

令和 7 年 9 月 4 日現在

機関番号：13301

研究種目：学術変革領域研究(A)

研究期間：2020～2024

課題番号：20H05822

研究課題名（和文）パレオゲノミクス解析プラットフォーム開発とその応用

研究課題名（英文）Development and Application of Platform for Paleogenomics

研究代表者

覚張 隆史（Gakuhari, Ttakashi）

金沢大学・古代文明・文化資源学研究所・准教授

研究者番号：70749530

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 70,100,000円

研究成果の概要（和文）：本計画研究は、中国古代文明の黎明期における人の移動のダイナミクスを人自体の遺伝情報および人以外の生物の遺伝情報を解析する仕組みづくりを行うことを目的に実施された。アジアにおいては多様な生物種を対象とした古代ゲノム解析プラットフォームが存在しなかったため、日本国内の若手研究者が連携することで構築を進め、プラットフォームの基礎を完成した。このプラットフォームを用いて、中国およびその周辺域の国において出土している古人骨及び生物遺体を用いた研究が展開された。その結果、中国文明黎明期における人の移動の実態および各地域・各時代における人口規模の可視化に成功し、考古学研究における新たな情報の提示がなされた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

これまでの中国における古代文明の起源研究は、遺跡出土考古遺物の型式学的な評価に基づいた人の移動の推察によって形作られてきた。しかし、考古遺物であるモノの移動は、人自体の移動を示す直接的な証拠にはならないため、人自体のゲノムデータに基づいた人の移動のダイナミクスを科学的に評価するための仕組みづくりが必要であった。本研究では、中国古代文明における古代ゲノムデータ解析に応用可能な解析プラットフォームの構築を実践し、プラットフォームを用いた応用研究によって多くの成果を得た。さらに、中国古代文明研究では見落とされていた、人の性別に偏りがある移動の証拠を発見し、過去の人口規模の可視化を世界で初めて行った。

研究成果の概要（英文）：This project was conducted with the goal of creating a platform for analyzing the dynamics of human migration in the dawn of ancient Chinese civilization, both in terms of the genetic information of humans themselves and that of non-human organisms. Using this platform, studies were conducted using ancient human remains and other organisms excavated in China and neighboring countries, which successfully visualized the dynamics of human migration in the dawn of Chinese civilization and the population size in each region and time period, providing new information for archaeological research.

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 考古科学 古人骨 生物遺体

様式 C-19、F-19-1 (共通)

1. 研究開始当初の背景

古代中国内外との文化的ハイブリディティ形成過程において、社会の最小単位である個人が他地域文明の個人とどのように接触し、その交流が各地域文化内でどのように社会的に受容されていたか、その実態は未だ不明な点が多い。また、西方からの古代中国への文化的インパクトが生じる過程では、もともと中国にはいなかった家畜（ウマ・ウシ・ヒツジなど）や野生種がヒトの移動に伴って持ち込まれ、これに伴いヒトの眼には見えない微生物（病原菌・寄生虫など）も併せて侵入してきたと考えられる。これら多様な生物群がどの地域からどのルートを紹介してもたらされていたか、未だその実態を示す直接的な証拠は得られていない。本計画研究では、大規模な古代ゲノムデータ解析を可能とする専用プラットフォームを構築することで、①古人骨と現代人の再解析からみたヒトの動態、②家畜からみた「モノ」の動態、③ヒトに寄生する動物・病原菌からみたヒトの動態を遺伝学的に評価し、古代中国文明形成期における中国内外のハイブリディティの可視化を試みる必要があった。

2. 研究の目的

本計画研究では、古代ゲノムデータをハイスループットで解析する古代ゲノムデータ専用の自動解析プラットフォームを開発して、①既報の古人骨ゲノムと現代少数民族の再解析と、新規古人骨ゲノムから直接的にみたヒトの動態、②家畜という「モノ」のゲノムからみたモノの動態、③ヒトに寄生する細菌・病原菌の古代ゲノムから間接的にみたヒトの動態を通して、中国文明形成期における中国内外のハイブリディティを可視化する。

