

令和 6 年 6 月 5 日現在

機関番号：18001

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2019～2023

課題番号：19H01356

研究課題名（和文）古代ゲノム解析による東アジア～シベリア境界領域における人類集団の変遷の解明

研究課題名（英文）Elucidation of the human population history in boundary area between East Asia and Siberia based on ancient genome analysis

研究代表者

佐藤 丈寛 (Sato, Takehiro)

琉球大学・医学（系）研究科（研究院）・准教授

研究者番号：10558026

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,300,000円

研究成果の概要（和文）：礼文島出土のオホーツク文化後期人骨（NAT002）のゲノムデータは、この個体が縄文系統、カムチャツカ系統、アムール系統の混血個体であることを示唆した。アムール系統の北日本への移住は約1,600年前であることが示唆され、これは北海道でのオホーツク文化成立に関する考古学的証拠と一致する。また、カムチャツカ系統は約2,000年前に北日本へ移住したことが示唆された。さらに、オホーツク文化初期人骨（NAT004）のゲノムは縄文系統とカムチャツカ系統の混血個体として説明可能であった。この発見は、NAT002ゲノムによって示唆された縄文系とカムチャツカ系との混血集団の存在を示す直接的な証拠となりうる。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究により、従来より指摘されていた5世紀頃のアムール川下流域から北海道へのヒトの移住が裏付けられたことに加え、これまであまり指摘されてこなかった続縄文時代に相当する時期のカムチャツカ半島から北海道への移住を示唆する結果が得られた。これまで、考古学的には続縄文時代にカムチャツカ半島から北海道への移住を支持する明確な証拠は無いとされてきたが、本研究の結果は、従来の北海道考古学の研究結果について再考を促す材料のひとつとなり得る。今後、カムチャツカ半島から北海道への移住があったという前提で考古遺物を再検討すれば、考古学においても新たな発見があるかもしれない。

研究成果の概要（英文）：Whole-genome sequence (WGS) data of the late Okhotsk individual (NAT002) excavated from Rebun Island indicated genetic affinity with populations in the the Amur Basin. D tests and qpAdm modeling suggested that NAT002 was an admixed individual between three ancestries, which were the Jomon, Kamchatka, and Amur ancestral components. The admixture dating suggested migration of Amur-related ancestry at approximately 1,600 BP, which is compatible with the archaeological evidence regarding the settlement of the Okhotsk people. Our results also imply migration of Kamchatka-related ancestry to Northern Japan at approximately 2,000 BP. In addition, WGS data of the early Okhotsk individual (NAT004) can be explained as an admixed individual between the Jomon and Kamchatka ancestries. This finding could be a direct evidence for the existence of the ancient admixed population between the Jomon and Kamchatka ancestries, which have been suggested by the NAT002 genome.

研究分野：分子人類学

キーワード：古代ゲノム 古人骨 集団遺伝学

1. 研究開始当初の背景

北海道北部とサハリンでは、旧石器時代から 19 世紀に至るまで、数多くの文化的交流の痕跡が考古学・歴史学研究により見出されている(山田 1994)。なかでも 3~4 世紀頃の鈴谷式土器文化の南下や、続く 5 世紀から 10 世紀頃の間におホーツク海沿岸地域で展開されたおホーツク文化集団の南下、その後にサハリンアイヌを介して 19 世紀末まで続いた山丹交易による物資の移動などが注目されてきた。その中で研究代表者はおホーツク文化人集団の南下に着目し、古人骨のゲノム解析により、礼文島出土のおホーツク文化終末期の女性(NAT002)が現在のニヴフ(Nivkh)、ウリチ(Ulch)をはじめとしたアムール川下流域集団に近縁であったことを示唆する結果を得つつあった(図 1)。

