

2021年4月9日

## 日本人類学会の機関誌 *Anthropological Science* の「ヤポネシアゲノム特集号」 に掲載された6論文のご紹介

### ■ 概要

日本列島人（ヤポネシア人<sup>(1)</sup>）の起源と形成を文理融合で研究する、文部科学省新学術領域研究「ヤポネシアゲノム<sup>(2)</sup>」の特集号が、日本人類学会の機関誌である *Anthropological Science* に刊行され、そこに6編の論文が掲載されました。今回はそれらをまとめてご報告します。

これらの研究は、青山学院大学、国立遺伝学研究所、国立科学博物館、国立国際医療研究センター研究所、佐賀市教育委員会、東京大学、新潟医療福祉大学、北海道大学、山梨大学の研究グループ（所属機関名五十音順）の成果です。

### ■ 成果掲載誌

以下の6論文（原著論文が4編、総説論文が2編）が、*Anthropological Science* に2021年3月31日にオンライン（オープンアクセス）で公開されました。

#### 原著論文 1:

Modern human DNA analyses with special reference to the inner-dual structure model of Yaponesian

（ヤポネシア人の内なる二重構造モデルにもとづく現代人のDNA解析）

著者: Timothy A. Jinam, Yosuke Kawai, and Naruya Saitou（ティモシー・A・ジナム、河合洋介、斎藤成也）

DOI 番号: <https://doi.org/10.1537/ase.201217>

#### 原著論文 2:

Ancient genomes from the initial Jomon period: new insights into the genetic history of the Japanese archipelago

（縄文早期からの古代ゲノム：日本列島の遺伝史への新しい見解）

著者: Noboru Adachi, Hideaki Kanzawa-Kiriyama, Takashi Nara, Tsuneo Kakuda, Iwao Nishida, and Ken-ichi Shinoda

（安達 登、神澤秀明、奈良貴史、角田恒雄、西田 巖、篠田謙一）

DOI 番号: <https://doi.org/10.1537/ase.2012132>

#### 原著論文 3:

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

（日本列島における第四紀後期の環境変化に考慮した生物地理学的補正から推定された小型哺乳類のミトコンドリアDNA<sup>(3)</sup>の時間依存性進化速度）

著者: Hitoshi Suzuki（鈴木 仁）

DOI 番号: <https://doi.org/10.1537/ase.201201>

#### 原著論文 4:

Geographical distribution of certain toponyms in the *Samguk Sagi*

(三国史記のいくつかの地名の地理的分布)

著者: Mitsuaki Endo (遠藤光暁)

DOI 番号: <https://doi.org/10.1537/ase.201229>

#### 総説論文 1:

Exploring models of human migration to the Japanese archipelago using genome-wide genetic data

(ゲノム規模の遺伝子データを用いて日本列島への人類の移動モデルを探索する)

著者: Naoki Osada and Yosuke Kawai (長田直樹、河合洋介)

DOI 番号: <https://doi.org/10.1537/ase.201215>

#### 総説論文 2:

Paleogenomics of human remains in East Asia and Yaponesia focusing on current advances and future directions

(現在の進展と将来の方向に焦点をあてた東アジアとヤポネシアのヒト遺物の古代ゲノム学)

著者: Kae Koganebuchi and Hiroki Oota (小金淵佳江、太田博樹)

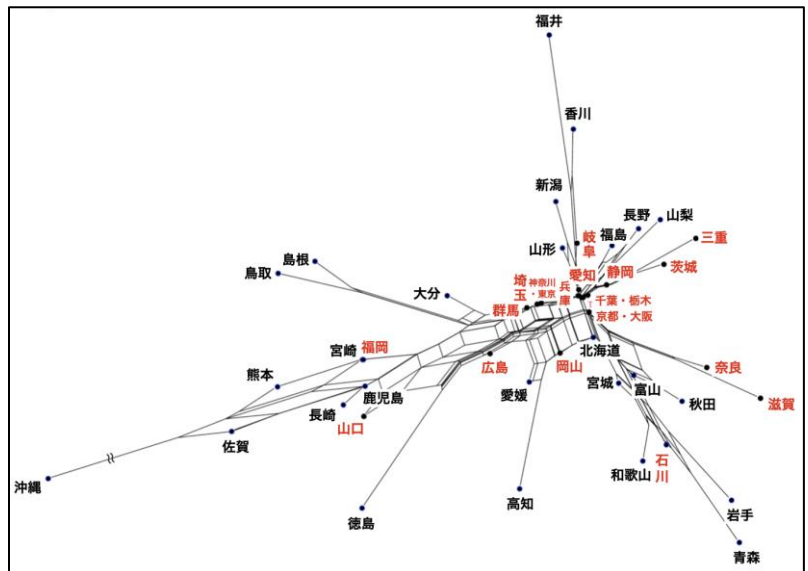
DOI 番号: <https://doi.org/10.1537/ase.2011302>

