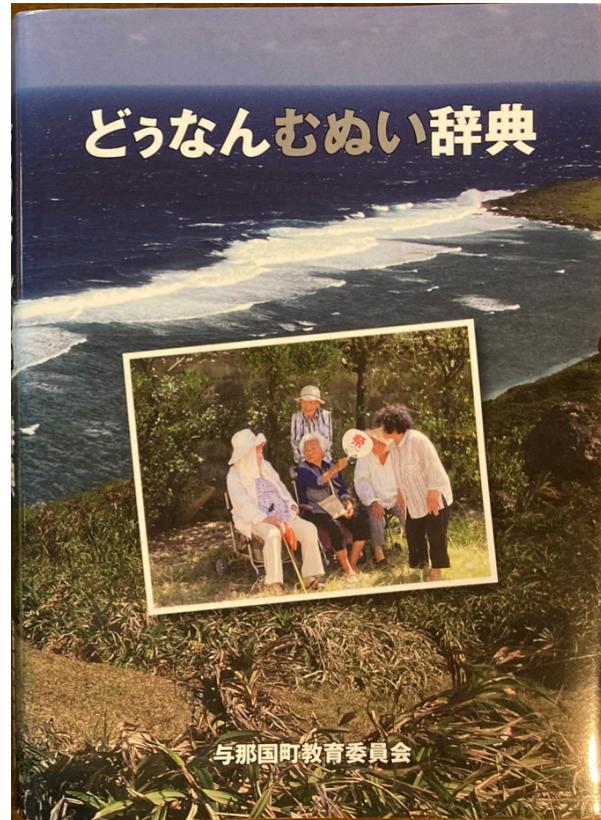




新学術領域研究
ヤポネシアゲノム 季刊誌

第3巻なつ号
2021年8月

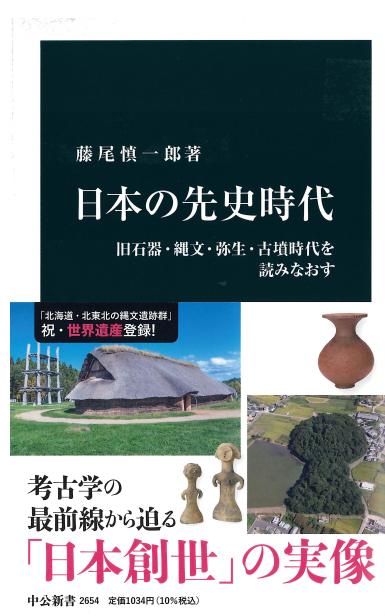


哺乳類の生物地理学

増田隆一—[著]



東京大学出版会



Online ISSN 2434-2955

Yaponesian

第3巻 なつ号

2021年8月 刊行

目次＋表紙カバーの説明	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：佐藤洋一郎 ふじのくに地球環境史ミュージアム 館長	3頁
著書紹介1：『フィールドと文献から見る日琉諸語の系統と歴史』(木部暢子ら編、開拓社, 2021)	4-6頁
著書紹介2：『どうなんむぬい辞典 第2版』(中澤光平監修、与那国町刊、2021)	6-7頁
論文紹介1：遠藤光暉 (Anthropological Science掲載；『三国史記』のいくつかの地名の地理分布)	8頁
論文紹介2：水野文月 (Scientific Reports掲載；港川人mtDNA)	9-12頁
論文紹介3：増田隆一 (Mammal Study掲載；ハクビシン)	12-16頁
論文紹介4：覚張隆史 (Communications Biology 2020年掲載；伊川津古代人のゲノム解析)	16-19頁
論文紹介5：山田康弘 (Journal of Archaeological Science掲載；サメに襲われた縄文人)	20-21頁
研究紹介1：細道一善 (2021-2022年度公募研究A04班研究代表者)	22-23頁
研究紹介2：菅 裕 (2021-2022年度公募研究A04班研究代表者)	24-25頁
研究紹介3：山岡吉生 (2021-2022年度公募研究A04班)	25-27頁
研究紹介4：セリック・ケナン (2021-2022年度公募研究A04班研究代表者)	27-29頁
研究紹介5：瀧上舞 (B01班研究協力者)	30-31頁
ソフトウェア紹介10：藤本明洋 (B03班研究代表者)	32-33頁
研究室めぐり：木村亮介 (2019-2020年度&2021-2022年度公募研究A04班)	34-35頁
遺跡めぐり1：藤尾慎一郎 兵庫県の弥生時代遺跡	36-41頁
遺跡めぐり2：竹中正巳 鹿児島県の縄文時代遺跡	41-42頁
動植物ゲノム紹介：ソバゲノム フォーセット・ジェフリー (2021-2022年度公募研究A04班研究代表者)	43-44頁
ことばめぐり：海の民・歲と和邇氏 (遠藤光暉)	45頁
しまめぐり：サハリン島 (白石英才 札幌学院大学教授)	46-47頁
わたしの好きなヤポネシアのうた：坂本稔 (B01班研究協力者)	48-49頁
「アジア・アフリカ地理言語学研究」プロジェクトの開始 (遠藤光暉)	50頁
ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー・奥付	51頁
人名索引・事項索引	52頁

表紙カバーの説明

左上：『フィールドと文献から見る日琉諸語の系統と歴史』の表紙（本誌4-6頁を参照ください）

右上：『どうなんむぬい辞典 第2版』の表紙（本誌6-7頁を参照ください）

左下：『哺乳類の生物地理学』の表紙（本誌12-16頁を参照ください）

右下：『日本の先史時代』の表紙（本誌2頁を参照ください）

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）

残暑きびしいなか、皆様いかがおすごしでしょうか？新学術領域ヤポネシアゲノムも残すところ1年半ほどになりました。本新学術領域「ヤポネシアゲノム」の季刊誌Yaponesian第3巻なつ号をお届けします。今回のリレーインタビューは、ふじのくに地球環境史ミュージアム館長佐藤洋一郎先生にお願いしました。研究成果としては、単行本が続々と刊行されております。このなつ号の表紙を飾る4冊のうちの3冊は、今年になって刊行されたものです。そのうちの『フィールドと文献から見る日琉諸語の系統と歴史』と『どうなんむぬい辞典 第2版』は本号でそれぞれ木部暢子（B02班の研究分担者）と、今年度から公募研究の研究代表者として本新学術領域「ヤポネシアゲノム」に参加した中澤光平が紹介しています。またB01班研究代表者の藤尾慎一郎（国立歴史民俗博物館教授）によって本日（8月25日）に刊行されたばかりの『日本の先史時代』の表紙もおめみえしています。藤尾によれば、「本書は、旧石器から縄文、縄文から弥生、弥生から古墳の移行期を中心に、歴博総合展示第Ⅰ室の内容に即して書いたものです。縄文から弥生への移行期以外は、旧・現歴博の教員の研究に準じ、展示場や資料の写真は、歴博の全面的な協力を頂きました」とのことです。

今回は5編の論文紹介があります。論文紹介1は、日本人類学会の機関誌であるAnthropological Scienceに今年3月に掲載されたヤポネシアゲノム特集号論文のひとつであり、B02班研究代表者の遠藤光暉による、朝鮮半島に残る地名から日本語の起源地を考察した論考です。論文紹介2は、今年度から公募研究の研究代表者として本新学術領域「ヤポネシアゲノム」に参加した水野文月による、港川人のミトコンドリアDNAゲノム配列を報告した論文です。論文紹介3は、B03班の研究分担者である増田隆一による、ミトコンドリアDNAの配列解析からハクビシンの台湾渡來說を論じた論文です。論文紹介4は、研究協力者の覚張隆史博士（金沢大学文学部）による、愛知県伊川津貝塚の縄文系の人々の古代ゲノム解析結果を報告した論文です。論文紹介5は、B02班の研究分担者である山田康弘による、サメに襲われた縄文人についての報告です。発掘そのものはずっと以前におこなわれたのですが、今回人骨に残る多数の傷からサメによるものだと特定されました。海でサメにおそわれた縄文人と、彼を助けようとした同じ村の人々。当時のなまなましい状況がうかがわれます。

今回は、研究紹介も5編あります。研究紹介1は、今年3月まで公募研究に参加していた細道一善による、HLA（ヒト白血球抗原）ハプロタイプの詳細な解析の紹介です。研究紹介2は、今年度から公募研究の研究代表者として本新学術領域「ヤポネシアゲノム」に参加した菅裕による、ウルシゲノム研究の紹介です。研究紹介3も同じく今年度から公募研究の研究代表者として参加した山岡吉生による、ピロリ菌ゲノムの系統関係からみえるヤポネシア人の起源についての研究の紹介です。研究紹介4も同じく今年度から公募研究の研究代表者として参加したセリック・ケナンによる、琉球語の方言についての研究の紹介です。研究紹介5は計画研究B01班の研究協力者である瀧上舞による、放射性炭素年代測定についての研究の紹介です。

これらのほか、2019年度からずっと公募研究の研究代表者をしている木村亮介による研究室めぐり、藤尾慎一郎と竹中正巳によるふたつの遺跡めぐり、今年度から公募研究にさんかしたジェフリー・フォーセットによるソバゲノムの紹介、遠藤光暉によることばめぐり、白石英才（札幌学院大学教授）による樺太島の島めぐり、坂本稔によるわたしの好きなヤポネシアのうたと、もりだくさんの内容となっております。楽しんでいただけることを期待しております。

Yaponesian

リレーインタビュー

イネからクスノキまで

佐藤洋一郎 博士 (ふじのくに地球環境史ミュージアム 館長)

今回は、ふじのくに地球環境史ミュージアムの佐藤洋一郎館長にインタビューしました。佐藤先生は京都大学農学部を卒業後同大学の大学院で修士号を取得されました。高知大学農学部助手、国立遺伝学研究所研究員を経て1994年から静岡大学農学部助教授に着任されました。三島では斎藤と三年間重なっていました。2003~2013年には総合地球環境学研究所の教授・副所長を歴任されました。その後京都産業大学教授、人間文化研究機構理事を経て、2019年からは、京都府立大学文学部特別専任教授になっておられます。2021年度から初代の安田喜憲館長に続いて、ふじのくに地球環境史ミュージアムの館長に就任されました。

これまでに多数の書籍を刊行されており、斎藤が持っているものだけでも『米の日本史』(2020年、中公新書)、『食の日本史』(2016年、中公新書)、『よみがえる縁のシルクロード』(2006年、岩波ジュニア新書)、『くすのきと日本人—知られざる古代巨樹信仰』(2004年、八坂書房)、『DNA考古学のすすめ』(2002年、丸善ライブラリー)、『縄文農耕の世界』(2000年、PHP新書)、『稻のきた道』(1992年、裳華房ポピュラーサイエンス)があります。

新学術領域「ヤポネシアゲノム」のきっかけは、佐藤先生が人間文化研究機構理事をされていたときに、国立国語研究所の木部暢子先生・国立歴史民俗博物館の藤尾慎一郎先生と3人で訪問し、構想を議論したことでした。対談では、当時の思い出話のほか、博物館のありかた、イネ栽培化の起源地に関する論争、かつて一世を風靡した「東亜半月弧」が支持されておらず、さらには栽培植物の起源地についてのバビロフ(1887-1943)の仮説(野生種の多様性がもっとも高い地域が栽培種の起源地である)も、もはや妥当性を失っているという、興味深いお話をうかがいました。廃校になった高校の校舎を再利用したユニークな博物館も見学し、駿河湾を見渡せる図鑑カフェでくつろがせていただきました。



ミュージアムにて (斎藤成也撮影)

Yaponesian
著書紹介 1

木部暢子 (B02班研究分担者 国立国語研究所)
『フィールドと文献からみる日琉諸語の系統と歴史』 (開拓社)

この本は、フィールドワークによる日本・琉球各地の言語・方言の記述をベースとして、そこに内在する言語・方言の歴史を、比較言語学、文献学、系統論、分岐学、遺伝学、統計学等々の多岐にわたる研究手法を使って浮かび上がらせようとする意欲的な研究論文集です。ここに収められているのは、次の10編の論考です。

第 I 部 系統を考える

- 第 1 章 日琉諸語の系統分類と分岐について ペラール, トマ (Thomas Pellard)
- 第 2 章 分岐学的手法に基づいた日琉諸語の系統分類の試み 五十嵐 陽介
- 第 3 章 「日本祖語について」と『日本祖語の再建』—その継承と発展のために— 平子 達也

第 II 部 系統研究の可能性

- 第 4 章 DNAと言語をつなぐ 斎藤 成也
- 第 5 章 琉球諸語研究における方言系統地理学の可能性 狩俣繁久・和智仲是・木村亮介
- 第 6 章 方言群の時空間動態の統計的モデル化に向けての予備的考察 村脇 有吾

第 III 部 諸方言から歴史変化へ

- 第 7 章 琉球諸語と上代日本語からみた祖語の指示体系試論 衣畑 智秀
- 第 8 章 方言研究から歴史変化を、歴史変化から方言解明へ ローレンス, ウエイン (Wayne Lawrence)
- 第 9 章 不規則性の衰退—日本語方言の動詞形態法で起きていること— 佐々木 冠
- 第 10 章 八丈語の古層 金田 章宏

第 I 部には比較言語学の立場から、言語の分岐の原理やそれに基づく系統分類に関する論考と日琉祖語の再建に関する論考を収録しています。最初のペラール論文は、言語の系統研究を志す者にとって必読の論考です。そこでは言語の系統分類の原則を「分類群の一部のみに共有される派生形質（革新）のみを用いる」「偶然起こる確率が低く、独立的に複数回生じるとは考えにくい特徴を用いる」としたうえで、日琉諸語を扱った系統分類の最近の研究の検証が行われています。次に、五十嵐論文は、ペラール論文と同じ「系統的な近縁性は共通革新によってのみ定義できる」という原則にしたがい、「マトリョーシカ分布」と著者が名付ける諸形式の分布の方法によって日本語・琉球諸語の系統を考察したもので、八丈語は日琉祖語からの最初の分岐とはみなされず、拡大東日本語派中核東日本語群に属する、南日本語派は九



Yaponesian

州と琉球列島に分布する諸言語からなる等の結果が出されています。平子論文は、日本語諸方言を対象とした服部四郎の歴史比較言語学的研究の今日的な意義を説いたものです。服部が言語史研究の基礎的方法とした比較方法がどのようなものであったか、それが祖語の再建にどのように生かされているか、また今後の課題についても論じられています。

第 II 部には集団遺伝学や統計学的な手法を用いた日琉諸方言の系統に関する研究を収録しています。斎藤論文は、DNAに基づいた集団間の系統樹の構築の方法がどのように言語へ応用できるかを論じたもので、平山輝男編『現代日本語方言大辞典』（1992）の資料の一部を用いたLee and Hasegawa (2011) の解析を批判的に検討し、同じデータを用いて Saitou and Jinam (2017) では異なる結果が出ていることが述べられています。狩俣・和智・木村論文も集団遺伝学的手法を琉球諸語へ適用したものですが、ここでは *p、*k (* は祖語として推定される形であることをあらわす) の音素にしぼって分岐的な系統関係が論じられています。村脇論文では、系統に由来する変化と接触に由来する変化が混在する現在のデータをどう処理するかという大きな問題が取り上げられています。両者が同時に扱えるような統計的モデルの提案が具体的になされており、今後、モデルの発展が期待されます。

第 III 部の4つの論考は、現在の方言に見られる言語の特徴から諸方言に起きた歴史変化を推定したものです。系統関係を直接に扱ったものではありませんが、それにつながるような内容を多く含んでいます。まず、衣畠論文は、指示体系を取り上げ、本土方言ではどの方言にもko / so / a- の3系列が認められるのに対し、琉球諸方言にはku / u / a- のうちの1つを欠いた二系列の指示体系が広く分布していることから、琉球諸語の祖体系として直示に二系列、照応に一系列を持つ体系を推定し、これが日琉祖語にまで遡る可能性を検討しています。次に、ローレンス論文は、歴史変化を念頭に置いた言語記述の重要性を説いたものです。具体例としては、北琉球奄美湯湾方言の主題標識の形式、動詞活用形における長母音化および音便形口蓋化の誘因などが取り上げられています。佐々木論文は、日本語動詞の形態的構成に関する捉え方を紹介したうえで、諸方言における母音語幹動詞のラ行五段化 (kiraN [着ない]、kitta [着た]、kire [着ろ]) と変格活用動詞の一段化 (si-néaa [為ない]、si-taa [為た]、si-reba [為れば]) ・五段化 (sa-ne [為ない]、s-i-ta [為た]、sj-e [為ろ]) を取り上げ、この2つの変化は、心的辞書に登録する形式の单一化が生じる点と特定の語彙を対象にした語形成規則が消滅する点で、ともに不規則性の衰退として分析できることを論じたものです。最後に、金田論文は、八丈語の古態を残す文法特徴をまとめたもので、上代東国方言とかかわる現象として、形容詞のエ段連体形、動詞のオ段連体形、動詞のノマロ形、「なも」に由来する推量形、その他、古語とかかわる現象として、係り結び、否定「ず」の以前の形態「ぬ」や「ね」、テンス・アスペクト形式等が取り上げられています。

以上が各論文の概要ですが、これらの論考は、以下の2つのシンポジウムの発表をもとにしています。

- ① 2018年12月22–23日の本書と同名のシンポジウム（国立国語研究所）
- ② 2020年12月19–20日の「日琉諸方言系統論の展望」（オンライン）

シンポジウムの母体となっているのは、次の6つの研究プロジェクトです。

- (1) 国立国語研究所共同研究プロジェクト「日本の消滅危機言語・方言の記録とドキュメンテーションの作成」（リーダー：木部暢子）
- (2) 科研費基盤研究(B)17H02332「比較言語学的方法による日本語・琉球諸語諸方言の祖語の再建および系統樹の構築」（代表者：五十嵐陽介）

Yaponesian

- (3) 科研費基盤研究(S)17H06115 「言語系統樹を用いた琉球語の比較・歴史言語学的研究」（代表者：狩俣繁久）
- (4) 科研費新学術領域18H05505 「ゲノム配列を核としたヤポネシア人の起源と成立の解明」（代表者：斎藤成也）
- (5) 同計画班18H05510 「日本語と関連言語の比較解析によるヤポネシア人の歴史の解明」（代表者：遠藤光暁）
- (6) 同公募班19H05354 「日琉諸語の歴史と発展についての総合的研究に向けて」（代表者：林由華）

(6)の代表者の林由華さんの尽力により、これらのプロジェクトの連携が実現し、シンポジウムの開催やこの本の刊行につながりました。この本のそれぞれの論考は独立性した内容を扱っていますが、その背景には、相互に関連するこれらのプロジェクトの連携があります。連携の成果が出るにはもう少し時間がかかりますが、この本はその第1段階に位置づけられるものだと思っています。次の段階へのステップは、着実に進行しています。

◆ 林由華・衣畠智秀・木部暢子[編]『フィールドと文献からみる日琉諸語の系統と歴史』
(開拓社、定価4000円+税)

著書紹介 2

中澤光平 (B04班研究代表者 東京大学)

『どうなんむぬい辞典 第2版』

(米城恵・中澤光平監修、与那国町教育委員会刊、2021年3月)

本辞典は「与那国方言保存継承支援事業」の一環として、沖縄県八重山郡与那国町（与那国島）で話されている方言（地元の言葉で「どうなんむぬい」という）を辞典にまとめたものです。初版（旧版）は私が与那国町の嘱託員のとき（2016年12月～2018年3月）の資料が基になっていて、今年の3月にその改訂版（第2版）が出ました。本辞典については、すでに琉球大学名誉教授のかりまたしげひさ先生と九州大学の下地理則先生が新聞に大変素晴らしい紹介文を書いてくださっているので（それぞれ7/6の沖縄タイムスと7/11の琉球新報に掲載）、改めて紹介することもないのですが、せっかくなので監修の立場から、裏話のようなことを書こうかと思います。

本辞典の特色として、例文をほぼ全ての項目に付けたことが挙げられます。例文が少なく、語彙集に近かった既存の資料との差別化を図るもので、私の前任者が決めた方針でした。一方、私が担当した時点では項目数が1000語にも満たず、辞典としてはあまりに小規模すぎると危惧したことから、動詞を中心に収録語数を拡充した結果、初版で1770項目を認められたものの、突貫工事での語彙の追加から、当初の「全ての項目に例文を付ける」という目標が達成できなかつたのが残念です。改訂版では例文をかなり追加したものの、語数も1925語と増やしたため、結局全ての項目には例文が付けられていません。



初版（左）と改訂版（右）

標準語引きを付けることは私の嘱託員期間中に決まり、標準語引き用のリストを本文と並行して作成していたことで実現できました（標準語引きの作成では国立国語研究所のセリック・ケナンさんにかなり助けていただきました）。改訂版では、追加項目が少なかったこともあります（それでも100項目以上ですが）、初版の標準語引きに手作業で新たな項目を追加しました。項目数が2000語弱と少なかったからできたことで、今後1万語規模の辞書を作る際には、標準語引きの設計を事前にきっちり準備しておく必要があります。

個人的にこの辞典でやりたかったことが2つあります。1つは、与那国方言の同源語と音変化をまとめること。もう1つは、全ての項目にアクセント情報を載せることです。アクセント研究者として、方言辞典にはアクセント情報が欲しいと考えているので、それを自ら実践したものです。同源語については、与那国方言の系統関係を探る手掛かりになると、日本語とのつながりを理解してもらいたかったためです。与那国方言は激しい音変化の結果、日本語とは似ても似つかない形になっている語が見られますが、ルーツは日本語と同じだと分かる助けになればと考えました。きっかけは、つい「糞」が「おつうじ」に由来するという俗説でした。同源語と音変化も当初は全ての項目に付けたいと考えましたが、この作業自体、長期的な研究が必要なくらい大変で、私の知識では太刀打ちできず、今回は断念しました。同源語については、今後もこつこつ進めていきたいと思います。

本辞典が、「どうなんむぬい」に関心のある様々な方のお役に立つことを願っています。

つい [Cu_] (名詞)

大便。糞(ふん)。【例】うちぬ ついや だんだん ないてい かがんむてい
にどう ぶる〈牛の糞は段々に重なって鏡餅みたい〉／つい まるん〈大便をする〉／つい またぬ〈大便がしたい〉(語源) 日本語クソ〈糞〉に対応。
[kusō > h(u)Co > Cu]