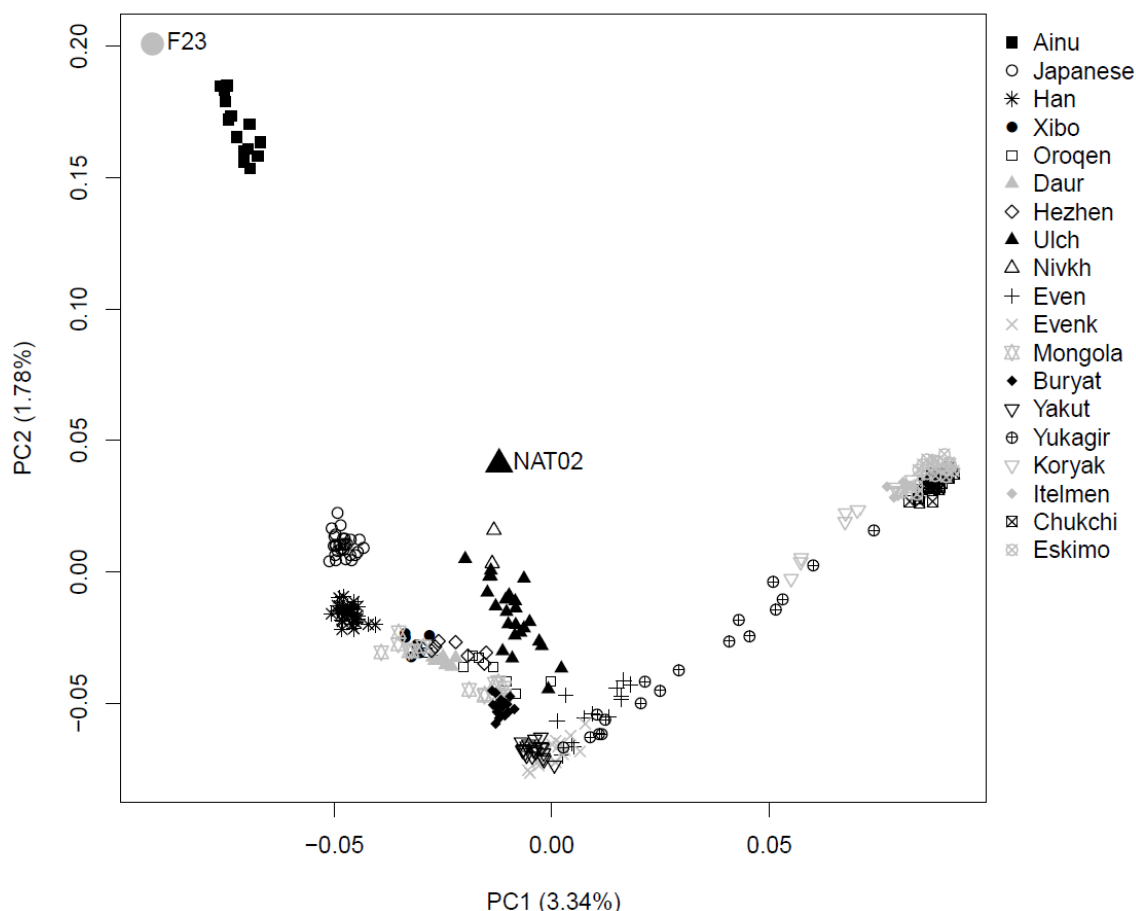


図 1. 北東アジア集団のゲノムデータを用いた主成分分析の結果。NAT002 は礼文島出土のおホーツク文化終末期人骨、F23 (Kanzawa-Kiriyama et al. 2019) は同じく礼文島出土の縄文晩期人骨。Sato et al. 2021 より改変。

しかしながら、おホーツク文化人集団の形成過程については不明瞭な点も多かった。研究代表者らが行った NAT002 の全ゲノム解析では、縄文系集団からおホーツク文化人への遺伝子流動が検出されていた。NAT002 が生存していた頃のおホーツク文化は南方の擦文文化からの影響を受けた元地式土器を作製しており、彼らが縄文系集団から遺伝的影響を受けていたというのは文化的な流れとも一致するように見える。一方で、NAT002 の縄文要素はアムール川下流域からのヒトの移住が起きた段階で既に北海道北部に存在していた縄文系集団との混血によるものである可能性もあり、本研究開始前にはその区別がついていなかった。

