

Yaponesian

第3巻 あき号

2021年11月 刊行

目次+表紙カバーの図の説明	1頁
領域代表からのメッセージ (斎藤成也)	2頁
リレーインタビュー：徳永勝士 NCBN中央バンク長・NCGMプロジェクト長	3頁
著書紹介1：『日本の先史時代』(藤尾慎一郎、中公新書, 2021)	4-7頁
著書紹介2：『ヒトゲノム事典』(斎藤成也ほか編、一色出版, 2021)	7-9頁
論文紹介：大橋順 (Human Genetics掲載；日本における身長差と遺伝要因)	10-12頁
研究紹介：松本悠貴 (公募研究A04班研究代表者)	13頁
ソフトウェア紹介11：ms-coalescent simulator 五條堀淳 (B03班研究分担者)	14-15頁
研究室めぐり：井ノ上逸朗 (計画研究A01班)	15-17頁
遺跡めぐり：鳥取県妻木晩田遺跡 (濱田竜彦)	17-20頁
動植物ゲノム紹介：ニワトリゲノム 新村毅(公募研究A04班研究代表者)	20-21頁
ことばめぐり：濁音の謎 (木部暢子)	22-25頁
しまめぐり：種子島 (石堂和博)	25-27頁
わたしの好きなヤポネシアのうた：松波雅俊 (A01班研究分担者)	28頁
アジア・アフリカ動物語彙の地理言語学研究とDNAに関する研究集会の報告 (遠藤光暉)	29頁
日本地理言語学会第三回大会に参加して：日本人の名字と遺伝学 (鈴木留美子)	29-31頁
日本人類学会シンポジウム「骨考古学による縄文社会論の構築」の報告 (山田康弘)	32-33頁
同上「古代・現代人ゲノムが明らかにするヤポネシア人の歴史」の報告 (長田直樹)	34-36頁
日本人類遺伝学会大会シンポジウムの報告 (斎藤成也)	37頁
とつとり弥生の王国プレミアムシンポジウムの報告 (斎藤成也)	37-38頁
全国邪馬台国連絡協議会主催講演会における講演報告 (神澤秀明)	38-39頁
埴原和郎の二重構造モデル論文発表30周年記念シンポジウムの紹介 (斎藤成也)	40-41頁
ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー・奥付	42頁
人名索引・事項索引	43頁

表紙カバーの説明

上：埴原和郎 (1995、人文書院)『日本人の成り立ち』284頁、図11-8（本誌40-41頁を参照ください）

下：斎藤成也編 (2020、秀和システム)『最新DNA研究が解き明かす。日本人の誕生』58頁、図2-3

Yaponesian
領域代表からのメッセージ

斎藤成也（国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室）

本新学術領域「ヤポネシアゲノム」の季刊誌Yaponesian第3巻あき号をお届けします。今回のリレーインタビューは、国立国際医療研究センターの徳永勝士先生にお願いしました。前回のなつ号の表紙を飾った『日本の先史時代』を著者の藤尾慎一郎（計画研究B01班研究代表者）が4頁にわたって紹介しました。また「ヤポネシアゲノム」のメンバー多数が執筆した『ヒトゲノム事典』を編集長だった私が紹介しました。

今回の論文紹介は、大橋順（公募研究A04班研究代表者）らによってHuman Geneticsに今年掲載された、日本における身長差と遺伝要因を解析した内容です。研究紹介は松本悠貴（公募研究A04班研究代表者）による、イエネコがいつヤポネシアに渡ってきたのかを明らかにしようとする研究が紹介されています。ソフトウェア紹介も第11回となりましたが、五條堀淳（計画研究B03班研究分担者）が、合祖理論の提唱者の一人であるHudsonの開発したソフトウェアms（make sampleの略称）を紹介しています。

これらのほか、井ノ上逸朗（計画研究A01班研究分担者）による研究室めぐり、濱田竜彦（計画研究B01班研究分担者）による遺跡めぐり、新村毅（公募研究A04班研究代表者）によるニワトリゲノムとニワトリの興味深い性質の紹介、木部暢子（計画研究B02班研究分担者）によることばめぐり「濁音の謎」、石堂和博（広田遺跡ミュージアム学芸員；木下尚子編集委員の紹介）による種子島の島めぐり、松波雅俊（計画研究A01班研究分担者）によるわたしの好きなヤポネシアのうたが掲載されています。

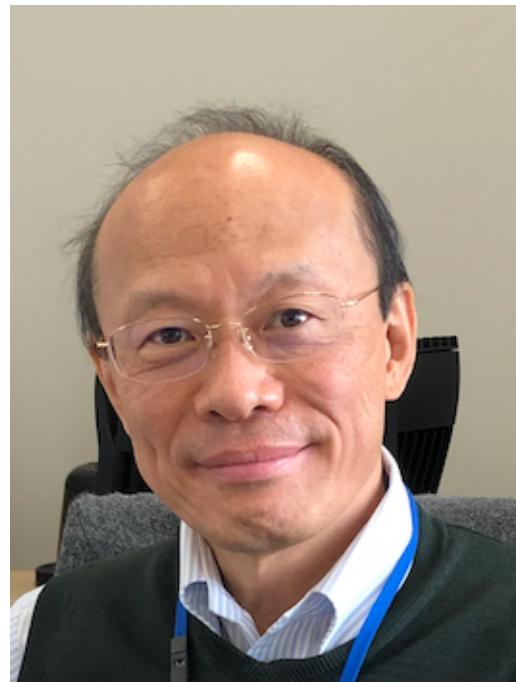
今回は、いろいろ学会などのシンポジウムや講演の報告が7個あります。うちふたつは言語とDNAに関するもので、遠藤光暉（計画研究B02班研究代表者）と鈴木留美子（国立遺伝学研究所特任准教授）が寄稿しました。人類学会のシンポジウムを企画した山田康弘（計画研究B01班研究分担者）と長田直樹（計画研究B03班研究代表者）による報告、人類遺伝学会のシンポジウムを企画した私の報告が掲載されています。また「ヤポネシアゲノム」メンバー5名が登壇した鳥取市で開催されたシンポジウムについても、私が報告しました。さらに、神澤秀明（計画研究A02班研究分担者）が全国邪馬台国連絡協議会主催講演会での講演を報告しました。最後に、11月28日なのでこれから開催となります。埴原和郎の二重構造モデル論文発表30周年記念シンポジウムの紹介をしました。これらの報告についても、楽しんでいただけることを期待しております。

この季刊誌Yaponesianあき号の編集が終わるころに、ドイツのマックスプランク財団の人類史科学研究所の言語学者Robbeets博士を筆頭著者とする論文「Triangulation supports agricultural spread of the Transeurasian languages」が11月10日にNature誌から刊行されたというニュースが飛び込んできました。共著者には、「ヤポネシアゲノム」の計画研究A02班のメンバー3名（篠田謙一、神澤秀明、佐藤丈寛）と公募研究代表者の太田博樹・木村亮介の合計5名が含まれています。こう見ると、この論文は本「ヤポネシアゲノム」の成果とみなしても良いように思われるのですが、肝心の言語学からの結論は、かつていろいろな研究者が提唱したもの、現在ではほとんどの言語学者に否定されている「アルタイ語族」説を「トランスユーラシア語族」という別の表現に焼き直したにすぎないものであり、大いに疑問符がつく内容です。今後この論文や関連論文をめぐって、本「ヤポネシアゲノム」のメンバー間で意見交流が活発に行なわれることを期待しております。この季刊誌Yaponesianでも取り上げるかもしれません。ご期待ください。

Yaponesian
リレーインタビュー
膨大な日本人ゲノムの解析

徳永勝士 博士 (NCBN中央バンク長・NCGMプロジェクト長)

今回は、国立国際医療研究センター (NCGM)におられる徳永勝士先生を訪問しました。徳永先生は東京大学理学部生物学科人類学課程を卒業後、同大学の大学院理学系研究科人類学専攻の修士課程と博士課程に進まれました。大学と大学院で斎藤の2年先輩になります。東京大学理学部と医学部の助手、日本赤十字中央血液センター課長を経て、1995年東京大学大学院医学系研究科国際保健学専攻の教授に着任されました。2019年定年退職されたあと、国立国際医療研究センター研究所のゲノム医科学プロジェクト戸山プロジェクト長に就任され、同時に厚生労働省関係の6研究機関(国立国際医療研究センター、国立がん研究センター、国立精神・神経医療研究センター、国立成育医療研究センター、国立長寿医療研究センター、国立循環器病研究センター)の6カ所のバイオバンクを統合したナショナルセンターバイオバンクネットワーク(NCBN)の中央バンク長も兼任しておられます。



徳永先生の研究室にて(斎藤成也撮影)

徳永先生の研究室には、「ヤポネシアゲノム」のB03班分担研究者である河合洋介博士が戸山プロジェクト副プロジェクト長として勤務されています。今後ゲノム医科学プロジェクトおよび中央バイオバンクの両チームで決定される膨大な日本人のゲノム解析が、河合博士を含めた徳永グループによって進められることを期待しています。

徳永先生には、もうおひとり「ヤポネシアゲノム」とつながりのある方がおられます。季刊誌Yaponesianの第3巻はる号(2021年5月刊行)に、「わたしの好きなヤポネシアのうた」を寄稿された、東京外国語大学のアジア・アフリカ言語文化研究所で日本学術振興会の特別研究員をされている横山晶子先生は、実は徳永勝士先生の娘さんなのです。研究者を紹介するリサーチマップを見ていただくと横山先生の写真がありますが、親子似でおられます。横山先生は、国立国語研究所の木部暢子先生(新学術領域ヤポネシアゲノムのB02班 班員)のもとで研究員をされました。奄美諸島の沖永良部島の言語がご専門です。

徳永先生ご自身の話題にもどりましょう。学生時代からHLA (ヒト白血球抗原)の遺伝的多様性を、当時東京大学医学部の輸血部長をされていた十字猛夫先生の研究室で研究されていました。渋谷に近い広尾にあった日赤中央血液センターに勤務されていたときには、骨髄バンクの事業にも関係されていたと思います。また人類学のご出身ですので、日本国内外のヒト集団の遺伝的多様性にもずっと興味を持っておられ、2012年にアイヌ人とオキナワ人の遺伝的共通性を明確にしめたわれわれの論文の共著者にもなられています。当時徳永勝士先生は日本人類遺伝学会の機関誌*Journal of Human Genetics*の編集長をされていたので、この雑誌に論文が発表されました。論文発表の記者会見も徳永先生にお願いして東京大学医学部の部屋をお借りしました。徳永先生、今後もヤポネシアゲノムをよろしくお願ひします。

Yaponesian
著書紹介 1

藤尾慎一郎 (B01班 研究代表者 国立歴史民俗博物館)
『日本の先史時代-旧石器・縄文・弥生・古墳時代を読みなおすー』
中公新書

先史時代とは

この本は、日本列島の先史時代である旧石器時代から縄文時代へ、縄文時代から弥生時代へ、弥生時代から古墳時代へ、という時代と時代の移行期に焦点をあてたものです。

読者の皆さんにとって先史時代とは聞き慣れない言葉かも知れません。「史」とは歴史の史ですが、もともとの意味は文字に記された歴史のことを指していますから、史に先んじる先史時代とは、文字に記された時代以前を指しています。つまり、文字のない時代、文書などの史料がない時代のことです。

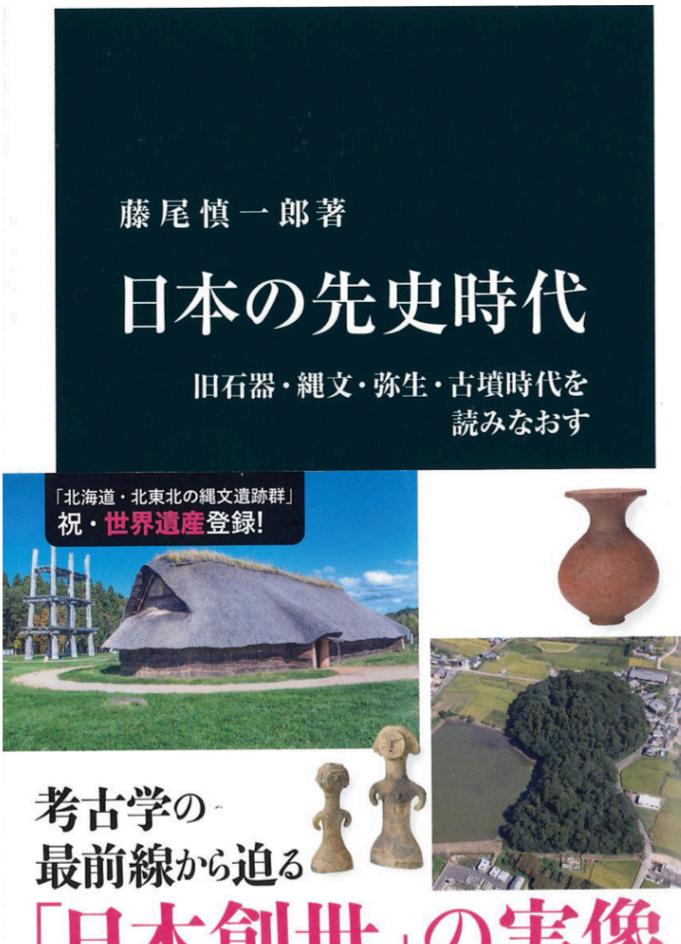
日本最初の書物は『記』・『紀』と呼ばれる古事記や日本書紀なので、だいたい7世紀より前が先史時代にあたりますが、文字自体、7世紀より前にはないわけではありません。たとえば、前1世紀の甕棺に副葬されている前漢の鏡には漢字で吉祥句が鋳出されていますし、古墳から見つかる鉄剣にも金象嵌の文字が記されています。

ですが、書物がある時代と違って、これらの文字だけでは当時の歴史を知ることは十分にできませんので、そういう時代のことを「原史」時代と呼んでいます。「原始」時代ではないので、お間違いないように注意してください。現在では先史時代と原史時代をあわせて先史時代と呼ぶことが一般的になっていますので、本書では先史時代を使うこととなりました。

それでは、それぞれの移行期について見ていくことにしましょう。各時代は、どのような証拠をもとに、いつから始まってどのように移行していったと考えられているのでしょうか。最新の研究成果を紹介します。

縄文時代のはじまり

日本列島に人類が現れる約3万7000年前から日本の先史時代は始まります。旧石器時代、正確には後期旧石器時代です。縄文時代はその次の時代で、長い間、土器の出現を指標に始まると考えてきました。しかも土器は、最終氷期が終わって暖かい後氷期が始まる1万2000年前に出現すると考えられていましたので、温暖化によって新たに採れるようになったドングリなどの堅果類を食料とするために、土器が発明されたと考えられたのです。煮れば柔らかくしたりアクをとったりし



中公新書 2654 定価1034円(10%税込)

Yaponesian

て食べられるようになりますからね。粘土を焼いて作る土器は、人類が初めて利用した化学反応として位置づけられました。

ところが、20世紀も終わりごろになると、すでに約1万6000年前に文様のない土器が存在することがわかつてきました。1万6000年前というとまだ最終氷期の最中でとても寒い時期（晩氷期）です。ドングリなど温帯性の森に生育する食料源はまだ出現していないのに、どうして土器が出てくるのでしょうか。今までの説明とは明らかに矛盾します。

そこで土器の内部に残っていたお焦げを分析した結果、魚などの水産資源を煮ていたことがわかりました。研究者たちは、土器は魚脂などを採るために出現したと考えるようになりました。しかもこうした現象は、約2万年前の中国南部を皮切りに、日本列島や沿海州など、北東アジア全体に見されることもわかつてきました。

すると土器の出現は、温暖化と森林性の食料源を利用するためになされたという、これまでの考え方方が成り立たないことになります。そこで縄文時代のはじまりについて研究者の考えは大きく3つに分かれました。

- A) 土器が出現する1万6000年前。したがって、縄文時代は氷河時代に始まる。
- B) 竪穴住居、石鏃、土偶など、縄文文化特有の資料がそろう1万5000年前、温暖化し始めた九州南部に始まる。その後 2000年ほどかけて北上し本州全体に縄文文化が広がる。そのため1万6000年前に出現する土器は旧石器時代の土器ということになる。
- C) 後氷期が始まって温暖化する1万1000年前に縄文時代は始まる。旧石器時代に土器の存在を認めめる。

つまり、A説は土器の出現は踏襲するものの後氷期のはじまりとは切り離すところに特徴があり、C説は後氷期のはじまりは踏襲するものの土器の出現とは切り離すところに特徴があります。対してB説は、土器の出現や後氷期のはじまりとは切り離し、縄文文化を特徴づける複数の指標の出現をもって縄文時代のはじまりとするところに特徴があります。

そこで私は、B説を基本としながらも、この現象が最初に見られる九州南部の隆線文土器の出現をもって縄文時代のはじまりとしました。温暖化は南の地域ほど早いわけですから、理にかなっていると考えています。

ちなみに北海道において土器を用いたドングリなどの加工処理が行われるようになるのは9000年前、沖縄における土器の出現は1万年前以降と考えられていますから、地域によって縄文文化が始まる年代はバラバラで、数千年の開きがあることがわかります。

弥生時代のはじまり

弥生式土器の出現をもって弥生時代のはじまりとするという考え方に対して、もっとも新しい縄文土器に伴う水田が見つかった1980年代以降、水田稲作のはじまりをもって弥生時代とするという考え方が出てきました。弥生式土器の時代から水田稲作の時代への定義変更は、縄文時代から弥生時代への移行に関する議論が、時期区分から時代区分へ変わったことを意味しています。

現在、弥生時代のはじまりをどこに求めるのかについては、3つの説があります。

- A) 長い間、最古の弥生土器と考えられてきた板付I式土器の出現をもって弥生時代とする。この説を探る研究者は、弥生時代は前3世紀に始まると考えます。
- B) 灌溉施設を持つ水田で稲作が始まった時点をもって弥生時代とします。この説を探る研究者の年代観はいろいろで、大きくは前5~4世紀、前8世紀、前10世紀後半の3つにわかれます。
- C) 環濠集落や戦いなど社会が質的に変化して農耕社会が成立したことを示す指標の出現する時点をもって弥生時代のはじまりとする説です。この説を探る研究者の弥生開始年代は、前600年と、前9世紀の2つがあります。

私は、B説の前10世紀後半説を採っています。

いずれにしても、九州北部で水田稲作が始まった時点で弥生時代は始まり縄文時代は終わります。その時点で水田稲作が始まっている地域では縄文文化が継続していますが、東・北日本の研究者の中には縄文時代が続いていると考える人たちもいます。九州北部で水田稲作が始まっていますから、本州・四国・九州全体に水田稲作が行われるようになる弥生中期中頃まで、約700年あまりの時間がかかっていますから、東・北日本の研究者は、縄文時代と弥生時代が700年あまり、併存すると考えていることになります。

ちなみに、水田稲作を受け入れなかった薩南諸島以南や北海道は、前1000年紀前半に貝塚後期時代へ、前4世紀前葉に続縄文時代へと移行します。

古墳時代のはじまり

前方後円墳の出現をもって古墳時代のはじまりとするという考え方には、70年代の終わりごろから発見されるようになった纏向遺跡群や纏向型前方後円墳の発見によって揺らぎ始めます。定型化した前方後円墳の出現か、纏向遺跡群の成立や纏向型前方後円墳の出現かをめぐって議論が始まっています。現在は大きく2つの説に分かれています。

- A) 纏向遺跡群や纏向型前方後円墳が出現する時点をもって古墳時代の開始と捉え、古墳早期を設定する。年代的には2世紀後葉から3世紀前葉まで諸説あります（図1）。卑弥呼の時代を古墳時代と考える点に特徴があります。
- B) 定型化した前方後円墳の成立する時点をもって古墳時代の開始と捉える。年代的には3世紀中ごろとする。卑弥呼の時代を弥生時代終末と考えます。

私は、中国鏡が副葬されるようになる庄内新段階の奈良県ホケノ山古墳の出現をもって古墳時代と考えます。しかしその時期は副葬された中国鏡の製作年代から、230年をさかのばらないと考えられていますので、定型化した前方後円墳である箸墓古墳の成立年代である240～260年とは、最短で10年しか違いません。したがって古墳早期を認めつつもホケノ山古墳と箸墓古墳の築造年代は、一部、重複していた可能性が高いと考えています。

ただし、纏向型前方後円墳と言われている墳丘を持つ墓は、発掘調査されていないものがほとんどなので、今後の調査次第では古墳時代のはじまりがさかのばる可能性を残しています。

先史時代の時代区分の特徴

以上、縄文時代、弥生時代、古墳時代のはじまりに関する考え方について最新の調査成果にもとづき説明してきました。最後に、日本の先史時代を時代区分するにあたっての法則のようなことについて2点、解説しておくことにしましょう。

