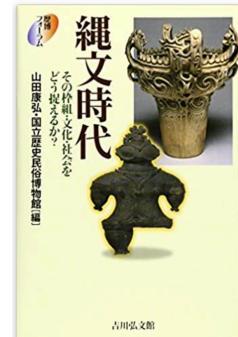
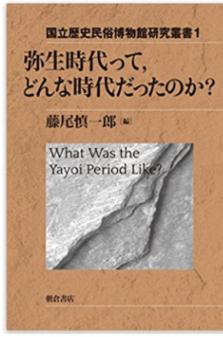
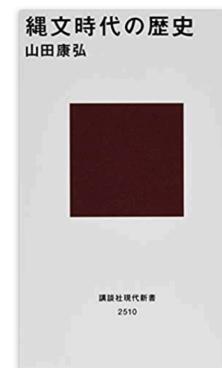
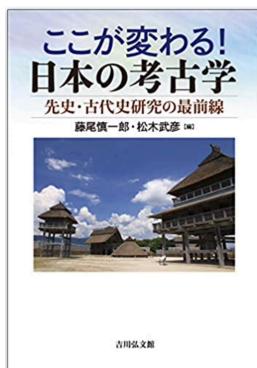


Yaponesian

新学術領域研究
ヤポネシアゲノム 季刊誌

第2巻あき号
2020年11月



Yaponesian

第2巻 あき号 2020年11月 刊行

目次+表紙カバーの図の説明	1頁
領域代表からのメッセージ (斎藤成也)	2頁
リレーインタビュー：平川南人間文化研究機構長	3頁
動植物ゲノム紹介：アカネズミ (松波雅俊 A01班研究分担者)	4-5頁
ソフトウェア紹介7：ハプロタイプ推定のためのソフトウェア (河合洋介 B03班研究分担者)	5-7頁
研究室めぐり：今西規 (公募研究A04班研究代表者)	8頁
遺跡めぐり：(B01班研究分担者 清家章)	9頁
ことばめぐり：麻生玲子 (公募研究A04班研究代表者)	10-11頁
しまめぐり：隠岐の島 (島根大学隠岐臨海実験所 吉田真明准教授)	11-14頁
わたしの好きなヤポネシアのうた：鈴木仁 (A03班研究代表者)	15頁
言語学第二座談会（～後半の部～）千葉大学にて1月13日開催	14-22頁
ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー	23頁
人名索引・事項索引	24頁

表紙カバーの図の説明

2015年から今年まで、新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」の班員が出版した書籍の表紙を並べました。

- (A) (B) (C) (D) (E)
- (F) (G) (H) (I) (J)
- (K) (L) (M) (N) (O)
- (P) (Q) (R) (S) (T)

- (A) 斎藤成也編著 (2020) 最新DNA研究が解き明かす。日本人の誕生。秀和システム。
- (B) 増田隆一編著 (2020) ヒグマ学への招待。北海道大学出版会。
- (C) 篠田謙一著 (2019) 新版 日本人になった祖先たち。NHKブックス。NHK出版。
- (D) 長田直樹著 (2019) 進化で読み解くバイオインフォマティクス入門。森北出版。
- (E) 国立歴史民俗博物館・藤尾慎一郎編 (2019) 再考！縄文と弥生。吉川弘文館。
- (F) 藤尾慎一郎・松木武彦編著 (2019) ここが変わる！日本の考古学。吉川弘文館。
- (G) 中川裕著 (2019) アイヌ文化で読み解く「ゴールデンカムイ」。集英社新書。集英社。
- (H) 山田康弘著 (2019) 縄文時代の歴史。講談社現代新書。講談社。
- (I) 山田康弘監修 (2019) 縄文時代の不思議と謎。じっぴコンパクト新書。実業之日本社。
- (J) 中川裕監修 (2018) アイヌ文化の大研究。PHP研究所。
- (K) 山田康弘著 (2018) 縄文人の死生観。角川ソフィア文庫。角川書店。
- (L) 斎藤成也著 (2017) 核DNA解析でたどる日本人の源流。河出書房新社。
- (M) 藤尾慎一郎編 (2017) 弥生時代って、どんな時代だったのか？朝倉書店。
- (N) 山田康弘・国立歴史民俗博物館編 (2017) 縄文時代-その枠組・文化・社会をどう捉えるか？吉川弘文館。
- (O) 斎藤成也監修 (2016) DNAでわかった日本人のルーツ。別冊宝島。宝島社。
- (P) 井上史雄・木部暢子編著 (2016) はじめて学ぶ方言学: ことばの多様性をとらえる28章。ミネルヴァ書房。
- (Q) 斎藤成也著 (2015) 日本列島人の歴史。岩波ジュニア新書。岩波書店。
- (R) 山田康弘著 (2015) つくられた縄文時代-日本文化の原像を探る。新潮選書。新潮社。
- (S) 藤尾慎一郎著 (2015) 弥生時代の歴史。講談社現代新書。講談社。
- (T) 篠田謙一著 (2015) DNAで語る日本人起源論。岩波書店。

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「あき号」をお届けします。今回の「リレーインタビュー」は、大学共同利用機関法人「人間文化研究機構」の平川南機構長へのインタビューをもとにしました。私のほかに、新学術領域ヤポネシアゲノムの総括班メンバーで、本機構に所属する国立国語研究所の木部暢子副所長と国立歴史民俗博物館の藤尾慎一郎教授がインタビューに参加しました。

今回の「動植物ゲノム紹介」はアカネズミについて、このゲノムデータのアセンブリーをポストドク時代におこなわれた計画研究A01班研究分担者の松波雅俊（琉球大学医学部助教）が紹介しました。かつて故森脇和郎先生（国立遺伝学研究所・総合研究大学院大学・理化学研究所バイオリソースセンターなどに勤務）から、アカネズミはおもしろいですよと言われたことを思いだします。

「ソフトウェア紹介7」は、計画研究B03班研究分担者の河合洋介（国際医療研究センター上級研究員）が、ハプロタイプを効率よく推定する（フェージングと呼びます）ために開発されたソフトウェアShapeitを説明をしました。「研究室めぐり」は、公募研究A04班研究代表者の今西規（東海大学医学部教授）が、「ゲノム情報を生かした未来の医療を創る」をモットーにされており、たまにはオンライン飲み会も開催されるご自身の研究室を紹介しました。「遺跡めぐり」は、計画研究B01班研究分担者の清家章（岡山大学大学院社会文化科学研究科教授）が、熊本県宇土市の向野田古墳（鏡、装飾品とともに女性が埋葬されている未盗掘だった前方後円墳）を紹介しました。

「ことばめぐり」は、公募研究B04班研究代表者の麻生玲子（国立国語研究所特任助教）が自身の娘が発した「とらいず、しれる」をきっかけとして、日本語の「する」の可能性についてのさまざまな言い方の考察しました。「しまめぐり」は隠岐の島です。この島に設置されている島根大学の隠岐臨海実験所の吉田真明准教授に、多くの写真とともにこの島の歴史と現在について寄稿していただきました。吉田博士はかつて国立遺伝学研究所でも研究されていたことがあります。「わたしの好きなヤポネシアのうた」は、計画研究A03班研究代表者の鈴木仁（北海道大学地球科学研究院教授）が、自身の研究とからめてネズミの登場する「ずいずいすつころばし」を紹介したあと、歌よりもネズミの話になってゆきました。

最後に、今年の1月に千葉大学文学部で開催された言語学座談会の後半を掲載しました。言語学を担当する計画研究B02班の遠藤光暉研究代表者（青山学院大学経済学部教授）、木部暢子研究分担者、風間伸次郎研究分担者（東京外国語大学教授）のほかに、福井玲東京大学教授（朝鮮語史が専門）、中澤光平国立国語研究所非常勤研究員（日本語方言学が専門）、吉川佳見国立国語研究所非常勤研究員（アイヌ語学が専門）、和智仲是琉球大学特命助教（集団遺伝学が専門）、中川奈津子国立国語研究所特任助教（日本語方言学が専門）、および村脇有吾京都大学講師（計算言語学が専門）の9名が参加し、各自の専門分野についての詳細で活発な討論がおこなわれました。

なお、本プロジェクトのメンバーだけのうちわの会合でしたが、11月16日～17日に、国立遺伝学研究所に総括班メンバー7名を含む12名が集まり、さらに遠隔システムzoomを用いて班員ら20名余が参加した「拡大総括班会議」を開催したことをここにご報告します。

*Yaponesian*第2巻「なつ号」が8月に刊行されてから3ヶ月のあいだに、3編の論文が班員により刊行されました。くわしくは新学術領域「ヤポネシアゲノム」ホームページ（<http://www.yaponesian.jp/>）のトピックス欄をご覧下さい。今後も続々と業績を専門誌に発表してゆきます。

リレーインタビュー

日本古代史の研究を振り返る

平川南博士（人間文化研究機構 機構長）

今回は、本学術領域「ヤポネシアゲノム」の文化系研究者の多くが所属する人間文化研究機構に、B01班の藤尾慎一郎(国立歴史民俗博物館教授)とB02班の木部暢子(国立国語研究所副所長)と斎藤成也(領域代表)の3人でうかがい、平川南機構長にインタビューしました。平川南先生は山梨県のお生まれです。宮城県多賀城跡調査研究所から1982年に国立歴史民俗博物館に移られ、助教授、教授、副館長を歴任後、2006年から8年間館長を務められました。その後人間文化研究機構の理事となられ、2018年から機構長をなさってます。多くの書籍を出版されており、最近では『新しい古代史へ』全3巻を吉川弘文館から出版されました。

機構長室にわれわれ3名が入ると、すでに今回のインタビューのためのレジュメが用意されていました。日本ではじめて出土文字資料に赤外線カメラを用いて多賀城跡出土の漆紙文書の文字を解読されたことを話されたあと、それに関連することがらについて話がはずみました。日本の古代史研究が大きく転換したのは、1968年に稻荷山古墳から出土した鉄剣に、発見から10年後X線をあてたところ、115文字が浮かびあがったという大発見だったと指摘されました。その解読には国語学、国文学、歴史学、考古学、民俗学、保存科学など多様な分野を総合する必要がありました。国立歴史民俗博物館の井上光貞初代館長はそのあたりのことを考慮して博物館研究部の構成をしたとのことです。

また、木簡に記された稻の品種発見の話や、9世紀の富士山噴火などの影響で劣悪な気象条件であるがゆえにさまざまな品種が開発されたこと、古代・近世の印鑑の蛍光X線分析による成分元素比較など、出土文字資料研究において、異分野融合研究を実践してきたことをはじめ、多彩な話題をお聞きすることができました。

