

平成 30 年 9 月 8 日現在

機関番号：82617

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2013～2017

課題番号：25251043

研究課題名(和文)全ゲノム解析法を用いた縄文人と渡来系弥生人の関係の解明

研究課題名(英文) Analysis of the relationship between Jomon and immigrant Yayoi people using whole genome sequencing data

研究代表者

篠田 謙一 (SHINODA, Ken-ichi)

独立行政法人国立科学博物館・その他部局等・研究調整役

研究者番号：30131923

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 35,700,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では縄文人骨43体、弥生人骨4体の合計47体のゲノム解析を行った。ミトコンドリアDNAの全配列を使った系統解析から、縄文人は遺伝的に均一な集団ではなく、地域による違いがあることが判明した。また、弥生人の遺伝的多様性は従来考えられていたより大きなものだった。そして渡来系弥生人もすでに在来の縄文人と混血していることも明らかとなった。これらの事実は従来の日本人起源論を再考する必要があることを示唆している。

研究成果の概要(英文)：In this study, a total of 47 ancient genomes were analyzed (43 from the Jomon and 4 from the Yayoi skeletal remains). Phylogenetic analysis using the whole sequence data of mitochondrial DNA revealed that the Jomon people are not a genetically homogeneous population, but differ among regions. Analysis of the whole genome sequences revealed that the genetic diversity of the Yayoi people was greater than previously proposed. It was also revealed that the immigrant Yayoi people were already mixed with the indigenous Jomon people. These facts suggest that it is necessary to rethink the traditional theory of the formation of the Japanese population.

研究分野：自然人類学。特に古人骨から抽出したDNAの分析による人類の拡散と集団の起源の研究

キーワード：古代ゲノム解析 ミトコンドリアDNA ハプログループ 縄文人 弥生人 核ゲノム

1. 研究開始当初の背景

古人骨由来の DNA 研究は 1990 年代以降に本格化した。この手法は、古代試料にわずかに残る DNA を解析することによって、それまでは形態学的な特徴のみに頼っていた血縁や系統に関する議論に直接的な証拠を提供するので、従来の研究方法では踏み込むことのできなかつたレベルでの様々な研究を行う事を可能にした。この方法を用いて現生人類の起源と拡散や日本人の起源などについて多くの研究が行われている。

古代試料に残る DNA 研究では、解析の対象としてミトコンドリアの DNA が選ばれてきた。これはミトコンドリア DNA が現生人類の多様性の研究の分野でよく用いられ、比較データが豊富にあったことと、ひとつの細胞中に数千のオーダーで存在しているため核 DNA に比較して古代試料でも壊れずに残っている可能性が高かったことなどの理由による。しかし、このことは得られる遺伝情報が母系に関するものに限られるという方法論的な限界を持っていた。一方、2006 年より本格的な応用が始まった次世代シーケンサは、サンプルに含まれる DNA の配列を網羅的に決定することが可能であり、あらかじめ設定したターゲットの領域を増幅し、配列決定する従来の方法とは全く異なるストラテジーで解析を行う。この方法の実用化によって、ミトコンドリア DNA でも点的な突然変異を検出するハプログループ解析ではなく、全塩基配列を用いた詳細な系統解析が可能になる。更に古代試料に残る核 DNA の配列も解析も視野に入れることが可能になった。

古人骨由来の核 DNA 分析ではわずか 1 個体の DNA を分析しても、集団の分岐年代の推定だけでなく、仮定を置けば混血の度合いを推定できるし、遺伝子の機能的な解析も可能である。特に現在ではヒトの核 DNA の機能が次々に明らかになっているので、そのデータを参照することで、古代人の持つ遺伝的な特徴についても推測することができる。今後の古代試料の DNA 分析は、この次世代シーケンサを用いた研究にシフトしていくことは確実な状況である。

2. 研究の目的

日本列島は数万年前からホモ・サピエンスが定着し、その後の歴史時代を通じて、様々な時代・地域で人骨が発掘されており、地域集団としての変遷の歴史を長いスパンで考察できる希有の地域である。特に日本人成立論にとって中心的な課題である縄文人と弥生人の関係を明らかにできれば、この分野の研究に決定的とも言える結論を提供できる。更に、これまでにもっぱら人文社会学の分野の研究対象だった文化変容の問題も、DNA 研究が成立の詳細なシナリオを描くことによって、新たな学際的な取り組みの中で議論することが可能となる。本研究は、今後のその

