

表1 新学術領域研究ヤポネシアゲノムの研究組織

領域代表	齋藤成也 (国立遺伝学研究所 教授)
計画研究 A01 班 (現代人ゲノムの決定と解析)	
研究代表者	齋藤成也
研究分担者	井ノ上逸朗 (国立遺伝学研究所 教授)、吉浦孝一郎 (長崎大学 教授)、Timothy A. Jinam (国立遺伝学研究所 助教)、松波雅俊 (琉球大学 助教)
計画研究 A02 班 (古代人ゲノムの決定と解析)	
研究代表者	篠田謙一 (国立科学博物館 副館長)
研究分担者	安達登 (山梨大学 教授)、角田恒雄 (山梨大学 助教)、佐藤丈寛 (金沢大学 助教)、神澤秀明 (国立科学博物館 研究員)
計画研究 A03 班 (動植物ゲノムの決定と解析)	
研究代表者	鈴木仁 (北海道大学 教授)
研究分担者	伊藤剛 (農業・食品産業技術総合研究機構 チーム長)、遠藤俊徳 (北海道大学 教授)、増田隆一 (北海道大学 教授)
計画研究 B01 班 (自然科学的手法による年代測定を含む考古学的解析)	
研究代表者	藤尾慎一郎 (国立歴史民俗博物館 教授)
研究分担者	木下尚子 (熊本大学 教授)、山田康弘 (国立歴史民俗博物館 教授)、清家章 (岡山大学 教授)、濱田竜彦 (明治大学 研究推進員)
計画研究 B02 班 (日本語・琉球語の方言解析と東ユーラシア全体の言語解析)	
研究代表者	遠藤光暁 (青山学院大学 教授)
研究分担者	木部暢子 (国立国語研究所 副所長)、狩俣繁久 (琉球大学 教授)、中川裕 (千葉大学 教授)、風間伸次郎 (東京外国語大学 教授)
計画研究 B03 班 (ゲノム配列からの人口変動推定と大規模ゲノム解析法の開発)	
研究代表者	長田直樹 (北海道大学 准教授)
研究分担者	藤本明洋 (東京大学 教授)、五條堀淳 (総合研究大学院大学 講師)、河合洋介 (国立国際医療研究センター 上級研究員)
総括班 (領域全体の研究調整や広報活動)	
研究代表者	齋藤成也
研究分担者	篠田謙一、鈴木仁、藤尾慎一郎、遠藤光暁、長田直樹、木部暢子
公募研究 A04 班	
研究代表者	今西規 (東海大学 教授)、太田博樹 (東京大学 教授)、大橋順 (東京大学 准教授)、木村亮介 (琉球大学 准教授)、里村和浩 (北海道大学 特任助教)、寺井洋平 (総合研究大学院大学 助教)、内藤健 (農業食品産業技術総研 主任研究員)、中山一大 (東京大学 准教授)、花田耕介 (九州工業大学 准教授)、細道一善 (金沢大学 准教授)
公募研究 B04 班	
研究代表者	麻生玲子 (国立国語研究所 助教)、河田雅圭 (東北大学 教授)、竹中正巳 (鹿児島女子短期大学 教授)、西内巧 (金沢大学 准教授)、林由華 (国立国語研究所 外来研究員)、舟橋京子 (九州大学 講師)

くわしくは、プロジェクトのホームページ (<http://www.yaponesian.jp>) を参照されたい。



写真1 ヤポネシアゲノムプロジェクトで使用しているコンピュータサーバー「Susanowo」(国立遺伝学研究所集団遺伝研究室に設置)

ヒトゲノムには三億もの塩基があり、タンパク質の遺伝子に限っても、二万二〇〇〇個ほど知られている。二二世紀の初頭には、米国・欧州・日本を中心とした国際研究グループが、ヒトゲノムの全DNA塩基配列をほぼ解明した。このことから、急速に多数の人々のゲノム情報を比較するヒトゲノム多様性の研究が発展していった。一〇年ほど前には、一個人の全ゲノム情報解読には数ヶ月がかかり、数千万円の費用がかかったが、現在では数日間のあいだに、一〇万円足らずで決定することができるようになった。この劇的な変化はまさに「革命」と呼んでもいいだろう。「ヤポネシアゲノム」研究プロジェクトでは、これらヒトゲノムの膨大な情報を解析するために、Susanowoと名づけた大型コンピュータサーバーを導入した(写真1)。またヤポネシアの古代人(本特集のコラム1)や人間とともにヤポネシアに渡ってきた動植物のゲノムを解析するウミサチとヤマサチというコンピュータも導入した。日本神話に登場する神様の名前からの命名だ。

