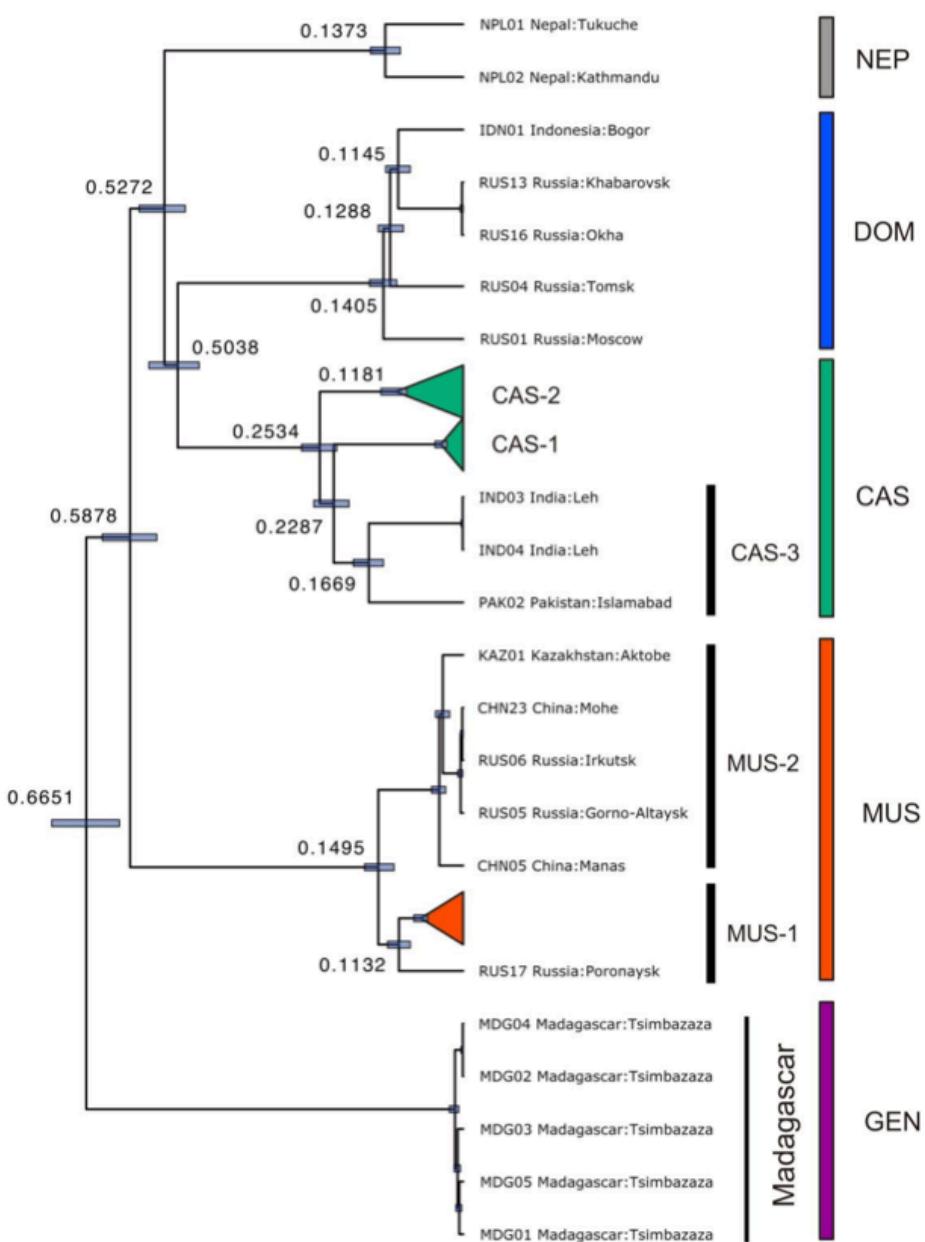




新学術領域研究
ヤポネシアゲノム 季刊誌

第4巻なつ号
2022年9月



Yaponesian

第4巻 なつ号 2022年9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：五條堀孝KAUST特別名誉教授	3頁
著書紹介：坂野徹『縄文人と弥生人』(中公新書 2022年)	4-5頁
論文紹介：藤原一道 (GGS掲載論文；マダガスカルのマウスゲノム)	6-8頁
総説紹介：寺井洋平「生体の科学 遺伝」	8-9頁
ソフトウェア紹介14：MIVcall法 (藤本明洋)	10-11頁
遺跡めぐり：中妻貝塚 (山田康弘)	12頁
動植物ゲノム紹介：野生アズキのゲノム (坂井寛章)	13-14頁
ことばめぐり：言語学は何ができるのか？ (風間伸次郎)	15-17頁
しまめぐり：雄島 (斎藤成也)	18頁
わたしの好きなヤポネシアのうた：紫式部の和歌 (斎藤成也)	19頁
ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー・奥付	20頁
人名索引・事項索引	21頁

表紙カバーの説明

藤原一道ら (2022、Genes and Genetic Systems) Fig. 5 (本誌論文紹介を参照ください)

領域代表からのメッセージ

斎藤 成也（国立遺伝学研究所 斎藤成也研究室）

本新学術領域「ヤポネシアゲノム」の季刊誌Yaponesian第4巻なつ号をお届けします。今回のリレーインタビューは、ゲノム進化の研究者であるKAUST特別名誉教授の五條堀孝先生にお願いしました。計画研究B03班研究分担者である五條堀淳博士の父上でもあります。つぎに、今年の7月に中公新書から科学史研究者の坂野徹氏が刊行された『縄文人と弥生人』の紹介を、私がおこないました。論文紹介としては、はる号に續いて、マウスゲノムについての論文です。計画研究B03班研究代表者である長田直樹北海道大学准教授の研究室の学生である藤原一道さんが筆頭著者となり、日本遺伝学会の機関誌Genes and Genetiuc Systemsに掲載された、マダガスカル島のマウス5匹のゲノム解析です。本号の表紙はこの論文に掲載されたマウスゲノムの系統樹です。また雑誌「生体の科学 遺伝」に今年の8月に掲載された総説「ゲノムから探るニホンオオカミと日本犬の歴史」を、著者の寺井洋平博士（新学術領域ヤポネシアゲノム公募研究の研究代表者）が紹介しました。