最後に、われわれ3名全員が所属している大学共同利用機関4機構では、異分野融合の研究も求められており、この新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」がその先頭を走っているという、おほめの言葉をいただきました。



人間文化研究機構長室にて
(斎藤成也撮影)

動植物ゲノム 紹介：アカネズミ

松波雅俊（A01班研究分担者 琉球大学大学院医学研究科）



アカネズミ（鈴木A03班代表提供）

ネズミ科 (Muridae) は、地球上でもっとも繁栄している哺乳類の一つである齧歯類（齧歯目）に所属し、南極大陸を除くほとんどすべての陸地に生息している。なかでもハツカネズミ属 (*Mus*) とクマネズミ属 (*Rattus*) の種数が多い。本稿の主役であるアカネズミ (*Apodemus speciosus*) が属するアカネズミ属 (*Apodemus*) は、これらに次いで3番目に種数が多い（文献1）。アカネズミ属は、主にユーラシア大陸の森林や草原に分布し、木の実や昆虫を好んで食べる。アカネズミ属の進化は環境変動に伴って生じたと考えられており、第三紀後期からユーラシア大陸において温帯域(広葉樹)の展開とともに系統分化が促進された（文献2, 文献3）。現在では、世界で20種のアカネズミ属が種として記載されている。

日本には、アカネズミの他にヒメネズミ (*A. argenteus*)、セスジネズミ (*A. agrarius*)、ハントウアカネズミ (*A. peninsulae*) の計4種のアカネズミ属が生息している。これらの中でヒメネズミ、アカネズミは日本の固有種であり、近縁種と約600万年前に分岐し、500～600万年前から日本に生息していると言われている。これを裏付けるように、本州・九州・四国からは中期更新世QM4帶(注1)（約50-30万年前）の地層からアカネズミの化石が発掘されている（文献4）。

アカネズミは、北海道からトカラ列島まで分布し、さまざまな地理的変異を有しており、地域ごとに分化しているので、日本列島に生息する小型哺乳類の局所適応などの進化を考えるにあたって良いモデルとなる。アカネズミの地域集団には特徴的な違いがある。まず、頭胴長・口蓋長などの外部形態の違いから4つのフォームに分類されている（文献4）。また、繁殖期も年2回の集団と年1回の集団が存在する4。さらに染色体は、本州のほぼ中心を流れる黒部川・天竜川を境として、2つの異なる核型を持つ4。このような多様性が各地域における適応を促進した可能性があるが、その詳細については未だ未解明である。

筆者はA01班斎藤代表、A03班鈴木代表と共に、このような地域適応の遺伝的背景に迫る素地を作るため、本種のドラフトゲノム解読に携わってきた（文献5）。つくばで採集した個体のゲノムDNAを用いて約210 Gbpのゲノム配列を解読し、これらの配列をアセンブルし、336,124個の scaffold (N50: 47 kbp)を得た。あわせてトランスクリプトーム配列も解読し、遺伝子領域を推定した。結果、約10 Mbpが遺伝子領域と予測された。野外で捕獲された個体のゲノムDNAを用いて解析したので、ヘテロ接合度が高く、繋がりが悪く、未だドラフトゲノム(注2)に留まっている。

このように魅力的な特徴を持つアカネズミに注目している研究者は多く、進化研究に限らず、現在もいろいろな研究が精力的に進められている。例えば、福島県の放射能汚染地域由来の個体を解析することで、放

射能が野生哺乳類の遺伝情報にどのような影響を与えるかを理解することができると期待される（文献6）。また、遺伝学解析が出来るように飼育下で繁殖が可能なモデル生物化が試みられている。また、ゲノム情報も現在はドラフトゲノムの状態であるが、今後さらに高精度のゲノム解読が計画されている。このような研究者の努力によって、今後さらにアカネズミを用いた素晴らしい研究が展開されるに違いない。

注1: 第四紀の哺乳類相は化石に基づいて8つの分帶 (Quaternary Mammalian Biozone: QM帯) に区分されている。QM1帯が”前期更新世”の始まり（約181-78万年前）、QM8帯が完新世（約1万2000年前-現在）に対応している。

注2: ドラフトゲノムとは概要配列とも呼ばれ、ゲノムは解読されたが完全には繋がっていない状態のこと

引用文献

1. Schenk JJ, Rowe KC, Steppan SJ. (2013) Ecological opportunity and incumbency in the diversification of repeated continental colonizations by muroid rodents. *Syst Biol.* 62:837-64.
2. Serizawa K, Suzuki H, Tsuchiya K. (2000) A phylogenetic view on species radiation in *Apodemus* inferred from variation of nuclear and mitochondrial genes. *Biochem Genet.* 38:27-40.
3. Suzuki H, Filippucci MG, Chelomina GN, Sato JJ, Serizawa K, Nevo E. (2008) A biogeographic view of *Apodemus* in Asia and Europe inferred from nuclear and mitochondrial gene sequences. *Biochem Genet.* 46:329-46.
4. 本川雅治 編集 (2016) 「日本のネズミ 多様性と進化」東京大学出版会
5. Matsunami M, Endo D, Saitou N, Suzuki H, Onuma M. (2017) Draft genome sequence of Japanese wood mouse, *Apodemus speciosus*. *Data Brief.* 16:43-46.
6. Okano T, Ishiniwa H, Onuma M, Shindo J, Yokohata Y, Tamaoki M. (2016) Effects of environmental radiation on testes and spermatogenesis in wild large Japanese field mice (*Apodemus speciosus*) from Fukushima. *Sci Rep.* 23;6:23601.

=====

ソフトウェア紹介7 ハプロタイプ推定のためのソフトウェア 河合洋介 (B03班研究分担者 国立国際医療研究センター研究所)

染色体上の対立遺伝子の並びであるハプロタイプはヒトの集団構造や人口動態を推定するための重要な遺伝的多様性です。次世代シークエンサー(NGS)やSNPマイクロアレイの解析から直接ハプロタイプを知ることができないので、ハプロタイプはアルゴリズムで推定します。今回はSNPの情報からハプロタイプを得るためのフェージングについて解説し、フェージングに利用可能なソフトウェアを紹介します。

ヒトのDNAは細胞の核内で染色体として存在しており、生殖細胞以外の細胞には母親と父親から引き継いだ2組の染色体が存在します。このようなゲノムの様式を二倍体(diploid)とよびます。DNAはアデニン(A)、チミン(T)、シトシン(C)、グアニン(G)の4種類の塩基で特徴付けられるヌクレオチドが直鎖状につながった高分子であり、ゲノム解読を行うとA,T,C,Gの4種類の文字の並びの「塩基配列」として表すことができます。次世代シークエンサーはDNAを断片化した一部の塩基配列を読み取るだけで、基準となるゲノム配列（リファレンス配列）にマッピングすることによって読み取った塩基配列のゲノム上の位置がわかれます。マッピングした配列上にリファレンス配列と違う塩基が見つかるとそこにはSNPなどの多型が存在することになります（第4回参照）。一般的なNGSデータの解析ではこのように多型になっている箇所だけジェノタイピングを行いVCFなどのフォーマットで出力します。ジェノタイピングの結果からはSNPを構成する塩基

が両親のどちらの染色体に由来するかは分かりません。そのため隣接するヘテロ接合のSNPを構成する塩基の染色体上の並びも分かりません。図に示すように2つのアリルがどちらの親に由来するのかがわからないのでその並びを知ることができます。このような一つの染色体上の塩基の並びのことをハプロタイプと呼びます。同じ塩基配列上に並んだアリルの組み合わせのことをフェーズ(「相」とも訳されるあまり使われていないようです)と呼び、何らかの方法でフェーズを決めハプロタイプを明らかにすることをフェージングと呼びます。SNPマイクロアレイもゲノム全域のSNPのジェノタイピングを行うことができますが、NGSと同様の理由でハプロタイプはわかりませんのでフェージングによってハプロタイプを推定します。以下にフェージングの手法とソフトウェアを紹介します。

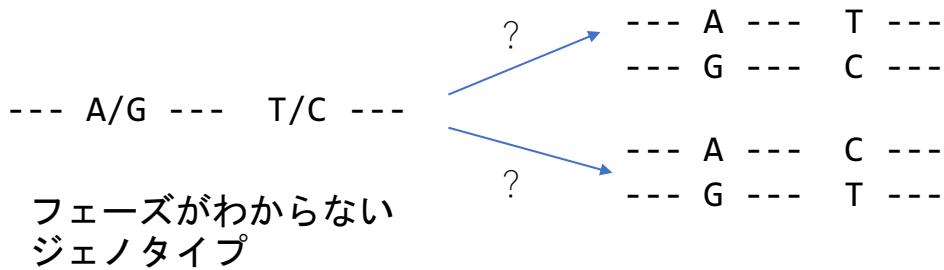


図. ハプロタイプ決定(フェージング)

トリオフェージング

NGSやSNPマイクロアレイで得られたSNPのフェーズが決められないのはSNPを構成する塩基(アリル)が両親どちらの染色体に由来するかがわからないからでした。両親のDNAも子と同じ方法で同時に解析すれば子のヘテロ接合のSNPのアリルの大部分がどちらの親に由来するのかを知ることができます。このようにしてハプロタイプを決めることを両親と子の3人(トリオ)のデータからフェージングを行うのでトリオフェージングと呼びます。国際HapMap計画では両親と子のジェノタイピングを大量に行い正確なハプロタイプ推定を行いました。この方法は比較的簡単に正確なフェージングができるが、親子3人からDNAの提供を受けてゲノム解析をしなければならないのであまり使われていません。

統計学的な手法によるフェージング

ヘテロ接合のSNPがn個並んでいる場合、考えられるフェーズの組み合わせ(ハプロタイプ)の数は 2^{n-1} 個です。統計学的なフェージングでは集団中に存在するハプロタイプをモデル化し、データに適合するハプロタイプをこの組み合わせの中からEMアルゴリズムなどの手法で探索します。最も単純な方法ではハプロタイプの頻度がハーディー・ワインベルグ平衡にある仮定をおいたモデルを利用するものです(文献1)。この方法は考えられるハプロタイプの数がヘテロ接合のSNPの数nとともに急激に増えるので多型サイトが沢山ある現実の遺伝子データに適用されることはありませんでした。その後、集団遺伝学的な仮定でハプロタイプの分布を限定することによって計算時間を抑える方法が考案され現実のデータへの応用することが可能になりました。明らかな血縁関係がない場合でもヒトの個人同士は必ず遺伝的なつながりを持つのでハプロタイプにも必ず類縁関係が存在します。そのためあるゲノム領域に存在するハプロタイプの数も限られます。PHASEプログラムではハプロタイプが合祖モデル(coalescent model)に従うことを仮定し、探索するハプロタイプの分布に制約を加えて、さらにマルコフ連鎖モンテカルロ法(MCMC法)で効率的なサンプリングを行うことによって大幅に計算量を減らしました(文献2)。またPHASE v2ではLiとStephensのモデル(文献3)を使い組み替えによる生じるハプロタイプを隠れマルコフモデル(HMM)でサンプリングすることによってより長いハプロタイプの推定も可能になりました(文献4)。このLiとStephensのモデルを使った手法はその後のフェージングプログラムで利用され続けています。