新学術領域研究 「ヤポネシアゲノム」の めざすところ

科学研究費補助金によるビッグプロジェクト「ヤポネシアゲノム」は、自然科学的なゲノム研究と考古学、言語学といった人文科学が協働する、これまでにない異分野連携研究である。大規模なゲノム解析から日本列島人(ヤポネシア人)の起源を探る。

齋藤 成也
SAITOU Naruya

ヤポネシア人の起源と成立

二〇一八年度から五年間の予定で、新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」がたちあがった。現代人ゲノム、古代人ゲノム、動植物ゲノム、考古学、言語学、大規模ゲノム解析の六班から構成され、さらに二〇一九年度からは、一七件の公募研究が開始された(表1)。これらのメンバー全体で総力をあげて、ヤポネシア人(日本列島人)の起源と成立をゲノムレベルで解明し、また人間とともにヤポネシアにわたってきた動植物のゲノムをしらべる予定だ。これらのゲノム研究に加えて、土器や住居跡など人間の間となみを遺跡や遺物からさぐる考古学研究

と、ヤポネシア内の言語(アイヌ語、日本語、琉球語)とその周辺の言語の多様性をさぐる言語学研究をすすめる。

現在、地球上には二〇〇ちかくの国家が存在する。しかし大昔、旧石器時代には世界には国家など存在していなかったはずだ。われわれの「ヤポネシアゲノム」研究プロジェクトでは、現在の日本列島に住んでいる人々の祖先を、数万年前までさかのぼって研究する。このため、国家のなかった時代が大部分なので、あえて国家の名称でもある「日本」を使わずに、日本列島をラテン語で表記したヤポネシアを用いている。ヤポネシアの地理的範囲は、千島列島、樺太島、北海道、本州、四国、九州とその周辺の

島々および南西諸島である。なおヤポネシアは、奄美大島に長く住んだ作家の島尾敏雄(一九一七〜一九八六)が一九六〇年代に提唱した名称である(たとえば文献1を参照)。

ゲノムとは

われわれの研究プロジェクト名に登場するもうひとつの単語「ゲノム」は、今からちょうど一〇〇年前の一九二〇年に、ドイツの植物学者だったハンス・ヴィンクラーが提唱した。ある生物の持つ遺伝情報のすべてという意味がある。当時すでに、遺伝子が細胞核内の染色体に並んでいることがわかっていった。そこで、遺伝子(gene)と染色体(chromosome)のそれぞれ最初の部分と最後の部分をくっつけて、genomeという単語を考え出したとされている。その後一九三〇年になって、コムギのゲノムを調べた日本人研究者、木原均が、ゲノムに「ある生物が生きてゆくのに必要な最小セットの遺伝子の集まり」という定義を与えた。彼は筆者が勤務している国立遺伝学研究所の第二代所長も務めた。その後、遺伝子がDNA(デオキシリボ核酸)という物質からできていることが解明された。さらに一九五三年になって、DNA分子が二重らせん構造をとることがワトソンとクリックによって提唱された。この構造は、親から子に遺伝情報を伝えるのにとっても適したものであり、生命の誕生を説明しやすくなった。DNAには四種類の塩基(アデニン、シトシン、グアニン、チミン)があり、これらいろいろ異なる並び方(塩基配列と呼ぶ)をとることによって、遺伝子という情報がDNAという分子に乗っている。



写真3 淡路島の夢舞台で開催された第1回にうみミーティング (Yaponesian 2019年あき号を参照) でのポスター発表の様子



写真2 2019年2月に開催したヤポネシアゲノム言語学班会議 (Yaponesian 2019年あき号を参照) で、石垣島の白保竿根田原洞穴遺跡を見学した際の様子

