

令和 6 年 6 月 17 日現在

機関番号：63801

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2018～2022

課題番号：18H05505

研究課題名（和文）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

研究課題名（英文）Origin and formation of Yaponesian based on genome sequences

研究代表者

齋藤 成也（SAITOU, Naruya）

国立遺伝学研究所・ゲノム・進化研究系・特任教授

研究者番号：30192587

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 77,710,000 円

研究成果の概要（和文）：自然科学と人文社会科学の文理融合、日本と海外の研究者の交流、研究者と一般社会との交流を三本柱とした。このため、領域全体会議を毎年開催した。公開シンポジウムの開催、ホームページから動画を含めたさまざまな情報を社会に発信、ヤポネシア人ゲノム研究に関する日本語のニュースレター Yaponesian を出版、配布した。この分野の若手研究者育成の支援、総括班が運営するサーバーにゲノムデータ、考古学データ、言語学データを格納し、それらのあいだの相互関係の解析を容易にする研究環境を整備する、などの活動をおこなった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

われわれの研究プロジェクトの成果としては、現代および古代の日本人（ヤポネシア人）の研究に大きな進展があったことがあげられる。一般の人々は、われわれの研究メンバーがおこなったさまざまな公開講演から多くのことを学ぶことができた。ゲノム研究はいまや人類進化研究の必須の部分になったと考えている。

研究成果の概要（英文）：We set up six research groups. Achievements of these groups are as follows:

A01 analyzed human mtDNA haplotype data of Japanese provided by Genesis Health Care, and found the inner dual structure. A02 determined ancient genome data of Jomon, Yayoi, and Kofun periods, and found various types of admixtures from these genome data. A03 determined various animal and plant genomes, A03 determined and analyzed animal and plant genomes such as mice, bear, and buckwheat. B01 studied languages especially Japanese and Ryukyuan dialects, B02 studied archeological data especially determine ages of archeological sites using C14 dating method, and finally B03 analyzed human and nonhuman genome data. Other than these six research groups, we also solicit small research groups B01 and B02 for two rounds of the two-year research. Their achievements include dog and wolf genome analyses, analysis of Ryukyu language dialects, excavation of some archeological sites in Kagoshima Prefecture.