ソフトウェア紹介第14回は、計画研究B03班研究分担者の藤本明洋東京大学教授が、自分で開発したマイクロサテライト多型を検出するMIVcall法を紹介しました。今回の遺跡めぐりは、計画研究B01班研究分担者の山田康弘東京都立大学教授が、茨城県取手市にある縄文時代後期の中妻貝塚を紹介しました。動植物ゲノム紹介は、計画研究A03班研究分担者である農研機構・高度分析研究センターの坂井寛章ユニット長が、アズキの野生種ゲノム解析の現状について紹介しました。ことばめぐりは、計画研究B02班研究分担者の風間伸次郎東京外国語大学教授が、「言語学は何ができるのか」と題して、今ある国や地域、県境などに捉われてはいけない、水田適地も現在と同じではない、平安時代なんて決して大昔ではない、「アクセントだけ」を研究していてもダメだ！という4節からなる論考を寄せてもらいました。しまめぐりは、福井県の雄島について、私が紹介しました。「わたしの好きなヤポネシアのうた」も、私が百人一首に取られている紫式部の和歌を紹介しました。

今回も編集作業が遅れたため、9月末になってからの刊行となりましたが、まだ暑さが残っており、夏と言えるのではないでしょうか？ 今回ももりだくさんの内容となりました。なお、井上章一・長田俊樹両先生による故埴原和郎先生へのインタビュー特別号は、10月に刊行する予定です。

新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」も、10月からいよいよ残り半年となります。この季刊誌Yaponesianも、そのあいだに特別号のほか、あき号とふゆ号を刊行する予定です。よろしくお願ひいたします。

リレーインタビュー

膨大なゲノムの進化的研究

五條堀孝 博士 (ゲノム進化学者、KAUST特別名誉教授)

今回は、長年にわたり分子進化学、集団遺伝学、ゲノム進化学の研究を進めてこられた五條堀孝先生に、9月に札幌で開催された日本遺伝学会大会期間中にインタビューしました。五條堀先生は1951年九州のお生まれで、昨年までサウジアラビアにあるアブドラ王立科学技術大学 (KAUST) の教授をされていますが、今年から日本での滞在を大幅に増やすとのことです。このため、静岡県にあるMaOI (Marine Open Innovation) 機構研究所の所長や早稲田大学ナノ・ライフ創新研究機構の招聘研究教授も務められていますが、そちらでのお仕事の時間が格段に長くなりそうです。

五條堀先生は1974年に九州大学理学部生物学科をご卒業後、同大学大学院理学研究科の修士課程・博士課程に進まれ、1979年に理学博士号を取得されました。1980年から米国のテキサス大学ヒューストン校CDPG (Center for Demographic and Population Genetics) に研究室をかまえておられた根井正利教授の研究室にポストドクとして移られ、1983年には国立遺伝学研究所の故丸山毅夫教授の研究部門の助手、1988年には同部門の助教授に就任せられました。さらに二年後の1990年、新設された生命情報研究センターの遺伝情報分析研究室教授に、同時に日本DNAデータバンク (DDBJ) のバンク長も務められました。1994年からは同センター長を務められ、国立遺伝学研究所の副所長も歴任されました。2013年にはKAUSTのComputational Bioscience Research Center教授に着任されました。

五條堀先生は、分子進化学において、「非同義置換」という用語の提唱や、HIVウイルスの分子進化の研究などで著名であり、これらの業績に対して、2009年に紫綬褒章が授与されています。ヤポネシアゲノムとの関連で言えば、H-Inv DB (http://www.h-invitational.jp/index_jp.html) の運営があげられます。これはヒトの遺伝子と転写産物を対象とした統合データベースであり、運用は新学術領域ヤポネシアゲノムの公募研究班のひとりでもある今西規東海大学教授のグループが担当されています。その後はメタゲノム研究に進まれ、紅海のメタゲノムをKAUSTで、駿河湾のメタゲノムをMaOI機構研究所で解析されています。これらの研究では、数十億個という膨大な数のバクテリアや微生物の遺伝子を発見されています。

新学術領域ヤポネシアゲノムB03班の班員である五條堀淳博士（総合研究大学院大学先導科学研究科・講師）は、五條堀孝先生のご子息です。私は1982年にテキサス大学の根井研究室に留学してから1年間、五條堀先生と同じ研究室でした。その後1991年には国立遺伝学研究所進化遺伝研究部門の助教授にまねいていただき、日本DNAデータバンクの仕事にも参加しました。現在でも、遺伝学普及会や公益信託進化学振興木村資生基金の会合でご一緒しますし、日本遺伝学会、日本進化学会などの学会でもお会いする機会があります。今後もますますのご活躍されることでしょう。



五條堀孝先生
(斎藤成也撮影)

著書紹介

坂野徹著『縄文人と弥生人』
中公新書、2022年

斎藤 成也

本書のタイトルだけを見ると、縄文時代の人々と弥生時代の人々について、最新の研究成果が盛り込まれているように見える。本の帯にも「日本人とは何者か?」とあり、ますます最近のゲノム塩基配列を用いた研究の成果を知ることができるような気がしてくる。

ところが、本書の前書きには、「1990年代までの日本人起源論の研究史」が書かれているとある。すなわち、21世紀になってからの20年以上の研究成果には触れていないのだ。これでは、はつきりいって羊頭狗肉である。おそらく出版社側は読者の注意を引くようなタイトルと帯をつけたのだろうが、逆に実際に本書を読んだ読者をがっかりさせてしまうことになるだろう。これが本書の最大の問題点である。なお、藤尾慎一郎著『日本の先史時代』（中公新書、2021年）は本書で引用されているが、発見が21世紀に入ってからだったためなのか、弥生時代の開始が紀元前10世紀という、縄文時代と弥生時代の線引きに重要な研究成果については、触れられていない。

