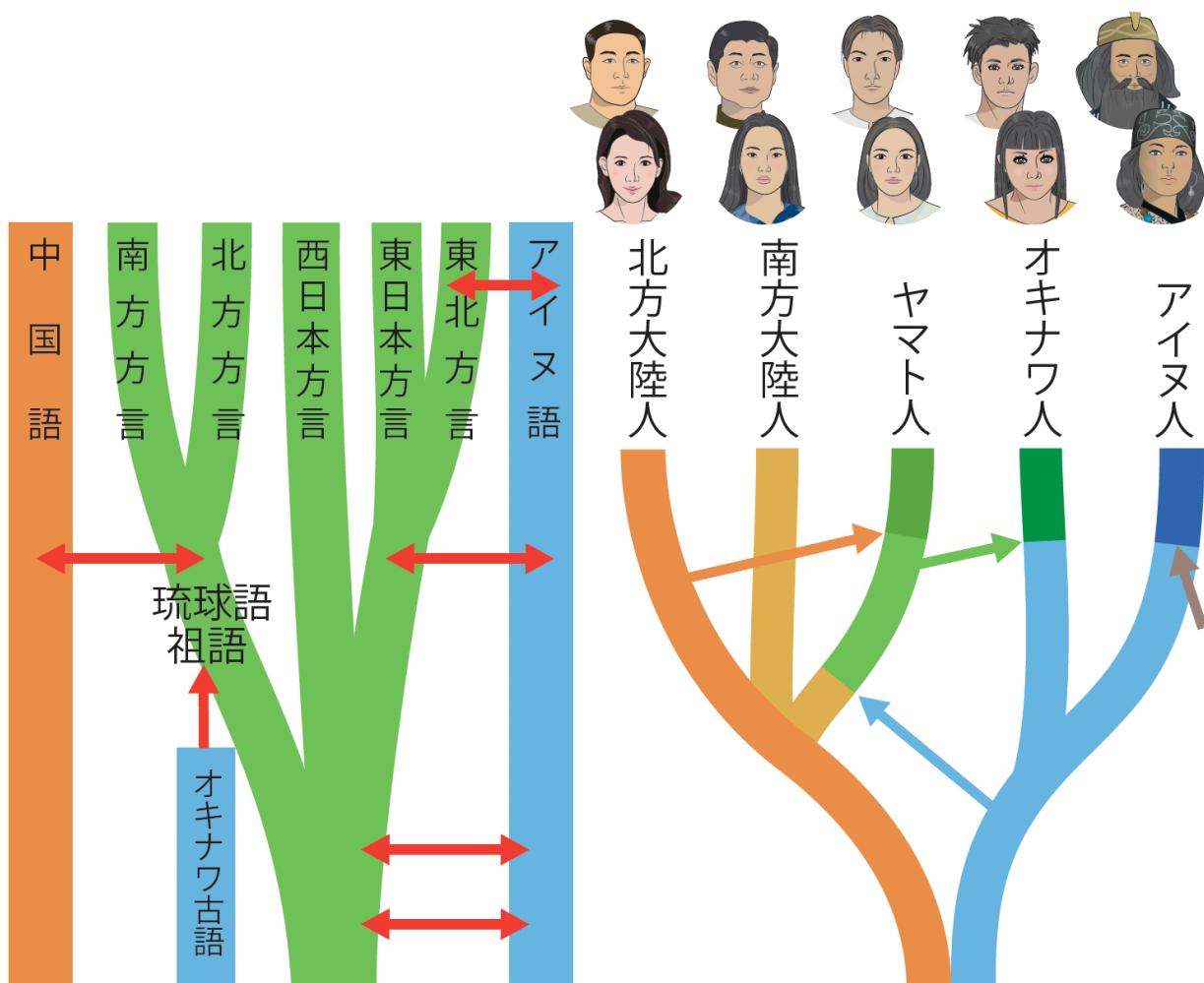




新学術領域研究
ヤポネシアゲノム
季刊誌

ゼロ巻ゼロ号
2021年1月
第3刷



Yaponesian

Volume ZERO No. ZERO

2021年1月 第3刷 刊行

目 次 . . . 1頁

Yaponesian刊行にあたって 斎藤成也領域代表・編集長 . . . 2頁

ヤポネシアゲノムプロジェクトの概要 斎藤成也領域代表 . . . 2-3頁

計画研究班の紹介 各研究代表者

計画研究A01班の紹介 斎藤 成也 . . . 4頁

計画研究A02班の紹介 篠田 謙一 . . . 5頁

計画研究A03班の紹介 鈴木 仁 . . . 6頁

計画研究B01班の紹介 藤尾慎一郎 . . . 7頁

計画研究B02班の紹介 遠藤 光暉 . . . 8頁

計画研究B03班の紹介 長田 直樹 . . . 9頁

リレーエッセイ：ヤポネシア人研究に期待する 赤澤威 . . . 10頁

ヤポネシア鼎談 斎藤成也・藤尾慎一郎・木部暢子 . . . 10-12頁

ヤポネシアゲノム新学術領域研究 第一回公開講演会のお知らせ . . . 13頁

ことばめぐり はじまります 木部暢子 . . . 13-14頁

遺跡めぐり はじまります 藤尾慎一郎 . . . 14頁

動植物ゲノム紹介 はじまります 増田隆一 . . . 15頁

ソフトウェア紹介 はじまります 長田直樹 . . . 15-16頁

しまめぐり はじまります 斎藤成也 . . . 16-17頁

研究室紹介 はじまります 斎藤成也 . . . 17頁

わたしの好きなヤポネシアのうた 斎藤成也 . . . 17頁

ヤポネシアゲノム新学術領域研究のメンバーがかわった書籍 . . . 18-19頁

ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー . . . 19-20頁

ヤポネシアゲノム新学術領域の総括班・季刊誌編集委員・研究補助 . . . 20頁

人名索引・事項索引 . . . 21頁

領域事務局・季刊誌 *Yaponesian* 編集事務局 連絡先

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111

大学共同利用機関情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室

電話 055-981-6790 FAX 055-981-6789 メール yaponesia_genome@nig.ac.jp

季刊誌 *Yaponesian*

発行人：斎藤成也（新学術領域研究ヤポネシアゲノム 領域代表）

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

ゼロ巻ゼロ号

発行：2019年2月

印刷：2019年2月

第2刷印刷：2019年5月（2月に刊行したもののフォントサイズや写真の大きさを縮小し、内容を一部修正したものです）

第3刷印刷：2021年1月

Yaponesian 刊行にあたって

領域代表・編集長

斎藤 成也 (国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室 教授)

この雑誌は、一般のみなさまに「ヤポネシアゲノム」プロジェクトの目的と成果を紹介するために、刊行するものです。「ヤポネシアゲノム」の正式名称は「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」であり、文部科学省の新学術領域研究という名称の研究費を、今年度から5年間、2023年3月まで受ける予定です。もともとは国民のみなさまからいただいた貴重な税金を使っておりまますので、成果をなんらかの形で還元したいと考えました。そのひとつがこの雑誌の刊行です。

ヤポネシアとは、ながく奄美大島に住んだ作家島尾敏雄(1917-1986)が、1960年代に提唱したことばです。ヤポは日本を、ネシアは島々をあらわすラテン語です。日本列島のことです。この単語をそのまま訓令式ローマ字であらわすと、Yaponesiaとなります。日本列島の人々を意味するため、英語風に*Yaponesian*としました。このアルファベットのつづりは、私の創作です。この雑誌は、季刊誌です。本創刊号は、ゼロ巻ゼロ号です。わたしはゼロが好きなのです。あしからず。来年度からは、はる、なつ、あき、ふゆと題した号をつけます。一転して、やまとことばをつかいます。

この雑誌を読んでいただくことで、ヤポネシア人(日本列島人)が、どのように誕生し、発展したのか、ゲノムとはなにもののかが、すこしずつわかっていただけるようになると期待しております。どちらも、それほど簡単な概念ではありませんから。これらのかたくるしいことばだけでなく、「しまめぐり」や「ことばめぐり」をはじめとした、本プロジェクトメンバーによるエッセイも登場します。おたのしみください。

雑誌*Yaponesian*の上部表紙デザインは、私が勤務しております国立遺伝学研究所のある三島市がほこるアステール総合美術研究所に依頼しました。ちょうど夏期講習時期だったので、多くの生徒さんが競いあい、結局、栗原亜季さん(静岡県立沼津商業高等学校卒)の作品をわたしが選びました。栗原さん、ありがとうございます。

この文章を読んでいるあなたは、紙に印刷された冊子を見ておられるのでしょうか? それともpdfファイルを見ておられるのでしょうか? 雑誌*Yaponesian*は、どちらの形でも同一の内容を提供しておりますが、紙媒体とデジタル媒体では異なるIDをつける必要があるそうなので、それぞれ異なるISSN番号(世界中の雑誌に対するID; 日本では国立国会図書館が発行)がついています。どちらの媒体も無料で配付しています。

うまれたばかりの雑誌*Yaponesian*を、よろしくおねがいいたします。

ヤポネシアゲノムプロジェクトの概要

領域代表 斎藤成也

ヤポネシアゲノムプロジェクトは、6班(A01, A02, A03, B01, B02, B03)の計画研究と総括班で今年度はスタートしました。来年度は公募研究がくわわります。

研究概要: ヤポネシア(日本列島)には約4万年前に最初のヒトが渡来し、その後も何度か渡来の波がありました。このわくぐみの中で、ヤポネシア人(日本列島人)はどのような集団にその起源をもつのか、ヤポネシアにおける成立・発展の過程はどうであったのかを、多地域から選別した現代人数百個体と旧石器時代～歴史時代の古代人100名のゲノム配列を決定し比較解析して、ヤポネシア人ゲノム史の解明をめざします(A01班、A02班)。ヒトとともにヤポネシアに移ってきた動植物についても、それらのゲノム配列の比較から歴史を解明します(A03班)。過去の人口増減の詳細な歴史を、ゲノム配列から推定する既存の方法や新規に開発する方法を用いて、再構築します(B03班)。ヤポネシア人の歴史を多方面から検討するために、これらゲノム研究と、年代測定を取り入れた考古学研究(B01班)や、日本語・琉球語の方言解析を含む言語学の研究グループ(B02班)との共同研究をおこないます。これら一連の研究から、文理融合のあらたな研究領域「ゲノム歴史学」を確立します。

==研究体制==

領域代表 斎藤成也(国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門 教授)

計画研究 A01班(現代人ゲノムの決定と解析) 研究代表者 斎藤成也

計画研究 A02班(古代人ゲノムの決定と解析) 研究代表者 篠田謙一(国立科学博物館 副館長)

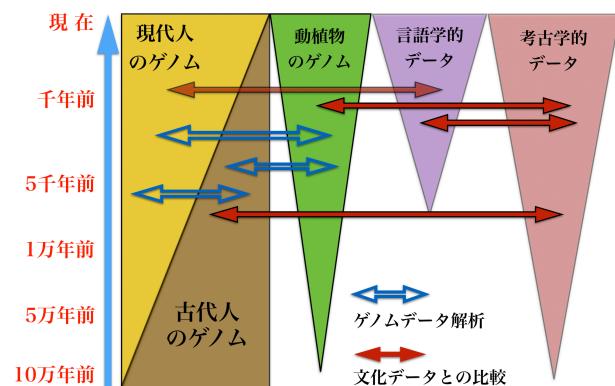
計画研究 A03班(動植物ゲノムの決定と解析) 研究代表者 鈴木仁(北海道大学 地球環境科学研究院 教授)

計画研究 B01班(自然科学的手法による年代測定を含む考古学的解析) 研究代表者 藤尾慎一郎(国立歴史民俗博物館 教授)

計画研究 B02班(日本語・琉球語の方言解析と東ユーラシア全体の言語解析) 研究代表者 遠藤光暁(青山学院大学 経済学部 教授)