ゲノムデータのフェージング

SNPマイクロアレイやNGSの普及によってゲノム全体にわたるフェージングが必要になりました。SHAPEITはLiとStephensのモデルを使ったハプロタイプサンプリングを用いた手法ですが、大きなデータセットのサンプリングを効率化するアルゴリズムの工夫によって大幅に計算速度が速くなっています(文献5)。BEAGLEはこれとは異なるアプローチを採用しており、合祖モデルの代わりにデータからハプロタイプを表すグラフを構築し、逐次サンプリングを行う手法を採用しています(文献6)。EAGLEはフェージング前のデータに対してサンプル間で共通祖先から派生した領域（IBD領域）を検出するアルゴリズムを適用し、長いハプロタイプ領域の候補を見つけておいて周辺のSNPのフェージングをするアプローチをとっています(文献7)。いずれのプログラムもとても高速でSNPマイクロアレイやNGSで取得したゲノム規模の大きなデータのフェージングが可能です。近年ではバイオバンクなどで数万人規模のゲノムデータを取得することも珍しくなくなりました。ここで紹介したプログラムの最新バージョン(SHAPEIT v4(文献8), BEAGLE v5(文献9), EAGLE v2(文献10))は数万人規模のゲノムワイドSNPデータのフェージングを目標に改良されたものです。これらはそれぞれのプログラムの長所を互いに取り入れて発展したものです。近年ではロングリードシークエンサーによる全ゲノムシークエンス解析も可能です。ロングリードシークエンサーは数千から数万塩基を一度に読み取ることができるのでリードデータから直接フェージングができます。WhatsHap(文献11)はロングリードデータからSNPのフェージングを行う機能を提供しています。今後、ロングリードシークエンサーの精度が上がり普及が進んだらハプロタイプの統計学的な推定の必要性はなくなるかもしれません、しばらくはフェージングアルゴリズムがハプロタイプ推定の中心的な役割を果たし続けると思われます。

参考文献

1. Excoffier, L. & Slatkin, M. Maximum-likelihood estimation of molecular haplotype frequencies in a diploid population. *Mol. Biol. Evol.* **12**, 921–7 (1995).
2. Stephens, M., Smith, N. J. & Donnelly, P. A new statistical method for haplotype reconstruction from population data. *Am. J. Hum. Genet.* **68**, 978–89 (2001).
3. Li, N. & Stephens, M. Modeling linkage disequilibrium and identifying recombination hotspots using single-nucleotide polymorphism data. *Genetics* **165**, 2213–33 (2003).
4. Stephens, M. & Scheet, P. Accounting for decay of linkage disequilibrium in haplotype inference and missing-data imputation. *Am. J. Hum. Genet.* **76**, 449–62 (2005).
5. Delaneau, O., Marchini, J. & Zagury, J.-F. A linear complexity phasing method for thousands of genomes. *Nat. Methods* **9**, 179–181 (2012).
6. Browning, S. R. & Browning, B. L. Rapid and Accurate Haplotype Phasing and Missing-Data Inference for Whole-Genome Association Studies By Use of Localized Haplotype Clustering. *Am. J. Hum. Genet.* **81**, 1084–1097 (2007).
7. Loh, P.-R., Palamara, P. F. & Price, A. L. Fast and accurate long-range phasing in a UK Biobank cohort. *Nat. Genet.* **48**, 811–6 (2016).
8. Delaneau, O., Zagury, J.-F., Robinson, M. R., Marchini, J. L. & Dermitzakis, E. T. Accurate, scalable and integrative haplotype estimation. *Nat. Commun.* **10**, 5436 (2019).
9. Browning, B. L., Zhou, Y. & Browning, S. R. A One-Penny Imputed Genome from Next-Generation Reference Panels. *Am. J. Hum. Genet.* **103**, 338–348 (2018).
10. Loh, P.-R. et al. Reference-based phasing using the Haplotype Reference Consortium panel. *Nat. Genet.* **48**, 1443–1448 (2016).
11. Patterson, M. et al. WhatsHap: Weighted Haplotype Assembly for Future-Generation Sequencing Reads. *J. Comput. Biol.* **22**, 498–509 (2015).

研究室めぐり

今西規（公募研究A04班研究代表者）

東海大学医学部基礎医学系分子生命科学・情報生物医学研究室（今西研究室）をご案内します。東海大学伊勢原キャンパスは丹沢山塊の大山1252mのふもとにあり、最寄り駅の伊勢原から徒歩20分くらいの場所にあります。伊勢原駅には新宿からは小田急線で1時間、横浜からは50分、小田原からは30分くらいかかります。丘の上に巨大な病院の建物が建っているため、遠くからでもよく見えます。われわれの研究室は築46年が経過した古い建物の7階にあります。私は2012年10月に産業技術総合研究所から東海大学医学部に移り、現在8年が経過したところです。着任時に医学部で何をするかを考えたとき、「ゲノム情報を生かした未来の医療を創る」というモットーにすることに決め、それ以来この方向性で研究に取り組んでいます。現在の主な研究テーマは、感染症の迅速診断のためのゲノム解析システム開発、ヒトゲノム情報による顔形状の予測、そしてゲノム多型解析に基づく日本人の地域差です。

本研究室の特長のひとつは、ナノポアDNAシークエンサーを使ったゲノム解析です。ロングリードが読めるシークエンサーMinIONは4セットが稼働していて、感染症のゲノム診断などに使っています（写真1）。もうひとつの特長は、計算機を使った大規模生命情報の解析です。最近はディープラーニングなどの機械学習技術を導入して、疾患診断の高精度化などを狙っています。

教員は今西規教授、中川草講師、松前ひろみ助教の3名で、そのほかポスドク1名、技術員6名、客員研究員2名、事務2名で合計14名が在席しています（写真2）。なお、遺伝研の斎藤成也教授の研究室で学位を取得したキリル・クリュコフさんと上田真保子さんが2020年6月末までポスドクとして在席していましたが、それぞれ国立遺伝学研究所と東京医科歯科大学に就職していきました。現在は大学院生や学部学生がいませんが、常に募集をしています。本学医学部には奨励研究員という制度があり、毎年10名のポスドクを雇用していますので、応募をご検討ください。

東海大学医学部は講座制を廃止しているため、教員3名は普段の活動では協力しつつも、研究テーマは独立に近い形で運営しています。そのため中川講師は内在性レトロウイルスの研究を、松前助教は真菌のゲノム多様性解析を中心に研究を行っています。このようにして研究テーマの多様性を維持しているわけですが、研究環境が劇的に変化しても絶滅しないためにはとても大事なことかもしれません。新型コロナウイルスの流行が始まってからは、研究室会議やプログレス報告会、Journal club、輪読会などの活動はオンラインで実施しています。そのため直接顔を合わせる機会が減りました。たまに「オンライン飲み会」も実施しています（写真3）。

ホームページ（<http://bmi.med.u-tokai.ac.jp/>）には時々ニュースを流していますので、ご覧ください。共同研究も歓迎ですので、ぜひお声がけください。皆様のご来訪を歓迎します。



左から写真1:MinIONとゲノム解析システム、写真2:研究室の集合写真、写真3:オンライン飲み会。

遺跡めぐり：熊本県宇土市向野田（むこうのだ）古墳

清家章 (B01班研究分担者 岡山大学大学院社会文化科学研究科)

向野田古墳（富樫ほか編1978）は1969年に調査された前方後円墳である。前方部の一部は削平されているため不明な点はあるが、全長89mとされる。この古墳の後円部からは、舟形石棺が納められた竪穴式石室が検出された。石棺の中には状態の良い人骨が残っており、壮年期の女性であると鑑定された。100m級の前方後円墳で、しかも中心埋葬施設において女性被葬者が確認されたのは初めてであったし、その後もこのクラスの古墳で女性人骨はほとんどみつかっていないので、この人骨は超一級の資料と言える。副葬品もほぼ埋葬時の状態で検出された。

竪穴式石室は南北10.1m、東西7mの巨大な二段墓壙の中に築かれる。墓壙底には砂利と粘土を敷き詰めて、石棺をおいた後に板石でもって石室を構築する。石室の控え積みは墓壙の際まで及び、第一段目の墓壙は板石で満たされている。きわめて入念な石室の作りである。石棺は阿蘇凝灰岩を割り抜いて作られた舟形石棺である。蓋の両端に縄掛突起を持ち、突起を含めると長さ4.0m、幅1~0.87mを測る。人骨とともに棺の内外からは多数の副葬品が検出された。

棺内には、人骨の頭部付近に3枚の鏡（内行花文鏡（ないこうかもんきょう）・鳥獸鏡（ちょうじゅうきょう）・方格規矩鏡（ほうかくきくきょう））が置かれ、車輪石（しゃりんせき）が右腕部に配されていた。上半身から下半身にかけては多量の玉が出土し、足下には19個分の貝輪が置かれていた。このように、棺内には武器・農工具類は一切なく、鏡と装飾品が中心の副葬品である（右の写真を参照されたい）。

刀剣類は棺内には置かれないが、棺外には刀4本・剣3本が槍1本・刀子（とうす）78本・鉄斧（てつぶ）3個とともに置かれていた。刀剣と刀子は棺を取り巻くように、とくに遺体の上半身を囲うように置かれているところに特徴がある。

副葬品目ならびにその配置は女性被葬者の埋葬例の典型で、女性首長の政治的性格をよく示している（清家2020）。

未盗掘の古墳であるので、本科研で分析される炭素14年代が古墳編年の重要な資料となろうし、数少ない女性首長人骨のDNAがいかなるものか、興味が尽きない。

富樫卯三郎ほか編1978『向野田古墳』宇土市埋蔵文化財調査報告第2集 宇土市教育委員会

清家章2020『卑弥呼と女性首長』吉川弘文館



ことばめぐり

渡来図、知れる

～子ども時代はみんな超一流のフィールド言語学者～

麻生玲子（公募研究A04班研究代表者）

当時3歳の娘が「とらいず、しれる」と自信に満ち溢れた顔で言い放った。さて。何のことか全く分からぬ。これまで誰よりも長い時間を共にしていたため、何を要求しているか、何と言いたいのか、100%言い当ててきたという自信があった。その自信がガラガラと崩れ去る。いくら親バカでも「もしや、桃山時代に狩野内膳が描いた『紙本金地著色南蛮人渡来図』が皆に知れ渡ることか？！」とは思わなかつた。が、やはり脳裏にはザビエルが大挙して押し寄せる映像が浮かんだ。