おホーツク文化期は大まかに前期・中期・後期・終末期に分類されるが、その時間経過に伴って土器の形式が十和田式、刻文式、沈線文式、元地式、と大きく変化する。終末期の元地式土器は上述したように擦文文化からの影響を受けたものと考えられているが、それ以前の土器の形式変化をどう捉えるべきかについては、2つの考え方がある。1つは、単に文化の変容による土器形式の変化で、土器を作製していた人類集団の変化が伴わないとする考え方である。もうひとつは各時期の土器製作を担った人類集団そのものが変化しているとする考え方である。この問題を集団遺伝学的に捉えるならば、前者の考え方では、おホーツク文化人集団の形成過程におけるシベリアからの移住は1回で説明でき、一方で後者の考え方では、複数の移住イベントによって説明されなければならない。この問題を検証するにはおホーツク文化人集団の形成過程や変遷についての詳細を明らかにしなければならない。

本研究開始時において、上記のような先史時代の東アジア シベリア境界領域における自然人類学的問題をまとめると、(1)シベリアから北海道へのヒトの移住は何度起こり、その時期はいつ頃だったのか？ (2)北海道北部でオホーツク文化人集団と縄文系集団が接触を開始した時期はいつ頃だったのか？ の2点に集約されていた。

2. 研究の目的

本研究では、礼文島出土のオホーツク文化期人骨複数体のゲノム解析により、特に道北地域におけるオホーツク文化人の集団形成プロセスを明らかにすることを目的とした。上記の(1)と(2)の問題に取り組むため、オホーツク文化人のゲノムを、その集団形成に寄与した祖先要素に分解し、各祖先要素の混血年代推定を試みた。

3. 研究の方法

2019年までに礼文島浜中2遺跡から出土したオホーツク文化人骨のうち、特に保存状態が良好であった終末期(元地期)人骨(NAT002)と初期(十和田期)人骨(NAT004)のゲノム解析を重点的に行った。第3大臼歯または側頭骨錐体部より、破砕機またはドリルを用いて骨粉を採取し、Rohland & Hofreiter (2007) または Gamba et al. (2014)の方法を用いてDNA抽出を行った。得られたDNA抽出液からイルミナプラットフォームの次世代シーケンシングライブラリーを複製し、ショットガンシーケンスを実施した。得られたシーケンスリードに対してリード長やクオリティスコア等でフィルタリングを行った後、BWA (Li & Durbin 2009)を用いてヒトゲノム参照配列 (hs37d5) にマッピングした。重複リードを除外した後に、遺伝子型をコールし、既存の現代人ゲノムデータと統合して集団遺伝学的解析を行った。

集団遺伝学的解析については、EIGENSOFT パッケージ (Price et al. 2006) の smartpca を用いた主成分分析、ADMIXTOOLS パッケージ (Patterson et al. 2012) の qp3Pop を用いた Outgroup f_3 test、ADMIXTURE (Alexander et al. 2009) を用いたクラスター解析、TreeMix (Pickrell & Pritchard 2012) を用いた系統解析を実施し、オホーツク文化期の個体と他の北東アジア集団との遺伝的關係について概観した。また、ADMIXTOOLS パッケージの qpDstat を用いた D -test により、オホーツク文化期個体と北東アジア集団との間の移住イベントの検出を試みた。同じく、ADMIXTOOLS パッケージの qpAdm を用いた admixture modeling を行い、それぞれのオホーツク文化期個体がどのような祖先要素の混血個体として説明できるか検証した。Admixture modeling の結果に基づき、RFMix (Maples et al. 2013)を用いて、オホーツク文化期個体の各ゲノム領域をいずれかの祖先要素に割り当てることで local ancestry を推定し、Gravel (2012)の方法を用いて、得られた local ancestry tract 長の分布から各祖先要素の混血年代を推定した。