研究分野：ゲノム新科学、自然人類学

キーワード：ヤポネシア人 ゲノム 分離融合研究 考古学 言語学

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

## 1. 研究開始当初の背景

ヤポネシア(1960年代に島尾敏雄が提唱した名称であり、日本列島を指す)に居住する人々を本領域研究では「ヤポネシア人」とよぶ。近年急速に発達したゲノム解析技術により、「革命」ともいえるレベルでヤポネシア人の起源と成立の歴史について研究することが可能となってきた。これに関する現在の定説は「二重構造モデル」である。「縄文」と「弥生」ということばで象徴される採集狩猟先住民と稲作渡来民2種類の系統の混血があったが、北海道と沖縄では農耕民との混血が少なかったため、南北集団と本土集団という二重構造が生じたとする。遺伝的解析でもアイヌ人とオキナワ人(琉球人)の共通性が示されたが、オキナワ人がヤマト人(本土日本人)と遺伝的にきわめて近いことや、オホーツク文化人の影響がアイヌ人にあることから、二重構造モデルはあくまでも第一近似であり、それに修正や追加的要素が必要であることがわかってきた。21世紀初頭にヒトゲノムの塩基配列が決定されると、ヒトの遺伝的多様性をゲノム規模で比較する研究が急速に発展した。ヤポネシア人についても、2012年に本領域代表の斎藤成也らが、アイヌ人とオキナワ人に明確な共通性があることを示し、2015年にはアイヌ人とヤマト人の祖先集団が混血をはじめたのは古墳時代から飛鳥時代であるという推定を得た。日本書紀によれば、大和政権が東北に進出していた時代であり、現在でも東北地方にはアイヌ語地名(川をあらわすナイ、ベツ)が多数存在する。考古学的にも縄文文化が北海道から東北に分布していた時代である。斎藤のグループは出雲人のDNAも調べ、出雲人と東北地方人が若干類似している可能性を見いだした。これらから、ヤマト人に「うちなる二重構造」があり、縄文・弥生でシンボリックに語られる二段階の渡来だけでは説明できないとして、三段階渡来モデルを斎藤が2017年に『核DNA解析でたどる日本人の源流』で提唱した。ヒトに随伴して移動する動植物の研究も、ゲノム時代になり、かつて考えられてきたシナリオが変更を求められている。マウスの遺伝解析を長年てがけてきた鈴木仁は、大陸からヤポネシアへのマウスの移動が、4000年前以降に2回あったことを発見した。これは三段階渡来モデルの後半二段階に対応する可能性がある。人口変動についても、ゲノムデータから推定するさまざまな方法が開発されており、これまでの考古学的・歴史学的方法による推定を置き換えてゆくことが期待されている。長田直樹は霊長類のゲノムデータ解析で大きな業績をあげており、ヒトゲノムデータへの応用が期待される。一方、福島県三貫地遺跡出土の縄文人から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、2016年に斎藤成也や篠田謙一らが発表した。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。篠田らのグループは、これまで縄文時代人のミトコンドリアDNAのハプロタイプ解析をてがけてきた。最近では次世代シーケンシング法を用いて解析をすすめており、東北地方の縄文時代人と弥生時代人がゲノム的によく似ていることや、北九州の弥生人にならぬ縄文人のゲノムが伝わっていることもあきらかになりつつある。現代人に匹敵する高精度のゲノム配列を北海道礼文島遺跡出土の縄文人骨から得ており、論文の投稿準備中である。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年に藤尾慎一郎ら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。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るが、やがてこの新年代観が定着すると期待される。またゲノム分野と同様に、縄文と弥生という対立軸そのものが今後変貌する可能性がある。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アイヌ語は、日本語との近縁関係を否定する言語学者が多い。東ユーラシアの太平洋沿岸には、他の言語との近縁性が明快ではない孤立した言語が、日本語、朝鮮語、アイヌ語のほかにも、ギリヤーク語がある。これら東ユーラシアの言語全体について、遠藤光暁らは多数の言語学者による一連の共同研究を主宰して研究を進めてきた。一方、アイヌ人と明らかな遺伝的共通性を持つオキナワ人は、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、木部暢子らにより活発な研究が進んでいる。

## 2. 研究の目的

自然科学と人文社会科学の文理融合、日本と海外の研究者の交流、研究者と一般社会との交流を三本柱とする。このため、領域全体会議を毎年開催する、公開シンポジウムの開催、ホームページから動画を含めたさまざまな情報を社会に発信、ヤポネシア人ゲノム研究に関する日本語と英語のニュースレターYaponesianを出版する、この分野の若手研究者育成の支援、総括班が運営するサーバーにゲノムデータ、考古学データ、言語学データを格納し、それらのあいだの相互関係の解析を容易にする研究環境を整備する、などの活動をおこなう。

## 3. 研究の方法

総括班としては、総括班会議を年に4回以上開催するほか、年に2回の全体会議、年に1回の公開講演会および若手集会の開催をおこなう。また、最終年度を待たずに、3年目(2020年度)にはしかるべき出版社に打診して、全7巻から構成されるヤポネシア人の起源と歴史に関する書籍シリーズの刊行を企画し、5年間の新学術領域研究ヤポネシアゲノムが終了したあとただちにこれらの書籍が刊行されることを計画している。これら日本語の書籍は、国民に広く新学術領域研究ヤポネシアゲノムの成果を知っていただくためのものだが、英語の書籍についても、領域代表の斎藤成也がSpringer社のEvolutionary Studies SeriesのSeries Editorなので、ここで何冊かの英語の書籍を出版する計画である。