具体的には、まず既存の次世代ゲノム解析技術を用いた遺跡出土人骨・動物骨のゲノム解析を覚張と分担者の和久が、堆積物・歯石などの環境ゲノム解析を分担者の澤藤が担当して確実に進める。また、研究を加速させるために、得られたゲノムデータを自動解析する古代ゲノムデータ自動解析プラットフォームの開発を分担者の石谷が、現生および古代ゲノムを統合したビッグデータに基づく統計数理的解析を分担者の中込が担当する。さらに、研究代表者の覚張は現地でのゲノム解析を可能にする新たなオンサイト前処理・分析技術を開発し、多地域における古代ゲノムデータ取得のさらなる加速を促すことを試みる。

3. 研究の方法

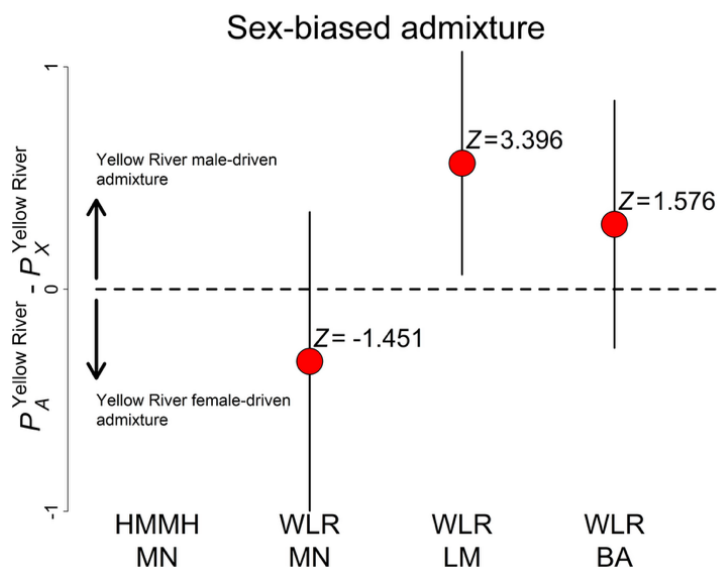
本領域の研究目的のひとつは、中国に周辺地域からもたらされた文化的・人的インパクトが文明形成に果たした役割を明らかにすることである。そのために、中国を中心とした東アジアにおける新石器時代から現代までのヒト・家畜・野生動物・微生物などの移動史を、自然科学的データに基づいて実証的に復元を試みた。本計画班では、新たな古代ゲノム解析プラットフォームを実現することで、ヒトだけでなく様々な動物・植物について、中国及び中国との関連が指摘されている中央アジアや東アジア諸国の多様な分析資料の解析を試みた。

4. 研究成果

本研究では、中国古代文明の黎明期である新石器時代から王朝国家が誕生する初期青銅器時代におけるヒトとモノの移動を可視化するために、日本で初めて古代ゲノム解析専用のプラットフォームを開発し、遺跡出土骨に応用を試みることを目標として研究を推進した。

研究代表者の覚張を中心に、研究分担者4名（中込・和久・澤藤・石谷）が4つの研究課題を設定して計画研究に取り組んだ。4つの研究課題は、ヒトのパレオゲノミクスを中込が、動物のパレオゲノミクスを和久が、遺跡堆積物のパレオゲノミクスを澤藤が、パレオゲノミクス専用のプラットフォーム開発を石谷が担当した。初年度から2年目で古代ゲノム解析専用プラットフォームの基盤整備を終え、初期の目標の一つが達成された。開発した古代ゲノム解析専用プラットフォームを用いて、実際の遺跡出土骨への応用を試み、国際水準の高い品質の古代ゲノムデータの取得および解析を達成した。

