

令和 4 年 6 月 2 日現在

機関番号：13301

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2019～2021

課題番号：19K06871

研究課題名（和文）時空間的集団遺伝学モデリングによる現代日本人の進化史の解明

研究課題名（英文）Applying temporal and spatial population genetics modelling for the origins of modern Japanese

研究代表者

中込 滋樹（Nakagome, Shigeki）

金沢大学・人間社会研究域・客員研究員

研究者番号：40625208

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 2,900,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、主にアジアに由来する現代及び古代の人類集団のゲノムデータを用いて、現代日本人の成立史を解明することを目的とする。そこで、日本列島における先史時代における考古学的遺跡から発掘された古人骨試料からゲノムデータを生成し、既に公開されている大陸におけるゲノムデータと合わせて集団遺伝学解析を行った。その結果、現代日本人が縄文人の祖先に加え、弥生時代及び古墳時代にそれぞれ渡ってきた北東アジアと東アジアに起源をもつ祖先の三重構造をもつことを明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、自然人類学においてこれまで主流であった「日本人の二重構造モデル」をさらに発展させた、「日本人の三重構造モデル」を新たに提唱した。これらの知見は、今後日本列島に眠る膨大な遺跡出土古人骨のゲノムデータから日本人の成り立ちを探る上での基盤データとして活用されることが期待される。

研究成果の概要（英文）：This study aims to understand the origins of modern Japanese populations using genomic data from ancient and modern Asian populations. To this end, we generated whole-genome sequence data from skeletal remains excavated from prehistoric archaeological sites in the Japanese archipelago. We then analysed these newly sequenced data with those published data from the continent. Our analysis provides genomic evidence suggesting that modern Japanese populations have a tripartite ancestral structure derived from Jomon, Northeast Asian, and East Asian ancestry.

研究分野：人類学

キーワード：パレオゲノミクス 集団遺伝学解析 縄文人 弥生人 古墳人 三重構造

1. 研究開始当初の背景

旧石器時代以降、日本列島における先史時代は縄文時代、弥生時代、古墳時代に区分される。自然人類学における現代日本人の起源に関する主たるモデルとして、埴原和郎が1991年に提唱した「日本人の二重構造モデル」がある。これは縄文人（狩猟採集）と弥生人（稲作）という文化的な対立構造を表現するとともに、それら2つの異なる祖先が現代日本人に受け継がれているとしている。一方、考古学的知見に目を向けると、弥生時代に続く古墳時代においても、土器や青銅器など物質文化だけでなく、家畜動物である馬の飼育が始まるなど、生業における大きな変化が生じた。これらのことから、古墳時代には、弥生時代に移住してきた集団とは異なる地域からの渡来があった可能性が指摘されている。また、約16000年前から約3000年前と長期にわたって続いた縄文時代においても、大陸からのヒトの流入の可能性が指摘されているものの、その実態についてはほとんどわかっていない。本研究では、現代・古代の人類集団のゲノムデータを用いて、時空間的集団遺伝学モデリングを実践することにより、現代日本人の進化史を明らかにする。

2. 研究の目的

現代日本人を含むこれまでの人類進化に関する研究では、人口動態（例：集団サイズの変動や集団の分岐及び混血）や自然選択といった過去に起こった出来事を推定する上で、現存する人類集団の遺伝的多様性のみを観察データとして用いるものがほとんどであった。これに対して、本研究では次世代シーケンサーを用いて古人骨に残されているヒトのゲノムデータを生成し、現在だけでなく過去の遺伝的多様性データを統合した新たな集団遺伝学解析を実践する。それにより、現代日本人の起源を探ることを目的とする。

3. 研究の方法

(1) 側頭骨を用いた古代日本人の全ゲノムシーケンズデータ生成

縄文人及び古墳時代人の側頭骨からゲノムDNAを抽出し、シーケンズライブラリーを作成した。そして、1個体あたりゲノム全体を最低1個～2個のシーケンズリードでカバーするように全ゲノムシーケンズデータを生成した。

(2) 現代日本人の進化史に関する時空間的集団遺伝学解析

本研究において得られた古人骨ゲノムデータを先行研究において発表されているゲノムデータ（大陸と日本列島における集団を含む）と合わせて解析することで、日本列島における遺伝的多様性の変遷を時間軸に沿って辿るとともに、縄文時代以降大陸から移住してきた集団がどのような遺伝的背景をもち、どこからやって来たのかを検証した。

