（別紙様式　1）

平成２２年度学融合推進センター戦略的研究プロジェクト成果報告書

研究テーマ名称	現生人類の拡散による遺伝子と文化の多様性創出に関する総合的研究
応募事業区分	**学融合推進センター・戦略的研究プロジェクト**
申請代表者氏名	斎藤成也

○　研究状況報告

全体会議を 10 年 12 月 3 日に葉山の総合研究大学院大学本部にて開催し、今後の研究計画を議論し、決定した（参加者：15 名）。この研究計画に沿って、遺伝子班と文化班がほぼ独立に研究をスタートさせた。これら２班は、国立遺伝学研究所と国立民族学博物館においてそれぞれ班会議を開催した。遺伝子班は、11 年 3 月 29 日ー30 日に班会議を開催した。招聘講演者３名、遺伝研の研究者８名、本プロジェクトメンバー８名の、合計 19 名が参加した。文化班は 11 年 1 月 22 日に開催された国立民族学博物館の人類の移動に関する共同研究会（印東道子教授代表）に本プロジェクトメンバー８名が参加した。

遺伝子班は、既発表の大規模 SNP データのダウンロードとその解析、ヒトゲノム中で自然淘汰を受けていると考えられている遺伝子の検索、および古代 DNA 研究の準備（骨などの資料所在地の調査）などを行った。

文化班は、人類の拡散をよくあらわすことができる文化要素（石器、土器、金属器、言語、家畜、農作物、農業技術、狩猟技術など）のリストを作成する予定だったが、中心となる印東教授が民博のオセアニア展示リニューアルで繁忙をきわめたため、活動は来年度に持ち越しと成った。

総括班は国立情報学研究所の丸山雄三博士にお願いして、本研究のホームページ（http://idenshi.secondbrain.co.jp/；ユーザーIDとパスワードが要求される）を立ち上げる準備を進めるとともに、遺伝子班と文化班との連携をどのように行うかを検討した。

○　当該事業年度において達成された研究成果

研究が昨年秋からはじまって、まだ半年しか経過していないため、明確な形で達成できたと言えるような研究成果はまだない。ただ、遺伝子班においては、以下の２テーマを今年度（2011 年度）から本格的に始めるための準備が整った：

１）　現代人集団の大規模 SNP データ解析：（ア）日本列島の３集団（本土、沖縄、アイヌ）について約１００万 SNP（単一塩基多型）のデータを生成し、他の人類集団と比較解析を行っている。解析はほぼ終了したので、現在論文を準備中であり、2011 年中に論文を発表する予定である。（イ）東南アジアの人類集団について公開データを詳細に解析し、論文の投稿を準備するとともに、フィリピンのネグリト集団の DNA サンプルについて大規模 SNP データを生成し、すでにデータが生成され、投稿論文（本報告末尾を参照）にも使われているマレーシアのネグリト集団の大規模 SNP データと比較する予定である。（ウ）すでに公開されている東南アジアの人類集団の大規模 SNP

データを詳細に解析し、小集団が近隣の大集団との混血を繰り返すことによって、集団内の構造がきわめて複雑化していることがわかった（近日投稿予定）。

２）古代 DNA の研究：（ア）

なお、本研究が主催した２回の会議のプログラムを以下に添付する。これらの会議によって、プロジェクトに参加している生物系と文科系の分野の研究者間の知識の共有度が深まった。学融合をめざすこの事業にとって適切な進展があったと言えるだろう。特に第２回の研究会には３名のゲスト講演者を招聘し、多様な分野から現生人類の拡散パターンを議論した。