Yaponesian

遠藤光暁 (B02班研究代表者 青山学院大学)

『三国史記』のいくつかの地名の地理分布

発表された雑誌： Anthropological Science vol. 129, pp. 35 - 44 (2021)

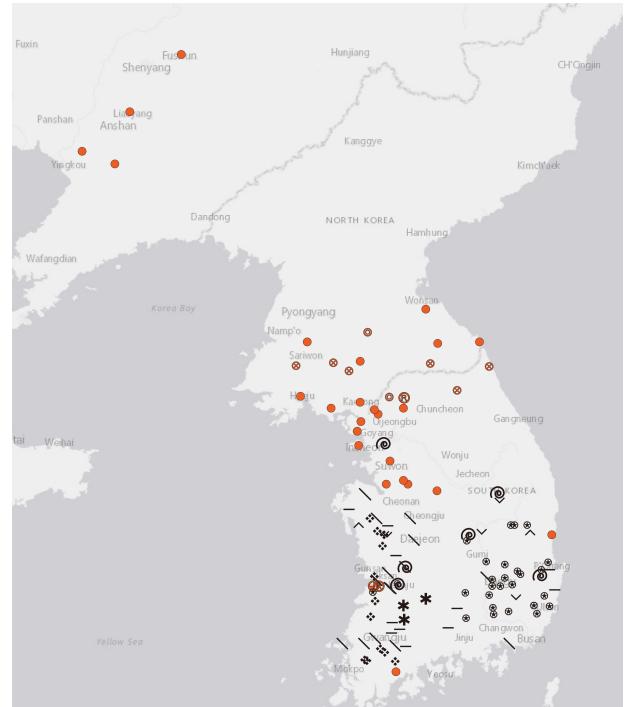
この論文は朝鮮三国時代の歴史書『三国史記』34-37巻に含まれる1199の地名のうち現在の対応地が分かる783地点を対象として、「川・谷・山・城邑」の4つの地理分布を描画し、由来する言語ごとに色分けして、それぞれの語の分布特性を論じたものです。

『三国史記』に日本語で解ける地名があることは白鳥庫吉の1895-6年の論文で指摘され、それ以来日本・韓国・北朝鮮・欧米・中国の研究者らが朝鮮語・ツングース語・ニブフ語などの成分も含めて多く研究してきました。また、地図を使ったものとしては井上秀雄の1962年の先駆的な研究がありました。ただ、日本語の研究者は日本語に関連する地名だけ、韓国語の研究者は韓国語だけ扱い、また系統論的な興味だけから見るので、漢語などの借用語は除外される傾向がありました。

私は中国語音韻史が専門なので、漢字音資料であればすべてが対象となるため、つまみ食い的な手法ではなく、全地名のデータベースを構築し、このたびは語幹部分ではなく語尾部分について意味分野ごとに地図化を行いました。

ここに掲げる地図は「城邑」に関するもので、オレンジ・茶色はKOLのような発音が推定され、遼東と朝鮮半島中部に主として分布します。これまでこれはツングース語やモンゴル語に由来するとされてきたのだが、論文発表後に気づいたこととして中国語の「郡」の上古音が今日ではBaxter-Sagartの再構音*[g]ur-sのように-rで終わるとされるようになっているので、その借用語である可能性も考えられます。

朝鮮半島南部には黒で表示した語形が分布していて、＼や^のような線の記号で示されたのはKI系の語形で、●や*のような記号はPUR系の語形です。これらについてはどの語族に由来するか諸説があるので、論文中の色分けでは決着をつけずにおきました。ところが、やはり論文発表後にPUR系は仏教を介して入ってきたサンスクリット語からの借用語だと考えるようになりました。またKI系は日本語の「木」（上代仮名遣ではki乙類）に由来し、環濠集落の柵や逆茂木で囲った領域という意味からムラという意味になったと考えるようになりました。朝鮮半島南部ではKI系がPUR系の外側に分布していて、もとはKI系があったところにPUR系が入ったものと解釈されます。日本列島にも城（ki乙類）で終わる地名が多くあり、7世紀以降になって築かれた城柵と関連するものもあるものの、東国の「茨城」は新しい用字法、近畿の「茨木」が元の語源を反映すると考えま



Yaponesian
論文紹介 2

水野文月 (公募研究A04班 研究代表者 東邦大学医学部)

港川 1号人骨のミトコンドリアゲノムから見た日本列島人

Population dynamics in the Japanese Archipelago since the Pleistocene
revealed by the complete mitochondrial genome sequences

By Fuzuki Mizuno, Jun Gojobori, Masahiko Kumagai, Hisao Baba, Yasuhiro Taniguchi, Osamu Kondo, Masami Matsushita, Takayuki Matsushita, Fumihiko Matsuda, Koichiro Higasa, Michiko Hayashi, Li Wang, Kunihiko Kurosaki & Shintaroh Ueda

発表された雑誌 : Scientific Reports

研究の背景

日本列島の土壤は火山灰を原因として酸性であることが多く、古人骨からDNAを抽出して配列決定を行うには困難が伴います。遺跡の証拠からは旧石器時代には日本列島に現生人類がいたことがわかっていますが、旧石器時代の遺跡から人骨が出土した例は少ないです。

埴原和郎の「日本人の二重構造仮説」にあるように、現代ヤポネシア集団は縄文時代集団と弥生時代に大陸から稻作文化をもたらした渡来系集団の混血集団として説明されます。旧石器時代集団と縄文時代集団の遺伝的なつながりは、旧石器時代人骨の古代DNA研究が進んでいなかったことから、よくわかつていませんでした。

研究の内容

本研究では、新たに旧石器時代の遺跡（港川フィッシャー遺跡）、縄文時代の遺跡（縄文早期・居家以岩陰、縄文早期・東名、縄文前期・轟貝塚、縄文中期・加曾利貝塚、縄文中期・姥山貝塚、縄文後期・摩文仁ハンタバルの各遺跡）、ならびに弥生時代の遺跡（土井ヶ浜ならびに花浦遺跡）から出土した人骨からミトコンドリアDNA（mtDNA）塩基配列を決定しました（図1）。さらに先行研究で報告のあった縄文時代後期の船泊遺跡ならびに縄文時代晚期の伊川津貝塚遺跡からの出土人骨のmtDNA塩基配列を加え、現代ヤポネシア集団約2,000人のmtDNA塩基配列を新たに決定し、解析しました。

遺跡から出土した人骨試料の臼歯、側頭骨、大腿骨頭の内側、脛骨等からDNAを抽出し、次世代シーケンサを用いてmtDNA塩基配列を決定しました。得られた塩基配列を用いて推定したmtDNAの系統関係から、現代ヤポネシア集団のmtDNAの中には縄文時代の人骨のmtDNAと弥生時代の人骨のmtDNAに、それぞれ非常に近い関係にあるものが見つかりました。この結果からヤポネシア集団を縄文時代集団と弥生時代の渡来系集団の混血として説明する埴原和郎の「日本人の二重構造仮説」が改めて支持されました（図2、3）。旧石器時代の港川1号人骨のmtDNAはハプログループMの祖先型であることがわかりました。ハプログループMの派生型は現代ヤポネシアを含む東アジアに広く分布しています。

また、港川1号人骨のmtDNAは縄文時代、弥生時代、現代のヤポネシア集団が持つmtDNAの直接の祖先でないことが示唆されました。これらのことから、港川1号人骨のmtDNAは現代ヤポネシア集団の祖先のグループに含まれるか、あるいは非常に近いものであることがわかりまし

Yaponesian

た。したがって、日本列島では人類集団のmtDNAに旧石器時代から現代に至るまで遺伝的な連続性があることが示唆されました。

新たに決定した約2,000人の現代ヤポネシア集団mtDNA塩基配列を用いて過去におきた有効集団サイズ (N_e) の変化を推定したところ、45,000–35,000年前、15,000–12,000年前、3,000年前の3度の N_e の上昇があったことがわかりました（図4）。3,000年以降の著しい N_e の上昇は、ヤポネシア集団における大陸から持ち込まれた稻作の影響に加えて、大陸からの渡来の影響が弥生時代以後も続いたことが示唆されました。

発表雑誌

Scientific Reports (2021年6月13日)

Population dynamics in the Japanese Archipelago since the Pleistocene revealed by the complete mitochondrial genome sequences

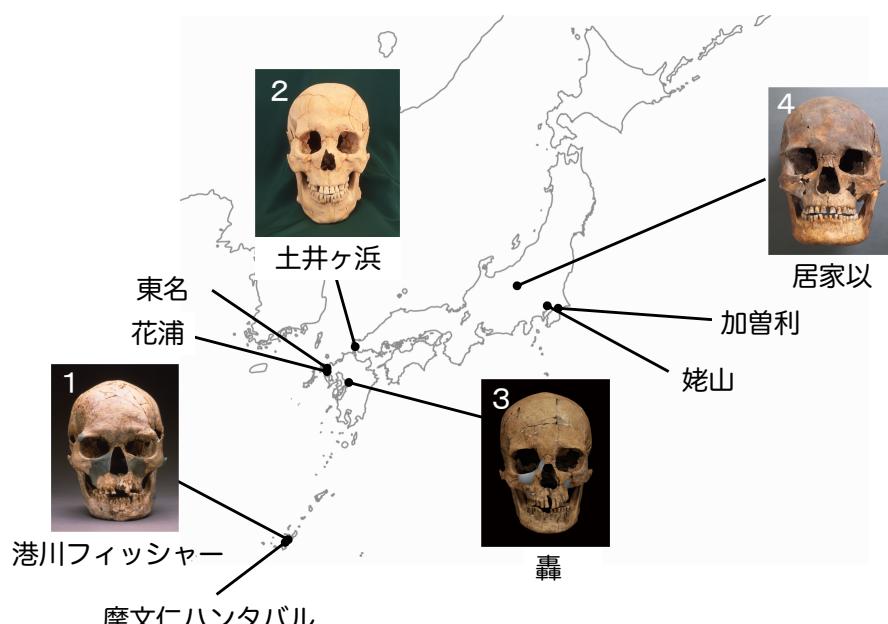
Fuzuki Mizuno, Jun Gojobori, Masahiko Kumagai, Hisao Baba, Yasuhiro Taniguchi, Osamu Kondo, Masami Matsushita, Takayuki Matsushita, Fumihiko Matsuda, Koichiro Higasa, Michiko Hayashi, Li Wang, Kunihiko Kurosaki, and Shintaroh Ueda.

DOI番号：10.1038/s41598-021-91357-2

参考文献

東邦大学プレスリリース 発行No. 1140 令和3年6月16日

https://www.toho-u.ac.jp/press/2021_index/20210616-1140.html



1. 港川1号人骨（男性）：東京大学総合研究博物館所蔵
2. 土井ヶ浜人骨（男性）：人類学ミュージアム 松下孝幸氏提供
3. 轟5号人骨（女性）：人類学ミュージアム 松下孝幸氏提供
4. 居家以岩陰1号人骨（女性）：國學院大學・谷口康浩氏、東京大学・近藤修氏提供

https://www.freemap.jp/about_use_map.html

図1

本研究で新たにmtDNA塩基配列を決めた人骨の遺跡の位置を示している。1～4はそれぞれの遺跡から出土した頭蓋骨の写真。図はプレスリリースから。

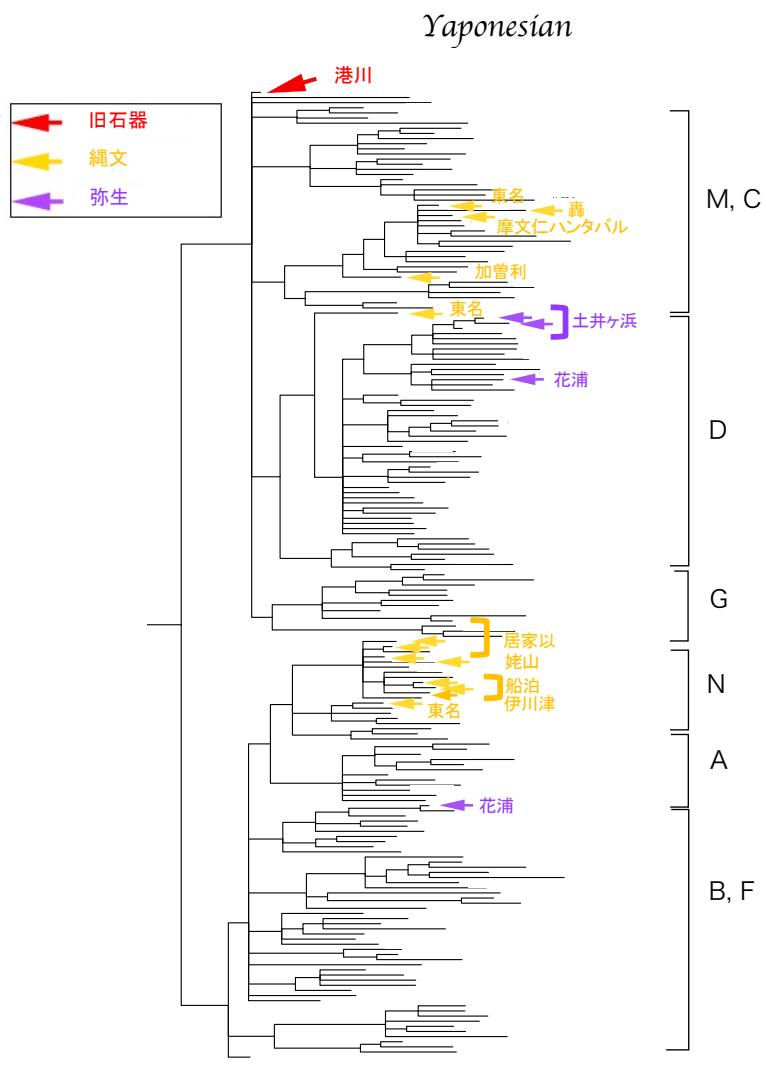


図2

mtDNAのベイズ系統樹。ハプログルーピングごとのクラスターをハプログルーピングのアルファベットで示している。赤矢印は旧石器時代、黄色矢印は縄文時代、紫色矢印は弥生時代の人骨のmtDNAを遺跡名とともに示している。プレスリリースの図を改変。

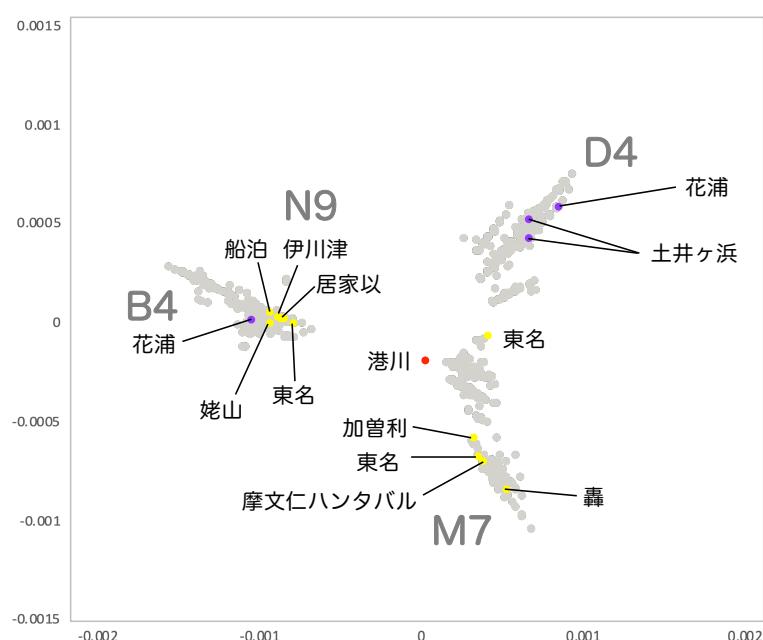


図3

個々のmtDNAの遺伝距離から多次元尺度構成法によって得られた図。それぞれのmtDNAの遺伝的関係を二次元で示している。図はプレスリリースから。

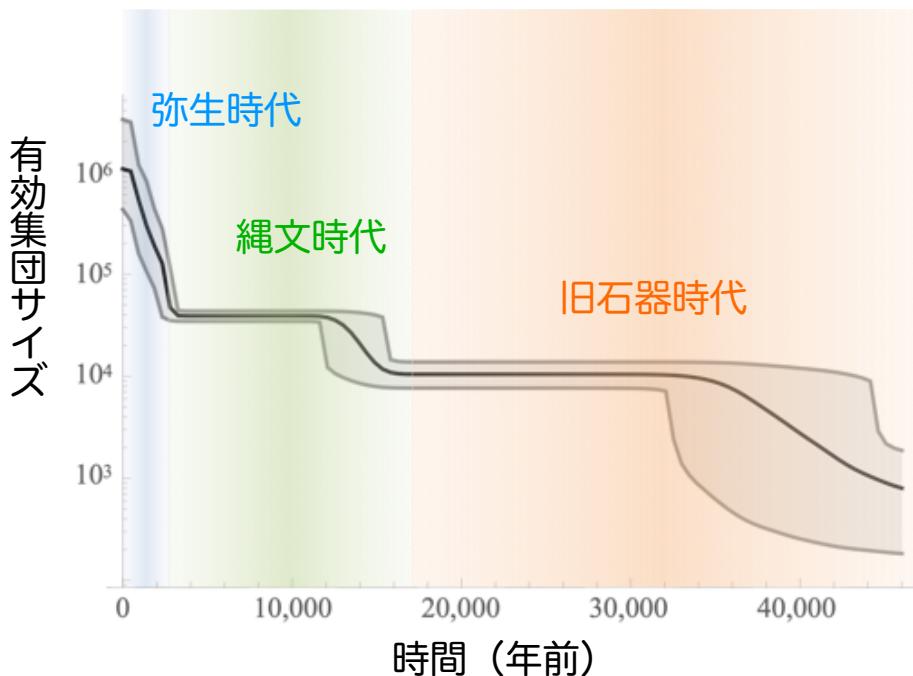


図4

過去のNeの変化をBayesian Skyline Plot法によって推定した結果。縦軸は有効集団サイズ（Ne）を対数軸で示し、横軸は時間（年前）を示す。図はプレスリリースから。

論文紹介 3

増田隆一 (A03班研究分担者 北海道大学 大学院理学研究院)

ミトコンドリアDNAコントロール領域とチトクロムb遺伝子解析によって明らかにされる日本のハクビシン*Paguma larvata*の移入と拡散の歴史

Introduction and expansion history of the masked palm civet, *Paguma larvata*, in Japan, revealed by mitochondrial DNA control region and cytochrome b analysis

By Endo Y., Lin L.K., Yamazaki K., Pei K.J.C., Chang S.W., Chen Y.J., Ochiai K., Yachimori S., Anezaki T., Kaneko Y., and Masuda R.

(遠藤優、林良恭、山崎晃司、裴家騏、張仕緯、陳彦君、落合啓二、谷地森秀二、姉崎智子、金子弥生、増田隆一)

発表された雑誌：Mammal Study vol. 45, pp. 243-251 (2020)

私たちの研究室では、日本のハクビシンの起源や出自を明らかにすることを目的として、国内外の共同研究を継続してきました。上に紹介した論文では、日本列島と台湾のハクビシン集団について、ミトコンドリアDNAのコントロール領域とチトクロムb遺伝子を合わせた分子系統解析に基づき、日本での拡散の歴史を考察しました。その成果により、本論文は2021年度日本哺乳類学会論文賞を受賞しました。

まず、ハクビシンという動物を紹介し、研究背景について述べます。ハクビシン (*Paguma larvata*) は、食肉目ジャコウネコ科に分類される哺乳類で、頭部から尾部までを含めると 1 メートル程になるものもいます。漢字では「白鼻芯」と表記します。この和名は、顔面の鼻すじが白色で、両脇が黒色のストライプ模様を呈していることに由来します（図1）。日本に生息するジャコウネコ科動物は、このハクビシン 1 種のみです。最近では、その個体数の増加と分布拡大が各地で報告され、果物や野菜などの農作物に被害をもたらす問題を起こしています。一方、ジャコウネコ科動物は、主に東南アジアやアフリカに生息しています。人との関わりとしては、インドネシアで産出される高級コーヒーであるコピ・ルアク（ジャコウネココーヒー）の「生産者」として知られています。ジャコウネコの仲間は雑食性で、コーヒーの木で熟した果実も種（たね）ごと食べますが、コーヒー豆は消化されず、糞に残されたまま排出されます。この動物の仲間は、その名の通り「ジャコウ」の香りをする匂い物質を臭腺から分泌します。さらに、消化管での腸内細菌による発酵も加わり、糞から取り出し洗浄・焙煎したコーヒー豆には特有の香りがあることに着目されてきました。私もコピ・ルアクを飲んだことがあります、苦味が少なく、大変まろやかな味わいででした。

一方、日本に生息するハクビシンは、在来種か外来種なのか、長い間、哺乳類学分野でも議論されてきました。在来種説の主な理由は、江戸時代の古文書（例えば、震雷記、皇代系譜、唐蘭船持渡鳥獸之図）にハクビシンのような動物が描かれていることです。それに対し、外来種説の理由は、本州における分布域が飛び石状で、最近個体数が急増していること、更新世の地層や縄文期以降の遺跡から出土記録がないことです。

ハクビシンの起源や多様性に関する研究について、これまでの背景を見てみましょう。日本以外のハクビシンの分布は、東南アジアから中国大陸東部、そして台湾です。まず、東南アジアと日本の集団について、ミトコンドリアDNA (mtDNA) チトクロムb遺伝子の分子系統関係を調べたところ、日本のハクビシンは、タイやマレーシアの個体の系統とははっきり異なることが明らかとなりました (Masuda et al. 2008; 増田 2009)。次に、日本列島と最も近い自然分布域である台湾のハクビシンを調べたところ、日本の集団との間に共通のハプロタイプ（以後、遺伝子タイプまたはタイプも同意）が見つかりました。また、台湾の分析個体数は少數であるにも関わらず、検出された遺伝子タイプ数は日本集団より多く、その中のひとつは、日本のハクビシンから見つかったタイプ間のミッシングリンクでした。また、台湾内に並ぶ2000メートル級の山脈による地理的隔

哺乳類の生物地理学

増田隆一—[著]

