

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 2 年 6 月 8 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2017～2019

課題番号：17H03738

研究課題名(和文) 先史日本列島の糞石および歯石のメタゲノム解析

研究課題名(英文) Metagenome analyses of coprolite and dental calculus for prehistoric specimens from the Japanese Archipelago

研究代表者

太田 博樹(Hiroki, Oota)

東京大学・大学院理学系研究科(理学部)・教授

研究者番号：40401228

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,200,000円

研究成果の概要(和文)：本研究の目的は、先史時代遺跡で見つかる糞石や歯石のゲノム解析をおこなうことにより、当時の人々の摂食対象となっていた動植物の同定する技術の確立である。本研究では、この技術的基礎を確立のために飼育下の哺乳動物の糞便、伝統的生活を続ける現代の先住民の糞便などを持ちいて糞便からのDNA抽出技術の改良、ゲノム解析による摂食物同定技術の最適化を進めて来た。こいして蓄積したノウハウにもとづき、日本の先史時代の糞石、歴史時代の歯石からDNAを抽出し、DNAメタバーコーディング法による摂食物同定に成功した。 に関して国際誌PLoS ONEで原著論文を発表した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

これまであまり研究対象とされてこなかった糞石および歯石に着目し、過去の人々が実際に何を食べていたかを明らかにするその第一歩が達成できたことの学術的意義は大きい。わたしたちの成果からゲノム解析にもとづく食性分析により、従来の方法では分からなかった、科あるいは属レベルでの摂食対象生物の同定が可能になった。食生活は、戦後の欧米化によって劇的に変化したが、これが現代日本人の健康にどのように影響しているかを過去にまでさかのぼった定量的な研究はこれまでほぼ皆無であった。本研究で得られるゲノム配列データがその答えを与えることが期待でき、社会的意義も大きい。

研究成果の概要(英文)：The purpose of this study is to establish a technique for identifying the flora and fauna that were the target of feeding by people at that time by performing genomic analysis of coprolites and dental stones found in prehistoric sites. In this study, in order to establish this technical basis, we improved DNA extraction technology from feces by using (1) feces of captive mammals, (2) faeces of modern indigenous people who continue traditional life, and ingestion by genomic analysis. We have been optimizing food identification technology. Based on the accumulated know-how, we succeeded in identifying food by the DNA metabarcoding method by extracting DNA from (3) Japanese prehistoric coprolites and (4) historical dental stones. Regarding the fourth results, the original paper was published in the international magazine PLoS ONE.

研究分野：人類集団遺伝学、分子人類進化学、ゲノム人類学

キーワード：糞石 歯石 ゲノム DNAメタバーコーディング法 摂食物同定 狩猟採集 農耕牧畜 先史時代

1. 研究開始当初の背景

人類史において生業形態の変化(すなわち狩猟採集から大規模農耕への移行)はエポックメイキングの1つである。先史時代の日本列島においては縄文時代から弥生時代への文化的変容期がこれにあたる。生業形態の変化は食性の変化を伴う。従来、食性は古人骨の炭素および窒素の安定同位体比にもとづき分析されてきた。一方、欧米では絶滅動物の糞石(coprolite)から抽出したDNAにもとづく食性分析も試みられてきた。より最近では次世代型シーケンサー(next generation sequencer: NGS)の技術的進歩により、古代アメリカ先住民の糞石や古人骨に付着した歯石(dental calculus)のメタゲノム解析がその新たなにない手として脚光をあびている。本邦では最近、縄文人のゲノム解析が報告されたが、古代人の糞石や歯石のゲノム解析についてはほぼ皆無である。

2. 研究の目的

先史時代の日本列島に住んでいた人々は2~3千年ほど前に劇的な“食”の変化を経験した。すなわち狩猟採集が中心であった縄文時代から大規模農耕が始まった弥生時代にかけての食性の変化である。この変化が先史日本列島人に与えた生物学的インパクトは大きかったと予想される。本研究では先史時代遺跡で見つかる糞石や歯石のメタゲノム解析をおこない、“食”の対象となっていた動植物の特定を実現し、先史日本列島人の食性を総合的に理解することを本研究の目的とする。

