

Y-1 ヒト・現生大型類人猿における大腿骨骨幹形態の成長比較 (通常会員)

○森本直記 (京都大・理)

Ontogeny of femoral diaphyseal morphology in humans and great apes

Naoki MORIMOTO

大腿骨は歩行機能の要のひとつであり、その形態はヒト上科における移動様式の進化過程を推定するうえで重要である。しかし、適応だけでは形態の変異は説明できない。本研究では、ヒトと現生大型類人猿における大腿骨骨幹形態の成長変化を、周産期からオトナまで比較した。大腿骨の3次元形態をCTデータに基づく形態地図法により定量化し、骨幹形態を全長・全周にわたり解析した。これにより、大腿骨骨幹形態の類似性は対象種における移動様式の類似性とは必ずしも一致しないこと、それぞれ種固有の発生パターンを示すこと、現生大型類人猿の出生時における大腿骨形態はヒトではより進んだ発生段階に相当することが明らかになった。

Y-2 CT画像を用いたヒト頭蓋の半自動的な形状評価 (通常会員)

○伊藤毅 (琉球大・医)、木村亮介 (琉球大・医)、龍康殿あづさ (琉球大・医)、深瀬均 (北海道大・医)、土屋奈々絵 (琉球大・医)、村山貞之 (琉球大・医)、石田肇 (琉球大・医)

Semi-automatic evaluation of human cranial variations based on computed tomography images

Tsuyoshi ITO, Ryosuke KIMURA, Azusa RYUKODEN, Hitoshi FUKASE, Nanae TSUCHIYA, Sadayuki MURAYAMA, Hajime ISHIDA

ヒト頭部形態の個人差の遺伝要因の多くは明らかにされていない。ゲノムワイド関連解析は、表現型変異の関連遺伝子を探索する強力なアプローチであるが、通常膨大なサンプルを必要とし、また検出力を高めるために高解像度の表現型タイピングが望まれる。本研究は、大サンプルの効率的な解析に向けて、CT画像から半自動的に頭蓋形状を評価する方法を検討した。個体間のボリュームデータ変形関数を算出し、その関数に基づいて、一部の参照個体に手動取得した座標データを各個体の相同点に移動させた。今回の発表では、この手法の精度を評価するとともに、頭蓋形状の年齢差・性差・地域差(琉球—本土間)などについて報告する。

Y-3 比較解剖学に基づく体幹-上肢境界領域の神経分布 (通常会員)

○緑川沙織 (埼玉医大・保健)、時田幸之輔 (埼玉医大・保健)、小島龍平 (埼玉医大・保健)、影山幾男 (日本歯大・新潟生命)、相澤幸夫 (日本歯大・新潟生命)、熊木克治 (日本歯大・新潟生命)

Nerve distributions in the boundary between trunk and upper limb using comparative anatomy

Saori MIDORIKAWA, Kounosuke TOKITA, Ryuhei KOJIMA, Ikuo KAGEYAMA, Yukio AIZAWA, Katsuji KUMAKI

体幹-上肢境界領域の末梢神経と運動様式との関連に着目し、様々な霊長類の腕神経叢を調査してきた。腕神経叢における内側上腕皮神経(Cbm)は、ヒトや一部の類人猿にのみ出現し、マカク属には存在しないとされている。ヒト、チンパンジー、カニクイザル、ニホンザル、クモザルを用いた我々の調査にて、Cbmの出現には、腕渡りという運動様式が関与する可能性が示唆された(緑川, 2015)。

腕神経叢や Cbm に関する研究は、狭鼻下目にて広く行われており、広鼻下目をを用いた調査は少ない。そこで、広鼻下目のリスザル、タマリンを加え比較検討した結果を報告する。本研究の一部は京都大学霊長類研究所共同利用研究によって実施された。

Y-4 骨格標本から見たマカク属の尾長変異特性 (学生会員)

○若森参 (京都大・霊長類研究所)、濱田穰 (京都大・霊長類研究所)

The characteristics of tail length variation in Genus Macaca, using skeletal specimens

Hikaru WAKAMORI, Yuzuru HAMADA

マカク属は、ヒトの次に広範囲に分布し適応進化をとげた霊長類で、適応的特徴の一つに、尾長があげられる。その相対尾長(尾長/頭胴長×100)は、2%の短尾種から122%の長尾種まで幅広く、遺伝的近縁種で分けられた種群内にも、短尾種から長尾種まで存在する。発表者は、マカク属4種群を構成する計16種の骨格標本を計測した尾椎長データを分析した。その結果、全尾椎長は最長尾椎と全尾椎数を用いた線形モデルで示すことができ、さらに種群別に線形モデルを作るとより誤差を少なくすることができた。カニクイザル種群とトクマカク種群は、互いに似通った変異がみられるのに対して、シシオザル種群では、尾を長くするためにより多く尾椎の数を増やしていた。

Y-5 足の機能の一側優位性が外反母趾角に及ぼす影響について (学生会員)

○梅原彰宏 (帝京平成大院・健康科学)、竹内京子 (帝京平成大院・健康科学)、樽本修和 (帝京平成大院・健康科学)、松村秋芳 (防衛医大・生物)、岡田守彦 (筑波大学)