東京大学出版会



図1 日本のハクビシン。著書『哺乳類の生物地理学』（増田隆一、2017年、東京大学出版会）の表紙より。

離が、集団間の遺伝的分化を引き起こしていることが考えられます。遺伝子タイプの地理的分布を照合すると、台湾東部と日本西部との間、そして、台湾西部と日本東部との間で、各々、特定の遺伝子タイプが共有されていました。以上のことから、日本のハクビシンのふるさとの一部は、少なくとも台湾であると推定されました (Masuda et al. 2010; 増田 2011)。

さらに、私たちはハクビシンの核DNAにおける複合型マイクロサテライト遺伝子マーカーを新規に開発し、それを用いた集団遺伝学的解析を行ったところ、日本集団の遺伝的多様性が台湾集団より低いことが明らかとなりました。これは台湾から日本への移入に際しての創始者効果によるものと考えられました (Inoue et al. 2012; 増田 2017)。

以上の背景のもと、今回の紹介論文 (Endo et al. 2020) では、台湾との共同研究として、当研究室の院生・遠藤優さんが中心となり、mtDNAコントロール領域を新規に解析し、従来のチトクロムb遺伝子の遺伝情報を加えた遺伝子タイプ間の分子系統解析（図2）を行うとともに

に、その地理的分布（図3）を検討しました。その結果、チトクロムb遺伝子よりもコントロール領域において多様な遺伝子タイプが検出されたため、両遺伝子領域の情報により、従来よりも多数の母系列に分類することができました。

分析数は日本集団から206個体、台湾集団から20個体でしたが、日本のみで見出された遺伝子タイプは6つ（図2の白丸）に対し、台湾のみで見つかったタイプは9つ（黒丸）というように、台湾集団での多様性の高さが示されました。さらに、日本と台湾で共通に見られたタイプは2つ（図2の赤丸と緑丸）でした。また、日本の2つのタイプを結ぶミッシングリンクが台湾で見つかりました。これらの結果は、やはり台湾が日本のハクビシンの由来地の一部であることを示唆します。現在、日本だけにしか見られない遺伝子タイプは、台湾集団からもっと多くの個体を分析すれば検出されるかもしれません。または、台湾以外、例えば、大陸側の中国東部やベトナムなどに起源をもつ子孫が、日本のハクビシンに含まれている可能性も否定できません。

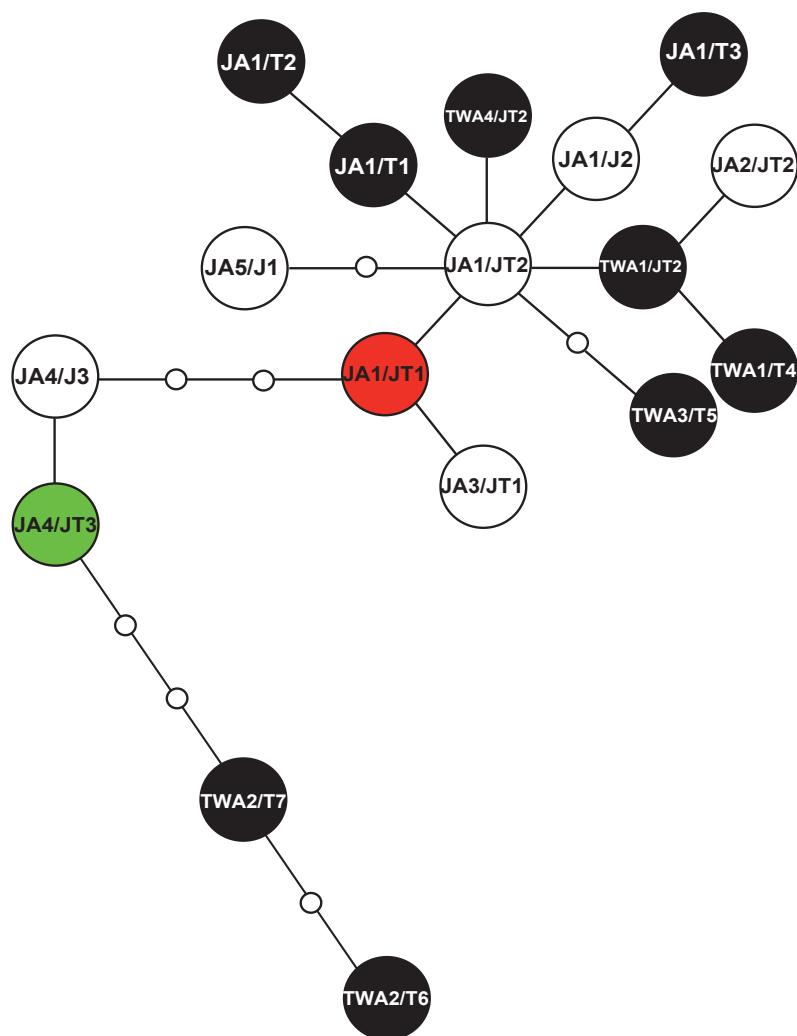


図2 ハクビシンmtDNAコントロール領域とチトクロムb遺伝子の遺伝情報を合わせたハプロタイプのネットワーク系統関係。丸内の記号数字は、チトクロムb／コントロール領域のタイプの組み合わせ。白丸は日本、黒丸は台湾、赤丸および緑丸は日本と台湾の双方において見出されたタイプ。空白の小丸は想定されるタイプ。丸の間の線は1塩基の違いを表す。Endo et al. (2020)より。

四国で検出された2つの遺伝子タイプ間の違いは1塩基のみです。その一方のタイプは、中部日本にも分布していました（図3）。これは、四国と中部日本の間で往来があったことを示しています。さらに、四国で検出されたもう一方のタイプは、日本の他の地域には見られません。このように、四国集団は2つの母系列から構成されていました。後者のタイプはもしかすると、日本国内で変異を起こしたタイプかもしれません。四国集団の特異的な遺伝構成は、マイクロサテライトの集団遺伝学的データ（Inoue et al. 2012）と矛盾しません。

中部日本からは3つの遺伝子タイプが見出されました。特に、静岡では、中部日本の他の地域には見られないタイプが分布していました。

東日本で主要なチトクロムb遺伝子タイプは、コントロール領域のデータを合わせることにより、さらに3つの系列に分かれました。群馬の集団は最も多い6つのタイプで構成され、その

うち2つは中部日本で見られるタイプ、3つは東京で見られるタイプ、そして残る1つは他所にないタイプであり、群馬が本州の東西からの分布拡大のコンタクトゾーンになっていると考えられました。また、東京では、関東と静岡に共通するタイプが分布しており、東京が関東と静岡のコンタクトゾーンになっているようです。栃木、茨城、宮城の集団は、関東で見られる単一のタイプで占有されていました。

以上の結果を総合すると、四国や中部日本を含む西日本と関東を含む東日本では、創始者集団が異なっており、日本の東西において、各々、複数回にわたり移入があったことが示されました。また、ハプロタイプ間の塩基置換と地理的分布を考えると、日本において変異したハプロタイプがあることも考えられました。

では、いつ、どのようにして日本へ持ち込まれたのでしょうか？古文書の記載に基づくと、少なくとも江戸時代には国内の野外で目撃されていたことになります。皇代系譜では、現在の山口県での目撃が描かれています。唐蘭船持渡鳥獣之図にもハクビシンらしき動物が描かれているので、その移入ルートとして、江戸時代のオランダ船により南方から持ち込まれたルートが候補に挙げられます。さらに、もっと新しい時代に、日本から南洋漁業に出かけた漁船の船員が、愛玩動物として南方から日本の港に持ち帰ったという記事もあり、港町が多い静岡や高知のハクビシンはそのような由来をたどっているかもしれません。その他、毛皮のために養殖されていたものが、逃げ出したのかもしれません。移入に関する文書記録をさらに探索する必要があります。歴史学の研究者で、関連文書の情報をご存知の方は、是非お知らせいただければと思います。

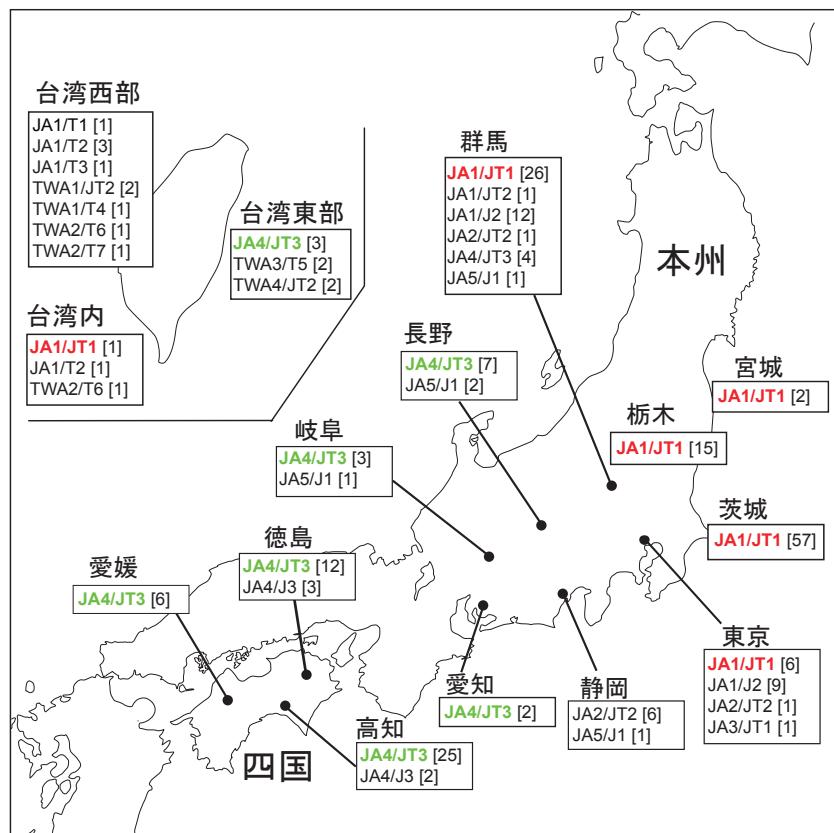


図3 ハクビシンmtDNAハプロタイプの地理的分布。ハプロタイプ名のあとに続くカギ括弧内の数字は個体数。Endo et al. (2020)より。

Yaponesian

以上のように、日本のハクビシンの祖先は、少なくとも台湾からやってきたと考えられますが、台湾以外の地域にも由来している可能性は否定できません。今後、台湾におけるさらに詳細な調査、ならびに中国大陸東部やベトナムなどに分布するハクビシンの遺伝的特徴を分析することが不可欠であると考えられます。

引用文献

- Inoue T., Kaneko Y., Yamazaki K., Anezaki T., Yachimori S., Ochiai K., Lin L.K., Pei K.J.C., Chen Y.J., Chang S.W., and Masuda R. (2012) Genetic population structure of the masked palm civet *Paguma larvata*, (Carnivora: Viverridae) in Japan, revealed from analysis of newly identified compound microsatellites. *Conservation Genetics* 13: 1095-1107.
- Masuda R., Kaneko Y., Siriaroonrat B., Subramaniam V., and Hamachi M. (2008) Genetic variations of the masked palm civet *Paguma larvata* inferred from mitochondrial cytochrome b sequences. *Mammal Study* 33: 19-24.
- Masuda R., Lin L.K., Pei K.J.C., Chen Y.J., Chang S.W., Kaneko Y., Yamazaki K., Anezaki T., Yachimori S., and Oshida T. (2010) Origins and founder effects on the Japanese masked palm civet *Paguma larvata* (Viverridae, Carnivora), revealed from a comparison with its molecular phylogeography in Taiwan. *Zoological Science* 27: 499-505.
- 増田隆一 (2009) ハクビシンはどこから来たか～ハクビシンの遺伝的変異. どうぶつと動物園 61: 22-25.
- 増田隆一 (2011) 日本のハクビシンは台湾からやってきた～遺伝子から探る起源と多様性. どうぶつと動物園 63: 26-29.
- 増田隆一 (2017) ハクビシンの起源をたどる. *UP (University Press)* 2017年9月号 (No. 539): 25-30.

論文紹介 4

覚張隆史 (金沢大学 古代文明・文化資源学研究センター)

“Ancient Jomon genome sequence analysis sheds light on migration patterns of early East Asian populations”

はじめに

本紹介論文は、2018年のScienceで発表した縄文人のゲノムデータを再解析し、大陸の遺跡出土古人骨と比較解析した内容をまとめたものである (Gakuhari et al. 2020. *Communications Biology*)。2018年から東アジアの温暖湿潤地域へ、パレオゲノミクスのフィールドが拡大し、現在までに多くの古人骨ゲノムデータの抽出に成功している (McColl et al. 2018. *Science*)。これまでに、ハーバード大学のパレオゲノミクスの研究チームによって進められてきた、特定の一塩基多型を濃縮する「キャプチャー・エンリッチメント」が主流になっていた。一方で、当時、ゲノム配列の構造がまだ未知の状態であった縄文人を、ショットガン・シーケンシングで配列決定することは、比較ゲノミクスの観点から極めて重要であったと言える。今回取り上げる論文は、愛知県田原市の渥美半島の先端近くに位置する伊川津貝塚の縄文人に焦点を当てている。伊川津貝塚出土人骨のゲノム解析は自然人類学研究における一つのターニングポイントになるだけでなく、考古学研究のコミュニティにおいても学術史的観点から重要な意義を持つ。本稿では、伊川津貝塚出土の縄文人のパレオゲノミクス研究について、考古学的な背景とともに2020年に公表した縄文人ゲノムの解析について概説したい。

伊川津貝塚の縄文人

伊川津貝塚は1903年に発見され、その後、東京帝国大学医学部教授の小金井良精によって埋葬人骨の抜歯形式についての検討結果が報告された（小金井 1923. 人類学雑誌）。抜歯形質は縄文時代を通して見られる特徴で、特に縄文時代後期・晩期の検出例が多い。独特な抜歯形質である叉状研歯（切歯に櫛状の溝をいたした状態）が見つかっている。紹介論文において分析された伊川津貝塚出土人骨は、2010年に田原市教育委員会の発掘で見つかった人骨群の中の女性人骨1個体で、私たちは分析IDの”IK002”と呼んでゲノム解析を進めてきた。IK002の土坑墓には、幼児骨である”IK001”とともに縄文時代晩期の渥美半島周辺で広く検出されている五貫森式土器（豊橋市五貫森貝塚が標式遺跡）が共伴しており、IK002は日本列島の先住民である縄文人として位置付けられている。IK002の放射性炭素年代測定の結果、暦年較正および海洋リザーバー効果の影響を補正した結果、約2700年前の縄文時代晩期の年代値が得られており（補正前は2500BP）、IK002の生存時期は考古学における編年区分である五貫森式土器の時期と一致した結果を示した。さらに、IK002の形態学的比較においても、IK002が縄文人としての特徴を有することが示されている。この様に、考古学・年代学・形態学といった複数学間にわたる共同精査を経て、IK002を対象としたゲノム解析は実行に移された。

IK002のデータクオリティ

2018年のScienceではIK002のデータクオリティの詳細については提示していなかったため、紹介論文では分析の詳細について多くの事実記載を行った。また、伊川津貝塚以外の人骨についてもDNA抽出を試みており、その結果についても合わせて報告している。例えば、同じ田原市の縄文時代の遺跡である保美貝塚と大分県粉洞穴から出土した人骨の分析結果も合わせて報告している。それぞれの古人骨から抽出されたDNA抽出液からDNAライブラリを作成し、次世代シーケンサーを用いてヒト内在DNA率を求めた。その結果、IK002以外はヒト内在DNA率が1%以下と低い結果であったり、得られたヒトDNAに古代DNA分子の特徴である塩基置換ダメージ（シトシンが脱アミノ化によってウラシルに変化し、チミンとして配列決定される現象）のパターンが検出されなかつたり、後のゲノム解析として使用が困難であることがわかった。一方、IK002は高い内在DNA率が期待される側頭骨の分析が実施できたため、ヒト内在DNAが19%以上のDNA抽出液とDNAライブラリが得られた。また、上述した古代DNA分子特有の塩基置換のダメージパターンも検出された。これらの溶液をもとに、国立遺伝学研究所とコペンハーゲン大学の次世代シーケンサーで1x以上のゲノムデータの取得を試みた。最終的に2つの独立した研究機関で取得したデータは同一個体由来として矛盾がないことがわかり、コペンハーゲン大学の地球遺伝学研究所の共同研究者に対して、国立遺伝学研究所で取得したIK002のゲノムデータについて高い科学的信頼性を提示できたと言える（両機関の分析法はそれぞれ異なる）。両機関で取得したIK002のゲノムデータをマージ、最終的には1.85xの核ゲノムデータと146xのミトコンドリアゲノムデータが得られた。このデータセットは世界で初めての本州「ど真ん中」縄文人のドラフトゲノムデータ（日本列島の地點的にも、考古学・年代学・形態学・パレオゲノミクスの先行研究における学史的な意味でも「ど真ん中」）の位置づけとなり、その後、NatureおよびScienceなどの主要な国際科学誌に掲載された論文に頻繁に引用・活用されることになった。

K002の起源探索

私たちはIK002の核ゲノムデータを、Simon Genome Diversity Projectで公開されている現代人の高カバレッジデータと既に報告されていた大陸の遺跡出土人骨のゲノムデータと比較し、配列類似性と遺伝的親和性について検討した。第一に、約200万の一塩基多型サイト（SNP）を抽出し、

主成分分析（PCA）によってIK002と他集団とのデータ類似性を俯瞰視した。その結果、現代の東アジア人集団の範囲から大きく逸脱し、4万年前の中国北部の田園洞穴出土人骨（Tianyuan）と現代東アジア人集団の中間に位置づけられた（図1A）。先行研究で公開された北海道礼文島の船泊貝塚から出土した縄文人のゲノムデータを再整理し、上記と同様に主成分分析をした結果、船泊縄文とIK002は近い地点に位置づけられた。次に、北海道の先住民であるアイヌの現代人集団を加えたPCAの結果は、アイヌ人集団が現代日本人よりもIK002に近い地点にプロットされた。これらの結果は、①縄文人は大陸とは異なり本州中部から北海道まで類似したデータ傾向を有する可能性があること、②本州中部にも縄文時代からアイヌ人集団と類似したデータ傾向を持つ集団が居住していたことを示唆している。これらのことから、現代のアイヌ人集団の祖先集団は、北海道から本州における広い範囲で居住していた先住民である可能性が指摘されうる。一方で、IK002は、ネパールの少数民族であるクスンダ人集団と近い地点に位置付けられており、主成分分析だけでは解釈が困難な結果も得られている。主成分分析で得られたクスンダ人とデータ類似性は、遺伝的に近いと言うよりも、東アジアにおける孤立集団が持つ「どこにも属さない」場合に見られるデータ傾向をたまたま反映した可能性も残る。遺伝的距離を可視化するために、Outgroup f₃ Testによる相対的な遺伝的親和性を評価しころ、IK002は船泊縄文人、現代アイヌ人、現代日本人、台湾先住民のアミ族などとの間で遺伝的な親和性が高く、クスンダ人とIK002の間で高い遺伝的親和性を示さなかつた（補遺 図5）。このため、IK002の祖先集団はクスンダ人の直系の祖先集団でない可能性が考えられる。しかし、Outgroup f₃ Testではゲノム全体のブロック構造の類似性を相対的に評価しているため、特定領域における遺伝子流入（gene flow）の痕跡を見つける事は困難である。次に、混血イベントの有無を考慮に入れた分子系統解析プログラムのTreeMixを用いて、最尤法の分子系統樹を作成し、IK002と他地域との系統関係について評価を試みた。その結果、まずに西ユーラシアの後期旧石器時代の古人骨からアンダマン諸島先住民、東南アジア新石器時代の古人骨（ホアビン文化）が分岐し、その後にTianyuan（後期旧石器時代人骨）など東アジア人集団に分岐した後に、IK002はクスンダ人から分岐した形となつた。TreeMixの混血イベント数を1回～8回と仮定して、遺伝子流入の痕跡が検出されるか検討したが、明確にIK002の祖先集団からクスンダ人の祖先集団への遺伝子流入の痕跡は検出されなかつた。これらの結果から、縄文人であるIK002の祖先集団は東アジアにおいて非常に古い時期に東アジア祖先集団から分岐した孤立集団である可能性が指摘されうる。

考古学における仮説検証

紹介論文では、他にも様々な比較見当を行なつてゐるが、特に焦点を当てたテーマとして、人類学と考古学において今まで提唱されてきた仮説の検証をすることであった。まず、縄文人の祖先集団は、後期更新世の時期である4万年前のTianyuanとは分岐した別系統であるものの、どこにいたか不明であるが別の東アジア古集団の可能性がある。これまでに人類学・考古学における先行研究において、東アジア人の祖先集団はヒマラヤ山脈の以北と以南のどちらかのルートで拡散したか、そのルートを巡つて様々な議論が続いている。また、東アジアにおける旧石器時代の石器文化において、バイカル湖地域を中心とした北ルートで東アジア人集団が拡散したというシナリオが提示されてきた。この仮説は、東ユーラシアの中央シベリアから北シベリアの広い地域で検出されている石刃技法と呼ばれる技術で作られた石器の型式情報に基づいた検討から提唱されたものである。特に細石刃と呼ばれる小さな石刃が日本列島の旧石器時代の北海道から本州まで広がり、縄文時代早期においても形態を少し変化した石刃鏃など見つかっている。旧石器時代人が縄文人の祖先集団であったと仮定した場合、縄文人であるIK002からも北方ルートで東アジアに拡散してきた旧石器時代人との関連性が検出される可能性があつた。石器だけでなく骨角器など

Yaponesian

の製作技術との関連性を指摘されており、特にバイカル湖地域における旧石器時代遺跡のマルタ遺跡からは保存状態の良い旧石器時代人骨が検出されていた。マルタ遺跡出土人骨（MA-1）は約2万4千年前の年代を示しており、2019年に報告された北シベリアのヤナ遺跡から出土した約3万1千年前の旧石器時代人（Yana_RHS_Upper）からも高い遺伝的親和性が検出されていた。