基本原則1はその時代を特徴づける、「もっとも重要で、特徴的で、その後普遍化していく考古学的な指標」は何なのか、という点にあります。これは近藤義郎氏の定義です。

縄文時代の場合は、九州南部における竪穴住居（定住生活）、石鏸（中・小型動物の狩猟）、土偶（縄文祭祀）の出現でした。どれも旧石器時代には存在しなかった指標ばかりです。つまり縄文文化を特徴づける複数の指標の出現に求めたわけです。

弥生時代の場合は、九州北部における水田稲作の開始でした。これも縄文時代には認められないものです。社会が質的に変化したことを見示す環濠集落や戦いは、水田稲作が定着してからみられる指標という理解です。

古墳時代の場合は、奈良県東南部において、中国鏡を副葬する纏向型前方後円墳の出現でした。定型化した前方後円墳である箸墓古墳は、墳丘の規模や副葬される中国鏡の数が飛躍的に大型化、多量化した存在と考えました。

Yaponesian

すなわち基本原則1とは近藤氏の定義に、「出現」という視点を加えたものということになります。時代のはじまりを出現した時点に求め、定着・普及した時点には求めないという点に特徴があります。

基本原則2は、本州・四国・九州のどこか一か所で基本原則1にあった属性が出現した場合、ほかの地域も含めて新しい時代が始まり、属性がまだ出現していない地域では古い文化が継続するという点です。たとえば縄文時代の場合、もっとも早い九州南部と東日本では約2000年の差がありますし、水田稻作の開始も九州北部と関東南部では約700年、前方後円墳の出現は大和東南部と会津盆地では約50年の開きがあります。

しかし学界には本書とは異なり、旧石器時代、縄文時代、弥生時代が、継続したと捉える研究者がいることもまた事実です。つまり古い時代と新しい時代が、本州・四国・九州に2000年から50年の間、併存したと考えているのです。こうした考えは日本が海に囲まれているからこそ可能な議論といえるでしょう。陸続きの大陸であったなら到底な可能な議論ではありません。

もし本書をご希望の方がいらっしゃいましたら、10月末に刊行された3刷か電子版のお求めをお勧めします。バグの修正がすべて終わっていますので。

本書234頁 図30 古墳を構成する諸属性の変遷（研究者ごとに指標と出現年代が異なる例）

久住猛雄 2007		190	220	230	250	260	300
寺澤 薫 2011		210	220	古墳早期	260	300	
下垣仁志 2012		200	終末前半		終末後半	250	
岸本直文 2020		2世紀前葉		200	250		古墳前期
松木武彦 2021	150 古墳早期 1	200 古墳早期 2			240～260		
上野祥史 2017		150	175	200	240	260	300
相対年代	後期中頃	後期後半	庄内 0	庄内 1	庄内 2	庄内 3	布留 0 布留 1
本書の年代観	150	200			230 240～260		
弥生墳丘墓	楯築・西谷墳墓群 3号墳						
纏向型前方後円墳					纏向石塚 ホケノ山		
定型化した前方後円墳						箸墓	
漢式鏡（下垣）	6	7-1	7-2				
漢式鏡（上野）	6	7		創作模倣鏡			
画文帶神獸鏡			福永・下垣		上野		
三角縁神獸鏡							
破鏡・破片・穿孔							
副葬（両面、破鏡）							
副葬（多面、完形）							
鉄劍・鉄刀							
青銅器					銅鏡		
集落の動向	環壕集落	纏向遺跡					
対外交易機構	原の辻・糸島交易機構				博多湾交易機構		

著書紹介2

『ヒトゲノム事典』(斎藤成也ほか編、一色出版、2021)

ヒトゲノムの塩基配列30億あまりをすべて決定しようという「ヒトゲノム計画」がたちあがったのは、1980年代前半のことでした。わずか16,500塩基のヒトミトコンドリアDNAの完全配列が報告された1981年（文献1）から数年経過しただけの時点での提案だったのです。当時私は米国人類遺伝学関係の研究室に留学中でしたが、計画を提唱したのが米国の研究者だったこともあります。直接塩基配列のデータを扱っていない研究者の中には、他の生命科学分野の研究費が影響を受けると、批判する人もいました。

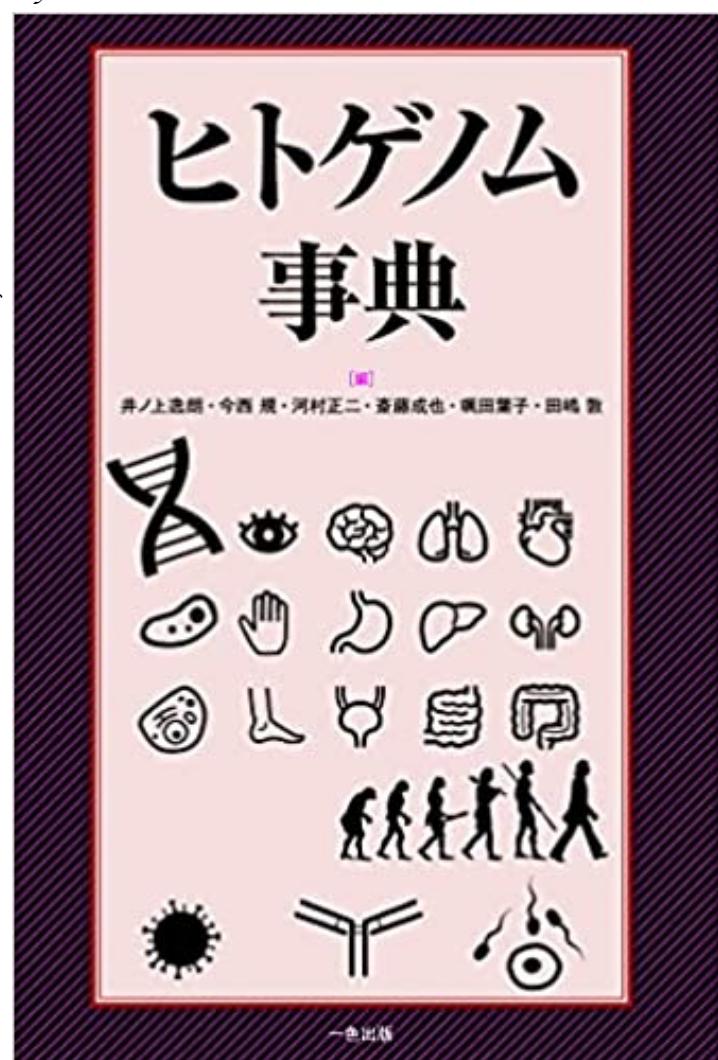
日本でも、1986年に杉浦昌弘らが約156,000塩基からなるタバコの葉緑体ゲノムを決定しました（文献

2)。1995年にはバクテリアではじめて、400万塩基を越えるヘモフィルス・インフルエンザ菌のゲノムの完全配列が決定されました（文献3）。1997年には、真核生物ではじめてのゲノム決定がパン酵母でおこなわれました（文献4）。西暦2000年には日本を含む国際チームおよび民間会社によるヒトゲノムの概要配列が決定され（文献5,6）、さらに2004年にはヒトゲノムのなかで塩基配列を決定しにくいヘテロクロマチン領域を除く部分の塩基配列が決定されました（文献7）。2021年現在、日本で開発・運用されているH-invitationalDB（文献8）をはじめとして、いくつかのデータベースがヒトゲノムの情報を提供しています。しかし、ヒトゲノム全体を概観する事典は、この「ヒトゲノム事典」が日本語だけでははじめての試みです。英語では、研究者むけの膨大な厚さの書籍や一般読者対象の比較的読みやすい内容のものはいろいろ出版されているようですが、本書は日本人著者による書き下ろしであり、翻訳書ではありません。

本書は一色出版を設立されたばかりだった岩井峰人さんから斎藤成也が新企画を相談され、2016年に5名の方に声をかけて編集委員会を設置し、多くの著者に声をかけさせていただきました。それから5年かけて、2021年に刊行のはこびとなりました。6名の編集委員のうち、私と井ノ上逸朗教授は新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」A01班の班員です。また編集委員である楢田葉子教授、河村正二教授、田嶋敦教授の所属する学科には、「ヤポネシアゲノム」のメンバーである五條堀淳（B03班の班員）、中山一大（公募研究班員）、佐藤丈寛（A02班の班員）・細道一善（公募研究班員）がおられます。ヒトゲノム事典の百名近い執筆者の中にも、以下の10名の「ヤポネシアゲノム」メンバーがいます：太田博樹、河合洋介、神澤秀明、木村亮介、五條堀淳、佐藤丈寛、中山一大、藤本明洋、細道一善、松波雅俊。また、編集作業をいろいろと助けていただいた私の研究室の水口昌子さんと濱砂貴代さんは、ともに「ヤポネシアゲノム」事務局を運営しています。

この事典が想定する読者は、人類遺伝学を勉強している学生の皆さんやゲノム研究者ら専門家だけでなく、ヒトゲノムに興味をもった老若男女です。一部の内容はかなり専門的なものもありますが、現時点におけるヒトゲノム・ヒト遺伝子研究の成果を把握することができるようになっています。

本書の構成は次のとおりです。ヒトゲノムは、長い進化のたまものなので、第1章ではまずヒトの進化を、そして第2章ではホモ・サピエンスのゲノム進化を論じました。第3章でヒトゲノムの全体像を示し、第4章でヒトゲノムのタンパク質遺伝子を概観しました。第5章ではRNA遺伝子を論じ、第6章でこれら遺伝子の発現を調節するゲノム領域を論じています。これら発現調節領域と深く関連する進化的に保存された非コード配列を第7章で論じました。第8章ではヒトゲノムの大きな割合を占めるリピート（繰り返し）配列を論じ、第9章では進化の過程で重複した遺伝子について論じました。第10章では遺伝子重複によって生じることが多い偽遺伝子について、第11章は遺伝子の発現と関連するエピゲノムについて論じています。目を転じて第12章ではヒトゲノム内の個人間の多様性（変異）を、第13章ではヒトに感染する微生物のゲノムを論じました。2020年の初頭から世界中を大きく変革させた新型コロナウイルスについての記述も含まれています。第14章からは、からだのいろいろな仕組みに関係する遺伝子の説明がはじまります。細胞内ではたらく遺伝子（第14章）からはじまって、細胞分裂と細胞維持に関係する遺伝子（第15章）、発生



Yaponesian

(第 16 章)、脳神経系(第 17 章)、感覚(第 18 章)、骨格筋肉系(第 19 章)、消化・吸収(第 20 章)、肝臓(第 21 章)、循環(第 22 章)、血液(第 23 章)、内分泌系(第 24 章)、生殖と性差(第 25 章)、皮膚(第 26 章)、そして免疫系(第 27 章)に関する遺伝子がつぎつぎに紹介されています。最後の第 28 章では単一遺伝子による遺伝病が、染色体の位置の順にリストされています。附録として、ヒトゲノムにかかる国内外のデータベースを紹介しました。また、本事典に登場する遺伝子は多数ありますが、2万を超える遺伝子すべてを紹介することはできませんでした。そこで、ヒトゲノムの全遺伝子を日本語名で示したウェブサイト(https://www.ishikipub.co.jp/human_genes.html)を準備中です。本書が刊行された時点ではまだ整備されていないかもしれません、今後このウェブサイトを、この『ヒトゲノム事典』を補うものとして、充実してゆく予定です。

昨年、2020年は、1920年にドイツのハンス・ヴィンクラーがゲノム概念を提唱（文献9）してから百周年でした。このあいだに、日本でも、木原均が1920年代以降小麦のゲノム解析を進め（文献10）、木村資生はゲノム進化の基本である中立進化論を1968年に提唱しました（文献11）。学問の発展は、きわめて速いこともあります、知の蓄積には長い年月のかかることもあります。本当は、ゲノム概念誕生百周年という節目の昨年に「ヒトゲノム事典」を刊行する予定だったのですが、刊行が1年遅れてしまいました。本書が多くの方のお役にたつことを祈っています。

注：この文章は斎藤が執筆した『ヒトゲノム事典』序をもとにして、修正・追加をしたものです。

ヒトゲノム事典 編集委員

井ノ上逸朗（国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 人類遺伝研究室 教授）

今西規（東海大学 医学部 基礎医学系分子生命科学 情報生物医学研究室 教授）

河村正二（東京大学 大学院新領域創成科学研究科 先端生命科学専攻 人類進化システム分野 教授）

斎藤成也（国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 集団遺伝研究室 教授）

幡田 葉子（総合研究大学院大学 先導科学研究科 生命共生体進化学専攻 教授）

田嶋 敦（金沢大学 医薬保健研究域 医学系 革新ゲノム情報学分野 教授）

引用文献

- 文献 1 . Anderson S. et al. (1981) Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, vol. 290, pp. 457-465.
- 文献 2 . Shinozaki K. et al. (1986). The complete nucleotide sequence of the tobacco chloroplast genome: its gene organization and expression. *EMBO Journal*, 5, 2043–2049.
- 文献 3 . Fleischmann R. D. et al. (1995). Whole-genome random sequencing and assembly of *Haemophilus influenzae* Rd. *Science*, 269, 496–512.
- 文献 4 . Mewes H. W., et al. (1997) Overview of the yeast genome. *Nature*, 387, 7–65.
- 文献 5 . International Human Genome Sequencing Consortium. (2001). Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, 409, 860–921.
- 文献 6 . Venter J. C. et al. (2001) The sequence of the human genome. *Science*, vol. 291, pp. 1304-1351.
- 文献 7 . International Human Genome Sequencing Consortium (2004) Finishing the euchromatic sequence of the human genome. *Nature*, 431, 931–945.
- 文献 8 . http://www.h-invitational.jp/index_jp.html
- 文献 9 . Winkler H. (1920) Verbreitung und Ursache der Parthenogenesis im Pflanzen-und Tierreiche. Fischer, Jena.
- 文献10. 木原均 (1947) 小麦の祖先. 創元社.
- 文献11. Kimura M. (1968) Evolutionary rate at the molecular level. *Nature*, vol.217, pp.624-626.

Yaponesian
論文紹介

大橋順 (A04班 公募研究代表者 東京大学大学院理学系研究科)
日本における身長のPolygenic Scoreの地理的差異

論文タイトル : Geographic Variation in the Polygenic Score of Height in Japan

掲載誌 : *Human Genetics* (2021年, 140巻, 1097-1108頁)

著者 : 一色真理子 (東京大学大学院理学系研究科)、渡部裕介 (東京大学大学院理学系研究科、国立国際医療研究センター)、大橋順 (東京大学大学院理学系研究科)

要約

日本では身長の地理的勾配の存在が約100年前から知られており、北日本人は南日本人よりも身長が高い傾向にあります。このような身長勾配の要因として、北日本と南日本の各県の年間気温や日長の違いが指摘されてきました。身長の遺伝率は60%~80%と高く、多数の多型が関連していますが、日本における身長の地理的勾配に対する遺伝的寄与はまだ調べられていません。本研究では、日本の47都道府県から収集した10,840人の日本人を対象に、身長のポリジェニックスコア (PS) を算出しました。各都道府県の身長PSの中央値は、独立した日本全国の身長データセットから得られた女性および男性の平均身長と有意な相関があり、観察された身長勾配には遺伝的な寄与があることが示唆されました。また、現代の日本人集団は、長期にわたり日本列島に居住していた縄文人と弥生時代以降にアジア大陸から移住してきた渡来民が混血した集団ですが、遺伝的に東アジア大陸集団（中国・漢民族）に近縁な都道府県ほど身長のPSが高い傾向にあることもわかりました。北日本が東アジア大陸集団と遺伝的に近くはないことを考えると、縄文時代には既に身長の地理的勾配が形成されていた（北日本の縄文人の身長は高く、南日本の縄文人の身長は低い）可能性があります。

研究の概要

ポリジェニックスコア (PS) は、ゲノムワイド関連研究 (GWAS) で調べた多数の一塩基多型 (SNP) を集約して算出される指標であり、PSを用いると個体の表現型を遺伝学的に推定することができます。UK Biobank (UKBB)などの大規模バイオバンクプロジェクトによるGWASが実施されるようになり、より正確なPSの計算が可能になってきました。たとえば、PSを計算することで、疾患のリスクが高い個人を特定することや、ヨーロッパにおける身長の地理的勾配を説明することに成功しています。

日本国内でも、地理的な身長勾配の存在が指摘されています (Endo et al. 1993; Yokoya 2010; Yokoya et al. 2012)。日本の若者の身長は、北日本の方が南日本よりも高い傾向にあります。この傾向は100年以上前からあったと考えられており、その原因として、都道府県ごとの年間気温や日長の違いが指摘されています (Endo et al. 1993; Yokoya 2010; Yokoya et al. 2012)。最近、わたしたちは、日本の全47都道府県に居住する約11,000人の日本人のゲノムワイドSNP遺伝子型データを解析することで、日本人集団の遺伝的構造は、縄文人と東アジア大陸からの渡来人との混血の程度と、地理的位置関係によって説明できることを明らかにしました (Watanabe et al. 2021)。

本研究では、日本に身長の地理的勾配が存在する遺伝的要因について検討しました。日本のDTC (Direct to Consumer) 遺伝子検査サービスを行なうHealthData Lab (ヤフー株式会社、東京)

Yaponesian

の顧客（47都道府県に居住する日本人）の全ゲノムSNP遺伝子型データと自己申告による身長データを使用しました。わたしたちの以前の研究（Watanabe et al. 2020）で行なったPCAプロットにおいて、中国漢民族（1KG-CHB）に近い個体は除外し、10,840人のゲノムワイドSNP遺伝子型データを「ターゲットデータセット」としました。Biobank Japan（BBJ）プロジェクトの日本人159,095人の身長GWASのサマリーデータ（各SNPのアリル、マイナーアリル頻度、インピュテーション精度指標、身長との関連P値）を「ベースデータセット」としました。ベースデータセットのSNP中から、マイナーアレル頻度(MAF)が低く($MAF < 0.01$)、インピュテーションの質が低い($R^2 < 0.7$)SNPは除外しました。また、Ambiguous SNP (A/TおよびG/C SNPなど) や重複するSNPもベースデータセットから除外しました。その結果、175,257個のSNPがターゲットデータセットとベースデータセットの間でオーバーラップしていました。さらにクランピングを行ない、計51,210個のSNPが残りました。PRSie-2を用いて、性別、生年、PC1、PC2を共変量として回帰モデルを作成し、ベースデータセットの表現型の分散をもっともよく説明するPSの閾値（計算に使用するSNPのP値の最大値）を決定し、ターゲットデータセットの各個人のPSを求めました。これらのPSを標準化し、以下の解析で使用しました。

ベースモデルで検討した最適な閾値はP値 = 0.020でした。閾値以下の7,521個のSNPをターゲットセットの各個体のPSの計算に用いました。標準化されたPSは、自己申告の身長と有意に相関していました（図1）。このことから、本研究で構築したPSモデルは身長に対する遺伝的寄与を比較的よく反映できていると言えます。

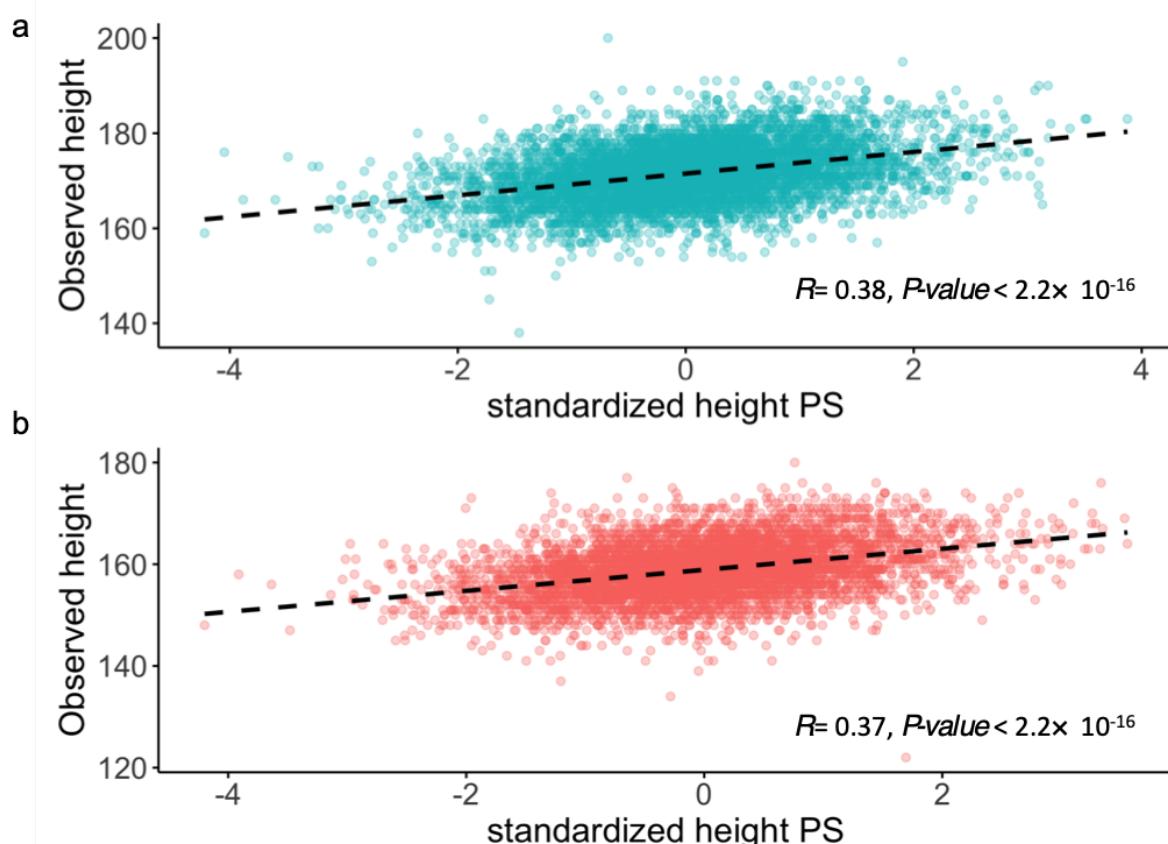


図1. ターゲットセットに対して計算したPS値と身長との相関

(a)男性の分布。相関係数 [R] =0.38、 P 値 $<2.2\times10^{-16}$ 。(b)女性の分布。 $R=0.37$ 、 P 値 $<2.2\times10^{-16}$ 。

