かつ簡潔に1頁以内で記述すること。

本研究領域内で共用する設備・装置としては、総括班経費で購入した大規模解析サーバー（スサノヲ、ウミサチ、ヤマサチ）である。ヒトの全ゲノムデータやゲノム規模 SNP データ、動植物ゲノムのデータ解析に使われている。その他の研究費については、各班で適切に運用している。

季刊誌 Yaponesian は当初日本語だけでなく、英語でも刊行を計画していたが、事務的に膨大な作業が必要となったため、現在は日本語だけで刊行している。3年度目となる2020年度からは、英語での特別号を年に1回刊行することを計画している。

今後の使用計画については、新型コロナウイルス感染拡大の状況が大きな要因である。国内出張については2020年6月末現在、ほとんどの大学・研究機関で可能になってきたが、国外出張については、まだ事実上不可能である。このため、海外で開催される国際会議には参加できにくい状況であり、これらのために予定している海外旅費を、別予算に振り分ける必要が、今年度だけでなく、来年度も続く可能性が高い。

総括班は、ゲノム科学の研究者と考古学・言語学の研究者とのクロスオーバーをもっと発展させるべく、考古学や言語学分野に存在するビッグデータをゲノム科学の手法で解析する方向（すでにB02班の狩俣繁久分担研究者のグループが進めている）を発展させてゆきたい。この場合、既存データのデジタル化に費用が必要となるので、総括班予算からの支援を考えている。

10 今後の研究領域の推進方策

研究領域全体を通じ、今後の本研究領域の推進方策について、「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2頁以内で記述すること。なお、記述に当たっては、今後公募する公募研究の役割を明確にすること。また、研究推進上の問題点がある場合や、国際的なネットワークの構築等の取組を行う場合は、その対応策や計画についても記述すること。

今後の本研究領域の推進方策について、「革新的・創造的な学術研究の発展」の観点からは、ゲノム科学の研究者と考古学・言語学の研究者とのクロスオーバーをもっと発展させる必要性を痛感している。このためには、現在の班員にとどまらず、老若の考古学の研究者と言語学の研究者にひろく声をかけて、文理融合研究を押し進める必要がある。このためには、上記項目9でも言及したように、総括班予算を、考古学や言語学分野に存在するビッグデータをゲノム科学の手法で解析する方向に発展させるような研究会の開催等に使用したい。

国際的なネットワークの構築については、本学術領域申請当初は、以下の海外の研究機関への訪問からはじまる共同研究を企画していた。

- A) ドイツ、Max-Plank Institute for Science of Human History, Jena
- B) スイス、University of Bern, Bern
- C) 韓国、高麗大学校文化遺産融合学部、ソウル
- D) 米国、University of Texas at Houston, Human Genetics Center, Houston
- E) デンマーク、Natural History Museum of Denmark, Centre for GeoGenetics

研究機関Aは、本研究領域の目的と類似しており、ひとつの研究所に古代ゲノム学と言語学の2グループが人類の歴史について研究している。特に日本語や韓国語がアルタイ語族に属することを主張している言語学者がおり、古代ゲノム学分野とともに言語学分野の情報収集が必要である。2019年1月にここで国際会議が開催され、領域代表の斎藤成也、A02班分担研究者の神澤秀明、B02班研究代表者の遠藤光暁が招待されて講演したほか、A01班分担研究者のTimothy A. Jinamが参加した。神澤秀明はこの研究機関に長期滞在して、古代DNA解析の手法を学んでいる。

研究機関Bにも、ゲノム学研究者と言語学研究者がおり、すでに何度も日本を訪問しているので、今後共同研究をできる可能性が高い。斎藤成也とTimothy A. Jinamは2019年にこの研究機関のExcoffier教授を訪問して、研究連絡をおこなった。

研究機関Cは、考古学の藤尾慎一郎らが以前から交流しており、今後他の研究班のメンバーも韓国の研究者と交流する必要があるので、加えた。2018年度の総括班会議を韓国で開催し、実際に研究機関Cを訪問して、講演もおこない、交流した。

研究機関Dには、人口変動を推定する方法 (Liu and Fu, 2015, Nature Genetics)を開発したグループがおり、またゲノムデータを医学的に応用する研究グループもいるので、加えた。この大学のYun-Xin Fu教授は、領域代表の斎藤成也が主に所属している国立遺伝学研究所の客員教授(2018-2020年度)である。