私たちはまず第一に考古学において日本列島との文化的類似性が指摘されていたマルタ遺跡に焦点を当てた。MA-1のゲノムデータとIK002、南ルートで拡散した東アジア集団として台湾の先住民であるアミ族のゲノムデータを用いて、MA-1からIK002への遺伝子流入の痕跡が検出できるかD testによって検討した。結果として、MA-1からIK002への遺伝子流入の痕跡は、統計学的に強い証拠を提示することができなかった。仮にMA-1の祖先集団が縄文人の祖先集団と大規模な混血をしていれば、今回の様な結果を得る事はない。この事は、バイカル湖地域の考古学における物質要素は、人の大規模な移動というよりもわずかな集団が移動して文化を伝播したと考える方が無理がない様に思われる。近年では、より時代が下ったバイカル湖地域の古人骨ゲノムデータの報告が増えているが、IK002への遺伝子流入の痕跡はやはり強くみられる事はない状況である。

残された課題

ではIK002の祖先集団はどこからきたかというと、紹介論文ではお茶を濁している。というのも、後期旧石器時代の東アジアへの拡散を正確に復元するためには、北ルートの旧石器時代人骨のゲノムデータのみでは評価ができないためである。南ルートである場合、アンダマン諸島の先住民とIK002の間で遺伝的親和性が検出されても良いはずだが、その影響はあまり強くみられず、南ルートからの面的な繋がりもきれいに見えてこない。そもそも、縄文人のゲノムデータの特徴は大陸のほとんどの集団と低い親和性を持つため、LGM以降の個体と比較しても恐らくは遺伝子流入の明確な痕跡が見つからないと予想している。これは4~2万年前の旧石器時代人の南北移動に謎が隠されているかと思うが、残念ながら南ルートにおける2万年以上前の旧石器時代人骨のゲノムデータは現状で存在しない。このため、紹介論文で議論した南ルートの是非については、あくまで「その可能性がある」に留めている。紹介論文には掲載しなかったが、実は北シベリア最古のゲノムデータであるヤナ人骨とIK002はわずかにだが遺伝的流入の痕跡が認められる。つまり、MA-1とは別系統の古い北シベリア集団が東アジアに拡散し、日本列島に入ってきた可能性もある。一方で、その兆候については後期旧石器の古い時代における移動イベントによって北シベリアに残った場合や、旧石器時代におけるヒマラヤの南北の分岐点で遺伝子流入が生じた可能性も排除できない。しかしながら紹介論文はあくまで、考古学的仮説検証のためのIK002のデータ利用を目的としているので、まだ検証のできない「真実のルート」を解明する検討は控えるべきであると個人的に考え、考察を終えている。

では、南ルートにおいて旧石器時代人骨のゲノムデータが取得できた場合、南北ルート問題が本当に解決できるかというと、そう単純な話ではない。それは、現在使用するパレオゲノミクスの解析技術にはらむ問題が残るためである。近年ではデータバイアスが生じる要因となる特定領域のSNP濃縮によるデータ取得や、マッピング時のリファレンスバイアスの問題もあり、まだパレオゲノミクスには技術的に解決すべき問題も山積している。データを取り扱ったものであればSNP濃縮のデータを用いることの危うさを感じるはずである。次世代シーケンサーを利用することで一般化したパレオゲノミクスであるが、「真実のルート」の解明には新しい分析技術と解析手法を生み出すための研究開発が必須と言える。

Yaponesian
論文紹介5

山田康弘 (A02班研究分担者 東京都立大学)

岡山県津雲貝塚で発見された、3000年前のサメ襲撃による被害者

論文タイトル : 3000-year-old shark attack victim from Tsukumo shell-mound, Okayama

掲載誌 : Journal of Archaeological Science : Reports DOI:10.1016/j.jasrep.2021.103065

著者 : J. Alyssa White, George H. Burgess, Masato Nakatsukasa, Mark J. Hudson, John Pouncett, Soichiro Kusaka, Minoru Yoneda, Yasuhiro Yamada, Rick J. Schulting

研究の背景

縄文時代において、サメは食料にされるとともに、畏れ・崇拜の対象でもあったと推定されています。それは、各地の貝塚からサメの歯や椎骨を利用した装身具が出土することからもうかがえます。このような装身具は沿岸部の貝塚から出土するだけではなく、長野県など山間部の遺跡からも出土しており、サメ崇拜の風習は広く共有されていたと考えることができます。

本研究の対象となった津雲貝塚は、大正年間におけるいわゆる「石器時代人骨収集ブーム」が始まった時期に多数の人骨がまとまって発掘された遺跡であり、瀬戸内地方における縄文時代の代表的な遺跡として知られています。特に1919年から翌年にかけて行われた京都帝国大学考古学研究室による調査では、およそ80体あまりの埋葬人骨が出土しました。

サメによる被害が確認されたのは1919年出土の24号人骨で、現在は京都大学大学院理学研究科自然人類学研究室にて保管されています。24号人骨に多くの傷が残されていることは、津雲貝塚出土人骨を観察した研究者に知られていましたが、その成因についての研究は行われていませんでした。私自身も2001年に当該人骨を観察し、cutting markが多いこと、また縄文時代の埋葬例としては特異な埋葬姿勢をしており注意を要すると報告しましたが（山田康弘2002『人骨出土例の検討による縄文時代墓制の基礎的研究』科研費奨励研究(A)報告書）、まさかサメの被害者だとは思いませんでした。

本論文の筆頭著者であるアリッサ・ホワイトさんは、オックスフォード大学で骨考古学を研究している大学院生で、縄文・弥生時代人骨に残された人為的傷痕の研究のため京都大学を訪れ、所蔵資料を観察していました。ホワイトさんは、24号人骨に付されたcutting markが人為損傷としては異常に数が多いことから、サメによるものではないかと考え、私たちはサメ襲撃の専門家であるフロリダ大学のジョージ・バーゲス博士と協力し、分析を行ってきました。

研究成果

この人骨については年代測定が行われており、死亡時期は3320–2960 cal BP（年代幅は95%信頼区間）とされています。縄文時代晩期の事例と考えてよさそうで、津雲貝塚の中心となる時期と一致します。比較的若い中年（大体35～45才）の男性で、縄文時代としては標準的な身長、体格で、筋肉が発達していたと考えられます。残されている全ての骨を詳細に観察し、傷痕の位置と特徴を記録していったところ、少なくとも790箇所にものぼる傷痕が残されていました。いずれも治癒痕跡は認められず、死亡時に残されたものと考えられます。また、右下肢、左手、左足前半の部位については完全に欠落していました。

24号人骨に残された傷跡は、齧歯類によるものと思われるごく少数の咬痕を除き、これまで報告されているサメの咬痕に共通する特徴であるV字型の横断面、平行に走る直線的あるいは弯曲する複数の傷・穿孔が確認され、同じ箇所を繰り返し咬むというサメの習性によると思われる傷

Yaponesian

跡も見られました。特に深い傷は、臀部、下肢など、現在においてもサメの被害に遭いやすい部分に見られました。

発掘時の写真を見ると、仰向けで股関節を強く屈曲させ膝を伸ばし、左下肢を体に重ねるよう二つに折り曲げて埋葬されています。これは縄文時代にしばしば見られるような仰臥屈葬例ではなく、非常に稀有な埋葬姿勢です。また、墓域全体をみてみると、他の人骨群からはやや離れた位置に埋葬されたことがわかります。これらの埋葬属性を今回判明した死因とあわせて考えると、縄文時代の人々が異常死に対して呪術的な対応をとった証拠として捉えることができそうです。

肉食動物による捕食は、これまで縄文人の死因として考慮されることはほとんどありませんでした。しかしながら、今後は埋葬属性がイレギュラーなものに関しては、それを射程に入れた形で検討を加える必要があるでしょう。



津雲貝塚24号人骨出土状況（写真是京都大学中務先生の記者発表資料より引用しました）



24号人骨の左上腕骨に見られるサメの咬痕（同上）

Yaponesian 研究紹介1

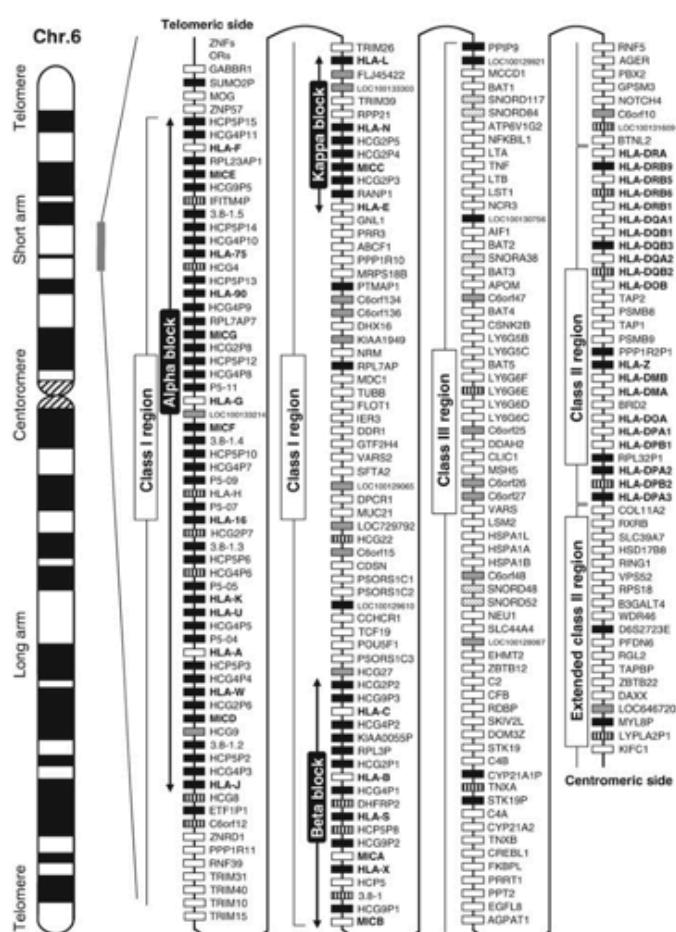
**細道一善 (A04班研究代表者 金沢大学医薬保健研究域医学系)
HLAハプロタイプの多様性にもとづくヤポネシア人進化の解明**

はじめに

HLAとは、ヒトにおいて自己と非自己を認識して免疫応答の入り口を担う分子であり、その遺伝子はヒトゲノムの中でも最も多様性に富む領域です。進化学的には様々な抗原に対応するために多様性を蓄積してきたと言われており、集団間でHLAアレル頻度およびハプロタイプ頻度には異なった特徴が現れ、それには現在の集団の形成過程に至る感染症との戦いなどの歴史も刻まれていると言われています。古代ヤポネシア人はどのようなHLA型を持っていたのか？そして、現代のヤポネシア人とはどのような違いがあるのか？この研究ではそれを明らかにしたいと思っています。

HLA遺伝子・HLA領域

HLA (Human leukocyte antigen)は免疫応答の入り口として「自己」と「非自己」の認識に働きます。HLA分子は外部から侵入してきた細菌やウイルスなどの「非自己」である病原体由来のペプチドを結合してT細胞に提示することで、免疫の働き手であるキラーT細胞やB細胞などに伝えることで、感染した細胞を攻撃したり、病原体に対する抗体を産生したりします。このHLA分子をコードするHLA遺伝子は100種以上もの自己免疫疾患、がん、移植片対宿主病、ウイルス感染症など数多くの疾患と強い関連を示すことから、ゲノム医学において重要なゲノム領域の一つです。さらに近年では特定のHLAアレルと薬剤副作用との極めて強い関連も報告され、副作用を予測して別の治療方法を適用するなど、予防医学としても重要な遺伝子です。このHLA遺伝子はヒトゲノムの中で最も多型性に富む領域で、HLA遺伝子6座 (*HLA-A*, *-B*, *-C*, *-DRB*, *-DQB1* および *-DPB1*)には計29,000種類もの膨大なHLAアレルがこれまでに同定されています。これらHLA遺伝子は6番染色体短腕の約3.8Mbの領域に固まって存在しています。そして、それぞれのHLA遺伝子には強い連鎖不平衡が認められ、HLA領域は特有のハプロタイプを形成し、その遺伝的多様性は集団間で異なる、という特徴があります。



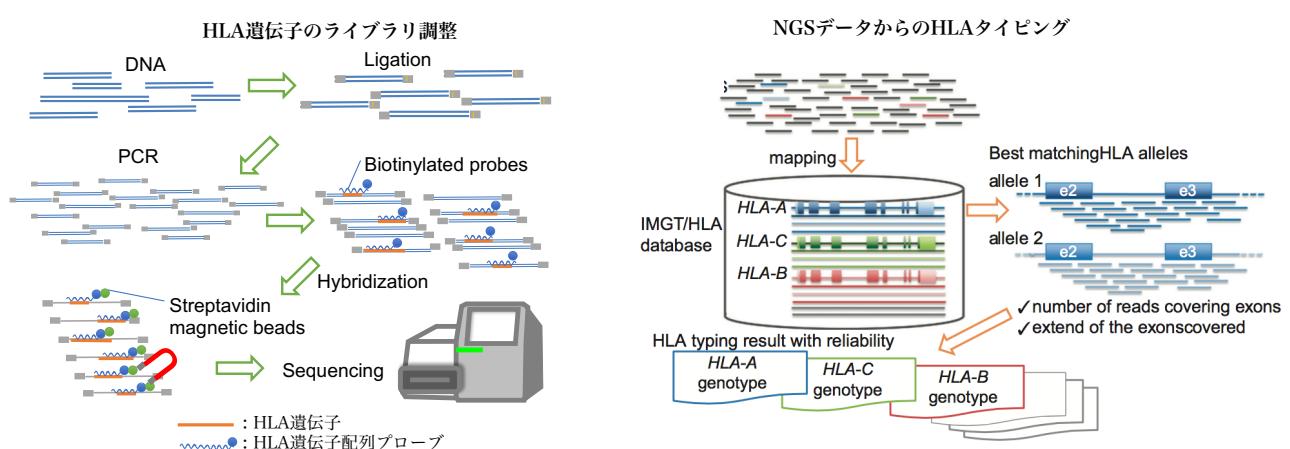
HLAタイピング

HLA型を決定する方法として、HLA遺伝子ごとに2つのHLA遺伝子の塩基配列としてのHLAアレルを決定(HLAタイピング)する必要があります。近年では臨床検査でもNGSを用いたHLAタイピングが実施されるようになってきました。医学上重要な11のHLA遺伝子 (*HLA-A*、*-B*、*-C*、*-DRB1*、*-DRB3/4/5*、*-DQB1*、*-DPB1*、*-DQA1*および*-DPA1*)を1つのチューブの中で、遺伝子全長をロングPCR増幅し、その塩基配列をNGSのデータによって解析するという手法です。医療目的でない場合はNGSによる全ゲノム解析からのSNP情報やSNPアレイのデータからHLA型を推定するHLAインピュテーションなどの推定方法もよく使われる手法です。

なぜ全ゲノム解析ができる時代に、あえて特定のHLA遺伝子由来のDNAのみを調整して解析する必要があるのか? HLAインピュテーションでも良いのでは?などの疑問もあるかもしれません。しかし、実際に全ゲノム配列のデータからではHLA遺伝子の高度な遺伝子重複や構造多型などから、解析が困難という問題もあります。また、集団遺伝学的な解析ではなく、個々のHLA型として検討するには低頻度のHLAアレルや新規HLAアレルを決めていく必要があります。

古代人のHLAタイピングの実際

現在確立されているNGSによるHLA遺伝子の解析には5kb程度のロングPCRによる増幅を行いますので、古代人由来DNAのように断片化したDNAを対象とした場合、HLA遺伝子の増幅が不可能です。そこで、エクソーム解析などで知られる、特定のDNA断片を限定的に回収し、シークエンス解析する手法を用います。すなわち、HLA遺伝子配列に対して特異的なプローブを用い、ヒトゲノム由来DNA断片とのハイブリダイゼーションによりHLA遺伝子DNAを濃縮することで、HLA遺伝子領域のみのシークエンスを行います。古代人DNAを用いる場合、含まれるヒトゲノムの割合が試料によって異なり、特にヒトゲノム含有率が低い場合、HLA遺伝子由来DNA断片の濃縮のために、適切なハイブリダイゼーションの条件が必要になってきます。これまでに、ヒトゲノム含有率が低い場合でも効率よくHLA遺伝子由来のDNA断片を濃縮できるプロトコールを確立しています。



今後の展望

現在、計画研究A02班で解析を進めている縄文人DNAを用いて、HLAタイピングを進めています。縄文人はどのようなHLA型を持っていたのか? そして、それは現代、同じ地に生きる私達とはどのような共通性や違いがあるのか? 都道府県など地域によって特徴があるのか? など、今後明らかにしていきたいと思っています。

研究紹介2

菅 裕 (A04班研究代表者 県立広島大学県立広島大学生物資源科学部)
一介のエボデボ研究者は何故漆にかぶれたのか

ウルシ (*Toxicodendron vernicifluum*) が日本で塗料として用いられ始めたのは、遅くとも縄文時代早期のかなり古い時代である。多くの方はこのような「高尚な」文化は中国伝来であるという先入観を持つだろうが、実は遺物の古さだけを見ると日本の漆文化の方が古い可能性もある。研究者の間では、一定の信憑性を持って、漆文化は日本発祥ではという説が語られているほどである。漆器を英語でjapanと呼ぶことも、幾許かのpatriotismをくすぐりつつ、そこに一定の寄与をしているだろう。少なくとも日本では、かなり早い時期から中国と同等かそれ以上の漆文化があつたというのは間違いないところである。日本人と、日本列島に息づく動植物とのつながりをゲノムから解き明かすというヤポネシアプロジェクトの理念の一つから言えば、これほど欠くべからざる種もそれほど見当たらない。しかし私自身は漆やそれを産出する植物としてのウルシの研究者ではない。専門は動物多細胞性の進化で、原生生物を材料に、分子生物学的な研究を行っている。それが何故漆研究に「かぶれる」ことになってしまったのか？

私が日々研究室で学生と研究しているのは、単細胞ホロゾアと総称される、動物に近縁なことだけが取り柄の原生生物群である。人類の役に立ちそうな際立った特徴は今のところ見つかっていない（そのうち一種が住血吸虫*Schistosoma mansoni*を好物としていることくらいだろうか）。専門で研究しているのは私の研究室と、私がもといたバルセロナの研究室だけである。こうした非モデル生物研究の常として、とりあえずゲノムを読んでみましょう、ということになるのだが、当初インフォマティクス専門家に投げて結果だけを解釈して論文を書く予定だったところが、いろいろな事情が重なり、私自身が、配列アセンブリからアノテーション、個々の遺伝子の解析に至るゲノムプロジェクト全体に深くかかわることになった。それは今も思い出したくないくらい大変な作業であったが、それと引き換えに私の中には「こうやればゲノムプロジェクトができる」という固い芯のようなものが残った。いつか自分で何らかの生物種のゲノムを解読してみたい、という思いがそこで芽生えたのかもしれない。

その後幸運にも得た日本での職は故郷の公立大学の准教授であったのだが、驚くべきことに帰国した日本では大学の厳然たる役割分担が完成しており、所属の組織は地域への「貢献」をその存在意義とすることを唯々として受け入れた。当然の帰結として「進化もいいけど何か地元に貢献せよ」という圧力をもろにかぶることになる。そこで捻り出したのがウルシのゲノムプロジェクトである。ちょうどその時、キャンパスのある庄原市の隣、三次市で広島漆の再興を目指して一人立ち上がった人物があり、彼との共同研究としてプロジェクトが始まった。プロジェクトを介して人脈がどんどんつながっていき、つながった先にこのヤポネシアゲノムがあったということになる。現在ウルシゲノムは京都産の「丹波一号」を材料に、既に解読が終了している。総塩基数は463Mb。幸運なことに、実質的に働き手が一人しかいない本プロジェクトの手になんとか収まる程度の規模であった。

現在のゲノムプロジェクト業界では、ゲノムを解読しただけではまともな論文にはならない。少なくともRNAseqデータを加え、遺伝子の働き方に関する知見を得て、ゲノムと生命現象を結び付けなければならない。そこで、ウルシの各組織から時期を変えてRNAをサンプリングし、「漆を作る遺伝子」を探すこととした。ウルシという植物がどこでどうやって漆を作るのかについてはまだまだ分からぬことが多いのだが、ウルシの樹液はそのままでは漆にはならず、定期的に

傷つけられた樹皮の組織が変化してそこを通る樹液を変質させる、という説が有力である。つまりウルシにとってみれば、傷から身を守るために生体防御反応である。生体防御反応ならば、それは遺伝子発現として検出可能なはずである。京丹波の漆搔き職人と交渉し、6月の初鎌（何と美しい日本語！）と8月の盛漆の時期に、搔いた樹皮を頂けることになった。その間、漆搔きは4日ごとに少しづつ大きな傷をつけていく。コントロールサンプルの葉も加えてRNAseq解析を行った結果、確かに8月の樹皮で非常に強く活性化している遺伝子群がある。その中には漆を固化させる酵素であるラッカーゼも含まれており、非常に期待の持てる結果であるといえる。

勢いに乗って、ウルシの近縁種のRNAseq解析にも手を出した。そこには、先のプロジェクトで見出した「漆を作る遺伝子」の挙動はウルシという種に特異的であろう、という予想があった。ところが結果はこの予想に反したもので、ことラッカーゼに関していえば、4日ごとに傷つけ続けた近縁種の樹皮からは、ウルシと同様、他の組織よりもかなり高い遺伝子発現が検出された。すなわち、ウルシは漆を作るために独自の進化を遂げたというよりは、それまでに既にあった遺伝子の働きをうまく利用して「強く固化する樹液」という形質を手に入れた可能性が出てきている。

現在挑戦しているのは、樹皮を4日毎に傷つけるという操作が、本当に遺伝子発現とリンクしているのかという解析と、他の優良品種をリシーケンスし、資源保護などを目的としたDNAバーコードを作成することである。この度これらに加え、ウルシという種の起源を探るというプロジェクトが加わった。目下のところ中国のウルシをどのように解析するかという点が最大の問題であるが、2年間のうちに世間に強いインパクトを与えるような結果を出せねばと考えている。