Yaponesian

大都市圏ではサンプルサイズが大きいため、サンプルサイズを調整しなければ、より正確な身長PSは大都市圏でのみ得られることになります。そこで、各都道府県のPSの精度を同等にするために、各都道府県から50人ずつ無作為にサンプリングし、各都道府県のPSの中央値を求めました。各都道府県の身長として、日本全国の青少年の身長が測定された「学校健診調査」に基づく、日本全国の身長データを用いました。ここで、平均身長が低い沖縄県（外れ値となる）を含めるときかけ上の相関を生じさせるため、沖縄県を解析から除きました。身長PSの中央値を地図上にプロットすると、日本の北部地域では、より大きなPSを示す傾向があり、実際の身長の分布と類似していました（図2）。

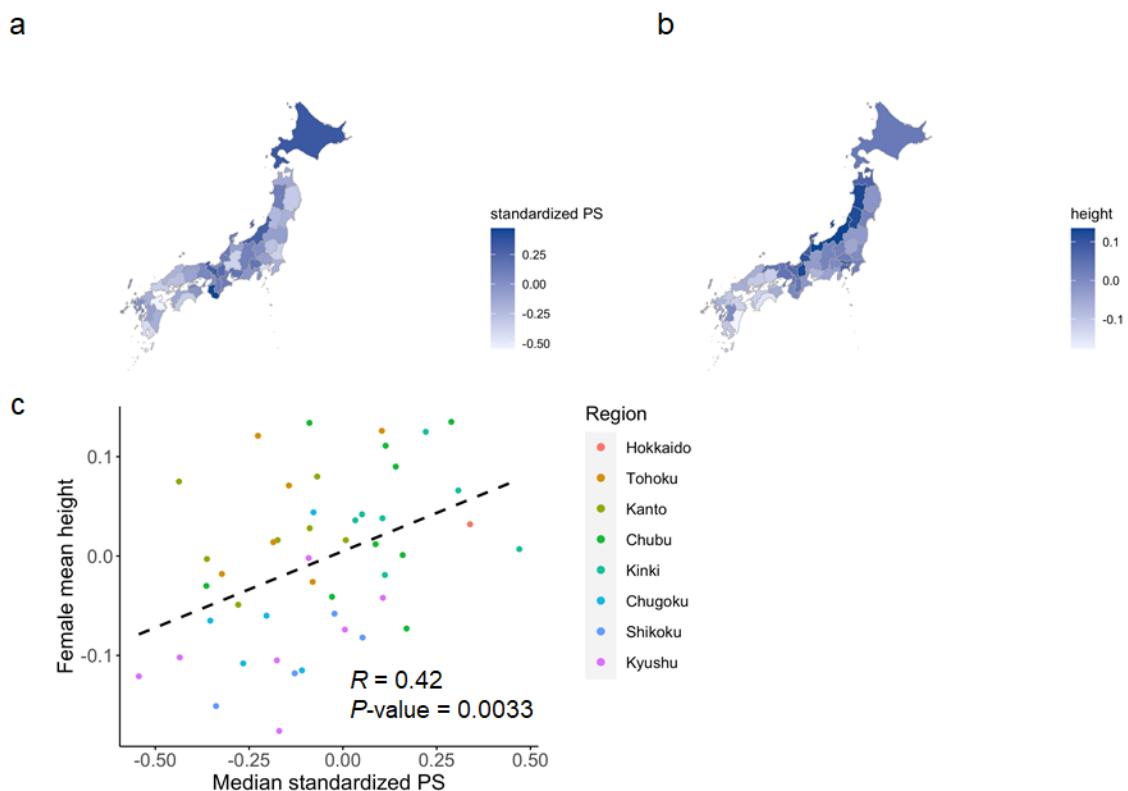


図2. 沖縄県を除く46都道府県の身長PSと女性の身長の地理的分布

(a)沖縄県を除く各都道府県の身長の標準化PSの中央値の地理的分布。(b)沖縄県を除く各都道府県における17歳女性の平均身長の地理的分布。濃い青は値が大きいことを示す。(c)各都道府県における17歳女性の平均身長と標準化PSの中央値との関連。

縄文人には体格の南北方向の地理的勾配が観察されており、東北地方に住む縄文人は他の地域に住む縄文人よりも身長が高いことが報告されています（Fukase et al. 2012）。したがって、東北地方で身長が高い理由のひとつとして、東北地方の現代人は高身長と関連する縄文人由来の変異を多く保有している可能性が考えられます。今後、縄文人の古代DNA解析により、東北地方の縄文人は遺伝的に背が高かったのかどうかを検証する必要があるでしょう。

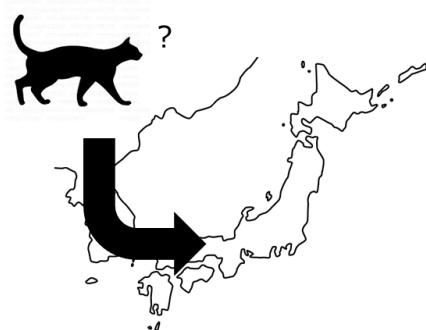
編集部注：本文中で引用されている文献については、紹介した論文をご覧ください。

Yaponesian
研究紹介

松本悠貴（A04班公募研究研究代表者 アニコム先進医療研究所株式会社）
猫はいつ日本にやってきたのか？

イエネコ (*Felis catus*) は古くからヒトと強い関わりをもつ動物のひとつです。イエネコとヒトとの関わりがわかるもっとも古い記録としては、約9,500年前に地中海にあるキプロス島の遺跡で見つかったネコ科動物の埋葬例がありマス。この遺跡から遠くない中東経由で、イエネコの祖先は北アフリカから西アジアやヨーロッパに広がっていったと考えられています。一般的には、イエネコの起源は単一とされていますが、現在の各地のイエネコは遺伝的に異なっています。たとえば、私たちの研究から、日本と米国のイエネコでは遺伝的に明確に違っていることがわかっています。

イエネコの日本への渡来時期は？



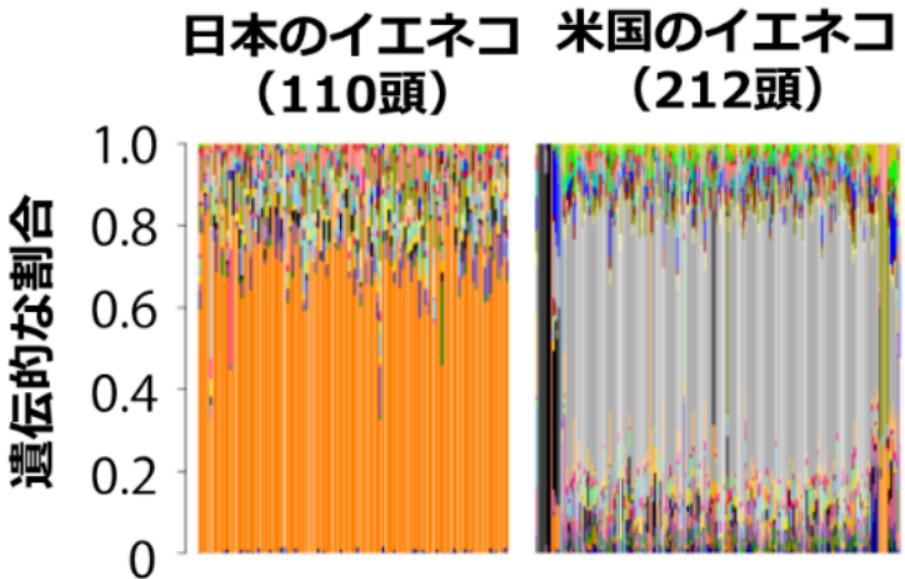
それでは、イエネコが日本に入ってきたのはいつでしょうか？日本におけるイエネコのもっとも古い記録は、長崎県のカラカミ遺跡での遺体の出土例です。このネコの年代は弥生時代とされていますが、平安時代以降は文学作品に登場することも多くなり、江戸時代以降は遺骨での出土例が多くなってきます。

カラカミ遺跡の遺体がイエネコであった場合、弥生時代にはすでに日本に存在していたことになりますが、すでに存在していたとされるヤマネコの幼獣との形態差が小さく、イエネコとの識別が困難であることや、遺伝子やアミノ酸分析を用いた種同定が行なわれておらず、この遺体がイエネコかどうかは疑問視されています。

そこで私たちの研究では、日本のイエネコの渡来時期を明らかにするため、近年用いられている全ゲノム情報から、動物の系統や集団の歴史を推定します。ここでは、全国各地の土着と思われるイエネコや、近縁な野生種であるツシマヤマネコの遺伝情報を用いて研究を進めています。また本研究では、イエネコに加えて、ヒトとともにイエネコとの関わりが深いハツカネズミのゲノム情報を用いた解析を行ない、日本猫、および他種と共に移動の歴史を明らかにする予定です。

左の図：ADMXTUREを用いた日米のイエネコの比較。縦のバーの一本は1個体、縦軸は割合、それぞれの色は推定された遺伝的要素を示しています。違う色の要素の割合が多い場合、別の遺伝的組成であることが予想されます。日本のイエネコはオレンジで示される特有の遺伝的要素を持つ個体が存在します。この遺伝的要素は米国の個体でも一部見られており、これは日本もしくはアジア系の猫が米国にも存在していることを示唆しています。

Matsumoto et al. Genetic relationships and inbreeding levels among geographically distant populations of *Felis catus* from Japan and the United States (2021, *Genomics*, vol. 113, pp. 104-110) より一部改変。



Yaponesian

ソフトウェア紹介11

コアレッセントシミュレーター ms

五條堀 淳 (B03班研究分担者 総合研究大学院大学 先導科学研究科)

SNV等の集団の遺伝的多様性に関するデータから、その集団が過去に経験した集団サイズの変化を推定することや自然選択の痕跡を検出することは一般に広く行なわれている研究と言えるでしょう。このような解析をする上でよく使われるツールが、コアレッセント理論を用いたコアレッセントシミュレーションです。シミュレーションでは、ある仮定の元に仮想的な塩基配列情報を生成します。ここでいう仮定とは、集団のサイズやそれが変化した時期、あるいは自然選択の強さなどの集団が持つパラメータの数字です。塩基配列情報を生成するソフトウェアをコアレッセントシミュレーターと言います。今回のソフトウェア紹介ではmsを紹介します（参考文献）。

msは中立の場合を考えた基本的なコアレッセントシミュレーターですが、いろいろなパラメータを設定することができます。また、msに付属するsample_statsというプログラムで生成した塩基配列情報から要約統計量をすぐに計算することができます。特に集団遺伝学の初学者にとって、集団のパラメータが変化することで塩基配列情報や要約統計量がどのように変化するか等を知ることができます。その挙動を見るというのは勉強になるのでオススメです。

集団サイズの変化について、2つのケースを集団サイズ一定のケースと比べることを考えます。1つのケースは分集団がある場合です。ここでは注目している集団には集団構造があり、2つの分集団に分かれているケースを考えます（図1）。2つの分集団は集団のサイズが同じ ($N_0/2$) で移住率 $4N_{om}=0.5$ で互いに個体が行き来していることとします。ここでは、このケースを「分集団」のケースと呼びます。2つのケースは集団サイズが一旦減少（ボトルネック）し、その後上昇に転ずる場合です（図2）。はじめに集団サイズが $N_0/2$ であった集団が、 $0.3 \times 4N_0$ 世代前に集団サイズが $N_0/4$ まで減少し、その後 $0.2 \times 4N_0$ 世代前から指数関数的に集団サイズを増やし、現在の集団サイズは N_0 となったとします。

ここではこのケースを「ボトルネック」と呼びます。それぞれのケースについて、 $\theta=4N_0, \mu=5.0$ （ μ は突然変異率）とし、msを使ってシミュレーションを行ない、sample_statsで塩基多様度（ π ）と田嶋のD統計量を計算しました。この設定はヒトで考えますと、集団サイズを 10^4 、世代当たりの突然変異率を 10^{-8} として50kbのゲノム領域をシミュレートしていることになります。簡便のため、組み換えは考慮していません。サンプルサイズは100とし、それぞれのケースで1万回の試行を行なっています。

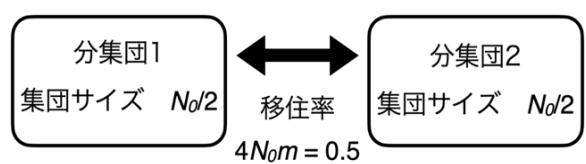


図1 「分集団」のケース

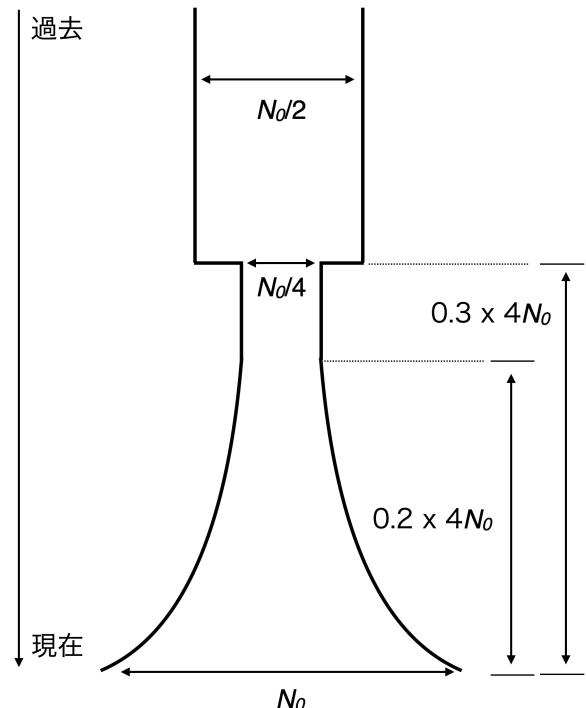


図2 「ボトルネック」のケース

図3は塩基多様度 (π) を集団サイズ一定のケースと「分集団」「ボトルネック」のケースを比較したものです。集団サイズ一定のケースでは π が $\pi = 5$ を中心として分布していることがわかります。これは集団サイズ一定の時、 π の期待値が θ になることに対応しています。

「分集団」ではそれぞれの分集団で変異が蓄積した結果、それぞれ別の分集団に属する個体の間では遺伝的差異が大きくなっていくので、集団サイズ一定のケースに比べて π は大きくなります。一方で「ボトルネック」のケースでは過去の集団サイズが小さく、集団サイズの減少もあったので、集団サイズ一定のケースに比べて π は小さくなります。

図4は田嶋のD統計量を集団サイズ一定のケースと「分集団」「ボトルネック」のケースを比較したものです。集団サイズ一定のケースでは田嶋のD統計量は0を中心に分布しているのがわかります。「分集団」では π が大きくなつた影響で、田嶋のD統計量が0よりも大きくなります。一方で「ボトルネック」のケースでは π が小さくなつた影響と集団サイズの増加によって低頻度の変異が増えた影響で田嶋のD統計量が0よりも大きくなります。

ここではmsを紹介しましたが、msの改良型や亜種とも言えるシミュレーターは数多く開発されており、より高速に計算を行なうものや自然選択を考慮したものもあります。研究の目的や必要に応じて最適なシミュレーターを使用するのが良いでしょう。

参考文献

Hudson R. R. (2002) Generating samples under a Wright–Fisher neutral model of genetic variation. *Bioinformatics*, vol. 18, pp. 337-338.

編集部注：コアレッセント理論は合祖理論とも呼ばれます。

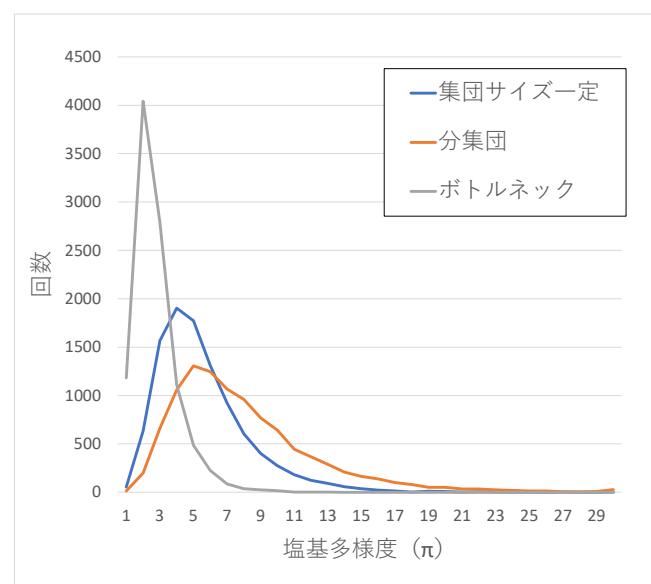


図3

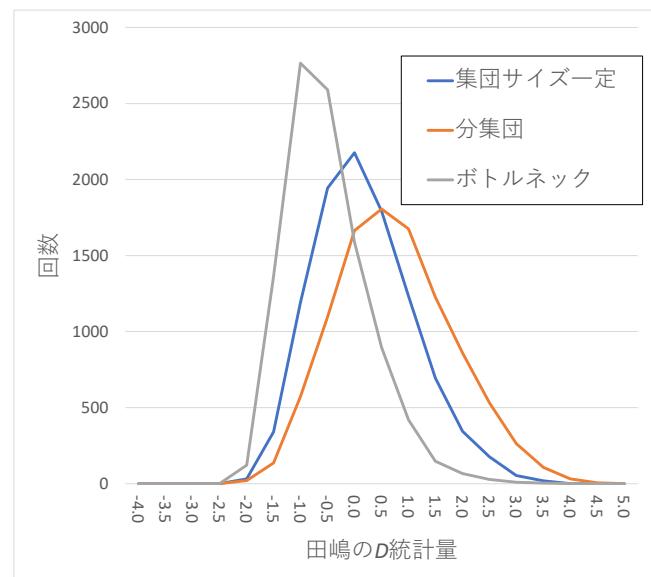


図4

井ノ上逸朗 (A01班研究分担者 国立遺伝学研究所人類遺伝研究室)

国立遺伝学研究所人類遺伝研究室の紹介です。PIの井ノ上はヤポネシアではA01班に属し、助教の藤戸尚子と大学院生の西村瑠佳が参加してくれています。現代日本人の遺伝学的特徴を担当しており、特にゲノム上でもっとも多様性に富むHLA遺伝子群のシークエンシングをおこなっています。

Yaponesian

直近では、A01班の長崎大学吉浦先生との共同研究で、五島、対馬、壱岐といった九州の島嶼の方々のHLA解析をおこなっています。他にはA02班の篠田先生との共同研究で、縄文人におけるマイクロバイオーム解析をおこなっています。特に縄文人で見つけたウイルスと現在の比較により、ウイルス進化を研究しております。同様の解析を太田先生と進めており、こちらでは縄文人の糞石からマイクロバイオーム解析をおこなっています。今回は、これら微生物やウイルスゲノム解析の延長というわけではないですが、関連してSARS-CoV-2の話題を提供したいと思います。

世界中でパンデミックをおこしているSARS-CoV-2によるCOVID-19（いわゆる新型コロナ感染症）はいまだに感染者が多い国がある一方、日本、インド、インドネシア、マレーシア、ベトナム、タイといったアジア諸国では劇的に新規感染者が減少しています。ワクチンの普及、行動変容、医療体制とさまざまな要因があろうと考えられますが、私どもはSARS-CoV-2ゲノムの観点からデータ解析しており、なぜ新規感染者が減少しているかに取り組んでおります。

日本ではSARS-CoV-2デルタ株により第5波が生じ多くの患者がでた結果、医療逼迫という状況にまでなりました。デルタ株は感染力が非常に高く、重症化する率も高いので厄介な存在ですが、本邦では今年の8月26日をピークに新規患者数が急激に減少しています。SARS-CoV-2ゲノム情報はGISAIIDというデータベースに登録されています。私どもはまずSARS-CoV-2が有するnsp-14遺伝子に注目しました。SARS-CoV-2は一本鎖RNAウイルスであり、RNAウイルスとしては最大で30kbの長さです。一般にRNAウイルスは複製時エラーをおこしやすいのですが、nsp-14はウイルスがコピーするときのエラーを修復する酵素、exoribonuclease,をコードしています。nsp-14に変異がはいり、修復機能低下があると、エラーの蓄積によりウイルスは自死に向かうのではないかと予想しました。