## ■ 研究の詳細

### ● 研究成果

#### 原著論文1:

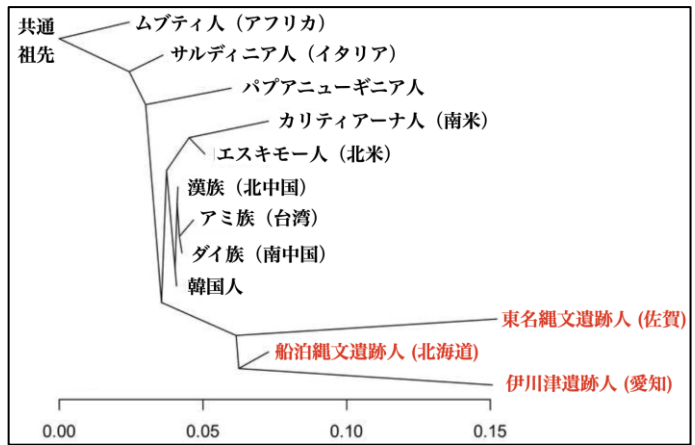
3種類のデータセット(1642人の日本人のミトコンドリア DNA ゲノム配列データ、ジェネシスヘルスケア社から提供を受けた47都道府県総計6万人のミトコンドリア DNA ハプロタイプ<sup>(4)</sup>頻度データ、およびヤポネシアとその周辺6集団(アイヌ人、オキナワ人、ヤマト人<sup>(5)</sup>、韓国人、北方中国人、南方中国人)の19万カ所のゲノム規模 SNP データ)を解析した結果、どの結果も「うちなる二重構造<sup>(6)</sup>」モデルを支持していました。



原著論文1の図:ミトコンドリア DNA データからみた47都道府県の位置関係

原著論文2:

これまで確実に縄文時代のものと言える古代人ゲノムは、三貫地貝塚(福島県)と船泊遺跡(北海道)という東日本からの報告だけでしたが、本論文では、はじめて九州の縄文時代早期(8000年前)の東名遺跡出土の縄文人ゲノムを報告しました。その結果、東名の縄文人も現代日本人とは大きく異なり、東日本の縄文人や、弥生時代になっても縄文文化を継承していた人々のゲノムに類似することが分かりました。このことは、縄文時代を通じて、全国に遺伝的にはひとつのグループとしてまとめることができる集団(縄文人)が住んでいたことを示しています。

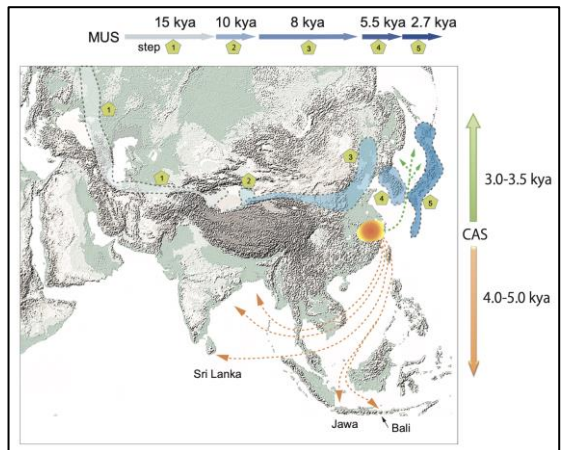


原著論文2の図: 東名・船泊・伊川津の3縄文系がまとまっている様子

原著論文3:

分子進化速度<sup>(7)</sup>の推定は、ヤポネシアに渡来した系統の正しい分岐年代を得るために重要です。ハツカネズミを代表とする小型哺乳類のミトコンドリア DNA 配列データと環境変動の情報から、過去1万年における進化速度がそれ以前よりもずっと高かったという以前の推定を確認しました。

原著論文3の図: ミトコンドリア DNA からみたハツカネズミ2亜種系統の移動経路と移動年代



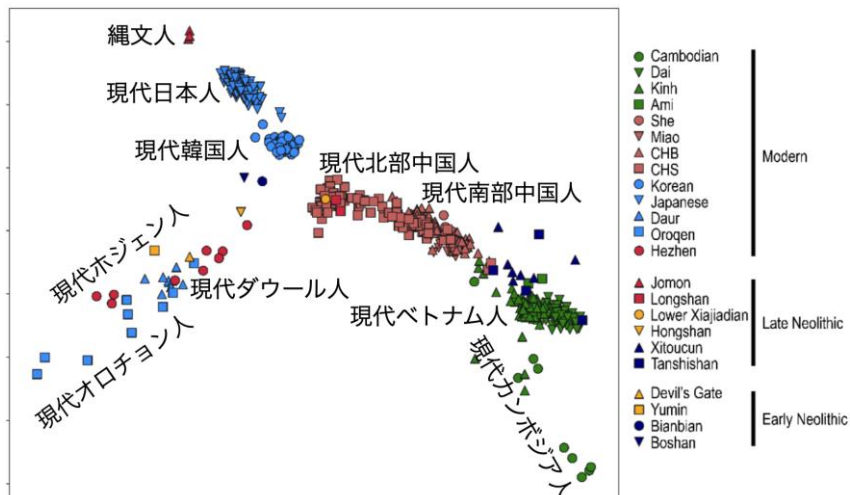
原著論文4:

三国史記(紀元前1世紀から紀元後7世紀に朝鮮半島に鼎立した高句麗・新羅・百済の歴史書)に登場する地名のなかから、日本語で理解できる4種類(川、谷、山、城)の地理的分布を調べ、漢語・ツングース語・韓国語などの成分も区別し、各語ごとに異なるパターンが示されました。

総説論文1:

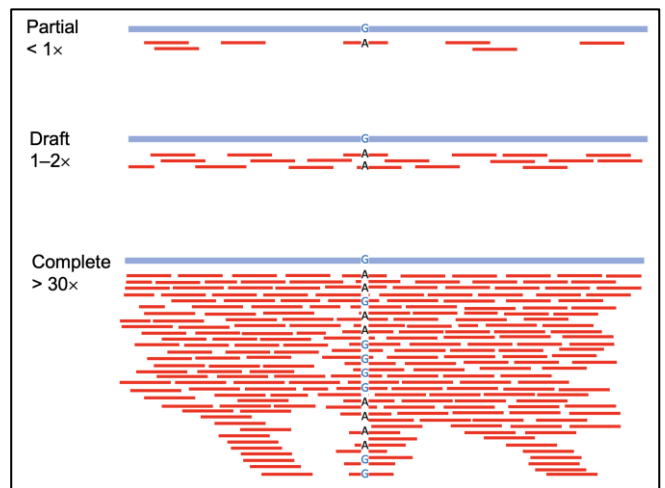
東アジアにおける現代・古代のヒトゲノムデータを概観するとともに、これらの再解析をおこないました。その結果、縄文時代人のゲノムが弱いながら古代北シベリア集団のゲノムからの影響を受けていたことを発見しました。

総説論文1の図: 現代人と古代人のゲノムを主成分分析<sup>(8)</sup>で比較した結果



## 総説論文2:

ハイスループット配列解析技術が古代 DNA の配列解析に適用されてから、古代 DNA 解析は古ゲノム学となりました。東ユーラシアにおける研究は、地理的・環境的条件から、西ユーラシアに比べて遅れをとっていました。しかし近年では、古代 DNA を濃縮することができるキャプチャーケンス技術<sup>(9)</sup>が用いられ、古ゲノム学がさらに発展してきています。そこでこの総説では、古ゲノム学につながる古代 DNA 解析の歴史を紹介し、3つの配列解析の段階(部分的、ドラフト、完全ゲノム)とキャプチャーケンス法の概要を説明し、東ユーラシアの古ゲノム学には高品質な配列解析が必要であることを論じました。