COVID19の影響が長期化したことと、中国国内における遺伝資源の持ち出し及び海外研究者の分析が禁じられるなどの厳しい条件が重なり、中国の遺跡出土人骨や動物骨から直接的に古代ゲノム解析を実施することができなかった。しかしながら、古代ゲノム解析専用プラットフォームを用いて、すでに報告された公開済みの中国新石器時代から青銅器時代の遺跡出土人骨のゲノムデータを比較解析し、中国古代文明の黎明期において、比較的大規模な”Sex-biased migration (性別の偏りがあるヒトの移動)”の存在を世界で初めて



西遼河地域における”Sex-biased migration”の検出

実証した。さらに、これらのデータを再解析し、地域・時代ごとの相対的な人口差を可視化することに成功し、新石器時代後期に黄河流域において徐々に人口増加が見られ、初期青銅器時代からどの地域においても人口が爆発的に増加することをゲノムデータから初めて実証した。

家畜のゲノム解析においては西域の遺跡出土馬と羊のゲノムデータの取得に成功し、西側からの移動の痕跡が検出され、ウェスタンインパクトの影響がヒトでは検出されないものの、家畜ではその影響が検出されることが分かり、ヒトの移動とモノの移動における挙動の違いが異なる現象を示すことができた。文化のハイブリディティが、必ずしもヒトの混血とイコールではないことを実資料に基づいて評価したことは、世界各地に存在する古代文明のハイブリディティと外部インパクトの実態を評価する上で重要な示唆を与えうると考えられる。さらに、このモデルはC01班との日本列島の弥生人骨の分析にも応用され、類似の結果が得られている。ハイブリディティ及びウェスタンインパクトに関する、これらの実証的な情報を提示することができたことから、C02班が掲げた目標は達成されたと考えている。

古代ゲノム解析プラットフォーム開発において、金沢大学において古代ゲノム専用の分析プラットフォームと解析プラットフォームの環境構築を進め、当初の目標通りに古代ゲノム解析専用プラットフォームの基盤の開発が完了した。また、東京農業大学及び総合研究大学院大学においても古代ゲノム解析専用のプラットフォームの基盤整備ができ、日本国内における古代ゲノム解析ネットワークの構築ができた。これらの古代ゲノム解析専用プラットフォームを遺跡出土骨や堆積物の古代ゲノム解析のために実際に応用するべく、遺跡出土人骨の分析に着手を試みた。残念ながらCOVID19の影響が長期化したために、中国の遺跡出土資料の分析ができない状況であったため、応用のためのモデル研究を日本列島の遺跡出土人骨や周辺国の試料に対象を変更した。その結果、古代ゲノム解析専用プラットフォームの応用によって、日本列島人の複雑な混血史の一端を解明することに成功し、その成果は*Science Advances*に2報 (Cooke *et al.* 2021, Liu *et al.* 2024)、*Nature Communications*に1報

(Yamamoto *et al.* 2024)、*iScience*に1報 (Cooke *et al.* 2024) を公開し、世界的な評価を得た。

この様に、古代ゲノム解析専用プラットフォームが国際的に高い学術水準を満たしていることを示せたため、既存データの再解析からも中国文明の起源研究に関連した新たな試みが検討可能であると考えた。中国新石器時代から初期青銅器時代の古代ゲノムデータを収集し、本プラットフォームに比較できるようにリファレンスデータとして実装し、新たな古代ゲノム解析を試みた。中国新石器時代中期から後期にかけて黄河中流域集団が西遼河地域集団と大きな混血イベントがあったことがすでに先行研究で報告されていたが、本計画班の再解析によって、その混血イベントにおいて男性が移動してきたことによる影響が強いことが示され、”Sex-biased migration”の現象であること