研究機関Eは、ヒトおよびヒト以外の古代ゲノム研究において世界有数の研究室を有するので、訪問機関に加えた。公募研究代表者のひとりである太田博樹は以前からこの研究機関と共同研究を進めている。

以上記述したように、それぞれの研究者は個々に共同研究を進めている場合が多いが、総括班として組織的にネットワーク構築を推進しているという状況ではない。ただ、2020年がゲノム概念百周年(1920年にドイツのハンス・ヴィンクラーが提唱した)であるので、国立遺伝学研究所が国際シンポジウムの開催を企画しており、本新学術領域「ヤポネシアゲノム」も共催予定である。新型コロナウイルス感染拡大の影響で、当初8月末に開催予定だったものを、同じ会場(沼津市のプラザ・ヴェルデ)で2021年2月上旬に開催予定である。この国際シンポジウムには、上記の研究機関BとDに所属する研究者を招聘している。本新学術領域「ヤポネシアゲノム」の期間中に、これらの国際交流をさらに強化したい。

11 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。

本新学術領域「ヤポネシアゲノム」の総括班(および領域全体)の評価者は、以下の3名である。

ゲノム学分野：植田信太郎(東京大学理学部名誉教授、東邦大学医学部客員教授){古代人DNAなどの分子人類学の研究で著名}

考古学分野：小林達雄(國學院大學名誉教授){縄文時代の研究で著名}

言語学分野：長田俊樹(総合地球環境学研究所名誉教授・客員教授、神戸市外国語大学客員教授){ムンダ語の専門家であり、総合地球環境学研究所で言語学・考古学・文献学・遺伝学の研究者がつどったインダスプロジェクトを率いた}

上記の3名には、季刊誌 Yaponesian を定期的を送付するとともに、全体会議への出席をお願いしている。小林達雄氏のご高齢のため、まだ全体会議への出席は実現していないが、植田信太郎氏と長田俊樹氏は、2019年5月に上野の国立科学博物館で開催した全体会議に参加された。また植田信太郎氏には、2019年9月に福井市で開催した公開講演会で講演をお願いし、長田俊樹氏には、季刊誌 Yaponesian 2020年のはる号のリレーインタビューに登場していただいた。小林達雄氏からは、2019年度全体報告をお送りしたところ、Timothy A. Jinam の解析したヤマト人内部の遺伝的多様性解析結果が興味深いというご返事をいただいている。

植田信太郎氏は、本学術領域「ヤポネシアゲノム」B03班の研究分担者である五條堀淳氏(総合研究大学院大学先端科学研究科・講師)と古代人ゲノムに関して共同研究を進めているので、完全に客観的に評価をできる立場かどうかは微妙であるが、基本的には、ご自身の専門分野と近いA02班の古代人ゲノム研究をはじめとして、A01班の現代人ゲノム研究、A03班の動植物ゲノム研究、およびB03班の大規模解析方法論の開発について、どれも高く評価をしていただいている。

長田俊樹氏は、言語学分野について、いくつかの評価コメントを寄せられた。1950年代に一世を風靡したスワデシュの言語年代学(分子進化学における分子時計と同様に、2言語間の共通単語の割合が時間単位で減少してゆくとした)は破綻している。またその後展開された、基礎語彙を比べて、分類や系統樹の分岐を図るといった語彙統計学(Lexico-statistics)も同じ方法論であり、多くの言語学者はあまり信用していないとのことだった。ひとつには、言語年代学で使用がはじまった基礎語彙にどんな単語を選ぶのかとい

う問題も解決していない点があるという。たとえば、すくなくともインドでは数詞（基礎語彙に含まれることが多い）は借用されやすいとのこと。いずれにせよ、言語学者は統計的な手法への信頼感をなくしたという、きびしい指摘をされています。

今後は、考古学分野の評価者である小林達雄氏に実際にお会いして、直接に本新学術領域「ヤポネシアゲノム」の研究活動に対する評価をお聞きする計画をたてている。なお、考古学 B01 班の代表である藤尾慎一郎には、個人的に叱咤激励をいただいている。