計画研究 B03班(ゲノム配列からの人口変動推定と大規模ゲノム解析法の開発) 研究代表者 長田直樹(北海道大学 情報科学研究科 准教授)

==計画研究間の連携と解析対象の時間深度==



<右図の説明>

北部：千島列島・樺太・北海道、中部：本州・四国・九州、南部：南西諸島

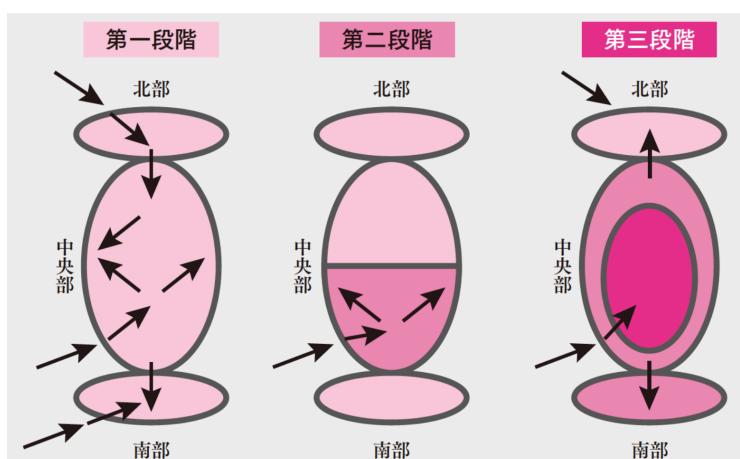
第一段階：旧石器時代～縄文時代中期(およそ4万年前～4000年前)、第二段階：縄文時代後晩期(4000～3000年前)、第三段階：弥生時代以降(3000年前～現在)

==ヤポネシア(日本列島)への三段階渡来モデル その1==

斎藤成也『日本列島人の歴史』(2015, 岩波ジュニア新書)より

==ヤポネシア(日本列島)への三段階渡来モデル その2==

斎藤成也『核DNA解析でたどる日本人の源流』(2017, 河出書房新社)より



==ヤポネシア(日本列島)への三段階渡来モデル その3==

斎藤成也『核DNA解析でたどる日本人の源流』(2017, 河出書房新社)より

旧石器時代から縄文時代まで(およそ4万年前～約3000年前)：氷河時代には海面が低下していたので、いろいろな方面からヤポネシアに採集狩猟民が移動してきました(黒矢印)。縄文時代早期になって氷河時代が終わると、大陸との往来が減少し、ヤポネシア内での移動(白矢印)が生じて、大陸との遺伝的な独自性およびヤポネシア内の等質性が生じたと考えられます。

弥生時代(約3000年前～紀元後3世紀)：大陸から朝鮮半島南部を経由して、九州北部沿岸に水田稲作が導入されました(黒矢印)。その後水田稲作技術はゆっくりとヤポネシアを北上して広がりました(白矢印)。水田稲作を導入した人々こそ、日本語の祖語をヤポネシアにもたらしたかもしれません。東南アジアに分布していたカスタネウス亜種マウスが人間とともに渡來した可能性があります。

古墳時代以降(紀元後3世紀～)：朝鮮半島や東アジア大陸部から、第二段階の渡来民とは遺伝的にすこし異なる人々(須恵器工人や製鉄工人など)が渡来し、またオホーツク文化人が北方から北海道に渡来しました(黒矢印)。ヤポネシア内ではヤマト王権の拡張にしたがって、人々の移動が生じました(白矢印)。大陸アジアに分布していたムスクルス亜種マウスが人間とともに渡來したかもしれません。

新学術領域研究ヤポネシアゲノムのロゴを決定しました。

三島市にあるアステール総合美術研究所の夏期講習において、静岡県立御殿場南高等学校3年生小山田真さんが作成したデザインを選ばせていただきました。



計画研究A01班の紹介

A01班は、おもに現代ヤポネシア人のゲノム配列を決定し、他の集団のゲノム配列と比較して、現在にいたるヤポネシア人のゲノム史をあきらかにするのが目的です。

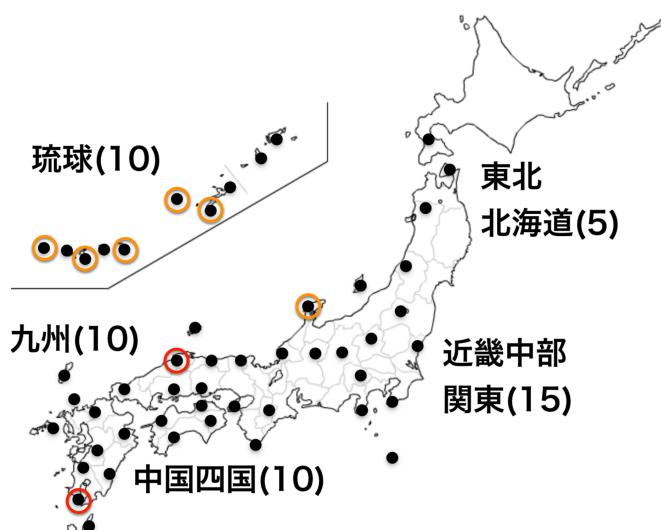
<研究メンバー>

井ノ上 逸朗 (国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室 教授)
鎌谷 洋一郎** (京都大学 大学院医学研究科 准教授)
斎藤 成也* (国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室 教授)
Timothy A. Jinam (国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室 助教)
松波 雅俊 (琉球大学 医学研究科先端医学研究センター 助教)
吉浦 孝一郎 (長崎大学 原爆後障害医療研究所 教授)

*研究代表者, **研究協力者

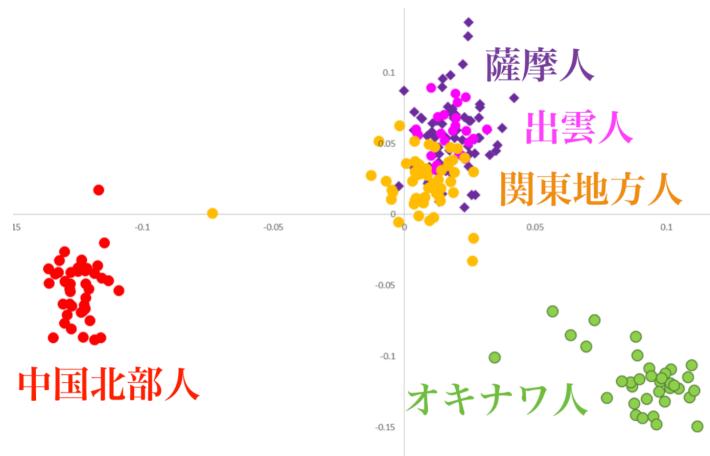
<ヤポネシア50地域から各50名のDNAを調べる>

以下の地図に●印でしめした地域から、祖父母が4名ともその地域出身である方で、この研究に協力していただける方から、インフォームドコンセントを得てDNA試料を提供していただきます。SNPタイピングのあと、各地域10名を選んで全ゲノム配列決定をします。赤枠の2地域（出雲市・枕崎市）はすでにDNA検査が終了し、オレンジ色の6地域（沖縄県5地域と能登地域）はすでにDNA試料が集まっています。



<ヤポネシア4地域の人々と北京市在住の中国北部人を比較した結果>

SNP（単一塩基多型）データを主成分分析法で解析した結果です。薩摩人（鹿児島県枕崎市）と出雲人（島根県出雲市）の人々が関東地方人（東京都民）よりも中国北部人やオキナワ人から離れて位置しています。 {Jinam、斎藤、園田ら、未発表データより}



<それぞれの研究者より、ひとこと>



井ノ上 逸朗 尊敬する故梅棹忠夫先生の
軌跡を追いかけ新たな研究展開を

鎌谷 洋一郎

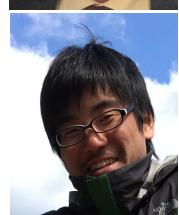
みなさまと一緒にできてうれしいです！



斎藤 成也 わかきひの ゆめ かなえたり ヤポネシア
しまかげはるか やまやまをみゆ



Timothy A. Jinam 南から北から日本列島へ
～昔の人々はどのような移動するのか、興味深いです



松波 雅俊 琉球地域担当ということで、頑張ります！

吉浦 孝一郎

日本の辺境出身の私、自分にも興味あり。

私のゲノムも研究に加わるか？



計画研究 A02班の紹介

古代人ゲノム配列解析にもとづくヤポネシア人進化の解明

班員の構成

研究代表者	篠田 謙一	国立科学博物館 副館長(兼)人類研究部長	全体の統括
研究分担者	安達 登	山梨大学・大学院総合研究部 教授	ミトコンドリアDNA分析
同	神澤 秀明	国立科学博物館・人類研究部 研究員	古代ゲノム解析
同	角田 恒雄	山梨大学・大学院総合研究部 助教	古代DNAの抽出と分析
同	佐藤 丈寛	金沢大学・医学系 助教	ゲノムデータ解析



篠田謙一



安達登



神澤秀明



角田恒雄



佐藤丈寛

この研究班の目的

近年の次世代シークエンサを使った新たなDNAシークエンシング技術の発展は、古人骨からの大量のDNAデータの取得を可能にし、古代ゲノム研究の姿を大きく変えています。例えばこの分野の研究の進んでいるヨーロッパでは、ヨーロッパ人の成立にステップの遊牧民が大きく関与していたことが明らかとなり、従来言われていたような狩猟採集社会から農耕社会への移行が、ヨーロッパ社会を造りあげた、という単純な図式は当てはまらないことが明らかになっています。

この手法を用いた従来の形態学的な日本人起源論も、高精度のゲノム情報が得られるようになった今、根本的に見直す必要があります。私たちの研究班ではこの情況を踏まえ、日本列島における古人骨DNA解析の地理的範囲と時間幅を広げて古代ゲノム情報を蓄積し、従来の形態学的な研究から導かれたものとは精度の異なる、新たな日本列島集団の形成に関するシナリオの構築を目指しています。また考古学や言語学などの関連分野との共同研究によって、列島における文化の変容と集団の変遷の過程を明らかにすることも目的としています。

これまでの成果

縄文人のゲノムを現代人と同じレベルで解析しました。北海道礼文島の船泊遺跡から出土した男女2体の縄文人のゲノムを解析した結果をまとめ論文として投稿しています。またこの研究で得られた情報をもとに、縄文人の生体復元を行いました（写真）。従来はこのような復顔は、骨形態から推測されている縄文人と北海道のアイヌの人たちの類縁性を根拠に、皮膚の色や髪の質などを決めていましたが、縄文人のゲノムを読むことで、遺伝子が関与している特徴を推測して、表現することができるようになっています。私たちの体の設計図であるゲノムを読むことで、これまで知ることのできなかった縄文人の姿を甦らせることができました。

今後の研究計画

本年度は、弥生人のゲノム解析を中心に研究を進めます。

私たちの研究班は、計画研究B01班との共同で、遺跡から出土した人骨の年代とDNA分析を行いますが、今年は特に鳥取県の青谷上寺地遺跡から出土した弥生人骨の分析を中心に行っています。この遺跡には多くの殺傷痕を持った人骨がまとめて埋葬されていました、頭蓋内に脳が残っている人骨もあったことで有名になりました。当時の社会の様子を考古学とゲノム解析によって解明かすプロジェクトを開始しています。併せて北部九州の弥生人骨の分析を進めることで、九州から広がった渡来系弥生人の拡張がどのようなものだったのかを明らかにしていきます。

この他にも、九州や沖縄の遺跡から出土した人骨を分析し、琉球列島集団の成立の歴史を明らかにするプロジェクトも始める予定です。その結果得られたデータをもとに、計画研究B02班との共同研究を行い、琉球地方の方言の起源についても迫る予定です。