ような学問の枠組みを構築していくための試みである。また本研究は、明治以来百年以上にわたって追求されてきた日本人起源論への全ゲノムデータを使った最初の挑戦であり、新たな手法による研究として高く評価できると考えられる。

本研究では縄文人と弥生人の人骨試料から DNA を抽出し、NGS を用いた網羅的な DNA 解析を行う。得られたシーケンサデータから SNP 領域を抽出して縄文人と弥生人を比較し、その遺伝的な特徴を考察する。またすでに公表されている現代日本人データを比較することによって、現代日本人との関係を考察する。日本人の形成に関しては、これまで主として形態学的な研究によって得られたデータによって語られてきた。Hanihara(1991, Japan Review. 2:1-33)による二重構造説が定説として受け入れられているが、今回の解析を通して、この学説の妥当性をゲノムデータを使って検討することを目的とした。

3. 研究の方法

縄文人と渡来系弥生人の骨または歯のサンプルから、これまで我々がミトコンドリア DNA を解析する際に用いた方法を使って DNA を抽出し、次世代シーケンサを用いた解析を行った。この際、前処理として制限酵素処理等を行って、バクテリア由来の DNA を除去し、ヒト由来の DNA を効率的に解析する等の工夫を行っている。

得られたサンプルに DNA が解析可能な量残っているかを確認するために、最初にミトコンドリア DNA 解析を行った。具体的には、APLP 法 (Amplified Products Length Polymorphisms Method) を用いて、ハプログループを決定し、結果が出たサンプルを全ゲノム解析に用いた。

NGS による DNA 配列の決定は国立科学博物館が所有する Illumina 社の MiSeq sequencer を使用した。得られた DNA 配列をヒト DNA 配列にマッピングし、その SNPs 箇所を抽出した。この SNP データを用いて、これまで報告されている現代日本人、北京中国、アイヌ、東南アジア人などのデータとの集団比較を行った。その際には主成分分析法を用いて、縄文人と弥生人の位置を図に落とし、現代人集団および古代人間の系統関係を考察した。

更にヒト由来の DNA を多く含むサンプルでは、外注で Illumina 社の HiSeq sequencer を用いた解析を行い、現代人と同じレベルでの DNA 配列データを取得した。

4. 研究成果

(平成 25 年)

縄文人と渡来系弥生人の遺伝的な関係を知るために、平成 24 年度は縄文人骨から抽出した DNA の解析を試みた。実験に用いたのは東京大学博物館所蔵の福島県三貫地遺跡

出土の縄文晩期人(3千3百年前)と慶應大学の調査団が発掘した青森県尻労安部遺跡出土の縄文中期人(4千年前)、更に長野県教育委員会の発掘によって得られた湯倉動物遺跡出土の縄文早期人(8千年前)の3体である。三貫地縄文人ではミトコンドリアDNAの82%、核ゲノムの1%、湯倉縄文人ではそれぞれ98%と9%に配列を決定できた。一方、きわめてDNAの保存状態の良かった尻労安部縄文人ではミトコンドリアDNAを10倍の深度で全周の配列を決定し、核ゲノムの80%の配列情報を得ることができた。

(平成26年度)

平成25年度は前年に収集したデータ解析に重点を置いた。青森県尻労安部遺跡出土の縄文中期人(4千年前)は今年度行ったデータ解析によって、縄文人と現代の東南アジアから東アジアにかけての集団との類縁性を明らかにすることができた。また現代日本人に伝わっている縄文人に由来すると考えられる遺伝的な要素を除くと、我々が有するのは、東アジアのごく狭い地域の集団が持つ遺伝的な要素であることも明らかとなったが、これは渡来系弥生人の性格を考える際に更に重要な示唆を与える結果だと考えられる。ただしこれは東北の縄文人のDNAから導かれた結果であり、それを縄文人の一般的特徴として捉えることは難しい。そこで南方の縄文人の遺伝的な特徴を調べる目的で、沖縄県伊江島から出土した貝塚時代前期(縄文時代相当)の人骨3体からDNAを抽出し、APLP法によるミトコンドリアDNAのハプログループ決定と次世代シーケンサを用いた予備的な研究を行った。

(平成27年度)

