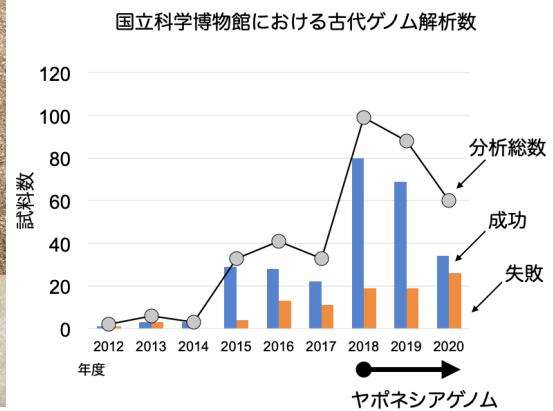
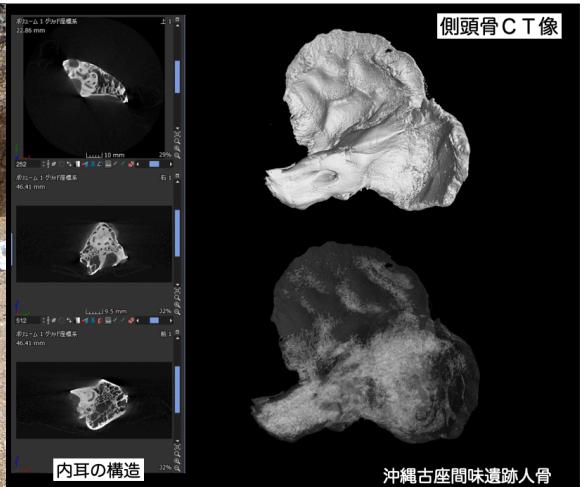




新学術領域研究
ヤポネシアゲノム 季刊誌

第2巻ふゆ号
2021年2月



Yaponesian

第2巻 ふゆ号

2021年2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：植田信太郎 (ヤポネシアゲノム評価者)	3頁
論文紹介1：井ノ上逸朗(A01班研究分担者)	4-6頁
論文紹介2：大橋順 (A04班研究代表者)	6-10頁
論文紹介3：今西規 (A04班研究代表者)	11-13頁
論文紹介4：斎藤成也 (A01班研究代表者)	14-19頁
研究紹介1：河田雅圭 (B04班研究代表者)	19-21頁
研究紹介2：西内巧 (B04班研究代表者)	21-22頁
研究紹介3：舟橋京子 (B04班研究代表者)	22-23頁
NHK名古屋オンライン講座「日本列島人の起源と歴史」の紹介 (藤尾慎一郎 B01研究代表者)	24頁
動植物ゲノム紹介：ニホンザル (長田直樹 B03班研究代表者)	25-27頁
ソフトウェア紹介8：主成分分析のためのソフトウェア (五條堀淳 B03班研究分担者)	28-29頁
研究室めぐり：太田博樹 (A04班研究代表者)	30-31頁
遺跡めぐり：面縄貝塚 (熊本大学埋蔵文化財調査センター 新里亮人助教)	31-32頁
ことばめぐり：国立アイヌ民族博物館のアイヌ語創出の試み (中川裕 B02班研究分担者)	33-34頁
しまめぐり：八丈島 (木部暢子 B02班研究分担者)	35-37頁
わたしの好きなヤポネシアのうた：鳥になりたい 風になりたい (千葉大学 吉川佳見)	38頁
ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー	39頁
人名索引・事項索引	40頁

表紙カバーの説明

提供：篠田謙一（新学術領域ヤポネシアゲノムA02班研究代表者；国立科学博物館）

左の写真：鹿児島県喜界島の中世墓の発掘の様子。琉球列島集団の形成について考察するために、新学術領域ヤポネシアゲノムのA02班（古代人ゲノム解析班）では奄美群島の古人骨のDNA分析を実施しています。

右の写真：新学術領域ヤポネシアゲノムのB01班（考古学班）とA02班（古代人ゲノム解析班）が共同で分析している、貝塚前期の遺跡である沖縄県の古座間味遺跡から出土した側頭骨のCT（Computer Tomography）像。DNAの残存がよい側頭骨錐体（内耳）からサンプルを採取しますので、事前にCT像を撮影することにしています。断面像では内耳の様子が明瞭に分かります。

右の図：国立科学博物館でNGS（Next Generation Sequencer；次世代シーケンサー）を使って分析している古人骨の数の推移。

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2巻「ふゆ号」をお届けします。今回のリレーインタビューは、本新学術領域研究評価者のおひとりである植田信太郎先生にお願いしました。4編の論文紹介がありますので、はじめて40頁の分量になりました。井ノ上逸朗（計画研究A01班；国立遺伝学研究所）、大橋順（公募研究A04班；東京大学）、今西規（公募研究A04班；東海大学）、斎藤成也（計画研究A01班；国立遺伝学研究所）がそれぞれ関係した論文の紹介をしました。研究紹介についても、3編掲載しました。公募研究班の河田雅圭（東北大学大学）、西内巧（金沢大学）、舟橋京子（九州大学）の3人が執筆しております。

それらについて、藤尾慎一郎（計画研究B01班；国立歴史民俗博物館）がNHK名古屋オンライン講座「日本列島人の起源と歴史」の紹介をしたあと、今回の「動植物ゲノム紹介」はニホンザルについて長田直樹（計画研究B03班；北海道大学）が紹介しました。「ソフトウェア紹介8」は、五條堀淳（計画研究B03班；総合研究大学院大学）が、主成分分析のためのソフトウェアを説明をしました。「研究室めぐり」は、太田博樹（公募研究A04班；東京大学）が、古代DNAに取り組んでいる研究室を紹介しました。「遺跡めぐり」は、熊本大学埋蔵文化財調査センターの新里亮人助教が、徳之島の面縄貝塚を紹介されました。

「ことばめぐり」は、中川裕（計画研究B02班；千葉大学）が、国立アイヌ民族博物館におけるアイヌ語創出の試みを紹介しました。「しまめぐり」は、木部暢子（計画研究B02班；国立国語研究所）が、八丈島を紹介しました。「わたしの好きなヤポネシアのうた」は、千葉大学でアイヌ語を研究されている吉川佳見さんに、アイヌの「うた」のジャンルのひとつである、ヤイサマについて紹介していただきました。

昨年は、ゲノム（genome）という概念が1920年に誕生してから、ちょうど百周年でした。そこで、国立遺伝学研究所の国際シンポジウム（池尾一穂代表）と新学術領域ヤポネシアゲノムが合同で、2020年の8月末に、沼津のプラザヴェルデにおいて、ゲノム概念誕生百周年記念シンポジウム（ホームページ：http://molevo.sakura.ne.jp/DnaData_lab/GCC2021.html）を開催する予定でしたが、新型コロナウイルス感染拡大の影響で、今年の2月15日～17日に、すべてオンラインで開催しました。国内外の43名が講演し、のべ250名が聴講しました。新学術領域ヤポネシアゲノムからは、以下の13名が講演をおこないました：

篠田謙一（A02班計画研究代表者）
長田直樹（B03班計画研究代表者）
藤本明洋（B03班計画研究分担者）
鈴木仁（A03班計画研究代表者）
花田耕介（A04班公募研究代表者）
神澤秀明（A02班計画研究分担者）
斎藤成也（A01班計画研究代表者・領域代表）

井ノ上逸朗（A01班計画研究分担者）
木村亮介（A04班公募研究代表者）
太田博樹（A04班公募研究代表者）
伊藤剛（A03班計画研究分担者）
今西規（A04班公募研究代表者）
Timothy Jinam（A01班計画研究分担者）

リレーインタビュー

植田信太郎（ヤポネシアゲノム評価者）

新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」では、3人の研究者に評価者となっていました。考古学の小林達雄先生、言語学の長田俊樹先生、人類学の植田信太郎先生です。長田俊樹先生には、季刊誌*Yaponesian* 第2巻はる号（2020年5月）のこのリレーインタビューに登場していただいています。今回、植田信太郎先生にお願いしました。

植田信太郎先生は1975年に東京大学理学部生物学科人類学課程を卒業され、その後同大学大学院理学系研究科人類学専攻の修士課程と博士課程を修了されて、理学博士号を取得されました。その後、東京大学理学部生物学科の助手、助教授を経て、2003年に教授に就任されました。2018年3月に退職されるまで、一貫して分子人類学を研究され、マウスを用いた脳進化の実験と古代DNA研究という大きく異なるふたつの分野で研究をされました。新学術領域ヤポネシアゲノムとの関係は後者の分野であり、計

画研究B03班の五條堀淳分担研究者と公募研究A04班の太田博樹研究代表者は植田先生の教え子です。現在も、東邦大学医学部の客員教授として、古代DNAの研究にたずさわっておられます。

わたし、斎藤成也は大学の学部と大学院で植田信太郎先生の4年後輩であり、米国留学からもどったあとも、三島の国立遺伝学研究所にうつるまでの4年ほどは、ふたたび植田信太郎先生と同じところにおりました。その後も中国に何度かご一緒するなど、いろいろな共同研究をさせていただいたりしましたので、40年以上のおつきあいがあります。新型コロナウイルス感染拡大の影響で、実際にインタビューをさせていただくことはできませんでした。そこで、わたしからみた植田信太郎先生を紹介します。大学院の頃から、植田先生は生化学・分子生物学を人類学研究に導入することに積極的でした。助手時代には、当時大阪大学におられた本庶佑教授の研究室で、免疫系の遺伝子のクローニング技術をしっかり習得されました。これらの土台をもとに、1993年には日本ではじめて核DNAをもちいた弥生時代人の個体識別をおこない、考古学者が近親関係があると考えていた墳墓に葬られていた人骨間に近親関係のないことを示した論文を、黒崎久仁彦博士らと発表されました。その後、中国の研究者と共に、山東省のふたつの時代の古代DNAを調べて、欧州の系統が存在していた可能性を指摘されました。わたしはデータ解析に参加したので、明瞭に覚えていますが、2000年前の人々は現在の中央アジアの人々と近く、2500年前の人々は欧州の集団と近くなるという、衝撃的な系統樹を発表しました。当時は集団データが特定の地域に限られていたのですが、この現象が東アジアの他の地域でもあてはまるのかどうか、現代型ホモサピエンスのアジア進出の北ルート問題と関連して、今後の研究の発展が期待されます。

植田先生の研究グループは、現在沖縄港川遺跡から発見された18000年ほど前の港川人から古代DNAを抽出し、その解析を進めておられます。乞うご期待！

（上の写真は2019年に上野の国立科学博物館で開催された全体会議での、ご講評の様子です）



論文紹介 1

縄文人由来古代DNAにおけるウイルスゲノム解析

西村瑠佳、井ノ上逸朗 (A01班研究分担者、国立遺伝学研究所)

論文タイトル : Identification of ancient viruses from metagenomic data of the Jomon people

(縄文人メタゲノムデータにおけるウイルス同定)

掲載誌 : Journal of Human Genetics (日本人類遺伝学会公式英文誌)、2021年 (66巻, 287-296頁)

著者 : 西村瑠佳(総合研究大学院大学、国立遺伝学研究所), 杉本竜太(国立遺伝学研究所), 井上潤(東京大学), 中岡博史(佐々木研究所), 神澤秀明(国立科学博物館), 篠田謙一(国立科学博物館), 井ノ上逸朗(国立遺伝学研究所)

要約

本研究では縄文人の歯髄由来の全ゲノムデータを用いて古代ウイルス配列の探索を行いました。その結果Siphovirus contig89 (CT89) などの既知のウイルスと相同性を示す縄文ウイルスが多数見つかりました。つまり、初めて縄文人の微生物情報を解析することができました。また、CT89ウイルスに関しては完全長で配列を復元することができ、縄文由来のCT89は現代のCT89に比べて祖先型に近い配列を持つことが示唆されました。

研究の背景

古代DNAとは故人骨などの遺物から得られるDNAのことである次世代シーケンサー (NGS) の登場に伴い、世界各地で古代DNAが盛んに解析されるようになりました。特に古代人の集団構造などの推定のために古代人由来のDNAが読まれています。近年になって古代人由来のDNAの中には古代人に感染していたと見られる微生物由来ゲノム情報も含まれていることが明らかになりました (図1)。これらの古代微生物配列を用いることで、古代人がどのような微生物に感染していたかわかるだけでなく、その微生物の数千年における進化過程を推定することができます (Mühlemann, B. et al. Nature, (2018))。

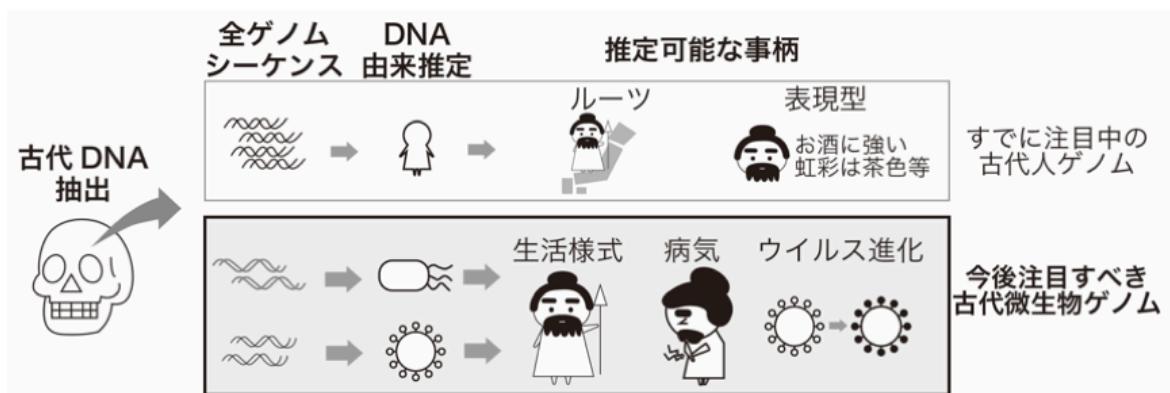


図 1. 古代 DNA 研究でわかること

日本列島においても、約16,000年前から3,000年前の間の縄文時代に縄文人と呼ばれる古代人が住んでいました。この縄文人の起源を調べるために、全ゲノムデータを用いた解析が行われてきました (Kanzawa-Kiriyama, H. et al. Anthropol. Sci. (2019))。しかし一方で、縄文人由来の古代微生

物ゲノムの解析は進んでおらず微生物の存在が明らかではありませんでした。そのため、過去に縄文人がどのような微生物に感染していたのか明らかにしようと試みました。特に、微生物の中でもウイルスに注目することによって、現代のウイルスゲノムだけからは推定し難い、数千年におけるウイルス進化について考察しました。

研究成果の概要

本研究では縄文人5検体から得られた歯髄由来の全ゲノムデータを用い、ウイルスの網羅的探索を行いました。ウイルス同定のために、データベース上に登録のある既知のウイルスを参照配列として相同性検索を行いました。これによって11種類の現代のウイルスと類似のゲノムを持つ縄文ウイルスを同定しました。中でも約4,000年前の北海道船泊遺跡の船泊23号検体からはSiphovirus contig89 (CT89) と呼ばれる細菌に感染するウイルス(ファージ)が完全長に近い形で見つかりました。CT89は現代人の口腔内に存在することが知られています。

この縄文CT89に関して遺伝子推定を行い、ゲノム構造を解析したところ、図2の上段で示すような構造が推定されました。下段は既にデータベース上に登録のあった現代のCT89ゲノムの構造を示しています。色付き矢印は機能遺伝子を示し、灰色の矢印は機能未知遺伝子を示します。

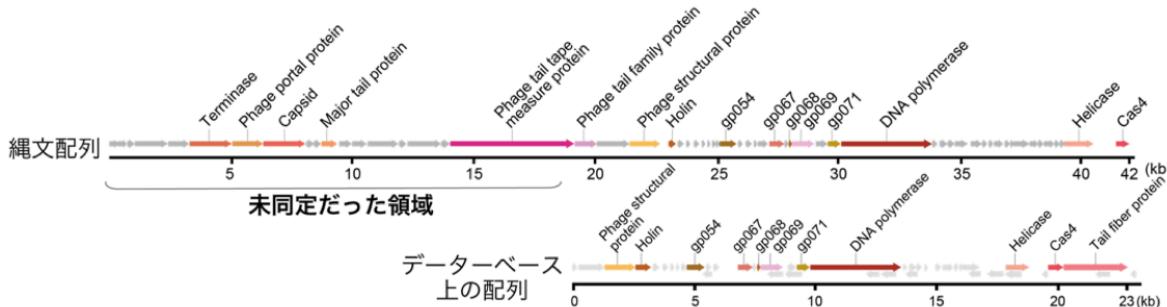


図 2. 縄文 CT89 とデータベース上の現代 CT89 のゲノム構造

図2から縄文CT89配列と現代の配列との間で機能遺伝子の並び順が保存されていることがわかります。また、機能遺伝子の中にはCapsidやPhage portal proteinなどファージに特徴的な遺伝子が多く存在することがわかりました。今回の解析によってデータベース上に登録のあった配列では未同定であった領域を同定できました。さらに、同じ解析手法を用い、先行研究で得られた口腔内メタゲノムデータを使ってCT89と相同な配列を探査したところ、合計で47個の相同かつ完全長の配列を同定できたことから、縄文CT89ゲノムは正しく同定できたと言えます。

続いて4,000年間のCT89の進化過程を調べるためにCT89のゲノムを用いて系統解析を行いました。ここで46の現代の配列と縄文CT89を含む2つの古代の配列を用いて、図3に示すような系統樹を作成しました。赤字は古代サンプル、黒字と青字は現代サンプル、数字は枝の信頼度を示すブートストラップ値を示しています。

CT89は大きく二つの系統に分かれ、縄文の配列は両グループから系統的に遠い部分に位置することがわかりました。つまり、縄文CT89は祖先配列を反映していると推測されます。このように縄文時代の配列を用いることで、現代の配列のみでウイルス進化を推定するときに生じる短期的な時間スケールで生じるバイアスを回避した推定が可能となります。このように古代のファージ配列を用いて進化推定を行った例はなく、大変意義深いです。今後さらに縄文ウイルスの同定数を増やすことによって、縄文人に感染していたウイルスの構成やその進化をより詳細に調べられるようになると期待されます。