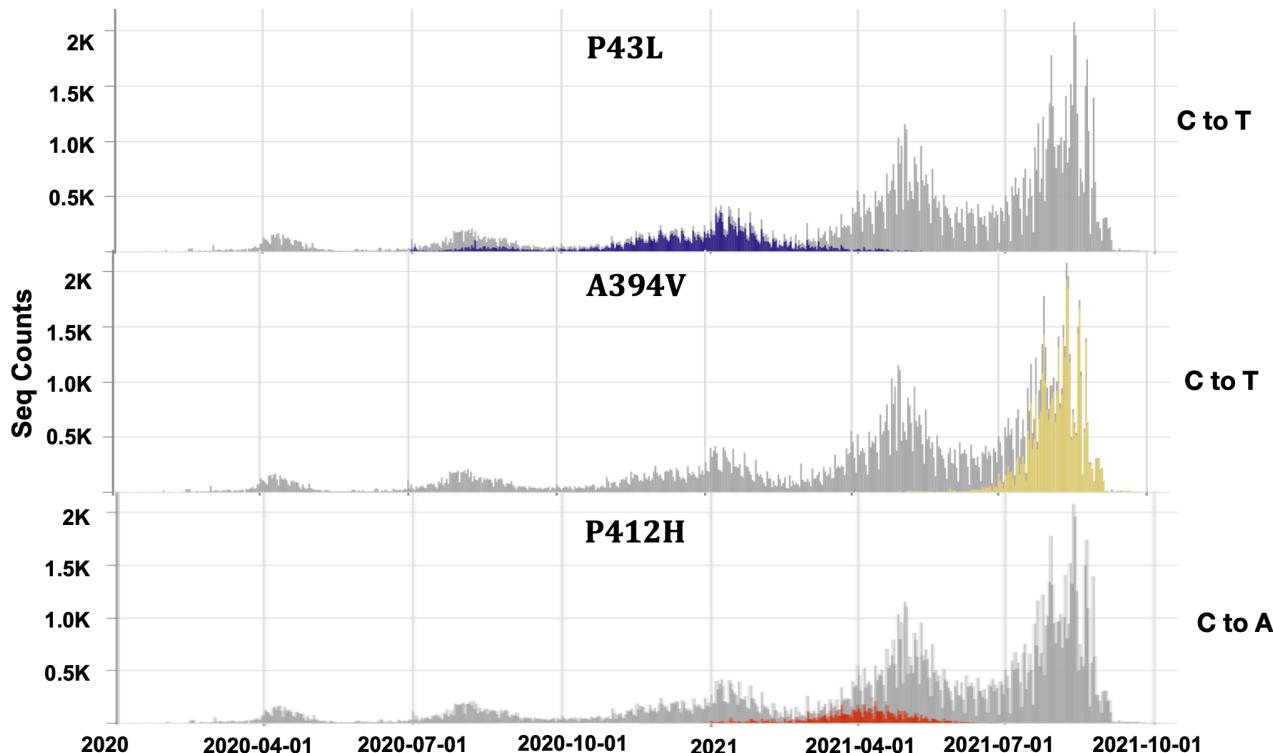


図1：日本における新型コロナ感染症の感染とnsp-14変異頻度

図1に日本における感染状況とnsp-14変異との関連を示しています。まず日本の第3波です、これは感染研がいう東京型というもので、昨年末から年始に流行しました。第3波ではnsp-14にP42Lという変異がありました。東京型の頻度とP42L頻度はほぼ一致しております。第4波はイギリスからのアルファ株で感染拡大がおきました。そこでもP412Hという変異が観察されます。第5

Yaponesian

波はもっとも患者数が多い感染でインドからきたデルタ株によります。そこではA394Vという変異を認めています。7月半ばくらいからデルタ株はすべてA394Vを有するようになっています。次に、ウイルスゲノム全体で変異の蓄積が観察されるか検討しました。そうしますと、nsp-14に変異のない検体では検体あたりの変異数はかなり少ないのでした。一方、P42L, P412H, A394Vを有する検体では変異数の増加がありました。A394Vで顕著ですが、変異はランダムにおこっています（図2）。Nsp-14変異によりポリメラーゼのエラーを修復できずSARS-CoV-2ゲノムに変異が蓄積した結果、ウイルスが死滅する方向に向かったのではという仮説が成り立つのではないかでしょうか。ただし、この仮説は日本にしか当てはまらず、他のアジア諸国における患者減少を説明することはできないようです。さらなる検討が必要かと。

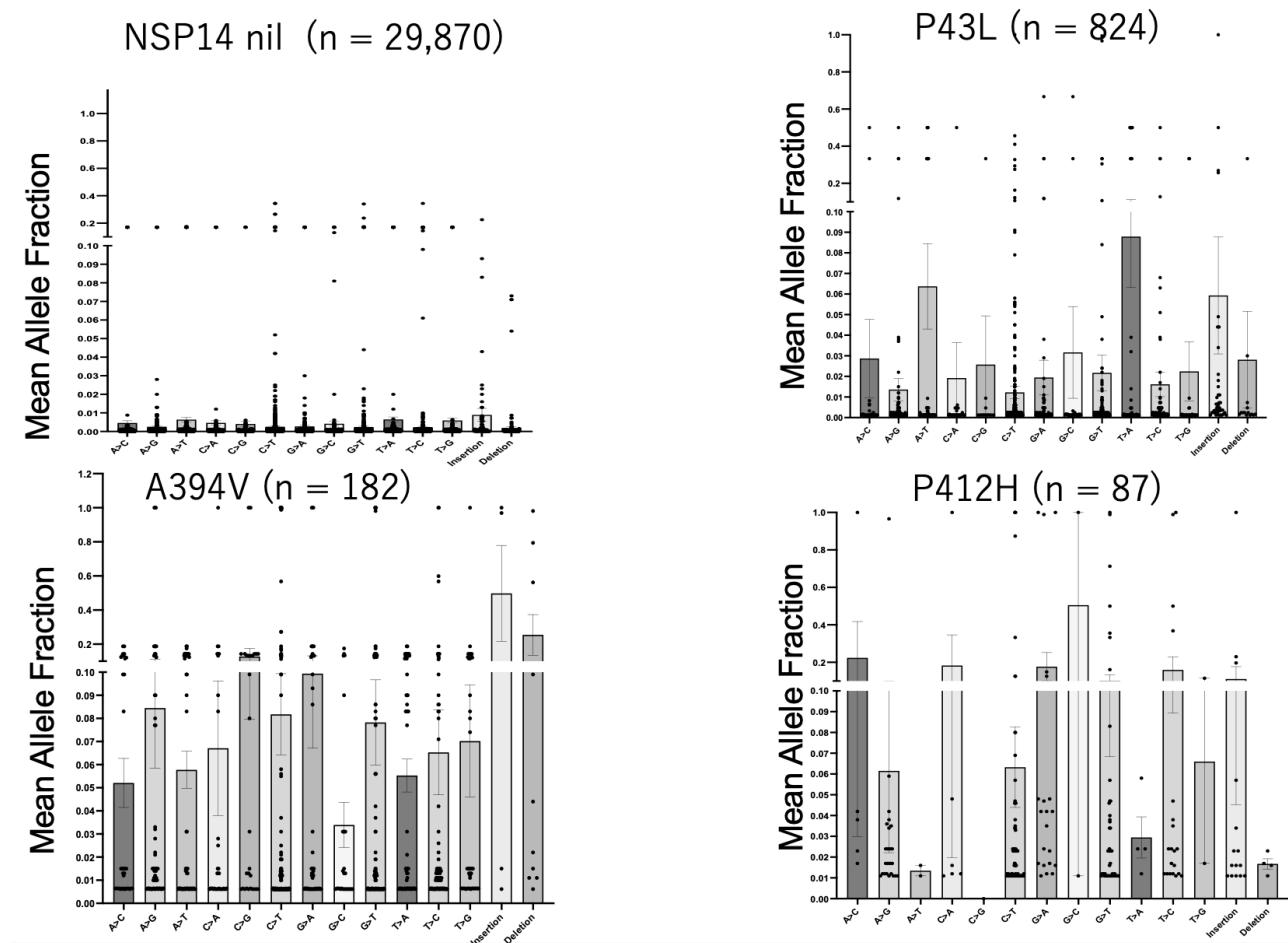


図2：nsp-14変異によるエラー率（エラー数/検体）

さて、今回はヤポネシア研究とは少し離れたお話しとしました。世界中でパンデミックとなっているCOVID-19ですが、ワクチンの効果もあり、世界の国々が日常を取り戻しつつあります。東アジアでは患者減少が顕著であり、このまま継続することを願うばかりです。

遺跡めぐり：鳥取県米子市・大山町 妻木晩田遺跡

濱田竜彦（B01班研究分担者 鳥取県地域づくり推進部文化財局）

今回の「遺跡めぐり」では、弥生時代の人々が暮らしていた鳥取県の集落遺跡を紹介します。

さて、季刊誌Yaponesian1巻はる号の「遺跡めぐり」では、同じく鳥取県にある鳥取市青谷上寺地遺跡を紹介しました。この遺跡は、弥生時代に山陰地方を代表する交易の拠点だった考えられています。その一端を表わすものとして、北陸地方に産する碧玉（玉の原石）、四国地方に産す

るサヌカイト、朝鮮半島を経由して中国製の鋳造鉄斧、銅鏡などが出土しています。さらに、この遺跡からは弥生時代後期後葉（紀元2世紀中頃～後半）の溝から最小個体数109体の人骨が出土しています。ミトコンドリアDNAの分析では、その中の32個体に29系統のハプログループが確認され、母系の血縁関係にある個体はわずか1割しか存在しないことが分かりました。また、核ゲノムを分析した12個体の遺伝的特徴は全てが現代日本人の範疇に含まれること、それらは狭い範囲には集中するのではなく、広い範囲に散在していることもわかりました。DNAの分析結果は、弥生時代後期後葉の青谷上寺地遺跡に様々な地域に由来する人々が集っていたことを示唆しています（神澤ほか2021）。このような人の在り方は、青谷上寺地遺跡を交易の拠点だったと考える考古学の評価とも整合的です。では、この当時、山陰地方の人々は、どのような集落を営んでいたのでしょうか。



写真1 美保湾から望む大山と妻木晩田遺跡

弥生時代遺跡の調査事例が充実している鳥取県西部の大山山麓の丘陵部では、弥生時代中期後葉（紀元前1世紀）から後期前葉（紀元1世紀中頃）にかけて有力者層の台頭を表す墳丘墓の造営がはじまります。そして、軌を一にするように、広範囲（1～2km）に居住域を展開する大規模な集落の形成が顕在化します。その代表的事例が、米子市と西伯郡大山町にまたがる妻木晩田遺跡です（写真1）。この遺跡では、日本海に面した丘陵に、たくさんの竪穴建物（約400棟）や掘立柱建物跡（約500棟）、複数の墳丘墓群が発見されています。弥生時代中期後葉（紀元前1世紀頃）には小規模な集落で



写真2 妻木晩田遺跡の集落景観（紀元2世紀頃）

Yaponesian

したが、後期前葉（紀元1世紀中頃）に墳丘墓の築造が始まると、しだいに竪穴建物の数が増加し、ついに後期後葉には5棟前後の竪穴建物を一群とする居住の単位が20以上も展開する大規模な集落となりました（写真2）。最盛期には一時100戸を超える竪穴建物が存在したと推測しています（濱田2016）。魏志倭人伝の冒頭に記された「倭人は山島によりて国邑をなす」という一文は、こうした集落の景観を表しているのかもしれません。

なお、妻木晩田遺跡が弥生時代の大規模集落だったことを明らかにしたのは、1990年代に計画されたゴルフ場の建設に先立つ発掘調査でした。開発か、保存か。糸余曲折を経て、1999年に全面保存が決まり、「弥生時代の山陰地方を代表する遺跡であるとともに、国家形成への歩みを始める古墳時代の前史となる弥生後期の社会を考える上で、集落の諸要素がほぼ判明している本遺跡はひとつの典型的な事例を提供する点でも、全国的にきわめて重要（文化庁 国指定文化財等データベース）」として、2000年に約150haの範囲が国の史跡に指定されました。現在は鳥取県立むきばんだ史跡公園として、弥生時代後期後葉の竪穴建物や掘立柱建物を復元した集落景観が公開、活用されています。鳥取県と島根県を東西に結ぶ山陰自動車道の淀江インターのすぐ側にありますので、近くにお越しの際はお立ち寄りください。



写真3 洞ノ原墳丘墓群の眺望

そして、その時には、是非、訪ねていただきたい場所があります。紀元1世紀後半に集落発展の

礎を築いた有力者たちが眠る洞ノ原墳丘墓群です。ここから眺める景色－美保湾を包み込むように弧線を描く弓ヶ浜半島、そして、日本海を遮るように横たわる島根半島（美保関）－は一見の価値があります。私の一番のお薦めは夕暮れ時、美保湾を赤く染める夕日はとても幻想的です（写真3）。

この景色が島根県に伝わる古代の『出雲国風土記』におさめられた国引き神話の一場面であることも見過ごせません。国引き神話には、出雲の神「八束水臣津野命」が、今の北陸地方〈高志（越）の都都の国〉に余った土地を見つけ、乙女の胸のように幅の広い鋤で土地を切り裂き、三つ縫りの太い綱を掛けて、「国来々々」と引き寄せ、大山〈大神岳〉につなぎとめて縫い合わせたのが美保関〈三穂の埼〉、その引き綱が弓ヶ浜半島〈夜見の島〉だと記されています。この他にも「八束水臣津野命」は朝鮮半島の新羅などに見つけた土地を切り裂いて、引き寄せ、出雲国的一部としています。「八束水臣津野命」を海や湖の神格と考える説もあります（阪下2003 p143）。日本海沿岸に点在する潟湖は弥生時代の交易には欠くことのできない重要な場所でした。弥生時代の大規模集落だった妻木晩田遺跡から国引きの景色を眺めていると、余った土地を探し求める「八束水臣津野命」の視界が、青谷上寺地遺跡などに確認できる韓半島から北陸に至る弥生時代の人の動き、交流の範囲と重なるように思えてきます。

参考文献

- 神澤秀明・角田恒雄・安達登・篠田謙一2021「鳥取県鳥取市青谷上寺地遺跡出土弥生後期人骨の核DNA分析」『国立歴史民俗博物館研究報告』第228集、国立歴史民俗博物館
阪下圭八2003『日本神話入門 『古事記』をよむ』岩波ジュニア新書453、岩波書店
濱田竜彦2016『日本海を望む「倭の国邑」妻木晩田遺跡』シリーズ遺跡を学ぶ111、新泉社
-
-

動植物ゲノムの紹介：ニワトリ

新村 耕（公募研究A04班：東京農工大学）

ニワトリが生産する鶏肉や鶏卵は、私達が毎日のように摂取するもので、日本の卵消費量はメキシコに次ぐ世界第2位（年間333個/人）、鶏肉消費量は同8位（年間12.6kg/人）となっています。また、ニワトリは他の家畜と比較して環境負荷が低く、世界的に最も需要が高い畜産物になっています。このように、私達の食を満たすニワトリは、現在大きく2つに大別でき、1つは卵を生産することに特化した採卵鶏で、もうひとつは肉を生産することに特化した肉用鶏（ブロイラー）になります。前者は、年間300個を越える卵を生産し、後者は2ヵ月程度で約3kg程度に成長するよう育種改良が進められてきました。しかし、元々はヤケイ（野鶏：*Jungle Fowl*：*Gallus gallus*）と言われる、現在もインドネシア、中国南部、フィリピン、マレーシア、タイなどの南アジアに生息している祖先種から家畜化され、育種改良されてきました。ヤケイは、セキショクヤケイ（赤色野鶏：*Gallus gallus*）、ハイイロヤケイ（灰色野鶏：*G. sonneratii*）、セイロンヤケイ（*G. lafayetii*）、アオエリヤケイ（青襟野鶏：*G. varius*）の4種が報告されており、これまでに、ニワトリはセキショクヤケイから家畜化されたとする単元説と、複数のヤケイが交雑してニワトリになったとする多元説が提唱されてきました。2004年に、ニワトリのドラフトゲノム（約10億塩基；文献1）が報告されて以降、全ゲノム情報を用いた分子系統学的解析がなされており、ヤケイとインドネシア在来鶏を用いた解析では、単元説が支持されています（文献2）。一方で、現在のニワトリからハイイロヤケイ由来の遺伝子が見出されるなど、多元説を支持する報告もあり、単元説か多元説かは決着が着いていない状況です。したがって、ニワトリがいつどこでどのようにして家畜化されたのかは、まだ十分に明らかにされていないと言えます。

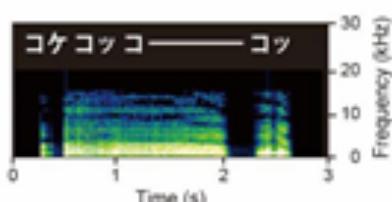
考古学的には、ニワトリが記載された最も古い記録は、インダス文明時代に遡り、その頃には

Yaponesian

闘鶏をしたり、「コケコッコー」を目覚まし時計として利用したりしていたことがわかっています。日本で出土したニワトリの骨として最古のものは、縄文時代または弥生時代のものとされ、少なくとも弥生時代には日本列島の様々な地域に日本鶏の祖先品種が存在していたとされています。また、これらの祖先品種は、朝鮮半島経由でもたらされたとする仮説もあれば、南西諸島経由という仮説もあります。いずれの仮説も真偽ははっきりとしておらず、したがって、ニワトリが、いつどこでどのように日本に移入して拡散したのかは、やはり謎に包まれたままです。現在、日本には、世界の約1/4ものニワトリ品種が現存すると言われており、名古屋コーチンや比内地鶏といった各地域の食文化を代表するようなニワトリ品種の他、「コケコッコーー」と長く鳴く長鳴鶏や「コケコッコーコッ」と鳴く沖縄天然記念物のチャーン、闘鶏用の軍鶏（シャモ）など、非常に多様で独特なニワトリ品種が日本各地に現存しています（下図）。私達は、これまでに祖先種である野鶏のみならず、日本に現存する貴重なニワトリリソースを発掘するとともに、血液を採集してきました。ヤポネシアゲノムの課題では、それらの血液からDNAを抽出し（鳥類の赤血球には核がありDNAを多く得ることができる）、全ゲノム情報を得ることで、いつどこで家畜化が生じて、日本に移入してきたのかといった軌跡を明らかにしたいと考えています。また、闘鶏用の攻撃性が著しく高い軍鶏や地鶏生産用に攻撃性を失った軍鶏の比較から攻撃性の遺伝基盤を、沖縄天然記念物のチャーンや長鳴鶏の比較から発声パターンの遺伝基盤を明らかにし、その領域のゲノム配列を比較することにより、家畜化がどのように生じたのか、ヤポネシアにおけるニワトリ品種の移入・拡散の軌跡を、より詳細に明らかにできると考えています。

■ 発声パターンが異なる品種

■ 音節の違い：チャーン（沖縄）

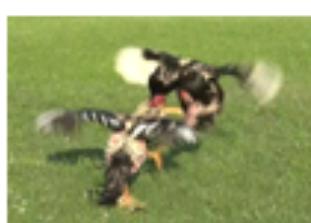


■ 長さの違い：東天紅、声良、唐丸



■ 攻撃性が異なる品種（大軍鶏）

■ 闘鶏用



■ 鶏肉生産用



■ その他のユニークな品種

■ 尾長鶏



■ 高度近交化系統



■ 祖先種



参考文献

- International Chicken Genome Sequencing Consortium. (2004) Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature* 432: 695–716
- Ulfah et al. (2016) Genetic features of red and green junglefowls and relationship with Indonesian native chickens Sumatera and Kedu Hitam. *BMC Genomics* 17: 320-329.