平成27年度は、前年に引き続き、縄文人のゲノム解析を行った。特にこれまでのミトコンドリアDNAのハプログループ解析では詳細な分類ができなかった個体に関して、NGSを用いたミトコンドリアDNA全塩基配列の決定を試みた。その結果、縄文人の普遍的に存在し、日本の基層集団を特徴付けるハプログループであるM7aとN9bには現代人にはない系統が含まれることが明らかとなった。また、それぞれが地域的な分化を遂げていることも判明した。この結果は縄文人が列島の内部で広範に遺伝的な交流を行っていたわけではなく、地域的に異なる集団として存在していたことを示唆しており、従来の「均一な縄文人」という概念を覆すものである。

(平成28年度)

平成28年度は、前年までに行っていた縄文人のゲノム解析に加えて、北部九州の渡来系弥生人と東北地方の在来系弥生人のゲノム解析を行った。また、沖縄県の伊江島のナガラ浜第三貝塚から出土した男性2体女性1体の貝塚時代中期(本州の文化編年では縄文時代の最末期)の人骨についてのゲノム解析を行った。渡来系弥生人の遺伝的な性格を明らかにする目的で、北部九州を代表する遺跡で

ある福岡県那珂川町の安徳台遺跡の甕棺から出土した5体の人骨のDNA分析を行った。また、東北の弥生人であるアバクチ洞窟から出土した小児人骨についても同様の分析を行い、両者の結果を比較した。

(平成29年度)

平成29年度は、特に弥生人のゲノム解析を中心に解析を進めた。その結果、渡来系弥生人のSNPは現代日本人の範疇に入ることが示された。解析した個体は弥生時代中期のものではあったが、縄文人のゲノムが1割ほど含まれていることが判明し、渡来系弥生人は既に在来の縄文人と混血していることが示唆された。また、縄文人の直系と考えられていた西北九州弥生人もSNP解析によって、相当程度の渡来系弥生人のゲノムを受け継いでいることも明らかになった。更に、東北の弥生人であるアバクチ洞窟出土の幼児骨からもDNAを抽出し、全ゲノム解析を行ったが、この個体の持つゲノムは、東北の縄文人の範疇に入っていた。弥生時代には、様々な遺伝的なバックグラウンドを持った集団が、列島の内部に混在していたことになり、このことは従来の弥生人観を訂正する必要があることを示している。

(まとめ)

これまでの研究から縄文人のミトコンドリアDNAのハプログループは、M7aとN9bという2種類が多数を占めていることが分かっていた。しかし、両者の集団内の比率には地域差があり、琉球列島を含む関西以西の地域ではほぼM7aが卓越するのに対し、北海道と東北ではN9bが多数を占めている。一方、今回の全国の縄文遺跡から出土した人骨のミトコンドリアDNAの是配列を用いた系統解析から、M7aでは関西以西と東北・北海道では異なる系統のサブグループが分布していることも判明した。つまり縄文人に関しては、地域集団によってミトコンドリアDNAの組成が違っており、均一な縄文人という考え方はDNAからは成り立たない。なお、M7aの成立は2万~3万年間で、縄文時代の開始期よりも前の旧石器時代に南から日本に侵入したと考えられる。その後、日本列島内に分布を広げていき、その過程で新たなサブグループを生んでいったのだろう。地域による分布の違いは、地域間の人的な交流が広範囲に及ぶものではなかったことを示している。

興味深いことに、現代日本人のミトコンドリアDNAには、東北・北海道の縄文人で多数を占めるN9bが2%程度しか存在しない。また、7%程度存在するM7aも関西以西の縄文人が持つサブグループが大多数を占めている。このことは、現代日本人に伝わる縄文人のDNAは、主に西日本の縄文人に由来することを示している。一般には縄文は関東以北の東日本を中心とした文化であり、縄文時代を通じて多くの人口を抱えていたのは東日本以北の地域だと考えられているが、現代につながる縄文のDNAは西日本のものが多くなる。

このような違いは、大陸から渡来した集団と在来の縄文人との混合の様子に原因があると考えられる。弥生時代の開始期に大陸から渡来した集団が最初に混合したのは、北部九州の縄文人だったはずで、その後、混合集団が稲作を持って東進し、在来集団を飲み込んでいったとすると、混合集団の人口に占める縄文系の割合は最初期が最も高かったはずである。そのことが結果的に西日本縄文人のDNAを現代に伝えることになったのだろう。