#### 4. 研究成果

(1) 2018年7月から、本新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」がはじまった。7月に第1回総括班会議を開催した。9月に公募研究の説明会を開催した。全体会議を11月に青山学院大学で開催し、計画研究の研究代表者と研究分担者の大部分が出席した。第2回総括班会議も開催した。同年9月には北海道大学にて「歴史はわかりセミナー第1回」を開催した。12月には韓国の遺跡を訪問するとともに、釜山大学で第3回総括班会議を開催した。2019年3月には京都駅前で開催された「第4回総括班会議」を開催し、同じく1月に北海道大学で若手研究集会を開催した。このほか、10月に三島市の市民文化会館と国立遺伝学研究所で開催された日本人類学会で本新学術領域関係のシンポジウムを4回開催した。

2019年2月にB02言語学班の班会議が石垣島と与那国島で開催されたが、他の研究者も多数参加して、学際的な研究会となった。2019年1月には、ドイツのイエナで開催された言語学・考古学・遺伝学の国際会議に本新学術研究の関係者4名が招待され講演した。

本新学術研究の活動を広く知っていただくために、季刊誌Yaponesian(領域代表の斎藤成也が編集長をつとめ、総括班の研究分担者とB01班の木下尚子が編集委員)を編集し、ゼロ号を2019年2月に刊行した。このゼロ号では、「ヤポネシア鼎談」として、総括班の斎藤成也・藤尾慎一郎・木部暢子が話し合いをした様子を掲載した。また、各計画研究の紹介をしたほか、「ことばめぐり」、「遺跡めぐり」、「しまめぐり」、「動植物ゲノム紹介」、「ソフトウェア紹介」、「研究室紹介」およびコラムとして「わたしの好きなヤポネシアのうた」の連載をスタートさせた。リレーエッセイをもうけ、ゼロ号では、先史モンゴロイド重点領域研究と新学術研究「旧人から新人への交代劇」の領域代表をされた赤澤威さんに寄稿していただいた。

(2) 自然科学と人文社会科学の文理融合、日本と海外の研究者の交流、研究者と一般社会との交流を三本柱とした。このため、領域全体会議の開催(年2回)、公開シンポジウムの開催、ホームページから動画を含めたさまざまな情報を社会に発信、ヤポネシア人ゲノム研究に関する日本語の季刊誌Yaponesianの出版、研究環境を整備、などの活動をおこなった。

リースしているサーバー(すさのを)および国立遺伝学研究所のスーパーコンピュータを用いて、現代人ゲノムの解析環境をととのえた。2018年度に購入したサーバー2台(うみさちとやまさち)を用いて、古代人や公開されている現代人ゲノムや動植物ゲノムデータの格納をおこない、それらデータの解析環境を整えた。季刊誌Yaponesianの2019年はる号、なつ号、あき号、2020年ふゆ号を編集刊行した。新学術領域研究ヤポネシアゲノムのウェブサイト運営した。

5月9日、神戸にて国際中国語学会のサテライト会議を開催し、言語学者と他分野の研究者が講演・議論をおこなった。5月10日、京都大学東京オフィスにて現代人ゲノムデータ共有に関する説明会を開催した。5月11~12日、東京上野の国立科学博物館にて全体会議と総括班会議を開催した。9月15日、総括班会議を開催し、また福井駅前アオッサにて公開講演会を開催した。9月24~25日、淡路島の淡路夢舞台にて「くにうみミーティング」(若手研究者育成の一環)を開催した。

(3) リースしているサーバー(すさのを)および国立遺伝学研究所のスーパーコンピュータを用いて、現代人ゲノムの解析環境をととのえた。2018年度に購入したサーバー2台(うみさちとやまさち)を用いて、古代人や公開されている現代人ゲノムや動植物ゲノムデータの格納をおこない、それらデータの解析環境を整えた。季刊誌Yaponesianの2020年はる号、なつ号、あき号、2021年ふゆ号を編集刊行した。新学術領域研究ヤポネシアゲノムのウェブサイト運営した。特に今年度は英語版を充実させた。2020年6月27~28日に、立川市の国立国語研究所にて総括班会議と全体会議をハイブリッド方式で開催した。2021年2月15~17日に、国立遺伝学研究所と共催で「ゲノム概念誕生百周年記念シンポジウム」をオンラインで開催した。2021年3月2~3日に「第2回くにうみミーティング」(若手研究者育成の一環)を開催し、公開講演会もオンラインで実施した。2021年3月19~21日に、佐倉市の国立歴史民俗博物館にて全体会議と総括班会議をハイブリッド方式で開催した。