Yaponesian

ことばめぐり

濁音の謎

木部暢子 (B02班 研究分担者 国立国語研究所)

日本語には清音と濁音があります。五十音図のカ・サ・タ・ハ行の音が清音、ガ・ザ・ヂ・バ行の音が濁音です。不思議なのは、濁音には専用の仮名文字がなく、清音の仮名に濁点を付けて表記するシステムになっていることです。

1. 濁音専用の仮名文字がないのはなぜか。
がまず、最初の「濁音の謎」です。

文字は、発音に即して作られます。/ka/ と /sa/ は発音が異なるので「か」「さ」のように違う仮名文字が開発されます。ところが、/ka/ と /ga/ は発音が違うのに「か」という同じ文字で表記されます。いまは、濁点を用いて「か」と「が」で区別していますが、濁点はあくまで補助記号であり、あとから開発されたものです。仮名文字が作られた平安時代には、ふつうは濁点が付けられていませんでした。図1は寛永年間（1624～1644年）に刊行された『枕草子』の版本の写真です（国立国会図書館デジタルコレクションより）。「はるはあけばの」の「ほ」の仮名に濁点が打たれていません。

では、古代日本語には清音と濁音の区別がなかったのでしょうか。そうではありません。奈良時代の古事記や日本書紀、万葉集の歌謡では、清音仮名と濁音仮名が使い分けられています（有坂1955）。図2、図3は『日本書紀』写本の歌謡の部分の写真です（国立国会図書館デジタルコレクションより）。これを書き下したのが(1)(2)です。「か=介：が=餓」「こ=據：ご=語」「つ=菟・都：づ=弩」のように、清音には清音相当の音価を持つ漢字、濁音には濁音相当の音価を持つ漢字が当てられています((1)(2)では清音の「か、こ、つ」を下線で、濁音の「が、ご、づ」を太字で示しています)。

- (1) 夜句茂多菟 伊弩毛夜霸餓岐 菴磨語味爾 夜霸餓枳菟俱盧 贈廻夜霸餓岐廻
やくもた^フ いづもやへがき つまごめに やへがき^フくる そのやへがきを
(幾重にも雲が重なりあう出雲の八重垣のように、妻を籠もらせる宮にも八重垣を作るよ)

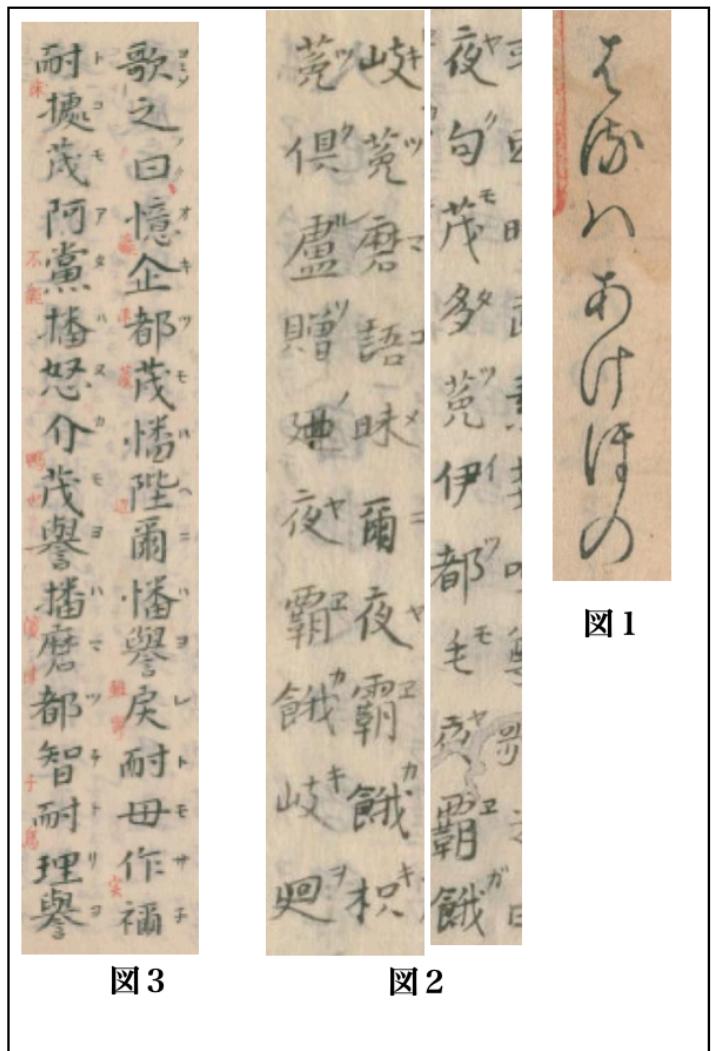


図1

図3

図2

(2) 憶企都茂播 陸爾播譽戻耐母 作禰耐據茂 阿黨播怒企茂譽 播磨都智耐理譽
おき_つもは へにはよれども さねど_こも あたはぬかもよ はま_つちどりよ
(沖の藻は岸に寄るのに寝床にも近づけないのだよ、浜の千鳥よ)

(日本書紀 神代)

このように、ひとつの音にひとつの漢字を当てたものを万葉仮名と言います。万葉仮名をもとにして平安時代にひらがな、カタカナが作られます。そこではなぜか、濁音をあらわす仮名文字が作られませんでした。その理由の一つとして、奈良時代と平安時代とで表記の姿勢に違いがあったのではないかということが考えられます。万葉仮名は、日本に文字がない時代に中国の漢字を使って日本語を表記しようとしたものです。表記者には日本人だけでなく、大陸からの渡来人が関わっていたと思われます。そのような場合、表記者はできるだけもとの発音を忠実に表記しようとします（私たちが言語のフィールドワークを行うときも同じです）。それに対し、平安時代の仮名文字は、万葉仮名をもとにしつつも日本語の表記にとって何が必要で何が必要でないかを考慮しながら作成されました。その中で濁音専用の仮名は必要ないと判断されたわけです。

なぜ、そのように判断されたのか。よく指摘されるのが、日本語の連濁という現象です。例えば、「紙」という単語は、単独では「かみ」ですが、複合語の後部要素になると「手紙（てがみ）」「色紙（いろがみ）」のように「がみ」になります。このように、ある語が他の語の後ろに連なったときに、清音が濁音に変わる現象が連濁です。（1）の「やへがき」「つまごめ」、（2）の「さねどこ」「ちどり」も連濁です。ここに清音と濁音が相通じるという発想が生まれ、濁音専用の仮名文字の必要性を低めたということかもしれません。

なお、語頭の清音が語中に濁音に変わることの現象は、韓国語にもあります。韓国語では、語頭=清音、語中=濁音のように清音と濁音が位置によって棲み分けられ、清音と濁音が対立することはありません。つまり、清音と濁音の区別がありません。しかし、日本語では上に述べたように、奈良時代には清音と濁音の書き分けがありました。また、「柿（かき）」と「鍵（かぎ）」、「旗（はた）」と「肌（はだ）」のように、清音と濁音の違いだけで意味が区別される単語（ミニマルペア）が古代から存在しています。したがって、韓国語とは事情が違っています（かめい 1970）。「柿」と「鍵」をなぜ仮名文字で書き分けなかったのか。これは連濁では解決できません。したがって、濁音専用の仮名文字がなぜ生まれなかつたかを連濁だけで説明することはできませんが、連濁が清音と濁音の関係を示す重要な特徴であるとは間違ひありません。

次に、上に述べたこととも関係しますが、日本語には、

2. 語頭に濁音がくるのをきらう。

という性質があります。これについては、かめい（1970）で詳しく論じられていますので、それに譲ることにして、3つめの疑問、

3. 日本の周辺部に語中の濁音を鼻音性の子音で発音する地域が分布するのはなぜか。

について考えたいと思います。語頭の濁音はあまり地域差がないのですが、語中の濁音は方言によって発音のしかたが違います。図4はそれを示したものです。緑色の地域では「鏡」の「が」を鼻音性の子音（鼻にかかった発音）で発音し、赤色の地域では鼻音でない普通の濁音で発音します。

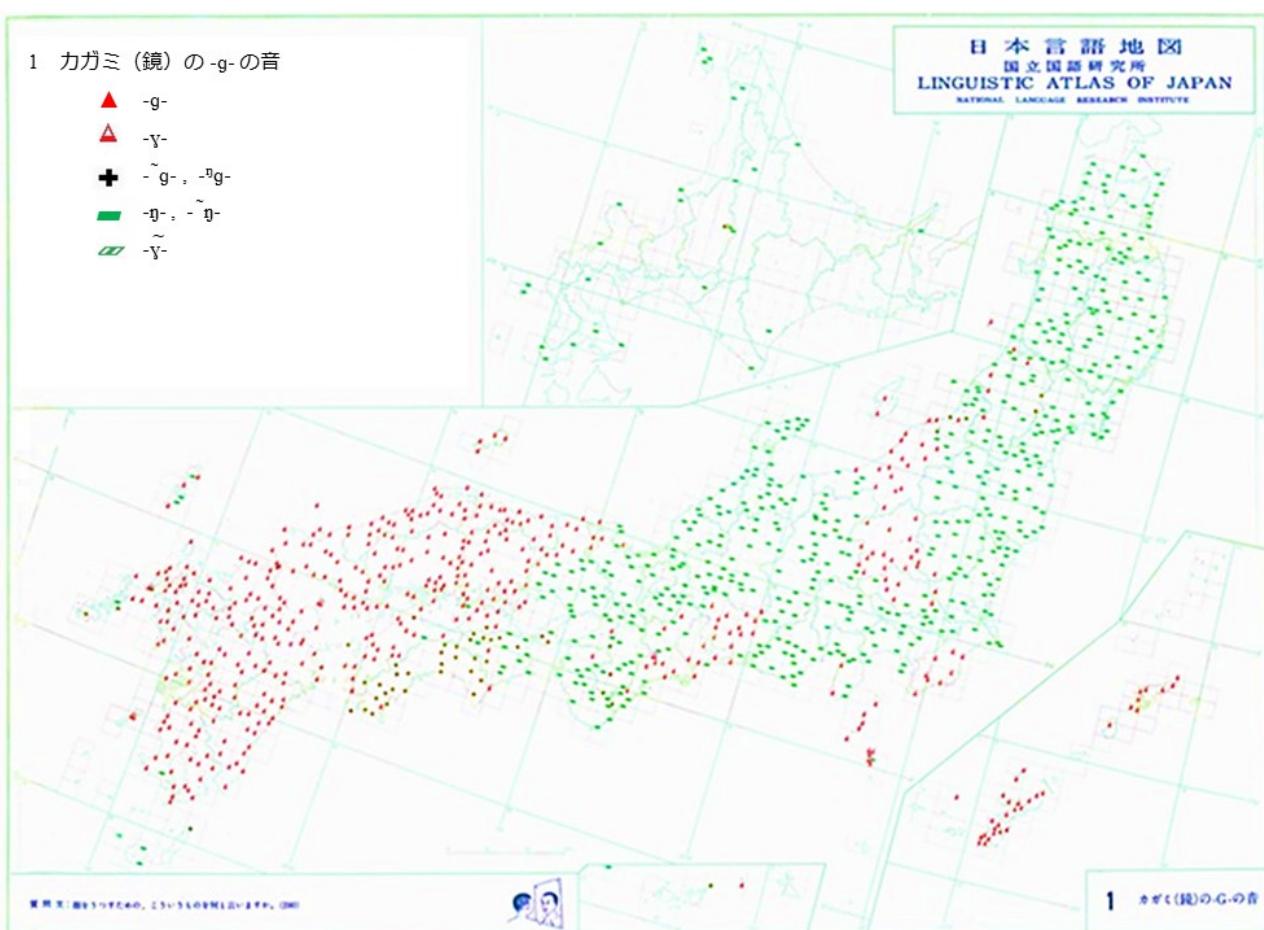


図4 「カガミ (鏡) の -g- 」 (『日本言語地図』)

緑色の地域のうち、東北、九州南端、沖縄県の与那国島には次のような特徴もあります。

カ行、タ行が語中で濁音になる。例：中→ナガ 旗→ハダ

つまり、「カ行、タ行、ガ行、ダ行」が語頭では /ka, ta, ga, da/ で、語中では /ga, da, ŋa, ~da/ で区別されるのです (~ は鼻音をあらわす。ダ行の鼻音はすでになくなっているところもある）。

	カ行、タ行	ガ行、ダ行
語頭	k=カネ (金) 、 t=タネ (種)	g=ガケ (崖) 、 d=ダシ (出汁)
語中	g=ナガ (中) 、 d=ハダ (旗)	ŋ=ナンガ (長) 、 ~d=ハンダ (肌)

これらの地域の「ナガ (中) 」「ハダ (旗) 」は、語中（母音間）で k や t が有声化したと説明されますが、それは「長」や「肌」の「ガ」「ダ」が鼻音性の子音「ンガ」「ンダ」だったことが前提です。そうでなければ、「中」と「長」、「旗」と「肌」の区別がつかなくなってしまいます。

私は、語中のガ行・ダ行の子音の鼻音性は、古代語日本語に遡る特徴だと考えています。そうでなければ説明がつかない現象が日本語にはたくさんあるからです。たとえば、「筆 (ふで) 」「札

(ふだ)」は「ふみて（文手）」「ふみいた（踏み板）」が変化した語ですが、どちらもmiのあとで「て」が「で」になっています。*pumite > *pumte > pu~de（筆）、*pumiita > *pumita > *pumta > pu~da（札）のように鼻音のmが次のtと一緒にになって、mt > ~d となったものです（*は想定形をあらわします。ハ行子音には*pを想定しています）。「糧（かて<かりて）」のように「て」の前に鼻音がない場合には「かで」にはなりません。また、物を数えるときに「三」のあとだけ「さんぽん（三本）」「さんびき（三四）」のように助数詞が濁音になるのも、「さん」の「ん（平安時代までmだった）」が次の子音を濁子音に変えたものです（「よんほん（四本）」「よんひき（四匹）」は新しい言い方で、もとは「しほん」「しひき」でした）。

濁音に関しては、まだまだ謎があるのですが、このあたりで筆を置くことにします。

【参考文献】

かめいたかし(1970)「かなはなぜ濁音専用の字体をもたなかつたか——をめぐってかたる」
『一橋大学研究年報 人文科学研究』12. pp.1-92.

有坂秀世(1955)『上代音韻攷』三省堂。

【出典】

図1 『枕草子』国立国会図書館デジタルコレクション <https://dl.ndl.go.jp/info:ndljp/pid/2544455/2>

図2・図3 『日本書紀』国立国会図書館デジタルコレクション <https://dl.ndl.go.jp/info:ndljp/pid/2544340?tocOpened=1>

図4 国立国語研究所『日本言語地図』第1集 https://mmsrv.ninjal.ac.jp/laj_map/

しまめぐり：種子島

石堂和博（広田遺跡ミュージアム 学芸員）

鹿児島本港からロケットの名前を冠したジェット・フォイルに乗ること1時間30分。鹿児島-種子島間には高速船が毎日就航しています。九州島南端の佐多岬からわずか40km、琉球列島最北の島ですから、現在は、経済・生活圏ともに南九州とのつながりが深い島です。

気候は温帶ですが、ところどころに、メヒルギがマングローブ林をなし、北限のサンゴ礁がエプロン礁として広がります。島を注意深く眺めると、奄美・沖縄とのつながりも見えてくるから不思議で、この島の歴史・文化の成り立ちには、九州と奄美・沖縄の両者が関わっています。

島の南端、鉄砲伝来の地として知られる門倉岬から沖を眺めると、悠久と流れる黒潮が印象的です。古来、黒潮は南方より異国の文化を種子島にもたらしました。西之表市立博物館、通称「鉄砲館」では、鉄砲伝来時の初伝銃から、当時の火薬製造法、国内有数の火縄銃コレクションの展示がされ、鉄砲伝来の様子を「動くジオラマ」で再現した鉄砲伝来物語により、さながら1543年にタイムスリップした気分になります。また、鮫島安豊氏（前館長）らによる島の悉皆調査に裏付けされた歴史・文化・自然のわかりやすい展示もあり、西之表港から車で5分の距離にあるこの博物館を訪ねると島のアウトラインがわかります。鉄砲館周辺は、日本列島最南端の武家屋敷群でもあり、中世から近世まで島を治めた種子島氏に思いを馳せながら、点在する古民家でいただく

コーヒーやランチは格別です。

島を縦断する幹線道路、国道58号線を南下し、島の中央台地に広がるサトウキビ畑を眺めていると、立切遺跡という標識が目に留まります。日本列島に現生人類が拡散して間もない頃、後期旧石器時代前半期（約3万5千年前）の世界最古とも言われる落とし穴が発掘されたことで知られる遺跡です。イノシシなどが水場を求めて台地から谷へ降りる、獣道を狙って的確に落とし穴を掘っていることに気づかされ、感心させられます。現在の島民は、のんびりとした自分たちの性格やライフスタイルについて聞かれると、「タネガシマを並べ替えたら、ネタガマシ（寝たがまし）だから」と笑って答えます。一生懸命ハンティングするための石槍のような飛び道具はこの遺跡から出土せずに、落とし穴を掘って悠々と獲物を待つわけですから、「ネタガマシな種子島」の起源の古さに思わず笑みがこぼれます。



鉄砲伝来の地門倉岬



国重要文化財広田遺跡出土品

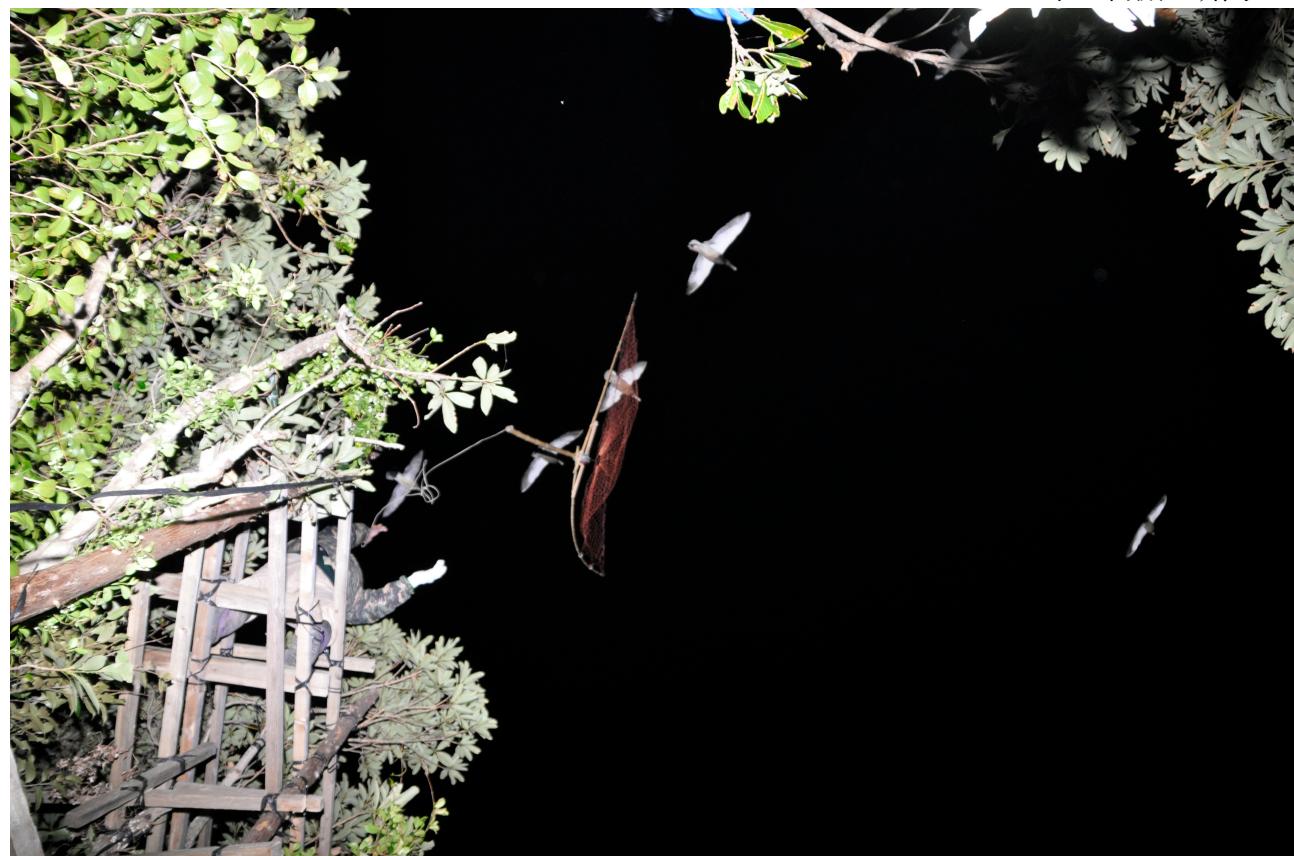
Yaponesian

さらに南へ行くと、島のほぼ東南端の広田海岸にたどり着きます。目の前がロケット発射場というロケーションもさることながら、昭和31年に広田遺跡が発見された海岸として著名です。広田遺跡は、3世紀から7世紀にかけての墓地で、奄美・沖縄で採れた大型巻貝製の腕輪、首飾り、垂飾りなどを身に着けた100体を超える埋葬人骨の出土で知られていて、南島との文化的なつながりを物語る遺跡です。これらの貝製装身具の中には、幾何学的な文様が彫刻されているものがあります。近年の研究で、この彫刻は、鉄製品で施されていることがわかりました。当時、鉄は貴重で日本本土では武器、農具として使われましたが、美的な彫刻に使うあたりがネタガマシの面目躍如です。現在、遺跡のある砂丘は国史跡広田遺跡の史跡公園として整備され、広田遺跡ミュージアムが隣接します。ミュージアムでは、ぜひ「語り部の会」によるボランティアガイドをフロントで希望してみてください。地元の「語り部さん」が、発掘物語から島の民俗・民謡まで語り伝えてくださいます。