今回のことばめぐりでは、壮大な時間の流れの中におけることばの話ではなく、人の一生の中で、特に初期に観察されることばとフィールド言語学者の関係について紹介したい。答えが気になつてしまふ方のために、まず「とらいず、しれる」は、「とりあえず、できる」の意味だったと、ことわっておこう。

文字がないから耳頼み

文字に慣れていると、実際にもその文字通り発音していると思ってしまう。しかし、「洗濯機」や「全員」を「せんたくき」や「ぜんいん」などといいちいち言わず、「せんたっき」や「ゼーいん」と言つているように、文字通り発音していないこともしばしばある。娘は、私（や夫）が家で多用していたであろう「とりあえず」を聞き、使ってみた結果が「とらいず」だったようだ。「とりあえず」をナチュラルスピードで繰り返してみると、とらえず、とりやいす、とらいす…確かに「とらいす」と聞こえなくもない。

調査資料が少なく、文字で表記する習慣を持たない言語を調査する際、なにしろ耳で聞いて真似することが基本になる。さらに、調査する側がその土地のことばを話せると非常にスムーズである。従つて、自然な会話でよく用いられる、良さそうなフレーズがあれば、試しに使ってみるという方法を私はよくとつていだ。以前、話者の方言スイッチとして紹介した「エーヤリョナー（そうなんですか）」もそのひとつである（19年度ふゆ号）。積極果敢に真似して用いるため、もちろん聞き間違いや意味を取り違えることもある。なるほど、3歳はフィールド言語学者と同じことをしているではないか。

「する」の可能形は？

言語調査あるあるエピソードのひとつに「なんで教えてない動詞の活用が分かるんだ？！と驚かれる」というものがある。調査しながら動詞の活用ルールを見極めて、聞いたばかりの動詞にも適用する。従つて、教えてもらっていない形であっても、ルールを適用した形式を導くことが可能なのである。

「しれる」と聞いた際、まずは「知ることができる」という意味で「知れる」か？とも思ったが、どうも「できる」という意味のようだつた。つまり、「する」を可能形にした結果だつたのだ。確かに彼女の生活に使う動詞を見ると、動詞語根に「ない」を付ければ否定を意味する形になり、「れる」を付ければ可能を意味する形になる。

する	見る	着る	食べる
す-る	み-る	き-る	たべ-る
し-た	み-た	き-た	たべ-た
し-ない	み-ない	き-ない	たべ-ない
(し-れる)	み-れる	き-れる	たべ-（ら）れる

残念ながら現在の日本語では「する」の可能を表す場合、語根ごと変えて「できる」を使ってしまうので、規則ではうまく活用形を導けない。しかし、規則的なルールを適用した結果「しれる」が出てきたと考えると、納得がいく。やはりここでもフィールド言語学者と同じことをしているではないか。

「渡来図、知れる」一脳内で実際に何を考えていたのか分かる術はないが、娘に限らず、子どもはペンもノートも録音機もパソコンも使用しない超一流のフィールド言語学者なのだと確信した。なお、現在7歳になった娘に「これ、しれる？」と聞いてみたが「え、何？」と何回も聞き返された。もう「とらいたず、しれる」のような面白いことばは出てこない。少し寂しい。日々、様々な刺激によって観察・分析・修正を繰り返し、私たちとは違い、あつという間にフィールド言語学者を卒業していく。

しまめぐり：隠岐島

吉田真明

島根大学 生物資源科学附属生物資源教育研究センター

海洋生物科学部門（隠岐臨海実験所）部門長・准教授

このたびはヤポネシア領域長の斎藤成也先生から寄稿の機会をいただき、私の暮らしている離島・隠岐の島後について、現職を得てから4年半住んでみたものの見聞から紹介するものである。隠岐島は、記紀の国生み神話の双方に登場し、古代から強く重要視されている島のひとつである。因幡の白兎のお話では「淤岐島」という名で、兎が鰐の背を伝って渡ってきた島とされる。隠岐から本土までは60km離れており、フェリーで2時間半、佐渡・伊豆大島と同型のジェットホイルで1時間の距離であるから、健脚の兎でもさぞ大変だったろうというものである。現在でも生息するオキノウサギは隠岐固有亜種として知られ、本土のものより後脚が長いことが特徴であるというから、その苦労も忍ばれようというものだ（後脚は海ではなく山がちな地形への適応と考えられている）。実際のところ氷期の海面上昇により地表となった隠岐海脚を通って、様々な動物が大陸から日本列島に渡ってきたそうだ。出雲のある島根半島とあわせて、隠岐は日本列島の開闢の地である。それにもまして隠岐諸島が他の島々と区別され古代から重要視されてきた理由は、日本有数の黒曜石の産地であるからであろう。隠岐産の黒曜石は日本全土だけでなく大陸にも運ばれていることが、遺物の同位体比などから明らかにされている。現在でも島後北方の久見（くみ）地域には鉱脈が残るというし、隠岐のそこら中で工事の際に遺跡として出てくるという。40万年前に現在のように離島となつた隠岐では、渡ってきた動物のうち大型獣は早々に絶滅してしまい、現在残るはニホンイタチ、オキノウサギ、数種の野ネズミ類、およびヤマネである。捕るもののがなくては黒曜石は宝の持ち腐れであるから、交易の代表的な品になつたのであろうか。地誌が人の歴史を形作るものである。

歴史において隠岐といえば“島流し”、流人の地として有名である。後醍醐帝などは早々に脱出されたため、御在所であった西ノ島黒木や島後の国分寺に足跡を残すにとどまっている。黒木御所の御前は日本で唯一の海藻の天然記念物であるクロキヅタの保護地としてその名を冠している。隠岐への流人の第1号は柿本人麻呂の息子であるとされる柿本躬都良（みづら、美豆良麿とも）で、壬申の乱で大津皇子と連坐して配流されたと言われているようだが、父親共々伝説的な人物ではきとした記録もない。島後に暮らす者として最も伝説に聞くのは小野篁である。



小野篁配流の地 那久光山寺跡

篁は西ノ島豊田を経て在地を那久（なぐ）光山寺としたが、小路（こうじ）の願満寺に請われて山を歩いて通ううち、その道すがら都万目（つまめ）に住む阿古那（あこな）姫を見初めて恋仲になったという。山道をおよそ7kmの道程である。平安の世のその道は今は消えて久しいというが、牛飼いの道として地元には引き継がれていると聞き及んでいる。篁の作とされる仏像は数体に及ぶが、後年の苛烈な廢仏毀釈の影響でどれも焼け跡の残る有様でかろうじて姿をとどめているに過ぎない。幕末期の隠岐は尊皇攘夷思想が強く、山口萩に学んだ者も多く、また譜代の松江藩への意趣もあったものと思われるが、上古を偲ぶものとすれば情けない限りである。しかしながら、地元の人の好意で救われた仏像とともに、阿古那はあごなし地蔵と名前を変え今に引き継がれている。なお、篁が都に戻ることを祈念して滝行をしたという壇鏡の滝をみると（景勝地かつ植物観察の場所として素晴らしいので頻繁に訪れる）、思わず自分も滝に入りたくなるが、落差の高い滝からの落石に欠けた石塔をみて思いとどまるのが常である。



あごなし地蔵



篁が通ったとされる山中のいろは坂



トウテイラン

さて、私のいる実験所は弊学でも数少ない専任教員を置くキャンパス外の施設で、その任務は隠岐の生物相を使ったフィールド教育と自認している。隠岐は対馬海流の強い影響を受け、冬も比較的暖かい。そのせいで南方系のナゴランなどが自生する。その一方で、冷温帶でしかみられないような針葉樹のクロベが見られるなど、高山植物と南方系植物が隣り合って生えるという一風変わった環境となっているそうだ。その有様は詳しい者ほど異様に映るそうで、隠岐を訪れる植物学者は皆嘆息して帰るのが常である。トウテイラン（真の蘭ではなくオオバコ科）は島根県、鳥取県、京都府のみに分布する可憐な花だが、各県では希少種となっている。しかし、隠岐では海崖のほか道路の法面に侵入しており、住宅地でも普通にみることができる。隠岐は大陸から流れてくる海流の影響著しく、海でも浜に流れ着くプラスチックの多くはハングルで彩られ、大陸色を色濃く現している。この恩恵から私などは海洋の浮遊生物であるカイダコ類を主たる研究材料のひとつとしており、自由に行き交う海洋資源の恩恵を享受できる環境であり続けるよう願う限りである。海洋・山林とまだまだ話題は尽きないが、この続きをぜひ隠岐に足をお運びいただいてからにいたしたい。

私の好きなヤポネシアのうた

鈴木仁 (A03班研究代表者 北海道大学地球環境科学院)

「俵のねずみが米くってちゅう、ちゅうちゅうちゅう」

ネズミは馴染みのある動物であり、古来より常に人々の認識の中にあり、歌（広い意味で）の中にも登場している。ネズミに関する歌といえば、「ずいすいすつころばし」が真っ先に思い浮かびます。筆者は、このような状況に遭遇するとこの「ねずみ」とは何かを考えてしまいます。候補としてはドブネズミ(*Rattus norvegicus*)、クマネズミ(*Rattus rattus*)、ハツカネズミ(*Mus musculus*)といった家鼠系です。この歌の場合、やはりハツカネズミであろうと考えます。情景を思い浮かべるにラット類では醜く、愛嬌のあるハツカネズミがぴったりです。このように日本の古い文献や歌にはねずみが登場しますが（中島 2013）、種の判別は難しそうです。筆者としては大いに気になるところです。例えば、古事記に出てくる大国主神を助けた鼠とはどの鼠だったのでしょうか（中島 2013）。また、弥生時代の高床倉庫のねずみ返しの対象種は何か、江戸時代の書物の鼠は何か（安田 2010；庫本 2011；桜井 2017）、気になります。現代を含め、鼠をモチーフとした工芸品も多いですが、種の特定は難しいところです。

さて、弥生初期は水田稲作文明が日本列島に移入され、それまで森や草原の鼠の絶対的な優位性があったところに、人間の手により広大な新天地が開拓され、家ネズミにおいては絶好のチャンスが到来です。実際、ハツカネズミにおいては16 kbのミトゲノム解析で2,700年前頃に急激な集団増大があったとの示唆が得られています（投稿中）。この時期に、ドブネズミとクマネズミにおいても集団の急激な増大はあったのでしょうか。このラット類に対してのねずみ返しは必要な状況が生まれていたのでしょうか。ヤポネシア学的にもぜひともこのラット系2種のゲノム解析が必要な状況です。

引用文献

中島和歌子, 2013. 上代の鼠の諸

相:『古事記』で大国主を
火難から救うのが母鼠で
ある理由.札幌国語研究
18:25-54.