著者の坂野徹氏は科学史家であり、私も文化人類学の人種に関する研究会でご一緒したことがある。したがって、以降では科学史の書籍という観点から本書を論じることにする。著者は中公新書は学術的な書籍ではないという認識らしく、日本人の起源に関する英語の原著論文や書籍はまったく引用されていない。では日本語の文献は適切に引用されているかというと、そうでもない。



終章で二重構造モデルについて言及されているにもかかわらず、このモデルを提唱した埴原和郎が日本語で出版した『日本人の成り立ち』（1995年、人文書院）は引用されていない。また、雑誌「科学」に今年掲載した私の論考「埴原和郎の二重構造モデル論文発表から30年」は引用されているが、そこで論じたさまざまな指摘は無視されている。特に、科学史的に重要だと思われる山口敏の「二重構成モデル」は、1991年に出版された埴原の英語論文の5年前になる1986年に、山口がPHP二十一世紀図書館から出版した『日本人の顔と身体—自然人類学から探る現代人のルーツと成り立ち』に登場するのだが、これにも触れられていない。そもそも山口敏の著作も論文もまったく引用されていない。

坂野氏は科学史家としてこれらの方が重要ではないと考えたのだろうか？ それとも、本書のまえがきでは扱う範囲を1990年代までと書いてあるが、実際には1960年代までぐらいでほぼちから尽きたということなのであろうか？ どうやらそうらしいと思うのは、私が持っている書籍のうち、本書に関係あるが出版されたのが1970~1990年代の以下の書籍が、本書では引用されていないからである：

池田次郎著『日本人の起源』講談社現代新書、1982年

池田次郎著『日本人のきた道』朝日選書、1998年

加藤晋平著『日本人はどこから来たか』岩波新書、1988年

小山修三著『縄文時代』中公新書、1984年

佐々木高明著『集英社版日本の歴史 ①日本史誕生』集英社、1991年

佐々木高明・森島啓子共編『日本文化の起源—民族学と遺伝学の対話』講談社、1993年

佐原真著『大系日本の歴史 1 日本人の誕生』小学館、1987年

鈴木尚著『化石サルから日本人まで』岩波新書、1971年

鈴木尚著『骨から見た日本人のルーツ』岩波新書、1983年

樋口隆康著『日本人はどこから来たか』講談社現代新書、1971年

松本秀雄著『日本民族の源流』大陸書房、1985年

松本秀雄著『日本人は何処から来たか』NHKブックス、1992年

では、本書の中核である、1960年代以前における日本人起源論の科学史についてはどうだろうか？ 実はこの件についても、すでに寺田和夫が1975年に恩索社から『日本的人類学』を刊行しており、そこに記述されていることから大きく踏み込んだ記述はなかったように感じられた。もっとも、多少は新規な記述がある。たとえばオランダ人グロートの考古学分野における活動や後藤守一のくわしい紹介などは、寺田の著書にはない。そのほかにも、神武天皇の足跡をたどる遺跡の研究など、本書だけで見られる記述は散見されるが、わたしには日本人起源論に重要な視点だとは思えなかつた。

論文紹介

藤原 一道 (北海道大学 情報科学院 博士課程大学院生)

マダガスカル産ハツカネズミの全ゲノム配列解析

論文タイトル：

Whole-genome sequencing analysis of wild house mice (*Mus musculus*) captured in Madagascar
掲載誌：*Genes & Genetic Systems* (2022年) accepted.

著者：藤原一道, Marie C. Ranorosoa, 大館智志, 新井智, 佐久間有希, 鈴木仁, 長田直樹

・背景

世界で4番目に大きい島であるマダガスカル島は、アフリカ大陸の東海岸から約300km離れた位置に存在しています。このマダガスカルに住む人々がどこからやってきたのかというのは長年議論されています。マダガスカル人は考古学・言語学・遺伝学の証拠から東南アジア(特にボルネオ島)と東アフリカの二重起源であることが現在では通説とされています。しかし、最初のヒトがいつマダガスカル島に辿り着いたのかは未だに明らかになっていません。考古学的証拠からは1,500–2,000年前には移住があったとされ、遺伝学的証拠からは1,000–3,000年前にボルネオ島から、700–1,500年前に東アフリカ沿岸からの移住があったとされています。さらに1,000年以上前からはアラビア商人が移住したという説も考えられています。

マダガスカル島には少なくとも23種類以上の齧歯類が生息していると考えられています。島内でもっとも繁殖している齧歯類はクマネズミ(*Rattus rattus*)ですが、その次に個体数が多いのがハツカネズミ(*Mus musculus*)です。マダガスカル島に生息するハツカネズミの亜種がどの亜種に属するのかというのは長年の間議論の余地がありました。形態の観点からは、マダガスカル個体は *Mus musculus domesticus* (DOM)と同様に尻尾の長さが頭と体を足した長さと同等であることから、DOM亜種であると考えられていました。ミドコンドリア(Cyt b, tRNAs, D-loop)の観点からは、マダガスカル個体は系統樹の基底部分に位置し最も古い系統である *Mus musculus gentilulus* (GEN)に属すると考えられ、マダガスカル個体とイエメン個体が同じクレードに属しています。マイクロサテライトDNA多型の観点からは、マダガスカル個体はケニア個体と同様に *Mus musculus castaneus* (CAS)に属することが示唆されています。以上のように、形態や限られた領域から得られた結果のみではマダガスカル島のハツカネズミがどのような遺伝的特徴を持っているかを明らかにするのは困難でした。

今回の研究ではマダガスカル内陸部にある首都アンタナナリボより採取されたハツカネズミ5個体の全ゲノム配列を決定し解析を行いました。その結果、マダガスカル島に生息するハツカネズミがどの亜種に属するのかを明らかにし、またこれらの個体のゲノム情報からヒトとの歴史的な関連性について考察を行いました。