4. 研究成果

主成分分析と Outgroup f_3 test の結果、礼文島出土のオホーツク文化終末期個体 (NAT002) は、アムール川下流域集団と最も強い遺伝的親和性を示したが、主成分分析においてはニヴフやウリチともやや異なる位置にプロットされた。NAT002 とアムール川下流域集団との遺伝的差異に寄与した集団を探索するために D -test を実施したところ、縄文人やカムチャツカ半島のイテリメンが有意なシグナルを示した。そこで、qpAdm モデリングを用いて、admixture modeling を行ったところ、NAT002 はアムール系統、縄文系統、カムチャツカ系統の混血個体として説明可能であった ($P=0.14$)。また、上記3系統のうちいずれか2系統のみの混血では、NAT002 のゲノムを説明することはできなかった。このことから、オホーツク文化人の集団形成にはこれら3系統の祖先要素が関与したと考えられる。

次に、これら3系統の混血がいつ頃起きたのかを推定するために、NAT002 の local ancestry を推定し、admixture dating を行った。その結果、縄文系統とカムチャツカ系統の混血が NAT002 の 35 世代前、アムール系統の混血が NAT002 の 22 世代前という推定結果を得た (図2)。¹⁴C 年代

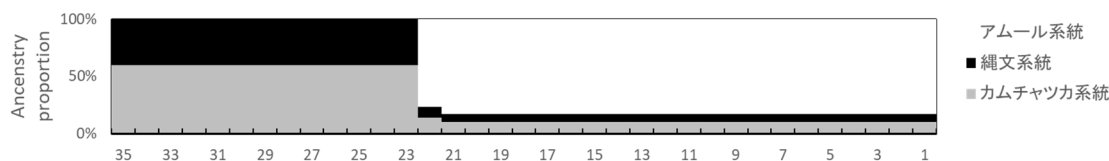


図2. Local ancestry tract 長の分布に基づく NAT002 ゲノムの混血年代推定の結果 . Sato et al. 2021 より改変 .

測定から、NAT002 は現在から約 900 年前の個体と推定されているので、1 世代 30 年とすると、縄文系統とカムチャツカ系統の混血は約 2,000 年前、アムール系統の混血は約 1,600 年前に起きたことになる。アムール系統の混血時期は、北海道におけるオホーツク文化の開始時期と概ね一致しており、オホーツク文化の形成はアムール川下流域からのヒトの移住が契機となったことが遺伝学的にも裏付けられた。また、アムール系統の人々は、移住後の一定期間アムール祖先要

素のみの集団として存在していたわけではなく、移住後間もない間に在地の集団(縄文系統とカムチャツカ系統の混血集団)と混血したことが示唆された。一方、約2,000年前に起きたことが示唆された縄文系統とカムチャツカ系統の混血には、その移住イベントを裏付ける考古学的証拠が現在のところ見出されておらず、今後さらなる検討が必要である。

また今回の分析では、刻文期と沈線文期の間や沈線文期と元地期の間といった、オホーツク文化期中の移住イベントは検出されなかった。この点については混血年代推定において各祖先要素が1回の移住イベントによって道北地域に到達したことを想定したモデルを用いたことに問題がある可能性がある。同一祖先要素の複数回の移住や継続的な移住を想定した、より複雑なモデルについても検証することにより、オホーツク文化期中の移住イベントの有無をより明確にできるかもしれない。

NAT002 に対し、オホーツク文化初期(十和田期)人骨(NAT004)のゲノムに対しても同様に admixture modeling を実施したところ、NAT004 は縄文系統とカムチャツカ系統の2系統のみの混血で説明が可能であった(未発表)。このことは、十和田期開始前後の時期には、道北地域に縄文系統とカムチャツカ系統の2系統の混血集団が存在したことの直接的な証拠になるかもしれない。ただし、NAT002 ゲノムは平均深度35×と高精度のデータが取得できたのに対し、NAT004 ゲノムは平均深度0.98×のデータしか取得できなかったため、この結果の解釈は慎重に行う必要がある。NAT004 ゲノムの深度の不足により、本来存在するはずの3つの祖先要素が正しく検出されていないだけという可能性も否定できない。この点については、今後より詳細な検討を行う予定である。