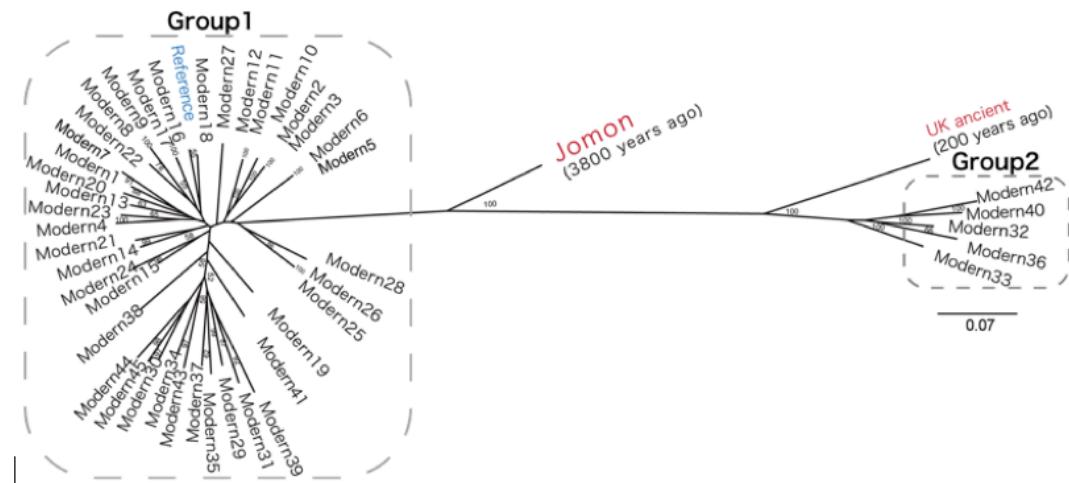


図 3. CT89 ゲノムの系統樹

論文紹介 2

都道府県レベルでみた日本の集団構造 大橋順 (A04班研究代表者、東京大学)

論文タイトル : Prefecture-level population structure of the Japanese based on SNP genotypes of 11,069 individuals (日本人11,069人の全ゲノムSNPデータに基づく都道府県レベルでの日本人集団構造)

掲載誌 : Journal of Human Genetics (日本人類遺伝学会公式英文誌)、2020年 (オンライン出版)

<https://www.nature.com/articles/s10038-020-00847-0>

著者 : Yusuke Watanabe*, Mariko Isshiki* & Jun Ohashi; *these authors contributed equally to this work

著者 (日本語表示) : 渡部裕介* (東京大学, 現所属 : 国立国際医療研究センター), 一色真理子*(東京大学), 大橋順(東京大学); *これらの著者は等しくこの研究に貢献しました

要約

わたしたちは、日本人11,069名の常染色体SNP遺伝子型データを用いて、都道府県レベルで日本人集団の遺伝的構造を調べました。主成分分析の結果から、本土日本人は遺伝的に均一ではなく、都道府県間の遺伝的差異は、縄文人に由来するゲノム成分の程度と地理的位置関係によって説明できることがわかりました。興味深い発見のひとつは、四国地方（徳島県、香川県、愛媛県、高知県）の人々が遺伝的に中国・漢民族に近いことでした。このことは、弥生時代以降に大陸から日本列島に移住してきた人々の遺伝的要素が、四国地方でよく維持されてきたことを示唆します。本研究の成果は、日本列島における縄文人と渡来人の混血過程の理解に役立つと期待されます。

研究の背景

日本列島はユーラシア大陸東部に位置し、北海道、本州、四国、九州の四つの大きな島と多くの小さな島、そして琉球諸島で構成されており、南北約3,000kmの弧状列島です。日本人集団はふたつの小集団（アイヌ人と琉球人）とひとつの大集団（本土人）から構成されています。これまでの頭蓋形態の研究から、アイヌ人と琉球人は本土人よりも縄文人に近く、東北地方の本土人はアイヌ人に近いことが

示唆されています。遺伝学的研究からも、縄文人とアイヌ人および琉球人との関連性が確認されており、琉球人よりもアイヌ人の方が縄文人に遺伝的に近いことが示されています。

本土人と沖縄人（琉球人）との遺伝的分化を明らかにした先行研究は多くありますが、本土人の都道府県間の遺伝的差異は十分に理解されていません。日本は47の行政区画（都道府県）に分かれており、それらは9地方にわけられます（図1）。Yamaguchi-Kabataら（2008）は、日本の7地方にある病院で治療された7,003人の日本人患者のゲノムワイドSNPデータに基づき、日本人は遺伝的に分化していることを示しました。しかし、四国地方と中国地方は研究に含まれていませんでした。また、地方内の都道府県間の遺伝的差異も不明でした。そこで、より高い分解能で日本人集団の遺伝的構造を調べるために、わたしたちは47都道府県（図1）に居住する日本人約11,000人のゲノムワイド一塩基多型（SNP）データを用いて、日本人集団の遺伝的構造について調べました。

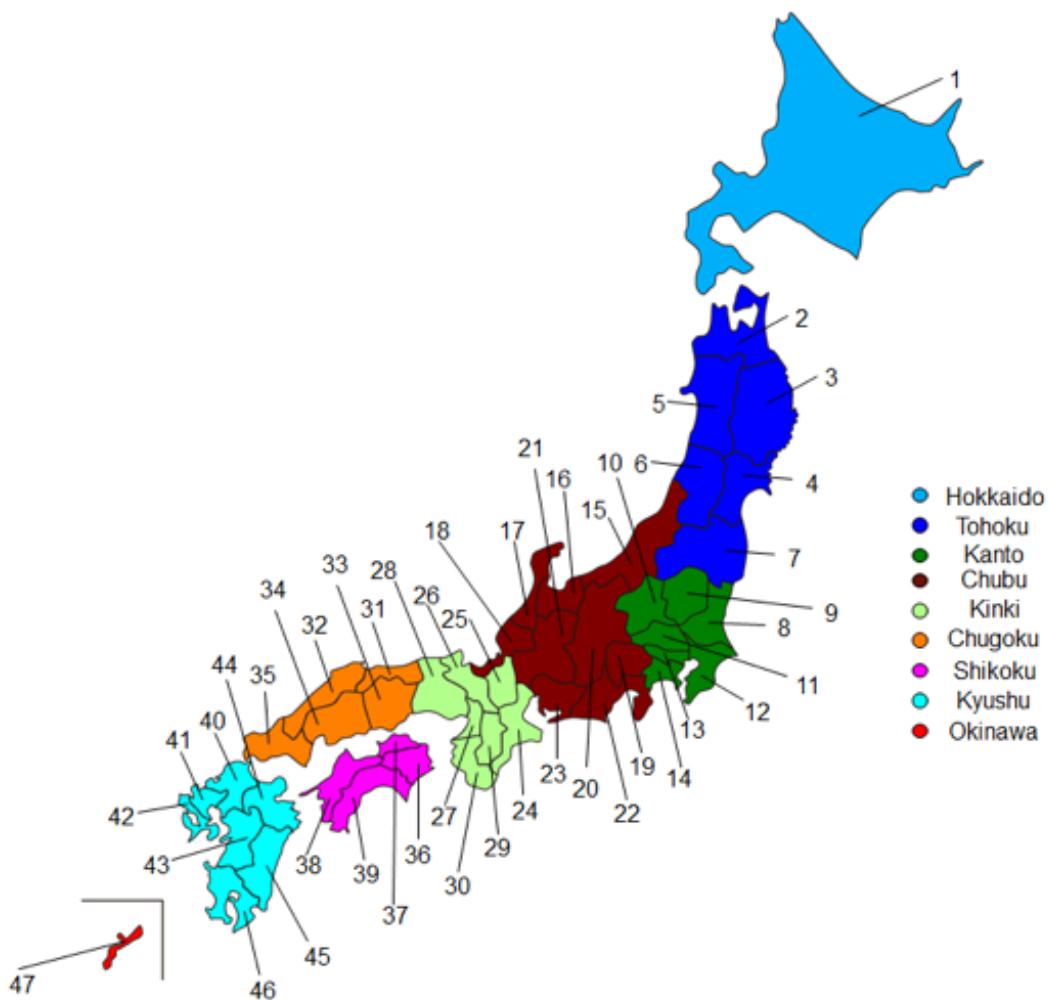


図1. 本研究で使用した47都道府県の番号と色分けした9地方

研究成果の概要

ゲノムワイドSNP遺伝子型は、次のふたつのプラットフォームを用いて取得しました：Illumina HumanCore-12 Custom BeadChipとHumanCore-24 Custom BeadChip。ここで、Hardy-Weinberg平衡（HWE）P値<0.01、SNPコール率<0.01、サンプルコール率<0.1のSNPを選択しました。1KGフェーズ3の103人の中国・漢民族（CHB）の遺伝子型データとわたしたちの11,069人の日本人のデータセットを併合したところ、ふたつのデータセット間で138,688か所の常染色体SNPが共有されていました。日本人とCHBの全サンプルに対して主成分分析（PCA）を行ない、PCAプロットでCHBに近い116人の日本人サンプルを除外しました。さらに、日本人サンプル中の近親

Yaponesian

者を除きました。最終的に、CHBを含む解析では138,638か所の常染色体SNPを、日本人のみを対象とする解析では183,708か所の常染色体SNPを用いることとしました。

都道府県間の抽出誤差の差を調整するために、各都道府県から50個体を無作為に抽出しました。ADMIXTUREv1.3.0を用いて、K=2から5までの値についてADMIXTURE解析を実施しました(図2)。K=2に注目すると、青色成分が高い個体は沖縄県にもっとも多く、東北地方・関東地方・九州地方では青色成分が比較的高く、近畿・四国地方では比較的低い傾向がみられました。

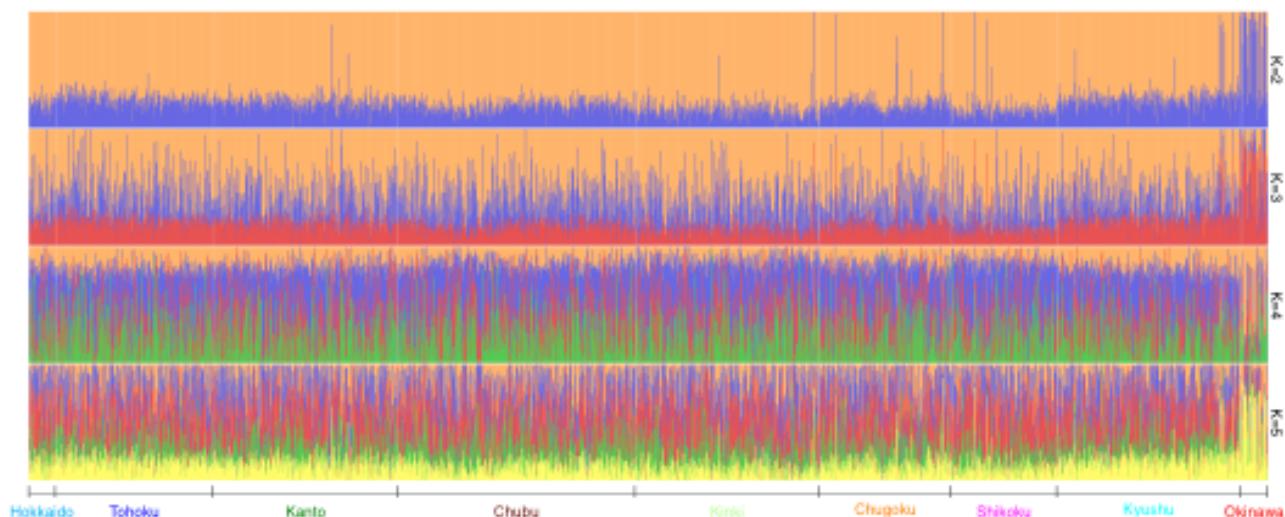


図2. 47都道府県の個人のADMIXTURE分析 (K=2~5)

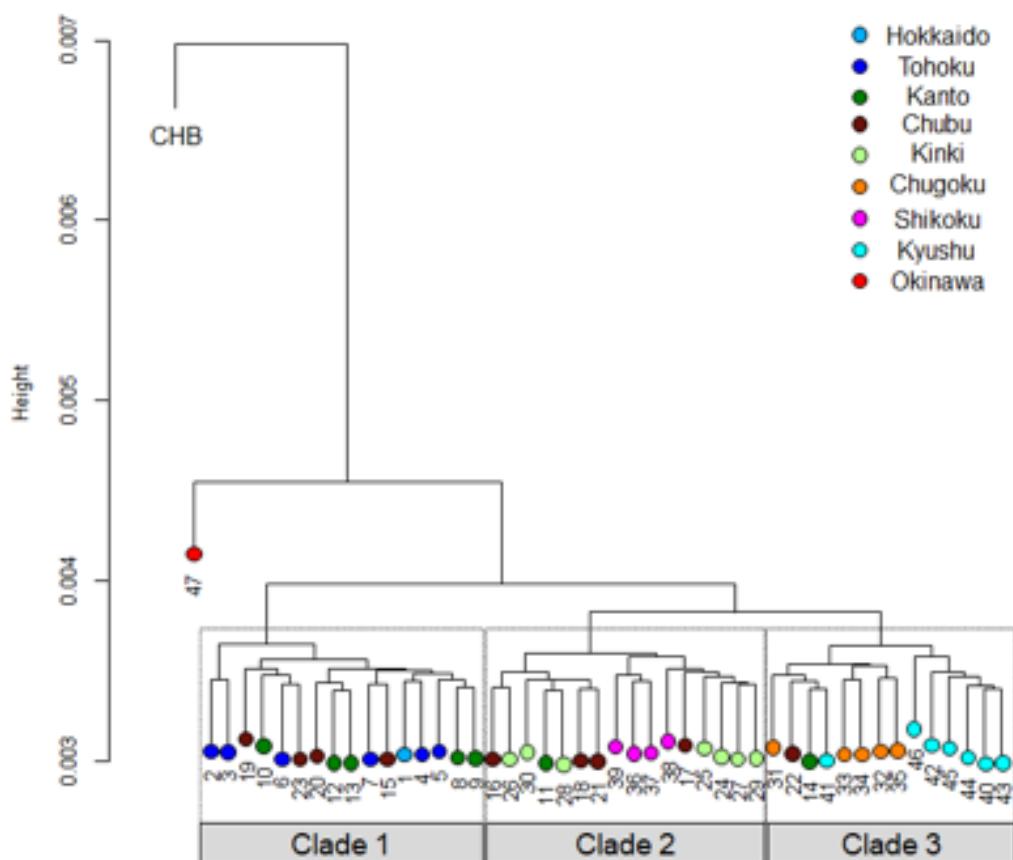


図3. 47都道府県のデンドログラム (集団を示す番号は図1の都道府県に対応)

次に、CHBを含めて、 f_2 統計量の集団間距離行列をもとに、Wardの最小分散分析法を用いてクラスター分析を行ないました(図3)。沖縄県は他の都道府県とは大きく異なっていました。沖縄を除く46都道府県は3個のクラスターに分かれ、第1クラスターに東北地方の全県、第2クラスターに近畿地方・四国地方の全府県、第3クラスターに中国地方・九州地方の全県が含まれました。したがって、これらの5地方内の府県は、それぞれ比較的遺伝的に均一であると考えられます。関東地方や中部地方の都県は3個のクラスターに分散していました。

都道府県レベルで日本人の遺伝的構造を理解するために、主成分分析(PCA)を行ないました(図4)。PC1とPC2の分散の割合は、それぞれ3.1%と2.6%でした。同一地方の都道府県は近接していました。PC2は、都道府県庁所在地の緯度(ピアソンの相関係数R=0.81、P値=3.21×10⁻¹²)および経度(ピアソンの相関係数R=0.85、P値=2.38×10⁻¹⁴)と強く相関していましたが、PC1は相関していませんでした。したがって、PC2は各都道府県のおおよその地理的位置を反映しており、これは隣接する都道府県間の移住や混血によるものと考えられます。次にPC1に着目すると、沖縄は他の都道府県から離れており、東北地方と九州地方の県は沖縄に比較的近い位置にありました。沖縄からもっとも遠いのは近畿地方と四国地方の県でした。沖縄県は琉球人の遺伝的特徴を反映しており、琉球人が縄文人に遺伝的に近いことをふまえると、PC1は縄文人との遺伝的近縁性を反映している(値が大きいと縄文人に近い)可能性があります。各都道府県とCHB間の f_2 統計量を計算したところ、47都道府県の中では奈良県が遺伝的にCHB(北京の漢族)にもっとも近く(f_2 値が最小)、近畿・四国地方の県は他の地方の都道府県よりもCHBに近い結果でした。また、 f_2 統計量と図4のPC1は有意に相関していました(ピアソンの相関係数R=-0.88、P値=3.79×10⁻¹⁶)。現在のCHBが渡来人の遺伝的特徴を維持している(遺伝的に近縁)と仮定すれば、PC1は、縄文人と渡来人の2つの祖先集団との遺伝的類似性を反映している(PC1の値が大きければ縄文人に近く、小さければ渡来人に近い)と言えるでしょう。

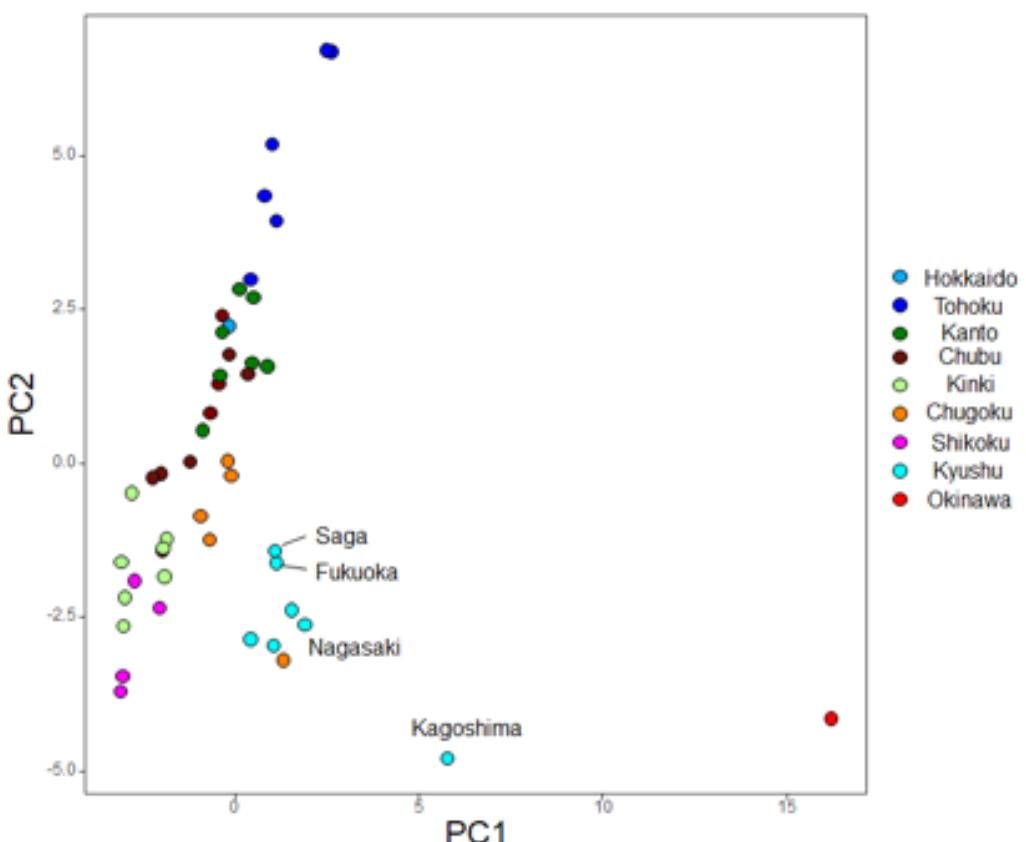


図4. 47都道府県のPCAプロット

可視的に理解するため、沖縄県を除いた46都道府県のPC1スコアの値に応じて色を付けた図を示します（図5）。図5において、青色が濃い県は遺伝的に縄文人に近く、オレンジ色が濃い県は渡来人に近い傾向があります。東北地方と九州地方の県は縄文人の遺伝的要素を比較的よく残しており、近畿地方と四国地方の県は渡来人の遺伝的要素を残していると考えられます。なお、縄文人DNAの解析から、現在の本土人は縄文人に由来するゲノム成分を20%程度しか保有していないと推定されており、東北地方や九州地方の県であっても、縄文人よりも渡来人の遺伝的要素の方が残っていることに注意してください。