計画研究 A03班の紹介

動植物ゲノム配列解析にもとづくヤポネシアへのヒトの移動の推定

班員の構成

研究代表者	鈴木 仁	北海道大学・地球環境科学研究院 教授 全体の統括
研究分担者	伊藤 剛	農業・食品産業技術総合研究機構 チーム長 栽培植物ゲノムの解析
同	遠藤俊徳	北海道大学・大学院情報科学研究科 教授 野生植物ゲノムの解析
同	増田隆一	北海道大学・大学院理学研究院 教授 野生動物ゲノムの解析 <u>この研究の目的</u>



鈴木 仁

伊藤 剛

遠藤 俊徳

増田 隆一

本研究班は、ヒトの移動に帶同する動物、植物、生物由来の加工品（薬剤・薬品・容器など）、ウイルスや微生物、そして栽培および狩猟の対象となる種の進化的動態に注目します。マウス、イネ、ヒヨウタン、クマを始めとする種に対し全ゲノム配列情報の解析結果に基づき、日本列島への伝搬（移入）と列島内集団の時空間動態を、古気候学的知見とも照合し、精密に把握することが第一の目的です。多くの対象動植物について詳細な移動の歴史を把握し、他班より提出される日本人（ヤポネシア人）の起源・集団動態に関する新知見との関連性を追求します。さらに、ヒト以外の生物種において、日本列島内の地域分化、異系統間の二次的接触、局所適応についてゲノム学的観点から分析・比較を行い、考古学的事象、文化的事象との関係性を解明します。本研究では、全ゲノム情報を基に解析を行うことで、これまで提示されている仮説を検証し、日本列島における先史時代の人類の移入と農耕の展開の歴史を精密に再構築していきます。考古学的知見とゲノム学的分析を通して得られた知見との照合を行うことで新しい研究の展開につなげていきます。

これまでの研究例

マウスは図に示すように、これまでのミトコンドリアDNAの解析により、少なくとも2回の移入があったことが示唆されています。古代米のDNA配列解析により、古代の日本列島にはインディカ型を含めたイネが存在したことが明らかになりました。日本人の祖先が複雑な過程で現在の栽培種を形成したことが想像されます。ヒトの移動には水の携行が必須であり、水筒として利用されていたヒヨウタンについて、各地域から収集済のヒヨウタン標本から、大陸別系統（アフリカ系、アジア系、アメリカ系）のゲノム配列粗データをすでに取得し、現在解析中です。ミトコンドリアDNAの解析により、ヒグマは北半球における古環境の変動に伴ってダイナミックに移動し、日本列島の北海道には少なくとも3回渡來したことが明らかにされています。



野生マウスのミトコンドリアDNA配列解析の結果、マウスは中近東・インドを起源地とし、約百万年の分歧時間有する遺伝的に分化した3亜種系統が存在し、先史時代のユーラシアでヒトとともに拡散したことが示唆されます。南アジアの亜種系統CASは、東南アジア・東アジアにおいて局所集団が短時間に広範囲に展開した形跡がみとめられます。日本列島には約4000年前に南中国から移入し、一方で北ユーラシアの亜種系統MUSはより最近の約2000年前に朝鮮半島経由で移入したことが判明しています。

今後の研究計画

マウスやイネ科植物をはじめとして、ヤポネシア人と帶同し、列島に移入した動植物の全ゲノムデータを用い起源の解明を目指します。特に、豆類や柑橘類の大陸と日本列島の移動について解析していくとともに、イネに特化した害鳥・害虫の列島内での進化的動態把握の解析も進めます。ヒヨウタンをはじめとする植物由来の日用品の起源の解明を目指します。ヒヨウタンを含め、日本の古代遺跡からの出土動植物標本の解析もします。クマ、シカ、イノシシ、ハクビシン、イヌなどヒトの移動に帶同する動物の日本列島への移入の歴史の解明も目指します。ヒグマを始めとして、日本の地域文化の成立において重要な役割を果たしてきた動植物のヒトとの関わりも明らかにしていきます。

計画研究 B01班の紹介

考古学データによるヤポネシア人の歴史の解明

古代人ゲノム・考古学班、研究スタートです！

B01班考古学「考古学データによるヤポネシア人の歴史の解明」の研究は、A02班古代人ゲノム（篠田謙一代表）と共同でDNAと年代測定用の試料を得ることから始まります。本年度は、昨年度から鳥取県埋蔵文化財センターとの間で進めてきた機構間連携・異分野連携研究プロジェクト（斎藤成也代表）で対象とした鳥取県青谷上寺地遺跡出土人骨などです。青谷上寺地遺跡は殺された老若男女の骨が多数見つかった弥生後期の遺跡として有名です。人びとの死亡年代やDNAから何がわかるのでしょうか。乞うご期待。



計画研究B01班代表

藤尾 慎一郎

国立歴史民俗博物館



分担者

木下 尚子

熊本大学



分担者

山田 康弘

国立歴史民俗博物館



分担者

清家 章

岡山大学

本研究の特色は、炭素14年代測定結果に基づく数値年代を基準に、歴史を考えることになります。そのためには、人骨の炭素14年代測定が不可欠です。

本テーマに関するこれまでの考古学の研究について

本領域研究の特徴のひとつに、数値年代に基づく核ゲノムの解明があります。従来の考古学は土器型式という相対年代に基づいて縄文・弥生像を構築してきました。弥生時代前期の九州北部を例にあげれば、前期は、初頭（板付I式土器）、中頃（板付IIa式土器）、後半（板付IIb式土器）、末（板付IIc式土器）という時期に分けられ、それぞれの存続期間は約30～50年でほぼ同じと仮定していました。しかし、弥生時代のはじまりが紀元前5世紀から紀元前10世紀に上がることによって、弥生前期の存続期間が、これまでの300年から600年に倍増するとともに、4つの時期の存続期間は、80年、150年、170年、30年とバラバラであることが明らかになりました。

すると、同じ土器型式に属する成人甕棺（九州北部の弥生時代に特徴的な墓制で、棺専用の土器として作られた高さが80cm以上の土器）に埋葬されているからといって、同時に生きていた人の墓とは言えない場合がでてきます。したがって、出土人骨の年代をAMS-炭素14年代測定することが必要となります。そうした高精度年代にもとづく核ゲノムデータが必要となってくるのです。



5年間の重点目標

考古班では5年の研究期間に、5つの重点目標をたて、研究・調査を進めます。各研究分担者がひとつのテーマを担い、足りないところは公募研究に期待します。

- 1 奄美・沖縄諸島の先史時代（木下尚子を中心とする）
- 2 縄文時代（山田康弘を中心とする）
- 3 再葬墓出土人骨（藤尾慎一郎を中心とする）
- 4 弥生時代（藤尾慎一郎を中心とする）→鳥取県青谷上寺地遺跡（2～3世紀）を測定中
- 5 古墳時代（清家章を中心とする）

なお、人骨の調査はA02班の古代ゲノムグループと共にでおこない、核ゲノムが抽出できた人骨を中心に、AMS-炭素14年代測定を進めます。

期待される効果

考古学の詳細なデータとゲノムの膨大なデータから推定される遺伝情報がタイアップされることにより、日本列島人の歴史研究にまったく新しい方法論を導入します。たとえば、核ゲノムの結果、血縁関係にない成人の男女が並べて埋葬された墓が見つかった場合、年代測定の結果、10年以上離れていれば、夫婦だとは考えにくくなります。逆に、血縁関係にあった場合、年が近ければ、兄と妹、もしくは姉と弟の可能性が高まりますし、年が離れていれば、親子や一親等以上離れた親族である可能性が出てきます。人骨の年代を数値年代で示すことができれば、こういったいろいろなケースを想定することが可能になってきます。こうして古代の親族構造も明らかにできるようになってくるのです。

研究協力者 坂本稔（国立歴史民俗博物館 教授）、箱崎真隆（国立歴史民俗博物館 特任助教）、瀧上 舞（国立歴史民俗博物館 プロジェクト研究員）

青谷上寺地遺跡出土人骨

鳥取県埋蔵文化財センター提供

計画研究 B02班の紹介

言語班は日本語内部の方言の系統樹や相互関係を琉球・九州に重点を置いて明らかにし、さらにアイヌ語・ツングース語をはじめとするアジアや世界の諸言語の中で日本語を位置づけます。その成果に基づき遺伝学・考古学の諸班と緊密な連携をめざします。

<研究メンバー>

遠藤光暉 (青山学院大学 経済学部 教授) 班代表、中国語史・アジア地理言語学

木部暢子 (国立国語研究所 言語変異領域 教授) 九州方言

狩俣繁久 (琉球大学 島嶼地域科学研究所 教授) 琉球方言

中川 裕 (千葉大学 文学部 教授) アイヌ語

風間伸次郎 (東京外国语大学 総合国際学研究院 教授) アルタイ諸言語・言語類型論

伊藤英人 (青山学院大学・明治大学 非常勤講師) 研究協力者、朝鮮語史

<それぞれの研究者より、ひとこと>



遠藤光暉 明治より150年、次の150年のために
土づくりと種まきをします。



中川 裕 院生・O Bにも参加してもらって、
千葉大学北方言語研究のひとつの総
まとめにしたいと思っています。



狩俣繁久 南から日本語の歴史を眺めると、
これまでとは違う景色が見えてきます。



風間伸次郎 大陸の諸言語と日本語の関係の解
明のために少しでもお役に立てれ
ば幸いです。

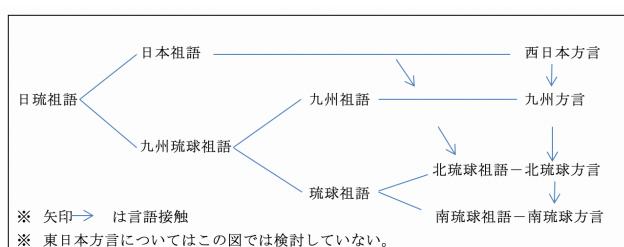


木部暢子 日本の方言と琉球の方言の古い姿を
探ります。



伊藤英人 古い時代の朝鮮語と日本語の関係に
ついて少しでも知りたいと思います。

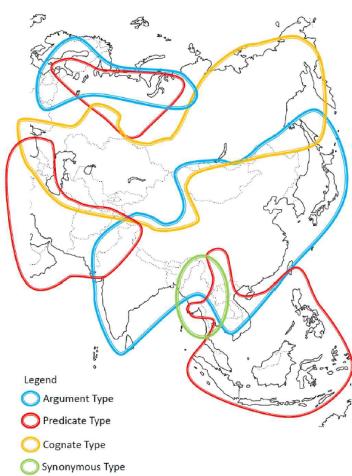
<琉球・九州を中心として系統樹を描く> 琉球列島800 地点350 項目で作成する系統樹と100 地点1100 項目で作成する系統樹の二つの系統樹に鹿児島を中心とした南九州の地点の方言データを加え、九州方言と琉球語をまとめた系統樹を作成し、九州方言と琉球語の系統関係を検討します。また東北方言など日本全国方言を含むデータベース化を行ないます。下の図は、日琉祖語（日本語と琉球語の共通祖先）の系統的変化を推定したものです（狩俣繁久 2019「琉球語の起源はどのように語られたか—琉球語と九州方言の関係を問うー」；長田俊樹編、三省堂『日本語の起源はどのように論じられてきたか—日本言語学史の光と影』に掲載予定）。



語の間の詳細にわたる比較対照をします。さらに広くアジア諸言語を見渡す言語類型地理論的な眺望を与えます。

<地理言語学による日本語の位置づけ> アジアをはじめとする言語地図によって日本語と周辺言語の連続性・非連続性を求めます。右の図はその例です。「雨が降る」という文の4タイプがアジアでどのように分布しているかを示しています(研究協力者の白井聰子 (近刊) 「"It rains" in Asia」；東京外国语大学アジア・アフリカ言語文化研究所 Studies in Asian Geolinguistics VIII に掲載予定)。