引用文献

- Alexander DH, Novembre J, Lange K. 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Res.* 19(9):1655–1664.
- Gamba C, Jones ER, Teasdale MD, McLaughlin RL, Gonzalez-Fortes G, Mattiangeli V, Domboroczki L, Kovari I, Pap I, Anders A, Whittle A, Dani J, Raczky P, Higham TFG, Hofreiter M, Bradley DG, Pinhasi R (2014) Genome flux and stasis in a five millennium transect of European prehistory. *Nat Commun* 5:5257.
- Gravel S. 2012. Population genetics models of local ancestry. *Genetics* 191(2):607–619.
- Kanzawa-Kiriyama H, et al. 2019. Late Jomon male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido. *Anthropol Sci.* 127(2):83–108.
- Li H, Durbin R. 2009. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics* 25(14):1754–1760.
- Maples BK, Gravel S, Kenny EE, Bustamante CD. 2013. RFMix: a discriminative modeling approach for rapid and robust local-ancestry inference. *Am J Hum Genet.* 93(2):278–288.
- Patterson N, et al. 2012. Ancient admixture in human history. *Genetics* 192(3):1065–1093.
- Pickrell JK, Pritchard JK. 2012. Inference of population splits and mixtures from genome-wide allele frequency data. *PLoS Genet.* 8(11):e1002967.
- Price AL, et al. 2006. Principal components analysis corrects for stratification in genome-wide association studies. *Nat Genet.* 38(8):904–909.
- Rohland N, Hofreiter M. 2007. Ancient DNA extraction from bones and teeth. *Nat Protoc.* 2(7):1756–1762.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 11件／うち国際共著 4件／うちオープンアクセス 10件）