表2 ヤポネシアへの三段階渡来モデル

段階	渡来時期 (年代)	主たる渡来地	人々の主たる起源地
第一段階	旧石器時代～縄文時代中期 (40,000年前～4,500年前)	ヤポネシアの南北	東ユーラシアの南北
第二段階	縄文時代後期～縄文時代晩期 (4,500年前～3,000年前)	九州北部・南西諸島	東アジアの沿岸域 (海の民)
第三段階	弥生時代～現在 (3,000年前～)	ヤポネシア中央軸地域	朝鮮半島を中心とした東アジア北部

することが、両者をむすぶ線とヤマト人 (本土日本人) をつなげる左右の線で示されている。これは、多数の人骨データの統計解析から、北のアイヌ人と南のオキナワ人に、縄文時代人の要素がより大きく残ったことから提唱された、日本人の「二重構造モデル」を支持している。

うちなる二重構造

現在A01現代人ゲノム班では、ヤマト人の中にも「うちなる二重構造」があるのではないかと、斎藤 (文献2, 3) の仮説を検証すべく、ヤポネシアのなかの多数の人類集団のDNAを調べている。「うちなる二重構造」は、ヤポネシアに三段階の主要な渡来があった結果生じた地理的構造とされる。ヤポネシア中央部 (本州・四国・九州) のなかで、古来ヤポネシアの政治・文化・経済の中心地だった九州北部、山陽、近畿中心部、東海中心部、江戸東京を結んだ地域を「中央軸」、それ以外の地域を「周辺部」とわけて考えるものだ。中央軸は、ざっくり言えば、山陽新幹線と東海道新幹線の沿線である。三段階渡来モデルについては、表2を参照されたい。この表は斎藤 (二〇一七) の図5および本文の記述にもとづくものである。なお第二段階の「海の民」は、現在のところは仮想的な存在である。この新学術領域ヤポネシアゲノムの展開によって、現実存在していたことが明らかになることを期待している。

(情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室/人類進化学)

引用文献

- 1 島尾敏雄 一九七七 ヤポネシア考 葦書房
- 2 斎藤成也 二〇一五 日本列島人の歴史 岩波ジュニア新書
- 3 斎藤成也 二〇一七 核DNA解析でたどる日本人の源流 河出書房新社

代をさかのぼるたびに祖先の人数が増えるので、5代前には32人の祖先があり、そのうちのひとりの女性 (図の左端) から「自分」にミトコンドリアDNAが伝えられ、「自分」が男性であれば、ひとりの男性 (図の右端) から「自分」にY染色体が伝えられる。ミトコンドリアDNAとY染色体の情報だけでは、多数の祖先 (図で白く表示されている) のDNA情報がわからない。