渡来人が導入した水田稲作が北九州で始まったことから、渡来人は最初に九州北部に到着した可能性が高いと思われます。しかし、九州地方北部（福岡・佐賀・長崎）の県に縄文人の遺伝的要素が比較的よく残っていたのは意外でした。渡来人が四国地方に移動するには、九州地方もしくは中国地方を経由し、瀬戸内海を渡る必要があります。図5のオレンジ色が濃い地域と、前述の想定した渡来人の移動ルートは一致していないのは明らかです。オレンジ色の濃い地域で、渡来人の増加率が高かったのかもしれません。今後は、日本列島内で、渡来人と縄文人の混血がどのように進んだのか調べていきたいと考えています。

PC1 score

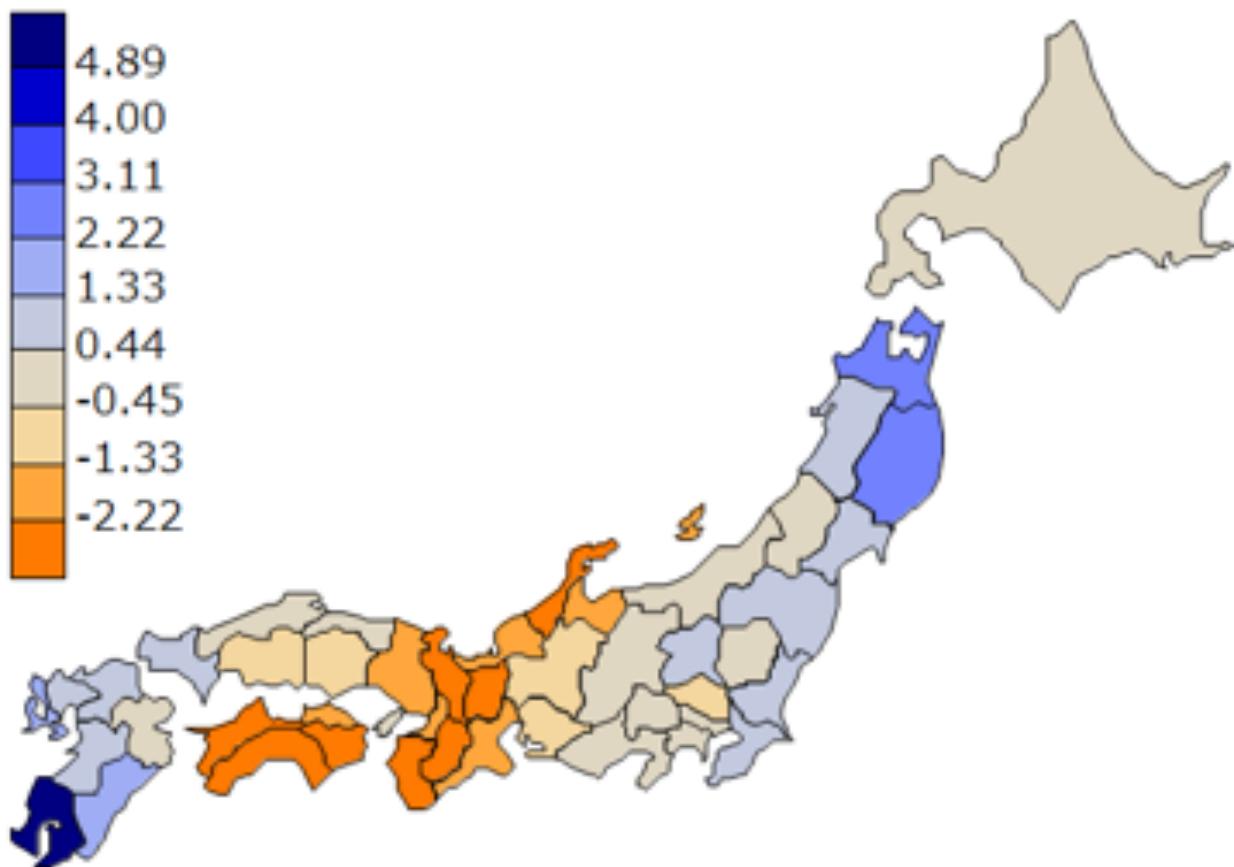


図5. PC1の値で色分けした日本地図（沖縄県除く）

論文紹介 3

日本人の都道府県ごとのHLA遺伝子多型の分布 今西 規 (A04班研究代表者、東海大学医学部)

著者： Hashimoto S., Nakajima F., Imanishi T., Kawai Y., Kato K., Kimura T., Miyata S., Takanashi M., Nishio M., Tokunaga K., and Satake M. (橋本志歩、中島文明、今西規、河合洋介、加藤和江、木村貴文、宮田茂樹、高梨美乃子、西尾美和子、徳永勝士、佐竹正博)

題名： Implications of HLA diversity among regions for bone marrow donor searches in Japan

掲載誌： HLA 96巻, 24-42頁 (2020年)

本論文では、日本骨髓バンクにドナー登録された177,041人の日本人についてHLA遺伝子型を決定し、その地域差を調べました。ドナーを都道府県ごとに分け、それぞれの都道府県でのHLA-A、HLA-B、HLA-C、HLA-DRB1遺伝子の対立遺伝子頻度を求めました。さらに、Hardy-Weinberg平衡の状態にあることを仮定して、HLA遺伝子の4座位を含むハプロタイプの頻度を推定しました。これらのデータを主成分分析等にかけることにより、日本人のHLA遺伝子構成の地域差を明らかにしました。

HLAはヒト白血球膜抗原であり、免疫応答において抗原を細胞膜上に提示する分子です。造血幹細胞移植（骨髓移植など）ではHLA遺伝子の型が一致しているドナー（提供者）からの移植であると、治療成績が良好となります。しかし、HLA遺伝子は非常に高度な多型を示すため、遺伝子型が一致したドナーを見つけることは容易ではありません。そのため、日本骨髓バンクでは大規模にドナーを募集し、そのHLA遺伝子型をデータベース化して、ドナー候補者を発見しやすくなる努力を行っています。本研究は、骨髓バンクのドナー募集方式を検討する基礎データを得るために、日本国内におけるHLA遺伝子の地理的分布を詳細に明らかにすることを主な目的としています。一方で、非常に高度な多型を示すため、HLA遺伝子は人類集団の進化の歴史を解明するためにも有用なマーカーです。そのため、日本列島におけるHLA遺伝子の対立遺伝子やハプロタイプの分布についてはこれまで多くの研究があり、沖縄県やアイヌの人々を対象とした研究も行われてきました。しかし今回は、従来よりも桁違いに多くの人数を調べ、さらに都道府県を単位としてHLA遺伝子の対立遺伝子頻度やハプロタイプ頻度を集計・分析した点が特長です。

研究方法としては、HLAクラスIの遺伝子であるHLA-A、HLA-B、HLA-C、そしてHLAクラスIIの遺伝子であるHLA-DRB1について、対立遺伝子のDNA配列に特異的なオリゴ塩基プローブ (r-SSO) を用いたDNAタイピングを実施しました。その結果をもとに、都道府県ごとに対立遺伝子頻度を計算しました。同様に、都道府県ごとにハプロタイプ頻度の推定を行いましたが、ここでは筆者自身が作成したハプロタイプ頻度推定システムHFESを使用しました。

解析の結果、それぞれのHLAハプロタイプは特徴的な地理的分布を示しました。例として、日本全体での頻度が最も高い4種類のHLAハプロタイプについて、その頻度分布を図示しました（図1）。例えば、頻度が第1位のハプロタイプ (A*24:02-B*52:01-C*12:02-DRB1*15:02) は関東地方から近畿地方にかけて特に高頻度であり、福岡県にも多いことがわかります。頻度が第2位のハプロタイプ (A*33:03-B*44:03-C*14:03-DRB1*13:02) も似たような分布をしていますが、東海地方により集中していることがわかります。これらとは対照的に、頻度が第3位のハプロタイプ (A*24:02-B*07:02-C*07:02-DRB1*01:01) は中国地方に特に多いことがわかります。また、第4位のハプロタイプ (A*24:02-B*54:01-C*01:02-DRB1*04:05) は南九州、四国、北陸地方などに多くなっています。

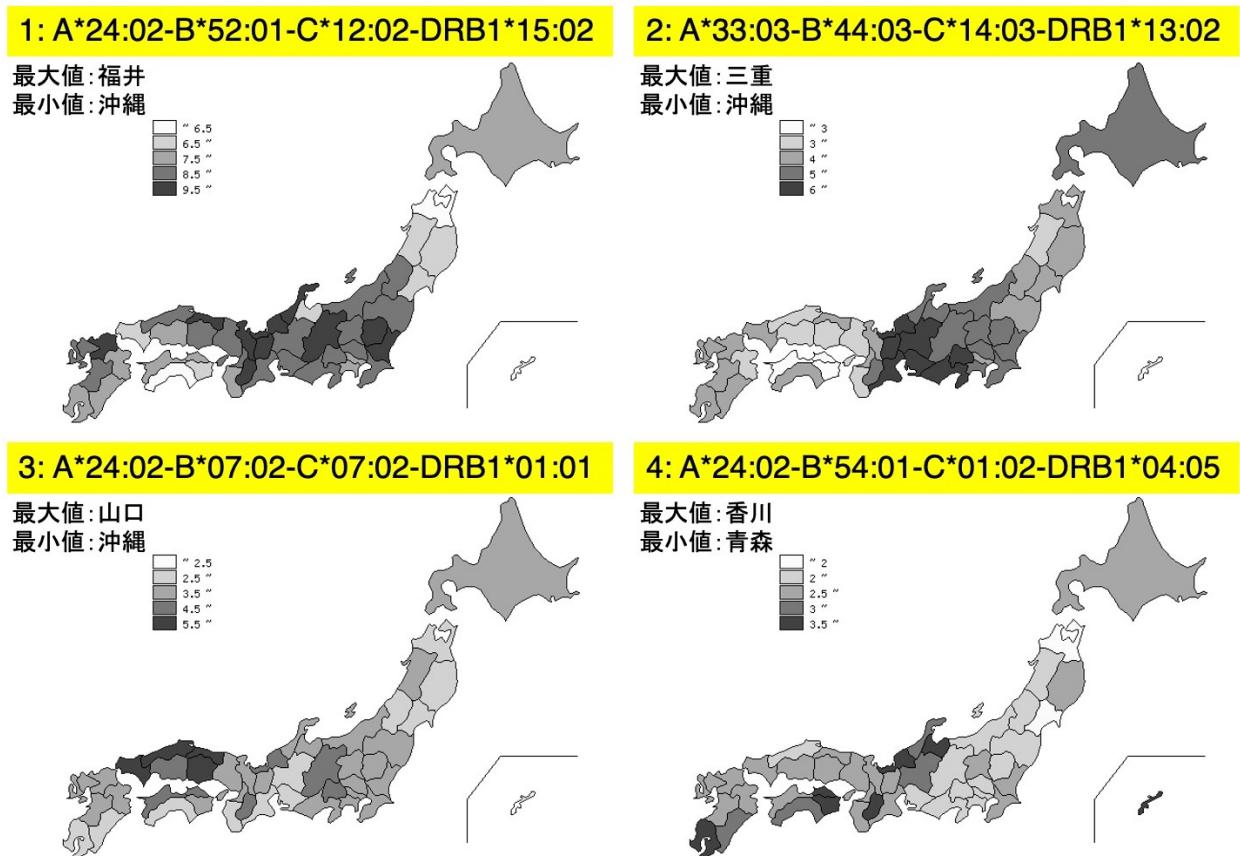


図1. 日本人の主なHLAハプロタイプの頻度分布（%）。日本全体での頻度が最も高い4種類のハプロタイプについて、高頻度の都道府県を濃い色で表示しました。（原著論文より改変）

次に、頻度が上位100位までの4座位ハプロタイプ（HLA-A、HLA-B、HLA-C、HLA-DRB1）の頻度を用いて、主成分分析を行いました（図2）。その結果、第1主成分では沖縄県とそれ以外の都道府県が明確に分かれました。興味深いことに、沖縄県の近くには南九州や四国地方の都道府県だけでなく東北地方の各県が位置しており、日本列島の南と北に遺伝子構成の共通性があることが示唆されました。反対に、沖縄県と最も遠い位置には福井県や東海地方の都道府県などがあります。また、第2主成分では、一極に東海地方の都道府県が、もう一つの極に中国・四国地方の都道府県が位置しました。これは西日本における東西差と言えますが、東北地方の都道府県が図の上部に、九州地方の都道府県が図の下部に集まっているので、日本列島の南北差の成分も含まれると考えられます。以上のほか、47都道府県の集団系統樹や、都道府県間の相関係数も原著論文では示しました。

HLA遺伝子の地理的差異が形成された原因としては、過去における人の移動や混血の影響が考えられます。現代日本人が誕生する過程では縄文人と渡来系の人々の混血が起こったと考えられますが、混血の比率は地域ごとに異なっていた可能性があります。つまり、沖縄県や東北、南九州、四国地方（図2の第1主成分で図右側に位置した都道府県）などでは渡来系の人々の混血率が低く、逆に関東から近畿地方、福岡県などでは渡来系の人々の混血率が高かったのかもしれません。また、別の原因も考えられます。HLA分子の機能は免疫応答に深く関わっており、対立遺伝子によって認識できる抗原に違いがあることが知られています。そのため、HLA遺伝子の地理的分布は過去に流行した感染症の影響を強く受けた可能性もあります。

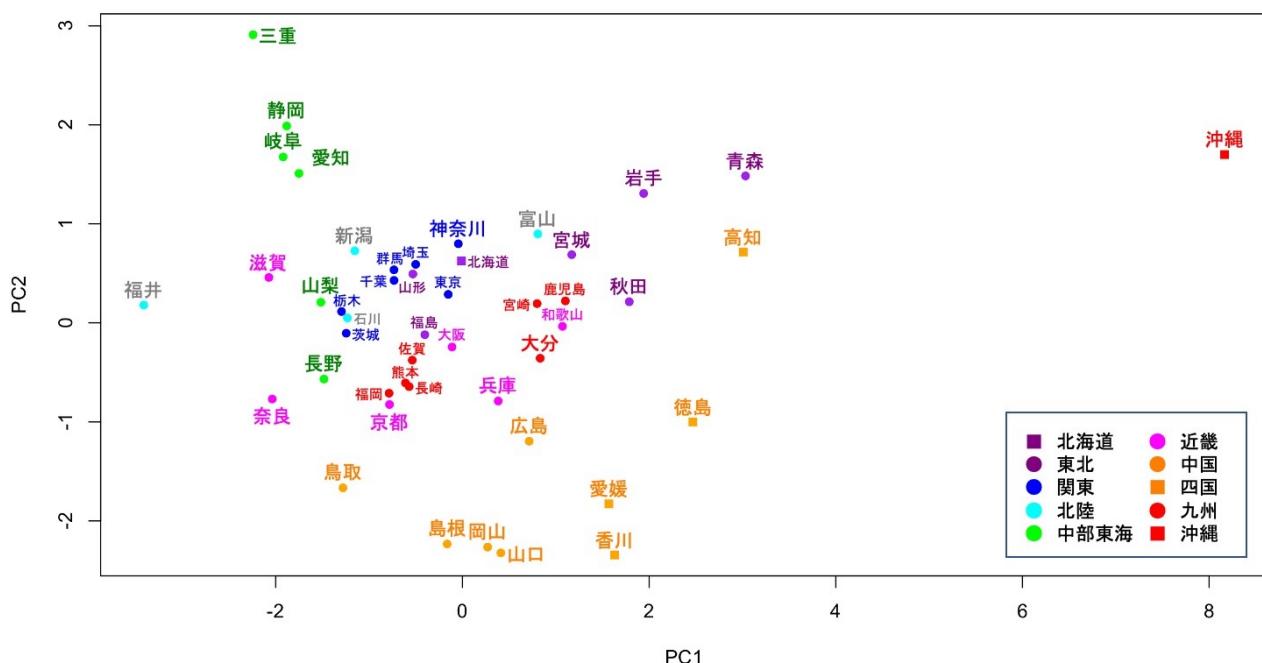


図2. HLAハプロタイプ頻度を用いた47都道府県の主成分分析。横軸が第1主成分（寄与率：37.9%）で縦軸が第2主成分（寄与率：14.7%）。（原著論文より改変）

本論文は、現代日本人の地域差を考える上で重要な基礎データを提供するものです。今後は日本周辺のアジアの国々の民族と比較したり、古人骨のゲノム解析結果と比較することによって、日本人の成立過程の解明に役立つと期待されます。また、感染症をはじめとする各種疾患の地域差との関連を調べることも、非常に重要であると考えています。

要旨の日本語訳： 日本は島国であり、日本人は他の民族言語学グループとの遺伝的な交流がこれまで最小限にとどまっていた。その結果、日本人は高度に均一であり、他国の人々に比べるとHLA遺伝子の多様性も限定的である。しかし、日本には3つの民族言語学グループがあり、HLA遺伝子の分布も地域によって異なる。多様なHLA遺伝子を持つ骨髄バンクのドナー登録者を集めには、日本におけるHLA遺伝子の正確な分布を知ることが必須である。そこでわれわれは、17万7041人の骨髄ドナー登録者のHLA遺伝子情報に基づき、HLA対立遺伝子とHLAハプロタイプを解析した。登録者は都道府県別に分類し、さらに日本で通常使われる地方（都道府県のグループ）に分けた。HLA遺伝子の分布は都道府県ごとに異なっていたが、同一地方の中では類似している傾向があった。沖縄県と本土の間では明確な差異があり、A*24:02-C*01:02-B*54:01-DRB1*04:05およびA*24:02-C*01:02-B*59:01-DRB1*04:05のハプロタイプが沖縄に多く見つかった（P=0.02, P<.001）。さらに、これらのハプロタイプは日本と韓国にのみ見つかった。日本骨髄バンクのドナー登録センターは現在すべての都道府県に設置されている。日本全体をカバーするように多様なHLA遺伝子型を持つドナー登録者を集めるためには、登録センターを展開することがきわめて重要である。