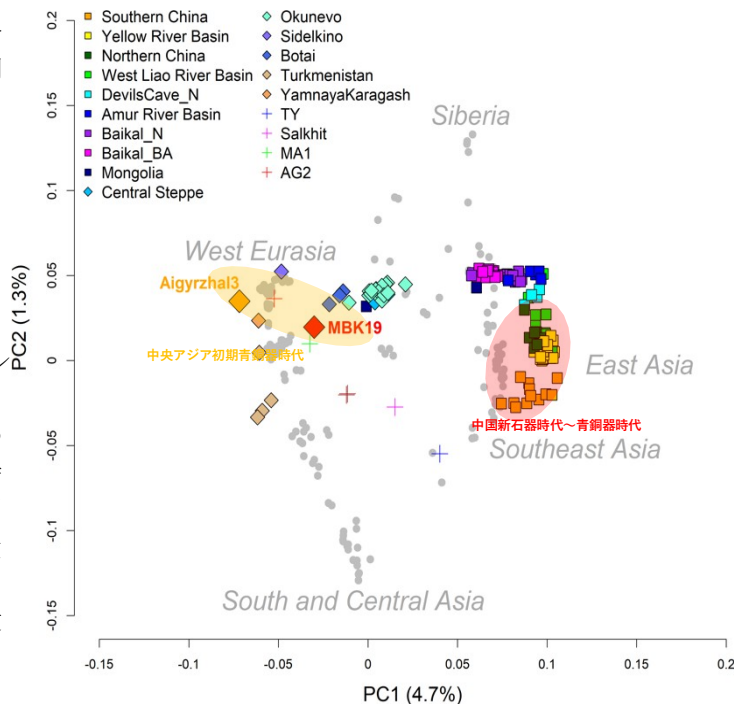
を世界で初めて実証した (Nakagome & Cooke 2024, *Anthropological Science*)。遺跡出土試料のサンプリングが困難なため、既に以前から連携を進めていた計画研究 A01の久米が研究対

象としているキルギス及びウズベキスタンの遺跡出土試料のゲノム解析を実施し、青銅器時代のヒト、ウマ、ヒツジ・堆積物からゲノムデータの取得に成功した（覚張・和久・澤藤・石谷・久米

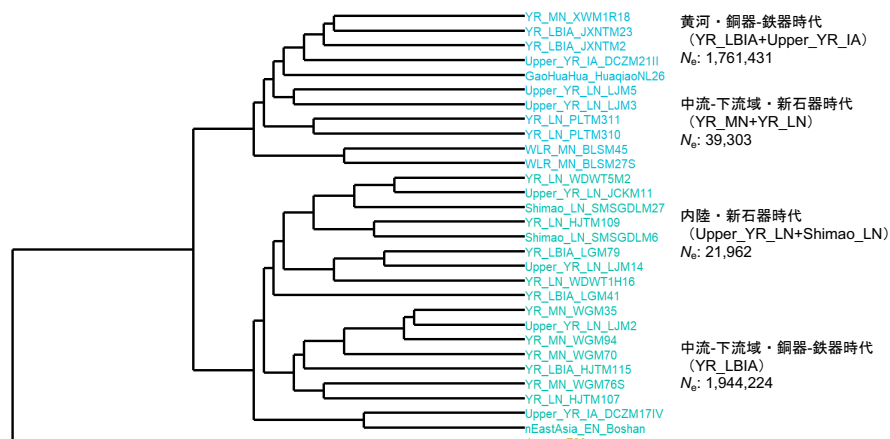
(A01)）。遺跡出土人骨のゲノムデータと既報の新石器時代遺跡出土人骨のゲノムデータと比較し、ウェスタンインパクトの影響を検討した。その結果、両遺跡の形成に関わった人類集団と中国新石器時代及び青銅器時代の人類集団の間で明確な混血の痕跡が検出されなかった。一方で、ウマ・ヒツジは西側集団との遺伝的な類似性が検出された。これらの結果は、中央アジアと中国において大規模なヒトの流入がなかった可能性を示唆し、ヒトのウェスタンインパクトが都市形成に直接的に関与していない可能性が示唆された。