<文献言語史による東アジア半島部・山東・遼寧の諸言語の探求> 古文献・地名・姓などに基づき倭語の痕跡を大陸部で探求します。



Map 1: Types of 'it rains' in Asia

計画研究 B03班の紹介

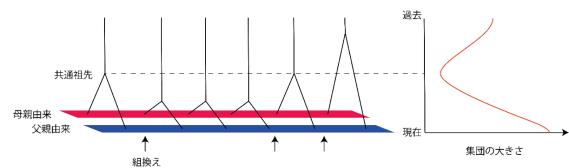
ヤポネシア人の人口推定を中心とした巨大データ解析

執筆：長田直樹 北海道大学 情報科学研究所

B03班は「ヤポネシア人の人口推定を中心とした巨大データ解析」というテーマで研究を進めていきます。本研究領域の核となる情報は大量のヒトゲノム配列です。ヒトのゲノム配列は片親由来のもので32億塩基対(ATGCの並び)であり、コンピュータを用いなければとても扱うことのできないビッグデータです。B03班はこれまで培ってきた知識と技術をもとに、研究領域全体で生み出されるビッグデータの有効活用を目指し、データ解析を中心とした異分野間の連携を円滑に進めるための活動を行なっていきます。

研究メンバー

研究代表者 長田直樹 (北海道大学 情報科学研究所 准教授)
研究分担者 藤本明洋 (京都大学 医学研究科 特定准教授)
研究分担者 五條堀淳 (総合研究大学院大学 先導科学研究科 講師)
研究分担者 河合洋介 (東京大学 医学系研究科 特任助教)
研究協力者 中込滋樹 (Trinity College Dublin Assistant Professor)



左から、長田直樹、藤本明洋、五條堀淳、河合洋介、中込滋樹

本計画では、既存の手法だけでなく、新しい手法および新しいタイプの遺伝情報を用いて研究を進め、ヤポネシア人の歴史の再構築を目指します。そのために、「人口動態」というキーワードを設定しました。人口動態とは、過去の人口がどのように増減していたかというパターンのことです。地球上の人口は一定の値を保っているのではなく、過去の気候変動による減少や、農耕や産業の発明による急激な増加を経験しています。進化の歴史はゲノムのなかに刻まれていますので、現代人のゲノムを調べることによって、過去にどのような人口動態の変化があったのかをある程度知ることができます。実際に知ることができるのは、遺伝的に現代人に貢献している人の数だけですので、実際に何人が日本列島に居住していたかという意味での人口の定義とは少し異なりますが、相対的にはある程度実際の人口を反映していると考えて差し支えないでしょう。現代人のゲノムには、祖先を共通している部分があるので、その情報を利用することによって、何世代前にはどれくらいの人がいたのか、ということを推定することができます。このような推定には、これまで集団遺伝学という学問分野で発展してきた統計数理モデルが非常に役に立ちます。

現代人ゲノムを用いて過去の人口動態推定を行なうことにより、ヤポネシアに住んでいた人々の人口が、どのように変化してきたかを知ることができます。このような情報を知ることは、ヤポネシアの歴史を再構築するにあたって非常に重要な情報を提供するでしょう。さらに、近年のゲノム解読コストの減少と解析技術の発展のため、今まで不可能であった時間的解像度での人口動態推定が可能になってきています。このように、ゲノムから推定される人類進化を、数万年、数千年単位の考古学スケールだけでなく、数十年、数百年単位の歴史学スケールで考える、「ゲノム歴史学」というものを領域とともに発展させていきたいと考えています。

このほかにも、B03班ではさまざまな手法を駆使・開発してヤポネシア人の歴史の解明に取り組んでいます。たとえば、渡来人は男性が多かったのか、女性が多かったのかなどを推定する解析や、現在人口動態解析に主として用いられている一塩基多型(SNP)以外の指標を用いた、これまでと異なる時間的解像度をもつての指標から人口動態を推定することを行なっていきたいと考えています。今後の研究の進展をご期待ください。

上の図 ゲノムデータから人口動態を推定する手法について

上図は、一人の人間のゲノム配列から過去の人口動態を推定する原理を示しています。すべてのヒトは父親・母親由来の染色体をそれぞれもっています。それぞれの染色体の祖先関係を表したものが、逆さまのY字型で示された遺伝子系図です。分岐の高さは、祖先関係の古さを示しています。ヒトの染色体間では組換えが起こるので、染色体上の各領域はそれぞれ異なる遺伝子系図をも�니다。ゲノム全体での遺伝子系図の分布を調べることにより、過去の集団動態を推定することが可能です(図右のグラフ)。

リレーエッセイ

ヤポネシア人研究に期待する

赤澤 威(あかざわ たける)

1938年11月9日生まれ。東京大学大学院理学系研究科人類学専攻で鈴木尚教授に師事。国立科学博物館人類研究部研究員、東京大学総合研究資料館教授をへて、国際日本文化研究センターと高知工科大学の教授を務めた。1989-1992年度重点領域研究「先史モンゴロイド」領域代表、2010-2014年度新学術領域研究「ネアンデルタールとサピエンス交替劇の真相」領域代表。著書に『ネアンデルタール・ミッション』(2000年、岩波書店)など。

モンゴロイドプロジェクトはちょうど現代人起源論争が脚光浴びていたころ、化石研究モデルに風穴を開け新たな道筋をつけたミトコンドリアイヴの登場と重なっていますね。イヴは起源論争に決着をつけたにとどまらず、現代人データの存在感を一気に高めた。それをわかりやすく訴え続けていた、若かりし斎藤成也君を想いだします。

最近目にした翻訳本のなかで踊っている「古代DNA」革命とか、「ゲノムDNA」革命、この状況なんとなくモンゴロイド時代と似ていますね。ただ一つ大きな違いがあるように思っています。発想の転換と技術革新。ミトコンドリアイヴの登場、そこには発想の転換が存在した。いっぽう今日脚光浴びる古代DNA、ゲノムDNAがらみの研究は、分析技術の革新のおかげだと思いますが、いかが?

ただ、それが解き明かす世界は無限というか、悩ましい世界になるかもしれない。しかしそれは願ってもない、僕がもっとも好きな世界。モンゴロイドプロジェクトで使ったキャッチコピーの数々から想像してください。「先史モンゴロイドの拡散と適応戦略」「モンゴロイドの道」「モンゴロイドの地球」「モンゴロイドを追う」「モンゴロイド地球を動く」、また印東道子さんの「人類大移動」「人類の移動誌」「海民の移動誌」など。

それにはどうしても総合的な研究が必要。僕が高知時代の集中講義のタイトル「他流試合の勧め」です。これは最近はやりの「文理融合」とは違います。僕は融合という言葉、研究面では好ましくないと思っています。「融合」、溶け合って元の形がなくなるからです。元の形を磨き、他の刃と競い合うこと、流儀の違う優れた他者を見付け競い合うこと、そこにこそ研究の醍醐味があると思っていますから。

でも結局のところ我々がめざすのは、「好きなことやる」「人のやらないことやる」「とことんやる」の三つですね。それはいわゆるお笑いの世界と同じ。ヤポネシアゲノムの研究、ぜひがんばってください。

ヤポネシア鼎談

とき 2018年8月26日(日) 16:30~17:30

ところ 東京都目黒区自由が丘 レストラン La gita

出席者 斎藤成也・藤尾慎一郎・木部暢子

領域代表・計画研究A01班代表の斎藤成也、計画研究B01班代表の藤尾慎一郎、計画研究B02班分担研究者の木部暢子の三人が集まり、ヤポネシアゲノム新学術領域研究を今後どのように進めてゆくのかについて話しました。三人とも、ヤポネシアゲノム総括班のメンバーです。すでにこれまでにいろいろな会合で出会っている三人ですが、まず自己紹介からはじめました。

左から：木部暢子、斎藤成也、藤尾慎一郎



斎藤成也：1957年1月、福井県鯖江市で生まれる。1967年に陶芸家の父(原子光生)が窯場と住居を福井市に築いたので、家族とともに福井市に転居。福井大学教育学部附属中学校、福井県立藤島高校を経て、1975年東京大学理科II類入学。1979年東京大学理学部生物学科人類学課程を卒業。1981年東京大学大学院理学系研究科人類学専攻修士課程修了(理学修士)後、博士課程に進学(指導教官：尾本惠市教授)。1982年1月～2月に、フィリピンでのネグリト調査に参加。1982年9月から、フルブライト奨学金を得て米国テキサス大学ヒューストン校の生物医科学大学院に入学。根井正利教授のもとで研究する。このあいだに、はじめての学術論文「苗字資料による国内の移住パターン推定の試み」を単著で日本人類学会の機関誌「人類学雑誌」に発表。1986年9月修了(Ph.D.)。博士論文の第3章で提唱した近隣結合法は、1987年に論文が掲載されたが、32年後の2019年現在で、引用回数が53,000回を越えている(Google Scholarによる)。1987～1989年日本学術振興会特別研究員(PD)、1989～1991年東京大学理学部生物学科助手を経て、1991年1月に国立遺伝学研究所・進化遺伝研究部門の助教授に着任。住まいを東京から三島に移す。2002年より国立遺伝学研究所・集団遺伝研究部門[2019年より集団



遺伝研究室)の教授(現職)。総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻の教授も兼任する。2005~2014年、日本学術会議会員(2014年以降は同連携会員)。2006年より東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻の教授も兼任。1982年のフィリピン調査以降これまでのあいだに、中国海南島、中国東北部、台湾、モンゴル、中国各地、カザフスタン各地での海外調査の経験あり。

藤尾慎一郎：1959年3月、福岡市済生会病院で生まれる。幼少期を六本松、小笹、三宅ですごす。1972年に市内のデパートで開



かれた「奴国展」を観て、弥生時代の考古学に関心を持つ。1973年に父の転勤(玉屋)で佐賀市に転居。佐賀県立佐賀西高等学校を経て、1977年、当時、帝釈原人を掘ったことで知られる広島大学考古学研究室に入学。洞窟遺跡の調査に参加する。1981年、本格的な弥生研究を目指して、九州大学大学院文学研究科考古学専攻修士課程に入学。大学院時代は岡崎敬教授、西谷正助教授、横山浩一教授の下で考古学を学習する。1984年には佐賀県唐津市宇木汲田貝塚の発掘調査に参加する。1986年から考古学研究室の助手を務めたあと(大学院から助手にかけての6年間に木部さんとそれ違っていると思われる)、1988年に国立歴史民俗博物館考古研究部助手、助教授をへて、2008年より現職。1999年より始まった尾本恵市プロジェクト「日本人と日本文化」に参加(斎藤代表とも接近遭遇していると思われる)。2001年より、弥生土器に付着した炭化物の炭素14年代測定を始め、2003年に水田稻作の開始年代が500年古くなることを発表。その成果を、2005年の夏に国立科学博物館で『縄文vs弥生』という展示で篠田さんらと開催。その後、2007年『弥生はいつから』、2014年『弥生ってなに』という企画展示を歴博で開催し、2019年3月19日歴博総合展示第1展示室「先史・古代」をリニューアルオープン予定(展示代表者)。