3. 研究の方法

方法の概要

DNAメタバーコーディング法による摂食物同定をおこなった。対象として、葉緑体ゲノムの

試料の概要

糞石は縄文時代遺跡からしばしば発見される。弥生時代では居住地周囲の環濠などで排泄をおこなっていたと考えられるため、糞石の発見例はほぼ皆無である。本研究では福井県の縄文時代遺跡である鳥浜貝塚遺跡から出土した糞石を主な分析対象とする。これ

らは若狭歴史民俗資料館の鯨本眞友美（協力）が管理している。また、茨城県ひたちなか市と大洗町の縄文時代の遺跡である三反田蜆塚貝塚遺跡および吹上貝塚遺跡から出土した糞石もこの列に加える。これらは、ひたちなか市埋蔵文化財調査センター稲田健一（協力）が管理するものである。歯石は炭水化物の摂取が増えた時期から付着を示す人骨が増加する。ちょうど弥生時代がその時期にあたる。本研究では、大規模水田農耕の遺構が多く見つかる北部九州に着目する。この地域の弥生時代人骨の多くが長崎大学で保管されている。これら弦本敏行（連携）が所蔵する弥生時代遺跡出土人骨の歯牙に付着した歯石を主な分析対象とする。歯石の採取は石田肇（連携）の指導のもとで実施する。

4．研究成果

（１）現代パプアニューギニア人の糞便試料から DNA を抽出し、DNA メタバーコーディング法を適応し、ゲノム解析した結果、人類生態学の野外調査から得られていた情報と整合性のある結果であることが判明した。

（２）日本の動物園など飼育下にあるムササビの糞便試料から DNA を抽出し、DNA メタバーコーディング法を適応し、ゲノム解析した結果、与えている飼料とほぼ一致する結果が得られた。

（３）これらの結果から、DNA メタバーコーディング法による摂食物同定について、一定の正確性・信頼性があることが明らかになった。

（４）江戸時代の古人骨に付着する歯石から DNA を抽出し、DNA メタバーコーディング法を適応し、ゲノム解析することで、当時の食物や生活習慣を個人レベルで明らかにした植田信太郎（分担）らの論文が、国際誌 PLoS ONE に出版された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計8件（うち査読付論文 6件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 6件）

1. 著者名 H. McColl, (three authors), T. Gakuhari, (55 authors), H. Oota, C. Higham, D. M. Lambert, E. Willerslev	4. 巻 361
2. 論文標題 The prehistoric peopling of Southeast Asia	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Science	6. 最初と最後の頁 88-92
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/science.aat3628	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 K. Koganebuchi, T. Gakuhari, H. Takeshima, K. Sato, K. Fujii, T. Kumabe, S. Kasagi, T. Sato, A. Tajima, H. Shibata, M. Ogawa, H. Oota	4. 巻 13(7)
2. 論文標題 A new targeted capture method using bacterial artificial chromosome (BAC) libraries as baits for sequencing relatively large genes	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0200170
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0200170	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 R. Sawafuji, A. Saso, W. Suda, M. Hattori, S. Ueda	4. 巻 15
2. 論文標題 Ancient DNA analysis of food remains in human dental calculus from the Edo period, Japan	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0226654
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226654	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 K. Ishiya, F. Mizuno, L. Wang, S. Ueda	4. 巻 13
2. 論文標題 MitoIMP: A Computational Framework for Imputation of Missing Data in Low-Coverage Human Mitochondrial Genome	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Bioinformatics and Biology Insights	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) https://doi.org/10.1177/1177932219873884	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 F. Mizuno, (6名), S. Ueda	4. 巻 44
2. 論文標題 Characterization of complete mitochondrial genomes of indigenous Mayans in Mexico.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Annals of Human Biology	6. 最初と最後の頁 652-658
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/03014460.2017.1358393	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 F. Mizuno, M. Kumagai, (3名), S. Ueda, L. Wang	4. 巻 62
2. 論文標題 Imputation approach for deducing a complete mitogenome sequence from low-depth-coverage next-generation sequencing data: Application to ancient remains from the Moon Pyramid, Mexico.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Journal of Human Genetics	6. 最初と最後の頁 631-635
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/jhg.2017.14	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 N. Tanaka, (2名), M. Kumagai, (8名)	4. 巻 61
2. 論文標題 Whole-genome sequencing of the NARO World Rice Core Collection (WRC) as the basis for diversity and association studies	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Plant Cell Physiol	6. 最初と最後の頁 922-932
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/pcp/pcaa019	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 M. Kumagai, (7名)	4. 巻 26
2. 論文標題 TASUKE+: a web-based platform for exploring GWAS results and large-scale resequencing data	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 DNA Res.	6. 最初と最後の頁 445-452
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsz022	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 -