古代ゲノム解析専用プラットフォームを用いて、良渚インパクトの実態を評価するために、新石器時代から青銅器時代の各地域における集団サイズの相対的な差を可視化することを試みた。新石器時代における黄河流域が西遼河盆地、中国内陸よりも集団サイズが多い傾向で新石器時代後期から徐々に人口が増加し1万人規模に達し、青銅器時代に100万人以上の有効集団サイズに急増したことが示された。この結果は、世界で初めてゲノムデータから良渚インパクトの可視化ができた大きな成果と言える。

分担研究者の澤藤及び公募研究者の太田は堆積物及び糞石の古代ゲノム解析の手法開発を実施し、ヒトの周囲環境をこれらのゲノムデータから復元するための新たな解析法を構築し、実際の試料を用いて応用可能か検証を試みた。また、覚張及び石谷は、現地でゲノムデータを取得する「オンサイト・パレオゲノミクス」の実験系及び解析系の開発を試み、これを達成した。この様に、手法開発から応用研究によって中国文明起源の新たなモデル研究を提示できた。



西域の遺跡出土人骨のゲノム解析によるウェスタンインパクトの評価



Inferred IBD クラスタ分析による系統解析および有効集団サイズの比較

石の古代ゲノム解析の手法開発を実施し、ヒトの周囲環境をこれらのゲノムデータから復元するための新たな解析法を構築し、実際の試料を用いて応用可能か検証を試みた。また、覚張及び石谷は、現地でゲノムデータを取得する「オンサイト・パレオゲノミクス」の実験系及び解析系の開発を試み、これを達成した。この様に、手法開発から応用研究によって中国文明起源の新たなモデル研究を提示できた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計18件（うち査読付論文 17件 / うち国際共著 13件 / うちオープンアクセス 17件）

1. 著者名 Yamamoto Kenichi, Gakuhari Takashi, Nakagome Shigeki, Okada Yukinori	4. 巻 15
2. 論文標題 Genetic legacy of ancient hunter-gatherer Jomon in Japanese populations	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 1-15
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-024-54052-0	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 該当する

1. 著者名 Cooke Niall P., Murray Madeleine, Cassidy Lara M., Mattiangeli Valeria, Okazaki Kenji, Kasai Kenji, Gakuhari Takashi, Bradley Daniel G., Nakagome Shigeki	4. 巻 27
2. 論文標題 Genomic imputation of ancient Asian populations contrasts local adaptation in pre- and post-agricultural Japan	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 110050 ~ 110050
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2024.110050	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 該当する

1. 著者名 Liu Xiaoxi, Koyama Satoshi, Tomizuka Kohei, Takata Sadaaki, Ishikawa Yuki, Ito Shuji, Kosugi Shunichi, Suzuki Kunihiro, Hikino Keiko, Koido Masaru, Koike Yoshinao, Horikoshi Momoko, Gakuhari Takashi, Ikegawa Shiro, Matsuda Kochi, Momozawa Yukihide, Ito Kaoru, Kamatani Yoichiro, Terao Chikashi	4. 巻 10
2. 論文標題 Decoding triancestral origins, archaic introgression, and natural selection in the Japanese population by whole-genome sequencing	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 1-17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/sciadv.adi8419	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 該当する

1. 著者名 Nakagome Shigeki, Cooke Niall P.	4. 巻 132
2. 論文標題 Male-driven admixture facilitated subsistence shift in northern China	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 79 ~ 84
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1537/ase.240520	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 該当する

1. 著者名 Giulia Zampirolo, Luke E. Holman, Rikai Sawafuji, Michaela Ptakova, Lenka Kovacicova, Petr Sida, Petr Pokorny, Mikkel Winther Pedersen, Matthew Walls	4. 巻 34
2. 論文標題 Tracing early pastoralism in Central Europe using sedimentary ancient DNA	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Current Biology	6. 最初と最後の頁 4650 ~ 4661.e4
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.cub.2024.08.047	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 該当する