総説論文2の図: 三段階で示した古代 DNA の量

## ● 今後の展望

新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」は2018年度にはじまりました。5年計画ですので、2022年度末(2023年3月)まで、あと2年間あります。この3年間に多くの結果を生み出しましたが、残りの2年間のあいだに、6計画研究と20以上の公募研究が、さらに多くの結果を発表してゆきます。ご期待下さい。

## ■ 用語解説

### (1) ヤポネシア人 (Yaponesian)

1960年代に作家の島尾敏雄が、「日本列島」をラテン語でしめした発音をもとに提唱したもの。文部科学省新学術領域「ヤポネシアゲノム」の名称はここから由来している。

### (2) ゲノム (genome)

個々の生物がもつ核酸すべての遺伝情報。

### (3) ミトコンドリア DNA (mitochondrial DNA)

ミトコンドリアはエネルギー(ATP)を合成する真核生物の細胞内小器官。ミトコンドリアは遺伝情報として、核のDNA配列とは別に固有のDNA配列を持つ。

### (4) ハプロタイプ (haplotype)

両親それぞれから受け継ぐ1対の相同染色体のうち、片方の染色体(ハプロイド)に存在する対立遺伝子の組み合わせをハプロタイプとよぶ。

### (5) ヤマト人 (Yamato population)

ヤポネシアの中に居住する3集団のうちで、北部中心に居住するアイヌ人と南部中心に居住するオキナワ人以外の大多数の人々を指す。自然人類学でこれまで「本土日本人」と呼んできた集団に対応する。

### (6) 「うちなる二重構造」モデル (inner dual structure model)

斎藤成也『日本列島人の歴史』(2015; 岩波ジュニア新書)で提案されたモデル。日本列島中央部に中心軸と周辺部の

二重構造があるとする。

(7) 分子進化速度 (molecular evolutionary rate)

DNA や RNA の塩基配列やタンパク質のアミノ酸配列などが、生物進化のあいだに時間的に変化してゆく速度

(8) 主成分分析 (Principal Component Analysis; 略称 PCA)

大量のデータに含まれる多様性を線形代数理論を利用して、全分散を互いに独立な主成分に分割する手法。通常はもっとも分散の大きな第一主成分と次に分散の大きい第二主成分の平面上に示されることが多い。

(9) キャプチャシーケンス技術 (capture sequencing technique)

特定の DNA 領域を濃縮して塩基配列を決定する方法

## ■ 研究体制 (所属機関名五十音順)

遠藤光暁: 青山学院大学 経済学部 教授

斎藤成也: 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室 教授

ティモシー・ジナム: 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室 助教

篠田謙一: 国立科学博物館 人類研究部 部長(2021年3月31日まで)、同博物館 館長(2021年4月1日より)

神澤秀明: 国立科学博物館 人類研究部 研究員

河合洋介: 国立国際医療研究センター研究所 ゲノム医科学プロジェクト 副プロジェクト長

西田 巖: 佐賀市教育委員会 文化振興課 主査

太田博樹: 東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻 ゲノム人類学研究室 教授

小金淵佳江: 東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻 ゲノム人類学研究室 助教

奈良貴史: 新潟医療福祉大学 リハビリテーション学部理学療法学科 教授

鈴木 仁: 北海道大学 大学院地球環境科学研究院 教授

長田直樹: 北海道大学 大学院情報科学研究院 准教授

安達 登: 山梨大学 大学院総合研究部医学域 法医学講座 教授

角田恒雄: 山梨大学 大学院総合研究部医学域 法医学講座 助教

本研究は、文部科学省科学研究費補助金 新学術領域研究(複合領域)「ヤポネシアゲノム」の支援を受けて行われました。

## ■ 問い合わせ先

<研究に関すること>

- 新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」領域代表  
国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室  
教授 斎藤 成也 (さいとう なるや)

<報道担当>

- 国立遺伝学研究所 リサーチ・アドミニストレーター室 広報チーム