

■ ロッテ基金特別講演 1 (LSL1)

日時：9月5日（金）14:30～15:40

会場：A会場（会議場1階 メインホール）

座長：竹内 弘（九歯大 口腔応用薬理）

「パレオゲノミクスによる人類集団の起源研究」

覺張 隆史（ガクハリ タカシ）

（金沢大学・人間社会研究域附属・古代文明・文化資源学研究所）



考古遺跡から出土する古人骨は、今日の人類集団の起源研究を進める上で、極めて重要な文化財である。古人骨中の古代DNA分子は微量かつ断片化が進んでおり、血液やFFPEサンプルなどの現代人試料と比較して、非常に劣化が進んでいる。さらに、温暖・湿潤地域においては、冷涼な地域と比較して、骨は土壌中で溶解しやすいため、DNAが骨から流れ、古代DNA分子自体が保存されていないことも多い。このため、古人骨からのゲノム配列取得は、2000年代までは温暖・湿潤地域の遺跡では不可能であると考えられてきた。私たちの研究チームは、2010年から古代DNA分析に着手し、当時は不可能とされていた温暖地域の遺跡出土人骨からのゲノム配列決定法の検討を進めてきた。

分析手法の検討によって古人骨由来のDNA分子の精製に成功し、2018年に世界で初めて縄文人の全ゲノムデータを公開した。この手法をさらに多くの古人骨に応用し、9000年前～3000年前の縄文人、弥生人、古墳人のゲノムデータの取得に成功した。これらのゲノムと現代日本人ゲノムとの比較解析から、日本列島人の起源に関するモデル「3重構造モデル」の提案を行った。今では世界各地の遺跡出土人骨からゲノムデータを取得し、それぞれの人類集団の起源研究を展開してきた。

本発表では古代ゲノム研究の手法開発の概説とともに、これまで進めてきた世界の人類集団の起源研究を紹介する。さらに、近年注目を集めている古代人の疾病や感染症のゲノム研究について、私たちの研究チームが現在進めている研究例を紹介しつつ、その研究意義について解説する。

<ご略歴>

2007年 東京農業大学 農学部 卒業
2009年 東京大学 新領域創成科学研究科 先端生命科学専攻 修士課程修了
2012年 同上 博士課程単位取得退学
2012年 東京大学 総合研究博物館 日本学術振興会特別研究員（PD）
2013年 北里大学 医学部 日本学術振興会特別研究員（PD）
2015年 金沢大学 古代文明・文化資源学研究センター 特任助教
2024年 金沢大学 古代文明・文化資源学研究所 准教授
博士（生命科学） 東京大学