桜井富士朗, 2017. 江戸時代ネズ
ミ絵画によるイエネズミ
の考察. 日本獣医史学雑誌
= Japanese Journal of
Veterinary History,
54:48-59.

安田容子, 2010. 江戸時代後期上
方における鼠飼育と奇品
の産出-『養鼠玉のかけは
し』を中心に. 国際文化
研究, (16), pp.205-218.

庫本高志, 2011. 養鼠玉のかけは
し--日本における最初の
ラット飼育ガイドブック.

Experimental animals, 60(1), pp.1-6.



宮崎県のグラスアート。
耳はハツカネズミか。

言語学第二座談会（～後半の部～）

千葉大学にて1月13日開催

発言者：風間伸次郎（東京外国語大学教授）アルタイ型言語、言語類型論

遠藤光暉（青山学院大学教授）中国語音韻史・方言学、アジア地理言語学

福井玲（東京大学教授）朝鮮語史

木部暢子（国立国語研究所副所長）日本語方言学

中澤光平（国立国語研究所非常勤研究員）日本語方言学

吉川佳見（国立国語研究所非常勤研究員）アイヌ語学

和智伸是（琉球大学特命助教）集団遺伝学

中川奈津子（国立国語研究所特任助教）日本語方言学

村脇有吾（京都大学講師）計算言語学

風間：ゲノムをはじめとする他の学問分野での推定とどのような関係にあるのかはわかりませんが、言語学的シナリオとして唯一あり得ると考えられるのは、日本語が孤立語のタイプから現在の膠着語的なタイプへと、何らかの理由で変化してきたという可能性ではないかと思います。それを示唆するような痕跡的特徴は日本語に一定程度存在するのではないかと思います。

その中でも一番問題になるのはアクセントもしくは声調と呼ばれる現象、さらにはその両方が日本語にあるということだと思います。ただ、アルタイ諸言語がどの言語も弁別的なアクセントを持たない、ということもあり、私は日本祖語は無アクセントの言語だったのではないかという仮説に深く関心をもっています。山口幸洋さんをはじめとする何人かの研究者が提案されている仮説です。

日本で無アクセントが観察される地域はどこも辺境の地域です。例えば静岡県の大井川上流域である井川や、八丈島がそうです。大きな分布を示しているのは栃木、茨城など北関東、それから九州中央部の宮崎、熊本、長崎ですね。愛媛県大洲や福井にもあります。もし平安から現代に至るまで連綿と認められる京都の方言のような複雑な体系が祖形であるとすれば、そうした複雑なアクセントを持つ方言が辺地にバラバラに存在するような分布になつていなければおかしいはずなのに、それが逆になっているのです。しかも井川とか八丈島はアクセント以外でもきわめてアーカイックな特徴を数多く残しているんです。ですからアクセントに関してもそれが古い特徴の保持であると考えた方がごく自然な推定だと思います。しかもしもしそうなれば、孤立型の声調言語だったということとは矛盾することになります。朝鮮語の声調に関しても、後から発生したという説の研究者もいればそうでないとする研究者もいるようですし、東北アジアの言語の歴史の解明のためにはアクセントや声調の歴史に関する解明がきわめて重要な問題であることは間違いないと思います。

遠藤：じゃあここで止まることにしましょう。福井さんも木部先生も私もぜんぶ声調・アクセントが専門で、中澤光平さんもそうなので、この問題はぜひ取り上げたいと思っていました。まず、簡単なところからということで、朝鮮語の声調というかアクセントの起源に関してはラムゼイが音節構造を条件として後から発生したと言っていたかと思いますが、それに関する考えは如何ですか。

福井：ええ。音節構造もあるし、それからもう一つは音韻変化の結果ですね。語頭音節の母音が脱落したり、語中子音が脱落したりですね。それによって声調（アクセント）が生じたということ。それは私も賛成で、多分そうだろうと思っています。それで、ちょっと話が戻るのですが、さっき言語の類型として单音節的かそうでないかという話の展開の中で、日本語がかつては单音節言語的な特徴があったのではないかという話がありましたが、現実には古くから二音節語や三音節語がたくさんありますね。

遠藤：分析したら分けられるものもあります。例えば「やま」とか。【阪倉篤義『語構成の研究』322頁、角川書店、1966年】はマが「場所」を表すとする。遠藤の考えではヤは「谷」で、狩猟採集民の時代は谷間

に住んでいたので「家」の意味も派生し、その間の場所が「ヤマ」つまり「谷」の「間」だということになる。農耕時代に平野部に住むようになって「ヤマ」が谷の間としてではなく稜線を主体として認識されるようになり、語源が忘れ去られた。】

福井：ええ。それはそうなんです。朝鮮語の方は現状では日本語よりもはるかに単音節語がたくさんあるのだけれども、実は形態論的にはずっと複雑で、複雑な語末子音をもつていて、それらが元々はもっと長い形に遡る形もあったので、その辺のところはそう簡単には言えないと思います。こういう類型の言語だということを簡単には決められないと思います。いずれにしても朝鮮語の場合は形態音韻論的に複雑なので、アクセントの発生という事もそれに関わっています。

遠藤：そうですね。朝鮮語の場合は分化条件が与えられるということなんですが、日本語の場合は木部先生どうでしょうか。実は無アクセントの方が古いんじゃないかという説は狩俣繁久先生も仰っていたかと思いますが。

木部：はい。現在の各地のアクセントをみると無アクセントが元になって現在の諸方言ができているとはとても思えない。

遠藤：そうですね、比較言語学の定石からするとそうなりますね。

木部：ええ、比較言語学的には絶対に説明がつきません。二音節語については、200を超える単語が各地方言できれいに型の対応をもっていますから、無アクセントがベースにあって、現在の各地がそれぞれアクセントの型の区別を獲得したとはとても思えない。というか、それは絶対にあり得ないと思います。三音節語になると対応関係がやや厳しくなりますけど。

遠藤：ミニマルペア【例えばこの場合は「橋・箸・端」のように当該音韻特徴のアクセントだけ異なっていて、それ以外の音韻要素である子音・母音が完全に同じ語対のこと】がたくさんあって、分化条件がないんです。

木部：ただ、山口幸洋先生が言っているのは、それから風間先生や狩俣先生が言っているのも、もっと遙かに前の事だと思うんですね。

遠藤：でも、それにしても分化条件が与えられなければ、起源っていうのは言えないので、それを与えない限りはNeogrammarian【Ausnahmslosigkeit der Lautgesetze、音韻法則の無例外性を唱えた。それに基づくならば音が分化するときには必ず音韻的条件が見いだされ、そうでない限り祖語には多く対立する体系の方を建てなければならない。】のような正統的な比較言語学的観点からすると言えないんですよね。

木部：そうです。言語学的にはいえない。これから先は想像の世界ですけども、古くは日本列島各地に今の大和ことばではない言語、何語であるか分からぬような言語が日本列島にいっぱいあって。

遠藤：たぶん縄文時代とか。

木部：縄文時代、縄文語かもしれない。それが無アクセントであったという事はあり得るとは思います。その後、大和と琉球の共通祖語、日琉祖語が上にかぶさって、元の言語は日琉祖語に取り替えられたけれども、アクセントにはサブストレータム（基層語）としてもとの無アクセントの特徴が残った地域があつて、現在、各地に点々と残っているということはあるかもしれません。元々、声調の区別をもつていなかつた言語が新しい言語を受け入れたときに、アクセントの区別をしなかつたという事はあると思います。無アクセントの言語がアクセントのある言語から借用語を取り入れるときに無アクセントで取り入れるという事はよく起きています。

遠藤：そしてそれがアクセント言語に変わるっていう事もあり得るわけですね。

木部：あると思います。

遠藤：中澤さん何かコメントありますか。

中澤：木部先生のご意見に私も賛成です。あえて違う仮説を述べるとすると、日琉祖語が実は無アクセントだった、そしてtonogenesisが起こる前に東日本の系統の言語が分岐していて、それらではアクセントが生じていなくて、後に西日本の、西日本か分からぬんですけど、あるところでアクセントが生じて、後に東日本

でも東北含めてアクセントを伝播で獲得したけれど獲得しない地域も残った、だからこれは基層語でなくてまさに日琉祖語の古い特徴だと。まああまりこの可能性は高いと思っていないんですけど。私もどちらかといえば無アクセントはもしかするとすれば何らかの基層語の影響かと。

遠藤：それで、九州の無アクセント地域と二型アクセントの境界線のあたりにABOの血液型の境界線がひかれるんですね。A型は瀬戸内海から関西にかけて特に多くなって、その周りに別のタイプがあつて、その境界線がちょうど無型アクセントになるあたりなんですね。それから他にも斎藤先生のおっしゃる三段階説または内なる二重構造、イエナのマックス・プランク研究所の人は新幹線モデルといつていきましたが、関西から山陽新幹線がはしっている辺りから九州にかけて、身長が高くて、首と胴体の比率が7頭身に割合近いといった形態的な違いもあるそうですね。それで、服部四郎が『アクセントと方言』の中で、北九州の辺りから関西にかけて移住が起こったかもしれないと書いていますね。もしかしたら朝鮮半島からも繋がっているかもしれません、弥生人が北九州にもたらした日本語はアクセントをもっていたが、周辺部ではアクセントがなかったとかいったことがもし想定できるとしたら風間先生とか狩俣先生とか、もっと早くは山口幸洋が言っているようなこともあるかもしれませんね。つまり、一言語内部の比較言語学的な考察からすると対立が少ないとこは分化条件が与えられない限り必ずや合流を経たとせざるを得ないので、ウルトラCのような離れ技として民族的ないし言語的なsubstratumを想定に入れないとダメになりますね。ヤポネシアゲノムが始まる2年前までは我ながらこんなことを言い出すなどとは思いもませんでしたね。もう40年ほど前から日本語の系統論っていうのは、本当に危ない分野なので手出しせずに実証的な研究に没頭すべきだと考えてきた世代なので。