さて、種子島宇宙センターは、私の生まれ育った南種子町茎永にあります。茎永の宝満神社では、東南アジアに起源を持つとされる熱帶ジャポニカ種の赤米の栽培が御神米として代々受け継がれてきました。また、赤米の御田植祭は日本最南端の田植祭として、国の重要無形民俗文化財に指定されていて、「たねがしま赤米館」で展示紹介されています。宝満神社の向かい側にありますので、参拝ついでに訪ねることをお勧めします。また、神社は宝満池の湖畔にあり、この池では毎年シベリアより飛来する鴨を狙った突き網猟（県無形民俗文化財）が行われています。この猟法は、現在、宝満池の他、福井県片野鴨池、宮崎県巨田の大池、そして皇室でも伝承されている古い猟法です。種子島では8人がこれを受け継いでおり、私もその伝承者の一人です。ある自然保護雑誌で、「この猟法は、人と自然が共生する、資源の持続可能な利用にかなっている」として紹介されたことがあります。端的に言えば、非効率的で趣味的な猟法で、鴨があまり獲れないから資源が減らない、ということなのでしょう（よく言えば、獲りすぎない）。ネタガマシな種子島だから伝承されていますが、他所でたちどころに廃れた理由が良く理解されます。

先史時代から現代への時間の流れと、自然科学から人文科学にわたる資源の豊かさを、種子島でぜひ感じてみてください！

下：鴨猟の瞬間



Yaponesian
わたしの好きなヤポネシアのうた

松波雅俊（A01班分担研究者：琉球大学大学院医学研究科）

宿醉 中原中也

朝、鈍い日が照つてて
風がある。
千の天使が
バスケットボールする。

私は目をつむる、
かなしい酔ひだ。
もう不用になつたストーヴが
白っぽく錆（さ）びてゐる。

朝、鈍い日が照つてて
風がある。
千の天使が
バスケットボールする。

領域代表からの無茶振りを受けて、わたしの好きなヤポネシアのうたについて書くことになりました。普段、ほとんど英語の論文しか書いていないので、どのようにうたを選ぶべきか（やはり古典を取り上げるべきか？沖縄に住んでいるので琉球のうたを紹介するべきか？等々）、非常に悩みました。が、ここは直感に従って一番に思い浮かんだうたについて紹介します。

表題の中原中也の詩は、関西ローカルの某有名テレビ番組で取り上げられたり、某ギターリストがプリントしたTシャツを着ていたりと有名なので、ご存じの方も多いかと思います。このうたは、いろいろと解釈の余地はありますが、二日酔いの情景をうたつたものです。やはりヤポネシアゲノムとお酒は切っても切れない関係なようです。私は普段は思索に耽るようなことはあまりないのですが、しこたま飲んだ次の日は、二日酔いで動くことが出来ないことが多いので、頭が働かないながらも、いろいろと思いを巡らすことがあります。ヤポネシアゲノムの関係者には、同じような経験をしたことがある方が多いと思います。このような情景を（日本語ではないですが）”千の天使がバスケットボールする”とした比喩的な表現は、非常に印象に残っていました。

ヤポネシアゲノムっぽいことも書きますと、お酒が飲める飲めないを決める遺伝多型としてrs671というSNPが有名です。このSNPがG/Gであればお酒に強いのですが、A/Aであればアルコールに弱いことが遺伝学的に知られています。ほとんどの人類集団では、rs671はGなのですが、なぜかヤポネシア人では自然選択が働いて、アルコールに弱いAのrs671を持つ人が多くいます。疾患との関係が指摘されていますが、なぜこのような自然選択が働いたかの根本的な原因はわかつていません。もしかしたら、私のような二日酔いでよく寝込む人間はヤポネシアでは淘汰される運命なのかもしれません。現在、ヤポネシア人ゲノムに働いた自然選択についても研究しているので、今後もその原因を探っていきたいと思います。

アジア・アフリカ動物語彙の地理言語学研究とDNAに関する研究集会報告

遠藤光暉（B02班研究代表者 青山学院大学）

2021年9月4日・5日に東京外国語大学アジア・アフリカ言語文化研究所の共同研究プロジェクト「アジア・アフリカ地理言語学研究」（遠藤光暉代表）とヤポネシアゲノムA03班（鈴木仁代表）・B02班（遠藤光暉代表）の共催によりマウス・クマ・イヌ・オオカミ・ウマ・ニワトリに関し、ユーラシア大陸におけるDNAの地理的・系譜的研究とアジア・アフリカ全語族における語形の地理分布とその形成過程に関する研究会がオンラインで行なわれました。

まず、動物DNAの側から鈴木仁（北大）“Human impacts on the evolution of rats and mice”・増田隆一（北大）“Phylogeography of brown bears in the northern hemisphere”・寺井洋平（総研大）“The evolutionary process of dogs domesticated from gray wolves”・戸崎晃明（競走馬理化学研究所）“Genetic diversity and relationships among European, Asian and Japanese horse breeds”・米澤隆弘（東京農大）“Origin and history of Japanese native chickens as inferred from the mitochondrial DNA analysis”が各々の動物に関してDNAの系譜や地理的分布の概観を半日かけて与えました。

その後の一日前でアジア・アフリカのほぼ全域をカバーする日本語・朝鮮語・中国語・チュコートカ=カムチャツカ語族・アイヌ語・モンゴル語族・チュルク語族・チベット=ビルマ語派・オーストロネシア語族・クラ=ダイ語族・オーストロアジア語族・フモン=ミエン語族・南アジア諸語・ドラヴィダ語族・イラン語派・セム語族・ナイロ=サハラ語族・バンツー語族・カラハリ渓谷諸語における当該6動物の呼称の各語族内での地理分布と形成過程についてパノラマが得られました（ツングース語族・ウラル語族の担当者は欠席）。

今回は言語側は語族内での地理分布を明らかにするのを目標としましたが、動物語彙は特に語族を超えて共通の語形が現れることも多く、遺伝学側の知見ともかみ合った現象がかなり見つかりました。日本語を中心にして言うと、「ウマ」が本邦にもたらされる5世紀頃の大陸・半島部（馬具からして正に「馬」韓から来たとされています）の語形とつながるのは有名ですが（付図参照、遠藤光暉2019「汉语及周边语言中“南瓜”和“马”两个借词的地理分布」、Collected Papers on Eastern Asian Geolinguistics, <https://publication.aa-ken.jp/>より）、クマも朝鮮語・中国語で元は同じ語形に遡ります。

今年度末にはイネなど穀物類のDNAとAA諸語における呼称を突き合わせて合同研究会を開催する予定で、言語側の語族ごとの結果は来年度にも公刊する計画です。その先は各動物・植物ごとにAA地域においてどのような語形が語族を超えて分布するかを言語側でまとめ、遺伝学側の系譜・地理分布と比較・検討したいと希望しています。人類集団とともに移動する動物や栽培植物のDNAと言語分布との関係によって、ヤポネシア人の足跡もたどることをめざしています。

日本地理言語学会第三回大会に参加して：日本人の名字と遺伝学

鈴木留美子（国立遺伝学研究所集団遺伝研究室 特任准教授）

2021年10月2日(土)にオンラインで行われた日本地理言語学会第三回大会に、B02班研究代表者の遠藤先生からお招きいただき、日本人の名字とY染色体ハプログループに関する発表を行ないました。名字は、1,625,315人（名字数68,112）の全国電話帳データを利用、Yハプログループは、

ジェネシスヘルスケア社よりご提供いただいた、5つのハプログループ（C, D, N, O, Q、合計24,728人）の県別人数データを利用しました。日本ではO, D, C, N, Qの順で頻度が高く、Oは弥生系、Dは縄文系の人々に由来すると考えられています。

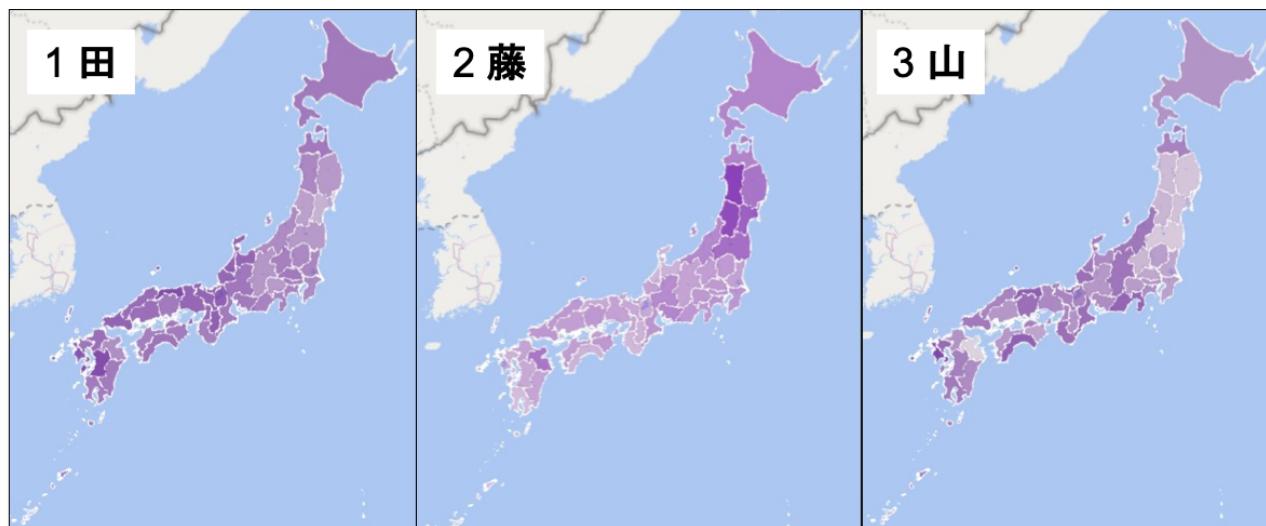
電話帳データによる名字トップ10は、(1)佐藤、(2)鈴木、(3)高橋、(4)田中、(5)伊藤、(6)山本、(7)渡辺、(8)中村、(9)小林、(10)加藤で、これまで知られている順位とほぼ同じです。このようによくある名字でも、佐藤、鈴木、高橋は東日本に多く、田中は西日本に多いなど、分布には偏りがあります。名字の分布については多くの資料があるので、漢字をバラバラにして（3,311字）全国での頻度を調べたのが表1です。（ ）内の数字は順位です。

表1

トップ10	(1)田	(2)藤	(3)山	(4)野	(5)川	(6)本	(7)村	(8)木	(9)井	(10)中
身体部位	(22)口	(178)手	(236)目	(244)足	(257)尻	(393)爪	(447)股	(448)腰	(466)首	(553)指
数字	(40)三	(139)八	(148)五	(174)十	(194)二	(221)一	(333)四	(442)七	(484)六	(579)九
動物	(120)馬	(122)熊	(190)鳥	(232)猪	(254)鹿	(299)牛	(407)犬	(462)猿	(498)魚	(852)虎

トップ10は、「田」「藤」「山」など、他の漢字との組み合わせのバリエーションが多いものが占めています。トップ3の県別頻度分布を図1に示します。「田」「山」は田中、山本などの多い西南日本で、「藤」は佐藤、伊藤、斎藤などの多い東北で、頻度が高くなっています。鈴木は名字全体では2位ですが、「鈴」は鈴木以外の名字で使われることが少ないと想定され、漢字単体では33位でした。身体部位の「口」は比較的均一に分布していますが、「手」は群馬と長崎、「目」は福島、「足」は鳥取といったように、特定の県に集中しがちな傾向があります。また、人がでまかせに数字を言う時に五、三、八を使いがちだという「嘘の五三八」という言葉がありますが、名字に使われている数字も「三八五」が上位にきています。五と十は共に新潟で多く、これは新潟が五十嵐さんのルーツであるからだとわかりました。動物は、干支にあてられる「子」などを除いて現代表記で調べると、ランクは低いもの一種の動物を除いて十二支全部が名字の中に見られました。使われていない漢字は「羊」で、羊は6世紀頃から何度か日本に持ち込まれたものの、十二支本家の中国と違って飼育が広まらず、なじみが薄かったからだろうと思われます。しかし、日本にいない「虎」や想像上の「龍」が使われているのは、強そうで格好いいからでしょうか。

図1 漢字トップ3の県別頻度分布

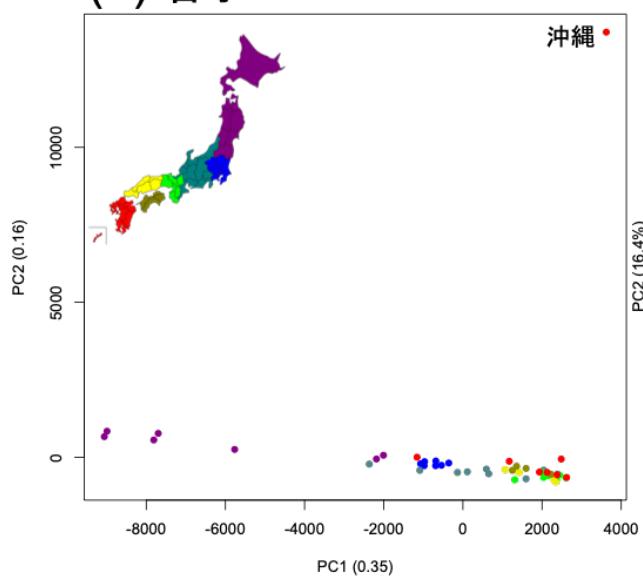


Yaponesian

名字の中には特定の都道府県にしか存在しないものもあり、沖縄では特にその比率が高いのですが、ここでは68,112種の名字のうち24以上の都道府県に存在する6,639種の名字（1459万1476人）について各県での頻度を調べ、主成分分析を行ないました（図2(A)）。ドットの色は行政区画を表しています。沖縄が大きく離れ、その他の県は南北に並んでいます。一方、Yハプログループで行った主成分分析（図2(B)）では沖縄は名字のプロットほどには大きく離れず、和歌山、徳島、愛媛などが離れています。これは、沖縄のDハプログループが以前の報告（Hammer et. al, 2006）ほど多くなかったことと、和歌山でNハプログループが、徳島、愛媛でCハプログループが高いことなどを反映しています。名字とYハプログループの相関係数（平均値からのユークリッド距離の相関、沖縄を除く）は0.19でした。全国だけでなく地域的な分布を調べてみたらどうだろうということで、A01班の松波先生の宮古島の現代人ゲノムデータ研究（Matsunami et. al, 2021）を参考に、宮古島地域の名字の分布を調べた結果が図3です。こちらの結果では、本土・沖縄島・多良間・八重山～下地・伊良部～池間という並びが松波先生のプロットと似ており、遺伝的系統と名字がある程度並行していることがうかがえました。

図2 主成分分析結果

(A) 名字



(B) Yハプログループ

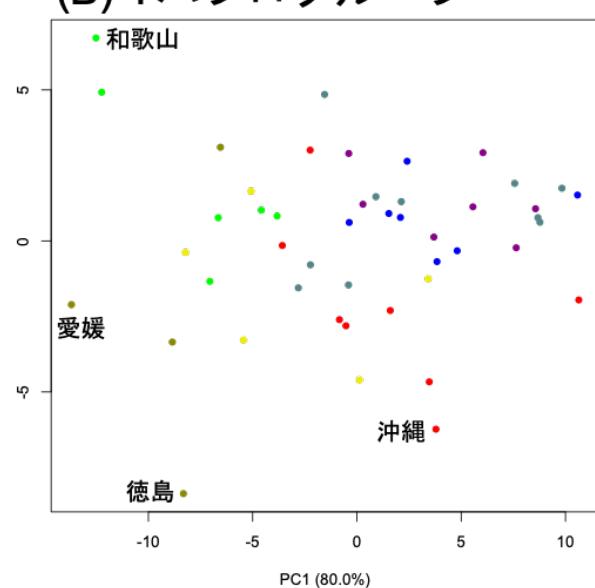
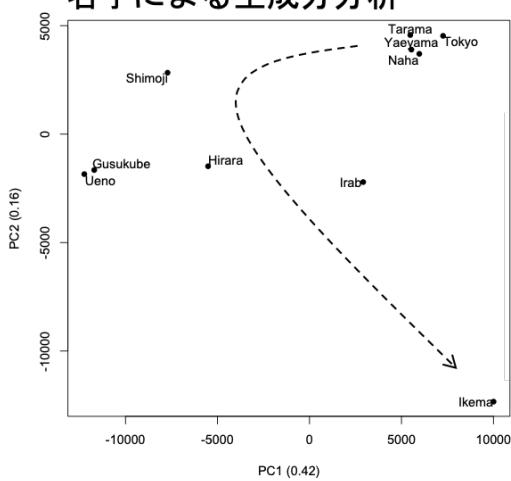
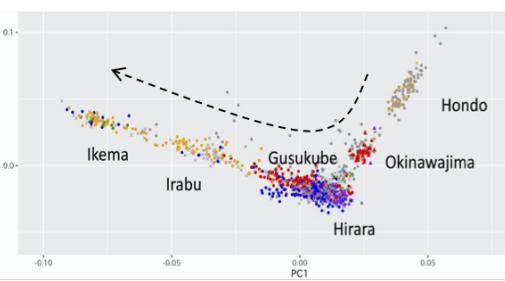


図3 宮古島地域
名字による主成分分析



Matsunami et. al, 2021



第75回日本人類学会大会シンポジウム

「骨考古学による縄文社会論の構築 －伊川津・保美貝塚出土例を中心に－」の報告

山田康弘 (B01班 研究分担者 東京都立大学)

日本人類学会の第75回大会は、東京大学新領域創成科学研究科が主催し、2021年10月9日(土)から11日(月)の3日間にわたって開催されました。ただし、昨今のコロナ禍のためにすべてオンラインでの開催となりました。ヤポネシアゲノムB01班の研究分担者である山田は、日本人類学会骨考古学分科会との共催で、一般シンポジウム「骨考古学による縄文社会論の構築－伊川津・保美貝塚出土例を中心に－」を10日に行ないました。

本シンポジウムでは、研究内容に沿った形で9本の発表が行なわれました。発表者と内容は、次の通りです。

まず最初に、山田の方から「趣旨説明・愛知県伊川津貝塚・保美貝塚における墓域の様相」として、今回のシンポジウムの趣旨説明を行い、各発表者が研究を行なった人骨資料が出土した愛知県伊川津貝塚および保美貝塚における墓域の様相と、各資料の出土状況について説明しました(図1)。

次に、東京大学の米田穰先生から「保美貝塚の盤状集骨の年代学的検討と個体埋葬の関係」として、保美貝塚出土人骨の年代についてご発表がありました。このご発表では、盤状集骨葬例と個別埋葬例の間に年代差が存在することが指摘されました。その後、東京大学の近藤修先生、聖マリアンナ医科大学の水嶋崇一郎先生からは、盤状集骨葬に含まれる人骨の形質について、明治大学の谷畠美帆先生からは縄文時代の人骨に観察される骨膜炎についてご発表がありました。

日本大学松戸歯学部の五十嵐由里子先生からは、「縄文時代の人口構造」と題して年齢推定と妊娠痕跡のあり方からみた縄文時代における人口構造について発表があり、当時の人口動態について大枠が提示された後、東京大学の太田博樹先生、金沢大学の覚張隆史先生から「全ゲノム解析からみた伊川津貝塚出土人骨」、ついで東京農業大学の和久大介先生、東大の太田博樹先生から「母子合葬例と想定される合葬人骨のmtDNA分析結果」についてご発表いただきました。このご発表では、合葬された成人女性と子供の間に血縁関係がないことが示され、縄文時代の社会構造のあり方について一石を投じられました。

その後、東海大学の日下宗一郎先生、国立歴史民俗博物館の斎藤努先生から「保美・伊川津貝塚より出土した古人骨のストロンチウム同位体分析」と題して、Sr同位体からみた人の移動についてご発表いただき、盤状集骨葬に含まれる人骨が外来者であった可能性が示唆されました。そして、最後に山田の方から「骨考古学と縄文社会研究」と題して、考古学と人類学のコラボレーションのあり方について研究モデルを示すとともに(図2)、骨考古学の今後の見通しについて発表を行いました。

3時間の中に9本もの発表を入れたため、時間的には少々タイトになりましたが、現在の骨考古学の研究水準を示す良いシンポジウムになったと自負しています。なお、このシンポジウムの内容につきましては、今後Anthropological Science(人類学雑誌)の方で特集号として、また来年度刊行を予定している保美貝塚報告書・研究論考編にて発表される予定です。