(4) リースしているサーバー(すさのを)および国立遺伝学研究所のスーパーコンピュータを用いて、現代人ゲノムの解析環境をととのえた。2019年度に購入したサーバー2台(うみさちとやまさち)を用いて、古代人や公開されている現代人ゲノムや動植物ゲノムデータの格納をおこない、それらデータの解析環境を整えた。季刊誌Yaponesianの2021年はる号、なつ号、あき号、2022年ふゆ号を編集刊行した。新学術領域研究ヤポネシアゲノムのウェブサイト運営した。2021年6月12~13日に、オンラインにて総括班会議と全体会議を開催した。2021年11月28日に、国際日本文化研究センターと共催で「埴原和郎の二重構造モデル論文発表30周年記念公開シンポジウム」をハイブリッド方式で開催した。2022年2月12~13日に、オンラインにて全体

会議と総括班会議をハイブリッド方式で開催した。2022年3月15～17日に「第3回くにうみミーティング」(若手研究者育成の一環)を開催した。

(5) 2021年度でリースが終了しているサーバー(すさのを)および国立遺伝学研究所のスーパーコンピュータを用いて、現代人ゲノムの解析環境をととのえた。2019年度に購入したサーバー2台(うみさちとやまさち)を用いて、古代人や公開されている現代人ゲノムや動植物ゲノムデータの格納をおこない、それらデータの解析環境をととのえた。季刊誌 *Yaponesian* の2022年度はる号、なつ号、あき号、ふゆ号を編集刊行し、広く配布した。新学術領域研究ヤポネシアゲノムのウェブサイトを運営した。6月11～12日に苫小牧市文化交流センターにて、全体会議と総括班会議を開催した。淡路島の淡路夢舞台にて第4回「くにうみミーティング」(若手研究者育成の一環)を開催した。公開講演会を青山学院大学にて開催した(2023年9月17日)。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 10件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 斎藤成也	4. 巻 36
2. 論文標題 日本列島人の起源に文理融合研究でせまる	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 実験医学	6. 最初と最後の頁 2788-2788
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Timothy A. Jinam, Yosuke Kawai, and Naruya Saitou	4. 巻 129
2. 論文標題 Modern human DNA analyses with special reference to the inner dual-structure model of Yaponesian	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 3-11
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1537/ase.201217	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Noboru Adachi, Hideaki Kanzawa-Kiriyama, Takashi Nara, Tsuneo Kakuda, Iwao Nishida, and Ken-Ichi Shinoda	4. 巻 129
2. 論文標題 Ancient genomes from the initial Jomon period: new insights into the genetic history of the Japanese archipelago	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 13-22
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1537/ase.2012132	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hitoshi Suzuki	4. 巻 129
2. 論文標題 The time-dependent evolutionary rate of mitochondrial DNA in small mammals inferred from biogeographic calibration points with reference to the late Quaternary environmental changes in the Japanese archipelago	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 23-34
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1537/ase.201201	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mitsuaki Endo	4. 巻 129
2. 論文標題 Geographical distribution of certain toponyms in the Samguk Sagi	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 35-44
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1537/ase.201229	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Naoki Osada and Yosuke Kawai	4. 巻 129
2. 論文標題 Exploring models of human migration to the Japanese archipelago using genome-wide genetic data	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 45-58
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1537/ase.201215	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kai Koganebuchi and Hiroki Oota	4. 巻 129
2. 論文標題 Paleogenomics of human remains in East Asia and Yaponesia focusing on current advances and future directions	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 59-69
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1537/ase.2011302	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Masatoshi Matsunami, Kai Koganebuchi, Minako Imamura, Hajime Ishida, Ryosuke Kimura, and Shiro Maeda	4. 巻 38
2. 論文標題 Fine-scale genetic structure and demographic history in the Miyako Islands of the Ryukyu Archipelago	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Molecular Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 2045-2056
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/molbev/msab005	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Ken-Ichi Shinoda, Hideaki Kanzawa-Kiriyama, Tsuneo Kakuda, and Noboru Adachi	4. 巻 127
2. 論文標題 Genetic characteristics of Yayoi people in Northwestern Kyushu	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 25-43
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1537/asj.1904231	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hideaki Kanzawa-Kiriyama, Timothy A. Jinam, Yosuke Kawai, Takehiro Sato, Kazuyoshi Hosomichi, Atsushi Tajima, Noboru Adachi, Hirofumi Matsumura, Kirill Kryukov, Naruya Saitou, and Ken-Ichi Shinoda	4. 巻 127
2. 論文標題 Late Jomon male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 83-108
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1537/ase.190415	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Shin'ichiro Fujio	4. 巻 4
2. 論文標題 Early Grain Cultivation and Starting Processes in the Japanese Archipelago	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Quaternary	6. 最初と最後の頁 1-15 of issue 1
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/quat4010003	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計3件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 斎藤成也ほか
2. 発表標題 一般シンポジウム12 <新学術領域「ヤボネシアゲノム」始動! >
3. 学会等名 日本人類学会第72回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 齋藤成也ほか
2. 発表標題 公開シンポジウム 2 <DNAからみたヒトの進化>
3. 学会等名 日本人類学会第72回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 齋藤成也
2. 発表標題 現代出雲人と出雲神話をつなげるゲノムDNA研究
3. 学会等名 日本DNA多型学会第27回学術集会公開シンポジウム
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計6件