〔学会発表〕 計27件（うち招待講演 9件 / うち国際学会 8件）

1. 発表者名 H. Oota
2. 発表標題 The Jomon genome and migration of anatomical modern humans to East Asia
3. 学会等名 Transeurasian millets and beans, language and genes (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 太田博樹
2. 発表標題 遺伝人類学からみた東アジア・日本列島への人類の拡散
3. 学会等名 日本旧石器学会第16回大会シンポジウム「日本列島への人類拡散と後期旧石器時代の成立を考える」(招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 K. Koganebuchi, T. Gakuhari, H. Takeshima, S. Kasagi, T. Sato, A. Tajima, H. Shibata, M. Ogawa, H. Oota
2. 発表標題 A new targeted-capture method using bacteria artificial chromosome (BAC) as baits exclusively developed for sequencing relatively large loci of ancient DNA
3. 学会等名 The Society for Molecular Biology and Evolution, Annual Meeting (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 R.W. Schmidt, D. Fernandes, J. Karsten, T. Harper, G. Madden, S. Ledogar, M. Sokhatsky, H. Oota, R. Pinhasi
2. 発表標題 The Transition to Farming in Eneolithic (Copper Age) Ukraine was Largely Driven by Population Replacement
3. 学会等名 The Society for Molecular Biology and Evolution, Annual Meeting (国際学会)
4. 発表年 2018年

1 . 発表者名 T. Gakuhari, M. Sikora, S. Rasmussen, M. Allentoft, T. Sato, T. Kornliussen, M. Yonda, H. Ishida, Y. Yamada, H. Shibata, S. Nakagome, E. Willerslev, H. Oota
2 . 発表標題 Whole genome analysis of the Jomon remain reveals deep lineage of East Eurasian populations
3 . 学会等名 The Society for Molecular Biology and Evolution, Annual Meeting (国際学会)
4 . 発表年 2018年

1 . 発表者名 H. Matsumae, P.E. Savage, B. Bickel, T.E. Currie, T. Sato, A. Tajima, M. Stoneking, K.K. Shimizu, M. Gillan, S. Brown, H. Oota
2 . 発表標題 Complex human histories of Northeast Asia revealed by correlaions between genes, language, and music
3 . 学会等名 The Society for Molecular Biology and Evolution, Annual Meeting (国際学会)
4 . 発表年 2018年

1 . 発表者名 T. Sato, N. Adachi, R. Kimura, M. Yoneda, H. Oota, A. Tajima, A. Toyoda, H. Matsumae, K. Koganebuchi, K.K. Shimizu, T. Hanihara, A. Weber, H. Kato, H. Ishida
2 . 発表標題 Human population history in the southwestern coastal region of Sea of Okhotsk, inferred from ancient genome analysis
3 . 学会等名 The Society for Molecular Biology and Evolution, Annual Meeting (国際学会)
4 . 発表年 2018年