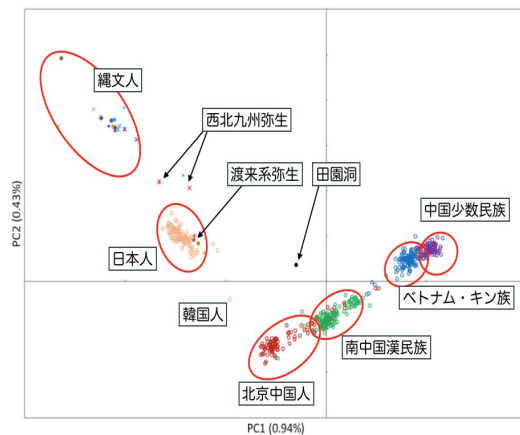
今回の研究では、北海道礼文島の船泊遺跡から出土した 3500～3800 年前の縄文人の女性のゲノムを、ほぼ現代人と同じ精度で解析することに成功した。表現型に関する遺伝子の解析では、耳垢が湿式であること、切歯がシャベル型ではないこと、毛髪は巻き毛であったことなどが明らかになっている。これらは現代のアイヌや沖縄などの人たちの研究から、縄文人の持つ性質と予想されていた特徴と一致しているが、変わったところでは目の虹彩が茶色であったことも示されている。身長に関する遺伝子は、背が低くなる傾向を示しており、これは実際の人骨から得られた結果と一致した。これらの情報をもとにして、縄文人の復顔像を作成した（写真）



縄文人 今回の解析では3体の縄文人のY染色体DNAのハプログループも判明している。それは日本人では3割を占めるものの朝鮮半島や中国には少なく、これまで縄文人から受け継がれたハプログループであると推定されていたD1bという系統だった。しかし、東北と北海道の縄文人が持っていたのは、ハプログループD1bのなかでも日本人男性で多数を占めるサブグループD1b1ではなかった。ミトコンドリアDNAで証明されたように、北海道の縄文人の持つゲノムは、現代日本人にはそれほど伝わっていない可能性がある。

図は現代の日本人を含む東アジアの集団と、今回の研究で解析した縄文人、弥生人のSNPデータを用いて、集団の関係を主成分分析を使って図式化したものである。

図の下から斜め右上の方向に向かって、大陸の現代人集団が北から南に向かって並ん



でいる。これは東南アジアから東アジアの集団が互いに関係を持ちながらも、ある程度遺伝的に分化している様子を示している。なお田園洞というのは北京の周口店遺跡近くで発見された、約4万年前的ものとされる人骨である。その遺伝的な特徴は現代の大陸集団とは少し異なっている。一例の結果なので確実なことは言えないが、これは大陸集団もその後の歴史の中で遺伝的な変化を遂げていったことを表しているのだろう。一方、現代日本人はこの大陸集団から離れた部分に位置している。北京の中国人と現代日本人の間には韓国人が位置している。そして、その反対側のはるか離れた位置に縄文人がいる。

縄文人の中にもかなりの変異があることが分かるが、彼らは現代のアジア集団からかけ離れた遺伝子構成をしている。これは縄文人の祖先集団が他の集団と非常に古い時代、恐らく東アジアにホモ・サピエンスが進出して間もない時期に別れたためであるという解釈ができる。恐らく、東アジアの海岸線に沿って北上したグループが大陸の南から北、台湾付近からカムチャッカ半島に至るまでの広い地域に定着し、その中から個別に日本列島に進出する集団が現れたのだろう。ミトコンドリアDNAのハプログループの成立年代からは、縄文人につながる人たちの日本列島への進出は2～3万年前から始まったと推定される。また、縄文人の内部の変異が大きいのは、南北に広がる沿岸の各地から日本列島に人々が流入したためなのだと解釈できる。

現代日本人が、この位置にあるのは大陸集団、特に北東アジアの集団が列島に進入し、在来の縄文系集団と混合したためであると解釈できる。興味深いのは韓国がちょうど日本と北京の中国人の中間に位置することだろう。これは朝鮮半島集団の基層にも、縄文につながる人たちの遺伝子があることを意味している。このことは縄文人が韓国にまで分布していたと考えるよりは、初期拡散で大陸沿岸を北上したグループの遺伝子が朝鮮半島にも残っていたと考える方が理解しやすい。稲作を持った集団が朝鮮半島から北部九州に到達したことが、日本列島集団の遺伝的な構成を大きく変えることになったが、そ

