

縄文人ゲノム解析から見えてきた東ユーラシアの人類史

1. 発表者：

覚張 隆史（金沢大学人間社会研究域附属 国際文化資源学研究センター 助教）

太田 博樹（東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻 教授）

2. 発表のポイント：

- ◆ 伊川津貝塚（注1）遺跡出土の縄文人骨（IK002）の全ゲノム配列を解析し、アフリカ大陸からヒマラヤ山脈以南を通り、ユーラシア大陸東端に到達した最も古い系統の1つであることを明らかにした。
- ◆ 本州縄文人（IK002）の全ゲノム・ドラフト配列の詳細な解析から東ユーラシア全体の人類史の新たなモデルを示した。
- ◆ 縄文人ゲノムは、東ユーラシアにおける現生人類集団の拡散及び遺伝的多様性を理解するのに不可欠であり、高精度縄文人ゲノム解読を進め、日本列島人ゲノムの総合的理解に貢献する。

3. 発表概要：

アフリカで誕生したホモ・サピエンスが、ユーラシア大陸の東端まで如何に到達したかは、いまだ明らかではなく、ヒマラヤ山脈以北および以南の2つのルートが考えられている。東アジアに最初にたどり着いた人々は、考古遺物から北ルートと想定されてきたが、最近のゲノム研究は、現在東ユーラシアに住んでいる全ての人々が南ルートであることを示している。

東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻の太田博樹教授と金沢大学人間社会研究域附属国際文化資源学研究センターの覚張隆史助教は、コペンハーゲン大学やダブリン大学と国際研究チームを結成し、この矛盾の解決に取り組んだ。

古くから縄文遺跡として知られる伊川津貝塚遺跡から出土した女性人骨（図1）の全ゲノム・ドラフト配列を詳細に解析し、縄文人骨（IK002）のゲノムは、東ユーラシアのルーツともいえる古い系統であり、南ルートに属し、北ルートの影響をほとんど受けていないことを明らかにした。このことは、縄文人が東ユーラシアで最も古い系統の1つであることを示唆する。現在の東ユーラシアの人々の遺伝的ランドスケープを理解するためには、より高精度の縄文人ゲノム解読が不可欠であり、今後、高精度縄文人ゲノム解読を進め、日本列島人ゲノムの総合的理解に貢献する。

4. 発表内容：

研究の背景・先行研究の問題点

近年の研究から、ホモ・サピエンスはいまから約7～6万年前に、アフリカ大陸からユーラシア大陸へ拡散したことが明らかになっている。ユーラシア大陸の東側、すなわち東南アジア、東アジア、北東アジアへは、約5～4万年前までにホモ・サピエンスがたどり着いていたと考えられている。しかし、どのような経路（ルート）を通過して到達したかは、いまだ定説はない。

アフリカ大陸からユーラシア大陸の東端までのホモ・サピエンスの拡散は、後期旧石器時代に相当する。石器など考古遺物はヒマラヤ山脈以北および以南どちらからも見つかるので、拡散

の経路として北と南の2つのルートがあったはずだ。ただし、南北で石器の特徴は異なり、東アジアから北東アジアにかけては、北ルートの特徴をもつ石器が主に見つかる。このため、日本列島にたどりついた最初のホモ・サピエンスは、北ルートを通してやって来たと考えるのが自然だ。ところが、近年劇的に蓄積されている人類集団ゲノム情報を解析すると、現在ユーラシア大陸の東側に住んでいる人々は、南ルートで来たことを示す。つまり、考古遺物から考えられてきた人類史とは異なるストーリーであるが、この矛盾はこれまであまり議論されてこなかった。

東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻の太田博樹教授と金沢大学人間社会研究域附属国際文化資源学研究センターの覚張隆史助教らの研究グループは、縄文人（ここでは“縄文文化をもった人々”と定義する）の骨からDNAを抽出しゲノム解読するプロジェクトを約10年前から進めてきた。そして2018年、コペンハーゲン大学を中心とする国際チームが解析した東南アジアの古い人骨のゲノム配列データとともに、伊川津貝塚遺跡から出土した縄文人骨（IK002）の全ゲノム・ドラフト配列を発表した（McColl et al. 2018）。この論文では、約2千500年前の本州日本に住んでいた女性IK002が、ラオスで出土した約8千年前の狩猟採集文化を伴う人骨（La368）と、東南アジア・東アジア各地に現在住む人々の誰よりも、遺伝的に近縁であることを報告した。