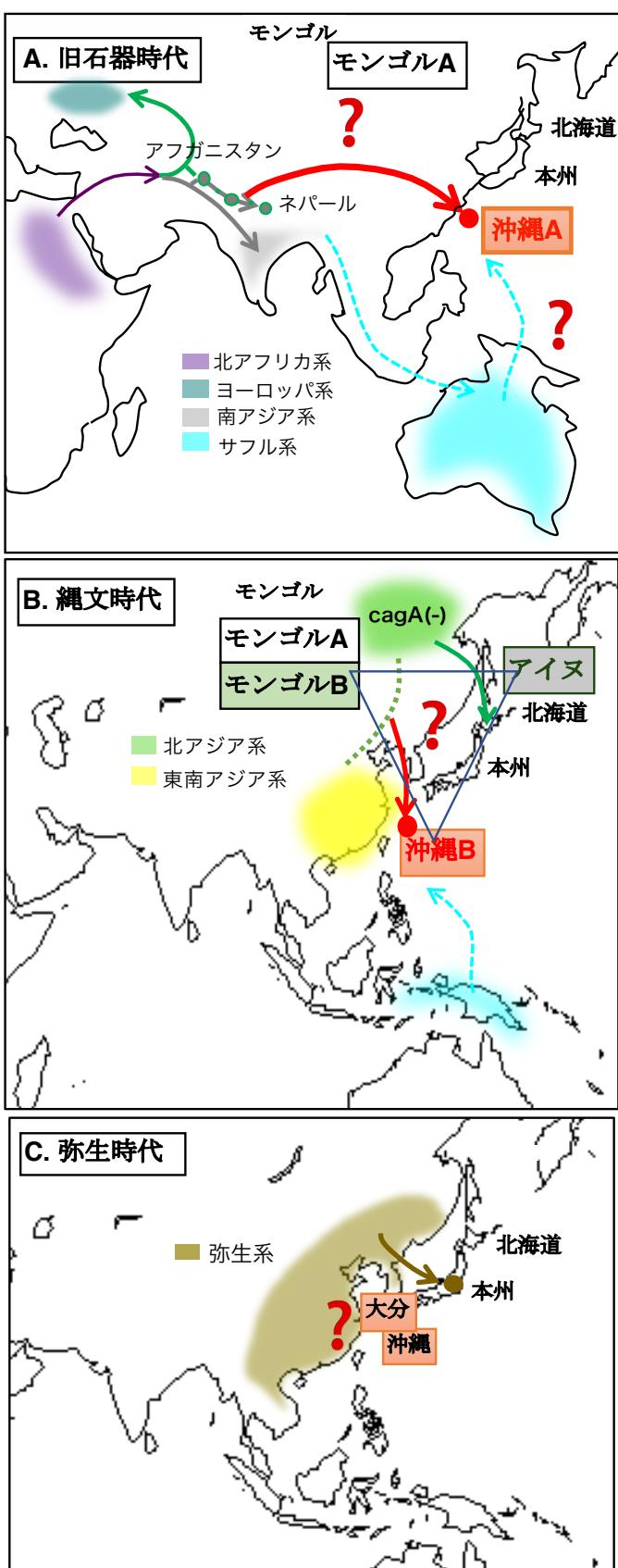


8月、何度も搔かれ満身創痍のウルシ。
この時期の漆は盛漆（さかりうるし）と
呼ばれ、固化速度も高く上質とされる。

研究紹介3

**山岡吉生 (A04班研究代表者 大分大学医学部)
ピロリ菌ゲノムからさぐるヤポネシアへの人類移動**

人類は、約5～10万年前にアフリカ大陸を出て世界各地に広がりました。胃癌の原因と考えられるヘリコバクター・ピロリ（ピロリ菌）は、人類の出アフリカ前にヒトの胃への感染を確立し、人類と共に旅をしてきました。医学的には厄介者のピロリ菌ですが、ホモ・サピエンスの長年の旅の供でもあるのです。我々はピロリ菌ゲノムを解析することで、人類集団の移動を追っています。今までに、アメリカ先住民のピロリ菌が東アジア型に近い遺伝子を持つことを世界で初めて報告し、ピロリ菌がヨーロッパ人から持ち込まれたという当時の説を覆しました（*FEBS letter* 2002,



Science 2003)。さらに、ピロリ菌がアフリカ大陸で感染を確立し、5~10万年前に人類集団と共にアフリカ大陸を出て世界各地に移動したことを証明しました (Nature 2007)。またノーベル医学賞受賞者のMarshall教授との共同研究で、数万年前にピロリ菌が人類と共にオーストラリア（当時のサフル大陸）に移動したこと、さらに台湾先住民と共に約5000年前に、太平洋の大海上へ移動していったことを証明しました (Science 2009)。ピロリ菌は主に垂直感染によって伝播し、宿主であるヒトと並行的に進化してきたので、菌の系統関係から宿主である人類集団の足跡を推測することができるのです。

ヤポネシア人の起源と成立は、長年の研究テーマであり、未解決な部分が多く残されています。そこで、我々はピロリ菌ゲノムを解析することで、ヤポネシア人の起源についても研究を進めてきました。本土人のみならず、アイヌ人、沖縄人のピロリ菌を得て、次世代シーケンサーによるゲノム全域 (150~160万塩基対)の解析も含めて、現在までに様々な新しい知見を得ています。具体的には、本土人のみならず、アイヌ人、沖縄人のピロリ菌解析を行い、アイヌ人や沖縄人に特異的なピロリ菌が存在することを報告しました。注目すべきことに、沖縄特異的な菌には、分岐年代が旧石器時代（沖縄A）と縄文時代（沖縄B）の2系統が存在し、アイヌ人の菌とアメリカ先住民の菌が近縁でした。また沖縄Aに類似性のある菌がアフガニスタンからネパールにかけて存在することもわかりました。しかし、沖縄A類似菌はネパール以東には見つかっておらず謎も多いのです。沖縄Aの分岐年代は旧石器時代ですが、ヒトゲノムの研究では旧石器時代の沖縄人（港川人）の系統は途絶えており、現代には残っていません。すなわち、ピロリ菌DNAのみが過去を探る手掛かりであると考えます。さらに興味深いことに、少数ながら大分県でも沖縄特異株に類似する菌が見られるなど地域性が存在します。本研究では、世界最大規模のピロリ菌コレクションを生かして、2種類の次世代シーケンサー

で、ピロリ菌DNAのみが過去を探る手掛かりであると考えます。さらに興味深いことに、少数ながら大分県でも沖縄特異株に類似する菌が見られるなど地域性が存在します。本研究では、世界最大規模のピロリ菌コレクションを生かして、2種類の次世代シーケンサー

Yaponesian

を組み合わせたピロリ菌の全ゲノム解析により、ヤポネシアの人類史を明らかにしていく計画です。ヤポネシアへの移動に関しては、図のように、旧石器時代、縄文時代、弥生時代以降に分けて考えていきます。

日本人は狩猟採取民の縄文人と、稻作農耕民の弥生人を祖先に持つと考えられています。弥生人の渡来後、縄文人との混血が進み（二重構造モデル）、本土では農耕民の人口が増加しましたが、北と南の端には縄文系の人々が多く残ったため、アイヌ人と沖縄人に共通性があるというものが「アイヌ・沖縄同系説」です。現代日本人のピロリ菌のほとんどは、東アジア諸国と共通する弥生系タイプですが（図C）、我々が見出した沖縄Bとアイヌ系統の菌は共通性が見られ、「アイヌ・沖縄同系説」と符合しています（図B）。縄文人より古い旧石器時代人については、人骨化石や石器は出土するものの、その由来は不明な点が多いです。ヒトゲノムの解析ではアイヌ人の系統が本土人から最も遠く、次に沖縄人がアイヌ人に近いことがわかっていますが、我々のピロリ菌解析から、沖縄Aタイプは旧石器時代に起源を持つ菌であり、アイヌ系ピロリ菌より古いことが判明しています（図A）。沖縄Aはまさに菌の「化石」であり、ヒトゲノムからは推測されない日本人の真の起源に迫ることができると考えます。

最近、斎藤成也先生は三段階渡來說・「うちなる二重構造」モデルを打ち出し、弥生時代以降の渡来は2度あり、本土の中でも様々な混血があったという説を唱えました。ピロリ菌でも、本州は本土型がほぼ100%であるのに対して、大分県にはこれと異なるタイプが散在することを見出しており、本研究により、日本国内のピロリ菌集団構造解析によって、新たな知見を加えることが可能であると考えます。

ピロリ菌を用いるというユニークな研究によって、ヤポネシアの人類史を明らかにしていきたいと考えておりますが、ヒト側のDNAも調査することでより充実した研究としていきたいと考えております。そのためには多様な方面との共同研究を期待しております。興味のある方は、ぜひご一報をいただければ幸いです（yyamaoka@oita-u.ac.jp）。

研究紹介4

セリック・ケナン (B04班研究代表者 国立国語研究所) 「南琉球諸語を対象とした言語変化モデルの構築と系統樹への応用」

我々が日常的に使っている言語は不变のものではなく、「分からぬ」を「分かんぬ」と言ったり、「ありがとう」を「サンキュー」に置き換えたりなどして、様々な変化を被って常に変容していきます。しかし、言語変化は一様に起きているわけではないようです。例えば「手」という概念は日本および琉球のどの方言でも「テ」またはそのなまつた形式（「ティー」「チー」など）によって表されています。つまり「手」という単語は日琉諸方言の中で非常に安定しており、別の単語に中々置き換えられないことが言えます。しかし、これに対して、「頭」という概念は方言によって系統の異なる様々な単語によって表されています。日本諸方言では「アタマ」系、琉球諸方言では「ツブル」系の単語が広く見かけますが、その他に「ガソコ」（山形県）、「ビンタ」（九州南部など）、「カマチ」（奄美）、「カナマイ^イ」（宮古島、「イ^イ」は摩擦母音）、「アマスクル」（波照間）など、多数の系統を引く単語が見つかります。同じ人体部位の中でも「頭」を指す単語が「手」を指す単語より安定していない、逆に言うと、「頭」を指す語は変化しやすい、ということが分かります。

このように、言語変化を理解し、その適切なモデルを構築するために、まず実際の言語変化をよく観察し、その性質を明らかにする必要があります。つまり、大量の言語変化のデータを基に、どのような変化がどのような条件の下でよく起こるのか、またはその反対に言語のどのような側面が変化しにくいのかなどということを解明する必要があります。このため、筆者は同じ南琉球祖語から分岐した、沖縄県宮古諸島及び八重山諸島で話される南琉球諸語を対象とし、大規模な語彙データを用いて祖語の時代から現在の南琉球諸語に至るまでに起きた言語変化を研究しています。

この研究は4つの段階からなります。① これまでに類を見ない南琉球諸語の大規模な語彙データベース（約400,000語）を作り、各語について同源性（祖語の同じ語に遡る特徴）の認定を行います。例えば、「ツグイ」（ヒヨウタン）」「（宮古平良）、「ツップリイ」（頭）」「（石垣川平）、「ンブル（夕顔）」「（与那国）などの単語は一見関係がないように見えるかもしれません、比較言語学の方法を用いれば、実はこのいずれの単語も同じ祖語の「ツブル（頭／ヒヨウタン）」に遡ることが証明できます。

② 続いて、同源と認定した単語に比較歴史言語学の方法を応用し、南琉球祖語をどんどん再建していきます。祖語が再建できると、祖語から現在の方言に至るまでの変化が特定できるようになります。なお、各変化の生起回数やその伝播の仕方などに着目して変化の分類も行います（図1）。

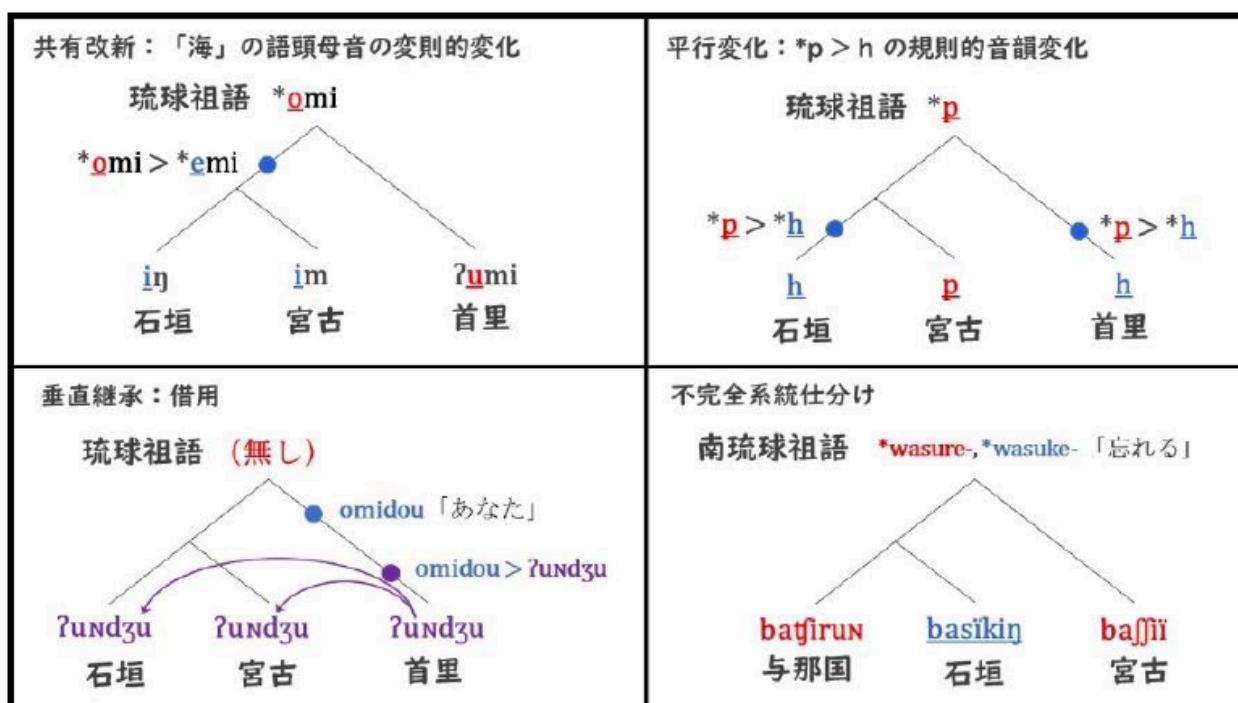


図1 言語変化の分類

③ 特定した変化に基づいて、各変化の速度やその要因について色々と分析を行います。分析の結果に基づき、言語変化のモデルを構築します。

④ 最後に、言語変化のモデルを用いて生起確率が低い変化を中心に南琉球諸語の系統関係を探ります。

以下、研究の具体的な例を紹介したいと思います。南琉球祖語および琉球祖語を再建してみると、*ドロ「泥」や*バーケ「笊」などにごく稀な例外を除いて、有声の破裂音 b, d, g（「バ行」「ダ行」「ガ行」）から始まる単語はほとんどないことに気づきます。これに対して、無声の

破裂音p, t, k（「パ行」「タ行」「カ行」）から始まる単語は数多く再建されます。しかし、祖語においてp, t, k始まりで再建される単語は現在の方言において有声子音から始まることがあります。例えば、*カヤ「茅」と再建される単語は石垣方言では「ガヤ」となっています。これはつまり、祖語から現在の石垣方言に至るまでに、語頭子音の有声化という変化が起きたということになります。では、この語頭子音の有声化とはどのような変化でしょうか。

語彙データベースを用いて、南琉球で*ka始まりで再建される名詞（合計127語）を調べた結果、*k > g の変化が起きたと確認できた語は7語ありました。その詳細は表1の通りです。

表1 南琉球において語頭有声化が起きている*カ始まりの単語

祖形	祖語意味	変化分布
*カザム	「蚊」	南琉球のほとんどの方言
*カヤ	「茅」	八重山の多くの方言
*カタ	「飛蝗」	多良間・水納
*カキツ	「ウニの一種」	鳩間
*カニ	「蟹」	鳩間
*カビ	「貝>お汁を掬う杓子」	鳩間
*カキジヤ	「熊手」	小浜

以上のデータからはたくさんのが分かります。まず、*カから始まる127語のうち、語頭子音の有声化が起きているのはたった7語だけなので、*カ>ガの変化は散発的であるとともに、生起確率が割と低いということが確認できます。次に、多くの方言に同じ変化が起きている「蚊」の場合は、この変化が複数回、並行的に起こっていることが言えます。なぜならば同じ宮古祖語に遡る宮古語諸方言と、同じ八重山祖語に遡る八重山諸方言に祖語の古い状態を残す方言（宮古：池間・伊良部、八重山：与那国）があるからです（図2）。そして最後に、変化が起きる語に大きな偏りがあることに気づきます。つまり、表1の7語のうち、5語も動物を指しています。このため、変化の生起自体はランダムでありながら、変化の対象（「動物」を指す語）は決してランダムではないことが分かります。言い換えると、動物名詞に限定してみると、語頭子音の有声化が起きやすいという傾向が認められます。

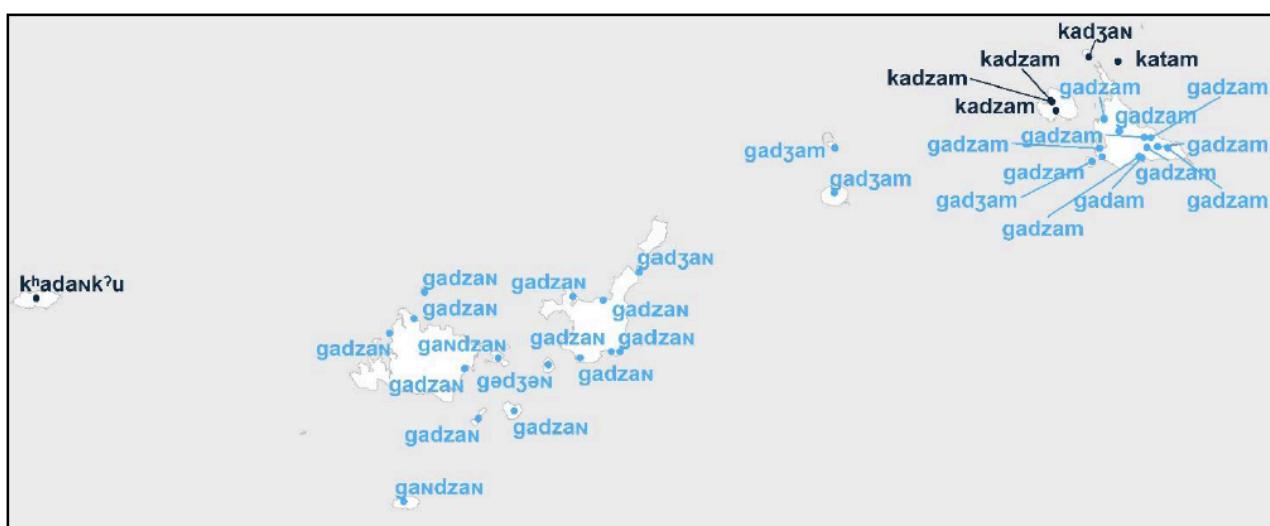


図2 南琉球における*カザム「蚊」の語頭子音の有声化の分布

研究紹介5

瀧上舞 (B01班研究協力者 国立歴史民俗博物館)

遺跡から人骨が発掘されたとき、その年代を知るにはまずは共伴遺物が用いられます。土器型式、墓型式、装飾品など、人工遺物が年代を推定する重要な手がかりとなります。また、陸生植物性試料の年代測定が行われることもあります。しかし、共伴遺物が存在しない場合や、考古学的な疑義がある場合、最後の手段として人骨の年代測定が行われます（写真1）。

人骨の直接年代測定が最後の手段とされているのは、人骨から放射性炭素年代を測定し、暦年較正をするまでには様々な仮定が伴うため、できれば避けたいというのが年代測定屋の本音だからです。較正年代ができるまでの流れは次の通りです。まず発掘された資料のうち、後世の形態学的調査に影響を与えない部位を選び、破壊分析である年代測定に供します。次に、骨からゼラチンコラーゲンを抽出し、炭素・窒素安定同位体比測定と放射性炭素年代測定を行います。測定データが出揃ったところで、海産資源の寄与率を推定し、暦年較正を行うという手順です。この中で、大きく2つの仮定が「海洋リザーバー効果の地域差」と「海産資源寄与率の推定に用いる食物の種類と同位体比」です。これらは特に慎重に考えなければならない工程です。

そもそも放射炭素年代測定は、炭素14が放射壊変によって半減期5,568年で減少していくことを利用した年代測定です。大気中の炭素14は常に新しく生成され、それらは海洋表層内の炭素と交換されています。しかし、海洋深層水中の炭素14は交換されることなく、減少しながら循環しています。そのため炭素14の量が減った深層水が湧昇することで、表層海水と混ざり、結果的に表層海水の炭素14濃度も大気中より減少した状態になります。昨年発表された海産試料用の較正曲線Marine20では、平均表層海水は陸域よりも500 ^{14}C year分の炭素14が少なくなっている（古くなっている）ことが報告されました。この作用を「海洋リザーバー効果」と呼びます。海洋リザーバー効果は、深層水の湧昇域からの距離や海流の影響で、地域によって異なっています。したがって、それぞれの地域で平均表層海水よりも炭素14濃度が高いのか低いのかを確認する必要があります。湾の形の違いや、時代による海流の変化から、地域特異的な海洋リザーバー値を時空間的に細かく把握する必要がありますが、日本周辺でも報告値は限られているのが現状です。

陸域の試料を用いて年代測定をする際には海洋リザーバー効果を考えなくて良いのですが、海産資源を摂取する生物、特に陸産資源と海産資源を混合して摂取するヒトでは、どのくらい海産資源を摂取していたのかという寄与率を推定し、その分だけ海洋リザーバー効果の補正をしなければなりません（図1）。その際、当時の人の代表的な食物を2点以上選択し、その食物の同位体比を用いて寄与率推定の計算を行います。食物の同位体比は生息域や飼育・栽培方法で変わって来るため、厳密には当時の人々が摂取していた食物の同位体比を求めなければなりません。可能な場合は遺跡から出土した動植物遺存体を直接分析しますが、適切な試料がない場合には対象とする遺跡にできるだけ近い時代・近い地域の食物の同位体比を先行研究から探して当てはめており、100%正確な値を求めるのは困難です。

これらの仮定を経て、私たち考古班は人骨の年代を提示しています。そのため、どのような仮定のもとにどの数値を補正に用いて較正年代を示しているのかという『解析の過程』も報告書に明記することを心がけています。将来、地域特異的な海洋リザーバー値が充実したり、食物仮定を伴わない海産資源寄与率推定の画期的な方法が編み出されたりするかもしれません。後世の研究者が古人骨試料の年代を再検証する際に、私たちの研究で示した数値や考察をどこまで採用出来て、どこから再検討が必要かを把握できるようにしておくことが大切です。解析数値だけが独り歩