の流れは実際には朝鮮半島集団の遺伝子にも影響を与えるものだったことになる。

弥生人に関しては、西北九州と渡来系の弥生人の位置を図に示している。なお、東北の弥生人の持つ DNA は縄文人の範疇に入った。また従来は縄文人の直系の子孫と考えられてきた西北九州の弥生人は、図にあるように縄文人と現代日本人の中間に位置しており、かなり混血の進んだ集団であることが分かる。また、渡来系とされる弥生人もこの分析では現代日本人の範疇に入っている。予想としてはより朝鮮半島や北京の集団に近いところに位置すると考えていたので意外な結果となっている。恐らく弥生時代が始まって数百年の間に、渡来系と言われている人たちも縄文人との混合を経て、独自の遺伝的な構成を持つ集団として成立したのだろう。従って、朝鮮半島に渡来系弥生人と同じ遺伝的な構成をしている集団はいないこと予想される。これまでは渡来系弥生人は、当時の朝鮮半島集団と同一視するイメージがあったが、それを変える必要があることを今回の研究は明らかにした。

更に、この時点でも列島の大部分に縄文系の人びとが居住していたことを考えると、更に大陸からの流入を考えないと現代日本人の位置を説明できない。そうすると現代日本人につながる集団が完成するのは、次の古墳時代であるということになる。実際に我々の予備的な研究では、古墳時代になると関東の集団の遺伝的な構成が大きく変わることが示されている。この時代に本土日本で現代人につながる集団の形成が行われたことになる。古墳時代人骨の DNA 分析は新たな日本人形成のシナリオを生むことになるはずである。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 13 件)

1. 篠田 謙一, 神澤 秀明, 角田 恒雄, 安達 登 (2017) 佐世保市岩下洞穴および下本山岩陰遺跡出土人骨のミトコンドリア DNA 分析. *Anthropological Science (Japanese Series)* (査読あり) Vol.125, 49-63. 10.1537/asj.170509

2. Adachi N., Kakuda T., Takahashi R., Kanzawa-Kiriyama H. Shinoda K. (2017) Ethnic derivation of the Ainu inferred from ancient mitochondrial DNA data. *American Journal of Physical Anthropology* (査読あり) Vol.165, 139-148 10.1002/ajpa.23338

3. Kanzawa-Kiriyama H., Kryukov K., Jinam T. A., Hosomichi K., Saso A., Suwa G., Ueda S., Yoneda M., Tajima A., Shinoda

K., Inoue I., and Saitou N. (2017) A partial nuclear genome of the Jomons who lived 3000 years ago in Fukushima, Japan. *Journal of Human Genetics.* (査読あり) Vol.62, 213-221. doi:10.1038/jhg.2016.110

4. 篠田 謙一 (2017) 日本人の起源に関する最近の DNA 人類学の動向. 岩波「科学」(査読無し) Vol.87, 162-165.

5. Saitou N. and Jinam T. A. (2017) Language diversity of the Japanese Archipelago and its relationship with human DNA diversity. *Man in India* (査読あり) Vol.97, 205-228.

6. 篠田 謙一 (2016) 人類史研究の最前線 - 化石とゲノムの研究はどこに向かうのか-. *生物の科学遺伝* (査読無し) Vol.70, 442-445.

7. Shinoda, K., Adachi, N. (2016) Ancient DNA Analysis of Palaeolithic Ryukyu Islanders. *Terra Australis*, Australian National University Press (査読あり) Vol.45, 51-60. doi.org/10.22459/TA45.03.2017

8. Saitou N., Jinam T. A., Kanzawa-Kiriyama H., and Tokunaga K. (2016) Initial movements of modern humans in East Eurasia. *Terra Australis*, Australian National University Press (査読あり) Vol.45, 44-50. dx.doi.org/10.22459/TA45.03.2017

9. 篠田 謙一 (2015) 遺伝情報から見た日本人の起源と成立の過程. *細胞工学* (査読無し) Vol.34, 902-905.

10. 斎藤成也 (2015) 遺伝情報からアウト・オブ・アフリカをたどる. *細胞工学* (査読無し) Vol.34, 606-609.

11. Jinam A.T., Kanzawa-Kiriyama H., Saitou N. (2015) Human genetic diversity in the Japanese Archipelago: dual structure and beyond. *Genes & genetic systems*, Vol.90, 147-152. doi.org/10.1266/ggs.90.147

12. Jinam A.T., Kanzawa-Kiriyama H., Inoue I., Tokunaga K., Omoto K., Saitou N. (2015) Unique characteristics of the Ainu population in Northern Japan. *Journal of human genetics*, Vol.60, 565-571. doi:10.1038/jhg.2015.79

13. Shinoda, K., Kakuda, T., Doi, N. (2013) Ancient DNA analysis of skeletal remains

from the Gusuku period excavated from two archaeological sites in the Ryukyu Islands, Japan. Bull. Natl. Mus. Nat. Sci., Ser. D. (査読あり) Vol.39, 1-8.