風間：少しここで無アクセント地帯の分布について、別の観点からの仮説を紹介したいと思います。以下にお話するのは岩手県の方言記述で読んで知ったことです。それはすなわち、東北地方への日本語の展開というものはまず日本海側沿いをずっと北へ進んで行って、それが青森県の辺りでUターンしたと。一方岩手県のあたりでは太平洋側から北上してきた流れがあり、岩手県では北から南へ分布を広げてきたと考えられる語形や文法形式と、南から北へ分布を広げてきたと考えられる語形や文法形式がいくつか県内で衝突したような分布になっているんだそうです。

例えば理由の助詞は関西で「サカイ」ですがこれは新潟に「すけ」という形、さらに青森で「はけ」のような形が観察されます。こういう形で日本海側沿いを通って伝わったものが結構たくさんあります。昔は船で海沿いに進出した方が内陸部を通って行くよりは、遙かに楽だったでしょうから、これは当然のことでしょう。坂上田村麻呂の時など、ある時代に大和朝廷が意図的に多くの人々を入植させて北へ進出した時期があった一方で、それよりずっと以前に別の集団が先に東日本や北日本に入っていたんだと思います。そしてその2つの集団はだいぶ違う集団で、言語もある程度以上異なっていたのではないかと想像します。そこでもっと想像をたくましくすれば、ずっと以前に入っていた集団が無アクセントの言語の話し手だったのでないかと思うんです。新しい入植者たちの勢力は青森からUターンして岩手県のあたりまで来たけれども、十分に勢力が達しなかった茨城、栃木に無アクセントが残り、もちろん八丈島や静岡県の山中の井川にも残ったと考えるわけです。

あともう一つ、無アクセントの分布地域に関してきわめて重要だと考えられることは、この地域が無声化が激しいとされている地帯とたいてい重なっているということです。無声化ということと無アクセントであるということは音声学的にまだ十分に説明がついていないのではないでしょうか？

遠藤：それは簡単につくんじやないですか。

風間：つくんでしょうか？

遠藤：有声音でないとピッチを表す基本周波数が存在しないのでアクセント核も担いにくくなります。それで狭母音にアクセント核があると広母音に移る、つまり「い」「う」にアクセント核があったのが「あ」「え」「お」の方に移る方言がありますよね。これも狭母音が無声化しやすいことやそもそも短いことと関係があるはずです。

木部：ええまあ、東北も無声化しやすいし、九州もそうですけども、でも無声化とアクセントの相関性が絶対的にあるかというと、無声化が非常に激しい鹿児島みたいなところもあって、鹿児島は二型アクセントです。沖縄も無声化がはげしいけれどアクセントは二型か三型です。

風間：波照間でも。

木部：単語全体として無声化がはげしいといつても。

風間：アクセントの対立はある。

遠藤：通時的な説明としては、アクセント核を担いにくくなつたので語声調に変化したんだと思っているんですけど。そういう所では。

木部：位置アクセントから声調アクセントにという意味ですか。

遠藤：そうですね。中国語方言でも音節声調が語声調に変化する地域が上海の辺りにあって、それは音節が短くなつていって音節声調の長いメロディを担うことができなくなつて、それで多音節語が全体として第一音節のピッチパターンを担うようになるという語声調に変化したんです。だからセグメント【分節音、つまり子音・母音】の方でそういうふうにピッチの核を担う力が弱まっていくと、勢い語声調に変化して、それがさらに合流して無アクセントになるという事も内的に説明できると思います。それからさつきの話だとアイヌ語を東北地方の基層に想定する場合でも、アイヌ語にはアクセントがあるんですよね。

風間：ああ、しかしアイヌ語のアクセントは位置によって固定したアクセントであつて、意味を弁別する力はないと思いますが。

遠藤：長さからきたんですか。ピッチは。

風間：一部例外があるけれど、基本的に位置によって固定したアクセントだと思います。

吉川：そうですね。例外は一部の単語にはありますけど、基本的には最初の音節が開音節か閉音節かで位置が決まります。その後のその語の中のアクセントは何というか比較的自由というか。

遠藤：ああ、昇り核だからですか。

吉川：最初の原則が守られていれば、あとはまあ。

木部：昇り核と上げ核は、また意味が違うので、

遠藤：ああ、そうですか。

木部：ちょっと、どっちなのか。アイヌ語がどっちなのか分からないです。

風間：とにかく意味の弁別性はなくて、基本的に音節の種類によって決まるものですね。

遠藤：じゃあ実際には無アクセントと同じ。音韻論的には。

風間：もしくは一型アクセントというのに恐ろしく近いものですね。

木部：一型アクセント。

遠藤：福井さん、それで良いですか。福井さん、アイヌ語もきちんとやってらっしゃって。

福井：そんな、きちんとなんて。やっていません。

遠藤：上野善道先生が、最近AA研のジャーナルにアイヌ語のアクセントに触れた論文をお書きになりましたね。それは長さがピッチに変わったというんじゃないですか。

福井：それは服部説で樺太アイヌ語の長母音がピッチアクセントになったという話ですね。

遠藤：録音で実際の音声を聞かせてもらったことがあります、長さアクセントの方言でもピッチアクセントが実際には伴っている事があったかもしれませんね。

福井：その服部説を批判したのが、上野先生です。

遠藤：そういうことなんですね。それで東北の基層言語っていうのはやっぱり一番あり得るものとしてはアイヌ語ですよね。本当は今日、中川先生にアイヌ語が北海道とか東北に分布しているというのはいつぐらいからの事なのかというのをお聞きしたいと思っていました。考古学で言う擦文文化はアイヌだが、それ以前になるとそこにいたとは限らない可能性はないものでしょうか。オホーツク文化の担い手はニヴフ人だとい

う説もあるみたいで、日本列島にもニヴフ人がもしかしたら居て、縄文語の候補の一つだったかもしれないとか。

風間：ニヴフ語には大陸方言とサハリンの方言があるんですけど、サハリンの内部の方が方言分岐が激しいんですね。だからニヴフ語の故地はサハリンの方だったという可能性の方が考えられます。アイヌ語には千島やサハリンの方言もあるけれど、北海道内部の方が方言差がずっときめ細かいので、アイヌ語族の故地はやはりより南にあったと考える必要があります。もちろん内地の北東北のアイヌ語の記録がほとんど残っていない現在では解明が大変難しい問題だと思いますが。

遠藤：その辺は生物学のアナロジーで言っているんだと思うんですけど、他の語族でもそういうことを言う人がいて、昨日も斎藤先生と話をしていたんですが、オーストロネシアの原郷 Urheimat が台湾にあるという説が有力だとされているものの、いくつかある語派の大半が台湾に集中しているのが根拠になっています。ところが、元々は中国大陸部の揚子江流域にて、台湾にいったん移って、台湾が山が高くて交通が不便で首狩族とかいうこと也有て往来が少なく、それで非常に多様性ができたというふうに考えた方がどうも良さそうです。多様性が多いということだと中国語だと福建省が一番複雑で、一番古い特徴をもっていますが、そこが中国語の Urheimat だと考えている人はおらず、もっと北の方から南の方に伝わって、辺境地で山がちのところだから古い特徴が残っているという例もあります。

風間：いや、それは生物学からの類推ではなく、エドワード・サピアの論文【E. Sapir (1916) Time perspective in aboriginal American culture: a study in method. Geological Survey Memoir 90: No. 13, Anthropological Series. Ottawa: Government Printing Bureau.】があります。方言分岐のキメの細かい地域がその語族の故地であることを説いた論文です。2つ目の問題も、日本語の故地と直接関係あるかどうかはわからないのですが、鳥の名前でスズメとかツバメとかカモメとかの語末にある「メ」という要素があって、これは現代でも接尾辞として、石川県の白峯や栃木県東部、茨城県に分布しているんですよね。蚊をカンメと言ったり、牛をウシメって言ったりします。

木部：ウシメ（牛）、ネコメ（猫）は八丈もあります。

風間：そうですね、八丈にもあるんですよね。ですからこの接尾辞は、先ほども取り上げたような東日本のもつとも古い層に広くあったに違いないと考えられます。八丈にあるのですから。これは動物名接辞とも呼ばれています。朝鮮語ではカルメギ「カモメ」をはじめ、鳥の名前に日本語とよく似た形の語がいくつもあるそうですが、このような接尾辞などに分析される要素はあるんでしょうか？

福井：それは、動物を表わす接辞はいろいろあるけど、種類ごと違うのもあるし、もっと一般的に、単純に i が付くというのが多い。それ以外に、「魚」に特有のものとか、あと「鳥」のものなど、種類ごとに違う場合もあるということですね。

風間：ツングース諸語にも -ki という接辞があって、これはもっぱら動物を示す名詞に広くついて現れる要素です。「鳥」や「魚」にはつかないと思います。このように特定の意味分野にのみ現れる要素は、歴史的な研究の大切なヒントになるのではないかと思います。

遠藤：それで今回は語彙統計の発表も結構ありましたので、そっちに話を及ぼして終わりにしたいと思います。日本語内部の方言の系譜関係について今回の発表で印象的だったのは又吉さんに文献に初見の時代を調べていただいた「頭」に関するものですね。それで、「つぶら」っていうのが文献にみえる年代が15世紀が初見だという事で、もしそのぐらいの割合新しい語彙だとすると、それが琉球方言でみられるというのは時代的にけっこう新しいということになります。琉球方言に関しては、普通すごく古い特徴があるというのが強調されることが多いのですが、逆に新しいのもありうるということですね。しかも移住したのがいつでしたか。10世紀とか11世紀でしたか。上代日本語よりも古い特徴を持っているというと8世紀よりももっと前のものと思いきやそうでないものも結構あることになりますね。その辺に関してはどうでしょうか。

木部：琉球語には新しい特徴もあるということを亀井孝先生も言っておられます。また、柳田征司先生も言っている。まあ、すべてが古いとかすべてが新しいという話ではないんですけどね。

遠藤：そうですね。個別に各個擊破でやらないと駄目だという事ですよね。ところで、語彙統計の方は、例えば100語とかたくさんやる方がいいという事なんですが、我々の方の人文科学的アプローチからだと個別例を積み重ねていってやろうという事なので、一語一語に関して絶対的な文献の初出年代とか地理分布を参考にした個別の系統樹といいましょうか、それを一つ一つの単語とか言語特徴に関して確実に与えていく、それを統計学とか遺伝学の方の結果と付き合わせられればいいという希望を持って始めています。それで語彙統計の方法論に関しては、昨日だったか Blench 先生にはコテンパンに言われましたが、今日いらしている二人の専門家はどうお感じでしょうか。まず和智さん、どうですか。