Yaponesian

きしないように気を付けつつ、年代不詳の古人骨に年代軸を添える作業を続けていきたいと思います。



写真1 青谷上寺地遺跡出土人骨の発掘状況（写真提供：鳥取県とっとり弥生の王国推進課）

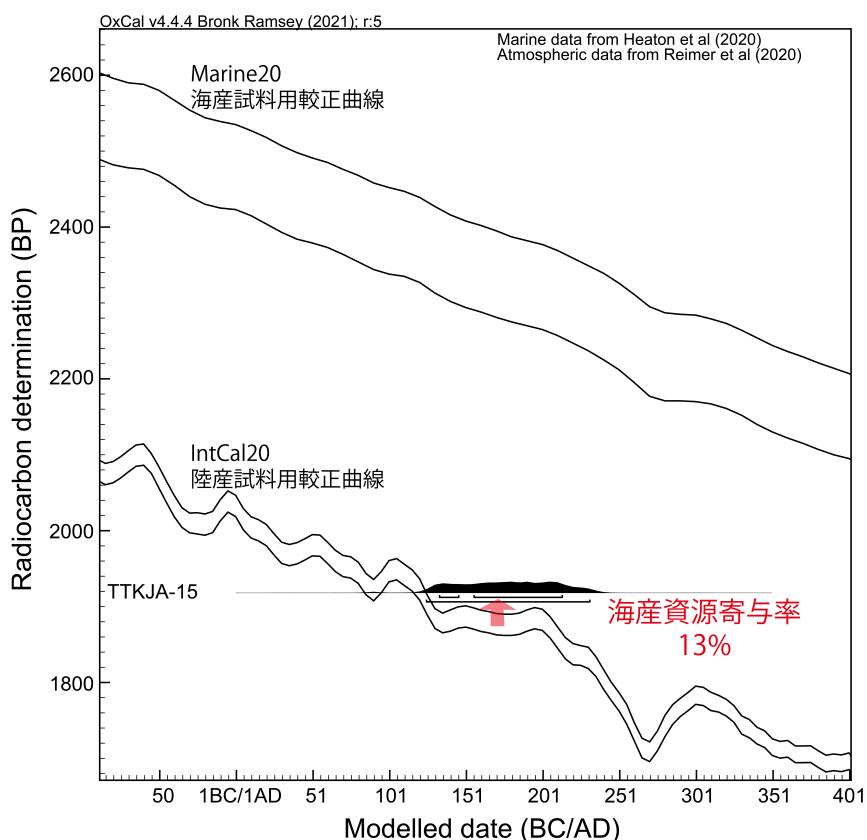


図1 年代解析の例（青谷上寺地遺跡TTKJA-15）

ソフトウェア紹介10

長鎖シークエンスデータからの構造異常検出ソフトウェア

藤本明洋（B03研究分担者 東京大学大学院 医学系研究科）

次世代シークエンサーは、エラー率が低く、データ産出量も多いため、ヒトゲノムの多型解析に広く用いられている。しかし、次世代シークエンサーは、連續して決定できる配列の長さ（リード長）が100-300塩基程度であり、繰り返し配列（類似性が高い配列）が多いヒトゲノムを解析するためには、長さが不足していると言われている。繰り返し配列の長さがリード長を超える場合、リード配列が由来するゲノム内の位置を決定することができないため、解析の障害となる（図1）。また、次世代シークエンサーでは、長い塩基配列の挿入の全長を観測することが難しい（図1）。数年前から研究に用いられるようになった長鎖シークエンサーは、リード長が長いため、繰り返し配列も解析可能であると考えられ、次世代シークエンサーでは解析が困難な領域の構造や多型を明らかにすることが期待されている。

長鎖シークエンサーには、Oxford Nanopore社のNanoporeシークエンサーとPacific Bioscience社のPacBioシークエンサーがよく知られている。これらのシークエンサーは両方ともリード長が長い利点はあるが、一般に、1塩基あたりのエラー率が高いという問題がある（PacBioシークエンサーは同じ分子を何度もシークエンスすることでエラーを除去することができる。）。本稿は、シークエンス技術の違いには踏み込まないが、一般に配列にエラー（読み間違い）が多いため、一塩基の違いを解析することは難しいとされている。しかし、大きな構造の違い（構造異常）であれば、エラーに強く影響されることなく解析できると考えられる。

次世代シークエンサーと同様に、長鎖シークエンスの結果は、参照ゲノム配列にマッピング（位置ぎめ）を行った後に、多型の解析が行われる（図2）。長鎖シークエンサーの出力する、長くエラーの多い配列を早く効率良くマッピングする方法は複数開発されている。また、マッピング結果に基づいて、構造異常を検出するソフトウェアも複数提案されている。これらのソフトウェアでは、マッピング結果から、構造異常を示唆するリード配列を選出し、リードの本数などを用いて確からしい構造異常が同定される（図2）。

解析の精度の評価のためのデータも整備されつつある。Chaissonらは、一般に入手可能な細胞株のDNAを複数の方法（次世代シークエンサーとPacBioシークエンサー）で配列決定し公開した(1)。この結果と比較することで、多型検出の精度評価を行うことができる。Costerらは、Nanoporeシークエンサーを用いて、同じサンプルの配列を決定し、複数のソフトウェアで解析を行い、精度を評価した(2)。その結果、minimap2ソフトウェアを用いてマッピングした結果を、SnifflesソフトウェアまたはSVIMソフトウェアを用いて解析する方法が優れていると報告している。我々も、最近、Nanoporeシークエンサーのデータを解析して構造異常を検出する方法を開発した(3)。我々の方法も併せて前述のデータで評価した結果、SnifflesとSVIMでは、Snifflesがやや保守的であった。SVIMでは、信頼度のスコアに基づいて構造異常候補の選択を行うと精度が向上することが分かった(3)。なお、蛇足ではあるが、我々が開発した方法も良い精度であった(3)。これまでの研究により、長鎖シークエンス技術により、構造異常（50塩基以上の挿入欠失や逆位）は1人当たり20,000個以上あること、挿入のほとんどがトランスポゾンによるものであることが明らかになっている。ただし、高度な繰り返し領域（セントロメア、テロメア、VNTRなど）の構造異常の詳細はまだ明らかになっていない。

Yaponesian

長鎖シークエンス技術は、エラー率が高いものの、リード長が長く構造異常の検出に優れている。また、ハプロタイプの実測など次世代シークエンサーで解析不可能なことを明らかにすることもできる。近年、短い繰り返し配列における変異が、疾患の原因となっているとの報告(4,5)があり、医学系の研究における利用も進むと考えられる。長鎖シークエンス技術を用いることで、ヒトゲノムをgap（配列決定ができない領域）なしで完全に配列決定しようとする国際プロジェクトも進みつつある(6)。集団解析はまだそれほど多くないが、1000人の全ゲノムシークエンス解析も公開され、今後疾患研究を中心として利用されていくと考えられる(7)。長鎖シークエンサーを用いることで、多重遺伝子族の配列解析、ハプロタイプの実測、構造異常の精度の高い検出、繰り返し配列の解明などが可能になると考えられる。集団遺伝学研究においても、長鎖シークエンスデータの活用を検討すべきかもしれない。

1. Chaisson, M. J. P. et al. Multi-platform discovery of haplotype-resolved structural variation in human genomes. *Nat. Commun.* 10, 1–16 (2019).
2. De Coster, W. et al. Structural variants identified by Oxford Nanopore PromethION sequencing of the human genome. *Genome Res.* 29, 1178–1187 (2019).
3. Fujimoto, A. et al. Whole-genome sequencing with long reads reveals complex structure and origin of structural variation in human genetic variations and somatic mutations in cancer. *Genome Med.* 13, 1–15 (2021).
4. Sone, J. et al. Long-read sequencing identifies GGC repeat expansions in NOTCH2NLC associated with neuronal intranuclear inclusion disease. *Nature Genetics* (2019) doi:10.1038/s41588-019-0459-y.
5. Mitra, I. et al. Patterns of de novo tandem repeat mutations and their role in autism. *Nature* 589, 246–250 (2021).
6. Miga, K. H. et al. Telomere-to-telomere assembly of a complete human X chromosome. *Nature* (2020) doi:10.1038/s41586-020-2547-7.
7. Beyter, A. D., Ingimundardottir, H. & Eggertsson, H. P. Long read sequencing of 1,817 Icelanders provides insight into the role of structural variants in human disease | bioRxiv. (2019).

(1) 構造異常の検出



(2) 揿入配列の全長

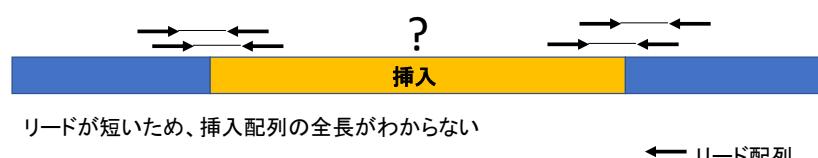


図1 次世代シークエンサーの限界

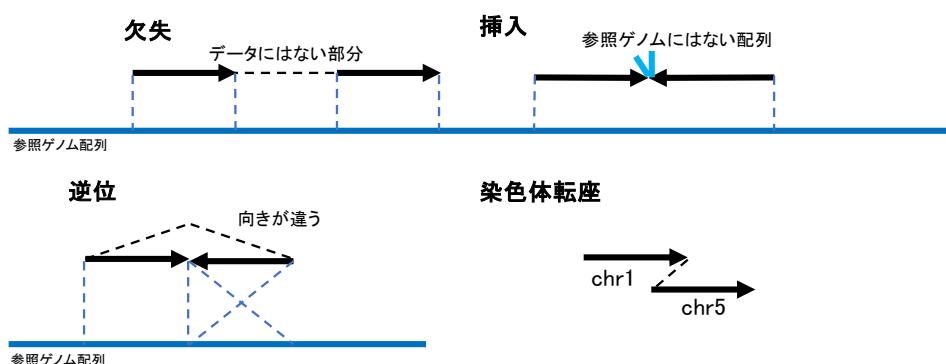


図2 長鎖シークエンスのデータ解析

研究室めぐり

**木村亮介 (A04班研究代表者 琉球大学大学院医学研究科人体解剖学講座)
琉球の島で人類の拡散と適応を考える**

私が琉球大学に赴任してから、早10年以上の月日が流れました。沖縄の文化と自然に触れながら教育と研究に勤しむ日々は、物品や試薬の到着が遅いとか出張の度に飛行機に乗らないといけないとかを差し引いても、変えがたいものです。ヤポネシアゲノム代表の斎藤先生はクロスアポイントで琉球大学にも籍があり、頻繁に来沖されていますが、皆さんも時期をみて沖縄に来ていただき、ヤポネシア談義に花をさかせましょう。

琉球大学は那覇の北東に位置する中頭郡西原町にあります。「ニシハラ」の「ニシ」は沖縄の言葉で北の意であり、首里からみて北の原であることに由来します。漢字として「西」の字があてられているため、ややこしくなります。余談ですが、「ニシ」とは「いにしえ」が変化した言葉で、先祖が来た方角を表すという説もあります。沖縄では「ニシ」が北、つまり九州の方向、本土では「ニシ」が西、つまり朝鮮半島の方向ということで、人類学者が研究しなくとも、みんな先祖が来た方角を知っていたということになります。言語学的にこの説がどの程度説得力があるのか知りませんが、言語班の皆さん、今度教えてください。

さて、琉球大学大学院医学研究科人体解剖学講座は、石田肇教授を筆頭に教員3名、技術専門職員2名、事務職員1名、技術補助員1名、博士課程大学院生4名の総勢11名で研究と教育に勤しんでいます。学部教育では、主に「人体の構造と機能」と「解剖学実習」を担当しています。譜久嶺・川口の両技術専門職員が中心となって、献体団体である「でいご会」および学務課と連携して御献体を収集し、処置をして、医学生のための肉眼解剖学の実習に役立てています。

研究の方では、石田教授は骨、私木村はゲノムを中心とした自然人類学を専門としています。現在はポスドク研究員が不在になってしましましたが、過去にはA02班の佐藤丈寛さん（金沢大）、山口今日子さん（リバプールジョンムーア大）、中橋渉さん（早稲田大）、伊藤毅さん（京都大）、小金渕佳江さん（東京大）、澤藤りかいさん（総研大）など人類学の分野で活躍されている研究者がポスドク研究員あるいは助教として在籍し、共に研究をしてくれました。また、現在、同研究科の先進ゲノム検査学講座にはA01班の松波雅俊さんが居て、密に連携しながら琉球列島人のゲノム研究を進めています。もう一人の講座教員である泉水助教の専門は発生生物学であり、ホヤを材料として配偶子形成と受精のメカニズムを研究しています。お昼の“ゆんたく”的時間には泉水先生の蘊蓄を聞くのが講座員の日課です。

現在当講座で進めている具体的な研究内容をいくつか紹介しましょう。

1) アジア人・琉球列島人の集団形成史： ゲノム解析を行うことで、アジアおよび琉球列島に焦点を当てて、その集団形成史を調べています。現代人のみならず、古代人のゲノムも解析しています。

2) ヒト形態形質と遺伝子多型の関連解析： ヒトの顔面形態を三次元表面形状データおよびCT・MRIデータを用いて解析し、ゲノムワイドSNP解析を行うことで、顔面形態に関連する遺伝子多型を探査しています。また、博士課程の米須さんは手の形態に着目し、ゲノムワイド関連解析を進めています。歯科口腔外科から来て既に学位を取得した片岡さんと博士課程の後藤さんは、それぞれ歯根形態に関連する遺伝子、骨の厚みに関連する遺伝子を調べています。

3) 頭蓋骨および脊椎の形態パターンの解析： 博士課程の蔵當さんは頸骨弓形態の個体差について、立花さんは脊椎の形態パターンについて研究しています。

Yaponesian

当講座では、毎週木曜日にセミナーを開催し、論文紹介と進捗報告を行っています。また、各自が研究をまとめられるよう、半期に一度、研究員と大学院生全員が研究発表を行う「集いの日」を設けています。毎年、夏にはビーチパーティーを開催していましたが、今年は新型コロナの影響を開催できませんでした。

というわけで、当講座では、先史人類の拡散と適応の謎を解明することに浪漫を抱きながら、日々研究に励んでいます。まさに「故きを温ねて新しきを知る」ことで人類学だけでなく医学にも貢献できれば望外の喜びです。



Yaponesian
遺跡めぐり1：兵庫県の弥生時代遺跡

藤尾慎一郎（B01班研究代表者 国立歴史民俗博物館）

神戸市大開遺跡

—住居や貯蔵穴にうち捨てられた石棒—

神戸市大開遺跡は近畿地方でもっとも古い水田稻作開始期の遺跡の一つです。深さが1.5m以上もある大きな壕で居住域を囲んでいるので、環壕集落と呼ばれています。環壕集落は水田稻作を行う弥生時代になってから出現する集落のかたちで、農耕社会が成立していたことを示す考古学的証拠として、「戦い」とともに重要な指標の一つと考えられています。一方、縄文人のまつりの道具である石棒が12点も見つかったことでも有名な遺跡です。今回は、相矛盾する縄文(石棒)と弥生(環壕集落)の要素を合わせ持つ大開遺跡とDNAとの関係について見てみることにしましょう。

大開遺跡では、滋賀里IV式、口酒井式、長原古式など突帯文土器とよばれる、もっとも新しい縄文土器が見つかっていますので、水田稻作が始まる前から人びとの暮らししがあったのは間違いないありません。けれどもこのころの遺構はよくわかっていません。

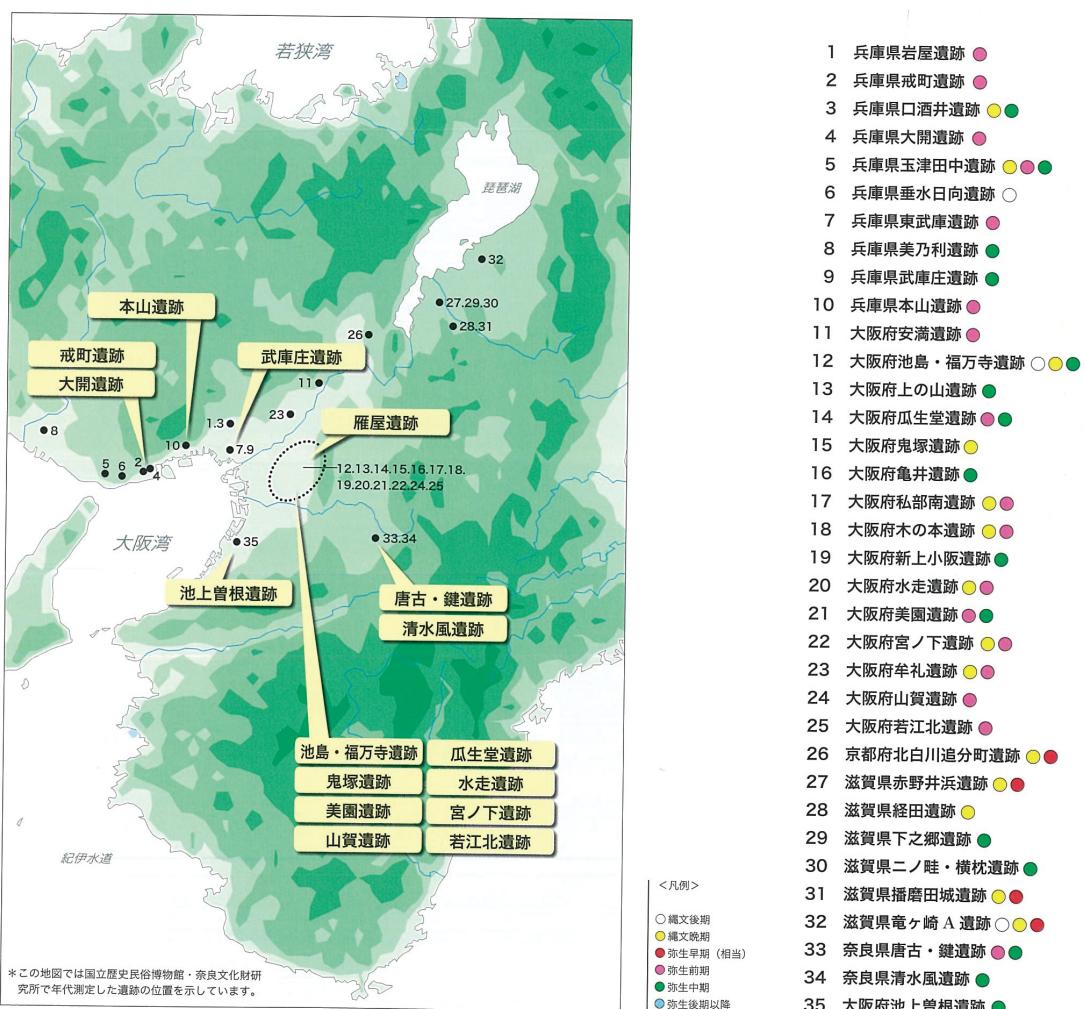


図1 近畿地方の初期弥生遺跡（赤丸・橙丸が稻作開始期の遺跡）

突帯文土器は、もっとも古い弥生土器である遠賀川系土器と一緒に見つかることが多く、縄文から弥生への移行期の土器として注目されてきました。

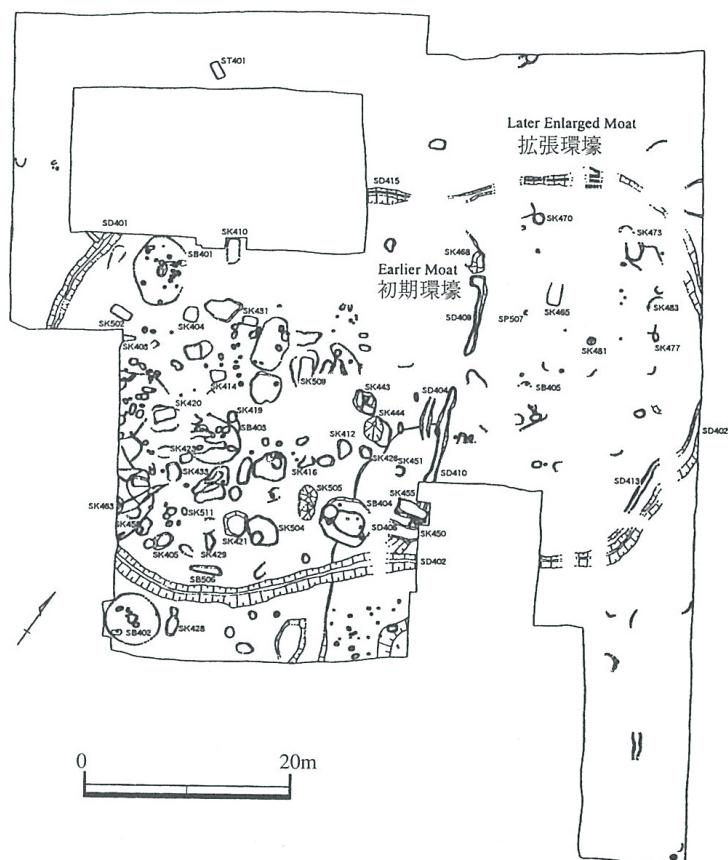
神戸市本山遺跡も近畿地方ではもっとも早く水田稲作が始まった遺跡の一つで、出土した遠賀川系土器に付着していた炭化物の炭素14年代 ($2540 \sim 2470 \pm 40$ ^{14}C BP) から、神戸地域では前7世紀末には水田稲作が始まっていたと考えられています(図1)。

大開遺跡も土器からみると、本山遺跡と同じ頃に水田稲作を始めたと考えられます。ただ、突帯文土器が出土していることからわかるように、水田稲作が始まる前から在来の採集・狩猟民(いわゆる縄文人)が暮らしているので、晚期から継続する遺跡で水田稲作が始まったことを意味します。縄文晚期から在来系採集・狩猟民が活動していた平野部において水田が拓かれる例は、水田稲作がもっとも早く始まった九州北部玄界灘沿岸地域でも知られておらず、とても珍しいことです。