1. 著者名 Sawafuji Rikai, Tsutaya Takumi, Takahata Naoyuki, Pedersen Mikkel Winther, Ishida Hajime	4. 巻 333
2. 論文標題 East and Southeast Asian hominin dispersal and evolution: A review	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Quaternary Science Reviews	6. 最初と最後の頁 108669 ~ 108669
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.quascirev.2024.108669	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 該当する

1. 著者名 Lee Juhyeon, Sato Takehiro, Tajima Atsushi, Amgalantugs Tsend, Tsogtbaatar Batmunkh, Nakagome Shigeki, Miyake Toshihiko, Shiraishi Noriyuki, Jeong Choongwon, Gakuhari Takashi	4. 巻 4
2. 論文標題 Medieval genomes from eastern Mongolia share a stable genetic profile over a millennium	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Human Population Genetics and Genomics	6. 最初と最後の頁 1 ~ 11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.47248/hpgg2404010004	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 該当する

1. 著者名 Xiaokaiti Xiayire, Sato Takao, Kasai Kenji, Machida Kenichi, Yamazaki Kyomi, Yamaji Naomitsu, Kikuchi Hiroki, Gojobori Jun, Hongo Hitomi, Terai Yohey, Gakuhari Takashi	4. 巻 132
2. 論文標題 The history of ancient Japanese dogs revealed by mitogenomes	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 1 ~ 11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1537/ase.230617	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 該当する

1. 著者名 Cooke Niall P., Mattiangeli Valeria, Cassidy Lara M., Okazaki Kenji, Kasai Kenji, Bradley Daniel G., Gakuhari Takashi, Nakagome Shigeki	4. 巻 5
2. 論文標題 Genomic insights into a tripartite ancestry in the Southern Ryukyu Islands	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Evolutionary Human Sciences	6. 最初と最後の頁 1-9
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1017/ehs.2023.18	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 該当する

1. 著者名 Niall P. Cooke, Valeria Mattiangeli, Lara M. Cassidy, Kenji Okazaki, Caroline A. Stokes, Shin Onbe, Satoshi Hatakeyama, Kenichi Machida, Kenji Kasai, Naoto Tomioka, Akihiko Matsumoto, Masafumi Ito, Yoshitaka Kojima, Daniel G. Bradley, Takashi Gakuhari, Shigeki Nakagome	4. 巻 7
2. 論文標題 Ancient genomics reveals tripartite origins of Japanese populations	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 1-15
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/sciadv.abh2419	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 該当する

1. 著者名 Daisuke Waku, Takashi Gakuhari, Kae Koganebuchi, Minoru Yoneda, Osamu Kondo, Tadayuki Masuyama, Yasuhiro Yamada, Hiroki Oota	4. 巻 129
2. 論文標題 Complete mitochondrial genome sequencing reveals double-buried Jomon individuals excavated from the Ikawazu shell-mound site were not in a mother-child relationship	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Anthropological Science	6. 最初と最後の頁 -
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 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 覚張隆史・山崎京美	4. 巻 12
2. 論文標題 市川市出土縄文・古代犬骨のゲノム解析に向けての事前調査報告	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 市史研究 いちかわ	6. 最初と最後の頁 120-131
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 Marie Saitou, Skyler Resendez, Apoorva J Pradhan, Fuguo Wu, Natasha C Lie, Nancy J Hall, Qihui Zhu, Laura Reinholdt, Yoko Satta, Leo Speidel, Shigeki Nakagome, Neil A Hanchard, Gary Churchill, Charles Lee, G Ekin Atilla-Gokcumen, Xiuqian Mu, Omer Gokcumen	4. 巻 7
2. 論文標題 Sex-specific phenotypic effects and evolutionary history of an ancient polymorphic deletion of the human growth hormone receptor.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 1-11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/sciadv.abi4476	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 該当する

1. 著者名 Alpaslan-Roodenberg, , , Rikai Sawafuji et al.	4. 巻 59
2. 論文標題 Ethics of DNA Research on Human Remains: Five Globally Applicable Guidelines.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nature	6. 最初と最後の頁 1-46
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41586-021-04008-x	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 該当する