〔学会発表〕(計12件)

1. 篠田謙一 (2017) Analysis of the ancient human genome. 第71回日本人類学会大会
2. 篠田謙一 (2017)ゲノムから探る日本人の成り立ち. 第9回泌尿器抗加齢医学研究会.(招待講演)
3. 安達登 (2016) 骨から遺伝子を読む-日本列島住民の成り立ちについて. 第70回日本人類学会大会公開シンポジウム(招待講演)
4. Adachi N. (2016) Ethnic derivation of the indigenous Hokkaido and Ryukyu islanders inferred from their genetic data. Symposium: Two other archaeological narratives: Hokkaido and Ryukyus. The world Archaeological Congress-8 (国際学会)
5. 篠田謙一 (2015) DNA から見た日本人の形成と北東アジア. 東北大学東北アジア研究センター創立20周年記念国際シンポジウム(招待講演)(国際学会)
6. 神澤秀明, Kirill Kryukov, Timothy Jinam, 佐藤孝雄, 奈良貴史, 安達登, 細道一善, 田嶋敦, 井ノ上逸朗, 斎藤成也, 篠田謙一 (2015) 古代日本列島人の核ゲノム解析(第3報) 第69回日本人類学会総会.
7. 篠田謙一 (2014) DNA が解明する日本人の形成史. 第68回日本人類学会大会(招待講演)
8. Shinoda, K (2014) Acquisition of genetic variability through interbreeding in Homo sapiens. The 37th Annual meetings of the Molecular Biology Society Japan. (招待講演)
9. 神澤秀明, Kirill Kryukov, Timothy Jinam, 佐藤孝雄, 奈良貴史, 安達登, 細道一善, 井ノ上逸朗, 斎藤成也, 篠田謙一 (2014) 古代日本列島人の核ゲノム解析(第2報) 第68回日本人類学会大会
10. 篠田謙一 (2013) DNA から見た日本人の成立. 第22回日本DNA多型学会学術集会(招待講演)
11. 篠田謙一 (2013) DNA が解明する新人の世界拡散. 第67回日本人類学会大会(招待講演)
12. 篠田謙一 (2013) DNA が語る日本人の

成立. 第16回日本臨床腸内微生物学会総会(招待講演)

〔図書〕(計6件)

1. 斎藤成也 (2017) 核DNA解析でたどる日本人の源流 215ページ, 河出書房新社
 2. 篠田謙一 (2017) DNAから見た南西諸島集団の成立 奄美・沖縄諸島先史学の最前線(共著) 69-84ページ. 南方新社.
 3. 篠田謙一 (2016) DNAで読む日本人の形成史. 國學院大學日本文化研究所編:日本文化はどこにあるか. 19-64ページ. 春秋社
 4. 篠田謙一 (2015) DNAで語る日本人起源論 岩波書店 245ページ
 5. 斎藤成也 (2015) 日本列島人の歴史. 岩波書店 225ページ
 6. Adachi, N., Shinoda, K., Izuho, M. (2015) Emergence and Diversity of Modern Human Behavior in Paleolithic Asia. Texas A&M University Press. 406-417.
6. 研究組織
- (1)研究代表者 篠田 謙一
(SHINODA, Ken-ichi)
(国立科学博物館・その他の部局等)
研究者番号: 30131923
 - (2)研究分担者 井ノ上 逸朗
(INOUE Itsurou)
(国立遺伝学研究所・その他部局等・教授)
研究者番号: 00192500
 - (3)研究分担者 斎藤 成也
(SAITOU Naruya)
(国立遺伝学研究所・その他部局等・教授)
研究者番号: 30192587
 - (4)研究分担者 飯塚 勝
(IIZUKA Masaru)
(福岡女子大学・国際文理学部・学術研究員)
研究者番号: 20202830
 - (5)研究分担者 富崎 松代
(TOMISAKI Matsuyo)
(奈良女子大学・その他部局等・名誉教授)
研究者番号: 50093977
 - (6)研究分担者 神澤 秀明
(KANZAWA Hideaki)
(国立科学博物館・人類研究部・研究員)
研究者番号: 80734912
 - (7)研究分担者 安達 登
(ADACHI Noboru)
(山梨大学・総合研究部・教授)
研究者番号: 60282125