和智：先ほど、先生がおっしゃったように一語一語の系統関係を逐一みていって、それを統合して何らかの系統関係が推定できるとしたら、それはたくさんの語を使って推定した系統関係と同じになるんじゃないかなと思うんですけど。その一語一語は違っても平均したら歴史を反映した系統関係を推定できるのではないかと思っています。大多数の語彙については、その系統関係を支持するような情報を持っていて、中には、外れ値で変わった系統関係を持った語があるというのではないかと思うのですが。

遠藤：そのへん、中澤さんとか中川さんたちの今回の発表というのは、そういう発想法じゃないと思うのですが。平均値をとって、一番多いところがその分岐年代というんじゃないなくて。むしろ個別の例外的な方の時代という事だったんですよね。もう少し展開してもらえますか。

中澤：私たちが試みているのはかなり古典的ですよね。手法としては。古典的といってもこれも最近かもしれないんですけど、Wayne Lawrence先生とか、Thomas Pellardさんが琉球諸語の系統関係を明らかにするときに規則的な変化は並行的に起こってしまうということで、特定の系統の方言に起こった不規則な変化というのに着目する。大量のデータを用いても、結局は人の手で判断して評価するというような方法です。私たちの研究では、データを大量に使って、検索とかを整えて、網羅的に見られるようにして、不規則な変化、革新とかをあぶり出し易くしようとかしているんですけど、結局、評価は研究者の手で行うのであって機械的ではない。

遠藤：そうすると、今日やった10語に関するパターンが随分違うと思うんですが。

中澤：そうですね。今日もいろいろ質問がありましたけど、そもそも添加 (akubi>nakubiのように音が加わること) が起きたのか、それとも消失 (puguri>puuriのように音がなくなること) なのか、さらには添加や消失が不規則な変化なのかそうでないのかというも、実は評価が正確にできていない。結局、規則的な変化というものの自体が定まっていない段階なんで、それはまだちょっと今後の課題と思っていて、そういうのが今後分かってきたら、今日あげたのもの一部は、不規則な変化ではなかったとして撤回しなければいけないものもあるでしょうし、一部はそのまま採用できるものもあるかもしれない。これは大量のデータを見ないと、八重山の場合はなかなか評価が難しい。

遠藤：はい。それで、私が今日質問したものですが、たくさんの方言で生じた変化の方がより古いと理解しました。私が数年前に書いた論文で似たような原則を提唱しているのですが、それは方言地理学に関して関連する音韻変化とか関連する語彙の場合はより広い地理分布を持っている方がより古くそういった変化が起こっていて、それより狭い分布地域を持っている方がより新しく変化が生じたというものです。ただそれに限られた条件があって、必ず連鎖的に変化したものに限るということです。そうではなくて、全く無関係な言語現象を並べても、より広い分布地域を持っている方がより古いとは必ずしも言えませんね。というのは、語彙でも日本語の中で全国で一つの言い方しかない語彙が結構あったりして、それは日本祖語以来全然変わっていないものもあれば、非常に新しい語彙もそういうのがありますね。例えば「政治」や「経済」といった抽象語彙は全国の日本語を通してそれしかないはずですね。だから地理分布の広さだけでは本来的には変化が起こった年代というのは言えませんね。それで関連するもの同士の相対的な分布地域が広いか狭いかならば原則として使えるということで提唱しました。今日のご発表は音韻変化ですので相互に関連する可能性があるのですが、語彙だと多分それぞれ違うのでその分布地域が広いか狭いかというのは、発生年代の新しいか古いかの推定には使えないでしょうね。どうでしょうか。

中澤：仰る通りだと思います。語彙に関しては、言い回しの変化などはかなり借用されやすいものだと思っていて、古さ新しさに関わらずパッと広まるっていう可能性があるのでそういうものは改新としては使いづらいんじゃないかなと。なるべく音韻変化を扱いたい。つまりわざわざ音韻変化した形式、訛った形を他方言から借用しないだろうと。そういう前提の上に立って、音韻的に不規則な変化が起きていてそれが共有されている、それが広く分布しているってことは、その変化はかなり古い層で起きているだろうと思います。そういうような形ですので語形の変化を全部いつしょくたにまとめてではなくて、今日もなるべく音韻変化に近いものを提示したつもりです。

遠藤：そうですね。ということだと、和智さんの発想はかなり違っていて、平均値で考えようとしているんじやなくて、それぞれの単語で違うパターンを示して、より広い方を覆っている方が古いというふうにして系統樹を決めようとしているんでしょうか。

和智：僕は、より分布が広い方が祖先的というのがなんかよく理解できていないです。今日の発表のときにも斎藤先生が仰っていたんですけど外群と比較して初めて古い形質か新しい形質かっていうのがわかるんじやないかと思います。つまり外群が無いと系統関係は何にもわからないんじやないかと思うのですが。どうして分布からそれが分かるのか、その仮定できるのかという点が僕は今日の一連の発表の中で分かりませんでした。

中澤：解釈として、多くの分岐に共有されているということは、系統樹を書くときにはなるべく変化の数を少なくしようとすると、随分上のところで、つまりそれは古い時に起きているということにしないと並行的に様々な方言で起きたことになると思います。（だから、分布が広い形式は借用でない限り古い時代の変化だと考えます。）

中川：つまり同じ変化が起きた言語のグループを同じグループとしてまとめあげたっていうことなのですが。例えば「くぐり」という単語で、与那国以外の全体でgが落ちているのですが、その主張だとそっちのgが無い方が古いみたいな事になりますね。

風間：いや、そちらは問題がないんですが、nが付いたという語の中に、nがあったのが落ちたと考えたらどうかとなった時に、本土を含めたほとんどの方言がnがない形をもっているわけですから、結局はやはりnがついてない方を古い形としなければならないのではないかという話になったのだと思います。

遠藤：ところが Blench 先生が「そんなのは駄目だ」と言ったのは、一番古い特徴が非常に限定されたところで保たれていることもありうるので、例えば Tai-Kadaiで音節末音の -n と -l を区別する言語があるんですが、それは一つか二つしかなくて、多数派は全部 -n に合流しているんですね。で、何故 -l がある方が古いかって言えるかというと、 -l と -n の間に分化条件がみられないで、後から分裂したとはできなくて、合流したと言うしかないのです。そうするとそういう言語が一つしかなくとも、それが古いというふうになるんですね。だからそれは比較方法で攻めていかないとダメなので、他の本土方言を持ち出したって関係ないと仰っていたのは多数決でやっているんじゃないって事なんですね。

風間：歴史的な再建において、何もなかった場所に他の方言や同系言語で何か音が現れている場合、何の条件もなしに何かが急に生じるのはおかしいので、普通その要素があった方が古く、それが一部の言語や方言で脱落したと考えた方が話は簡単ですね。

遠藤：落ちるのは無条件で生じえますね。

中川：追加って現象は認めないって話になるんでしょうか。

風間：「追加」ということが起きやすい状況があるとすれば、それは類推によるものだと思います。例えば似た意味の語の分野に語頭に n のついた語がいくつもあつたりすると、類推によって何もなかったところにその n のような要素が出てくることがあり得るでしょう。やはり何も無かったところに何か出てきた場合はもう少し周辺をいろいろ探る必要があると思います。

遠藤：あとは形態論的な変化である意味を付け加えるため指小辞とかがくっつく場合ですね。そんな可能性がないか調べる必要があります。あともう一つは、純粋な音韻変化でも例えば s の前に e がつくとかロマンス諸語とかありますよね。r の前に e がつくとかアルタイ型言語でもありますか。

風間：それはよくありますね。

遠藤：或いは、[i] が [ji] を経て [zi] に変化するのは割合よく起こる音韻変化で、そういうのだったら純粋に音声的に付け加わるってこともありますね。

中川：はい、それだといいと思うんですが。「あくび」が「なくび」になったりして、例えばですねマクロ八重山祖語の段階で「なくび」だったとして、他の方言では偶然全部nがなくなつて、それでどこでしたつけ、1箇所だけ残つたみたいな事はちょっと考えにくいかなと思うんですが。

遠藤：ところが個別のスボラディックな変化もあるんですね。実際には。音韻変化に例外なしっていうのが我々比較言語学をやっている人間の鉄則なんですが、実際には例外があつて、それを説明するのが好きな学風があつて、私の先生なんかもそうなんですね。だからそういう音韻変化の例外を追求するっていうのは有益な分野だと思うので、もう少し細かく詰めてほしいということで、なんか形態論的な意味がないんですかって質問したわけです。それで、そろそろ時間なので締めたいと思いますが、最後に村脇さん、こっちの人文系のやり方と遺伝学系の方法を適用したやり方とは対照的な発想法に基づいているかと思うんですが、更に第三の立場として村脇さん独自の考え方もあると思います。統計学を語彙や言語特徴に応用して系統樹を作るとか、形成過程を説明するとか、についてお考えをお聞かせください。

村脇：統計を使うと言つても統計の中にいろんな流派があつて、お互いに仲良くなは無いんですけど、私はベイズ統計というのを使っています。その気持ちとしては、要するに人間が人手で論証していく時には、これは共有改新だとか、あるいはそうでないとか、2値的な決定をしていくって、そうして比較的信頼性のある証拠を積み上げて保証するというのが基本的なやり方で、それで出来ることはたくさんあると思うんですけど、私の方では、6:4ぐらいでどちらとも言い難い情報がいくつかあつた時に、それらを全部組み合わせたら、ある仮説と対立仮説は全体として2:8ぐらいで成り立つと、そんなことがいえます。和智さんが使つた手法は距離ベースで1個だけ答えを出します。1個というか一応、ネットワークなんでコンフリクトを表示しますが。

遠藤：和智さんは地理的な距離は考慮にいれていないようですが。

和智：村脇さんが今話題にしている「距離」は地理的な距離のことではなくて、（例えば、DNAの塩基配列で、ATGCTG と ATCCAG は2箇所違う、というように）サンプル間におけるデータの違いの度合いのことです。その意味では自分は「距離」を使っています。

村脇：地理的な距離ではなく言語同士の距離です。各言語が特徴の列で表されていて、その特徴列同士の一致・不一致をもとに距離を測つて答えを1個出しているんですけど、私はコンピューターの力に任せて、大量の仮説を探させて、それらをある観点に着目して集約するとある仮説が相対的に良いと、大きな方針としてはそんな感じです。具体的には、五十嵐さんの説にのつとつたモデルを作れないかと考えています。彼が扱つているのは日本の本土ですけど、彼の説に従うと、日本語話者の初期の拡散が系統に従つていて、そのあとでいろんな交流が起きてぐちゃぐちゃになつています。我々が観測しているのは、初期の系統に従つた拡散と、その後の横の変化がぐちゃっと混じつたデータだと考えた時、データ点が縦の要因と横の要因の組合せのどちらの要因に由来するかを確率的に推定できないかと思っています。私が言つているのは方法の話なので、具体的にこういった結果になるとは現時点では言えないのですが、そういうモデルが作れたらいいなということを思つています。