木部暢子：1955年6月、福岡県北九州市小倉北区生まれ。北九州市立到津小学校、板櫃中学校、福岡県立小倉高等学校を経て、



1974年に九州大学文学部に入学。国語の教師を目指して国語学国文学専攻へ。学部時代は古典に興味があり、奥村三雄教授(アクセント研究・方言研究)、春日和男教授(『万葉集』研究)の指導を受け、卒業論文では平安時代の京都語の複合語アクセント規則について研究する。また、方言のバリエーションにも興味を持ち、古典語と方言の関係をさらに追究するため、九州大学大学院文学研究科に進学。大学院では16世紀末に来日したポルトガルの宣教師の手によるキリストン資料の日本語を分析し、1980年に修士課程を修了する。その後、福岡市の純真女子短期大学助手、講師、福岡女学院短期大学講師、鹿児島大学法文学部助教授、教授を経て、2010年から国立国語研究所教授・副所長、現在に至る。鹿児島大学在任中に南九州や奄美各地のフィールドワークを行ない、それらの成果をもとに『西南部九州二型アクセントの研究』(勉誠出版)を2000年に出版。現在は、国立国語研究所で日本の消滅危機言語・方言の調査・記録・復興支援のプロジェクトのリーダーをつとめている。2015年からは文化庁と共同で「消滅の危機にある言語・方言サミット」を各地で開催。その他、2006年から日本学術会議連携会員、2011年から日本学術会議「科学と日本語分科会」委員長、2014年から日本学術会議会員(言語・文学委員会副委員長)をつとめる。ヤポネシアゲノム新学術領域研究では言語学B02班に所属し、琉球大学の狩俣繁久教授とともに日本語諸方言や琉球諸方言を比較言語学、分岐系統樹の手法で解明し、理系の研究との融合を模索している。

斎藤成也：自己紹介、ありがとうございます。さっそくですが、ヤポネシアゲノム新学術領域研究は、A01班が現代人のゲノム、A02班が古代人のゲノム、A03班が人間に随伴する動植物のゲノムを研究します。これら3班はゲノム配列の比較が中心となります。A02班は、B01班と共同研究を密にされる予定ですね？

藤尾慎一郎：そうです。今年度は鳥取市の青谷上寺地遺跡から出土した弥生時代後期の人骨のゲノムDNA解析を共同で取り組みます。炭素14年代測定法によって西暦紀元2世紀後半と推定されています。ちょうど中国の歴史書に「倭國大乱」と記述のある時代です。

斎藤成也：矢尻がつきささった人骨も発見されていて、当時この地で戦乱があったことがうかがえますね。

藤尾慎一郎：戦闘の結果なのか、殺戮の結果なのかわかりませんが、気候の悪化もあって社会状況が不安定な中、悲劇が起きたことは間違いないでしょう。

斎藤成也：私はB02班の班長である遠藤光暉さん(青山学院大学教授)とは、中国語方言の研究会で25年以上前からの知り合いでしたが、藤尾さん・木部さんとはじめてお会いしたのは、数年前でしたね。

木部暢子：そうですね。2014年に国立遺伝学研究所で開催された研究会に招待していただき、講演しました。ただ、もしかしたらその前に、人間文化研究機構の連携研究「日本列島・アジア・太平洋地域における農耕と言語の拡散—「農耕言語同時伝播仮説」をめぐる準備研究ー」(ジョン・ホイットマン先生や佐藤洋一郎先生が主催していました)の研究会でお会いしたかもしれません。

斎藤成也：ゲノムは、ある生物が持っているDNA情報のすべてです。この意味で、ヒトであれ、マウスであれ、イネであれ、どの生物でも同じ土台で議論することができます。したがって、A01班、A02班、A03班、およびB03班のメンバーは、ゲノムという共通概念を持ちます。一方、ゲノムは時間的に変化(進化)しますので、考古学や言語学が研究する人間社会の時間的変化と対応させることができですね。ここがヤポネシアゲノム新学術領域研究につどう自然科学系と人文社会学系の研究者の共通理解につながればいいと期待しています。

藤尾慎一郎：これまでの考古学は土器型式を基準とした相対年代という時間軸で自然科学と協業していましたが、炭素14年代測定法の導入により数値年代で協業できるようになったことは画期的なことです。

木部暢子：言語は人といっしょに移動します。したがって、各地の方言を比較して、ある地域の方言が他の地域の方言とどれだけ共通性を持つか、あるいは持たないか、共通性を持つとすれば、その特徴がいつ頃まで遡れるのか、共通性を持たないとすれば、その違いがいつ頃生じたのかといったことが分かれば、そこから人が移動した経路や時代が推定できるということになります。ただ、それは大変、難しいです。方言を比較すれば、方言間の近さや遠さは分かりますが、その近さや遠さがいつ頃生じたのかといった絶対年代は、特定することがむずかしいからです。たとえば、琉球の諸方言には、pana (鼻)、piru (昼)のように、ハ行の子音をpで発音する地域があります。同じ特徴は奈良時代の大和語にもあったことが歴史研究で分かっています。ここから、奈良時代の大和語と現代の琉球諸方言は、pという特徴を持つ共通の親から生まれた子ども（兄弟）であるということが推測できます。では、親が持っていたpという特徴がどのくらい前に遡るかというと、それは推測できないのです。大和語では、pana (鼻)、piru (昼) がhana、hiruになりました。hになった時期は、文献資料から京都では17世紀ごろだということがわかっています。一方、pがFになった時期がいつだったかは、「奈良時代すでにFだった」、「奈良時代は p > F の過渡期だった」、「平安時代はまだpだった」など諸説あり、まだ定説はありません。



一方、琉球諸方言にも「鼻」「昼」をFana (アナ)、Firu (イル) やhana、hiruという地域がありますが、これは琉球で変化を起こした結果である可能性が高い。なぜなら、p > F > hの変化はどこでも起きる可能性がありますが、その逆のh > F > pの変化はどこでも起きるような変化ではないからです。重要なのは、「鼻」、「昼」がpana、piruの段階で琉球に取り入れられたということです。つまり、大和語と琉球語が分岐したのは、大和でp > Fの変化が起きる以前のことだったと推測することができます。しかし、この時期がはっきりしないので、分岐の時期がいつ頃だったかは、琉球の方の文献資料がないので、分からないです。また、言語が他の地域に伝わるのにどのくらいの規模の人口移動が必要なのかも、まだよく分かっていません。大量の人口移動があれば、当然言語は伝わりますが、移動した人が少数であっても、その人たちが大きな影響力を持つ集団であれば、たとえば、支配階級のような人たちだったとしたら、そんなに大量の人が移動しなくても言語は変化します。

このように、言語からは地域間の相対的な近さ、遠さが分かり、そこから人の移動があったことが推測できますが、絶対的な年代については知ることができません。したがって、ゲノムの変化（進化）の時間と言語の変化や伝播の時間をどのように対応させるかが大きな課題になると思います。

斎藤成也：ゲノム学と考古学は、古代DNAという観点で直接の共通点があります。またヤポネシアへの人間集団の渡来をゲノムデータから推定して、考古学的データや言語学的データと比較するという意味で、考古学と言語学それぞれとつながりがあります。では、考古学と言語学のあいだの、直接的なつながりは、どんなものが考えられるでしょうか？

藤尾慎一郎：文字のない古墳時代以前は、はっきり言ってむずかしいでしょう。

木部暢子：考古学は、遺跡や土器など、現代に残された物質があり、それを観察することができるので、うらやましいなあ、といつも思っています。言語は基本的に音声を媒体としているので、文字に書かれないので、昔の言語を観察することができません。文字に書かれるのは、中央語など、ごく一部の言語に限られています。日本語の場合、まとまった分量の文字資料が残されるようになるのは、8世紀以降です。それ以前にも、木簡や土器など、文字資料が見つかっていますが、分量が少なく、復元できるのは、当時の言語体系のうちのほんの一部分です。一方、中央語以外の言語・方言は、文字に書かれることがほとんどないので、現在話されている方言を観察して、それらを比較することにより、昔の姿を推定するしかありません。このようにして推定した言語の変化や伝播の仮説を補強するために、考古学の研究成果が使われるということは、昔から行われていました。今後もこのようなつながりは重要だと思います。

斎藤成也：そうですね。古代史など、文字資料がある場合には、そこから考古学データや言語学データと結びつけることができるのですが、この方法では、せいぜい2000年、中国側の資料を用いても、せいぜい3000年ほどしか遡ることができませんね。考古学や言語学でも、ゲノム学で使われるモデル化を通して、より古い時代に肉薄していただきたいものです。

藤尾慎一郎：まずは先ほど述べた1700年ほど前の青谷上寺地遺跡出土人骨の核ゲノムと数値年代とでどこまで迫れるのか、ワクワクしています。

木部暢子：日本語のルーツや起源に関する研究は、確かな証拠がなく、論証の手続きも確立されていないので、言語学の分野ではある時期からタブー視されてきました。しかし、最近は各地の言語調査が進み、大量の言語データが集まっているので、今後、これら大量のデータを使って古い時代の日本語（日琉球祖語）を探求することができるのではないかと思います。実際、言語班のなかで、木部や狩俣は現在、琉球諸方言の大量のデータの入力を進めています。データの入力や分析において、情報学とのさらなる連携が必要です。一方、日本語と他の言語をつなげる分野は、依然としてきわめて困難です。

斎藤成也：これから5年間近くあります。ヤポネシアゲノム新学術領域研究によって、ヤポネシア人、すなわち日本列島人の起源とその成立に関する重要な謎がつぎつぎに解明されることを、領域代表として、またひとりの日本列島人として、期待しています。みなさんよろしくお願いします。



レストラン La gita 全景
カメラマン：石井昭三

ヤポネシアゲノム新学術領域研究

第一回公開講演会のお知らせ

と き 2019年3月24日(日) 午後1時～午後5時

ところ 京都駅前 メルパルク京都

13:00～13:05 斎藤成也領域代表あいさつ

13:05～13:35 講演1 鎌谷洋一郎 (A01現代人ゲノム班) バイオバンク・ジャパンの日本人大規模全ゲノムデータ

13:35～14:05 講演2 佐藤丈寛 (A02古代人ゲノム班) 北海道とシベリアの境界領域における人類集団の変遷

14:05～14:35 講演3 伊藤剛 (A03動植物ゲノム班) ジャポニカとインディカ、ふたつの稻がたどった道

14:35～15:00 休憩

15:00～15:30 講演4 坂本稔 (B01考古学班) 放射性炭素で年代を測る—高精度化に向けて

15:30～16:00 講演5 伊藤英人 (B02言語学班) いわゆる「高句麗地名」について

16:00～16:30 講演6 五條堀淳 (B03大規模解析班) 古代ゲノムと希少変異からみたヤポネシア

16:30～17:00 パネルディスカッション（司会：長田直樹）

講演者紹介

講演1 鎌谷洋一郎（京都大学 大学院医学研究科 マギル大学ゲノム医学国際連携専攻 准教授／理化学研究所生命医科学研究センター統計解析研究チーム 研究員）

講演2 佐藤丈寛（金沢大学 医薬保健研究域医学系 革新ゲノム情報学分野 助教）

講演3 伊藤剛（農業・食品産業技術総合研究機構 高度解析センター ゲノム情報大規模解析チーム チームリーダー）

講演4 坂本稔（国立歴史民俗博物館 教授）

講演5 伊藤英人（明治大学 兼任講師）

講演6 五條堀淳（総合研究大学院大学 先導科学研究科 講師）

ことばめぐり はじまります

木部 暁子 (国立国語研究所)

B02班 分担研究者

ことばめぐりの最初に、奄美・沖縄方言の「かなし」ということばを取り上げます。最初が「かなし」では元気が出ないと思う方がいらっしゃるかもしれません、さにあらず。奄美・沖縄方言の「かなし」は、形の上では標準語の「かなしい」に対応しますが、意味は「悲しい」ではなく「いとおしい」です。

鹿児島県の与論方言には、タチマサイドゥ カナシャ（訪ねて來るのが多いほど、いとしい）という諺があります。何度も訪ねてくる人をいつのまにか好きになり、度重なるにつれていとおしさが増すという経験をみなさんもお持ちではないですか？ また、カナシの前にトートゥ（尊い）をつけたトートゥガナシは、感謝の気持ちを表すことばですが、他家を訪問したときや帰るときなど、何かにつけてトートゥガナシを使います。そのほか、カミガナシ（神様）、ティントーガナシ（天道様）、ウヤガナシ（親様）、チッキューガナシ（月様）のように他の語のあとにつけて、それを敬う意味を表します（菊千代・高橋俊三『与論方言辞典』）。与論のカナシには「いとおしい」と同時に相手を敬う意味が含まれているのです。