4. 研究成果

本研究では、日本列島の遺跡出土古人骨から新たに12個体のゲノムデータの取得に成功した。特に、縄文時代においては、早期から晩期の幅広い時間軸に加え、列島規模での比較が初めて可能となった。分析対象とした遺跡は、縄文時代早期の上黒岩岩陰遺跡（愛媛県久万高原町）、縄文時代前期の小竹貝塚（富山県富山市）および船倉貝塚（岡山県倉敷市）、縄文時代後期の古作貝塚（千葉県船橋市）、縄文時代後期の平城貝塚（愛媛県愛南町）、古墳時代終末期の岩出横穴墓（石川県金沢市）の6遺跡である。

これらのデータに加え、すでに先行研究で公開されている縄文人ゲノムである縄文後期の船泊貝塚（北海道・礼文島）および縄文晩期の伊川津貝塚（愛知県・田原市）、弥生人ゲノムである弥生中期の下本山岩陰遺跡（佐賀県佐世保市）、さらには大陸における遺跡出土古人骨を含め、集団遺伝学解析を実施した。

まず、先史時代における文化の転換に伴うゲノム多様性の変遷を評価した。その結果、縄文人・弥生人・古墳人と時代を追うごとに大陸における現代及び古代における人類集団との遺伝的近縁性が強くなっていくことが示された。つまり、弥生人や古墳人は大陸集団に由来する祖先を受け継いでいると考えられる。一方、縄文人は大陸集団とは明確に異なる遺伝的特徴を有していることが示された。さらに、縄文時代早期の上黒岩岩陰遺跡のゲノムデータを用いて、ゲノムにみられる遺伝的均一性が高い断片の長さの分布を観察データとしてシミュレーション解析を行った。この断片は、過去にボトルネックを受けた場合短くなる傾向がある一方、近親交配が起こった場合極端に長くなることが知られている。縄文人では、非常に高い割合で短い断片がゲノム上に蓄積している。そして、シミュレーション解析の結果、おおよそ20000年前に縄文人の祖先集団が大陸の基層集団から分かれ、その後、少なくとも縄文早期までは極めて小さな集団を維持してきたことが示された。そして、渡来民による稲作文化がもたらされたとされている弥生時代には、北東アジアを祖先集団とする人々の流入が見られ、縄文人に由来する祖先に加え第2の祖先成分が弥生人には受け継がれていることが分かった。しかし、古墳人には、これら2つの祖先に加え東アジアに起源をもつ第3の成分が存在しており、弥生時代から古墳時代に見られた文化

の転換において大陸からのヒトの移動及び混血が伴ったことを明らかにした。これら 3 つの祖先は、現代日本人集団のゲノム配列にも受け継がれている。以上のことから、本研究ではパレオゲノミクスによってこれまでの二重構造モデルをさらに発展させた「日本人ゲノムの三重構造」を初めて実証した。

5. 主な発表論文等

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

1. 著者名 Cooke Niall P., Mattiangeli Valeria, Cassidy Lara M., Okazaki Kenji, Stokes Caroline A., Onbe Shin, Hatakeyama Satoshi, Machida Kenichi, Kasai Kenji, Tomioka Naoto, Matsumoto Akihiko, Ito Masafumi, Kojima Yoshitaka, Bradley Daniel G., Gakuhari Takashi, Nakagome Shigeki	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

〔学会発表〕 計4件（うち招待講演 2件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 中込滋樹
2. 発表標題 ヒト免疫システムの進化的及び機能的プロファイリング
3. 学会等名 ゲノム医科学とバイオインフォマティクスの接点と集学研究（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Shigeki Nakagome
2. 発表標題 Population genetics inference on the mode, tempo, and origins of natural selection
3. 学会等名 第21回日本進化学会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Cooke N., Bradley D.G., Nakagome S.
2. 発表標題 Determining the origin of natural selection in an admixed population
3. 学会等名 Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution 2019
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nakagome S., Hudson R., Di Rienzo A.
2. 発表標題 Inferring the model and onset of natural selection under varying population size from the site frequency spectrum and haplotype structure
3. 学会等名 Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution 2019
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 中込滋樹	4. 発行年 2020年
2. 出版社 医歯薬出版株式会社	5. 総ページ数 7
3. 書名 医学のあゆみ：ヒトの進化と疾患 自然選択の標的とその副産物	

〔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	覚張 隆史 (Gakuhari Takashi) (70749530)	金沢大学・古代文明・文化資源学研究センター・助教 (13301)	

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			
アイルランド	Trinity College Dublin			