1. 著者名 Mori Yuki, Miyake Masahiro, Hosoda Yoshikatsu, Miki Akiko, Takahashi Ayako, Muraoka Yuki, Miyata Manabu, Sato Takehiro, Tamura Hiroshi, Ooto Sotaro, Yamada Ryo, Yamashiro Kenji, Nakamura Makoto, Tajima Atsushi, Nagasaki Masao, Honda Shigeru, Tsujikawa Akitaka	4. 巻 129
2. 論文標題 Genome-wide Survival Analysis for Macular Neovascularization Development in Central Serous Choroidopathy Revealed Shared Genetic Susceptibility with Polypoidal Choroidal Vasculopathy	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Ophthalmology	6. 最初と最後の頁 1034 ~ 1042
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.opthta.2022.04.018	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 Suzuki Keita, Tsujiguchi Hiromasa, Hara Akinori, Pham Oanh Kim, Miyagi Sakae, Nguyen Thao Thi Thu, Nakamura Haruki, Suzuki Fumihiko, Kasahara Tomoko, Shimizu Yukari, Yamada Yohei, Kambayashi Yasuhiro, Tsuboi Hirohito, Sato Takehiro et al.	4. 巻 Volume 15
2. 論文標題 Association Between Serum 25-Hydroxyvitamin D Concentrations, CDX2 Polymorphism in Promoter Region of Vitamin D Receptor Gene, and Chronic Pain in Rural Japanese Residents	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of Pain Research	6. 最初と最後の頁 1475 ~ 1485
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.2147/JPR.S356630	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 Pham Kim-Oanh, Hara Akinori, Tsujiguchi Hiromasa, Suzuki Keita, Suzuki Fumihiko, Miyagi Sakae, Kannon Takayuki, Sato Takehiro et al.	4. 巻 14
2. 論文標題 Association between Vitamin Intake and Chronic Kidney Disease According to a Variant Located Upstream of the PTGS1 Gene: A Cross-Sectional Analysis of Shika Study	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nutrients	6. 最初と最後の頁 2082 ~ 2082
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/nu14102082	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 Pham Loc Thi, Peng Hui, Ueno Masaya, Kohno Susumu, Kasada Atuso, Hosomichi Kazuyoshi, Sato Takehiro, Kurayoshi Kenta, Kobayashi Masahiko, Tadokoro Yuko, Kasahara Atsuko, Shoulkamy Mahmoud I., Xiao Bo, Worley Paul F., Takahashi Chiaki, Tajima Atsushi, Hirao Atsushi	4. 巻 621
2. 論文標題 RHEB is a potential therapeutic target in T cell acute lymphoblastic leukemia	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Biochemical and Biophysical Research Communications	6. 最初と最後の頁 74 ~ 79
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.bbrc.2022.06.089	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 Kress Sara, Hara Akinori, Wigmann Claudia, Sato Takehiro, Suzuki Keita, Pham Kim-Oanh, Zhao Qi, Areal Ashtyn, Tajima Atsushi, Schwender Holger, Nakamura Hiroyuki, Schikowski Tamara	4. 巻 19
2. 論文標題 The Role of Polygenic Susceptibility on Air Pollution-Associated Asthma between German and Japanese Elderly Women	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 International Journal of Environmental Research and Public Health	6. 最初と最後の頁 9869 ~ 9869
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/ijerph19169869	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 Nayema Zannatun, Sato Takehiro, Kannon Takayuki, Tsujiguchi Hiromasa, Hosomichi Kazuyoshi, Nakamura Hiroyuki, Tajima Atsushi	4. 巻 68
2. 論文標題 Genetic factors associated with serum amylase in a Japanese population: combined analysis of copy-number and single-nucleotide variants	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Journal of Human Genetics	6. 最初と最後の頁 313 ~ 319
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s10038-022-01111-3	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 Yamamoto Reina, Takeshita Yumie, Tsujiguchi Hiromasa, Kannon Takayuki, Sato Takehiro, Hosomichi Kazuyoshi, Suzuki Keita, Kita Yuki, Tanaka Takeo, Goto Hisanori, Nakano Yujiro, Yamashita Tatsuya, Kaneko Shuichi, Tajima Atsushi, Nakamura Hiroyuki, Takamura Toshinari	4. 巻 7
2. 論文標題 Nutrigenetic Interaction Between Apolipoprotein C3 Polymorphism and Fat Intake in People with Nonalcoholic Fatty Liver Disease	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Current Developments in Nutrition	6. 最初と最後の頁 100051 ~ 100051
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.cdnut.2023.100051	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 Sato Takehiro, Adachi Noboru, Kimura Ryosuke, Hosomichi Kazuyoshi, Yoneda Minoru, Oota Hiroki, Tajima Atsushi, Toyoda Atsushi, Kanzawa-Kiriyama Hideaki, Matsumae Hiromi, Koganebuchi Kae, Shimizu Kentaro K, Shinoda Ken-ichi, Hanihara Tsunehiko, Weber Andrzej, Kato Hirofumi, Ishida Hajime	4. 巻 13
2. 論文標題 Whole-Genome Sequencing of a 900-Year-Old Human Skeleton Supports Two Past Migration Events from the Russian Far East to Northern Japan	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Genome Biology and Evolution	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) 10.1093/gbe/evab192	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 Matsumae Hiromi, Ranacher Peter, Savage Patrick E., Blasi Damian E., Currie Thomas E., Koganebuchi Kae, Nishida Nao, Sato Takehiro, Tanabe Hideyuki, Tajima Atsushi, Brown Steven, Stoneking Mark, Shimizu Kentaro K., Oota Hiroki, Bickel Balthasar	4. 巻 7
2. 論文標題 Exploring correlations in genetic and cultural variation across language families in northeast Asia	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Science Advances	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) 10.1126/sciadv.abd9223	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 Takashi Gakuhari, Shigeki Nakagome, Simon Rasmussen, Morten E. Allentoft, Takehiro Sato, Thorfinn Korneliussen, Blanaid Ni Chiuinngain, Hiromi Matsumae, Kae Koganebuchi, Ryan Schmidt et al.	4. 巻 3
2. 論文標題 Ancient Jomon genome sequence analysis sheds light on migration patterns of early East Asian populations	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 6711
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-020-01162-2	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 Youichi Sato, Atsushi Tajima, Misaki Kiguchi, Suzu Kogusuri, Aki Fujii, Takehiro Sato, Shiari Nozawa, Miki Yoshiike, Makiko Mieno, Kosuke Kojo, Masahiro Uchida, Haruki Tsuchiya, Kazumitsu Yamasaki, Issei Imoto, Teruaki Iwamoto	4. 巻 65
2. 論文標題 Genome-wide association study of semen volume, sperm concentration, testis size, and plasma inhibin B levels	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Human Genetics	6. 最初と最後の頁 683-691
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s10038-020-0757-3	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10件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 3件）