このような「かなし」は、古典語の「かなし」を引き継いだものです。『万葉集』卷14（東歌）の「多摩川にさらす手作りさらさら 何そこの児のここだかなしき」（3373）は有名な歌で、後半部分は「どうしてこの子はこんなにいとおしいのだろう」と訳されます。『伊勢物語』23段（筒井筒）は、幼なじみで夫婦となった男と女の話ですが、後日譚として夫が他の女のものとへ通う話がついています。そこでは、妻が「風吹けばおきつら波たつ田山 夜半にや君が独りこゆらん（風が吹くと沖に白波がたつ、その竜田山を夜中にあなたはひとり越えているでしょうか）」と詠むのを夫が隠れ聞いて、妻を「かぎりなくかなし」と思って、女の所へ行くのをやめます。この「かなし」も「いとおしい」です。

ただし、古典語の「かなし」に「悲しい」の意味がないわけではありません。『源氏物語』の桐壺更衣（光源氏の母）の辞世の歌「かぎりとてわかるる道のかなしきに いかまほしきは命なりけり（今を限りと別れていく死出の道の悲しいこと。本当に行きたい（生きたい）のは命の道なのです）」の「かなし」は「悲しい」です。このことから、次のような「かなし」の歴史が推測されます。

「かなし」はもともと、敬意を含んで相手をいとおしく思うことでした。奄美・沖縄方言にはこれが今も生きています。日本の中央部では、あるとき、相手をいとおしく思うあまり自分が悲しくなるという意味に変化しました。しかし、それは奄美・沖縄には伝わりませんでした。こうして、現在の方言の違いが出来たのです。

ことばをかなしむ（いとおしむ）意味をこめて、最初にこのエッセーを届けます。

図は、国文学研究資料館オープンデータセット200024739伊勢物語カルタ

「風ふけば」：<http://codh.rois.ac.jp/iiif/iiif-curation-viewer/>

[index.html?pages=200024739&pos=57](#)



遺跡めぐり はじまります

福岡県糸島市新町遺跡：弥生最古の人骨、しかも最古の戦死者（紀元前9世紀）

藤尾慎一郎（国立歴史民俗博物館）

B01班 研究代表者



写真提供：伊都国歴史博物館

最古の弥生人骨

弥生人の人骨がもっとも多く見つかっているのは九州北部の福岡県と佐賀県ですが、その中でも、もっとも古い紀元前9世紀に位置づけられているのが、福岡県新町遺跡から見つかった40代男性の骨です。支石墓（テーブル状の大きな石を、複数の石で支え（支石）、その下の空間に土壙を掘って、埋葬する墓）という、朝鮮半島南部系の墓に葬られていたこと、長さ16cmの朝鮮系の磨製石鎌を左大腿骨に射込まれたことが原因で亡くなっていることなどから、この男性ほどその素性や死因をめぐって話題になった人はいません。考古学的には渡来人同士の戦いによって死亡したので、朝鮮半島系の支石墓に葬られた、とも考えられましたが、この男性、実は、縄文人に特徴的な抜歯をしていたことから、死をめぐる真相は混沌としてきました。彼は一体、何者なのでしょうか？その真相は核ゲノムを読むことでわかるのです。

動植物ゲノム紹介 はじまります

北ユーラシアのヒグマと文化

増田 隆一(北海道大学大学院理学研究院)
A03班 分担研究者

ヒトの生活や文化に関わる動物の多くは、家畜や愛玩動物です。一方、狩猟獣となっている野生動物のうち、文化に深く関わる動物としてヒグマをあげることができます。ヒグマは食肉目に分類される大型哺乳類ですが、実際の食性は雑食性です。そのため環境への適応力が高く、ユーラシアと北米を含む北半球の広域にわたる分布拡大を果たしています。日本列島では、ヒグマは北海道に分布するのに対し、津軽海峡(ブラキストン線)をはさんで、本州以南では別種のツキノワグマが分布しています。さらに、日本海のはるか対岸の沿海地方では両種が混在していますが、それより北方の針葉樹林にはヒグマが、それより南方の広葉樹林にはツキノワグマが分布しています。

これまでに世界のヒグマを対象として、母系遺伝するミトコンドリアDNAの系統地理的解析を行ない、ユーラシアのヒグマは少なくとも5系統あることが明らかになっています。さらに、その中でユーラシアと北米に共通して分布する3系統が、北海道のヒグマにも見い出されました。この3系統は、異なる時代に北海道へ渡来し、別々の地域に定着したと考えられており、三重構造が形成されています。一方、父系遺伝するY染色体DNAから見ると、北海道ヒグマは三重構造をもちませんが、大陸ヒグマからは遺伝的に分化していることが明らかになりました。これまでの研究成果は、北海道ヒグマの遺伝的特徴が、地球規模でのヒグマの進化過程を明らかにする重要な鍵を握っていることを示しています。またヒグマの移動史の解明は、植生や地形などの古環境の変遷とも相関しているため、ヒトの移動の歴史を考えるうえでも重要な情報を提供してくれるでしょう。

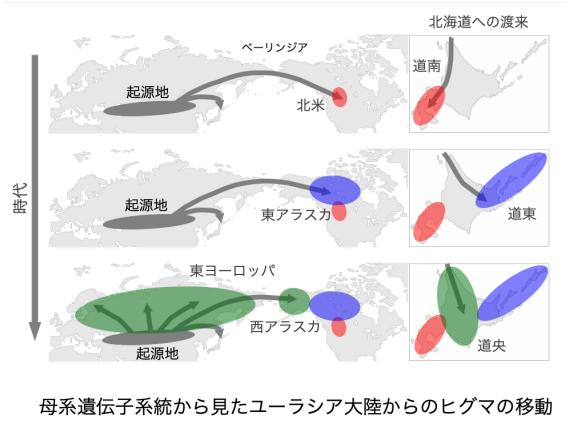
一方、ヒグマは古来、北ユーラシアの人々に畏敬の念をもって扱われてきました。北海道のアイヌ文化では、ヒグマは山の神としてクマ送り儀礼の対象となっており、その文化の成立にも重要な役割を果たしてきたと考えられています。また、ユーラシア大陸においても、さまざまな地域でクマ儀礼が行われてきました。ヒグマは単に狩猟獣としてヒトの生活と関わっているだけではなく、精神的側面からも特別な動物とみなされてきたといえます。

このようなヒグマについて、ゲノムから見た特徴を詳細に明らかにしていくことが、私たちの研究グループの目的のひとつです。

参考文献

増田隆一 著 (2017) 哺乳類の生物地理学. 東京大学出版会.

増田隆一 編 (2018) 日本の食肉類. 東京大学出版会.



ソフトウェア紹介 はじまります

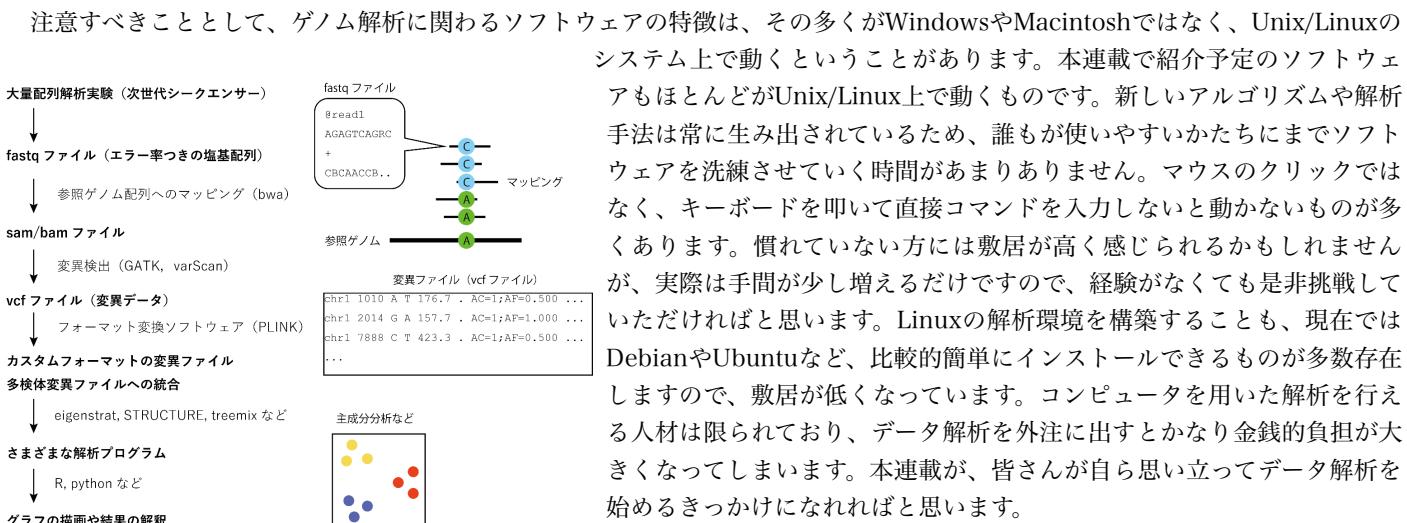
長田直樹(北海道大学 情報科学研究科)
B03班 研究代表者

ヒトのゲノム情報は、片方の親から由来するものだけで32億のDNA塩基配列(ATGCの並び)から成り立っており、ヤポネシアゲノム計画では、これを数百人、数千人規模で比較する予定です。大量のゲノム配列データを扱い解析を行なうには、コンピュータの力をかりることが必要です。本連載では毎号ひとつのソフトウェアに焦点を当てて、紹介してゆきます。執筆はB03班の4名(長田、藤本、五條堀、河合)がそれぞれ得意とする分野を中心に分担します。

本格的な連載を始める前に、本連載の全体的な流れについて解説します。現在のゲノム解析は、いわゆる次世代シークエンサーと呼ばれる大量並列シークエンサーを用いて行なわれます。これらの装置から取得されるデータは、数百万本のDNA断片配列の塩基配列です。DNAは染色体ごとにひと続きになっている配列をもちますが、現在の技術では、染色体を構成するDNAを端から端までひと続きに解読することはできません。したがって、これらの断片的な配列からもとのゲノム配列を復元し、それを比較する必要があります。次からのこの連載では、DNA断片配列を再構成し、たくさんのヒトゲノムを比較するまでの流れに沿って、それぞれの作業で必要なソフトウェアについての紹介をしてゆきます。ゲノム配列の解析についての経験がない方が読んでも、なんとなくイメージがつかめるように心がけていきますので、わかりにくいところなど遠慮なく指摘いただければと思います。その後はより発展的な内容として、人口動態やより詳しい祖先関係の推定など、特定の目的に有用なソフトウェアの紹介をアラカルト的に行なっていく予定です。

それでは、実際の解析の流れについて簡単に説明していきます。コンピュータのプログラムやソフトウェアは通常、何かしらの入力（インプット）を与えると何かしらの出力（アウトプット）を返すものです。ところが、ゲノム解析に用いられるソフトウェアに関しては、DNA配列を入力として与えてあげれば、ヤポネシア人の進化パターンが出力として得られる、といったような都合のよいソフトウェアは、まだありません。現状では、決まった作業をするいくつかのソフトウェアを組み合わせてデータを解析します。あるソフトウェアから得られた出力を別のソフトウェアの入力として渡す、といった作業を繰り返します。

このようにして作られた、ソフトウェア間のデータの受け渡しの工程を「解析パイプライン」と呼びます（次ページの図）。一度解析パイプラインが構築されれば、決まった形式の作業はコンピュータの助けを借りて効率的に行なうことができるようになります。複数個のソフトウェアを組み合わせて最終的な解析結果を取得し、論文発表を行ないます。