1 . 発表者名 H. Oota
2 . 発表標題 A trial for reconstructing human population history in the Japanese archipelago-through the simulation based on genome-wide deta and ancient DNA analyses
3 . 学会等名 The Genome Evolution at Mishima (招待講演)
4 . 発表年 2017年

1. 発表者名 太田博樹
2. 発表標題 古代ゲノム学の現状とキャッチアップにむけての試行
3. 学会等名 日本進化日本進化学会第19回大会 シンポジウム「比較ゲノムから幹細胞人類学へ：ヒト表現型進化のゲノム基盤解明に向けた新たな取り組み」(招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 R.W.Schmidt, D. Fernandes, K. Wakabayashi, K. Koganebuchi, T. Gakuhari, J. Karsten, K. Kubehl, G. Madden, M. Sokhatsky, H. Oota, R. Pinhasi
2. 発表標題 Ukrainian Eneolithic (3500BCE) Trypillian agropastoralists and their genetic association with Neolithic farmers from Southern Europe and the Near East
3. 学会等名 The Society for Experimental Biology conference
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 若林賢、ライアン シュミット W., 覚張隆史、小金淵佳江、ジョーダン カーステン、ミハイオ ソハトスキー、小川元之、太田博樹
2. 発表標題 ヴァティエバ洞窟遺跡出土人骨のDNA分析～初期牧畜農耕民の集団構造推定に向けて
3. 学会等名 第71回日本人類学会大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 小金淵佳江、覚張隆史、武島弘彦、笠木聡、佐藤文寛、田嶋敦、柴田弘紀、小川元之、太田博樹
2. 発表標題 古代ゲノム解析への応用に向けたBACダブルキャプチャー法の検討
3. 学会等名 第71回日本人類学会大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 熊谷真彦
2. 発表標題 メタゲノム解析の基礎
3. 学会等名 第214 回農林交流センターワークショップ「NGSデータ解析シンポジウム」(招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 S. Shoda, M. Kumagai
2. 発表標題 Multidisciplinary approach for tracing the intertangle spread of rice and millet in Northeast Asia
3. 学会等名 Transeurasian millets and beans, languages and genes, Jena, Germany. (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 M. Kumagai (7名)
2. 発表標題 TASUKE+: A Web-Based Platform for Large-Scale Resequencing Data and Exploring GWAS Results
3. 学会等名 PAGXXVIII Sandiego CA, USA (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 熊谷真彦
2. 発表標題 イネ古ゲノム分析の現状および関連分野の研究動向
3. 学会等名 第72回日本人類学会大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 植田信太郎、水野文月
2. 発表標題 ミトコンドリアDNAからみた居家以岩陰遺跡出土人骨の遺伝的系統
3. 学会等名 日本考古学協会第85回総会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 水野文月、植田信太郎、（7名）
2. 発表標題 帰属人類集団の推定に必要なSNP数：ある事件現場に遺留された血痕からの検討
3. 学会等名 第103次日本法医学会学術全国集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 水野文月、五條堀淳
2. 発表標題 港川人骨のミトコンドリアDNA全塩基配列からわかること
3. 学会等名 日本旧石器人研究の発展：沖縄の現場から（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 水野文月、（2名）、熊谷真彦、（5名）、植田信太郎
2. 発表標題 沖縄島の旧石器時代人骨、港川1号の核ゲノム分析（第1報）
3. 学会等名 第73回日本人類学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 石谷孔司、水野文月、熊谷真彦、(8名)、植田信太郎
2. 発表標題 居家以岩陰遺跡(縄文早期)及び土井ヶ浜遺跡(弥生中期)出土人骨の核ゲノム解析(予報)
3. 学会等名 第73回日本人類学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 五條堀淳、(3名)、水野文月、熊谷真彦、植田信太郎
2. 発表標題 ミトコンドリア塩基配列から推定された日本人集団特異的な有効集団サイズの増加
3. 学会等名 第73回日本人類学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 水野文月、(4名)、植田信太郎、黒崎久仁彦
2. 発表標題 群馬県居家以岩陰遺跡から出土した縄文早期人骨のミトコンドリアDNA解析
3. 学会等名 第28回日本DNA多型学会学術集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 水野文月
2. 発表標題 ミトコンドリアゲノムから見た日本列島出土古人骨
3. 学会等名 第72回日本人類学会大会(招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 水野文月、(2名)、熊谷真彦、植田信太郎、(6名)
2. 発表標題 現代日本人におけるミトコンドリアゲノム系統の再構築
3. 学会等名 第27回日本DNA多型学会学術集会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 水野文月、(6名)、植田信太郎
2. 発表標題 弥生人のミトコンドリアゲノム解析
3. 学会等名 第71回日本人類学会大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 水野文月、熊谷真彦、植田信太郎(6名)
2. 発表標題 劣化DNA試料から得られる低カバレッジNGSデータへの配列構築のアプローチ
3. 学会等名 第101次日本法医学会学術全国集会
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計3件