遠藤：みなさん違うデータを使って違う方法を使ってやつていますが、できたらこんど全く同じデータを使って、違う方法の間でどんな結果の違いが出るかを見るといったコンペティションが出来たらいいですね。もう3年間ありますのでそのへんのコラボレーションを続けていけたらと思います。

遠藤付記 前号掲載の「上」で上代日本語の主格助詞「い」が朝鮮語からの借用ではないかという話題が出ましたが、Whitman, John and Yuko Yanagida (2011) A Korean Grammatical Borrowing in Early Middle Japanese Kunten Texts and its Relation to the Syntactic Alignment of Earlier Korean and Japanese, Japanese/Korean Linguistics 21.が正にそのように考えている由です(「柳田優子のホームページ」による)。また、池上二良「ツングース語学入門」『日本語の系統・基本論文集』1, 和泉書房, 1985年, 117-121頁は谷や湿地を表すヤチ類の語が関東に分布していて、それがツングース語由来であると想定しています。関東の基層言語としてツングース系を想定する説として注目されます。ミトコンドリアDNA,N9bは日本人以外ではウデヘ・ナナイなどのツングース系(および韓国人)が持ち、日本人の祖先が中国東北部にいたであろう弥生以前の時代に受け継いだものならば北九州が最も頻度が高く、遠ざかるにつれ頻度が低くなる勾配が予測されます。また、古墳時代に東国に多く騎馬民族系の遺物がもたらされ、そのときにツングース系のDNAが入ったならば、群馬・長野などの関東においてN9bの比率が最も高くなると予想されます。しかるに、KAKENサイトの安達登「学際的研究で明らかにする関東地方縄文時代人の人類学的・考古学的実像」によると関東・長野の縄文早期の古人骨17個体のうちN9b系が12個体を占めると報告されています。つまり、N9b系は縄文時代に既に関東に存在していたこととなり、池上二良の示唆するツングース基層説と最もよく合致するのではないかと見られます。

言語学座談会出席者



遠藤光暎



木部暢子



風間伸次郎



福井玲



村脇有吾



和智仲是



吉川佳見



中川奈津子



中澤光平

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2月15日(月)～17日(水) ゲノム概念誕生百周年記念国際シンポジウム* (沼津駅前プラザヴェルデ)

国立遺伝学研究所国際シンポジウム実行委員会(池尾一穂代表)と新学術領域ヤポネシアゲノムの共催

2021年3月3日(水)～5日(金) 第2回くにうみミーティング* (淡路島夢舞台)

B03班研究代表者の長田直樹らが主催

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

*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>

領域ツイッター：<https://twitter.com/hjjcEU7wFHUBlAM>

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)、遠藤光暁(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巻あき号

発行：2020年11月20日 印刷：2020年11月30日

人名索引

阿古那姫 12
 麻生玲子 2,10
 阪倉篤義 4
 井上史雄 1
 井上光貞 3
 今西規 1,2,8
 上野善道 17
 遠藤光暁 2,14,22,23
 大国主神 13
 長田直樹 1,23
 大津皇子 11
 小野篁 11
 柿本人麻呂 11
 柿本躬都良 11
 風間伸次郎 2,14,22
 狩野内膳 10
 亀井孝 18
 河合洋介 1,2,5
 木下尚子 23
 木部暢子 1-3,14,22,23
 後醍醐帝 11
 斎藤成也 1-3,8,11,23
 エドワード・サビア 18
 篠田謙一 1,23
 鈴木仁 2,13,23
 中川奈津子 2,14,22
 中川裕 1
 中澤光平 2,14,22
 清家章 1,2,9
 福井玲 2,14,22
 服部四郎 16
 平川南 1,3
 藤尾慎一郎 1,2,3,23
 増田隆一 1
 松波雅俊 1,2,4
 村脇有吾 2,14,22
 柳田征司 18
 山口幸洋 14-16
 山田康弘 1
 吉川佳見 2,14,22
 吉田真明 1,2,11
 和智仲是 2,14,22
 Blench 19,20
 Wayne Lawrence 19
 Thomas Pellard 19

事項索引

アイヌ語 2,14,17,18
 アカネズミ属 4
 朝倉書店 1
 阿蘇凝灰岩 9
 アルゴリズム 5-7
 アルタイ諸言語 14
 遺跡 1,2,9,11
 遺伝子領域 4
 遺伝情報 5
 遺伝的多様性 5
 因幡の白兔 11
 稲荷山古墳 3
 岩波書店 1
 音韻法則 15
 内なる二重構造 16
 出雲 11
 漆紙文書 3

塩基(アリル) 6	塩基配列 5,6,21	大井川上流域 14	隠岐島 11	隠岐海脚 11	隠岐固有亜種 11	隠岐の島 1,2,11	淤岐島 11	オキノウサギ 11	音韻要素 15	音韻変化 14,19,20,21	音節声調 17	音節 14,15,17,20	温帯域(広葉樹) 4	開音節 17	活用形 11	河出書房新社 1	権太アイヌ語 17	基層言語 17,22	基本周波数 16	共通祖語 15	近縁種 4	クマネズミ属 4	クマネズミ 13	熊本県宇土市 2,9	黒木御所 11	クロキヅタ 11	膠着語的 14	高分子 5	小型哺乳類 4	国分寺 11	黒曜石 11	國立国語研究所 2,3,14	國立歴史民俗博物館 1-3,23	語形 16,20	語源 15	語構成の研究 14	語声調 17	古代史研究 3	古墳時代 22	古墳編年 9	語末子音 15	語末 15,18	細胞の核内 5	サブストレータム 15	三音節語 14,15	三段階説 16	実業之日本社 1	ジェノタイピング 5,6	子音 14,15,17	次世代シークエンサー 5	紙本金地著色南蛮人渡来図 10	島根半島 11	島根大学隠岐臨海実験所 1	車輪石 9	集英社 1	集團構造 5	秀和システム 1	狩獵采集民 14	上代日本語 18,22	縄文時代 1,15,22	縄文語 15,18	新幹線モデル 16	人口動態 5	壬申の乱 11	新潮社 1	水田稻作文明 13	生殖細胞 5	声調言語 14	声調 14,15,17	赤外線カメラ 3	石室 9	セスジネズミ 4	石棺 9	接尾辞 18	染色体 4-6	前方後円墳 2,9	祖形 14	素地 4	尊皇攘夷思想 12	宝島社 1	多賀城跡調査研究所 3	高床倉庫 13	豎穴式石室 9	單音節語 15	炭素14年代 9	地域集団 4	中期更新世QM4帶 4	中国語方言 17	鳥獸鏡 9	朝鮮語 2,14,15,18,22	朝鮮半島 3,16	長母音 17	地理的変異 4	地理分布 19	対馬海流 12	都万目(つまめ) 12	鉄劍 3	天然記念物 11	天竜川 4	統計学 6,7,19,21	島後北方 11	動詞語根 10	東北アジア 14	トカラ列島 4	ドブネズミ 13	ドラフトゲノム 4,5	内行花文鏡 9	久光山寺 11	南極大陸 4	南方系植物 12	二音節語 14,15	二倍体 5	西ノ島黒木 11	二段墓壙 9	日琉祖語 15,16	ニホンイタチ 11	日本語話者 21	日本祖語 14,19	ねずみ返し 13	ネットワーク 21	野ネズミ 11	八丈島 14,16	ハツカネズミ属 4	服部説 17	波照間 17	ハプロタイプ 2,5-7	合祖モデル 6,7	繁殖期 4	ハントウアカネズミ 4	比較言語学 15,16,21	比較言語学的 15,16	ヒメネズミ 4	フィールド言語学者 10,11	フェービング 2,5-7	副葬品 9	舟形石棺 9	分岐年代 19	分節音 17	文法形式 16	閉音節 17	ベイズ統計 21	平野部 15	ヘテロ接合度 4	ヘテロ接合 4,6	母音 14-16,17	方格規矩鏡 9	墓壙底 9	墓壙 9	北海道大学出版会 1	哺乳類 4,5	松江藩 12	マックス・プランク研究所 16	マッピング 5	マルコフ連鎖モンテカルロ 6	法 6	ミトコンドリアDNA 22	ミネルヴァ書房 1	無アクセント地帯 16	向野田古墳 2,9	木簡 3	桃山時代 10	森北出版 1	野生哺乳類 5	山口萩 12	大和朝廷 16	ヤマネ 11	弥生時代 1,11	弥生初期 13	弥生人 16	揚子江流域 18	吉川弘文館 1,3,9	リファレンス配列 5	琉球方言 18	琉球諸語 19	稜線 15	MCMC法 6	NGS 5,6,7	NHK出版 1	PHP研究所 1	Shapeit 1,2,7	SNP 5,6,7	SNPマイクロアレイ 5	VCF 5
-----------	-------------	-----------	--------	---------	-----------	-------------	--------	-----------	---------	------------------	---------	----------------	------------	--------	--------	----------	-----------	------------	----------	---------	-------	----------	----------	------------	---------	----------	---------	-------	---------	--------	--------	----------------	------------------	----------	-------	-----------	--------	---------	---------	--------	---------	----------	---------	-------------	------------	---------	----------	--------------	-------------	--------------	-----------------	---------	---------------	-------	-------	--------	----------	----------	-------------	--------------	-----------	-----------	--------	---------	-------	-----------	--------	---------	-------------	----------	------	----------	------	--------	---------	-----------	-------	------	-----------	-------	-------------	---------	---------	---------	----------	--------	-------------	----------	-------	-------------------	-----------	--------	---------	---------	---------	-------------	------	----------	-------	---------------	---------	---------	----------	---------	----------	-------------	---------	---------	--------	----------	------------	-------	----------	--------	------------	-----------	----------	------------	----------	-----------	---------	-----------	-----------	--------	--------	--------------	-----------	-------	-------------	----------------	--------------	---------	-----------------	--------------	-------	--------	---------	--------	---------	--------	----------	--------	----------	-----------	-------------	---------	-------	------	------------	---------	--------	-----------------	---------	----------------	-----	---------------	-----------	-------------	-----------	------	---------	--------	---------	--------	---------	--------	-----------	---------	--------	----------	-------------	------------	---------	---------	-------	---------	-----------	---------	----------	---------------	-----------	--------------	-------

新学術領域ヤポネシアゲノム
季刊誌
第2巻あき号
2020年11月発行