論文紹介4

日本人のゲノム規模SNPデータの解析 斎藤成也(ヤポネシアゲノムA01班研究代表者)

■ 概要

日本列島人（ヤポネシア人）の形成に関する「二重構造」モデルは、在来の採集狩猟民（象徴的に「縄文系」と呼びます）と弥生時代以降に日本列島に渡來した稻作農耕民（象徴的に「弥生系」と呼びます）が混血したと仮定しています。その結果、縄文系の要素は北方に居住するアイヌ人と南方に居住するオキナワ人の双方で高い一方、中央部に居住するヤマト人は弥生系の要素が高くなっています。このモデルは私たちが以前おこなった遺伝子解析で支持されましたが、その解析で使われたヤマト人は主に東京周辺に居住する人々でした。今回私たちは島根県の出雲出身者45名と鹿児島県の枕崎出身者72名のゲノム規模SNPデータを生成し、それらとバイオバンクジャパンのデータを含む東アジアの他の人類集団のゲノムデータと比較解析しました。主成分分析、系統ネットワークなどのさまざまな統計手法を用いた結果、出雲・枕崎・東北地方の集団は、関東（東京を含む）・東海・近畿と遺伝的にすこし異なっていました。日本列島中央部内に居住するヤマト人内にこのような内部構造が生じたのは、縄文時代以降に東アジア大陸部から複数回の渡來があったことを示唆します。これは、「二重構造」モデルをすこし変更した「内なる二重構造」モデルを支持しています。

本研究は、情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室のTimothy Jinam助教と斎藤成也教授、国立国際医療研究センターの河合洋介上級研究員と徳永勝士NCBN中央バイオバンク長、東京大学大学院新領域創成科学研究科の鎌谷洋一郎教授、鹿児島県枕崎市医師会の園田俊郎博士、牧角寛郎博士、鯫島秀弥博士らによって実施されました。また、出雲地方出身者のDNA収集には、東京いずもふるさと会の岡垣克則会長、荒神谷博物館の藤岡大拙館長にお世話をになりました。

■ 成果掲載誌

本研究成果は、日本人類遺伝学会の機関誌である *Journal of Human Genetics* に、2021年1月25日にオンライン（オープンアクセス）で公開されました。

論文タイトル : Genome-wide SNP data of Izumo and Makurazaki populations support inner-dual structure model for origin of Yamato people (出雲と枕崎集団のゲノム規模SNPデータはヤマト人の起源に関する「内なる二重構造」モデルを支持する)

著者 : Timothy Jinam, Yosuke Kawai, Yoichiro Kamatani, Shunro Sonoda, Kanro Makisumi, Hideya Sameshima, Katsushi Tokunaga, and Naruya Saitou (ティモシー・ジナム, 河合洋介, 鎌谷洋一郎, 園田俊郎, 牧角寛郎, 鯫島秀弥, 徳永勝士, 斎藤成也)

DOI番号: <https://doi.org/10.1038/s10038-020-00898-3>

■ 研究の背景

日本列島は南北に2000km以上にわたってつらなっています。作家の島尾敏雄は1960年代にこの列島を「ヤポネシア」と呼びました。ヤポネシアは大きく北部（北海道、{樺太と千島を含むこともある}）、中央部（本州、四国、九州およびその周辺の島々）、南部（南西諸島）に分けられます。歴史的に北部にはアイヌ人が、南部にはオキナワ人が、そして中央部にはヤマト人が居住してきました。

日本にながく住んだドイツ人のベルツは、1911年に発表した論文（引用文献1）で、アイヌ人とオキナワ人の共通性を指摘しました。その後頭骨などの骨形態を調べた山口敏（引用文献2）や埴原和郎が、1980年代以降に「二重構成」あるいは「二重構造」という名称で、南北2集団の近縁性を指摘しました。図1（本論文のFigure 2をもとにしました）は、埴原和郎（引用文献3）のしめした二重構造モデルを描き直したもので。わたしたちは2012年に発表した論文（引用文献4）で、アイヌ人、オキナワ人、ヤマト人のゲノム規模SNPデータを比較解析し、二重構造モデルが基本的に成り立つことを示しました。

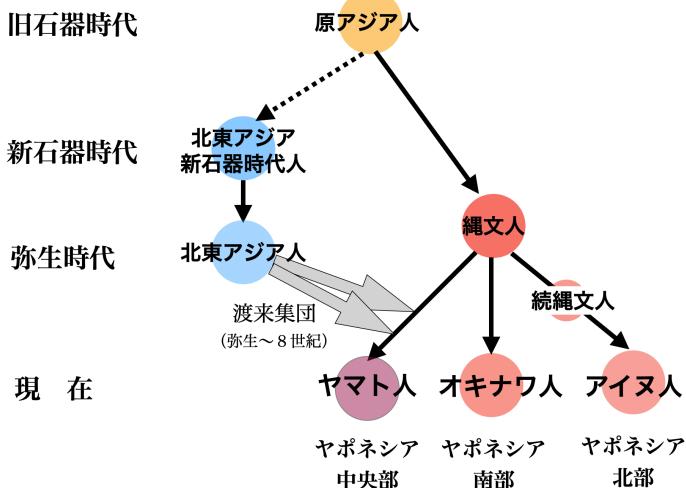


図1: 埴原和郎の二重構造モデル



図2: 今回比較した9地域

■ 本研究の成果

まず主成分分析の結果をお示しします。図3(本論文のSupplementary figure 2をもとにしました)は、ジャパンバイオバンクの日本人全データ(灰色)東アジアの大陵部5集団(韓国人、北京の漢族、中国南部の漢族、ベトナム人、ダイ族)を比較したものです。日本人がおおきくふたつのかたまりにわかっていますが、左がオキナワ人、右がヤマト人です。

しかしながら、この研究で用いたヤマト人は、おもに東京周辺在住の人々でした。そこでヤマト人内の地理的・遺伝的多様性を明らかにする第一歩として、図2(本論文のFigure 1をもとにしました)にしめしたように、今回島根県の出雲地域出身者と鹿児島県の枕崎市出身者のDNAを調べ、バイオバンクジャパンから提供をうけた日本の7地域(北海道、東北、関東甲信越、東海北陸、近畿、九州、沖縄)のデータと比較解析をおこないました。

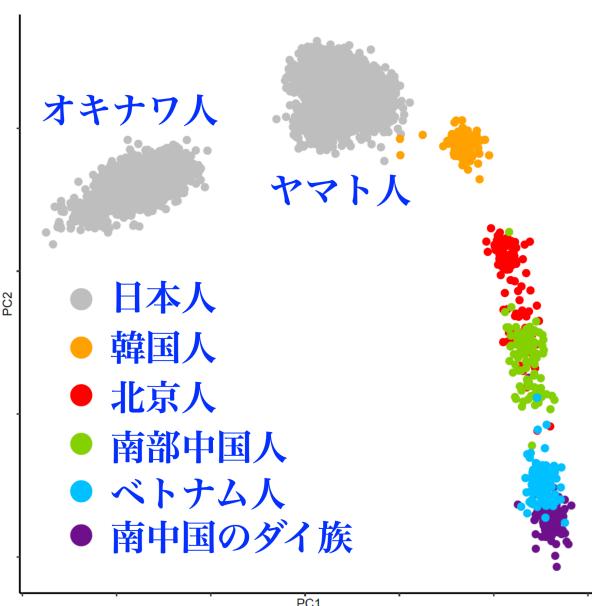


図3: ヤポネシア人と大陸5集団を主成分分析で比較した結果

図4は、図3における、図2の9集団それぞれの位置を示しています。北海道、東北、関東甲信越、東海北陸、近畿、出雲、枕崎はヤマト人のかたまりに位置していますが、九州だけは、オキナワ人のかたまり(A)とヤマト人のかたまり(B)にわかれています。前者(A)は、おそらくオキナワの文化やオキナワ人の影響が強い鹿児島県の奄美大島地方の人々ではないかと推察されます。また、東北集団は、ヤマト人のかたまりのなかでやや左上にシフトしており、近畿集団はやや右にシフトしています。枕崎集団はややオキナワ人のかたまりに近い位置にシフトしています。

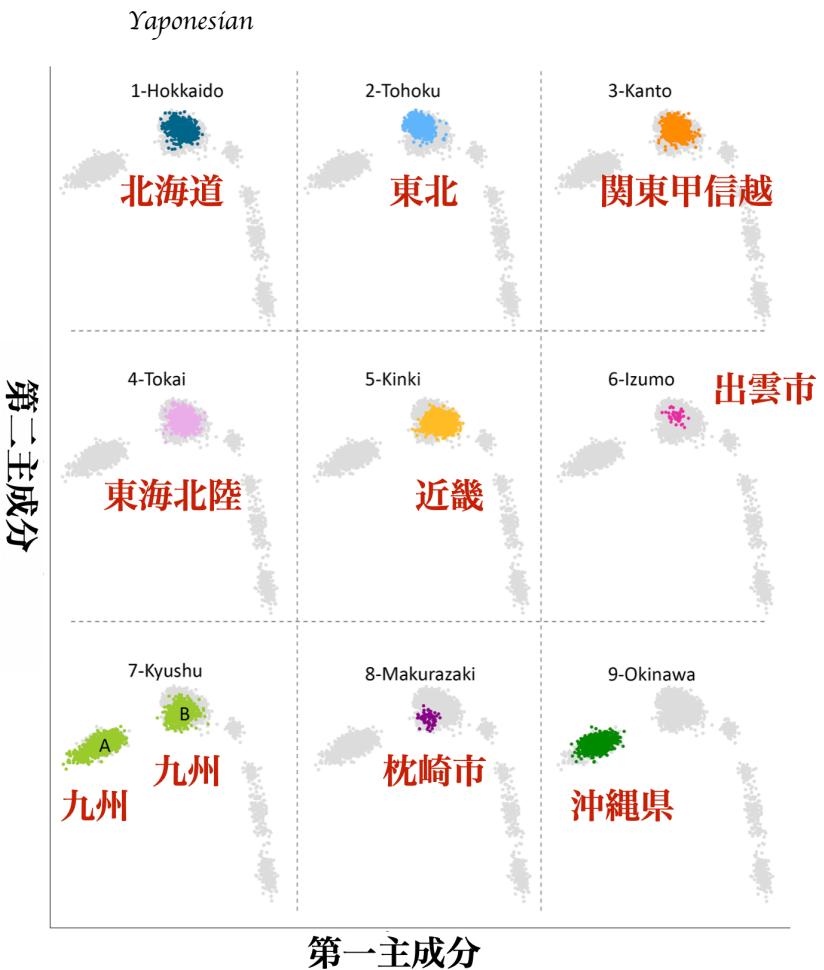


図4: 主成分分析における9集団の位置

次に各個人がさまざまな祖先集団からいろいろな割合でゲノムを伝えられた様子を推定した結果を図5（本論文のFigure 4）にしめしました。

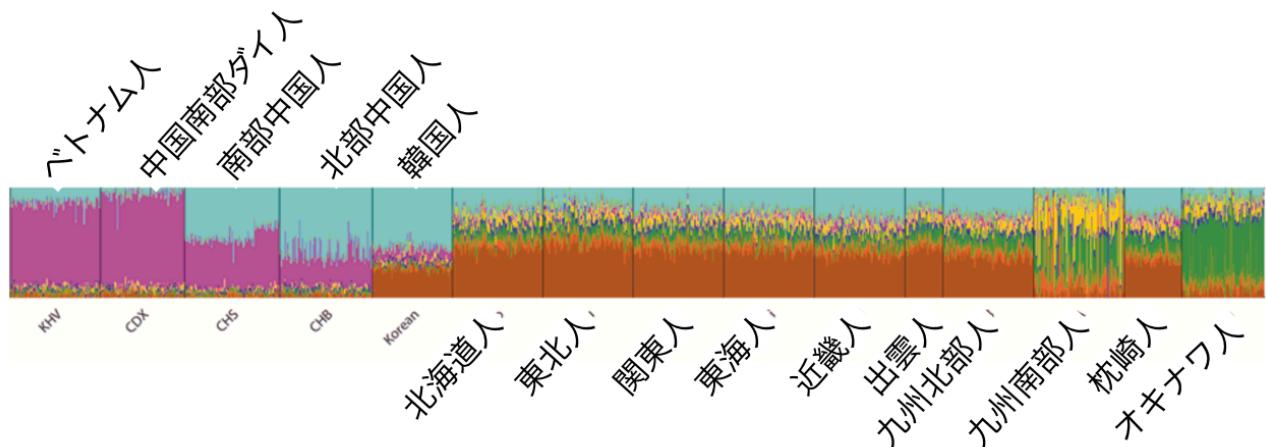


図5: Admixtureを用いた解析結果

ここでは9個の祖先集団が存在したと仮定して、それらの割合をいろいろな色で示しています。もっとも右のオキナワ人および大部分の九州(A)の人々は緑色で示された祖先集団から伝えられた割合が大きいのに対して、他の日本人には緑色の成分は少なく、大陸の集団にはほとんど緑色成分がみられません。一方、右からベトナム人、ダイ族、中国南部の漢族、中国北京の漢族には、ピンク色でしめした祖先集団がかなり伝えられていますが、ヤポネシア人にはほとんどピンク色成分

がありません。中国南部の漢族、中国北京の漢族、韓国人に多い水色で示された祖先集団の成分は、北海道から九州（B）までのヤマト人には多少みられますが、九州（A）とオキナワ人にはわずかな割合しか伝わっていません。これら南部の2集団を除くヤポネシア人には、茶色の成分が半数以上含まれていますが、韓国人では3割程度見られます。

混血を繰り返してきた人類集団の遺伝的関係を示す方法のひとつに、「系統ネットワーク」があります。図6（本論文のFigure 5）にしめしたのがその解析結果です。図6 Aでは、左側にアイヌ人が、右側に東アジア大陸部の2集団（中国北京の漢族と韓国人）が位置しており、オキナワ人とヤマト人は両者のあいだに位置しています。アイヌ人が他集団とはかなり遺伝的に離れているので、図6 Bでは、アイヌ人以外の集団で比較しました。

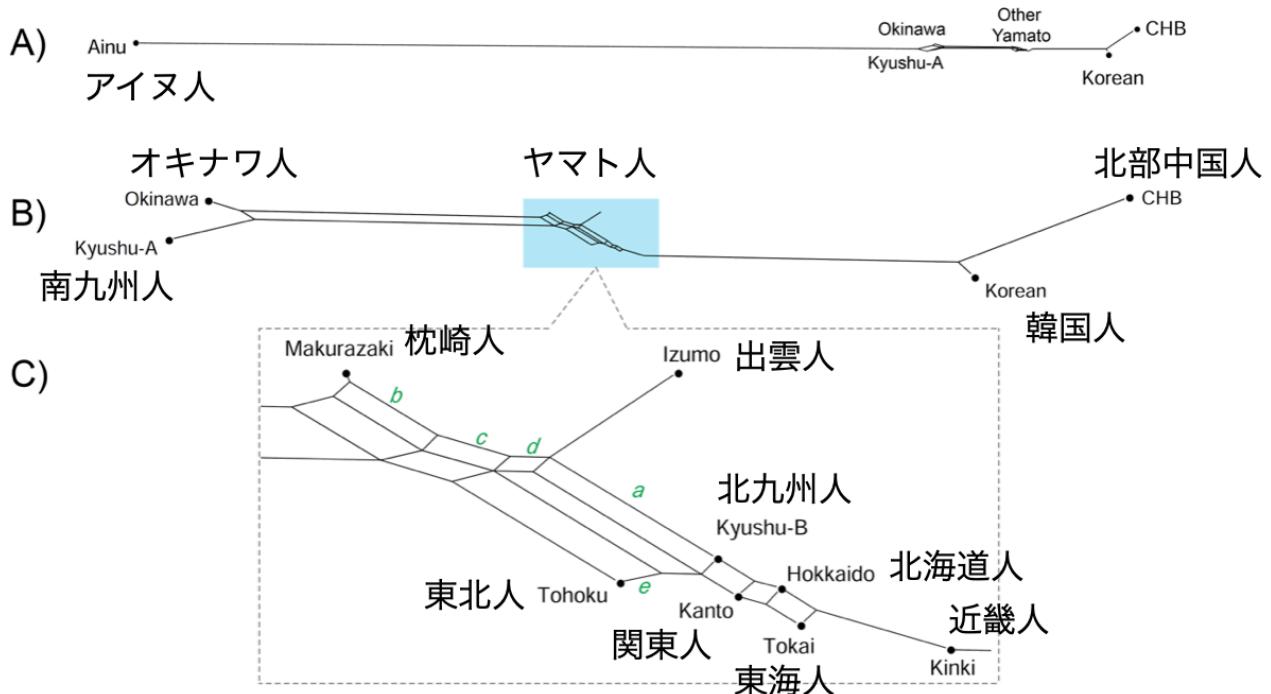


図6: 集団間の遺伝的関係をしめした系統ネットワーク

今度も右側には東アジア大陸部の2集団が位置しますが、左側にはオキナワ人と九州（A）集団がまとまっています。その中央の、水色でしめされた部分の拡大図を見ると、左側に枕崎集団が、右側に近畿地方集団が位置しています。どちらも、図4で示した主成分分析の結果と一致しています。大陸の集団にやや近くなっている近畿地方集団のすこし左には、東海北陸・北海道・関東甲信越・九州（B）の4集団がかたまっています。それらからすこし離れて東北地方集団が位置しています。さらに、比較的長い枝aでこれら日本列島の6集団と大陸の2集団は、出雲・枕崎・沖縄・九州（A）集団と分けられます。このように、山陰地方の出雲人が枕崎や沖縄の集団と遺伝的に近くなっています。また枝の長さは短いものの、枝eは東北集団と沖縄・九州（A）集団の共通性を示しています。系統ネットワークで図示された集団間の結果は、f4テストという別の方法でも確認されました。

これらのパターンは、斎藤成也（引用文献5, 6）が提唱した、日本列島中央部のヤマト人が遺伝的に中央軸と周辺部に分けられるという図7（本論文のFigure 7）でしめした「うちなる二重構造」モデルを支持するものです。「うちなる二重構造」モデルについては、斎藤編著（引用文献7）も参考にしてください。

■ 今後の展望

新学術領域「ヤポネシアゲノム」（領域代表：斎藤成也；2018～2022年度）A01班のメンバーである琉球大学医学部の松波雅俊・木村亮介助教らが、沖縄の宮古島に明確な集団構造があることを今年刊行した論文で報告しました（引用文献8）。またやはり新学術領域「ヤポネシアゲノム」A01班のメンバーである長崎大学医学部の吉浦孝一郎教授らは、対馬・壱岐・五島列島・延岡などの九州地方の人々のDNAを収集し、ゲノム規模SNPデータを得ました。現在本論文の筆頭著者である解析しています。これら沖縄と九州のデータをあわせて、新学術領域「ヤポネシアゲノム」A01班のメンバーであるTimothy Jinam助教が解析する予定です。

今回ご紹介しました論文の筆頭著者であるTimothy

Jinam助教は、九州だけでなく、静岡県南部の下田市を中心とした地域の人々と佐渡島人（新潟大学医学部との共同研究）のDNAデータを解析中です。また徳島県、鳥取県、隠岐の島、八丈島、山形県各地（山形大学医学部との共同研究）、奄美大島瀬戸内町在住の方々のDNAを調べる予定です。近い将来、ヤポネシアに現在住んでいるひとびとの詳細なゲノムの地理的多様性が浮かび上がることが期待されます。



図7: 「うちなる二重構造」モデル

■ 引用文献

1. von Baelz E. (1911) Die Riu-Kiu-Insulaner, die Aino und andere kaukasier-ahnliche Reste in Ostasien (ドイツ語). *Korres. Bl. Dtsch. Ges Anthr Ethnol. Urgesch.*. vol. 42, pp. 187–91.
2. 山口敏 (1986) 日本人の顔と身体—自然人類学から探る現代人のルーツと成り立ち. PHP研究所.
3. Hanihara K. (1991) Dual structure model for the population history of the Japanese. *Japan Review*, vol. 2, pp. 1–33.
4. Jinam T. et al. (2012) The history of human populations in the Japanese Archipelago inferred from genome-wide SNP data with a special reference to the Ainu and the Ryukyuan populations. *Journal of Human Genetics* vol. 57, pp. 787–795.
5. 斎藤成也 (2015) 日本列島人の歴史. 岩波ジュニア新書.
6. 斎藤成也 (2017) 核DNA解析でたどる日本人の源流. 河出書房新社.
7. 斎藤成也編著 (2017) 最新DNA研究が解き明かす。日本人の誕生. 秀和システム.
8. Matsunami M. et al. (2021) Fine-scale genetic structure and demographic history in the Miyako Islands of the Ryukyu Archipelago. *Molecular Biology and Evolution* published online on 11 January 2021.