戦略的研究プロジェクト研究
「現生人類の拡散による遺伝子と文化の多様性創出に関する総合的研究」第１回研究会
日時：１０年１２月３日（金）１４：００～１７：３０
場所：総合研究大学院大学先導科学研究科３階会議室
１４：００～１４：２０　斎藤成也（国立遺伝学研究所・総研大）：
全体の構成についての紹介（丸川さんのご紹介を含む）
１４：２０～１４：４０　印東道子（国立民族学博物館・総研大）：
民博での共同研究会「人類の移動誌」の紹介など
１４：４０～１５：００　颯田葉子（総合研究大学院大学）：
先導科学研究科での取り組み
１５：００～１５：３０　高橋遼平（総合研究大学院大学大学院生）：
沖縄イノシシの古代ＤＮＡ研究
１５：３０～１６：００　休憩
１６：００～１７：００　菊澤律子（国立民族学博物館・総研大）：
ポリネシアの言語について
１７：００～１８：００　河村正二（東京大学大学院創成科学研究科）：
ネグリト人における色覚遺伝子の変異について
１８：００～１８：３０　神澤秀明（総合研究大学院大学大学院生）：
日本列島人の古代ＤＮＡ研究の基礎

戦略的研究プロジェクト研究
「現生人類の拡散による遺伝子と文化の多様性創出に関する総合的研究」第２回研究会
日時：１１年3月２９日（火）１３：３０　ー3月３０日（水）１２：００
場所：国立遺伝学研究所　講堂
３月２９日（火）
１３：３０～１４：００　斎藤成也（国立遺伝学研究所・総研大）：

（別紙様式　1）

平成２２年度学融合推進センター戦略的研究プロジェクト成果報告書

本プロジェクトの来年度の計画について

１４：００～１５：００　植田信太郎・熊谷真彦（東京大学大学院理学系研究科）：
栽培イネと野生イネのＤＮＡ研究

１５：００～１６：００　岩田礼（金沢大学文学部）＊:
中国語方言の多様性：変化の連続性と不連続性

１６：００～１６：３０　休憩

１６：３０～１７：３０　長田直樹（国立遺伝学研究所・総研大）：
人類集団における自然淘汰

１７：３０～１８：３０　木村亮介（琉球大学亜熱帯島嶼科学超域研究推進機構）＊:
人ゲノム多様性にみる人類集団の分岐と混血

３月３０日（水）

１０：００ー１１：００　鈴木留美子（大分大学医学部環境予防医学講座）＊:
ピロリ菌の塩基配列を用いた人類集団移動の研究

１１：００ー１２：００　斎藤成也（国立遺伝学研究所・総研大）：
アジアの人類集団における大規模 SNP データ解析

*ゲスト講演者

○　本研究を基に発表した論文と掲載された雑誌名等のリスト（論文があれば添付）

研究が昨年秋からはじまって、まだ半年しか経過していないため、発表論文などはまだない。しかし、投稿中の論文が１報、近日中に投稿予定の論文が１報、４月ー５月に投稿予定の論文が１報ある。それらの詳細は以下のとおりである（下線のある著者は本プロジェクトメンバーである）：

David Reich, … 6 persons…, Timothy A. Jinam, Maude E. Phipps, Naruya Saitou, … 3 persons…, and Mark Stoneking: Denisova gene flow and evidence for an early southern route migration of modern humans.　Submitted to *Nature*.

Timothy A. Jinam, Maude E. Phipps, and Naruya Saitou: Genetic substructure in indigenous Malaysian populations based on genome-wide SNP markers. To be submitted to *European Journal of Human Genetics*.

Japanese Archipelago Human Population Genetics Consortium*: History of human populations on Japanese Archipelago inferred from massive SNP data. In preparation.

* Consortium Members

（別紙様式　1）

平成２２年度学融合推進センター戦略的研究プロジェクト成果報告書

Timothy Jinam, Norio Niikawa, Tadashi Kaname, Kenji Naritomi, Momoki Hirai, Shoji Kawamura, Ryosuke Kimura, Shuhei Mano, Nao Nishida, Jun Ohashi, Hiroki OOta, Atsushi Tajima, Hideyuki Tanabe, Kazuo Umetsu, Toshimichi Yamamoto, Yumiko Suto, Naruya Saitou, Keiichi Omoto, and Katsushi Tokunaga