Influence of one-side dominance of foot functions on hallux valgus angle

Akihiro UMEBARA, Kyoko TAKEUCHI, Nagayoshi TARUMOTO, Akiyoshi MATSUMURA, Morihiko OKADA

ヒトの外反母趾角度や第1側角度は外反母趾の評価に用いられている。梅原ら(2014)は、複写図を用いた研究で、荷重負荷は足弓の形状に影響を及ぼすが、外反母趾角度には影響を及ぼさないことを示した。本研究では、外反母趾角の左右差から長期にわたる荷重負荷の影響についてしらべた。資料は18~23歳の日本人87名(男47、女40)の足型複写図である。複写図採取は清水ら(2010年)の方法に従い前後開脚姿勢で行った。ボールを蹴る側を蹴り足、体重を支える側を支持足として比較検討した。外反母趾角度は男女ともに支持足が蹴り足よりも有意に大きく($p < 0.05$)、長期にわたる荷重負荷の影響が大きいことが示唆された。

Y-6 岡山県真庭市桃山遺跡石積み遺構(火葬墓301)出土焼人骨からみた形成過程 (学生会員)

○足立望 (岡山理大院・総情)

Formation Process Analysis of a Burned Human Skeleton, Excavated from the Piled Stone Tomb 301, in the Momoyama Site, Maniwa City, Okayama Prefecture, JAPAN.

Nozomi ADACHI

桃山遺跡石積み遺構(火葬墓301)出土須恵器(10世紀中頃)に納められた焼人骨破片(岡山県教育委員会所蔵)の、最上部には軸椎が置かれた状態で検出された。骨の色調は暗褐色・黒色を呈すものが多く、歪みや螺旋状の亀裂と白色化を呈するものが比較的少なかった。3mmメッシュ上で得られた骨の総重量は1309.06gで男性としては少なめ、女性としてはやや多めであった。観察が困難な部分もあるが、脳頭蓋内面の広範囲に黒色化がみられ、焼成時の酸素の供給や受熱が阻害された可能性が示唆された。ほぼ全身の骨が確認され、集骨時の選択性は低いと推定された。燃焼ムラが存在しており、焼成時に

攪拌されることがなかったか稀であったと考えられる。

Y-7 更新世後期の琉球列島に生息していたリュウキュウジカの新生態復元と動物考古学的考察（通常会員）

○久保麦野（東大・総博）、藤田祐樹（沖縄県博）、山田英佑（総研大・先導研）、大城逸朗（おきなわ石の会）

Paleoecological reconstruction of Late Pleistocene deer from the Ryukyu Islands

Mugino KUBO, Masaki FUJITA, Eisuke YAMADA, Ituro OSHIRO

沖縄本島のハナンダガマ洞穴より出土した、更新世後期と考えられるリュウキュウジカ化石の大臼歯を対象に、歯の磨耗状態の分析ならびに歯のエナメル質の安定同位体分析を行った。その結果、リュウキュウジカは木本植物の葉などを主に食べていたと推定された。リュウキュウジカと同様の食性を示す現生ニホンジカの大臼歯の磨耗速度を当てはめ、リュウキュウジカの大臼歯の高さから年齢を推定したところ、最長で26歳と推定された。これは野生下にあるシカ類では例外的に長く、捕食者のいない島嶼環境下で、独自の生活史が進化したと考えられる。こうした知見は、先史時代人がシカ類の絶滅に及ぼした影響を考察する上でも重要である。

Y-8 遺跡出土骨から単離・精製したアミノ酸の微量放射性炭素年代測定（学生会員）

○板橋悠（東京大・新領域）、高野淑識（海洋研究開発機構）、カ石嘉人（海洋研究開発機構）、小川奈々子（海洋研究開発機構）、大河内直彦（海洋研究開発機構）、山根雅子（東京大・大気海洋研）、横山祐典（東京大・大気海洋研）、米田穰（東京大・総合博物館）

Small-scale radiocarbon measurement of individual amino acids isolated from archaeological bones by HPLC.

Yu ITAHASHI, Yoshinori TAKANO, Yoshito CHIKARAISHI, Nanako OGAWA, Naohiko OHKOUCHI, Masako YAMANE, Yusuke YOKOYAMA, Minoru YONEDA

骨試料で¹⁴C年代測定を行う際に、保存が悪い骨から抽出されたコラーゲンでは外来炭素の混入を完全に取り除くことが困難な場合があり、信頼できる年代推定が行えない例がある。近年では、コラーゲンに特異的に含まれるアミノ酸のヒドロキシプロリン(Hyp)を単離することで、より信頼性の高い¹⁴C年代測定が可能にする方法が開発されている。先行研究ではアミノ酸を用いた¹⁴C年代測定のために多量のコラーゲン(~50mg)を処理しているが、本研究ではコラーゲンの通常量AMS測定(2.5mg)の2倍量のコラーゲン(5mg)からHypを単離・精製し、微量AMSによる¹⁴C年代測定を行った。本発表では遺跡出土骨のコラーゲンを用いた通常量分析と単離したHypによる微量分析の比較結果を報告する。