■ 用語解説

- (1) 「うちなる二重構造」モデル (inner dual structure model)

斎藤成也『日本列島人の歴史』（2015；岩波ジュニア新書）で提案されたモデル。日本列島中央部に中心軸と周辺部の二重構造があるとします。

- (2) ヤポネシア人 (Yaponesian)

1960年代に作家の島尾敏雄が、「日本列島」をラテン語でしめした発音をもとに提唱したもの。文部科学省新学術領域「ヤポネシアゲノム」の名称はここから由来しています。

- (3) ヤマト人 (Yamato population)

ヤポネシアの中に居住する3集団のうちで、北部中心に居住するアイヌ人と南部中心に居住するオキナワ人以外の大多数の人々を指します。自然人類学でこれまで「本土日本人」と呼んできた集団に対応します。

(4) バイオバンクジャパン (BioBank Japan)

2003年から文部科学省の委託事業として開始されたオーダーメイド医療実現化プロジェクト。これまでに全国約20万人の協力を得てDNAサンプルが収集されました。くわしくはウェブサイト (<https://biobankjp.org>) を参照してください。

(5) 主成分分析 (Principal Component Analysis ; 略称 PCA)

大量のデータに含まれる多様性を線形代数理論を利用して、全分散を互いに独立な主成分に分割する手法。通常はもっとも分散の大きな第一主成分と次に分散の大きい第二主成分の平面上に示されることが多いです。本号の、五條堀淳による「ソフトウェア紹介8：主成分分析のためのソフトウェア」も参考にしていただければさいわいです。

(6) 系統ネットワーク (phylogenetic network)

枝分かれしてゆくのみの系統樹と異なり、矛盾する分割を含む場合のある構造を指します。図形的には平行四辺形がくみあわさったようになる。A、B、C、Dの4集団であれば、A+B、C+Dという分け方のほかに、A+C、B+Dという分け方も共存する場合、系統樹ではあらわすことができず、系統ネットワークを用います。

(7) Admixtureソフトウェア (Admixture software)

多数個人のゲノム情報を用いて、それらの人々がk個（ $k = 1, 2, 3, \dots$ ）の祖先集団の混血であると仮定して各個人の混血状況を推定するソフトウェア。

研究紹介 1

日本列島人独自に進化した遺伝子の探索

河田雅圭 (B04班研究代表者、東北大学)

農耕の開始というヒトの行動的・文化的変化は、食生活の変化による代謝や健康など身体への直接的な影響だけでなく、身体活動の変化や人口の集中による伝染病の蔓延とそれに対する免疫機構への影響、さらには社会的・文化的・政治的変化による精神的な影響を及ぼしてきました。これにともなって、自然選択や遺伝的浮動の影響をうけ、さまざまな遺伝的変化を生じたことが明らかになってきています。たとえば、植物食が中心となることで、脂肪酸合成や炎症性疾患に関わるFAD遺伝子の一つのハプロタイプが急速に頻度を増加させています (Mathieson and Mathieson 2018)。またわたしたちの研究では、ヒトが進化する過程で、*VMAT1*という遺伝子で生じた、不安傾向を増大させる変異が選択を受け進化したことが検出されました。ヒトの出アフリカと前後し、抗不安傾向を示す変異がさらに生じて頻度を増加させ、その後、平衡選択で変異が維持されていることが示されました (Sato and Kawata 2018; Sato et al. 2019)。ヒトにおける社会関係の変化が進化のひとつの要因であると推察されます。

日本列島人の、(1)数万年にわたって独自の進化をとげた縄文人の存在、(2)約3000年前には弥生系渡来民の移入と農耕文化の導入、(3) 弥生系渡来民と縄文人の混血、という歴史は、狩猟採集生活から農耕への変化と異なる集団の雑種形成がどのように人類の進化に影響を及ぼしたのかを探る上で、興味深い対象と思われます。日本列島人形成の歴史のなかで、日本人は日本列島内の環

境や文化がもたらす選択圧を受けて、中国人や韓国人などの大陸系東アジア集団とは異なる、独自の遺伝的特徴を獲得してきたと予想されます。近年、日本人集団のゲノム配列から自然選択を受けた遺伝子の推定が行なわれ、選択の一掃を検出するiHSやSDSという手法、さらにコアレッセントを用いたRelateなどの手法などで、10から20の強い選択のシグナルを示す遺伝子が検出されています (Okada et al. 2018, Jonshon and Voight 2018, Speidel et al. 2019, Yasumizu et al. 2020)。特に、アルコール代謝に関わる $ALDH2$ と ADH 遺伝子クラスターは、どの研究でも強い選択をうけていることが示されています。

しかし、これらの研究で検出された遺伝子は、東アジアの集団でも同様に自然選択が働いている可能性があります。そこで、2つの方法を用いて日本人独自に選択が働いた領域の検出を試みています。一つはPBS (Population Branch Statistics) (Yi et al. 2010) という手法で、3つの集団間の F_{ST} を算出し、日本人の枝でとくに高い F_{ST} 値を示すゲノム領域を特定するものです。その結果、これまで日本人のみをもちいて自然選択が検出された遺伝子を除くと、28の遺伝子が新たに検出されました。検出された遺伝子の中には、がん、循環器系疾患、精神・神経疾患などの多彩な疾患のリスクに関係するものや、肌・髪・目の色に関係するもの、食物代謝に関わるものが含まれていました。特に、統合失調症に関する遺伝子、前立腺癌、痛風に関する遺伝子が興味深いところです。ただこの手法では、日本人集団で遺伝子頻度が変化した原因の一つとして、縄文人と渡来人の交雑による影響を排除できません。

そこで、私たちは、新学術領域ヤポネシアゲノムA02班の篠田謙一博士と神澤秀明博士（国立科学博物館）の協力を得て、縄文人ゲノムを用いた現代日本人との比較を行ないました。縄文人ゲノム34個体、中国古代人ゲノム47個体(北東アジア由来で約1万~3000年のゲノム配列 (Yang et al., 2020とNing et al., 2020)を用いて、現代日本人集団との比較を行なしました。日本人集団と分化している領域を検出するため、(1)現代日本-縄文人間、(2)現代日本-古代中国人間について、 F_{ST} を領域ごとに計算し、その値が大きい上位0.1%以上を分化している領域として選びました。現代日本人と縄文時代人のあいだで分化している遺伝子として、 $ALDH2$ 、前立腺癌リスク遺伝子 $CYP1B1$ 、糖尿病関連遺伝子などが、現代日本人と古代中国人のあいだでは $ADH1B$ などの AHD 遺伝子クラスターや $GRIK1$, $THEM4$ などの統合失調症リスク遺伝子などが検出されました。 $ALDH2$ および ADH については、これまでも自然選択を受けた遺伝子として検出されていますが、これらは同じアルコール

代謝に関わるが $ALDH2$ は縄文人とは異なる方法に進化しているのに対し、 ADH clusterは古代中国人から分化しており、異なる選択を受けていることが示された。また、古代中国人から統合失調症リスク遺伝子の頻度が減少する方法に進化しており、日本列島でなんらかの選択を受けている可能性を示唆しています。今後、この解析を精査していくとともに、現代日本人の中で、縄文人から引き継いだ領域、渡来人ゲノムを引き継いだ領域を推定し、その上でそれぞれの領域で分化を受けた領域を検出していく予定です。

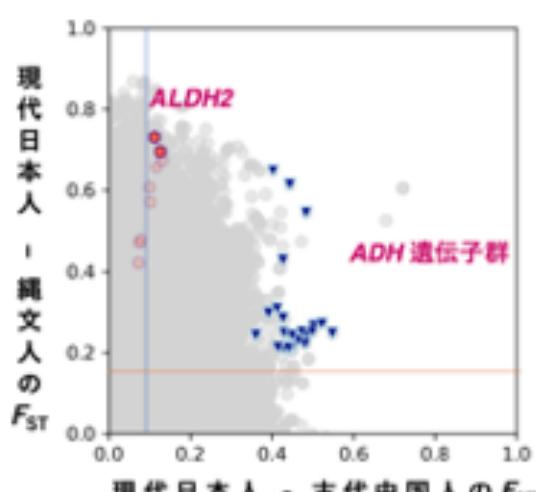


図1. 現代日本人-縄文人間、現代日本人-古代中国人間の F_{ST} 。点は F_{ST} を計算したゲノムwindow、青い線および赤い線は現代日本人-古代中国人間および現代日本人-縄文人間の平均 F_{ST} 。

引用文献

- Johnson, K. E. and Voight B. F. (2018) Patterns of shared signatures of recent positive selection across human populations. *Nature Ecology and Evolution* 2: 713–720.
- Mathieson I. (2018) Limited evidence for selection at the *FADS* locus in native American populations. *Molecular Biology and Evolution* 35: 2957–2970.
- Ning C. et al. (2020) Ancient genomes from northern China suggest links between subsistence changes and human migration. *Nature Communications* 11: 2700.
- Okada Y. et al. (2018) Deep whole-genome sequencing reveals recent selection signatures linked to evolution and disease risk of Japanese. *Nature Communications* 9: 1631.
- Sato D. X and Kawata M. (2018) Positive and balancing selection on *SLC18A1* gene associated with psychiatric disorders and human-unique personality traits. *Evolution Letters* 2:499-510
- Sato D. X., Ishii, Y. Nagai T., Ohashi K., and Kawata M. (2019) Human-specific mutations in VMAT1 confer functional changes and multi-directional evolution in the regulation of monoamine circuits. *BMC Evolutionary Biology* 19: 220.
- Speidel L., Forest M., Shi S., and Myers S. R. (2019) A method for genome-wide genealogy estimation for thousands of samples. *Nature Genetics* 51: 1321–1329.
- Yi X. et al. (2010) Sequencing of 50 human exomes reveals adaptation to high altitude. *Science* 329: 75–78.
- Yasumizu Y. et al. (2020) Genome-wide natural selection signatures are linked to genetic risk of modern phenotypes in the Japanese population. *Molecular Biology and Evolution* 37: 1306–1316.
- Yang M. A. et al. (2020) Ancient DNA indicates human population shifts and admixture in northern and southern China. *Science* 369: 282–288.

研究紹介 2

ヤポネシア人の食生活の復元に向けた、1粒の出土植物種子で分析可能な プロテオーム解析の構築 西内巧 (B04班研究代表者、金沢大学)

遺跡から出土する動物や植物の遺存体は、古代人の食生活等のライフスタイルを復元するための手掛かりを与えてくれます。分析技術の進歩により、動植物の遺存体の形態学的な分析だけではなく、残存している生体分子に基づいた分析が可能になり、特に比較的安定で遺伝情報を有するDNAは、PCR(ポリメラーゼ連鎖反応)による增幅も可能で有力な手掛かりとなります。一方、タンパク質は比較的不安定で、経年劣化の影響を受けやすく、遺存体での分析は難しいと考えられてきました。しかしながら、出土動物骨に安定なコラーゲンタンパク質が残存していることが分かり、現在ではコラーゲンタンパク質を用いて出土動物骨の種同定が進められています。

一方で、植物の遺存体には、コラーゲンタンパク質のような安定なタンパク質は存在しないと考えられており、また、イネ果実等は経年により炭化することから、これまでタンパク質の分析はあまり行われていませんでした。私達のラボでは、炭化米からのタンパク質の抽出と精製を試み、多様な試料においてイネが含まれていると判断できる安定なマーカータンパク質の同定を目指し、研究に着手しました。炭化米からのタンパク質の抽出・精製法の開発には苦慮しましたが、出土した炭化米1粒から多くのタンパク質を同定できる実験系の構築に成功しました。炭化米から抽出・精製したタンパク質は、トリプシン等のタンパク質消化酵素で部分消化し、精製したペプチド

をナノ液体クロマトグラフィーで分離しながら、質量分析計で解析するショットガンプロテオミクスという手法を用いた分析を進めています。

福岡県の2遺跡から出土した縄文から弥生時代のものと思われる炭化米と韓国の遺跡から出土した炭化米の試料を用いて、タンパク質を抽出・精製して、ショットガンプロテオミクスで分析しました。その結果、3遺跡全てで同定され、多数のペプチドが検出されたタンパク質が存在することが明らかになりました。このタンパク質のアミノ酸配列は、キビ等の配列と異なる部分が多数見出されたことから、イネとキビなどの雑穀を分別できるマーカータンパク質の候補として期待しています。また、ジャポニカ米とインディカ米においても複数のアミノ酸が異なっていました。

今後は、キビなどの雑穀についても同様に解析を行うことで、それぞれのマーカーとなるタンパク質を同定し、土器付着物などの複雑な試料に含まれる穀物の種同定を行うことで、ヤポネシア人の食文化における米や雑穀の利用について、時代による変遷と地域性を明らかにしたいと考えています。



解析に用いた質量分析計(サーモ社Orbitrap QE plus)



試料の炭化米

研究紹介 3

列島渡来系形質拡散背景の解明 -西日本弥生時代を対象として-

舟橋京子 (B04班研究代表者)

みなさんは色水を作ったことがありますか？ 水にスポットでインクを1滴たらした時、無色透明の水の中を新たな新しい色のついたインクの混ざった水が広がっていきます。同時に複数個所にインクを垂らしたり、時間を置いてインクをたらしたり、あるいはインクの拡散する先に拡散の障壁を作るなどすると複雑な様相を見せながら色が変化していきます。これを人類集団の移動・拡散で考えたときに、日本列島の在来の遺伝的情報=水に列島外からの遺伝的情報=インクが流入する様を長期的な視点でモデル化したのが、ヤポネシアゲノムプロジェクトの基盤となっている斎藤成也氏の「うちなる二重構造」モデル（斎藤成也編著2020『最新DNA研究が解き明かす。日本人の誕生』など）であり、色が混ざりゆく最前線のごく一部の場所の色の濃度の違いと濃度に

違いが出る要因を、考古学と人類学の両面から明らかにしようとしているのが、わたしと研究協力者が本プロジェクトで行なってきた研究です。

列島外からの新たな遺伝情報流入は時間的にいくつもの波がみられますが、空間的にも濃淡がみられます。列島外からの遺伝情報流入の大きな波のひとつである弥生時代の稻作農耕の導入に伴う韓半島から人の移住に際し、その最前線であった北部九州においても渡来人の痕跡には空間的濃淡があり、確実に渡来人が生活していた証拠が明瞭に残っている地域が何か所か確認されています（片岡宏二1999『渡来人と土器・青銅器』など）。そのうちのひとつである、福岡県中部のやや内陸に入り込んだ三国丘陵付近では、甕棺遺跡から多数の古人骨が出土しています。これらの人骨の中に、渡来人そのものが含まれている可能性はほとんどありませんが、この地域ではなぜか渡来人の形質的特徴が北部九州・山口の他地域に比べ色濃く出る、ということが先行研究ですでに指摘されていました（中橋孝博1998「福岡県筑紫野市隈・西小田遺跡出土の弥生時代人骨」）。

わたしと研究協力者3名がこの2年間本プロジェクトの中で行なってきたのは、それを歯冠サイズや四肢で検討してその要因を探ろうとした研究です。研究期間2年間の後半は新型コロナウィルスの影響で活動が制限され、芳しい成果は出せませんでした。それでも、研究協力者の岡崎健治氏（鳥取大学医学部）・高椋浩史氏（土井ヶ浜遺跡・人類学ミュージアム）の研究により、やはり渡来系形質の優勢な北部九州・山口地域内においてもその形質は多様であるということがわかってきています。岡崎氏と舟橋の研究成果では、歯冠サイズで見ても三国丘陵地域では、他の渡来系形質が優勢な地域の中でも群を抜いて大きい=渡来系形質の特徴が色濃いことも明らかになっています。さらに、当該地域で渡来系形質の特徴がより濃いという分析結果が出る社会的背景として、当該地域での生業活動の特質があることが明らかになってきています。

研究協力者の1人である米元史織氏（九州大学総合研究博物館）の、古人骨の四肢骨に見られる筋肉付着の痕跡（MSM s）を用いた活動復元の成果では、三国丘陵地域と同様に渡来系形質が優勢な福岡平野部の男性や北部九州の女性は、稻作を行なっていたと考えられる近世農耕集団に類似するのに対し、三国丘陵地域の男性では相対的に縄文の集団に近似した特色を示しています。この形質および行動様式の特殊性は、近年考古学的研究により明らかにされている当該地域における渡来系技術を用いた活動の活発化（大陸系の磨製石器の豊富さ・水田・灌漑施設用の木材資源獲得のための森林伐採活動）を反映したものである可能性があります。



わたしたちのヤポネシアゲノムプロジェクト内の研究は今年度で終了しますが、引き続き日本列島の渡来系形質の地域性の解明に向け、ヤポネシアゲノムプロジェクトでの当該地域・時期の古人骨のゲノム解析の成果との比較研究が行えればと考えています。