・マダガスカル個体の亜種について

われわれの所持するハツカネズミのゲノムデータとマダガスカル個体を比較するために、まず探索的データ解析手法として主成分分析を行ないました（図1）。主成分分析の結果から、今回使用したマダガスカル個体はCAS亜種に属し、わずかながらDOM亜種の遺伝的成分を持っていることが示されました。このDOM亜種成分が流入している事に関してはPattersonの f_4 検定の結果からも示されました。遺伝距離を用いたゲノムの系統樹からもマダガスカル個体はCAS亜種クレードに属していることがわかり、PSMCを用いた過去の有効集団サイズ推移の推定からもCAS亜種と似た歴史をたどってきていることが示されました。

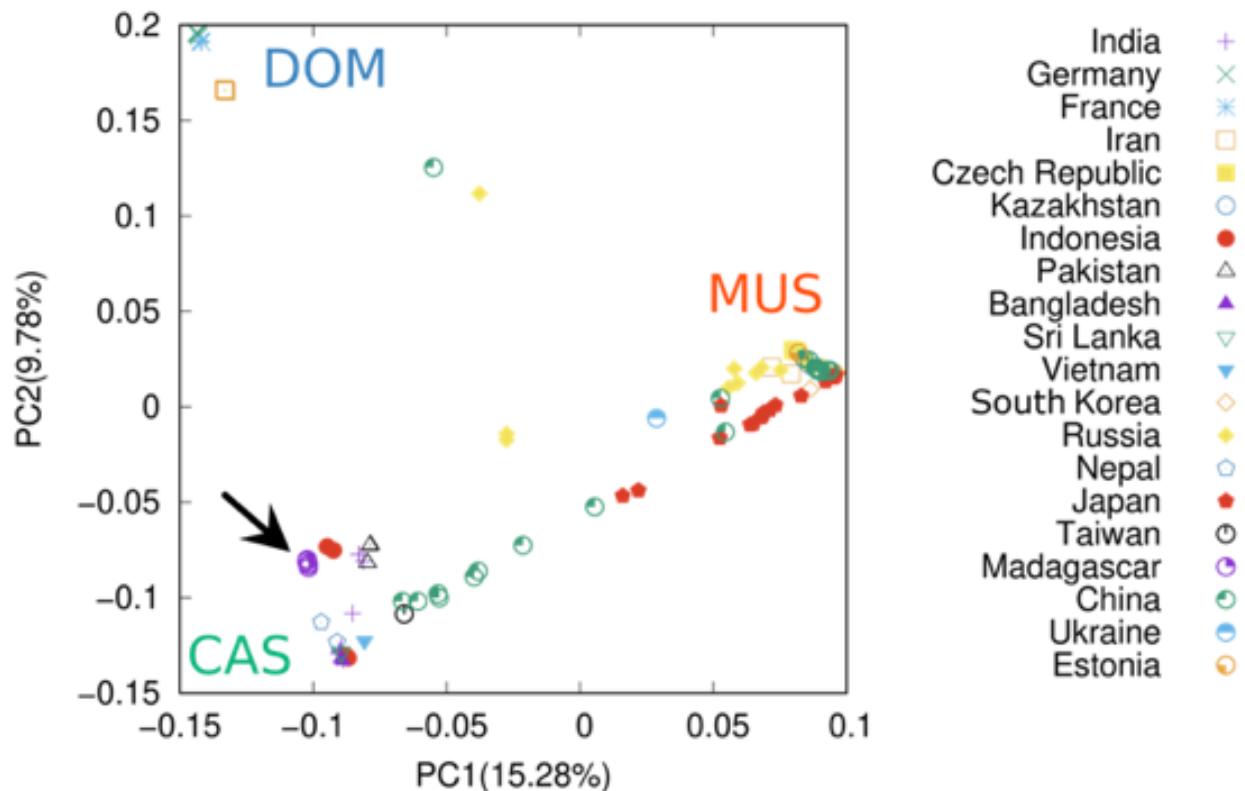


図1：主成分分析の結果（矢印はマダガスカル個体）

・分岐年代について

またPattersonのoutgroup f_3 検定（図2）を用いて、どこのCAS亜種個体と遺伝的に近いかを調べてみたところ、インド洋海岸寄りのサンプル全体が遺伝的に近縁であることが示唆されました。MSMCを用いた解析では、これらのサンプルとの分岐は約4,000年前であることが示されました。マダガスカル個体のみを用いて過去の有効集団サイズ推定を行ったところでは、約1,000–3,000年前に集団サイズの一時的な減少（ボトルネック）を経験していることも判明しました。さらに完全長のミトコンドリア配列を決定し、BEASTを用いた年代推定を行なったところ、マダガスカル個体のもっとも近い共通祖先までの時間が約3,000年前であるという推定値が示され、常染色体ゲノム解析の結果とも近い値が得られました。

・結論と今後の課題

今までマダガスカルのハツカネズミがどの亜種に属するかというには諸説ありましたが、少なくともゲノムの証拠からはCAS亜種のハツカネズミと近縁であるが、DOM亜種の遺伝的要素もわずかながら持ちあわせていることもわかりました。また、インド洋のサンプルとの分岐年代、

マダガスカル個体における過去のボトルネックの証拠、ミトコンドリアのもつとも近い共通祖先までの年代推定の結果から、3,000–4,000年前にハツカネズミがマダガスカル島に持ち込まれた可能性が示唆されました。この推定値は先行研究のオーストロネシア語族がボルネオ島から移住してきた年代の推定値に近いものを示しています。本研究ではマダガスカル人の起源の一つとされるボルネオ島のサンプルや、ミトコンドリアの起源とされるイエメンのサンプルが欠如しているため、今後の展望としてはそれらのサンプルが入手できれば、より高解像度にマダガスカル島のハツカネズミの起源とヒトの移動について研究できると考えています。