今回、太田博樹教授と覚張隆史助教は、ダブリン大学トリニティー校の中込滋樹助教、コペンハーゲン大学のマーティン・シコラ准教授らとともに国際チームを結成し、伊川津縄文人（IK002）を主役とした論文を *Communications Biology* に発表した。この新たな論文（Gakuhari & Nakagome et al. 2020）では、(i) IK002 は日本列島にたどりついた最初のホモ・サピエンスの直接の子孫か否か？(ii) IK002 は南ルートの子孫で北ルートでやってきた人々の遺伝的影響はないのか？の2つを明らかにする目的で詳細な全ゲノム解析をおこなった。

研究内容

過去から現在の東ユーラシア人類集団のゲノム情報をもちいて系統樹を構築した。この系統樹では、ラオスのLa368（約8千年前）とバイカル湖近くのマルタ遺跡出土人骨（MA-1:約2万4千年前）を南北の指標として含めた。もしIK002が北ルートのゲノムを多く引き継ぐなら、“樹”でIK002はMA-1の近くの“枝”に位置するだろう。反対にIK002が南ルートのゲノムを多く引き継ぐなら、La368の近くに位置するはずだ。結果は後者であった。MA-1とLa368が分岐した後、La368の枝のすぐ内側で中国東部の田園洞人骨（約4万年前）が分岐し、つづいて現代のネパールの少数民族・クスンダが分岐し、その次にIK002が分岐した。現代の東アジア人、北東アジア人、アメリカ先住民は、さらにその内側で分岐した。この結果は、IK002のみならず、現在の東アジア人、北東アジア人およびアメリカ先住民が、南ルートのゲノムを主に受け継いでいることを示している。IK002の系統は東ユーラシア人（東アジア人、北東アジア人）の“根”に位置するほど非常に古く、東ユーラシア人の創始集団の直接の子孫の1つであった。そして、IK002は日本列島にたどりついた最初のホモ・サピエンスの直接の子孫である可能性が高いことが判明した。

また、先行研究（Jinam et al. 2012）で発表された北海道アイヌの人々のデータなど日本列島周辺の人類集団との関係を分析したところ、本州縄文人であるIK002は、アイヌのクラスターに含まれた。この結果は北海道縄文人の全ゲノム解析（Kanzawa-Kiriyama et al. 2019）と

一致し、アイヌ民族が日本列島の住人として最も古い系統であると同時に東ユーラシア人の創始集団の直接の子孫の1つである可能性が高いことを示している。

さらに、IK002と現在および過去の東ユーラシア人へのマルタ人骨(MA-1)からの遺伝子流動(集団間の交雑)の痕跡をD-testと呼ばれる統計解析で検証した。これまでの研究から、現在の北東アジア人およびアメリカ先住民へは、MA-1からの遺伝子流動が有意な値で示されてきている(Raghavan et al. 2014)。しかし、本解析では、現在の東アジアおよび東南アジア人類集団へのMA-1からの遺伝子流動はほとんど検出されず、IK002へもMA-1からの遺伝子流動の統計学的に有意な証拠は示されなかった。すなわち、北ルートでやってきた人々のゲノムの影響は、IK002のゲノムで検出されなかった。

社会的意義・今後の予定

本研究の成果は、日本列島・本州に約2千500年前に縄文文化の中を生きていた女性が、約2万6千年前より以前に、東南アジアにいた人類集団から分岐した「東ユーラシア基層集団(東アジア人と北東アジア人が分岐する以前の集団)」の根っこに位置する系統の子孫であることを明らかにした(図2)。すなわち、縄文人が東ユーラシアの中でも飛び抜けて古い系統であることを意味し、延いては、縄文人ゲノムが現在のユーラシア大陸東部に住む人々のゲノム多様性を理解する鍵を握っていることを示している。

ただ、本研究はIK002という1個体の詳細なゲノム解析であり、したがって、これらの結果はIK002という個体について言えることで、すべての地域・時代の縄文人について言えるわけではない。たとえば、本研究では「北ルートでやってきた人々のゲノムの影響は検出されなかった」と結論づけているが、これはIK002についての結論であり、別の個体では北ルートのゲノムが検出されるかもしれない。さらに、大陸から日本列島への移住ルートについては、今後、列島内のさまざまな地域の縄文人骨を分析することによって解明されてくるもので、いまは分からないことは注意すべき点である。

今後、(I) 個体数を増やすこと、(II)より高精度のゲノム解読をおこなうことの2つが近々の課題である。太田博樹教授らのグループは既に愛知県田原市・伊川津貝塚遺跡から出土した他の5個体や千葉県市原市から出土した縄文人9個体の高精度ゲノム解析を進めている。

参考文献

- McColl et al. (2018) The prehistoric peopling of Southeast Asia. *Science* 361:88-92.
- Kanzawa-Kiriyama et al. (2019) Late Jomon male and female genome sequences from the Funadomari site in Hokkaido, Japan. *Anthropological Science* 127: 83-108.
- Jinam et al. (2012) The history of human populations in the Japanese Archipelago inferred from genome-wide SNP data with a special reference to the Ainu and the Ryukyuan populations. *Journal of Human Genetics* 57: 787-95.
- Raghavan et al. (2014) Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature* 505: 87-91.