今年度形態分析を行った三国丘陵地域の
津古牟田遺跡（福岡県）人骨出土状況

NHK名古屋オンライン講座

「日本列島人の起源と歴史」の紹介

藤尾慎一郎 (B01研究代表者)

学術領域研究ヤポネシアゲノムでは、研究の内容と成果を広報するために市民向けの活動にも力を入れています。今年度は、NHK名古屋の文化センターとタイアップして、「日本列島人の起源と歴史—考古学・DNA・言語学からのアプローチ」という講座を月1回のペースで全12回開講中です。

講座名にヤポネシア人を入れたかったのですが、一般にはあまり知られていないので、多くの人を集めるために日本列島人となり、斎藤領域代表は涙をのみました。

2020年度は新型コロナウィルスのため、緊急事態宣言が発出されたこともあり、対面での講座はできなかつたため、オンライン教養シリーズと銘打ち、実施にこぎ着けたというわけであります。テーマは、4月の趣旨説明のあと、DNA(先史・現代)、考古学(縄文・弥生・古墳・ヤマト王権・先史琉球)、言語学(日本語のルーツと方言)というメニューです。最後のヤマト政権以外は、すべてヤポネシアゲノムの中心メンバーです。

藤尾が主宰したので今回はB01班の考古学

を中心にしてもらいました。各自、2019年度からの研究成果を取り混ぜ、現状までの到達点と今後の課題について熱弁をふるうこととなりました。

通常、対面の講座では名古屋近郊の市民が対象となります。オンラインとなると全国の市民参加が可能となります。そのため、対面で行う場合の約1.5倍の市民の皆さんを相手に、お話しをすることが可能となり、広報の面からもNHKの営業の面からもプラスとなったことは間違いないようです。

そもそもオンライン講座の提案は、2019年度に有料サイトであるインターネットTVに出演した経験のある藤尾の思いつきで実現したもので、講師の皆さんにははなはだ迷惑な話だったのでしょう。NHKとしても初の試みであったので、ZOOMを使っての画面共有などに一苦労する場面もありました。また聴衆の表情もわからず、パソコンの画面に向かって90分、一人で話続けるという緊張感は相当なものであったと想像できます。事前収録なので修正が可能とはいえ、NHKの担当者からは、「言いまちがえても、そのまま流しますよ、臨場感が伝わりますから。」といわれてしまい、さらに増す緊張感。ともあれ、2021年度はDNAが中心の講座が開かれることになっているそうです。乞うご期待。



ヤマト王権・古代史講座 特別編

日本列島人の起源と歴史

考古学・DNA・言語学からのアプローチ

【講 座】 第④日曜 13:30~15:00 *3月のみ第③日曜
【受講料】 12か月(12回) 38,544円

ヤポネシア(日本列島)には約4万年前に最初のヒトが渡来し、その後も何度も渡来の波がありました。最新の研究から、その歴史過程が見えてきました。ゲノム研究、年代測定を取り入れた考古学研究、日本語・琉球語の方言解析を含む言語学の研究など、文理融合の最前線研究から探ります。

4/26(日) : 日本人のルーツ	考古学・DNA・言語学からみた最新の研究成果
5/24(日) : DNA概説	古代人のDNA研究でわかること
6/28(日) : 縄文人	旧石器 縄文人骨のゲノム研究が意味すること
7/26(日) : 弥生人	弥生人骨のゲノム研究が意味すること
8/23(日) : 農耕と動物	農耕とともにやって来た動物たち
9/27(日) : 病気と日本人	日本人のルーツと病気とのかかわり
10/25(日) : 日本語I	日本語のルーツ 大陸との関係
11/22(日) : 日本語II	方言からみた日本語のルーツ
12/27(日) : 現代人のDNA	現代人のDNAからみたヤポネシア人(日本列島人)のルーツ
1/24(日) : 古代文化	先史琉球と日本の古代文化
2/28(日) : 古墳時代	古墳時代人骨のゲノム研究が意味すること
3/21(日) : ヤマト王権	ヤマト王権と古代国家の成立

くやむえない事情により、日程・内容を変更することがあります。ご了承下さい。>

【講 師】
 国立歴史民俗博物館教授 藤尾 慎一郎(4/26~7/26)、国立科学博物館副館長(兼)人類研究部長 筱田 謙一(5/24)、
 国立歴史民俗博物館教授 山田 康弘(6/28)、北海道大学大学院地球環境科学研究科教授 鈴木 仁(8/23)、
 北海道大学情報科学研究科准教授 長田 直樹(9/27)、青山学院大学経済学部教授 遠藤 光暁(10/25)、
 国立国語研究所教授 木部 輝子(11/22)、国立遺伝学研究所教授 斎藤 成也(12/27)、
 熊本大学社会文化科学研究所教授 木下 尚子(1/24)、岡山大学・社会文化科学研究所教授 清家 章(2/28)、
 国立歴史民俗博物館教授 松木 武彦(3/21)



受付はNHKビル7Fです
NHK ナリホー名古屋教室

お問い合わせ窓口: NHK文化センター名古屋
〒466-0002 名古屋市東区大曽根1-3-3 NHK放送センター

TEL: 052-952-7330

<https://www.nhk-cul.co.jp/>

NHK文化センター名古屋

【窓口・お電話受付時間】

月~土 9:30~19:30

日 9:30~15:30

動植物ゲノム 紹介：ニホンザル

(長田直樹 B03班研究代表者、北海道大学・情報科学研究院)

ニホンザル (*Macaca fuscata*) は北海道・沖縄を除く日本列島のほぼ全域に生息するマカク属のサルです。屋久島に生息するヤクザルは別亜種 (*M. fuscata* ssp. *yakui*) と一般的にみなされています。現生人類 (*Homo sapiens*) を除いて最も北に分布する霊長類であり、寒冷地に適応した多くの形質をもっています。図1に、ニホンザルと、近縁種であるタイワンザル (*M. cyclopis*) の写真を並べてみました。ニホンザルの方が尻尾が短く全体的に毛がふさふさとしているのが分かるかと思います。古語では「ましら」とも呼ばれ、現在一般的に用いられている「さる」へと変化したという説がある一方、南方熊楠はインドの摩頭羅（まづら）国が「ましら」の語源であり、元来は「さる」ということばが使われていたと考えていたようです¹。ニホンザルの祖先のものと思われる最古の化石が見つかっているのはおよそ50万年前の地層とされています²。この化石は50万年よりもずっと新しいという見解もありますが、ヤポネシア人が日本列島に到達するはるか前に日本列島に生息していたことは間違いないようです。したがって、日本語では「さる」＝ニホンザルという認識が長く続いていたと考えられます。

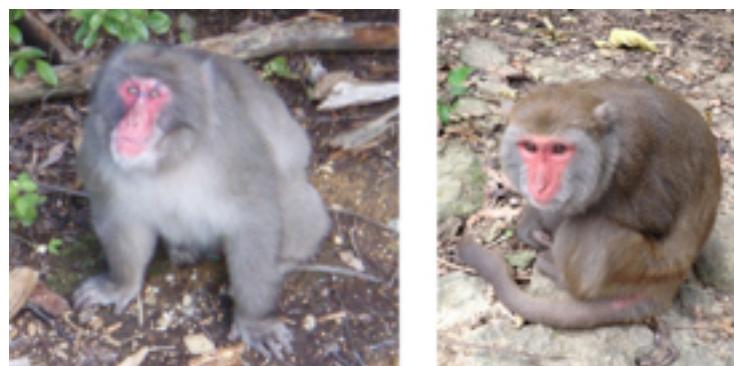


図1) 左：ニホンザル（京大靈長研）、右：タイワンザル（台湾高雄市）

マカク属 (genus *Macaca*) は（研究者にもよりますが）24種からなるとされています。南アジア、東南アジア、東アジアを中心にアフリカとヨーロッパの一部にまで生息域をもち多様な表現型をもつ、生態学的に成功したといえるグループです。多くの種からなるグループですが、多くの種間交雑が過去から現在にかけて起こっていることが示されています。日本でも、紀伊半島におけるニホンザルとタイワンザルの交雫、房総半島におけるアカゲザル (*M. mulatta*) の交雫が社会問題となっています。インドシナ半島ではこれらよりも系統が離れているカニクイザル (*M. fascicularis*) とアカゲザルとの交雫が普遍的に起こっています。これらは広い範囲で交雫域を形成しており、このほかにも雑種を形成する種の組み合わせが多く知られています。過去には飼育下で人工的に雑種を作るということが試みられたこともありますが、現在ではこのような実験は動物愛護と種の保全の観点からは認められていません。これらの特徴から、マカク属のサルは、雑種形成と種分化という進化生物学上の重要なテーマを研究するために重要な材料となっています。現生人類の成立過程においても、ネアンデルタール人やデニソワ人との混血（交雫）が、無視できない影響をもっていることが近年のゲノム解析の結果から分かっています。

私が代表を務めるヤポネシアゲノムB03班の研究テーマのひとつに、「性染色体の遺伝情報を利用したヤポネシア人の歴史の解明」というものがあります。男性・女性が特徴的にもつゲノム領域の

進化を解析することにより、渡来における男女比の違いや、子供を残すことのできた人の男女比の違いなどを知ることができます。これまでの研究ではおもに女性のみに伝えられるミトコンドリアゲノムや男性のみに伝えられるY染色体の解析が行われてきましたが、私は、組換えがおこり女性の影響が強いX染色体の解析が重要と考え、研究を進めています（Yaponesian第2巻なつ号の表紙で図を紹介しています）。ヤポネシア人の解析にこの手法が適用できるかどうかを検討するために、雌雄間の移住に関わる性差が大きい（主として雄が群れの間を移動する）マカク属のサルを題材に、本手法が有効に使えるかどうかについての検証を行いました。

先日、私たちの研究グループはマカク属のサルを広く材料に用いたX染色体の進化様式についての研究成果をGenome Biology Evolution誌に発表しました³。このなかにはニホンザルのゲノム解析結果も含まれていますので、本稿ではニホンザルの歴史を中心に、論文の内容を紹介させていただきます。

マカク属のなかで、ニホンザルは、アカゲザル、タイワンザル、ニホンザルの3種からなる*mulatta*グループ（もしくはカニクイザルをさらに加えた*fascicularis*グループ）に分類されています。ところが、これら3種の系統関係はこれまでの遺伝学研究では明らかになっていませんでした。過去に行われたミトコンドリア遺伝子の研究では、ニホンザルはインドのアカゲザルよりも中国のアカゲザルに近いという結果が得られています⁴。つまりミトコンドリアゲノムでは、ニホンザルの遺伝的多様性はアカゲザルの遺伝的多様性のなかに含まれてしまっています。このようなパターンは他のマカク種でも頻繁にみられ、その原因として、nuclear swampingというモデルが提唱されています。これは、マカク属では雄が主として集団間の移住・交雑に関わるため、メスを通して伝えられるミトコンドリアゲノムはもとの集団の遺伝的特徴を残して受け継がれる一方、核ゲノムは移住元の集団のゲノムによって置き換えられてしまうというものです。この仮説は興味深いですが、集団遺伝学理論に基づいた統計手法による仮説検定は行われておらず、それがどれだけ確からしいかどうかについてはよく分からない状態でした。

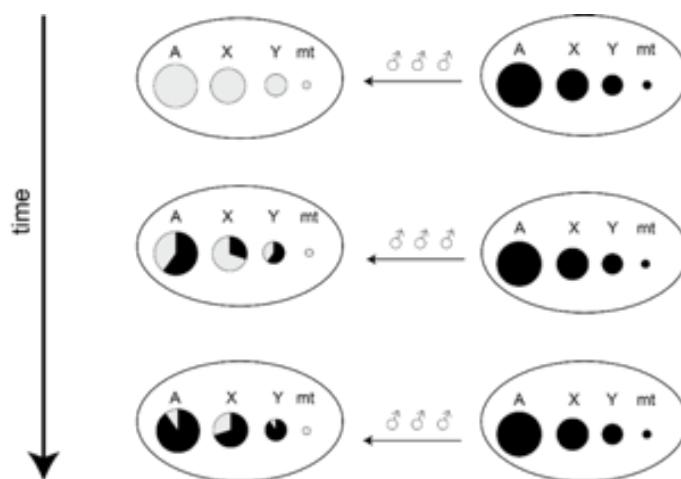


図2) Nuclear swampingモデルを表す模式図。右の集団から左の集団に継続的に雄特異的な移住が起こると、常染色体ゲノムの置き換えが起こるが、ミトコンドリアゲノムとX染色体ゲノムはより強くもとの遺伝的特徴をもつ。A、X、Y、mtはそれぞれ、常染色体、X染色体、Y染色体、ミトコンドリアのゲノムを表す。

この問題を解決するために、私たちはニホンザル、タイワンザルのゲノム配列を新たに決定し、常染色体、X染色体、ミトコンドリアゲノムの解析を行いました。ミトコンドリアゲノムの解析では、これまでの報告と同様にニホンザル・タイワンザルはインドのアカゲザルではなく中国のアカゲザルとクラスターを形成することが分かりましたが、核ゲノムの解析では、*mulatta*グループの共通祖先からニホンザル、タイワンザルの順に分岐し、アカゲザルは種の分類通り単系統群を形成するということが分かりました。しかし、種間の交雑を解析するための f_4 統計量を用いた解析では、ニホンザル・タイワンザルはインドのアカゲザルよりも中国のアカゲザルにより近縁であるという結果が得られました。この傾向は中国のアカゲザルのなかでも均一ではなく、雲南省、河南省といった中国のアカゲザル集団の生息域の辺境領域ではニホンザル・タイワンザルとの近縁性が低いということもわかっています。さらに興味深いことに、この傾向は常染色体よりもX染色体のほうで強くなっていることが示されました。このパターンはミトコンドリアゲノムで見られるパターンに非常に近くなっています、nuclear swampingモデルによって予測される結果と一致します。このモデルが正しければ、現在の中国のアカゲザル集団は、インド集団と分岐したのち、当時中国南東部に生息していたニホンザル・タイワンザルの近縁集団（現在生息していないゴースト集団と思われます）に対して雄が中心となった遺伝子流入が行われ、核ゲノムがアカゲザルのものに入れ替わって成立したことになります。このように、これまで単純な分岐過程により進化してきたと考えられてきた霊長類においても、近年の古代ゲノム解析によって明らかになった人類集団の大規模な置換のように、ダイナミックな集団の交雫や置換が起こったことが示唆されました。

しかし、このように複雑な進化過程が実際に起こっていたとすると、化石などの証拠と整合性のある進化モデルを構築することが非常に困難になります。Hernandezらが行った核ゲノム解析では、アカゲザルの中国集団とインド集団との分岐はおよそ16万年前に起こったと推定されていますが、ミトコンドリアゲノムのデータからはずつと遅い年代が推定されています。また、現生のニホンザルとタイワンザルとのあいだにも過去の交雫の証拠がみられます。ニホンザル・タイワンザル由来のゴースト集団がどこに生息していたのか、ニホンザルの祖先集団はいつ、どこから日本列島にやってきたのか。ニホンザル集団のゲノムは、恐らく最終氷期に起こった急激な人口減少のために、非常に小さい遺伝的多様性しかもっていませんので、過去の複雑な進化の歴史の証拠があまり残っていないという欠点もありますが、今後、さらなる詳細なゲノム解析によって、複雑なニホンザルの歴史が明らかになっていくでしょう。

今回発表した論文では、*mulatta*グループ内のものだけではなく、グループ間で起こった交雫についての解析も行い、X染色体の解析が複雑な生物進化の歴史を明らかにすることを示しました。今後は、本研究で確立した手法をヒト集団に適用し、ヤポネシア人の成立の詳細な過程について迫っていきたいと考えています。

引用文献

1. 南方熊楠 (1994) 十二支考 (下) . 岩波文庫.
2. 相見満 (2020) 最古のニホンザル化石. 霊長類研究 2002, 18:239-245.
3. Osada N, Matsudaira K, Hamada Y, Malaivijitnond (2020) Testing sex-biased admixture origin of macaque species using autosomal and X-chromosomal genomic sequences. *Genome Biology and Evolution* 13 (1). doi:10.1093/gbe/evaa209
4. Hayasaka K, Fujii K, Horai S (1996) Molecular phylogeny of macaques: Implications of nucleotide sequences from an 896-base pair region of mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution* 13:1044-1053.
5. Hernandez R. D. et al (2007) Demographic histories and patterns of linkage disequilibrium in Chinese and Indian rhesus macaques. *Science* 316:240-243.