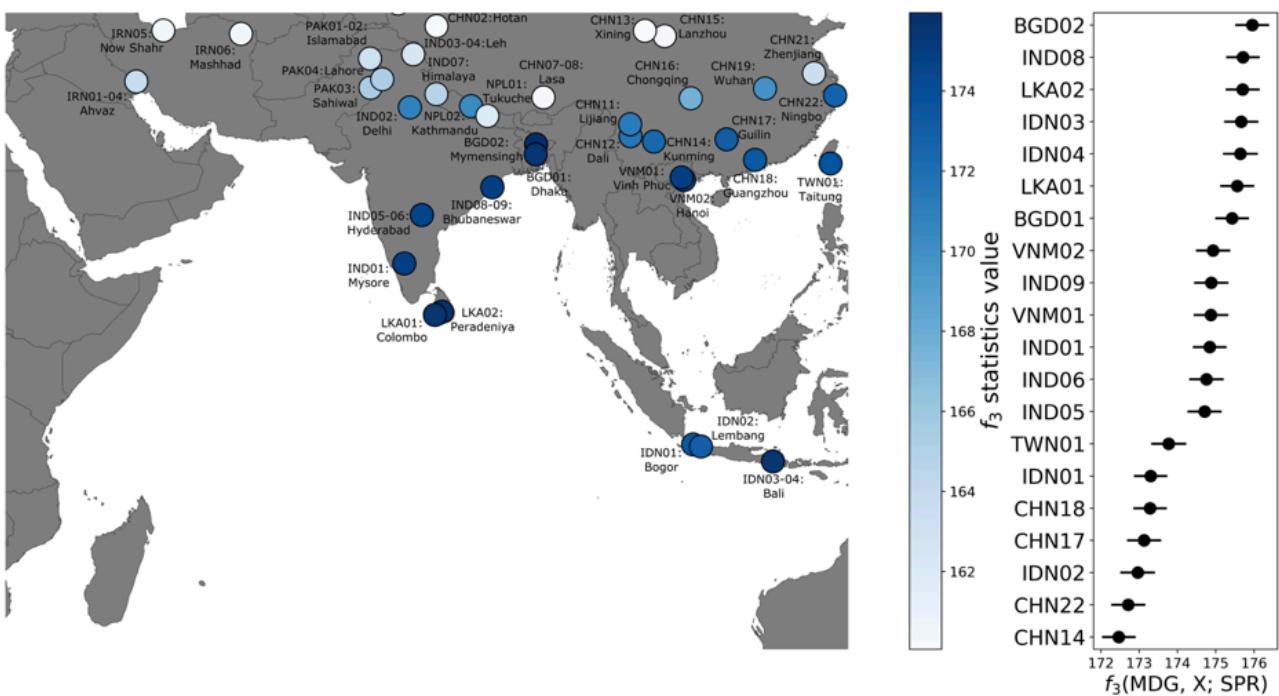


図2: f_3 統計によるマダガスカル個体との比較(青が濃いほど似ている)

総説紹介

「生体の科学 遺伝」の記事 「ゲノムから探るニホンオオカミと日本犬の歴史」の紹介

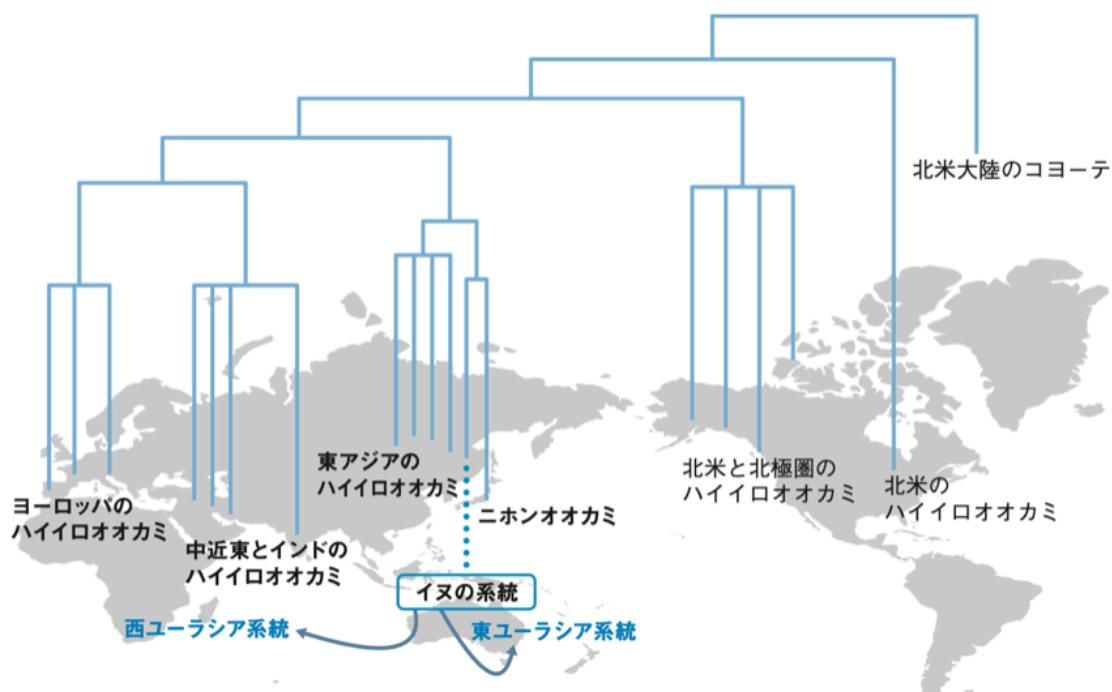
公募研究 総合研究大学院大学 寺井洋平

よくある質問として、犬派？猫派？と聞かれたことのある人は多いのではないでしょうか。二者択一で聞かれるということは半数の人の答えは「犬派」なのかもしれません。それだけ犬が好きな人は多いですが、さらにニホンオオカミが好きな人も多くいて驚きます。そのために一般の方々にも興味を持たれるので、ヤポネシアゲノムの公募班として行なったニホンオオカミと日本犬のゲノム解析の内容の執筆を「生物の科学 遺伝」から依頼されました。そしてこの記事は2022年8月号で出版されました。この号は「遺伝情報から見たイヌの世界 -進化・獣医療・社会との関わりま