システム上で動くことがあります。本連載で紹介予定のソフトウェアもほとんどがUnix/Linux上で動くものです。新しいアルゴリズムや解析手法は常に生み出されているため、誰もが使いやすいかたちにまでソフトウェアを洗練させていく時間がありません。マウスのクリックではなく、キーボードを叩いて直接コマンドを入力しないと動かないものが多くあります。慣れていない方には敷居が高く感じられるかもしれませんですが、実際は手間が少し増えるだけですので、経験がなくとも是非挑戦していただければと思います。Linuxの解析環境を構築することも、現在ではDebianやUbuntuなど、比較的簡単にインストールできるものが多数存在しますので、敷居が低くなっています。コンピュータを用いた解析を行える人材は限られており、データ解析を外注に出すとかなり金銭的負担が大きくなってしまいます。本連載が、皆さんに自ら思い立ってデータ解析を始めるきっかけになればと思います。

図 大量ゲノムデータ解析パイプラインのイメージ図

<用語解説>

Unix/Linux : WindowsやMacOSのように、コンピュータを動かすオペレーティングシステムの名称です。UnixとLinuxは中身が異なっていますが、見た目や機能はほとんど同じものです。現在のMacOSはUnixシステムをベースにして作られています。

Ubuntu、Debian : Linuxのシステム（ソフトウェアのパッケージ）を一般の人が使いやすいようにまとめたものの名称で、ディストリビューションを呼びれます。ほかにもRedHatなど多数のディストリビューションが存在します。

しまめぐり はじまります

斎藤成也（国立遺伝学研究所・集団遺伝研究室）

領域代表・A01班研究代表者

ヤポネシアは、その名のとおり、おおくのしまじまから成りたっています。そこで、Yaponesianでは、シリーズ「しまめぐり」を企画しました。ヤポネシアのなかの、さまざまなシマを、本プロジェクトのメンバーがおとずれて、レポートします。

第一弾は、対馬です。西暦3世紀に、魏から倭国を訪問した一行がまず立ち寄った倭の領域が、この「つしま」でした。現在この島の名前に使われている漢字2字は、なんらかの理由からこの読みにしたものではないでしょうか。すなおにかんがえれば、津、すなわち港のある島でしょう。古事記ではそのとおり「津島」という漢字が使われています。

対馬は北と南に大きくわかれており、そのあいだにちいさなしまじまがあり、天然の良港となっています。日露戦争でロシアのバルチック艦隊とたたかった帝国日本の連合艦隊も、ここに多くの船を停泊させていました。

レポーターの斎藤成也は、2018年9月6日、ちょうど北海道南部を、震度7の強い地震が襲った日に、福岡空港経由で対馬をはじめておとずれました。現代人ゲノムを研究するA01班の班長として、対馬のひとびとのDNAを調べる準備のため、長崎県対馬病院の川上真寿弘院長を訪問するのが、おもな目的でした。また、対馬の風土にふれることも期待していました。そして、いろいろな新しい発見をしました。つつ（豆酛）やけち（鶏知）と発音する地名があることは知っ



飛行機から撮影した対馬の南端

ていましたが、そのほかにも、あれ(阿連)、ねお(根緒)、みつ(美津)といった二音地名があり、さらにはそ(曾)、た(田)という一音地名までありました。これら短い発音の地名は、起源が古い傾向があるのではないかと、『核DNA解析でたどる日本人の源流』(斎藤成也, 2017年)で指摘したばかりでした。今後、対馬の地名について、もっと掘り下げてみたいと思っています。

2018年12月上旬にもふたたび対馬を訪問しました。今度はA01班の分担研究者である吉浦孝一郎さん(長崎大学)とご一緒でした。対馬の中心地である厳原で開催された「対馬学フォーラム」に、ポスター発表の形で参加しました。対馬の地図をじっくりとみていたら、伊奈、賀佐、加志、賀谷、琴、嵯峨、佐護、佐保、玖須、瀬田、仁位、銘、豊という二音地名を、さらに続々と発見しました。今後もこの島のいろいろな文化に触れてゆきたいと考えております。

研究室めぐり はじまります

斎藤研究室(国立遺伝学研究所・集団遺伝研究室)
領域代表・A01班研究代表者



私は1991年の1月に国立遺伝学研究所・進化遺伝研究部門の助教授に着任し、そのときから斎藤研究室をスタートしました。1992年の10月からは、総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻の助教授も兼任しました。その後、2002年の3月には、同研究所集団遺伝研究部門の教授に昇任し、同年4月からは総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻の教授も兼任しています。国立遺伝学研究所が、国立大学法人の設置とときをおなじくして、2002年4月に大学共同利用機関法人情報・システム研究機構という法人に属した結果、国家公務員という身分からはずれて、今にいたっています。2006年4月からは、東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻の教授も兼任しています。

これまで私の研究室では、総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻で16名の博士(理)と1名の修士(理)が、東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻でそれぞれ博士(理)と修士(理)を1名ずつ生み出しています。このほかに、名古屋大学の大学院に籍を置いていた大学院生が実質的には私の指導をうけて博士(理)を取得しています。総計18名の博士(理)取得者のうちで、このヤポネシアゲノム新学術領域研究には、A01班の分担研究者であるTimothy A. Jinamさん(国立遺伝学研究所・集団遺伝研究室の助教)と松波雅俊さん(琉球大学の特命助教)、A02班の分担研究者である神澤秀明さん(国立科学博物館人類研究部の研究員)が参加しています。また博士号・修士号を取得した20名のうちで、Jinamさんを含めて8名が外国人です。国際色の豊かな研究室だといえるでしょう。

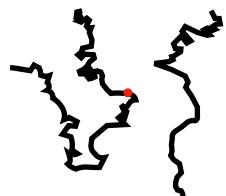
斎藤研究室の研究テーマとしては、ヤポネシア人(日本列島人)を中心とした現代人や古代人のゲノム解析による現代人の進化(論文1-3)、さまざまな生物種のゲノム配列比較による進化的に保存されたコード・非コード領域の、および膨大なゲノムデータを進化的に解析するための系統樹や系統ネットワーク作成法の開発などをおこなっています。

- [1] Jinam T. A. and others (2017) Discerning the origins of the Negritos, First Sundaland People: deep divergence and archaic admixture. *Genome Biology and Evolution*, vol. 9, no.8, pp. 2013-2022.
- [2] Kanzawa-Kiryama H. and others (September 1st, 2016) A partial nuclear genome of the Jomons who lived 3000 years ago in Fukushima, Japan. *Journal of Human Genetics*. (Advance online).
- [3] Japanese Archipelago Human Population Genetics Consortium ([Jinam T. A. and others] (2012) The history of human populations in the Japanese Archipelago inferred from genome-wide SNP data with a special reference to the Ainu and the Ryukyuan populations. *Journal of Human Genetics*, vol. 57, pp. 787-795.

わたしの好きなヤポネシアのうた

このコーナーは、8人の編集委員でリレー連載します
第1回の今回は、編集長の斎藤成也が担当します

記念すべき、雑誌*Yaponesian*のゼロ号ですから、ふるい時代のうたからえらんでみました。
古事記歌謡のなかで、わたしがもっとも好きなうたです。



さねさし さがむの おのの もゆるひの ほなかに たちて とひし きみはも

ヤマトタケルにしたがって、するがのくにからさがみのくにまでやってきたオトタチバナヒメが、三浦半島の先端から船に乗つて房総半島に渡ろうとした船の中で、荒海を鎮めるために犠牲となって海に身を投げる前にうたつものとされています。

冒頭の「さねさし」は、つぎにくる「相模の」にかかる枕詞だと言われていますが、意味が不明のようです。一説には、「さがみのくに」を、別のことば(より東に居住していた人々のことば?)でいうところなるというものがあります。おとなりのくにも旧国名は「むさし」なので、語尾の「さし」が共通です。埼玉県には「小手指」(こてさし)という西部池袋線の駅名にもなっている地名がありますし、八王子にも「摺指」(するさし)があります。「さし」は焼き畠であるという説もあります。そもそも、この歌は、オトタチバナが詠んだものではなく、いにしえの時代、野焼きのときに歌われたものだという説もあることを思いだすと、なかなかおもしろいものです。それらの由来を考えなくても、こいうた(恋歌)として、秀逸です。声をだして詠むと、なぜかいつもじいんとくる、いいうたです。上に、この歌と関係する三浦半島の走水神社の位置を示しました。

ヤボネシアゲノム新学術領域研究のメンバーがかわった書籍

(単著、編、監修を中心にしました)

- 2019年 Evolution of the Human Genome Volume II (Springer, 斎藤成也編) <2019年秋出版予定>
2019年 進化で読みとくバイオインフォマティクス入門(仮) (森北出版、長田直樹著) <2019年6月出版予定>
2019年 ここが変わる！日本の考古学—先史・古代史研究の最前線— (吉川弘文館、藤尾慎一郎・松木武彦共編)
2019年 再考！縄文と弥生—日本先史文化の再構築— (吉川弘文館、藤尾慎一郎編)
2019年 ユーラシア動物紀行 (岩波新書、増田隆一著)
2019年 縄文時代の歴史 (講談社現代新書、山田康弘著)
2018年 Introduction to Evolutionary Genomics Second Edition (Springer, 斎藤成也著)
2018年 江戸の骨は語る-甦った宣教師シドッチのDNA (岩波書店、篠田謙一著)
2018年 日本の食肉類 (東京大学出版会、増田隆一編)
2018年 縄文人の死生観 (角川ソフィア文庫、山田康弘著)
2018年 遺伝/ゲノム 看護 (医歯薬出版、井ノ上逸朗監修)
2017年 核DNA解析でたどる日本人の源流 (河出書房新社、斎藤成也著)
2017年 哺乳類の生物地理学 (東京大学出版会、増田隆一著)
2017年 弥生時代って、どんな時代だったのか？(朝倉書店、藤尾慎一郎編)
2017年 人類への道—知と社会性の進化— (別冊日経サイエンス、篠田謙一編)
2017年 ホモ・サピエンスの誕生と拡散 (洋泉社、篠田謙一監修)
2017年 Evolution of the Human Genome Volume I (Springer, 斎藤成也編)
2016年 歴誌主義宣言 (ウェッジ、斎藤成也著)
2016年 DNAでわかった日本人のルーツ(別冊宝島、斎藤成也監修)
2015年 日本列島人の歴史 (岩波ジュニア新書、斎藤成也著)
2015年 DNAで語る日本人起源論 (岩波書店、篠田謙一著)
2015年 弥生時代の歴史 (講談社現代新書、藤尾慎一郎著)
2015年 災害に学ぶ (勉誠出版、木部暢子編)
2015年 つくられた縄文時代 (新潮選書、山田康弘著)
2014年 老人と子供の考古学 (吉川弘文館、山田康弘著)
2014年 1000ドルゲノム (創元社、篠田謙一監修)
2013年 Introduction to Evolutionary Genomics (Springer, 斎藤成也著)
2013年 弥生文化像の新構築 (吉川弘文館、藤尾慎一郎著)
2013年 じやっで方言なおもしとか (岩波書店、木部暢子著)
2013年 ニューエクスピレスアイヌ語 (白水社、中川裕著)
2013年 化石とゲノムで探る人類の起源と拡散 (別冊日経サイエンス、篠田謙一監修)
2012年 入門 リアルタッチ中国 (朝日出版社、遠藤光暉監修)
2012年 病気はどこで生まれるのか (技術評論社、井ノ上逸朗著)
2011年 ダーウィン入門 (ちくま新書、斎藤成也著)
2011年 <新>弥生時代 (吉川弘文館、藤尾慎一郎著)
2010年 語り合うことばの力—カムイたちと生きる世界 (岩波書店、中川裕著)
2010年 アイヌ語のむこうに広がる世界 (SURE、中川裕著)
2009年 自然淘汰論から中立進化論へ (NTT出版、斎藤成也著)
2009年 絵でわかる人類の進化 (講談社、斎藤成也編)
2009年 最新版「日本人の起源」-最初の日本人から邪馬台国の謎まで- (ニュートンプレス、篠田謙一監修)
2008年 生と死の考古学 (東洋書店、山田康弘著)
2008年 人骨出土例にみる縄文の墓制と社会 (同成社、山田康弘著)
2007年 ゲノム進化学入門 (共立出版、斎藤成也著)
2007年 ゲノム進化を考える (サイエンス社、斎藤成也著)
2007年 ゲノムはここまで解明された (ウェッジ、斎藤成也編)
2007年 日本になつた祖先たち (NHKブックス、篠田謙一著)
2006年 中国語のエッセンス (白帝社、遠藤光暉著)
2005年 DNAから見た日本人 (ちくま新書、斎藤成也著)
2004年 ゲノムと進化-ゲノムから立ち昇る生命- (新曜社、斎藤成也著)