なお、本研究は次ぎの文部科学省及び日本学術振興会の研究助成補助金、25284157(山田)、16H06408、17H05132、23657167、17H03738(石田・埴原・太田)、16H06279『ゲノム支援』(豊田)、及び『金沢大学超然プロジェクト』(覚張)、『九州大学生体防御医学研究所共同研究プログラム』(柴田)の助成を受け完遂されました。

5. 発表雑誌：

雑誌名：「*Communications Biology*」

論文タイトル：Ancient Jomon genome sequence analysis sheds light on migration patterns of early East Asian populations

著者：Takashi Gakuhari[#], Shigeki Nakagome[#], Simon Rasmussen, Morten E. Allentoft, Takehiro Sato, Thorfinn Korneliussen, Blánaid Ní Chuinneagáin, Hiromi Matsumae, Kae Koganebuchi, Ryan Schmidt, Souichiro Mizushima, Osamu Kondo, Nobuo Shigehara, Minoru Yoneda, Ryosuke Kimura, Hajime Ishida, Tadayuki Masuyama, Yasuhiro Yamada, Atsushi Tajima, Hiroki Shibata, Atsushi Toyoda, Toshiyuki Tsurumoto, Tetsuaki Wakebe, Hiromi Shitara, Tsunehiko Hanihara, Eske Willerslev, Martin Sikora*, Hiroki Oota*

は equal contribution、*は double corresponding authors.

著者&所属（日本語）：

覚張 隆史（金沢大学人間社会研究域附属国際文化資源学研究センター、他）

中込 滋樹（ダブリン大学トリニティ校 医学部）

サイモン・ラスムセン（コペンハーゲン大学地球研究所 ルンドベック財団
GeoGenetics センター）

モートン・E・アレントフ（コペンハーゲン大学地球研究所 ルンドベック財団
GeoGenetics センター、他）

佐藤 丈寛（金沢大学 医薬保健研究域医学系 革新ゲノム情報学分野）

トーフイン・コーネリアッセン（コペンハーゲン大学地球研究所 ルンドベック財団
GeoGenetics センター）

ブラネイド・ニ・チュイネアギアン（ダブリン大学トリニティ校 医学部）

松前 ひろみ（北里大学医学部）

小金渕 佳江（北里大学医学部）

ライアン・シュミット（北里大学医学部）

水嶋 崇一郎（聖マリアンナ医科大学 解剖学講座）

近藤 修（東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻）

茂原 信生（奈良文化財研究所）

米田 穰（東京大学総合研究博物館）

木村 亮介（琉球大学大学院医学系研究科）

石田 肇（琉球大学大学院医学系研究科）

増山 禎之（田原市教育委員会）

山田 康弘（国立歴史民俗博物館）

田嶋 敦（金沢大学医薬保健研究域医学系 革新ゲノム情報学分野）

柴田 弘紀（九州大学生体防御研究所）

豊田 敦（国立遺伝学研究所）

弦本 敏行（長崎大学大学院医歯薬学総合研究科 肉眼解剖学分野）

分部 哲秋（長崎大学大学院医歯薬学総合研究科 肉眼解剖学分野）

設楽 博巳（東京大学大学院人文社会系研究科）

埴原 恒彦 (北里大学医学部)

エスケ・ヴィラースレウ (コペンハーゲン大学地球研究所 ルンドベック財団
GeoGenetics センター、他)

マーティン・シコラ (コペンハーゲン大学地球研究所 ルンドベック財団
GeoGenetics センター、他)

太田 博樹 (東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻、他)

DOI 番号 : 10.1038/s42003-020-01162-2

アブストラクト URL : <https://www.nature.com/articles/s42003-020-01162-2>

6. 問い合わせ先 :

(研究に関すること)

東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻

教授 太田 博樹

TEL : 03-5841-7580 E-mail : hiroki_oota@bs.s.u-tokyo.ac.jp

金沢大学人間社会研究域附属国際文化資源学研究センター

助教 覚張 隆史

TEL : 076-264-6179 E-mail : gakuhari@staff.kanazawa-u.ac.jp

(報道に関すること)