で」とテーマとした特集号であり、私の担当はイヌの進化でした。

記事では、はじめに北米からユーラシアに広く分布するハイイロオオカミ(*Canis lupus*)の内部の系統関係を説明し、ハイイロオオカミの1亜種のイヌがニホンオオカミと近縁であることを示しています。この系統関係からイヌ系統の起源の推定もしています。次にイヌの系統の内部の関係を示し、東ユーラシアのイヌのゲノムにはニホンオオカミの祖先のゲノムが含まれていて、それがいつどのようにして含まれるようになったかを推定しています。最後にヤポネシアでのイヌの変遷と現在の日本犬の成立までを紹介しています。これまでのイヌの起源を推定した論文は、解析の理解が難解であったり結論が曖昧であったりしましたが、この記事を読むとハイイロオオカミからイヌへの進化の概要がつかめると思います。

この特集号はイヌ好きの人なら誰でも楽しめる内容だと思いますので、文頭の質問をされたときに「犬派！」と思った方は、ぜひ書店や通販で実際に読んでみることをお勧めします。この雑誌は一般向けですので記事の内容は一般の方々にもわかりやすいようにしています。そのため、専門の方々には少し物足りないかもしれません。



ハイイロオオカミ、ニホンオオカミ、イヌの系統関係と地理的関係



ニホンオオカミの頭骨 銃弾の跡が見られる

ソフトウェア紹介 14

マイクロサテライト多型検出のソフトウェア

藤本明洋（東京大学大学院 医学系研究科）
B03班 研究分担者

ヒトゲノムには、さまざまな種類の多型がある。もっとも数が多いのは、一塩基多型（SNP）で、この新学術のプロジェクトでも解析によく使われている。かつてSNPと並んで、集団解析によく使われていた多型が、単純な塩基の繰り返しのマイクロサテライトである（たとえば、AAAAAAやGCGCGCGCGCGCなど）。マイクロサテライトは、比較的不安定であり、長さを変える変異が生じやすい（たとえば、繰り返し数が10回から8回、10回から12回など）。また、1カ所（1座位）のマイクロサテライトにおいて、さまざまな長さの違いが存在しうる。このため、突然変異のパターンがA,T,G,Cの4通りに限られるSNPと比べ、1座位あたりの情報量が多い。この有用性により、マイクロサテライトは、さまざまな生物の遺伝解析で用いられていた。ヒトにおいても、マイクロサテライトはもっとも重要な遺伝マーカーであった¹。しかし、2008年くらいから、遺伝子アレイにより数十万～百万箇所のSNPの解析が可能となり、マイクロサテライトはほとんど使われなくなつた。現在では、マイクロサテライトの利用は、法医学や父子鑑定、がんの治療効果の予測などの一部の分野に限られている。

しかし近年、マイクロサテライトの多型は疾患リスクに影響する可能性も指摘され、次世代シーケンサーのデータを解析することで、ゲノムワイドなマイクロサテライトの研究が行なわれた。これまでに、我々のグループのものも含め、いくつかの解析手法が提案されている。

本稿では、我々が開発したMIVcall法を紹介する²。多型の検出においては、シークエンスのエラーと、本当に存在する多型の区別が必要である。マイクロサテライトは、シークエンスエラーが起こりやすいと予測され、エラーを考慮することが重要であると考えられた。特に、エラー率は、繰り返しのタイプ（Aの繰り返しか、GCの繰り返しかなどのタイプ）によっても異なつていると予想された。そこで、タイプ別に推定したエラー率を用いてマイクロサテライトの多型を検出する手法を開発し、MIVcall (Microsatellite variation caller) と名付けた³。

いくつかの先行研究で、マイクロサテライトを用いたヒトの集団構造解析が行なわれていた。しかし、解析されたマイクロサテライトが少数であることや、（おそらく）遺伝型判定の精度の問題のため、SNPと比べ、マイクロサテライトを用いた集団の分類はうまくいっていなかつた^{4,5}。我々は、MIVcall法を用いて、公開データ（SGDPプロジェクトやHGDPプロジェクトの世界各地の集団の969人）の解析を行なつた⁶。約800万カ所のマイクロサテライトを解析したところ、約75万カ所で遺伝的多様性が観察された。マイクロサテライトの多様性を用いて主成分分析を行なつたところ、全体ではSNPと同様の結果が得られ、マイクロサテライト多型検出の精度が高いことが示唆された。いくつかの集団では、マイクロサテライトとSNPで主成分分析の結果に違いが観察され、マイクロサテライトはSNPでは見つかれない集団構造を検出することもあるのではないかと考えられた。

現在、B03班の河合洋介先生たちと共同で、約9000人の日本人サンプルのマイクロサテライトの解析を行っている。大量サンプルの解析のために、プログラムを改良し4倍程度の高速化を行なつた。また、解析対象にするマイクロサテライトを当初の800万カ所から、遺伝的多様性が存在

した75万カ所に限ることで、解析に要する時間をさらに減少させた。この結果、1サンプルあたり、1CPUを用いて4時間程度でマイクロサテライトの検出が可能となった。すでに9000サンプルのマイクロサテライト多型の検出を終了し、集団構造の解析を開始している。マイクロサテライトの研究は、SNPと比べて数が少ない。ソフトウェア開発などにより、マイクロサテライトの解析は容易になりつつある。ほとんど顧みられていないマイクロサテライトの重要性が明らかになる（または、ほとんど重要でないことが明らかになる）日も近いのではないかと期待している。