さらに大開遺跡のもう一つの特徴は、縄文人が1万年以上前から使い続けてきたまつりの道具である石棒を、破壊した上で廃棄していたことです。水田稲作を始めてから、石棒のまつりをやめることになりますが、大開遺跡の人びとはどうしてやめなければならなかつたのでしょうか。では遺跡の内容を時期の古い方から紹介していくことにしましょう。

1. 前8世紀以前（水田稲作開始以前：近畿地方ではまだ縄文文化が続いている）

この段階は突帯文土器が見つかっているだけで、特に遺構が見つかっているわけではありません。しかし、この地域の人びとは縄文晚期の終わりには水田稲作が可能な平野部に進出していたことがわかります。



② 縄文系の土器の存在

この地域の弥生前期の遺跡では、遠賀川系甕を使って調理が行われていましたが、甕のなかには一割ほどの割合で突帯文系の甕が存在します。しかもそれらには遠賀川系甕の形や作り方の影響を受けているものがあり、いわば弥生化した突帯文系甕であるといえるでしょう。

図3は、大開遺跡から出土した甕の図面です。1・2・4が晩期突帯文土器、5・8が突帯文系甕、10～13が遠賀川系甕、そして6・7・9は両方の特徴をもつ折衷系の甕。3は鉢、14と15は壺です。突帯文系は縄文晩期から地元で使われてきた土器の特徴を引き継いでいます。遠賀川系は九州北部で成立した土器の系統を引く外来系の土器、折衷系はこの地で弥生化した突帯文系甕です。

考古学では、在来の採集・狩猟民が用いた突帯文系土器、西からやって来た外来の水田稻作民が用いた遠賀川系土器、両者の混血とまでいいませんが、在来系の人びとが外来系の土器をまねたり、逆に外来系の人びとが在来系の土器をまねて作ったりした折衷系土器、という三つの土器があることを確認しています。つまり三つある土器の系統差は、使用する人びとの出自や生業の違いと結びついていると、考えてきたのです。

そして今、考古班では、こうした出自などを異にする三つの土器群の背景に、使用した人びとのDNAの違いを読みとろうとしています。土器の系譜や生業差とDNAとの関係という、これまで考古学が想像にすらしてこなかった領域への新たな挑戦です。

こうした挑戦を可能にしたのは古代ゲノム班と考古班が、この3年間で行ってきた西日本地域における調査の結果、以下に述べるようなことがわかつってきたからです。

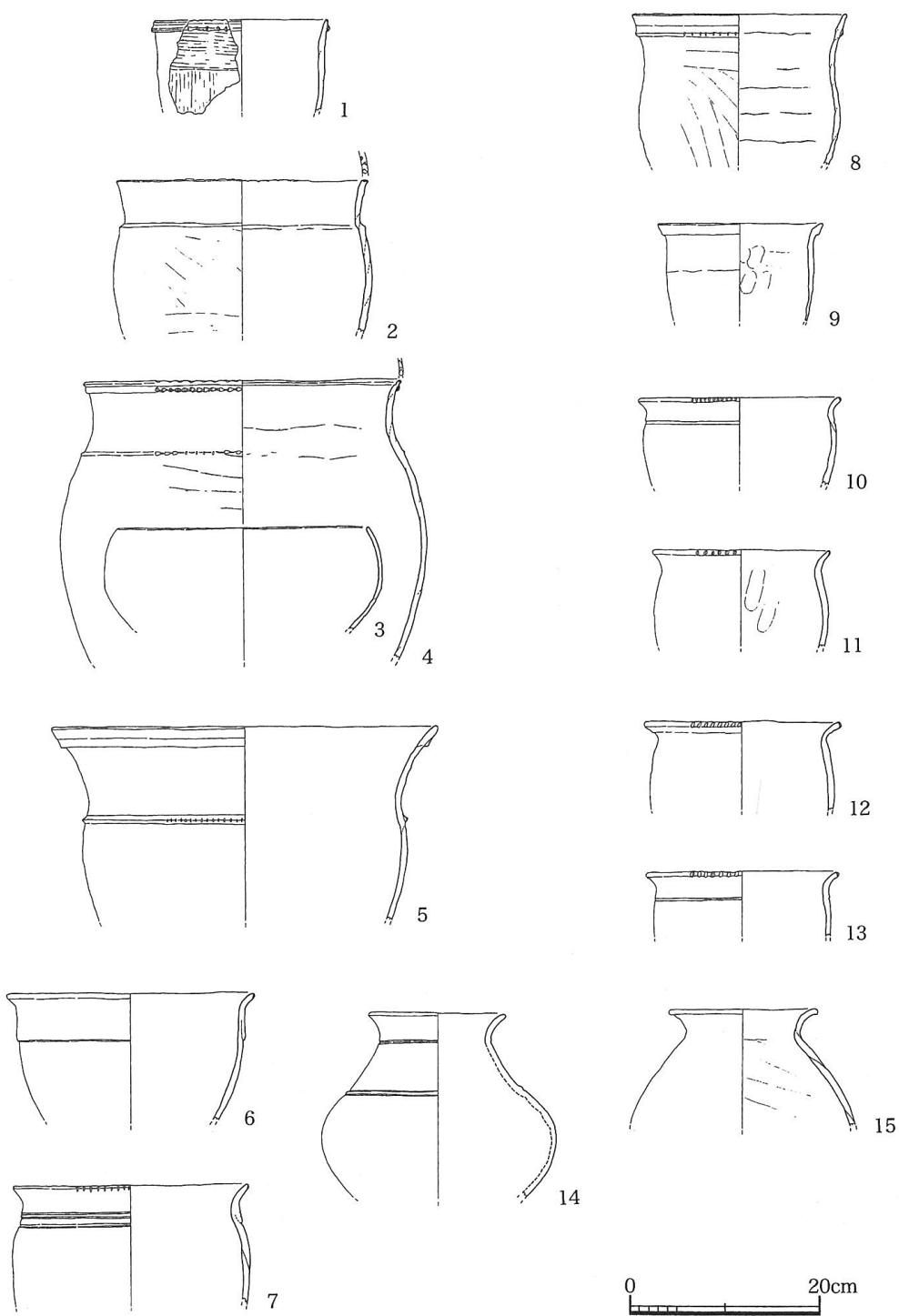
前6世紀の愛知県朝日遺跡で見つかった2人の渡来系弥生人は、水田稻作を行い、九州北部に系譜をもつ遠賀川系土器を使っていました。2人のDNAを分析したところ、前1世紀の福岡県安徳台遺跡や2世紀の鳥取県青谷上寺地遺跡で見つかった渡来系弥生人と同じでした。

一方、同じ時期の渥美半島にある愛知県伊川津貝塚の人びとは水田稻作を受け入れていない採集・狩猟民であり、縄文晩期系の条痕文土器を使っていました。そしてDNAは西日本の縄文人に多く見られるタイプだったのです。

このように前1千年紀後半段階の伊勢湾沿岸地域にみられた土器の系統差、生業を異にする人びとは、DNAも異なっていたことがはっきりしてきました。

そこで、大開遺跡のある大阪湾沿岸地域にも、土器や生業を異にする諸集団のDNAが異なっていた可能性があるのではないかと考えるようになりました。たとえば大阪の讚良郡条里遺跡のように突帯文系の長原式土器を使っていた在来の採集・狩猟民と、大阪の山賀遺跡のように主に遠賀川系土器を使っていた水田稻作民のDNAが異なっている可能性です。大開遺跡は使用されている土器からみて山賀遺跡と同じグループに属しています。

そのため古代ゲノム班の篠田謙一さんは、大開遺跡の環壕から出土した歯のDNA分析を行うことにしました。歯は一本しかないのでDNA分析しかできませんが、弥生時代になって新たに列島に現れた、いわゆる渡来系の人びとなのか、それとも縄文時代から西日本にいる在来系の人びとなのか、もしくは両者が混血した人なのかがわかれれば、大開遺跡を造った人びとの出自を知る手がかりを得ることができます。



1~4：縄文晩期土器溜まり 5~7, 15：初期環壙 9~11：Ⅰ期住居跡 12~14：拡張環壙の土坑

図3 大開遺跡出土の縄文晩期・弥生前期土器

③ 神戸の渡来系弥生人

朝日遺跡に水田稻作をもたらしたのは、考古学的に西（滋賀県）からやって来た人びとだと考えられていますので、朝日遺跡で見つかった渡来系弥生人もこの地で生まれたのではなく、西からやって来た可能性が高いと考えられます。

ではそもそも近畿の渡来系弥生人はどこで生まれたのでしょうか。近畿よりも西の地域である可能性が高く、その中の一つに香川県があります。なぜなら大阪湾沿岸の弥生開始期の遺跡からは香川県金山産の安山岩で作られた石器が多量に出土することが知られているからです。もともと大阪湾沿岸には二上山という安山岩の産地があり、この地の石器は縄文時代から二上山産の安山岩で作られてきました。ところが水田稻作の開始期に限って金山産の安山岩を使った石器が出てくることから、大阪湾沿岸地域に水田稻作をもたらしたのは、讃岐の人びとではないかという説があります。

そして大開遺跡でも例に漏れず、金山産の安山岩で作られた石器が多数を占めていることから、讃岐から水田稻作がたらされた可能性が考えられているのです。ただ、100%移民からなるのかといえば、在来の土器を10%含むことや石棒の存在から、その可能性は低そうです。

こうした考古学的な仮説を証明するためにも、香川の水田稻作民のDNAと神戸や大阪の人びとのDNAを比較することが必要です。現在分析中の大開の資料に加えて香川の人骨の測定が急がれますですが、1000年以上あとの3世紀に築造された高松市高松茶臼山古墳から出土した古墳時代前期人骨のDNA分析をすでに終えていますので、大開遺跡のDNA分析結果が出た後で香川の人との関係について考えてみることにしましょう。

④ 石棒を破棄した人びと

農耕社会が成立していた大開遺跡で出土する石器には、太型蛤刃石斧や柱状片刃石斧、扁平片刃石斧などの水田稻作を行っていたことを物語る大陸系磨製石器と、縄文文化のおまつりの道具である石棒12点があります。石棒のうち8点は、住居跡や貯蔵穴から壊された状態で見つかりました。ほとんどは徳島市眉山産の結晶片岩製ですが、全体の形状がわかる図4だけは、紅簾片岩製でした。

基本的に水田稻作が始まると、青森県を除いて縄文人が使っていたまつりの道具は消えていきますので、水田稻作を行っていた人びとのむらから縄文系のまつりの道具が見つかることはほぼありません。ただ、大開遺跡を含む大阪湾沿岸の弥生開始期の遺跡からは石棒が見つかることがよくあります。大開遺跡以外でも東奈良遺跡、亀井遺跡、田井中遺跡、堅田遺跡からも石棒が出土することが知られています。

近畿では水田稻作が始まるにあたって、縄文時代以来、石棒を使っていた人びとが一定の役割を果たしていたという説があります。つまり、本稿で言う在来の人びとである採集・狩猟民のことです。石棒以外にも1割ほど存在する突帯文系の甕からも、同じことが言えます。

こうした問題を考える手がかりとなるのも、先述した環壕内で見つかった歯の持ち主のDNA分析結果です。たとえば縄文系のDNAをもっていれば、在来の採集・狩猟民に出自をもつ人びとが何らかの形で関わっていたことを示すでしょう。また渡来系弥生人のDNAをもっていれば、外来の人が西からやって来て関わっていたことを示します。近畿の水田稻作は、西から水田稻作民が大規模に移住して始まったとい

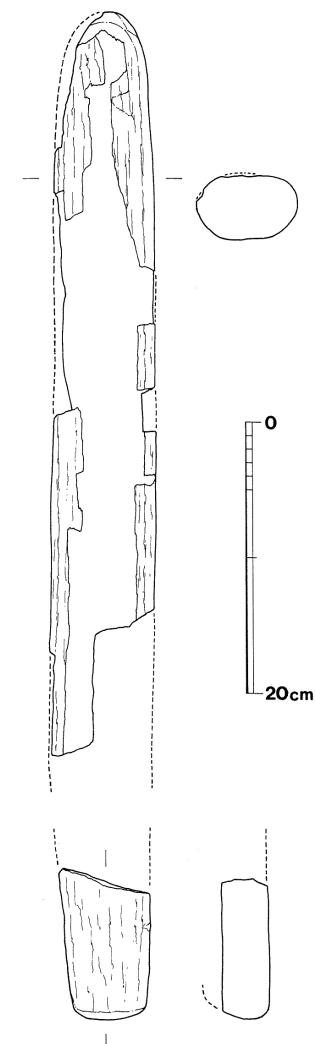


図4 石棒

う考え方には、80年代以降、賛同する研究者が減っているという事実があるので、水田稲作の広がりに関しては、移住説も含めて考え直さなければならなくなるでしょう。

問題はこれらの石棒がいつ、必要とされなくなつて破壊され、捨てられたのかです。水田稲作の開始と同時なのか、農耕社会の成立直後なのか、それとも環濠集落成立後もしばらく使われてから破壊され、廃棄されたのかを考古学的に判断することはきわめて難しいのです。前6世紀後半から始まる遺跡からは石棒が出土しないことが知られていますので、前6世紀前半で終わりを迎えた可能性が高い。とは言え、まだ多くのことが不明といわざるを得ません。

遺跡めぐり2：鹿児島県の縄文時代遺跡

竹中正巳（A04班研究代表者 鹿児島女子短期大学）

したばるどうけつ
下原洞穴遺跡は奄美群島徳之島西部の天城町西阿木名に位置します。西阿木名の海岸側には石灰岩段丘が広がっており、段丘と段丘の間の崖面に洞穴がいくつも認められます。下原洞穴もそれらの洞穴の中の一つです。2016年から天城町教育委員会と鹿児島女子短期大学により、先史時代人骨の発見を目指し開始されました。現在も、天城町教育委員会により調査が継続されています。発掘開始以来、注目すべき成果が次々と上がっています。

特に注目されるのは、南島爪形文土器が出土した土層（約7,000年前）の下の層から波状の条線文が施された土器片がいくつも出土したことと、その下の層からは縄文時代草創期の隆起線文土器が14点出土していることです。徳之島での土器使用が一気に1万年以上前までさかのぼることになりました。隆起線文土器は、これまで、種子島までしか見つかっていませんでした。奄美・沖縄地域では初めての出土例となります。奄美群島の徳之島では、土器使用が本土とほぼ同じ時期に始まったことが明らかになりました。

また、2つのトレーナーから、それぞれ縄文時代後期相当期の再葬墓が検出され、人骨が出土しています。1トレーナーの再葬墓で検出された人骨は、散乱状態のものがほとんどを占めており、少なくとも成人3体分が確認できています。2トレーナーでは、2体（1号人骨：壮年男性、2号人骨：壮年女性）が並んで検出されたほか、別の個体の人骨片が各所から検出されました。2トレーナーには、少なくとも6体分の人骨があることがわかりました。

ほかにも、磨製石鎌の製作工房跡や25,000年前の土層も確認されています。本遺跡は、奄美群島の旧石器・縄文時代を解明する上で非常に重要な遺跡です。

参考文献

- 具志堅亮 (2021) 「下原洞穴遺跡」 『発掘された日本列島 2021調査研究最前線』 共同通信社 pp26-27.
- 具志堅亮 (編) (2020) 『下原洞穴遺跡・コウモリイヨー遺跡 発掘調査報告書1』 天城町埋蔵文化財発掘調査報告書9 天城町教育委員会.

Yaponesian



下原洞穴遺跡の再葬墓（左：1トレンチ 右：2トレンチ）



下原洞穴遺跡（発掘調査の様子 2021年3月）

Yaponesian

動植物ゲノムの紹介：ソバ

Jeffrey Fawcett (A04班研究代表者 理化学研究所・数理創造プログラム)

ソバは日本の食文化において非常に重要な位置を占めていますが、ソバの国別生産量では、日本は世界で約10番目、消費量でも日本はロシア、中国、ウクライナ、フランスに次ぐ5番目であり、またブータンやロシアは人口一人当たりのソバの消費量が日本よりはるかに多く、スロベニアも日本と同程度です。ソバは日本にユニークなもので海外の人はほとんど誰も知らないという印象を持っている方も多いと思いますが、実はいろんな国で利用されているのです。ソバは寒冷や乾燥に強く、荒れた土地や痩せた土地でも問題なく生育し、生育期間も非常に短いため、多くの国の山間部や高地で特に重宝され、また凶作の際の救荒作物としても古くから重要な役割を果たしてきました。最近では、ソバの栽培が土壤の改良や雑草の抑制に効果的であることも分かってきています。また、ソバはビタミンB群やルチンをはじめとする栄養素が非常に豊富であり、健康食品としても注目されています。その一方で、単位面積あたりの収量がイネなどの主要作物と比べて著しく低いことが大きな課題となっています。

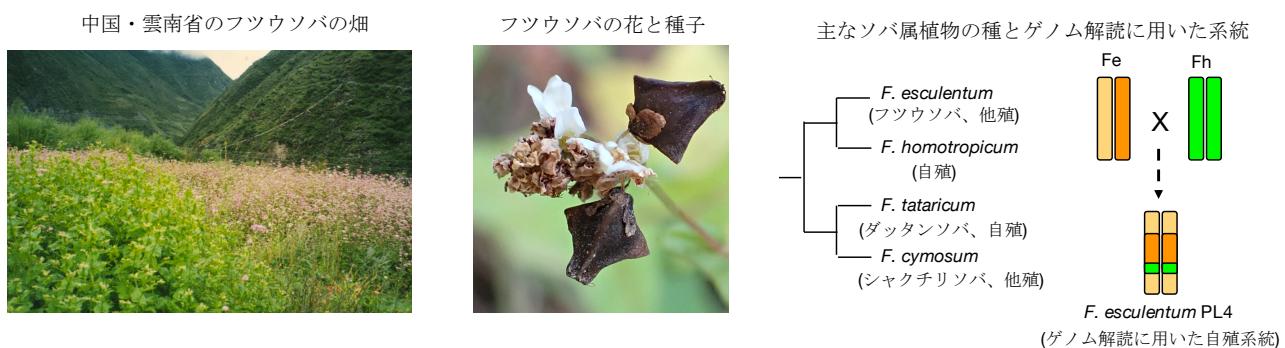
現在、有用であるものの十分に活用されていない低利用作物の生産性向上こそが、食料問題を解決する上でのカギを握っていると考えられており、ゲノム研究に基づいた低利用作物の生産性向上に大きな期待が寄せられています。つまり、先に述べた様々な有用性を持つものの収量が低いソバのゲノム研究は、まさに食料問題の解決に大きく貢献するものなのです。そして近年、本研究課題の協力研究者でもある京都大の安井先生をはじめとする国内のソバの研究者たちのエフォートにより、ようやくソバでも大規模なゲノムデータを用いた研究が行えるようになってきました。これはいよいよソバの時代がきた、ソバで地球の1つや2つは救えるんじゃないかと、現在日本のソバの研究者たちは大いに盛り上がっているところです。

ソバはタデ科の植物であり、英語ではbuckwheatというのですが、コムギ (wheat)、イネ、トウモロコシなど多くの主要な穀物が属するイネ科とは全く異なり、擬穀類と呼ばれることがあります。ソバ属には、フツウソバ(common buckwheat, *Fagopyrum esculentum*)とダッタンソバ(tartary buckwheat, *Fagopyrum tataricum*)という2つの栽培種が存在し、どちらも中国南西部の雲南省、四川省、チベットあたりに自生する異なる野生種から独立に栽培化されたと考えられています。日本を含むほとんどの国で主に利用されているのはフツウソバの方です。ソバの植物としての興味深い点の1つは、二花柱性型自家不和合性と呼ばれる珍しい繁殖様式を持つことです。雌しべが短く雄しべが長い短柱花を持つ個体と、雌しべが長く雄しべが短い長柱花を持つ個体同士でしか交配が成功しません。この繁殖様式は、フツウソバを含む多くのソバ属植物が持っております、ソバ属植物の共通祖先で獲得されたと思われています。その一方で、ダッタンソバを含む複数のソバ属植物において独立にこの繁殖機構が失われており、これらの植物は自殖をすることができます。

ソバにおける二花柱性型自家不和合性は、生物学的には興味深いのですが、遺伝情報に基づいた品種改良を行う上でも、精度の高いゲノムアセンブリを構築する上でも大きな障壁となります。自殖可能な系統の作成は、作物の生産性向上における重要なステップであり、フツウソバでも様々な試みがなされてきました。その中で、フツウソバと、自殖可能な近年野生種*F. homotropicum*との交配を元に、PL4という自殖可能な系統が作成されました。我々は、このフツウソバPL4系統のゲ

Yaponesian

ノム解読を行い、高精度な染色体レベルのアセンブリを作成することに成功しました。PL4系統は、フツウソバと*F. homotropicum*の雑種なのですが、実際にはゲノムの約96%がフツウソバ由来の領域であり、残りの*F. homotropicum*由来の領域に、自家不和合性の原因遺伝子の偽遺伝子が含まれていることが分かりました。そして、フツウソバPL4系統のゲノム中に、ルチンの生合成に関連する遺伝子、ソバアレルギーの原因であるアレルゲンに関連する遺伝子、モチ性に関連する遺伝子など、多数の有用な遺伝子を同定することができました。つまり、このゲノムがフツウソバのリファレンスゲノム、いわば「参照となる」ゲノムとして利用可能であり、ソバの品種改良や生産性向上を大きく加速するものとなることが期待できます。現在これらの成果をまとめた論文を執筆中であり、ヤポネシアゲノムの期間内には発表できるのではないかでしょうか。



このフツウソバPL4のゲノムは、ヤポネシアゲノムの課題であるソバの日本への伝播過程の解明において重要な役割を果たします。我々はすでに、中国・雲南省を中心に採集したフツウソバ、野生ソバ合計約100個体の配列決定を行い、これらをフツウソバPL4ゲノムに配列を貼り付けることで多型を検出し、様々な集団遺伝学的な解析を行なっています。今後は日本及び世界各国の栽培種を用いた集団遺伝学的な解析を行うことで、日本への伝播過程が明らかになることを期待しています。

参考文献

1. Hunt, H. V., Shang, X. & Jones, M. K. Buckwheat: a crop from outside the major chinese domestication centres? a review of the archaeobotanical, palynological and genetic evidence. *Vegetation history and archaeobotany* 27, 493–506 (2018).
2. Yasui, Y. et al. Assembly of the draft genome of buckwheat and its applications in identifying agronomically useful genes. *DNA Res.* 23, 215–224 (2016).
3. Matsui, K. & Yasui, Y. Buckwheat heteromorphic self-incompatibility: genetics, genomics and application to breeding. *Breed. Sci.* 70, 32–38 (2020).
4. Matsui, K., Tetsuka, T., Nishio, T. & Hara, T. Heteromorphic incompatibility retained in self-compatible plants produced by a cross between common and wild buckwheat. *New Pytol.* 159, 701–708 (2003).
5. Konishi, T., Yasui, Y. & Ohnishi, O. Original birthplace of cultivated common buckwheat inferred from genetic relationships among cultivated populations and natural populations of wild common buckwheat revealed by AFLP analysis. *Genes Genet. Sys.* 80, 113–119 (2005).
6. Yasui, Y. et al. *S-LOCUS EARLY FLOWERING 3* is exclusively present in the genomes of short-styled buckwheat plants that exhibit heteromorphic self-incompatibility. *PLoS ONE* 7, e31264 (2012).