- 2003年 弥生変革期の考古学(同成社、藤尾慎一郎著)
2002年 繩文論争(講談社選書メチエ、藤尾慎一郎著)
2001年 漢語方言論稿(好文出版、遠藤光曉著)
2000年 西南部九州二型アクセントの研究(勉誠出版、木部暢子著)
1997年 遺伝子は35億年の夢を見る—バクテリアからヒトの進化まで—(大和書房、斎藤成也著)

ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー

★2018年度(第1年度)

- 2018年5月30日(水) 新学術領域研究のヒアリング(文部科学省)
6月下旬 ヤポネシアゲノム新学術領域研究採択される
7月5日(木) 第1回総括班会議(北海道大学東京オフィス)
7月17日(火) 第1回B01班会議(熊本大学)
7月31日(火) 第1回B03班会議(北海道大学)
8月1日(水) 第1回A02班会議(国立科学博物館つくば)
8月6~8日 国際シンポジウム"Approaches to Endangered Languages in Japan and Northeast Asia: Description, Documentation and Revitalization"(国立国語研究所)
8月7日(火) 第1回A03班会議(北海道大学)
8月9日(木) 第1回B02班会議(国立国語研究所)
9月8日(土) 第1回A01班会議(長崎大学)
9月10日(月) 公募研究説明会・総括班会議・記者会見(情報・システム研究機構)
9月14日(金) 歴史はやわかりセミナー第1回(北海道大学情報科学研究所)
9月19~21日 日本遺伝学会年会(奈良先端科学技術大学院大学)
10月19日(金)~22日(月) 日本人類学会大会(三島市)
10月19日(金) 日本人類学会大会シンポジウム「新学術領域ヤポネシアゲノム始動!」
10月21日(日) 日本人類学会大会公開シンポジウム1「日本列島人の1000万年」
10月22日(月) 日本人類学会大会公開シンポジウム2「DNAからみたヒトの進化～故宝来聰博士の業績を顕彰しつづ～」
11月11日(日) 総括班会議・全体会議(青山学院大学)
12月5日(水)~7日(金) 日本DNA多型学会大会(松江)
12月15日(土)・17日(月) 総括班会議(釜山大学博物館)
12月17日(月) 釜山大学博物館で斎藤成也と篠田謙一が講演
2019年1月8日(火)~10日(木) Transeurasian Conference(ドイツ、イエナ) 斎藤成也、遠藤光曉、神澤秀明、風間伸次郎が講演
1月22日~23日: B03班会議(北海道大学情報科学研究所)
1月23日 ヤポネシアゲノム若手研究集会(北海道大学学術交流会館)
1月25日(金)~26日(土) B01班会議(国立歴史民俗博物館)
1月27日(日) 日本人類学会主催シンポジウム「考古学・人類学とアイヌ民族」(東京工業大学イノベーションセンター)
2月22日(金)~24日(日) B02班会議(石垣島・与那国島)
3月2日(土) 鳥取県主催とつり弥生の王国シンポジウム「倭人の真実—DNA・年代・環境 先端研究から弥生人に迫る」(鳥取市とりぎん文化会館) 篠田謙一が講演
3月24日(日) 総括班会議・一般公開講演会(京都駅前メルパルク) ←★本号13頁をご覧ください

★2019年度(第2年度)

- 2019年4月 第一期公募研究スタート
5月10日(金)~12日(日) 国際中国語学会(神戸市外国語大学)
5月11日(土) 全体会議(国立科学博物館・上野)
5月18日(土)~19日(日) 日本語学会(甲南大学)
5月19日(日) 考古学協会大会(駒沢大学)
5月27日(月)~29日(水) 東南アジア言語学会(両国KFC Hall)
6月1日(土)~2日(日) 日本文化人類学会(東北大学)
6月22日(土)~23日(日) 日本言語学会(一橋大学)
6月25日(火)~27日(木) Asia-Pacific Conference on Human Evolution(Brisbane, Australia)
7月21日(日)~25日(木) SMBE2019(Manchester, UK)

8月7日(水)～10日(土) 日本進化学会年会 (北海道大学)
8月22日(木)～23日(金) ABC Bioinformatics Symposium (貴州省、中国)
9月11日(水)～14日(土) 日本遺伝学会年会 (福井大学)
9月15日(日) ヤポネシアゲノム新学術領域研究公開講演会 (福井駅前アオッサ)
10月12日(土)～14日(月) 日本人類学会大会 (佐賀大学)
10月15日(火)～19日(土) 米国人類遺伝学会 (Houston, USA)
10月19日(土)～21日(月) 考古学協会大会 (岡山大学)
11月6日(水)～9日(土) 日本人類遺伝学会大会 (長崎)
11月27日(水)～29日(金) 日本DNA多型学会大会 (京都)
2020年3月 全体会議 (場所未定)

★2020年度 (第3年度)

2020年6月 全体会議 (場所未定)
2020年7月 SMBE2020 (カナダ、ケベック)
2020年8月 ゲノム概念誕生百周年記念国際シンポジウム (神戸を予定)
2020年9月 日本進化学会年会 (琉球大学)
2020年秋 日本人類学会大会 (甲府)
2021年冬 全体会議 (場所未定)

★2021年度 (第4年度)

2021年4月 第二期公募研究スタート
2021年春 全体会議 (場所未定)
2021年夏 SMBE2021 (ニュージーランド)
2021年夏 日本進化学会年会 (都立大学)
2022年冬 全体会議 (場所未定)

★2022年度 (第5年度)

2022年春 全体会議 (場所未定)
2022年夏 日本進化学会年会 (沼津)
2023年冬 全体会議 (場所未定)

ヤポネシアゲノム新学術領域の 総括班・季刊誌編集員・研究補助者

ヤポネシアゲノムプロジェクトは、文部科学省科学研究費「新学術研究」複合領域で2018年度に採択されました。新学術領域研究には総括班を設置する必要があります。ヤポネシアゲノムでは、領域代表 (およびA01班研究代表者) の斎藤成也を研究代表者として、以下の6名が総括班の分担研究者です：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)、遠藤光暉 (B02班研究代表者)、長田直樹 (B03班研究代表者)、木部暢子 (B02班研究分担者)。篠田謙一は国際活動支援を、長田直樹は若手研究者育成を担当します。本プロジェクトの季刊誌である*Yaponesian*の編集委員には、これら総括班メンバー7名に加えて、木下尚子 (考古学B01班研究分担者) が参加しています。領域代表・総括班研究代表者の斎藤成也が編集長をつとめます。

ヤポネシアゲノム新学術領域研究 事務局 メンバー

斎藤成也 領域代表 (国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門 教授)
水口昌子 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門 研究補助員
濱砂貴代 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門 研究補助員

人名索引

赤澤 威 (あかざわ たける) ……1,10
石井昭三 (いしい しょうぞう) ……12
伊藤 英人 (いとう ひでと) ……8,13
印東 道子 (いんとう みちこ) ……10
遠藤 光暁 (えんどう みつあき) ……1,2,8,18,20
オトタチバナヒメ ……17
小山田 真 (おやまだ まこと) ……3
風間 伸次郎 (かざま しんじろう) ……8
狩俣 繁 (かりまた しげる) ……8,11
神澤 秀明 (かんざわ ひであき) ……5,17
木部 暢子 (きべ のぶこ) ……1,2,8,10,12,13,18,19,20
原子 光生 (げんし こうせい) ……10
斎藤 成也 (さいとう なるや) ……1-4,7,10-13,16-20
佐藤 丈寛 (さとう たけひろ) ……5,13
島尾 敏雄 (しまお としお) ……2
清家 章 (せいけ あきら) ……7
中川 裕 (なかがわ ひろし) ……11
根井 正利 (ねい まさとし) ……11
濱砂 貴代 (はますな きよ) ……20
藤本 明洋 (ふじもと あきひろ) ……9,15
松波 雅俊 (まつなみ まさとし) ……4,17
山田 康弘 (やまだ やすひろ) ……7,18
吉浦 孝一郎 (よしうら こういちろう) ……4,17

事項索引

アイヌ語 ……8,18
アステール総合美術研究所 ……2,3
出雲 ……4
インディカ ……6,13
核ゲノム ……3,16,18
旧石器時代 ……2-3
公募研究 ……2,7,19,20
国立遺伝学研究所 ……1,2,4,11,16-17
国立国会図書館 ……2
国立歴史民俗博物館 ……2,7,11,13,14,19
三段階渡来モデル ……3
縄文人 ……5,11,18-19
総合研究大学院大学 ……9,11,13,17
日本学術会議 ……11
日本人類学会 ……10,19-20
ヒグマ ……6,15
文理融合 ……2,10
マウス ……3,6,11,16
ミトコンドリアDNA ……5,6,10,15
ヤポネシア ……1-7,9-13,15-20
La gita ……10,12

安達 登 (あだち のぼる) ……5
伊藤 剛 (いとう つよし) ……6,13
井ノ上 逸朗 (いのうえ いつろう) ……4,18
遠藤 俊徳 (えんどう としのり) ……6
長田 直樹 (おさだ なおき) ……1,2,9,13,15,18,20
尾本 惠市 (おもと けいいち) ……10,11
角田 恒雄 (かくた つねお) ……5
鎌谷 洋一郎 (かまたに よういちろう) ……4,13
河合 洋介 (かわい ようすけ) ……9,15
木下 尚子 (きのした なおこ) ……7,20
栗原 亜季 (くりはら あき) ……2
五條堀 淳 (ごじょうぼり じゅん) ……9,13,15
坂本 稔 (さかもと みのる) ……7,13
篠田 謙一 (しのだ けんいち) ……1,2,5,7,1,11,18,19,20
鈴木 仁 (すずき ひとし) ……1,2,6,2,
Timothy A. Jinam (ていもしー じなむ) ……4,17
中込 滋樹 (なかごめ しげき) ……9
箱崎 真隆 (はこざき まさたか) ……7
藤尾 慎一郎 (ふじお しんいちろう) ……1,2,7,10-12,14,18-20
増田 隆一 (ますだり ゆういち) ……1,6,15,18
水口 昌子 (みずぐち まさこ) ……20
ヤマトタケル ……17

青谷上寺地遺跡 ……5,7,11-12
奄美大島 ……2
イネ ……6,11
オホーツク文化 ……3
核DNA ……3,16,19
近隣結合法 ……2
ゲノム歴史学 ……2,9
国立科学博物館 ……2,5,10,11,17,19
国立国語研究所 ……3,8,11,13,19
古墳時代 ……3,7,12
縄文時代 ……3,7,18
人口動態 ……9,16
朝鮮半島 ……3,6,14
日本語 ……2,3,8,11-12,19
日本列島人 ……7,12-13,17-19
ヒョウタン ……6
北海道大学 ……2,6,9,15,19,20
枕崎 ……4
文部科学省 ……2,19-20
弥生時代 ……3,7,11,18
琉球 ……2,4,5,8,11-12,17,20

新学術領域ヤポネシアゲノム
季刊誌
0巻0号
2019年2月発行
2019年5月第2刷発行
2021年1月第3刷発行