1. 著者名 熊谷真彦	4. 発行年 2018年
2. 出版社 雄山閣	5. 総ページ数 124
3. 書名 「次世代シーケンシング技術がもたらす古DNA分析の新地平」季刊考古学・第145号 特集「植生史と考古学—人と植物の関係史を探る」	

1. 著者名 熊谷真彦、庄田慎矢、水野文月、王瀝	4. 発行年 2019年
2. 出版社 クバブ	5. 総ページ数 262
3. 書名 アフロ・ユーラシアの考古植物学	

1. 著者名 M. Kumagai, T. Tanaka, H. Ohyanagi, Y-I. Hsing, T. Itoh	4. 発行年 2018年
2. 出版社 Springer	5. 総ページ数 558
3. 書名 Rice Genomics, Genetics and Breeding	

〔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	植田 信太郎 (Ueda Shintaroh) (20143357)	東京大学・大学院理学系研究科(理学部)・名誉教授 (12601)	
研究分担者	須田 互 (Suda Wataru) (20590847)	国立研究開発法人理化学研究所・生命医科学研究センター・副チームリーダー (82401)	
研究分担者	水野 文月 (Mizuno Fuzuki) (50735496)	東邦大学・医学部・助教 (32661)	

6. 研究組織（つづき）

	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	熊谷 真彦 (Kumagai Masahiko) (80738716)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・高度解析センター・研究員 (82111)	
研究分担者	勝村 啓史 (Katsumura Takafumi) (10649544)	北里大学・医学部・准教授 (32607)	
研究協力者	鯨本 真友美 (Ajimoto Mayumi)	若狭歴史民俗資料館・主任	
研究協力者	稲田 健一 (Inada Kenichi)	ひたちなか市埋蔵文化財調査センター・主任	
連携研究者	服部 正平 (Hattori Masahira) (70175537)	早稲田大学・理工学術院・教授 (32689)	
連携研究者	覚張 隆史 (Gakuhari Takashi) (70749530)	金沢大学・先端科学イノベーション推進機構・助教 (13301)	
連携研究者	石田 肇 (Ishida Hajime) (70145225)	琉球大学・医学(系)研究科(研究院)・教授 (18001)	
連携研究者	弦本 敏行 (Tsurumoto Toshiyuki) (60304937)	長崎大学・医歯(薬)学総合研究科・教授 (17301)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
連携研究者	山田 康弘 (Yamada Yasuhiro) (40264270)	国立歴史民俗博物館・総合研究部・教授 (62501)	
連携研究者	間野 修平 (Mano Shuhei) (20372948)	統計数理研究所・大学共同利用機関等の部局等・准教授 (62603)	
連携研究者	分部 哲秋 (Wakebe Tetsuaki) (50124847)	長崎大学・医歯（薬）学総合研究科・客員研究員 (17301)	