Y-9 アイヌの全ゲノムSNP解析から探る東アジアの集団史（通常会員）

○中込滋樹（シカゴ大・人類遺伝）、Choongwon Jeong（シカゴ大・人類遺伝）、Anna Di Rienzo（シカゴ大・人類遺伝）

Genetic analysis of the Ainu reveals deep history of East Asian populations

Shigeki NAKAGOME, Choongwon JEONG, Anna DI RIENZO

近年、様々な人類集団のゲノム解析が進む中で、東アジアにおいて起こった集団の移動の歴史はいまだ明らかになっていない。そこで、本研究ではアイヌを含めた東アジア及びシベリアの集団から得られた全ゲノム一塩基多型(Single Nucleotide Polymorphism)データを用いて集団遺伝学解析を行った。その結果、現代のアイヌへと続く系統が東アジア人集団の中で最も古くに分岐したことが示された。さらに、アイヌは中央シベリアの集団と比べて北東シベリアの集団と遺伝的に近縁であ

ることも示された。その一方で、近隣の大陸集団からアイヌへの最近の遺伝子流動は見られなかった。以上の全ゲノム SNP 解析に基づく結果から、本発表では東アジアにおける集団史を考察する。

Y-10 寒冷適応に関わる *UCP1* 遺伝子型間のヒトにおける熱産生反応の違い (通常会員)

○西村貴孝 (長崎大・医)、勝村啓史 (北里大・医)、本井碧 (九州大・芸工)、太田博樹 (北里大・医)、綿貫茂喜 (九州大・芸工)

The difference in human thermogenesis between *UCP1* genotypes related to cold adaptation

Takayuki NISHIMURA, Takafumi KATSUMURA, Midori MOTOI, Hiroki OOTA, Shigeki WATANUKI

ヒトは寒冷環境に適応しながらその生息域を広げてきた。近年のゲノム情報の蓄積や動物実験などから、寒冷適応を可能とした遺伝子の存在が報告されている。*UCP1* 遺伝子はその一つである。しかし、*UCP1* の遺伝子型の違いが寒冷下でのヒトの生理的反応に影響を及ぼすことを実験的に示した例はない。そこで私たちは、この遺伝子をカバーする6個のSNPをタイプングしてハプロタイプを決定し、男性47名を対象に寒冷環境下での遺伝子型間の産熱量の違いを調べた。その結果、遺伝子型間で産熱量が有意に異なることが明らかとなった。本発表では、*UCP1* 遺伝子がヒトの寒冷適応に重要であったことを直接的に示す証拠を提示する。

Y-11 日本列島ヒト集団におけるモヤモヤ病感受性遺伝子 *RNF213* の集団遺伝学的解析 (学生会員)

○小金淵佳江 (北里大・院・医療系)、笠木聡 (北里大・海洋生命)、柴田弘紀 (九州大・生医研)、中込滋樹 (シカゴ大・人類遺伝)、間野修平 (統数研)、石崎直也 (東京大・院・新領域)、河村正二 (東京大・院・新領域)、秋山辰穂 (北里大・理)、木村亮介 (琉球大・院・医)、石田肇 (琉球大・院・医)、城圭一郎 (佐賀大・医)、副島英伸 (佐賀大・医)、藤本一真 (佐賀大・医)、佐藤公俊 (北里大・医)、安井美江 (北里大・医)、隈部俊宏 (北里大・医)、藤井清孝 (北里大・医)、覚張隆史 (北里大・医)、埴原恒彦 (北里大・医)、小川元之 (北里大・医)、太田博樹 (北里大・医)

A population genetic analysis of Moyamoya disease susceptibility gene *RNF213* of the people in the Japanese archipelago.

Kae KOGANEBUCHI, Satoshi KASAGI, Hiroki SHIBATA, Shigeki NAKAGOME, Shuhei MANO, Naoya ISHIZAKI, Shoji KAWAMURA, Tokiho AKIYAMA, Ryosuke KIMURA, Hajime ISHIDA, Keiichiro JOH, Hidenobu SOEJIMA, Kazuma FUJIMOTO, Kimitoshi SATO, Yoshie YASUI, Toshihiro KUMABE, Kiyotaka FUJII, Takashi GAKUHARI, Tsunehiko HANIHARA, Motoyuki OGAWA, Hiroki OOTA

モヤモヤ病は、内頸動脈終末部の血管狭窄とその周辺に形成される毛細血管網を特徴とする脳血管疾患である。最近のゲノムワイド関連解析等の結果、東アジア人、特に日本人でこの疾患と *RNF213* 遺伝子の非同義変異 (R4810K) に極めて高い関連性が示された。私たちの予備解析では、患者32個体のこのリスク変異を含むエキソンは、多様性が低い傾向を示した。そこで、このリスク変異の進化過程を明らかにする目的で、*RNF213* (約140kb) 全体をNGS解析するための独自のキャプチャー法を考案した。本発表では、そのBAC-bait法を紹介するとともに、このリスク変異の日本列島への拡散史について議論する。