1. 著者名 Shiba, T., Komatsu, K., Sudo, T., Sawafuji, R., Saso, A., Ueda, S., Watanabe, T., Nemoto, T., Kano, C., Nagai, T., Ohsugi, Y., Katagiri, S., Takeuchi, Y., Kobayashi, H., Iwata, T.	4. 巻 11
2. 論文標題 Comparison of Periodontal Bacteria of Edo and Modern Periods Using Novel Diagnostic Approach for Periodontitis with Micro-CT.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Cellular and Infection Microbiology	6. 最初と最後の頁 1-14
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fcimb.2021.723821	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 sutaya, T., Mackie, M., Sawafuji, R., Miyabe-Nishiwaki, T., Olsen, J. V., Cappellini, E.	4. 巻 21
2. 論文標題 Faecal proteomics as a novel method to study mammalian behaviour and physiology.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Molecular Ecology Resources	6. 最初と最後の頁 808-819
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/1755-0998.13380	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 該当する

1. 著者名 Koji Ishiya, Nobutaka Nakashima	4. 巻 44
2. 論文標題 Comparative Genome Analysis Reveals Accumulation of Single-Nucleotide Repeats in Pathogenic Escherichia Lineages.	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Current Issues in Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 498-504
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/cimb44020034	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 Koji Ishiya, Sachiyo Aburatani	4. 巻 19
2. 論文標題 Multivariate statistical monitoring system for microbial population dynamics.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Physical biology	6. 最初と最後の頁 1-12
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1088/1478-3975/ac3ad6	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8件 (うち招待講演 6件 / うち国際学会 3件)

1. 発表者名 覚張隆史
2. 発表標題 海外の遺跡出土骨からゲノムを読む オンサイトパレオゲノミクスの創出と課題
3. 学会等名 MBSJ 2023 (日本分子生物学会) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Shigeki Nakagome
2. 発表標題 Genomic insights into human past and health from a study of insular East Asia
3. 学会等名 Trinity Translational Medical Institute Conference 2023 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Shigeki Nakagome
2. 発表標題 Insights into demography, selection, and pathogen loads
3. 学会等名 International Symposium for Paleogenomics -Great Journey Linking Medicine & Archaeology- (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 石谷孔司
2. 発表標題 パレゲノミクス2.0~異分野連携に向けたパレオゲノミクスデータの活用~
3. 学会等名 金沢大学サピエンス進化医学研究センター キックオフシンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 覚張隆史
2. 発表標題 遺跡出土人骨からゲノムを読む 進化医学と考古学の融合研究に向けて
3. 学会等名 第42回金沢腎セミナー (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 覚張隆史
2. 発表標題 遺跡出土骨の全ゲノム解析における方法論的検討
3. 学会等名 日本動物考古学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 澤藤りかい・上原麗・加藤均・植田信太郎・木村亮介・石田肇
2. 発表標題 現代人歯石からの食物DNA解析
3. 学会等名 日本人類学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 澤藤りかい
2. 発表標題 古代の病原体DNA解析; その動向と評価について
3. 学会等名 人文学のための古代DNAセミナー(招待講演)
4. 発表年 2021年

〔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	中込 滋樹 (Nakagome Shigeki) (40625208)	金沢大学・古代文明・文化資源学研究所・客員准教授 (13301)	
研究分担者	石谷 孔司 (Ishiya Koji) (40826062)	金沢大学・サピエンス進化医学研究センター・助教 (13301)	
研究分担者	澤藤 りかい (Sawafuji Rikai) (50814612)	九州大学・比較社会文化研究院・講師 (17102)	

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	和久 大介 (Waku Daisuke) (60793578)	東京農業大学・国際食料情報学部・助教 (32658)	

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2件

国際研究集会 International Symposium for Paleogenomics -Great Journey Linking Medicine & Archaeology-	開催年 2024年～2024年
国際研究集会 Paleogenomics; the eastern and western edges of Eurasia.	開催年 2022年～2022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