ことばめぐり

海の民：漢と和邇氏

遠藤光暁 (B02班研究代表者 青山学院大学)

朝鮮三国時代に朝鮮半島ないし鴨緑江以北に日本語系由来の地名を残した民族は「漢」であると河野六郎が推定しています。歴史家による漢に関する研究を見ると、漁労や交易をなりわいとして松花江流域から咸鏡南道・江原道を本拠地とし、高句麗を介して遼東方面とも交易をしていたようです。また『三国志』魏書弁辰伝には、鉄の交易のため倭人や韓人と並んで出入りしていたという記載もあります。隅田八幡神社人物画像鏡にも穢人の今州利の名が現れ、日本にも來ていたことが分かります。

河野六郎は中期朝鮮語において日本人を後世のような倭舛'oaiではなく예'ieiと呼び、それが正に「漢」の字音であることを言語学的な根拠としています。ソウル大学の李基文は新羅の郷歌「彗星歌」でそれが「倭理」と表記されていてyəriという音価を示し、それが中期朝鮮語で上声となっているのは、古代語で2音節で低調（「倭」は平声）・高調（「理」は上声）だったものが母音間のrの脱落で1音節となり低高調の上声になったことを物語ると言っています。

一方、日本古代にも漁労・水運・交易・外交に従っていた渡来系氏族がいて、安曇氏や和邇氏は特に有力なものと目されます。和邇氏は『古事記』にもしばしば現れ、皇妃も多く出しています。そこでこのほどその中心地だったとされる奈良県天理市の和邇町を訪れてみました。まず漢・中平年間(AD184年-188年)という日本出土で最古の銘のある鉄刀が出た和邇氏の奥津城・東大寺山古墳に行きました。天理教の施設の裏山にあり、そこから歩いて和爾坐赤坂比古神社に向かうと



川に「和邇町」と書かれた橋がかかっています。いよいよ和邇氏の本陣に入るとくねくねした細い山道に沿って家々が建っていて、非常に古い時代からの町並みであることが実感されました。そうして歩きまわっているうちにふと思いつかんだのは「和邇（平声+上声）」自体がwariという音を表していた可能性でした。そこで、『古事記』に現れる「丸邇」という表記の「丸」のBaxter-Sagart再構上古音をスマホで調べると案の定*[g]ʷʰarのように-rで終わります。この辺には「平群へぐり」とか上古の-rを保つ古地名の平行例が他にも見られるのです。

中平銘鉄刀は三葉環で、銘はないものの同タイプの鉄刀は楽浪の石巖里古墳や福岡の若八幡宮古墳からも出土しているそうで、和邇氏の出自を暗示しているようでもあります。言語学的に漢と和邇氏の関係をより一層明確に示せると面白いのですが。

しまめぐり：サハリン島

白石英才（札幌学院大学）

『ヤポネシア』しまのものがたり

札幌・新千歳空港-ユジノサハリンスク間はプロペラ旅客機でもわずか90分。サハリンの先住民族言語であるニヴフ語の調査に足繋く年2回通っていたころは、ロシア側の入国審査に際して生じる長蛇の列に閉口したものだった。出迎えの人に長時間待つてもらうのは申し訳ないので、慣れてからは路線バスを利用して市内まで移動するようにした。

そのように出入国を繰り返しても慣れないのが税関検査で、こればかりはいまだに緊張を覚えるが、それには訳がある。かつてユジノサハリンスク空港の税関に、我々研究者にことのほか厳しい職員がいた。痩身に口髭、濃緑の制服のパリッとした着こなしからは職務に忠実な性格が窺えた。彼が当直の場合、スンナリと通過できることはまずなく、調査で得た録音資料のみならずお土産の類まで国外持ち出し不可と言い渡されたことも一度や二度ではない。いつしか、帰国や見送りのために国際線ターミナルに着くとまず税関に目をやり、彼の当直日にあたっていないか確認することが習性となっていた。そして運悪くそうだった場合、見送りの現地研究者には必ず税関の手前まで同行してもらった。トラブルになった場合は仲裁に、そしてそれが功を奏さない場合は持ち出し不可となったものを持ち帰つてもらうためである。

あるとき、サハリンでの現地調査に一緒に来ていた先輩研究者が一足先に帰国するので空港まで見送ったときのこと。運悪く件の職員に当たってしまい、荷物をすべて開けての執拗な尋問が始まった。

「これは国外持ち出し許可を文書で得ていますか。なければダメ、これもダメ」

このとき見送りに来ていたのはガリーナ・ロークさんだった。ロークさんは北サハリン西海岸出身でニヴフ語アムール方言の話者だが、東海岸のノグリキに長年居住していて東サハリン方言にも精通し、当地の郷土博物館の元学芸員だった。我々とは千葉大学大学院時代からの付き合いで、サハリン滞在中はいつも大変お世話になっていた。

ロークさんは状況を見るや、頭を抱える私の後ろから歩を進め、先輩研究者に助け舟を出しに行った。先輩研究者は長年の調査活動で東サハリン方言を習得していたので、二人の会話はニヴフ語。一言も聞き取れない職員はたまらず「それは何語で話しているのか」と問いただす。それに対しロークさんはこう言い放った。

「これは私たちの民族の言葉、ニヴフ語。この日本人の若者はニヴフ語を勉強するために、もう何年もサハリンに通っている。それなのにあなたたちロシア人はどう？もう何十年もサハリンに住み着いているのに、いまだに私たちの言葉を覚えようともしない」。

この一言は効いた。職員は態度を改め、自らの非礼を詫びた。そして荷物から取り出したものをすべて元通りに戻してくれた。

あまりの急展開に私は呆気にとられていた。そしてロークさんの毅然とした態度に感銘を受けると共に、それまでロシア官憲の尊大な態度の前に卑屈ともいえる姿勢でいた自らを深く恥じた。



北サハリン、ネクラソフカ村を拠点にニヴフの言語と文化の復興活動を展開するNPOクフクフ（白鳥）オフィスにて

Yaponesian

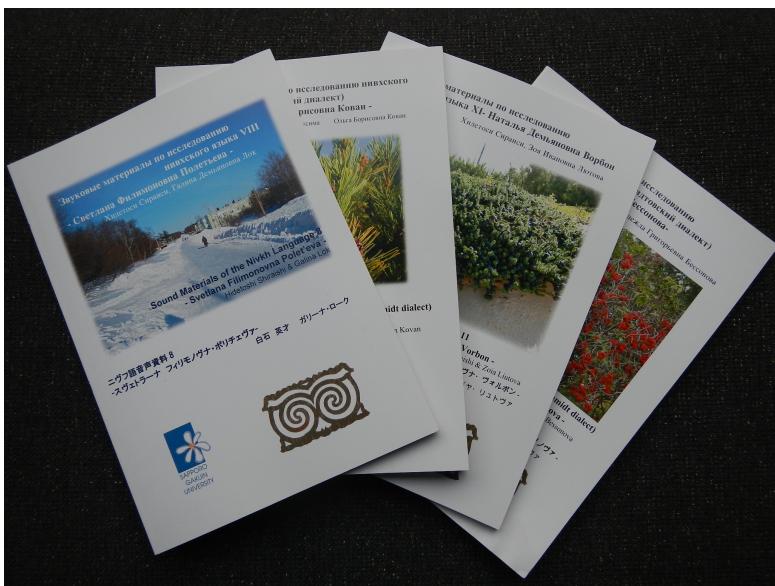


ロークさんは2015年に逝去した。しかし今でもユジノサハリンスク空港の国際線ターミナルで税関を通過するとき、あの日のこの出来事をふと思い出すことがある。

冬のネクラソフカ村



ガリーナ・ロークさんとの聞き起こし作業



ニヴフ語音声資料シリーズ

わたしの好きなヤポネシアのうた

坂本稔 (B01班研究協力者 国立歴史民俗博物館／総合研究大学院大学)
ただたけのわがふる

大学に入学したら合唱部に入ろうと、漠然と考えていました。大学の合唱部・サークルに入部する人といえば、高校までに腕（喉）を鳴らした経験者か、さもなくば新歓の時に騙されて引きずり込まれたうぶな地方出身者といったところです。ほとんど経験のない者（正直に申せば、小学校の時に地方予選を勝ち抜いたこともありましたが、声変わり以降の中學・高校では全く遠ざかっていました）が自ら門戸を叩くとは、何かの気の迷いとしか思えません。しかも、それが学内に数多あるサークルの中で唯一の「男声合唱部」でした。これが他大学の女子学生も参加する混声合唱のサークルだったら、学生生活もまた華やかなものになったのかも知れませんが、後の祭りです。

混声合唱は声の高い女声（ソプラノ、アルト）と、声の低い男声（テナー、バス）で音域の広い和声を奏でます。一方、男声合唱は狭い男声の音域を4つ（トップテナー、セカンドテナー、バリトン、バス）に分け、どちらかといえば重厚な和声となります。ダークダックス（2016年解散）やボニー・ジャックスなど、男性4人のコーラスグループに覚えがあると思いますが、こちとら数十人の規模で声を張り上げます。団体ごとの色は違いますが、演奏はどこか応援団的な風情を醸し出します。一方、お互いの音域が近いこともあります、音量を絞った演奏には得もいえぬ緊張感が漂います。必ずしもメジャーではありませんが、男声合唱の魅力に取り憑かれた愛好家も少なくありません。

言わずもがな、合唱には「言葉」と「旋律」で構成された楽曲が必要です。既存の歌を和声にアレンジした楽曲も増えましたが、作曲家が詩に曲をつけるのが基本でしょう。男声合唱の作品数は女声・混声に比べ限られるのですが、その男声合唱曲を語る上で欠かせない作曲家が、多田武彦（1930～2017）です。旧制高校時代に聴いた男声合唱に感動し、京都大学法学部に入学してすぐ京都大学男声合唱団に入団します。学生指揮者の傍ら作曲家・清水脩（1911～1986）に師事し、在学中に北原白秋（1885～1942）の『思ひ出』を出典とする組曲「柳河風俗詩」を作曲します。

もうし、もうし、やながわ柳河じや、
柳河じや。
かね銅の鳥居を見やしやんせ。
らんかんばし欄干橋をみやしやんせ。
...

男声合唱組曲「柳河風俗詩」1. 柳河（抄）／北原白秋『思ひ出』

第1曲「柳河」は1955年の全日本合唱コンクール課題曲の佳作となり、今なお歌い継がれる名曲です。しかしながら多田は卒業後富士銀行（当時）に就職し、以降は「日曜作家」（清水脩）として合唱曲を精力的に書き続けます。

多田の作品は、尾崎喜八、北原白秋、草野心平、中原中也、三好達治といった日本を代表する作家の近代詩を題材とし、叙情的な旋律と印象的な和声を持たせたア・カペラ（無伴奏）の男声合唱曲が大半を占めます。自分にとって日本文学の入口であり、合唱曲として歌わなければ詩集な

Yaponesian

ど手にすることはありません。もちろん、言葉自体も大変印象深いのですが、旋律がつき、和声となって演奏されることで、その世界観が大きく広がり、よりダイナミックな解釈が可能になります。あるいは多田というフィルターを通した、作家の意図したものとは異なるかも知れませんが、昭和期ぎりぎりの青い学生にとって、それは決定的なものでした。

雨のおとがきこえる
雨がふっていたのだ

あのおとのようにそっと世のためにはたらいていよう
雨があがるようにしづかに死んでゆこう

男声合唱組曲「雨」6. 雨／八木重吉（1989～1927）

声に出せば平板にすぎる言葉も、作曲家の手で音程と長さが振られ、強弱がつき、和声となり色がつきます。和声は自分一人の声では成り立たず、これもぎりぎり昭和期の妙な歌い手の連帯感を呼び覚します。無伴奏というところも肝要で、技巧に走らず伴奏も不要、いつでもどこでも（何となれば街頭でもカラオケボックスでも）歌い出されます。作品の傾向もありますが、多田の楽曲が男声合唱団、とりわけ大学のそれに支持され、愛唱曲として今に至るのも無理はありません。

そういう自分も最近は、合唱と若干ご無沙汰です。最近の学生が合唱、なかでも男声合唱とどう向き合っているのかは、よく分かりません。それでも、多田の愛称「ただたけ」に反応し、三好達治（1900～1964）の詩による男声合唱組曲「わがふるき日のうた」に涙腺を緩める層は一定数いるはずです。

…
いざさらばうかららつねの
日のごとくわれをなまちそ
つねならぬ鐘の音聲
もろともに聽きけんをいざ
あかぬ日のつひの別れぞ わがふるき日のうた——

男声合唱組曲「わがふるき日のうた」6. 鐘鳴りぬ（抄）／三好達治『朝菜集』
(うから：家族、親族の意)

本稿の執筆に際し調べを進めるにつれ、先生が最近まで作曲を続けられていたことを改めて知るに至りました。小生ごときが駄文を連ねるのもおこがましいのですが、最後に学生時代の思い出話を一つ。先生の講演を聞く機会があり、「多田メソッド」とも呼ばれる合唱練習時の留意事項をご紹介いただきました。先生には松田聖子のファンという風説があり、その日も彼女の「小麦色のマーメイド」を例に、レンガを丁寧に積み上げていくように歌われる曲と話されていました。先生、それは呉田輕穂（松任谷由実）の作曲です。

「アジア・アフリカ地理言語学研究」プロジェクトの開始 遠藤光曉（B02班研究代表者 青山学院大学）

「アジア・アフリカ地理言語学研究」プロジェクトが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として2020年度から3ヵ年計画で始まりました。これは2015-17年度の「アジア地理言語学研究」に接続するもので、アフリカ全域が加わり、遺伝学・考古学とのコラボをする点が新機軸となります。それはアジア・アフリカ全域の全語族にわたり2000地点以上の高精細度で地図化し、その地理分布の形成過程を推定しようというものです。そのためには遺伝学者・考古学者の助けが必要で、実のところ私がヤポネシアゲノム言語班の代表をお引き受けした理由も正にここにありました。

毎年度2回ずつ研究集会を開催し、いずれもヤポネシアゲノム言語班と共催となります。2020年10月10日-11日に行われた第1回集会は子音の清濁や有氣音などの体系に関するもので、30名ほどの言語学者による発表の他に、斎藤成也領域代表・長田直樹B03班代表・神澤秀明A02班分担者による西アジア・東北アジア・東南アジアの人類集団に関する遺伝学的解説をテーマとした発表がありました。2021年3月28日-29日の第2回は「文法関係」と題して、B02班木部暢子分担者が近年国立国語研究所を舞台として展開している日本全国の方言記述のプロジェクトが扱っているテーマの「ケースマーキング」の一部分に接続するよう企画されました。東京大学の小金渕佳江さんが琉球諸島に関する遺伝学的紹介をしました。第2回は公開にしたため、68名の参加があり、また各回ともオンラインで、発表・質疑応答とも英語で行っているため、シンガポールの南洋理工大学のRandy LaPollaなど有力研究者が外国から接続して積極的に発言してくれました。

2021年度第1回は夏に行う予定で、マウス・馬などの遺伝学的に日本とユーラシア大陸における地理分布と系譜が分かっている動物語彙を取り上げます。その後も穀物類などの栽培植物を取り上げます。遺伝学・考古学の発表も依頼することとしており、これによりヤポネシア人と共に移動した動植物類のAA諸言語における呼称と突き合わせ、日本語の大陸部諸言語における位置づけを行うという新学術領域ヤポネシアゲノムの本命中の本命ともいえる課題に正面から取り組みます。

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（オンライン開催になるかもしれません）

2022年冬 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になるかもしれません）

★2022年度 (第5年度；最終年度)

2022年春 公開講演会（都内）

2022年8月 日本進化学会年会（沼津）でヤポネシアゲノム関連の国際シンポジウムを開催

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

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巻なつ号

発行：2021年8月25日 印刷：2021年8月31日

人名索引

五十嵐 陽介 4,5
 石田肇 34
 伊藤毅 34
 今州利 45
 遠藤光暉 1,2,6,8,45,50,51
 遠藤優 12,14
 覚張隆史 1,2,16
 金田章宏 4,5
 狩俣繁久 4-6
 衣畠智秀 4-6
 木部暢子 1-6,50,51
 木村亮介 1-5,34,51
 具志堅亮 41
 ケナン, セリック 1,2,7,27
 河野六郎 45
 小金渕佳江 34,50
 斎藤成也 12,3,6,27,34,50,51
 坂本稔 1,2,48
 佐々木 冠 4,5
 佐藤洋一郎 1,2,3
 佐藤丈寛 34
 澤藤りかい 34
 清水脩 48
 下地理則 6
 白石英才 1,2,46
 菅 裕 1,2,24
 瀧上舞 1,2,30
 竹中正巳 1,2,41
 多田武彦 48,49
 中澤光平 1,2,6
 中橋涉 34
 服部四郎 5
 堀原和郎 9,51
 林由華 6
 平子達也 4,5
 平山輝男 5
 フォーセット, ジェフリー 2,43
 藤尾慎一郎 1-3,36,51
 藤本明洋 1,32
 ベラール, トマ 4
 細道一善 1,1,22
 ホワイト, アリッサ 20
 増田隆一 1,2,12-14,16
 松波雅俊 34,51
 三好達治 48,49
 水野文月 1,2,9
 村脇有吾 4,5
 山岡吉生 1,2,25
 安田喜憲 3
 山口今日子 34
 山田康弘 1,2,20
 ローレンス, ウエイン 4,5
 和智仲是 4,5

事項索引

青谷上寺地遺跡TTKJA-15 31
 朝菜集 49
 朝日遺跡 38,40
 アジア地理言語学研究 50

アスペクト形式 5
 安曇氏 45
 渥美半島 16,17,38
 天城町教育委員会 41
 奄美群島徳之島西部 41
 アムール方言 46
 アンダマン諸島 18,19
 伊川津貝塚 2,9,16,17,38
 姥山貝塚 9
 ウルシ 2,24,25
 雲南省 43,45
 鴨綠江以北 45
 大分県粉洞穴 17
 大阪湾沿岸 37,38,40
 岡山県津雲貝塚 20
 沖繩特異株 26
 江原道 45
 遠賀川系土器 37,38
 音便形口蓋化 5
 海洋リザーバー効果 17,30
 香川県金山産 40
 拡張環壕 37,39
 加曾利貝塚 9
 堅田遺跡 40
 亀井遺跡 40
 擬穀類 43
 魏書弁辰伝 45
 北琉球奄美湯湾方言 5
 キャプチャー・エンリッチメント 16
 クスンダ人 18
 現代日本語方言大辞典 5
 後期更新世 18
 後期旧石器時代 18,19
 高句麗 45
 古代文明・文化資源学研究センター 16
 コビ・ルアク 13
 コペンハーゲン大学 17
 コムギ 43
 細石刃 18
 再葬墓 41,42
 盛漆 25
 叉状研齒 17
 サハリン島 46
 讀良郡条里遺跡 38
 三国史記 8
 三国志 45
 サンスクリット語 8
 下原洞穴遺跡 41,42
 琉球諸方言 5,27
 松花江流域 45
 条痕文土器 38
 条線文 41
 消滅危機言語 5
 人類学雑誌 17
 卦星歌 45
 船泊遺跡 9
 総合地球環境学研究所 3
 石巖里古墳 45
 側頭骨 9,17
 ソバ 2,43,44
 大開遺跡 36-40
 大腿骨頭 9
 田井中遺跡 40
 グッタンソバ 43
 田原市教育委員会 17
 丹波一号 24
 窒素安定同位体比測定 30
 チトクロムb遺伝子 12-15
 チベット 43
 柱状片刃石斧 40
 中平鉛鉄刀 45
 津雲貝塚 20,21
 ツングース語 8
 でいご会 34
 田園洞穴出土人骨 18
 土井ヶ浜 9
 東大寺山古墳 45
 唐蘭船持渡鳥獸之図 13,15
 徳島市眉山産 40
 徳之島 41
 突帯文土器 36-38
 轆貝塚 9
 トランスポゾン 32
 中頭郡西原町 34
 長原式土器 38
 奈良県天理市 45
 南島爪形文土器 41
 二花柱性型自家不和合性 43
 二重構造 9,27
 ニブフ語 8
 バイカル湖地域 18,19
 ハクビシン 2,12-16
 八丈語 4,5
 花浦遺跡 9
 咸鏡南道 45
 晩期突帯文土器 38
 東サハリン方言 46
 東奈良遺跡 40
 譜久嶺 34
 ふじのくに地球環境史ミュージアム 2,3
 フツウソバ 43,44
 太型蛤刃石斧 40
 ヘリコバクター・ピロリ 25
 扁平片刃石斧 40
 母音語幹動詞 5
 放射性炭素年代測定 2,17,30
 保美貝塚 17
 磨製石鎌 41
 摩文仁 9
 港川フィッシャー遺跡 9
 本山遺跡 37
 与那国島 6
 隆起線文土器 41
 歴史比較言語学的研究 5
 倭 45
 漢 45
 和邇氏 45
 Fagopyrum esculentum 43
 Fagopyrum tataricum 43
 Paguma larvata 12,13,16
 Tianyuan 18

新学術領域ヤポネシアゲノム
季刊誌
第3巻なつ号
2021年8月発行