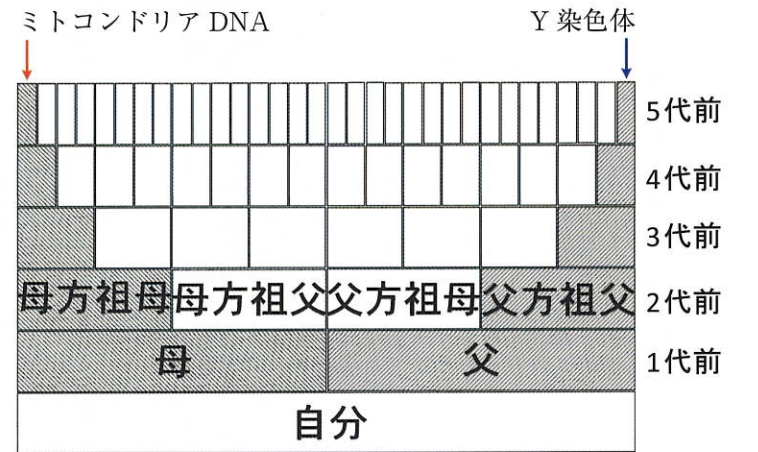


図1 ひとりの人間を構成する祖先のDNA

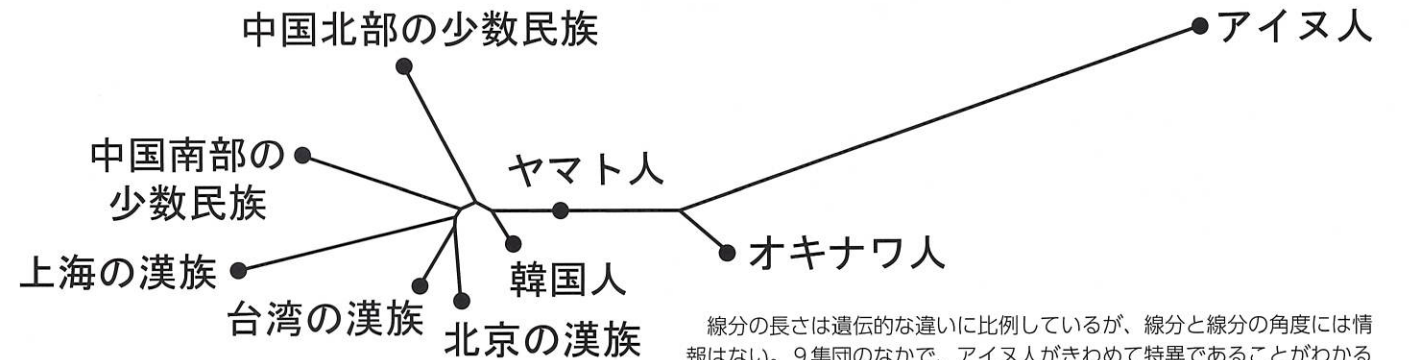


図2 ヤポネシアの現生3集団 (アイヌ人、ヤマト人、オキナワ人) と東アジア大陸部の現生6集団の遺伝的距離関係

線分の長さは遺伝的な違いに比例しているが、線分と線分の角度には情報は無い。9集団のなかで、アイヌ人がきわめて特異であることがわかる。一方、オキナワ人とアイヌ人をひとつのまとまりと考えることができる。ヤマト人 (本土日本人) は、このまとまりと東アジア大陸部の6集団との中間に位置している。ふたつの集団をつなぐ線分と線分の合計の長さが集団間の遺伝的距離に比例する。したがって、アイヌ人からみると、オキナワ人がもっとも近縁だが、オキナワ人からみるとヤマト人がもっとも近縁であり、さらにヤマト人からみると、韓国人がもっとも近縁となる。

祖先にたどりつく

ひとりの人間は、母親と父親から生まれる。このとき、両親のゲノムがそれぞれこの子供に伝えられる。一代前の祖先である両親のそれぞれに両親 (祖父母) がいるが、二代前の祖先である祖父母にも両親 (曾祖父母) がいる。曾祖父母は三代前の祖先である。このように、祖先を一代代さかのぼるごとに、祖先の人数が増える (図1)。これまで日本人の祖先をさぐる研究には、主としてミトコンドリアDNAとY染色体が使われてきた。これらはそれぞれ母系と父系をたどることができるとよくいわれているが、図1で示したように、実際には多数の祖先が存在する私たちの祖先のそれぞれ一人だけにたどりつくことしかできない。情報としては、とても限られている。このため、現在ではすべての祖先にたどりつくことができる常染色体 (男女とも持つている染色体) の全DNA塩基配列 (いわゆる「核ゲノム」) をしらべることが一般的になっている。

多人数のゲノムを調べると、三二億の塩基のうち大部分はまったく同一であるが、なかには塩基が異なっている場所が一〇〇万カ所ほど見いだされる。これらの場所の塩基だけを決定する技術 (DNAマイクロアレイ) を用いて、ヤポネシアに居住する三集団 (アイヌ人、オキナワ人、ヤマト人) と東アジアの他の集団の遺伝的距離関係を調べたのが、図2だ (文献2)。線分の長さはDNAの違いに比例しているが、線と線の角度には情報は無い。アイヌ人が他の東アジアの人々と大きく異なっている一方、オキナワ人とアイヌ人になんらかの共通性の存在