ソフトウェア紹介8：主成分分析のためのソフトウェア

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)

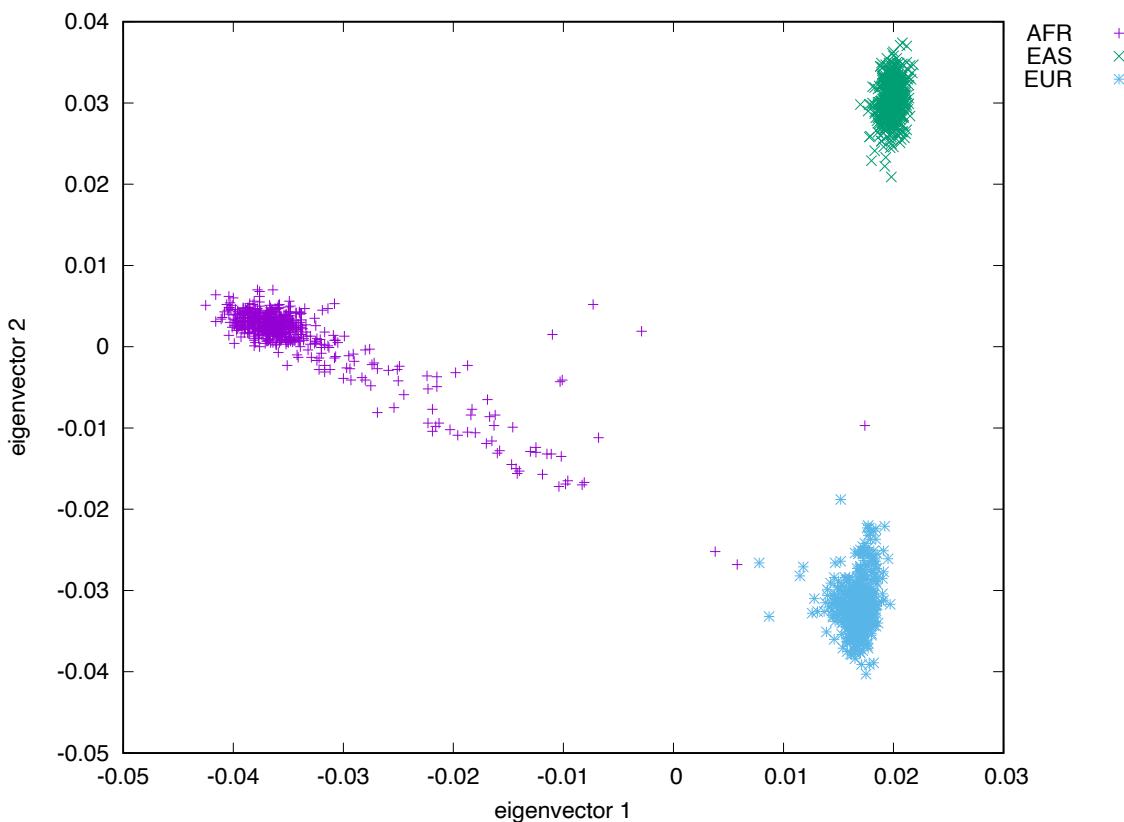
主成分分析 (Primary Component Analysis : PCA) は多変量解析の一種で、多次元からなるデータから、データのばらつきを最もよく表す主成分を変換し、次元を減らして新たな座標を与えるものです。主成分分析がよく使われる原因是、第一主成分と第二主成分を用いてデータのばらつきを2次元平面で視覚化を行なうときです。第一から第三主成分を用いて3次元での表現も使われることもあります。元となるデータは行列の形をしていて、行にサンプル、列に計測値や観測値が並ぶ形になっています。主成分分析は様々な分野で使用されます。たとえばヒト集団の違いを見たり、化石の骨がどのグループの人類集団に属するかなどを議論するのに、骨や歯の計測値を用いて主成分分析を行ない、2次元平面上におけるサンプルの分布の様子を見て議論します。ヒト集団において古典的遺伝子マーカーを使った主成分分析も行なわれてきました（引用文献1）。古典的遺伝子マーカーでは、データは集団の頻度になるので、サンプルは集団単位になる解析がほとんどです。近年のゲノムワイドなSNPを用いた解析ではデータはそれぞれの個体の遺伝子型となるので、サンプルを個体単位とした主成分分析が可能になりました。今回のソフトウェア紹介では、ヒトのSNPを使った主成分分析に使われるソフトウェアのsmartpcaを紹介します（引用文献2）。

smartpcaが含まれるパッケージはEIGENSOFTと呼ばれ、本来はゲノムワイド関連解析のために開発されたという経緯があります。smartpcaは計算が早いという特性があり、何百万ものSNPについて数千のサンプルサイズでPCAを行うことが可能です。ゲノムワイドSNPを用いた主成分分析では、染色体上で近隣に位置するSNP同士の連鎖不平衡 (Linkage Disequilibrium : LD) があるとSNP同士が独立ではなくなるので解析に不都合です。smartpcaはLDを補正する方法を実装していますが、計算時間の節約のために現実的には強いLDにないSNPの組み合わせを抽出して主成分分析を行うケースがよくあります。ヒトのように連鎖不平衡のブロック (LDブロック) の長さが既知であれば、LDブロックの長さごとに1つのSNPをランダムに抽出して、強いLDにないSNPのセットを抽出可能です。LDブロックの長さが既知ではない生物のデータでも、SNP同士のLDを計算し、強い連鎖不平衡にないSNPのセットの抽出の仕方があります。この手順をLD pruningと呼びます。LD pruningではソフトウェア紹介6で登場したPLINKが使用されます（引用文献3）。

smartpcaでは入力に使用するデータのフォーマットは独自のEIGENSTRAT formatを用いていて、サンプルのそれぞれのSNPの遺伝子型が記述される「.geno」が拡張子のジェノタイプファイル、「.snp」が拡張子のSNPリストのファイル、「.ind」が拡張子のサンプルリストの3種類からなります。3種類のファイルが必要なところは、PLINKのPEDファイルと似ています。実際にEIGENSOFTに含まれるツールにconvertfというプログラムがあり、これを使用することでPEDファイルをEIGENSTRATファイルに変換することができます。smartpcaもconvertfも引数にパラメータファイルを指定します。パラメータファイルに解析の対象となるファイルのパスやオプションを記述することになります。オプションでは例えば主成分をいくつまで出力するかを指定できます。デフォルトではsmartpcaは第十主成分まで出力します。smartpcaは欠損値 (missing data、塩基が決定されていないSNP) があると、そのSNP座位におけるサンプル全体の平均頻度に置き換え、計算を行います。この方法では、古代ゲノムのような欠損値が多いサンプルが解析対象に含まれる時に問題となります。smartpcaにはこのような時に重宝されるオプションとして、lsqprojectがあります。このオ

ーションが有効になると、主成分の計算には現代サンプルのような欠損値が少ないサンプルのみが用いられ、得られた主成分に欠損値が多いサンプルからジェノタイプされたSNPを用いてプロジェクトーションすることで、欠損値の問題を回避します。

EIGENSOFTに含まれるプログラムにはplot eigがあり、これを使用することで、smartpcaの出力結果を用いて、ふたつの主成分による2次元平面の散布図を出力することができます。plot eigは描画ソフトのgnuplotを呼び出してpsファイルやpdfファイルを出力するプログラムなので、gnuplotがあらかじめインストールされていないと実行できない点に注意が必要です。下の図はヒトの21番染色体を用いて、1000 genome projectに含まれるアフリカ系集団(AFR)、東アジア系集団(EAS)、ヨーロッパ系集団(EUR)の3集団を対象にsmartpcaを使って解析した結果です。SNPはLD pruningをしており、 $r^2 < 0.1$ となるようなSNPの組み合わせからSNPが抽出されています。また図はplot eigを使用して作成しました。横軸は第一主成分、縦軸は第二主成分です。この図からは、AFRとEASとEURはそれぞれのグループとして認識できます。またAFRのいくつかの個体はAFRの個体が多く分布する左中央から2次元平面上でEURの方向に離れて位置しています。これらの個体はEURの集団と混血している可能性が示唆されます。



引用文献

1. Menozzi, P. et al. (1978) Synthetic maps of human gene frequencies in Europeans. *Science* 201: 786
2. Patterson, N. et al. (2006) Population structure and eigenanalysis. *PLoS Genetics* 2: e190.
3. Purcell S. et al. (2007) Plink: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics* 81: 559.

研究室めぐり

太田博樹（A04班研究代表者・

東京大学大学院理学系研究科 生物科学専攻 ゲノム人類学研究室）

私が本郷へ異動し「ゲノム人類学」の看板をかかげて研究室がスタートしたのが約2年前の2019年4月でした。引っ越ししてきた当初は、前勤務先の北里大学・修士課程1年の谷野彰勇くん、所谷敬司くんの2名と、当時ポスドクだった和久大介さん（現・東京農大 助教）、秘書の平本万里子さん、これに本学4年生だった久我明穂さん（現・修士課程1年）の6名でのスタートでした。現在は新たに参加した高木世里さん、本学4年生の堀川武志くん、助教の小金渕佳江さんと私の8名でやっています。

私たちの研究室のある理学部2号館は、関東大震災後に建てられた本郷キャンパスでも最も古い建物の1つです。古くて趣があり昔から私はこの2号館がとても好きなのですが、なにしろ古いので、私が赴任した直後、たとえば実験室の水道や配管は使えない状態でした。ですので、研究室の立ち上げは、これらを修繕するところから始まりました。現代のヒトや生物のDNAを扱う実験室が2019年の夏ごろに完成し、2020年1月に「古代ゲノム解析専用クリーンルーム」が完成、いよいよ本格的にラボ始動！と意気込んでいたところにコロナ禍がやってきました。

3月、卒業式はなんとかとりおこなわれましたが、おおくの学生が不自由を強いられました。卒業式の日の記念写真を見ていただくと、1名、パソコンの画面から参加している者がいます。この日、微熱があった所谷くんは、私から自宅待機を言いわたされ、ネットで記念撮影に加わったのでした。



理学部2号館に新設した古代ゲノム専用クリーンルーム

4月、琉球大学の石田肇先生、木村亮介先生の研究室にいた小金渕さんが、私たちの研究室に助教として移つてくれました。ですが、ちょうど緊急事態宣言のまっただ中で、東京へ来たものの、自宅に閉じこもるしかない大変な状況で、トンデモないスタートとなってしまいました。それでもナントカ小金渕さんは、4年生や院生達の指導を、オンラインでこなしてくれました。

現在、私たちの研究室では、古代ゲノム解析を中心に据えたヒトの進化・

多様性の研究を進めています。分析対象は古人骨だけでなく糞石（ウンチの化石）や古代土壌にも広げ、古人骨ゲノム、糞石ゲノム、古代土壌ゲノムなどの解析を進めています。

糞石ゲノム解析では、縄文人が何を食べていたか、糞石から探ろうという試みで、谷野くんが良い結果を出してくれています。古人骨ゲノム解析では、縄文文化をもつ人々の人骨を対象にしたdeep sequencingを複数個体について進めています。これらの成果については、いずれ『ヤポネシアゲノム』の研究会でも、お話しできることだと思いますのでご期待下さい。



遺跡めぐり：史跡 面縄貝塚 (新里亮人 熊本大学 埋蔵文化財調査センター)

沖縄本島の北側に浮かぶ徳之島は、600mほどの山地とサンゴ礁に由来する琉球石灰岩で構成される島です。その最南にある面縄（おもなわ）貝塚は、縄文時代から琉球王国時代（7000年前～500年前）にかけての遺跡で、これまでの発掘調査によって、海に面する砂丘地で生活が営まれ、琉球石灰岩の崖下が埋葬地として利用されたことが明らかとなっています。遺跡の目の前に広がるサンゴ礁の浅海は、貝や魚類など食料資源を提供し、こうした景観は琉球先史時代遺跡の典型ともいわれます。

昭和3年（1928年）の発見以来、三宅宗悦や国分直一などによる学術調査が行なわれ、4地点に遺跡が点在していることが明らかにされました（第1貝塚～第4貝塚）。この貝塚からは南九州や沖縄と類似した土器が発見され、奄美群島が両者の関係を結ぶ重要な地域で、南九州の縄文文化と関連して個性豊かな文化が花開いたと結論付けられました。発見された土器は後年、面縄前庭式（縄文時代後期＝貝塚時代前3期）、面縄東洞式（縄文時代後期＝貝塚時代前4期）、面縄西洞式（縄文時代晩期＝貝塚時代前5期）、兼久式（古墳時代後期～古代＝貝塚時代後2期）と名付けられ、琉球列島を代表する土器としてよく知られています。

その後の調査によって、砂丘地のほぼ全域で遺跡が良好に残存しており、サンゴ礁の礁池と砂丘の形成と関係して3500年前を境に遺跡の範囲が海側へと拡大していく経過が判明しました。その重要性から遺跡の一部は2017年2月に国史跡に指定されています。

遺跡の西側にあたる琉球石灰岩段丘崖下の洞穴や岩陰は、主に葬地として利用されており、遺構からは包蔵状態が良好な人骨が検出されています。洞穴内の石棺墓内には、供献土器（仲原式：貝塚時代前5期）を伴った老年の女性が仰臥伸展葬（あおむけ）の状態で埋葬されていました。人骨の年代測定は未実施ですが、供献土器に付着した炭化物の放射性炭素年代は 2688 ± 28 BPでした。近年出土した人骨については年代測定が行なわれており、石棺墓の北側集石より検出された大腿骨片は $2753-2540$ calBP (2σ)、洞穴外の崖下Cトレンチ東側IV層から出土した壮年男性の頭骨は $2845-2756$ calBP (2σ) の結果が得られました。

少なくとも2800年前には段丘の崖下が葬所として利用されていたことがわかります。

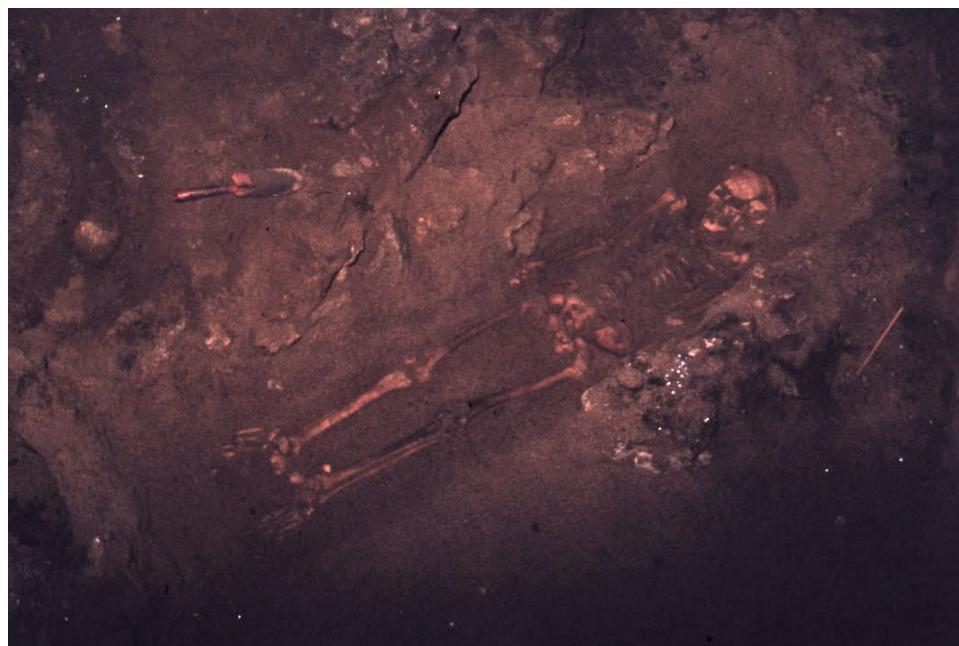
発見された頭蓋骨は、琉球列島における先史時代人の特徴（過短頭、低眼窓、高鼻骨）を備え、風習的抜歯の痕跡もあるとされています。そのうち一つはDNA分析中とのことです。この遺跡には南九州の縄文土器や弥生土器（春日式、山ノ口式）が搬入されていますが、九州との交流関係は面縄貝塚人に遺伝的影響を与えたのでしょうか。DNA分析の結果が待ち遠しいところです。

引用文献

- 新里亮人（編）(2016)『面縄貝塚総括報告書』伊仙町埋蔵文化財調査報告書16 伊仙町教育委員会.
竹中正巳 (2016)「徳之島面縄第1貝塚から出土した人骨」『面縄貝塚総括報告書』伊仙町埋蔵文化財調査報告書16 伊仙町教育委員会 142~149頁.



面縄貝塚を上空より望む（南より）



洞穴内で発見された老年女性人骨（東より）

ことばめぐり

国立アイヌ民族博物館のアイヌ語創出の試み

中川裕（B02班研究分担者：千葉大学）

2020年7月、北海道白老町に民族共生象徴空間（ウポポイ）が開設されました。その一角を成するのが、国立アイヌ民族博物館です。アイヌ語名を *an=ukokor aynu ikor oma kenru* と言います。同博物館と、同じくウポポイの施設である国立民族共生公園では、その施設・設備のほとんどにアイヌ語名が付されています。実際には付されているという言い方は正確ではありません。博物館HPの「博物館について」というページには、「館内および展示室の解説パネルや表示には、アイヌ語による表示を行っています。アイヌ語は、第一言語として最初に表示しています。」と明確に書かれており、それぞれの表示・展示解説は、最初に書かれているアイヌ語が原文なのであって、日本語はその訳文という位置づけになっています。

もちろん、これは今のところ努力目標であって、そもそも博物館のHP自体、日本語、英語など7言語（7表記）のバージョンがありますが、アイヌ語バージョンがないことを見ても、まだ第一言語の位置を占めているとは言えません。しかし、このような努力目標を掲げて、それを実践しようとしているところに大きな意味があるのです。

その意味のひとつは、言語計画の分野で言う威信（prestige）ということに関わります。アイヌ語が消滅の道をたどった大きな要因のひとつは、アイヌ民族の経済的基盤が政府によって破壊され、「日本人」として生きざるを得なくなった彼らが、自らの言葉を役に立たないものとして、自分の子孫たちに伝えないようにしてきたことにあります。社会的な差別がそれに拍車をかけ、自分がアイヌであることを隠し、アイヌ語が話せたとしても口にしないという時代が長く続きました。そこで、アイヌ自身にも周囲の日本人（和人）にも刻み込まれている、アイヌ民族およびアイヌ語の負のイメージを払拭することが、まずアイヌ語復興への第一歩となります。

つまり、アイヌ語をいわば準公用語的な形で使うことで、権威とプラスのイメージを与え、アイヌ語を使うことに抵抗を感じないような環境を作っていくというのが、威信という側面におけるこの試みの意義であり、国立の機関であるからこそ効果を発揮する試みなのです。実際に、現在アイヌ語を公共の場で、色々な形で使っていく企画が増えてきており、今後コロナの脅威が去って、多くの人が館を訪れるようになれば、アイヌ語の単語や表現が全国各地で自然に聞かれるようになる状況も夢ではありません。

しかし、それよりもさらに重要なのは、アイヌ語で文章を作り、それを使うという行為そのものです。静内（現新ひだか町）のアイヌの古老であり、アイヌ語を後世に残すことに尽力した故葛野辰次郎氏は、ことあるごとに「死保存」か「活保存」か、という問い合わせ私たちに投げかけました。学者が古老たちから聞き取りをして、それをテープに記録し、それで論文を書いただけでは、言葉を残したことにはなりません。どこかの大学の研究室にしまわれたテープ類は、中身がどんなに貴重なものであっても、「死保存」でしかありません。言葉は使われてこそ残ります。現在のアイヌ民族博物館のアイヌ語表示について、ネット上では「うそアイヌ語」「偽アイヌ語」などという批判の声もあるようですが、それは言葉を残すということを真剣に考えたことのない人たちの戯言にすぎません。創り出し続けなければ、言葉は死ぬのです。

アイヌ民族博物館のアイヌ語は、館内の研究員によって考え出されたものではありません。開館の3年前の2017年にアイヌ語の研究者とアイヌの代表による「アイヌ語表示・展示解説検討委員会」というものが作られ、その下にアイヌ自身を含むアイヌ語学習者・研究者による「表現・新語

検討ワーキング」というものが設けられました。さらにワーキング委員以外からも意見が募れるように、ネット上に「掲示板」という討議の場が作されました。実質的に、施設設備の名称や表示などは、すべてこのワーキングや「掲示板」で検討され、委員会に上げられてきました。委員会はそこで上がってきた案を検討し、たとえばワーキングで意見が分かれたものを調整するなどの作業を行ってきました。

私はこのアイヌ語表示・展示解説検討委員会の委員長（座長）を2年間務めましたが、私自身は一語も作っておらず、ただワーキングで揉まれてきたものを感心して眺めているだけでした。だから自画自賛ではなく、この活動全体を客観的に高く評価して、それを公言することができます。たとえば、「国立アイヌ民族博物館」をアイヌ語にするなどということは、ほとんど無謀に近いことのように思われますが、冒頭で挙げた *an=ukokor aynu ikor oma kenru* は、国立という部分を *an=ukokor* 「私たち（包括的・人称複数）が共に持つ」、アイヌ民族を *aynu* 「アイヌ」、博物館を *ikor* 「宝物」 *oma* 「入っている」 *kenru* 「建物（雅語的な表現）」と訳しているのであり、意味を十分に考えた上でアイヌ語で表現を行なった見事な例となっています。