東京大学大学院理学系研究科・理学部 広報室

学術支援職員 吉岡 奈々子、教授・広報室長 飯野 雄一

TEL : 03-5841-8856 E-mail : kouhou.s@gs.mail.u-tokyo.ac.jp

金沢大学総務部広報室

本田 彩子

TEL : 076-264-5024 E-mail : koho@adm.kanazawa-u.ac.jp

7. 用語解説 :

(注1) 伊川津貝塚

愛知県田原市伊川津町にある縄文後・晩期を代表する大規模な貝塚遺跡。1918年に最初の発掘が行われて以来、多くの考古学者、人類学者によって発掘がおこなわれてきた。又状研歯を伴う抜歯の痕跡が見られる人骨が見つかることで有名である。今回の全ゲノム解析に用いられた IK002 は、2010年に本論文の共著者・増山禎之らによって発掘された6体中の1体である。壮年期女性の人骨で、腹胸部に小児 (IK001) を乗せていた。IK002の頭部に縄文晩期後葉のこの地方の典型的な土器である五貫森式土器が接し発掘されている。

8. 添付資料：



図1：左の写真は、伊川津貝塚出土人骨（女性）IK002。右の写真は、側頭骨錐体という頭蓋骨の一部をダイヤモンドカッターで切断している様子。

図2

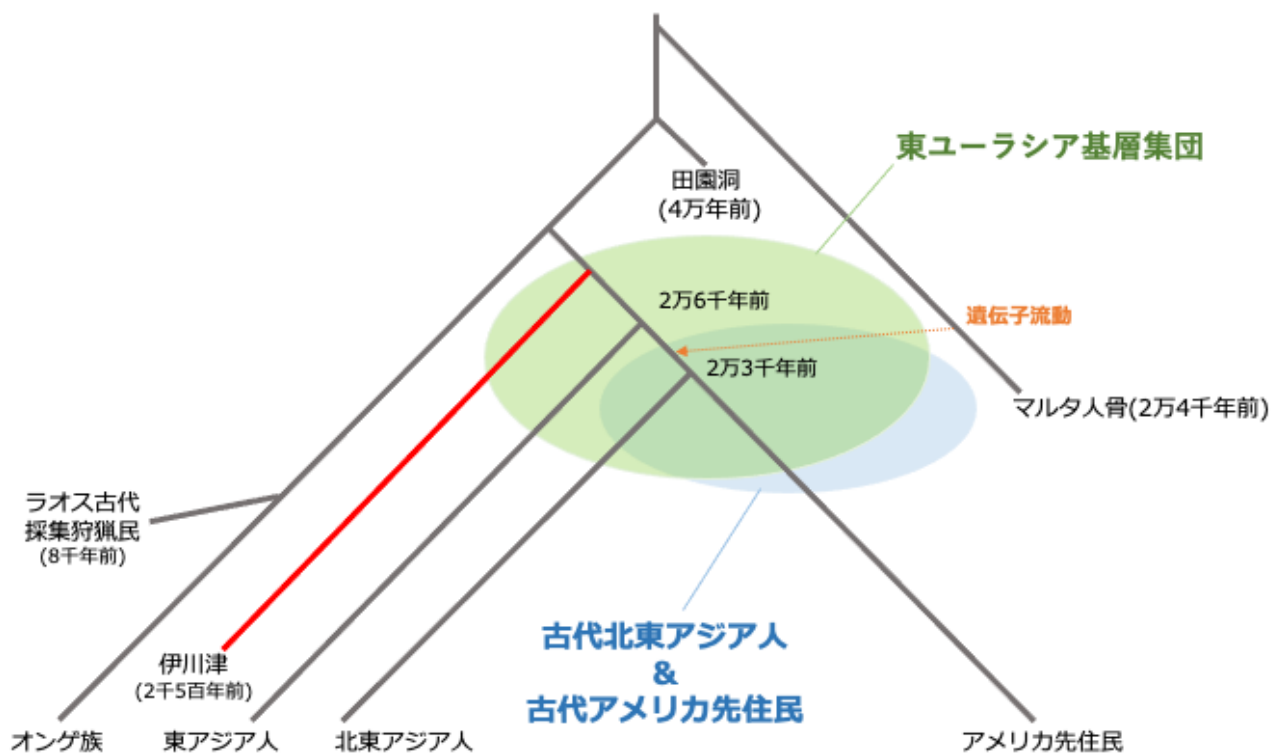


図2：東アジア人類集団の形成史をモデル化した図