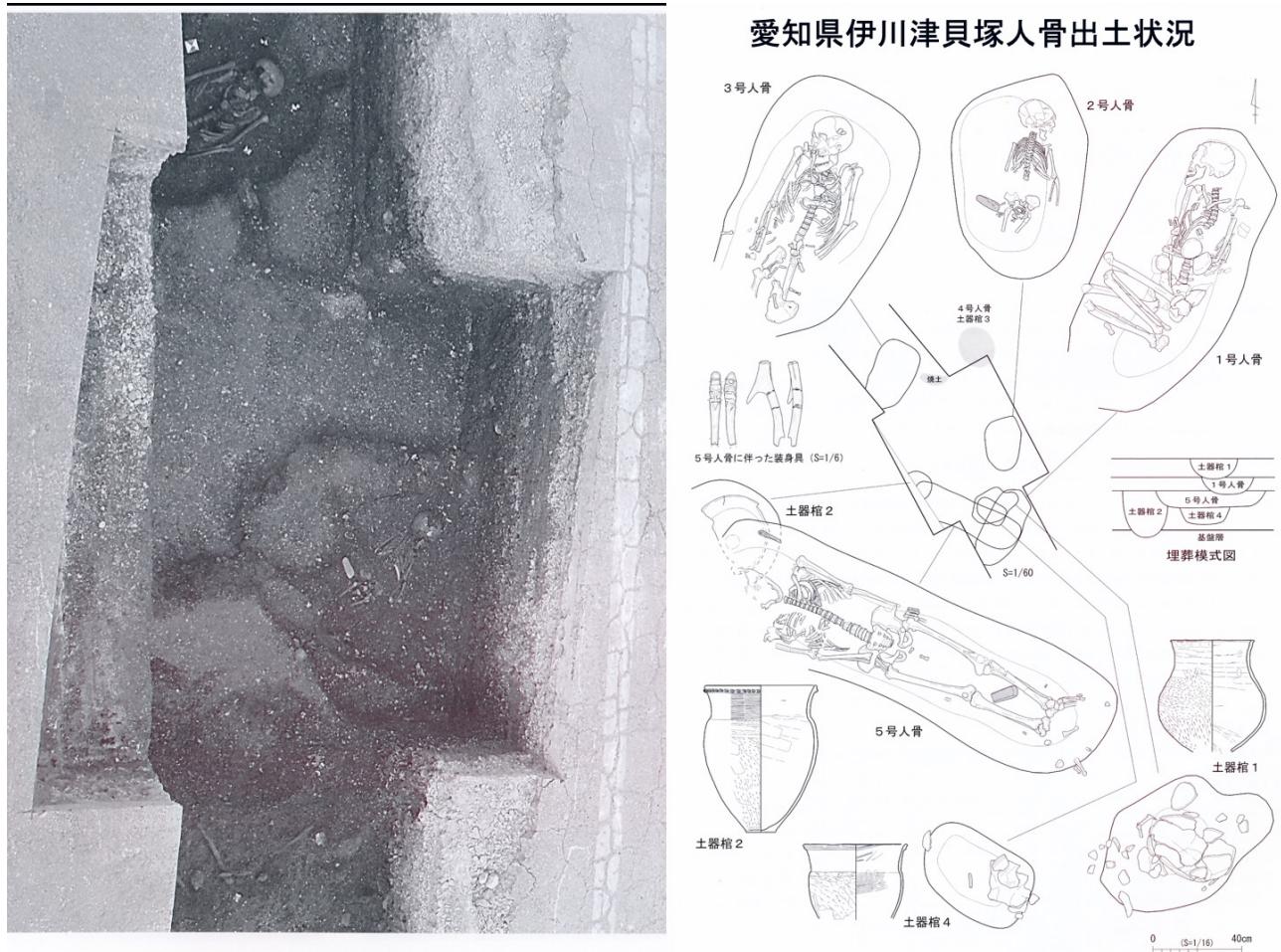


図1 愛知県伊川津貝塚における人骨出土状況

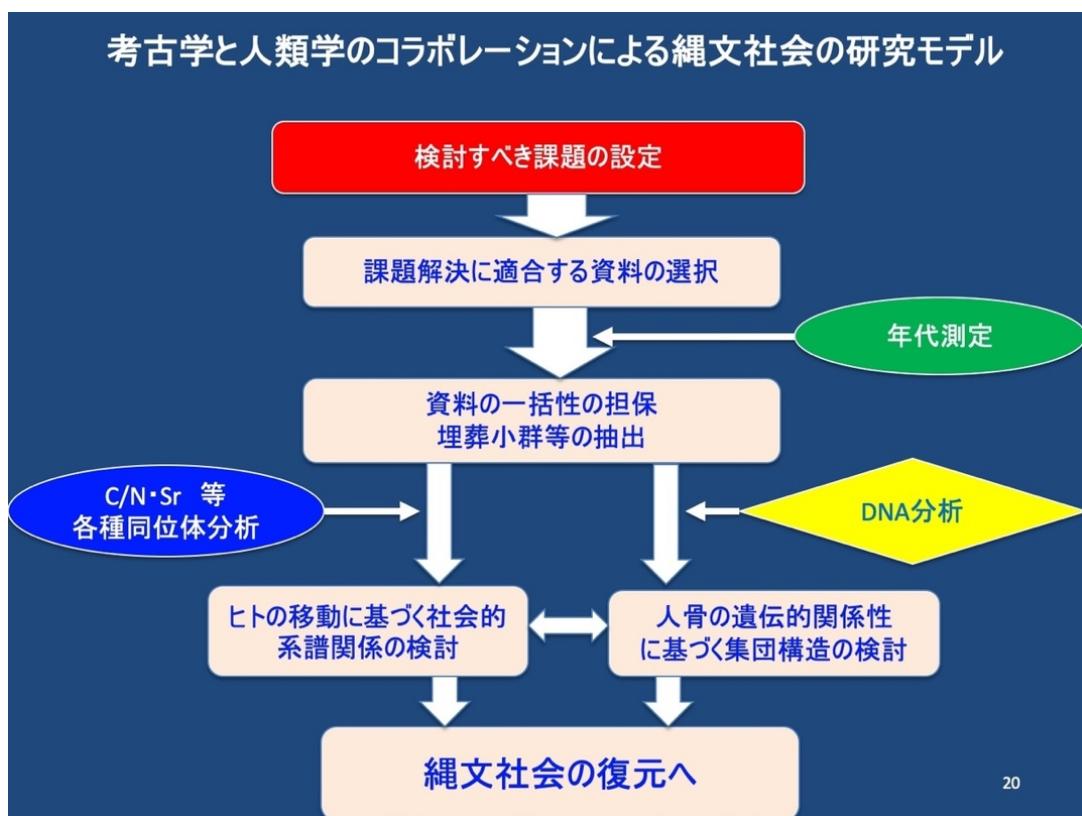


図2 考古学と人類学のコラボレーションによる縄文社会の研究モデル

第75回日本人類学会大会シンポジウム

「古代・現代人ゲノムが明らかにするヤポネシア人の歴史」の報告

長田直樹 (B03班研究代表者 北海道大学 大学院情報科学研究院)

2021年10月9日から11日にかけて、第75回日本人類学会大会がオンラインで行なわれました。ヤポネシアゲノムからも私（長田）がオーガナイザーとなり、シンポジウム「古代・現代人ゲノムが明らかにするヤポネシア人の歴史」を開催いたしました。ヤポネシアゲノムに参画している若手の班員を中心に、5名の演者が東アジアを中心とした古代人・現代人ゲノムの解析結果を中心に発表し、議論を進めました。

最初の演者はオーガナイザーである長田が「古代・現代人ゲノムデータをもとにしたヤポネシアへの人類移住経路の考察」という演題の講演を行ないました。ヤポネシアゲノムの宣伝に加え、ここ2、3年で急速に発展した東アジア人の古代ゲノム研究結果を総括し、私たちで行ったゲノム解析結果について発表を行ないました。図1は東アジアにおける新石器時代までの人類の移動の足跡モデルを簡易的に示したものにそれぞれの演題のトピックを重ね合わせたものです。ヤポネシアゲノムでは言語班との協力も重要な位置を占めているため、ひとびとの移動と言語との対応関係を大雑把に示しています。



図1 東アジアにおける人類集団の流れと演題のトピック

Yaponesian

2番手は東海大の松前ひろみさんが「ヤポネシア周辺領域の民族集団史と言語多様性」という演題にて講演を行ないました。講演者のなかでは唯一ヤポネシアゲノム班員以外のゲストスピーカーとなります。主に北東アジアにおける言語と遺伝の相関を見たもので、単語を指標とした距離よりも、文法を指標とした距離の方が遺伝的な距離とより相関が近いという研究結果を示しました。

次に、ヤポネシアゲノムA02班の分担研究者でもある科博の神澤秀明さんが「ヤポネシア周辺領域の民族集団史と言語多様性」という演題にて講演を行いました。幅広い時代・地域の弥生時代人のゲノム解析結果が示され、弥生時代から古墳時代にかけての日本列島内におけるヤポネシア人集団の遺伝的な不均一性が明らかにされました。

4番目の演者は金沢大の佐藤丈寛さんです。「古代人ゲノム解析に基づく環オホーツク海地域の集団史」という演題にて講演を行ないました。礼文島から発掘された900年前のオホーツク人ゲノム解析結果についての報告があり、オホーツク人の遺伝的特徴が主に、縄文系集団、アムール川流域に関連する集団、カムチャッカ半島系集団の混合で説明できることを示しました（図2）。

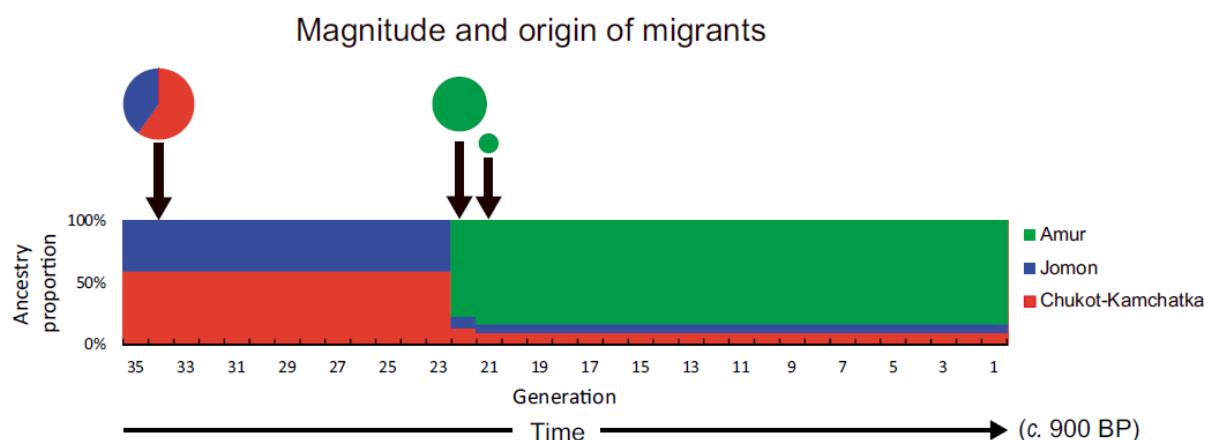


図2 オホーツク人の成立モデル。緑、青、赤はそれぞれ、縄文、アムール川流域、カムチャッカ半島の遺伝的成分を示す。横軸は世代数。Sato et al. GBE (2021), Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

最後の2演題は現代人ゲノム解析の結果についての講演です。まずは遺伝研のTimothy Jinamさんが「Genome-wide SNP analysis of Yaponesians」という演題にて講演を行いました。新たに取得した出雲（島根県）および枕崎（鹿児島県）のゲノムワイドSNPを用いて、日本列島における「うちなる二重構造」が示されました（図3）。

最後は琉球大の松波雅俊さんが「集団ゲノミクス解析による琉球列島人の歴史の復元」という演題にて講演を行いました。1000人以上の宮古諸島のゲノムワイドSNPデータをもとに、集団の成立の歴史が明らかにされました。島嶼部では遺伝的分化が急速に進むことを利用し、歴史記録に残された津波による人口の減少の痕跡を見つけるなど、ゲノム情報を用いて高い時間的解像度で集団の歴史を明らかにするという目的が達成されました（図4）。

シンポジウムには計61名の方々にご参加いただきました。人類学会の幅広い専門の方にゲノム研究の最前線を伝えると同時にヤポネシアゲノムの成果を示すことができ、非常に有意義なシンポジウムになったのではないかと思います。演者の皆様、参加していただいた皆様、大会スタッフ、ヤポネシアゲノムの皆様に厚くお礼を申しあげます。

Yaponesian

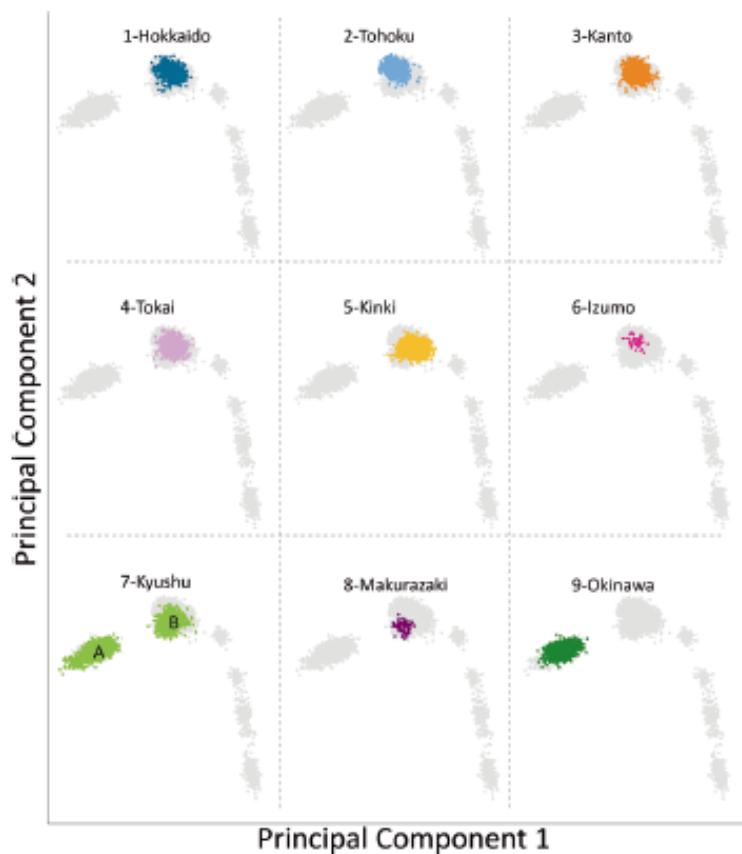


図3 現代日本人のPCA図。右側は東アジアの大陸集団。1：北海道、2：東北、3：関東、4：東海、5：近畿、6：出雲、7：九州、8：枕崎、9：沖縄。Jinam et al. J. Hum. Genet. (2021), Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

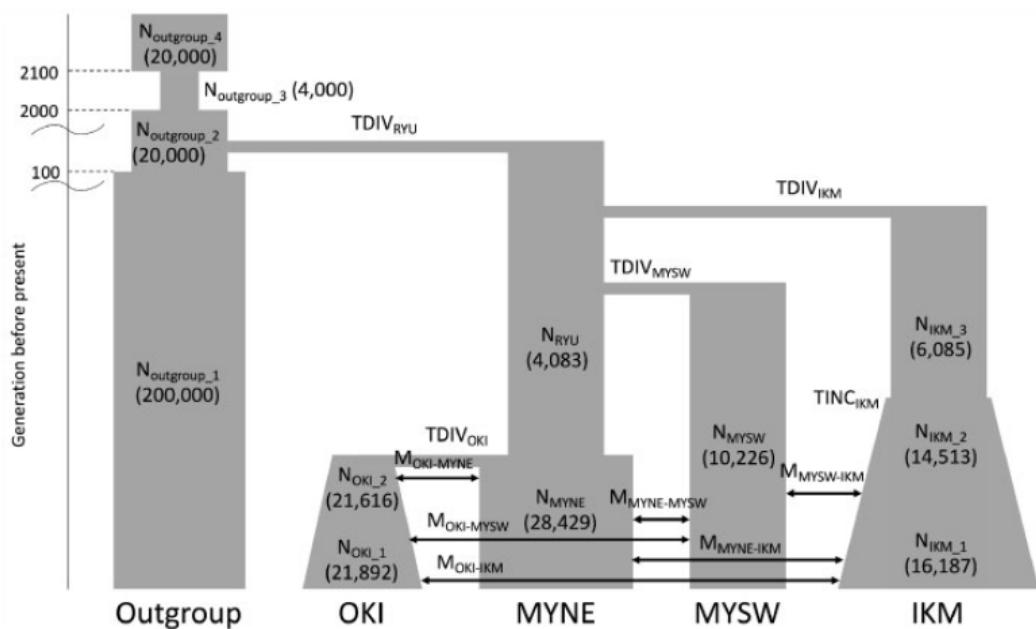


図4 琉球列島人の集団成立モデル。MYNE：宮古島東北集団、MYSW：宮古島南東集団、IKM：池間島集団。一番左は北京漢民族。Matsunami et al. MBE (2021), Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

日本人類遺伝学会大会シンポジウム

「古代人と現代人のゲノムでさぐる日本列島人の歴史」の報告

斎藤成也

新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」 領域代表

日本人類遺伝学会の第66回大会は、日本遺伝子診療学会と合同で、2021年10月13日（水）～ 2021年10月16日（土）にパシフィコ横浜会議センターにて開催されました。大会実行委員の一人である徳永勝士先生（本号のリレーインタビューに登場していただいている）から依頼されて、表記のシンポジウムを企画しました。10月15日（金）の午前中に開催されましたが、プログラムは以下のとおりです。

8:30-8:35 はじめに（斎藤成也）新学術領域ヤポネシアゲノムの紹介など

8:35-9:00 講演S16-1 水野文月（東邦大学 医学部 法医学講座）

タイトル：港川旧石器時代人と土井ヶ浜弥生人の古代ゲノム

9:00-9:25 講演S16-2 神澤秀明（国立科学博物館 人類研究部 人類史研究グループ）

タイトル：縄文時代から古墳時代にかけての古代人ゲノムが示唆するヤポネシア人の遺伝的変遷

9:25-9:50 講演S16-3 河合洋介（国立国際医療研究センター 研究所 ゲノム医科学プロジェクト）

タイトル：現代人のゲノムから探るヤポネシア人成立の歴史

9:50-10:15 講演S16-4 長田直樹（北海道大学 大学院情報科学研究院）

タイトル：現代・古代人ゲノム情報を用いた日本列島への移住経路と混合様式の推定

10:15-10:20 おわりに（篠田謙一）

大会はハイブリッド形式で開催され、全体では3,000名の参加があったそうですが、本シンポジウムは、会場には30名程度、オンラインで55名程度の参加がありました。4名の講演者は、全員が新学術領域研究のメンバーです。水野文月は公募研究の研究代表者、神澤秀明は計画研究A02班の研究分担者、河合洋介は計画研究B03班の研究分担者、長田直樹は計画研究B03班の研究代表者であり、またシンポジウムを締めくくった篠田謙一（国立科学博物館館長）は計画研究A02班の研究代表者です。

水野文月さんの講演は、今年8月に刊行しました季刊誌Yaponesian第3巻なつ号の論文紹介2の内容です。そちらをご覧ください。神澤秀明さんの講演は、今年5月に刊行しました季刊誌Yaponesian第3巻はる号の論文紹介8の内容や、国立歴史民俗博物館研究報告で発表した弥生時代人の古代ゲノム解析結果、および未発表の古墳時代人の古代ゲノム解析結果をもりこんだものでした。河合洋介さんの講演は、今年5月に刊行しました季刊誌Yaponesian第3巻はる号の論文紹介1の内容および未発表の現代人ゲノムデータ解析結果をもりこんだものでした。長田直樹さんの講演は、季刊誌Yaponesian本号の「第75回日本人類学会大会シンポジウムの報告」に掲載された長田さんの講演の内容に、X染色体の分化を加えた内容でした。

とっとり弥生の王国プレミアムシンポジウム 「続・倭人の真実－青谷上寺地遺跡に暮らした人々－」

斎藤成也

新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」 領域代表

鳥取県は、2021年10月31日（日）の午後に鳥取市内のとりぎん文化会館小ホールにて、とっとり弥生の王国プレミアムシンポジウム「続・倭人の真実－青谷上寺地遺跡に暮らした人々－」を開催しました。会場およびオンラインでの聴講のハイブリット形式で開催され、プログラムは以下のとおりです。

Yaponesian

13:00～13:10	開会　主催者代表挨拶
13:10～13:40	講演1　藤尾慎一郎（国立歴史民俗博物館 教授） 「弥生時代研究の変革—ヤポネシアゲノムと考古学—」
13:45～14:15	講演2　篠田謙一（国立科学博物館 館長） 「青谷上寺地遺跡出土人骨から何が見えてきたのか」
14:20～14:50	講演3　濱田竜彦（とつとり弥生の王国推進課） 「青谷上寺地遺跡出土人骨の時代背景—弥生時代後期の鳥取地域—」
14:50～15:00	休憩
15:00～16:30	パネルディスカッション「倭人の真実」 パネリスト　藤尾慎一郎、篠田謙一、濱田竜彦 コーディネイター　清家章（岡山大学文学部教授）
16:30～16:40	講評　斎藤成也（国立遺伝学研究所 教授）
16:40	閉会