さらに、展示の解説文もアイヌ語で表示してありますが、これはまた大変な作業で、基本的にはすべてアイヌの人たちに作文を行ってもらいました。もちろん、最初からアイヌ語ですら作文できるような人がそうそういるわけはありません。そこでおもに方言の近い地域の出身者同士何人かでチームを組んで、チームごとに担当の研究者がつき、アイヌ語作文のトレーニングを行いながら完成させるという方式をとりました。

私は首都圏在住の3名のアイヌの若い人たちとチームを組みました。もとより、最初の展示解説の原案は、館の展示を担当している専門家から提示されるのですが、原則として、その日本語をアイヌ語に訳すのではなく、それを元にして自分たちの考えをアイヌ語で発想していくという方針にしたので、次々に「私としてはこれは違うと思う」というような意見が出てきて、それを館に差し戻し、またそれに検討を加えていくというようなやり方で、大変な時間をかけて作り上げたものです。

そして重要なのはそのプロセス自体なのです。自分たちが言いたいと思ったことを、自分で単語やら文法やらを調べながら苦心して作り上げていく、このプロセスの積み重ねが、第二言語を身につけていく王道なのであり、話したり書いたりする場のほとんどないアイヌ語にとって、そのような場を作り出すということ自体が重要な意味を持つのです。

つまり、国立アイヌ民族博物館とウポポイはそういった使命を負っているのであり、常に新しいアイヌ語表現を創出する場であり続けなければいけないと私は考えており、機会があればそれを提言し続けているのです。



左の写真は
<https://nam.go.jp>のトップより

しまめぐり：八丈島

木部暢子 (B02班研究分担者 国立国語研究所)

八丈島は東京から約300km南に離れたところに位置し、古くは「鳥も通わぬ」と歌われ、「流人の島」として知られていました。東京から300kmというと、山形や金沢と同じくらいの距離です(図1)。地図で見るとそんなに遠いという感じはしませんが、伊豆諸島と八丈島の間には黒潮が流れています。昔は船で渡るのが困難なところでした。それでも、約7,000年前の縄文時代の竪穴式住居跡（湯浜遺跡）や約6,000年前の倉輪（くらわ）遺跡（人骨3体分、近畿関東系の土器、神津島産の黒曜石で作った矢じり、その他石器類が大量に出土）が見つかっており(林2013)、古くから海を渡ってきた、あるいは漂着した人たちがこの島で生活していました。平安時代には、保元の乱(1156)で伊豆大島へ流罪となつた源為朝（源頼朝、義経の叔父にあたる人。弓の名手として知られる）が大島から八丈小島へ渡り、そこで討たれたという伝説が残っています。

八丈島への最初の流人は、関ヶ原の戦いで西軍について敗れた備前岡山城主、宇喜多秀家です。秀家は関ヶ原の戦の後、同じ西軍の武将であった島津義弘を頼って薩摩に落ち延び、一時かくまわれますが、結局、徳川家康のもとへ引き渡され、慶長11年(1606)に八丈島へ配流となり、その後の生涯を八丈島で過ごしました。江戸時代には、流人のうち江戸（東日本）の



流人は伊豆諸島か八丈島へ送られることになっていました。最初のころは政治犯、思想犯が多かったようですが、幕末になると、賭博による罪人なども多くなったと言います。林(2013)によると、慶長11年(1606)から明治4年(1871)までの流人総数は2,000人弱で、在島者数は一番多い時で幕末の350人ほどだと言います（「伊豆国附島々様子大概書」によると、安永3年(1774)の島の人口(流人を除く)は4770人)。また、流人はあまり尊敬の対象にはなっていない(宇喜多秀家でさえ、尊敬の対象にはなっていない)と言います。流人が島の文化にどれだけ影響を与えたかは疑問ですが、幕府による流人の資料や流人が書いた島の生活記録などが残っていて(工藤 2019)、これらが島の重要な歴史資料となっています。

八丈島の名産といえば、黄八丈です。島の名前の由来にもなった、長さが曲尺(かねじやく)8丈(24メートル)の絹織物が、少なくとも室町時代初期には島で作られていました。鮮やかな黄色がとても印象的な織物ですが、この色を出すには、島の植物を切り出し、植物から色を煮出し、それに絹糸を漬けて干し、漬けては干しを繰り返し、灰汁に漬けたあと2~3年寝かすという作業が必要です。これらは今でもすべて手作業で行われていますので、黄八丈が高価なものも頷けます。



図4 黄八丈と八丈太鼓

ところで、八丈島とその南の青ヶ島で話されていることばが、2009年にユネスコの”Atlas of the World's Languages in Danger”(世界消滅危機言語地図)(第3版)で危機言語に指定されました。それまで、八丈のことばは日本語の方言のひとつと位置づけられてきました。それがひとつの言語として保存の必要性を指摘されたわけです。八丈語はなぜ、注目されたのでしょうか。それはおそらく、八丈語に万葉集の東歌の特徴(奈良時代の東国語)が残っているからだと思います。奈良時代の中央語(近畿語)は現代の日本語諸方言や琉球語に残っていますが、奈良時代の東国語は、今では八丈にしか残っていません。そのため、日本祖語を再建するときに、八丈語は大変重要な役割を果たすのです。Pellard(2012)(図5)では「?」が付いているものの、八丈語が日琉語の祖語に近い位置に置かれています。八丈語と万葉集東歌の共通点は、たとえば、次のような点です。

- (1) 形容詞の終止形を「アカキヤ(赤い)」「ナキヤ(無い)」と言う。「アカケ+ワ」「ナケ+ワ」が変化したもので、万葉集東歌の「~け」、例えば「つくはねのさゆるのはなの ゆ

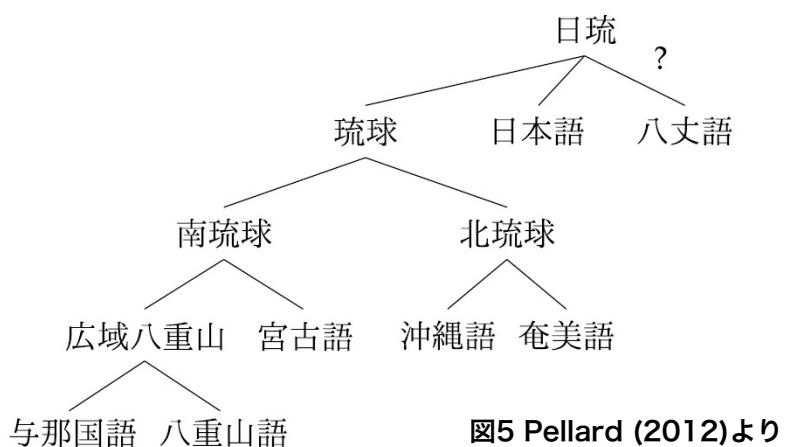


図5 Pellard (2012)より

ここにもかなしけいもそひるもかなしけ（筑波の嶺のさ百合の花のように夜の寝床でもいとい妻は、昼間でもいといしい）」（4369番）の「～け」の流れを引くものである。

- (2) 連体形が「アメガ フロ ヒニヤ（雨が降る日は）」のように才段になる。万葉集東歌の「ゆこ さきに（行く先に）」（4385番）のような特徴を引き継ぐものである。
- (3) 係り結びが残っている。たとえば、普通の終止は「～ラ」だが、係り助詞「カ」が使われると文末が「～レ」となる。

ウノヒトガホントーノカネモチダラ（あの人人が本当の金持ちだ）

ウノヒトガカホントーノカメモチダレ（あの人こそ本当の金持ちだ）

このような八丈語の現在の姿を記録しておくために、国立国語研究所では2012年から八丈語の調査と記録活動を進めています。地元でも八丈語を残そうという活動が大変活発になり、2014年には八丈町主催の「日本の危機言語・方言サミット IN 八丈島」が開催されました。これがもとになって、2015年からは文化庁主催の「危機的な状況にある言語・方言サミット」が各地で開催されています。

現在は、新型コロナウイルスの影響で、島外から八丈島へ行くことが難しい状況にあります。八丈島では、3月6日に第1回八丈方言大会が開催される予定でしたが、延期になりました。早くコロナの影響が収まって、島へ行けるようになれば、と思っています。

文献

金田章宏（2001）『八丈方言動詞の基礎的研究』笠間書院。

工藤航平（2019）「八丈島流人アーカイブズの概要調査報告—都有形文化財「八丈民政資料」の伝来と構造—」『東京都公文書館調査研究年報』5.

https://www.soumu.metro.tokyo.lg.jp/01soumu/archives/0609r_report05_01.pdf

林薰（2013）「八丈語と八丈島の歴史」国立国語研究所『消滅危機方言の調査・保存のための総合的研究』八丈方言調査報告書』pp.89-95.

<http://kikigengo.ninjal.ac.jp/reports/Research%20Report%20on%20Hachijo.pdf>

Thomas Pellard（2012）「日琉祖語の分岐年代」（琉球諸語と古代日本語に関する比較言語学的研究）ワークショップ資料）.

<http://kikigengo.jp/nishihara/lib/exe/fetch.php?media=library:references:rkoj-pellard.pdf>

付記

八丈のことばと文化を八丈語で紹介した動画を2021年3月に国立国語研究所「危機言語DB」のページで公開します。是非ご覧ください。（URL：<http://kikigengo.ninjal.ac.jp/danwashiryo.html>）

私の好きなヤポネシアのうた

「cikap ta ku=ne rera ta ku=ne 鳥になりたい 風になりたい」
吉川佳見（千葉大学）

これは、アイヌの「うた」のジャンルのひとつである、ヤイサマ (yaysama) のなかのフレーズです。この一年は未曾有の災禍の中、会いたい人たちに会えない寂しさやもどかしさを感じながら過ごした方が、少なくなかったと思います。私も家族や友人に会えない日々を送り、この言葉に自分の心を重ねていました。

ヤイサマ（地域によってヤイサマネナ、ヤイサマネなどともいう）は、その時々の自分の気持ちを即興的に韻文にして歌ったもので、即興歌、抒情歌、哀傷歌などと訳されます。ヤイサマネナ (yaysamanena) という囁子詞が特徴的です。メロディーは各々が作るものですが、他人の歌であっても良いものは何度も歌われ、歌い継がれるそうです。

ヤイサマには、会ったときの歌、別れるときの歌、喜びの歌、悲しみや嘆きの歌などがありますが、なかでも恋歌と呼ばれるヤイカテカラ (yaykatekar) には、「cikap ta ku=ne rera ta ku=ne 私は鳥になりたい 私は風になりたい」というフレーズがよく出てきます。遠く離れた愛しい人に思いを馳せ、いますぐにでも、鳥になって会いに行きたい、風になって会いに行きたいという切ない心情があらわれています。

以下に、アイヌ語沙流方言話者の平賀サダモ氏によるヤイサマを一つ紹介します。ここでは、働きに出ている母親が故郷に残してきた子どもたちを思い、歌っているシチュエーションになっています。

yaysamanena	ヤイサマネナ	ヤイサマネナ
yaysamanena	ヤイサマネナ	ヤイサマネナ
yaysamanena	ヤイサマネナ	ヤイサマネナ
cikap ta ku=ne	チカブ タ ク・ネ	鳥になりたいなあ
rera ta ku=ne	レラ タ ク・ネ	風になりたいなあ
tapan te wano	タパン テ ワノ	ここから
ku=ki hopuni	ク・キ ホプニ	飛んでいく
ku=kor kotan un	ク・コロ コタヌン	私の村へ
ku=arpa rusuy	ク・アラパ ルスイ	行きたい
tananto otta	タナント オッタ	きょう
ku=kor hekattar	ク・コロ ヘカッタラ	わたしの子供たちは
nekon yaynu kor	ネコン ヤイヌ コロ	どう思い
nekon iki kor	ネコン イキ コロ	どう過ごして
oka nankora?	オカ ナンコラ？	いるかしら？
.. (中略)
ku=kor hekattar	ク・コロ ヘカッタラ	わたしの子供たちに
ku=nukar_rusuy	ク・ヌカン ルスイ	会いたくは
anak ki korka	アナク キ コロカ	あるけれど
rera he ku=ne	レラ ヘ ク・ネ	わたしは風でもなければ
cikap he ku=ne	チカブ ヘ ク・ネ	鳥でもない
.. (後略)

(田村すず子(1987)『アイヌ語音声資料4』pp.20-21より、一部表記変更
(歌詞の全文と音声は早稲田大学リポジトリ<http://hdl.handle.net/2065/5543>を参照。)

風や鳥のように自由になれる日が、一日も早く来ることを切に願います。

ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー

★2020年度(第3年度)

2021年3月2日(火)～3日(水) 第2回くにうみミーティング B03班研究代表者の長田直樹らが主催(すべてオンラインでの開催となりました) くわしくは以下のサイトをご覧下さい：

<https://yaponesian-kuniumi.jimdosite.com/第2回ヤポネシアゲノムくにうみミーティング/>

2021年3月3日(水) 13:05～15:15

くにうみ一般公開講演「ゲノム・言語から読み解くヤポネシア(日本列島)人の歴史」

くわしくは新学術領域ヤポネシアゲノムHP (http://www.yaponesian.jp/topic_list.php) をご覧下さい

2021年3月19日(金)～21日(日) 総括班会議・全体会議* (国立歴史民俗博物館) B01班研究代表者の藤尾慎一郎が主催

*新型コロナウイルス感染拡大の状況により、会場での講演と遠隔講演のハイブリッド方式となります。

★2021年度(第4年度)

2021年6月 総括班会議・全体会議(北海道内) A03班研究代表者の鈴木仁とB03班研究代表者の長田直樹が主催

2021年秋 増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(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総括班主催

2022年冬 総括班会議・全体会議(沖縄県内)

=====

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>

雑誌 *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・総括班研究分担者)、鈴木仁(A03班研究代表者・総括班研究分担者)、藤尾慎一郎(B01班研究代表者・総括班研究分担者)、木下尚子(B01班研究分担者)、遠藤光暉(B02班研究代表者・総括班研究分担者)、木部暢子(B02班研究分担者・総括班研究分担者)、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2巻ふゆ号

発行：2021年2月22日 印刷：2021年2月28日

人名索引

池尾一穂 2
石田肇 30
一色真理子 6
伊藤剛 2
井ノ上逸朗 2, 4
井上潤 4
今西規 2, 11
植田信太郎 2, 3
宇喜多秀家 35, 36
太田博樹 2, 3, 30
大橋順 2, 6
岡垣克則 14
岡崎健治 23
長田俊樹 3
長田直樹 2, 25
片岡宏二 23
加藤和江 11
鎌谷洋一郎 14
河田雅圭 2, 19
河合洋介 11, 14
神澤秀明 2, 4, 20
木部暢子 2, 35
木村貴文 11
木村亮介 2, 18, 30
葛野辰次郎 33
黒崎久仁彦 3
小金渕佳江 30
国分直一 31
五條堀淳 2, 3, 28
小林達雄 3
斎藤成也 2, 14, 17, 18, 22, 24
佐竹正博 11
鮫島秀弥 14
篠田謙一 1, 2, 4, 20
島尾敏雄 14, 18
島津義弘 35
新里亮人 2, 31
杉本竜太 4
鈴木仁 2
園田俊郎 14
高梨美乃子 11
高椋浩史 23
田村すず子 38
徳川家康 35
徳永勝士 11, 14
中岡博史 4
中川裕 2, 33
中島文明 11
中橋孝博 23
西内巧 2, 21
西尾美和子 11
西村瑠佳 4
橋本志歩 11
花田耕介 2
埴原和郎 15
平賀サダモ 38
藤岡大拙 14
藤尾慎一郎 2, 24
藤本明洋 2

舟橋京子 2, 22
ベルツ 15
本庶佑 3
牧角寛郎 14
松波雅俊 18
南方熊楠 25
源為朝 35
源賴朝 35
三宅宗悦 31
宮田茂樹 11
山口敏 15
吉浦孝一郎 18
吉川佳見 2, 38
米元史織 23
和久大介 30
渡部裕介 6
Timothy Jinam 2, 14, 18
Thomas Pollard 36

事項索引

アイヌ語 33, 34, 38
アイヌ人 14, 15, 17
青ヶ島 36
アカゲザル 25-27
威信 33
出雲 14-17
ウイルス 4
うちなる二重構造 14, 17, 22
ウポポイ 33, 34
オキナワ人 14-17
面縄貝塚 31
オンライン講座 24
係り結び 37
カニクイザル 25, 26
曲尺 36
甕棺遺跡 23
韓国人 15-17
漢族 15, 16
危機言語 36
黄八丈 36
ぐにうみミーティング 39
仰臥伸展葬 32
系統ネットワーク 17, 19
ゲノム人類学 30
神津島 35
古代DNA 3, 4
国立アイヌ民族博物館 33, 34
国立国語研究所 37
佐渡島 18
沙流方言 38
歯冠サイズ 23
四国地方 6
次世代シーケンサー 4
質量分析計 22
下田市 18
主成分分析 9, 13, 15, 19, 28
縄文人 4
ショットガンプロテオミクス 22
新型コロナウィルス 23, 24, 37, 39
関ヶ原の戦い 35
全ゲノムSNPデータ 6
ダイ族 15, 16
タイワンザル 25-27
炭化米 21, 22
対馬 18
統合失調症 20
東国語 36
徳之島 31
ドナー 11
名古屋 24
「二重構造」モデル 14
日本骨髄バンク 11
ニホンザル 25-27
バイオバンクジャパン 14, 15, 19
八丈小島 35
八丈語 36
八丈島 35
八丈町 37
ハプロタイプ 11
ヒト白血球膜抗原 11
ファージ 5
プロテオーム 21
文化庁 37
糞石ゲノム 31
ベトナム人 15, 16
福井県 11
保元の乱 35
マカク属 25, 26
枕崎 14-17
摩頭羅 25
万葉集 36
ミトコンドリアゲノム 26, 27
宮古島 18
港川遺跡 3
民族共生象徴空間 33
ヤイカテカラ 38
ヤイサマ 38
ヤクザル 25
ヤマト人 14-18
ユネスコ 36
湯浜遺跡 35
琉球王国 31
流人 35, 36
連鎖不平衡 28
Admixture 16, 19
ADH 20
ALDH2 20
CHB 6
CT89ウイルス 4
EIGENSOFT 28
 F_{ST} 20
HLA 11
LD 28
NHK 24
PCA 9, 28
PLINK 28
smartpca 28
SNP 28, 29
VMAT1 19
X染色体 26, 27

新学術領域ヤポネシアゲノム
季刊誌
第2巻ふゆ号
2021年2月発行