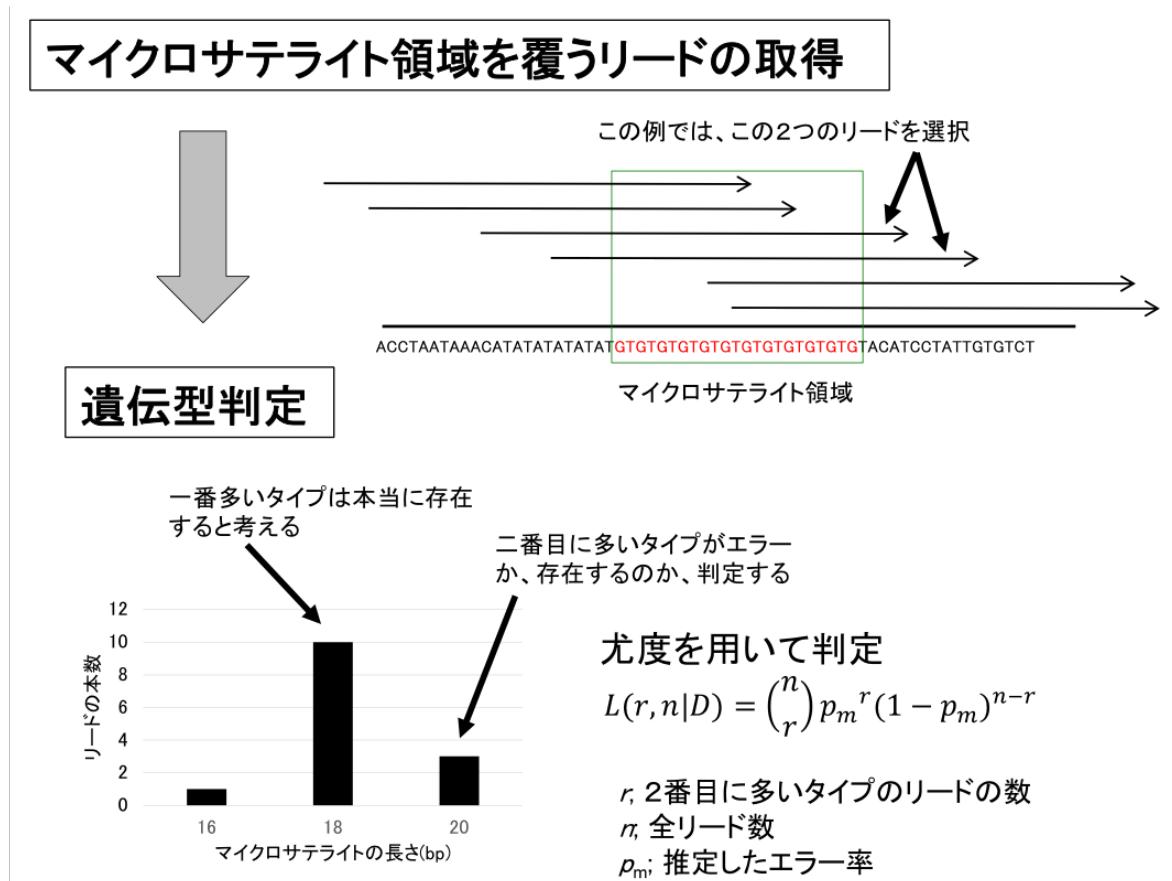


図1 MIVcall法の原理

マイクロサテライト領域を覆うリードを選択し、尤度を用いた遺伝型の判定を行う。

1. Rosenberg N. A., Pritchard J. K., Weber J. L. et al. (2002) Genetic structure of human populations. **Science** 298:2381–2385.
 2. Fujimoto A., Fujita M., Hasegawa T. et al. (2020) Comprehensive analysis of indels in whole-genome microsatellite regions and microsatellite instability across 21 cancer types. **Genome Research** 30:334–346.
 3. <https://github.com/afujimoto/MIVcall>
 4. Willem T., Gymrek M., Highnam G. et al. (2014) The landscape of human STR variation. **Genome Research** 24:1894–1904.
 5. Mallick S., Li H., Lipson M. et al. (2016) The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations. **Nature** 538:201–206.
 6. Gochi L., Kawai Y., and Fujimoto A. (2022) Comprehensive analysis of microsatellite polymorphisms in human populations. **Human Genetics** (in press).

遺跡めぐり

茨城県取手市 中妻貝塚

B01班研究分担者 山田康弘（東京都立大学・人文社会学部）

中妻貝塚は、茨城県取手市大字小文間字中妻に所在する、縄文時代後期を中心とした環状貝塚である。標高23mの台地上に立地し、周辺を侵食谷に囲まれている。貝塚の推定規模は直径が約150m、貝層の厚さは1~2mほどで、そのほとんどがヤマトシジミから構成されている。調査の歴史は古く1914年11月には東京人類学会の遠足会において、簡単な調査が行なわれ、1926年から翌年には大山史前学研究所によって調査が行なわれている。戦後すぐにも外国人研究者によって発掘が行なわれたが、これらの資料の行方は不明である。1972年および73年の調査では、土器や石器など大量の資料のほかに、縄文時代後期に属する埋葬人骨が2体出土している。

1992年の調査では、一つの土壙内に各部位がバラバラとなった多数合葬・複葬例が検出され、注目を集めている。多数合葬・複葬例は、主に縄文時代の後期前葉の時期に東京湾沿岸域を中心に分布が見られるものであるが、本例も後期前葉の事例であり、東京湾沿岸域の事例と同一の性格を持つものと考えられる。しかしながら本例は頭蓋だけで96個体分にもおよび、東京湾沿岸域の事例よりも規模的に大きく、一つの土壙内から出土した縄文人骨数としては日本最大の事例となっている。これまでにも考古学的、人類学的な検討が行われており、複数の家系が含まれる事例とされてきたが、今後特にゲノム分野における分析が期待される事例である。