3名の講演者とコーディネイターは、全員が新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」のメンバーです。藤尾慎一郎さんは計画研究B01班の研究代表者であり、濱田竜彦さんと清家章さんは計画研究B01班の研究分担者です。また篠田謙一さんは計画研究A02班の研究代表者です。プログラムにはありませんでしたが、新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」の領域代表をつとめている私が最後に講評を依頼されました。また、計画研究B02班の研究代表者である青山学院大学経済学部の遠藤光暁教授も会場の最前列で聴講されました。新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」は本シンポジウムを後援する形です。

このシンポジウムにさきだち、青谷上寺地遺跡から発掘された男性弥生人を国立科学博物館で復元した半身像が公開されました。平井伸治鳥取県知事がこの半身像の序幕式に参加され、研究の意義を強調していただきました。この除幕式とシンポジウムは、朝日新聞などでも紹介されました。また、鳥取県はウェブサイトで以下の企画を公開しています。あの弥生ボーイに自分が似ているという方は、ぜひ応募（12月19日まで）をお考えください。

「青谷でおーや！」青谷弥生人 大搜索作戦！そっくりさん募集

URL: <https://www.pref.tottori.lg.jp/item/1264458.htm#itemid1264458>

本シンポジウムのために作成されたパンフレットは、31頁に及ぶものでした。清家章さんの5頁にわたる「—倭人と渡来人—」に始まり、藤尾慎一郎さんの、講演と同じタイトルの5頁の論考、神澤秀明さんと坂上和弘さんとの共著による篠田謙一さんの講演と同タイトルの論考、そして濱田竜彦さんの、やはり講演と同タイトルの6頁の論考と続きます。最後に坂上和弘さん（国立科学博物館人類研究部）による「甦る倭人の素顔」というタイトルの、復顔像の制作過程を紹介した2ページの記事があります。このほかにも、コラムとして、「倭人のプロフィール」（北浦弘人）、「倭人の顔面装飾”黥面”」（岡野雅則）、「コロナ時代の顔、弥生時代の顔」（北浩明）が掲載されています。著者は三人ともとつとり弥生の王国推進課の方です。

全国邪馬台国連絡協議会主催講演会における講演報告

神澤秀明（計画研究A02班研究分担者　国立科学博物館人類研究部）

2021年7月と9月に、全国邪馬台国連絡協議会主催によりオンライン形式で講演会が開催されました。以前に行なわれた「日本人の源流を辿る」というテーマの第3回となります。DNA研究者

による最新報告という位置づけで、講演者に新学術領域研究の研究代表である斎藤成也先生、計画研究A02班の研究分担者である神澤秀明に依頼がありました。講演題目は以下のとおりです。

7月31日（土）第1部：14:00～16:30 神澤秀明（国立科学博物館人類研究部）

講演タイトル：最新の古代DNA研究が解明する日本列島人の起源と成立

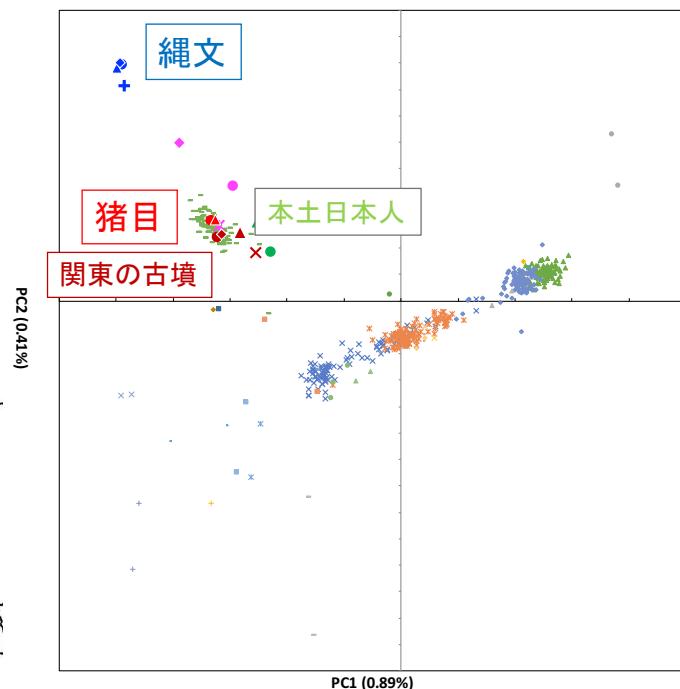
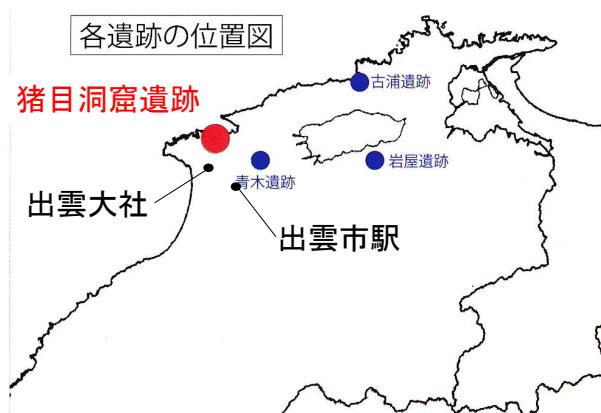
9月19日（土）第2部：14:00～16:30 斎藤成也（国立遺伝学研究所集団遺伝研究室）

講演タイトル：現代日本人のゲノムから浮かび上がるヤマト人の「うちなる二重構造」

第1部で神澤は、これまでにヤポネシアゲノムで解析を進めてきた古代人ゲノム解析のうち、すでに論文や報告書にて報告したものを中心に講演しました。これらの成果を一般の方々へ講演する機会は多くないので、貴重な機会となりました。内容は、これまでの形態学的研究を踏まえた上で、1) 最新の縄文人ゲノム研究、2) 古代DNAから見たアイヌや琉球列島集団の成立、3) 弥生～古墳時代人のゲノム研究、と話を展開し、後期旧石器時代から現代までの遺伝的変遷について概観しました。全体として(2)および(3)に多くの時間を割きましたが、講演会後の質問のほとんどは縄文人に関係するものでした。

第2部で斎藤先生は、従来のヤポネシア人成立の仮説について解説したのち、自身の提唱する「日本列島への三段階渡来モデル」について、マウスのミトコンドリアDNAデータ、現代ヤポネシア人のミトコンドリアDNAデータおよび核ゲノムのデータにより議論を展開しました。また言語から、日本語およびヤポネシア各地の方言の系統関係についても言及しました。第1部、第2部を通して、特に出雲は現代人と古代人のいずれからも良好なゲノムデータが取得されているので（以下の図を参照）、今後はそれらの比較から興味深い結果が得られることが期待されます。

余談ですが、本講演会の日程調整をした時期は、新型コロナウィルスが猛威を振るい、大学でも多くがオンライン講義などの感染症対策を引き続き実施していました。そのため通常の講演会は難しい一方で、講演会事務局側は対面での講演を強く希望していました。私も可能な限りそれに応えたいとは考えておりましたが、結果として何度も日程調整を行なう結果となりました。当初、講演会は昨年2020年7月15日（水）に都内を予定していましたが、1回目の緊急事態宣言の発令・延長により11月4日（水）に延期されました。しかしこれも、コロナの影響で2021年3月まで会場が閉鎖となったため、会場を変更して11月6日（金）となりましたが、結局は入場制限の関係でやむなく翌春以降に延期となりました。2021年5月16日（日）、都内の250名収容可能な会場にて対面とオンラインのハイブリット形式で講演会を開催することになりましたが、これも開催直前の5月10日（月）、緊急事態宣言延長を受けて会場閉鎖が決定し、再び延期となりました。最終的に、延期後の7月と9月の講演はオンラインとなりました。たび重なる延期でしたが、その間に研究も進みましたので、報告できる内容は広がりました。その点は、結果として良かったと考えています。



埴原和郎の二重構造モデル論文発表30周年 記念シンポジウムの紹介

文部科学省新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」・国際日本文化研究センター 共催
埴原和郎二重構造モデル論文発表30周年記念 公開シンポジウム

シンポジウム開催日時：11月28日（日）9:30-17:00

シンポジウムの形式：対面とオンラインのハイブリッド

シンポジウム対面参加の場所：国際日本文化研究センター（京都・桂）

埴原和郎博士が、国際日本文化研究センターで研究されていた1991年に、以下の論文を発表されました：Hanihara Kazuro (1991) Dual structure model for the population history of the Japanese. Japan Review, no. 2, pp. 1-33.

この論文において、日本人の形成に関する二重構造モデルを提唱されました。本年は、この論文発表から30周年になります。本公開シンポジウムはそれを記念して開催するものです。なお、対面での参加は国際日本文化研究センターの関係者と新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」の関係者のみとさせていただきます。

<プログラム>

9:30-10:00 主催者あいさつ（井上章一）

埴原和郎先生のご紹介 & 新学術領域ヤポネシアゲノムのご紹介（斎藤成也）

セッション1：ヤポネシアにおける二重構造～DNAから（座長：長田直樹）

10:00-10:20 講演1 斎藤成也「ベルツ以来の二重構造モデル」

10:20-10:50 講演2 篠田謙一「古代ゲノムで検証する二重構造説」

セッション2：ヤポネシアにおける二重構造～文化から（座長：遠藤光暁）

10:50-11:20 講演3 藤尾慎一郎「弥生長期編年時代の二重構造論」

11:20-11:50 講演4 木部暢子「言語・方言から見る二重構造説」

11:50-13:00 昼食休憩

セッション3：東アジアにおける二重構造（座長：藤尾慎一郎）

13:00-13:30 講演5 鈴木仁「日本産ハツカネズミのゲノムにみる二重構造」

13:30-14:00 講演6 長田直樹「東アジアから俯瞰する二重構造説」

セッション4：日文研と埴原和郎（座長：木部暢子）

14:00-14:20 講演7 長田俊樹「埴原和郎最後のインタビュー」

14:20-14:40 講演8 井上章一「ハニーの会を振り返る」

14:40-15:00 講演9 尾本惠市「埴原先生の想い出」

15:00-15:15 休憩

Yaponesian

セッション5：形態学的研究からみた二重構造（座長：篠田謙一）

15:15-15:45 講演10 石田肇「埴原和郎のポスト・二重構造モデル」

15:45-16:15 講演11 松村博文「頭骨形態による農耕拡散をパラダイムとした現生人類の移住と二重構造説」

16:15-17:15 パネルディスカッション（共同司会：井上章一・斎藤成也）

パネルディスカッション参加者：竹村民郎、尾本惠市、春成秀爾、長田俊樹、石田肇、篠田謙一、木部暢子

<講演者・座長・パネルディスカッション参加者のご紹介（五十音順）>

石田 肇 琉球大学大学院医学研究科 教授

井上 章一 国際日本文化研究センター 所長

遠藤 光暁 青山学院大学経済学部 教授 （新学術領域ヤポネシアゲノムB02班 班長）

長田 直樹 北海道大学大学院情報科学研究院 准教授 （新学術領域ヤポネシアゲノムB03班 班長）

長田 俊樹 総合地球環境学研究所 名誉教授 （新学術領域ヤポネシアゲノム 評価者）

尾本 惠市 東京大学理学部・国際日本文化研究センター 名誉教授

木部 暢子 国立国語研究所 名誉教授 （新学術領域ヤポネシアゲノムB02班 班員）

斎藤 成也 国立遺伝学研究所 教授 （新学術領域ヤポネシアゲノム 領域代表・A01班 班長）

篠田 謙一 国立科学博物館 館長 （新学術領域ヤポネシアゲノム A02班 班長）

鈴木 仁 北海道大学大学院地球環境科学研究院 教授 （新学術領域ヤポネシアゲノムA03班 班長）

竹村 民郎 国際日本文化研究センター 共同研究員

春成 秀爾 国立歴史民俗博物館 名誉教授

藤尾 慎一郎 国立歴史民俗博物館 教授 （新学術領域ヤポネシアゲノムB01班 班長）

松村 博文 札幌医科大学保健医療学部 教授

<埴原和郎博士 年譜>

1927年8月 誕生

1948年 旧制成蹊高等学校 卒業

1948年～1951年 旧制東京大学理学部人類学科 学部生

1951年～1956年 東京大学 理学部大学院人類学専攻
大学院生

1956年～1958年 札幌医科大学法医学教室 講師

1958年～1972年 札幌医科大学法医学教室 助教授

1972年～1988年 東京大学理学部生物学科人類学教室
教授

1987年～1993年 国際日本文化研究センター 教授

1994年～1996年 国際高等研究所 副所長

2004年10月 逝去



Yaponesian
ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー

★2021年度 (第4年度)

2021年11月28日(日) 塙原和郎の日本人二重構造モデル論文発表30周年記念公開シンポジウム
(オンライン開催) 国際日本文化研究センター・新学術領域ヤポネシアゲノム共催

2022年2月12日(土)～13日(日) 総括班会議・全体会議 (沖縄県内) A04班研究代表者の木村亮介とA01班研究分担者の松波雅俊らが主催 (対面とオンラインのハイブリッド開催)

2022年3月15日(火)～17日(木) 第3回くにうみミーティング (会場: 淡路夢舞台) B03班研究代表者の長田直樹ら主催

★2022年度 (第5年度; 最終年度)

2022年春 公開講演会 (都内)

2022年夏 総括班会議・全体会議 (北海道内) A03班研究代表者の鈴木仁が主催

2022年8月5日(金)～7日(日) 日本進化学会年会 (沼津) でヤポネシアゲノム関連シンポジウムを開催

2023年冬 総括班会議・全体会議 (国立遺伝学研究所) A01班研究代表者・領域代表者の斎藤成也が主催

=====

領域事務局: 水口昌子・濱砂貴代

大学共同利用機関法人情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 集団遺伝研究室

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111

電話/FAX 055-981-6790/6789

メール yaponesia_genome@nig.ac.jp

領域HP: <http://www.yaponesian.jp>

季刊誌 *Yaponesian*

編集長: 斎藤成也 (領域代表・A01班研究代表者・総括班研究代表者)

編集委員: 篠田謙一 (A02班研究代表者*)、鈴木仁 (A03班研究代表者*)、藤尾慎一郎 (B01班研究代表者*)、木下尚子 (B01班研究分担者)、遠藤光暉 (B02班研究代表者*)、木部暢子 (B02班研究分担者*)、長田直樹 (B03班研究代表者*) *総括班研究分担者

発行元: 新学術領域研究ヤポネシアゲノム 領域事務局 (上記参照)

ISSN (印刷版) 2434-2947 ISSN (オンライン版) 2434-2955

第3巻あき号

発行: 2021年11月24日 印刷: 2021年11月30日

人名索引

- 五十嵐由里子 32
- 石田肇 40,41
- 石堂和博 1,2,25
- 一色真理子 10
- 井ノ上逸朗 1,2,8,9,15
- 井上章一 40,41
- 今西規 9
- 岩井峰人 8
- 埴原和郎 1,2,40,41
- 遠藤光暉 1,2,29,40,41
- 太田博樹 2,8,32
- 大野晋 25
- 大橋順 1,2,10
- 岡野雅則 38
- 長田俊樹 40,41
- 長田直樹 1,2,34,37,40,41
- 尾本恵市 40,41
- 覇張隆史 32
- 河合洋介 3,8,37
- 河村正二 8,9
- 神澤秀明 1,2,8,35,37,38
- 北浩明 38
- 北浦弘人 38
- 木原均 9
- 木部暢子 1-3,22,40,41
- 木村亮介 2,8
- 日下宗一郎 32
- 五條堀淳 1,2,8
- 近藤修 32
- 近藤義郎 6
- 斎藤努 32
- 斎藤成也 1,2,9,37,38,40
- 坂上弘和 38
- 佐藤丈寛 2,8,35
- 鮫島安豊 25
- 篠田謙一 2,37,38,40,41
- 十字猛夫 3
- 新村毅 1,2,20
- 杉浦昌弘 8
- 鈴木留美子 1,2,29
- 鈴木仁 29,40,41
- 清家章 38
- 竹村民郎 40,41
- 田嶋敦 8,9
- 谷畑美帆 32
- 寺井洋平 29
- 徳永勝士 1-3
- 戸崎晃明 29
- 中原中也 28
- 中山一大 8
- 西村瑠佳 15
- 幡田葉子 8,9
- 濱砂貴代 8
- 濱田竜彦 1,2,17,38
- 春成秀爾 40,41
- ハンス・ヴィンクラー 9
- 平井伸治 38
- 藤尾慎一郎 1,2,4,38,40

藤戸尚子 15

- 藤本明洋 8
- 細道一善 8
- 増田隆一 29
- 松波雅俊 1,2,8,28,35
- 松前ひろみ 35
- 松村博文 40,41
- 松本 悠貴 1,2,13
- 水口昌子 8
- 水嶋崇一郎 32
- 水野文月 37
- 山田康弘 1,2,32
- 弥生ボーアイ 38
- 横山晶子 3
- 米澤隆弘 29
- 米田穂 32
- 和久大介 32
- 渡部裕介 10
- Hudson 2
- Robbeets 2
- Timothy Jinam 35

事項索引

- 赤米 27
- アジア・アフリカ地理言語学研究 29
- アルタイ語族 2
- イエネコ 2,13
- 伊川津貝塚 32,33
- 出雲国風土記 19
- 一色出版 8
- 遺伝子検査 10
- 遺伝率 10
- インダス文明 20
- インピュテーション 11
- ウマ 29
- 塩基多様度 14
- 青谷上寺地遺跡 18,37
- 沖縄県 12
- 沖永良部島 3
- オホーツク人 35
- 音価 22
- カガミ 24
- 核ゲノム 18
- カタカナ 23
- 学校健診調査 12
- 門倉岬 25
- カラカミ遺跡 13
- 魏志倭人伝 18
- キプロス 13
- 旧石器時代 4,7
- 国引き神話 19,20
- クランビング 10
- ゲノム医科学プロジェクト 3
- コアレッセント理論 14
- 合祖理論 2
- 国際日本文化研究センター 40,41

国立国際医療研究センター

- 2,3
- 国立国会図書館 22
- 古事記 22
- 古墳時代 6
- サヌカイト 17
- ジェネシスヘルスケア社 30
- 闕值 10
- 自然選択 14,28
- 軍鶏 21
- 宿醉 28
- 主成分分析 31
- 縄文時代 4,5,6,7
- 縄文人 10,12
- 新型コロナウイルス 8
- 身長差 2
- 身長 10,11
- 水田稻作 6
- 清音 22,23
- 赤色野鶏 20
- 全国邪馬台国連絡協議会 1,2,38
- 先史時代 1,2,4,6
- 前方後円墳 6,7
- 相関係数 11
- 濁音 1,2,22,23
- 田嶋のD統計量 14,15
- 立切遺跡 26
- 種子島 1,2,25
- 種子島宇宙センター 27
- タバコ 7
- チャーン 21
- 鋳造鉄斧 17
- 地理的勾配 10,12
- 突き網獣 27
- ツシマヤマネコ 13
- 鉄砲伝来 25,26
- デルタ株 16
- 東京型 16
- 洞ノ原墳丘墓群 19
- 動物語彙 1
- 土器 4,5
- とつとり弥生の王国推進課 38
- 渡来民 10
- トランスユーラシア語族 2
- ドングリ 5
- 長鳴鶏 21
- 名古屋コーチン 21
- ナショナルセンターバイオバンクネットワーク 3
- 二重構造モデル 1,2,40
- 日本書紀 22,23
- 日本赤十字中央血液センター 3
- 日本の先史時代 1,2,4
- ニワトリ 20
- 灰色野鶏 20
- 箸墓古墳 6

ハプログループ 17

- パン酵母 8
- ヒトゲノム計画 7
- ヒトゲノム 8
- ヒトゲノム事典 1,7,8,9
- 比内地鶏 21
- 広田遺跡ミュージアム 25,27
- 広田遺跡 26,27
- ヘモフィルス・インフルエンザ菌 8
- 二日酔い 28
- 墳丘墓 18
- 分集団 15
- 碧玉 17
- ヘテロクロマチン 8
- 宝満神社 27
- ホケノ山古墳 6
- ボトルネック 14,15
- 保美貝塚 32
- 纏向遺跡群 6
- 枕草子 22
- 万葉仮名 23
- 万葉集 22
- ミトコンドリアDNA 17
- 宮古島 31
- 名字 1,29,30
- 妻木晚田遺跡 1,17,19,20
- メヒルギ 25
- 野鶏 20
- 八束水臣津野命 20
- 弥生時代 5,6,7
- 要約統計量 14
- 葉緑体ゲノム 7
- 淀江インター 19
- 与那国島 24
- 琉球列島人 36
- 連濁 23
- Y染色体ハプログループ 29
- ワクチン 16
- ADMIXTURE 13
- Biobank Japan 11
- COVID-19 16
- exoribonuclease 16
- Felis catus 13
- GWAS 10
- H-invitationalDB 8
- HLA解析 15
- ms 1,2,14,15
- NCBN 1,3
- NCGM 3
- nsp-14遺伝子 16
- Polygenic Score 10
- rs671 28
- SARS-CoV-2 16,17
- SNV 14
- UK Biobank 10

新学術領域ヤポネシアゲノム
季刊誌
第3巻あき号
2021年11月発行