1. 発表者名 Sara Kress, Akinori Hara, Claudia Wigmann, Takehiro Sato, Keita Suzuki, Kim-Oanh Pham, Qi Zhao, Atsushi Tajima, Holger Schwender, Hiroyuki Nakamura, Tamara Schikowski
2. 発表標題 The role of polygenic susceptibility on air pollution-associated asthma between Caucasian and Asian elderly women
3. 学会等名 ISEE Conference (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐藤丈寛
2. 発表標題 古代人ゲノム解析に基づく環オホーツク海地域の集団史
3. 学会等名 第75回日本人類学会大会 シンポジウム7「古代・現代人ゲノムが明らかにするヤポネシア人の歴史」
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 舩田千裕、細道一善、飯島将司、観音隆幸、佐藤丈寛、溝上敦、田嶋敦
2. 発表標題 全エクソーム解析によるセルトリ細胞遺残症候群病因遺伝子の探査
3. 学会等名 日本人類遺伝学会第65回大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 上殿千晴、藤井亜紀、田嶋敦、佐藤丈寛、井本逸勢、佐藤陽一
2. 発表標題 ゲノムワイド関連解析による血中inhibin B値関連遺伝子の同定と遺伝子改変マウスの解析
3. 学会等名 日本人類遺伝学会第65回大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名	Hiromi Matsumae, Takehiro Sato, Chiara Baribieri, Kae Koganebuchi, Nao Nishida, Eriko Ochiai, Motoki Osawa, Tadashi Imanishi, Ryosuke Kimura, Hideyuki Tanabe, Atsushi Tajima, Hiroki Oota, Kentaro K. Shimizu
2. 発表標題	Genome-wide analysis of the Nivkh people in the Sakhalin focused on the relationships between peopling history and linguistic diversity in Northeast Asia
3. 学会等名	日本進化学会第22回オンライン大会
4. 発表年	2020年

1. 発表者名	佐藤丈寛、覚張隆史、田嶋敦、ツェンド・アマガラントグス、バトムフ・ツォグトバートル、三宅俊彦、白石典之
2. 発表標題	モンゴル帝国期以前における東モンゴル遺跡出土人骨の人類遺伝学的研究
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	Kyoko Yamaguchi, Kae Koganebuchi, Takehiro Sato, Takayuki Kannon, Hiromasa Tsujiguchi, Kazuyoshi Hosomichi, Atsushi Tajima, Ken Yamamoto, Hajime Ishida, Hiroyuki Nakamura, Ryosuke Kimura
2. 発表標題	Genome-wide analysis on the genetic basis of human head morphology in Japanese
3. 学会等名	Society of Molecular Biology & Evolution Annual Meeting (国際学会)
4. 発表年	2019年

1. 発表者名	安達 登、神澤秀明、佐藤丈寛、角田恒雄、篠田謙一
2. 発表標題	日本列島古代人のCPT1A欠損症関連遺伝子変異の分布．第73回日本人類学会大会
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 Hiromi Matsumae, Takehiro Sato, Kae Koganebuchi, Nao Nishida, Ryosuke Kimura, Atsushi Tajima, Hiroki Oota, Kentaro K. Shimizu
2. 発表標題 Complex population history links to high linguistic diversity in the Pacific coast of North Asia
3. 学会等名 Asia Pacific Conference on Human Evolution (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Hiromi Matsumae, Patrick E. Savage, Peter Ranacher, Damian E. Blasi, Thomas E. Currie, Takehiro Sato, Atsushi Tajima, Mark Stoneking, Steven Brown, Kentaro K. Shimizu, Hiroki Oota, Balthasar Bickel
2. 発表標題 言語の多様性は人類集団史を反映しているか？
3. 学会等名 日本進化学会第21回大会
4. 発表年 2019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
---------------------------	-----------------------	----

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
---------	---------