1. 著者名 増田隆一	4. 発行年 2020年
2. 出版社 北海道大学出版会	5. 総ページ数 384
3. 書名 ヒグマ学への招待	

1. 著者名 長田直樹	4. 発行年 2019年
2. 出版社 森北出版	5. 総ページ数 232
3. 書名 進化で読み解く バイオインフォマティクス入門	

1. 著者名 藤尾慎一郎	4. 発行年 2019年
2. 出版社 吉川弘文館	5. 総ページ数 86
3. 書名 わくわく！探検 れきはく日本の歴史 1	

1. 著者名 中川裕	4. 発行年 2019年
2. 出版社 集英社	5. 総ページ数 200
3. 書名 アイヌ文化で読み解く「ゴールデンカムイ」	

1. 著者名 篠田謙一	4. 発行年 2019年
2. 出版社 NHK出版	5. 総ページ数 240
3. 書名 新版 日本人になった祖先たち	

1. 著者名 Naruya Saitou	4. 発行年 2018年
2. 出版社 Springer	5. 総ページ数 529
3. 書名 Introduction to Evolutionary Genomics Second Edition	

〔産業財産権〕

〔その他〕

ヤポネシアゲノム  
<http://yaponesian.org/index.html>

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	藤尾 慎一郎  (FUJIO Shin-ichiro)  (30190010)	国立歴史民俗博物館・大学共同利用機関等の部局等・教授   (62501)	
研究分担者	木部 暢子  (KIBE Nobuko)  (30192016)	大学共同利用機関法人人間文化研究機構・その他部局等・機構長   (62618)	
研究分担者	篠田 謙一  (SHINODA Ken-ichi)  (30131923)	独立行政法人国立科学博物館・その他部局等・名誉研究員   (82617)	
研究分担者	遠藤 光暁  (ENDO Mitsuaki)  (30176804)	青山学院大学・経済学部・教授   (32601)	
研究分担者	鈴木 仁  (SUZUKI Hitoshi)  (40179239)	北海道大学・地球環境科学研究院・名誉教授   (10101)	

6. 研究組織（つづき）

	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	長田 直樹  (OSADA Nsoki)  (70416270)	北海道大学・情報科学研究科・准教授    (10101)	

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