中妻貝塚A土壙における多数合葬・複葬例の出土状況

動植物ゲノム紹介

Vigna属野生種

坂井寛章（農研機構・高度分析研究センター）

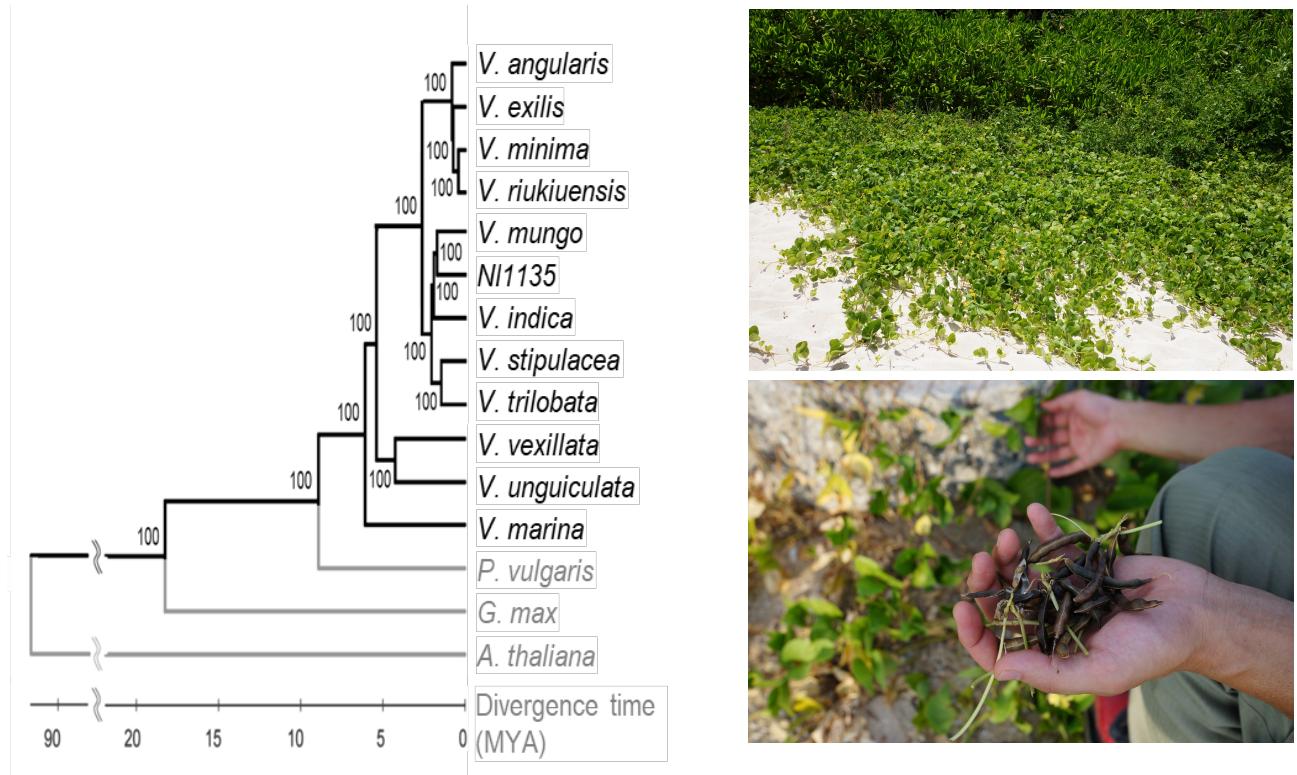
ヤポネシアゲノムプロジェクトでは、農研機構の内藤健上級研究員（以下「内藤さん」）がアズキの栽培化起源に迫る研究を進めているが、ここではアズキの仲間、といつても食用の豆ではなく、野生種について紹介したい。アズキ (*Vigna angularis*) はVigna属に分類される植物であり、同じ属には他にササゲやリヨクトウといった食用の豆科作物が存在するが、それ以外にも100を超える野生種が確認されている。そして、*Vigna*属の大きな特徴は、それら野生種の中に、塩害、酸性・アルカリ性土壤、乾燥、湿害、病虫害といった様々なストレス環境に適応したものが数多く存在することである。たとえば*V. marina*という種はその名の通り海辺に生息する野生種で（図右）、海水と同程度の塩水でも育つことができる。

また*V. stipulacea*という野生種は、アズキが虫に食われてぼろぼろになってしまうような環境でも、まったく虫に食われることがない。もしこれら野生種の環境適応メカニズムを解明することができれば、劣悪な環境でも育つ作物を開発し、世界の食糧問題を改善することも夢ではない。そこで、*Vigna*属野生種の研究を加速するために、筆者は内藤さんらとともに10種の野生種の全ゲノム解読を実施し、今年2月にデータを公開した[1][2]。そして本データを活用した研究成果も既に出始めている。たとえば先述の虫に食われない*V. stipulacea*では、種子の発芽率の向上に寄与する遺伝子が同定された[3]。この成果を応用することで、*V. stipulacea*を農薬がいらない育てやすい作物として利用することができるようになるかもしれない。これは、野生種のストレス耐性を作物に応用するのではなく、野生種そのものを作物として利用できるように改良しようという逆転の発想である。また現在特に力が入れられているのは、塩ストレス耐性の解明であり、内藤さんが精力的に研究を進めている。

我々は、先に紹介した*V. marina*の他に、*V. riukiuensis*という耐塩性野生種のゲノムを解読した。*V. marina*は種子が海流によって散布されることから、世界各地の主に熱帯地域の海岸に生息しており、*Vigna*属の中ではアズキとは遠縁であるが（図左）、日本でも沖縄県内各地の海岸で見ることができる。*V. riukiuensis*は比較的アズキと近縁の野生種で（図左）、その名の通り沖縄の海岸からやや内陸に入った平地などに自生している。筆者は2014年の夏に一度だけ、内藤さんらの沖縄での遺伝資源収集（種子の採集）に同行させてもらったことがあるが、遺伝的に遠縁の関係にある*V. marina*と*V. riukiuensis*が隣接した場所に生息している光景が非常に印象的で、今でもよく覚えている。

さて、*Vigna*属野生種の耐塩性メカニズムの解明のために、内藤さんは*V. marina*と*V. riukiuensis*に加えて、*V. nakashimae*というこれも日本に自生している野生種を合わせた3種に特に注目している。なぜわざわざ3種を研究しているのかというと、それぞれの種がどうもまったく異なったメカニズムで塩ストレス環境に適応しているらしいからである。そしてこれら3つの耐塩性メカニズムを組み合わせれば、海水で育つ作物を作り出すことも不可能ではないというのが、内藤さんの考え方である。今、ゲノム解読の成果も活用されながら、3種の耐塩性メカニズムの一端が解明されてきているところであるが、詳細については内藤さんらの発表を楽しみに待ちたい。

最後に、3つの耐塩性野生種はいずれも日本に古くから生息していたはずであるのに、アズキの祖先種だけが食料として利用されたのはなぜだろうか？内藤さんによると、沖縄ではそもそも農耕が行なわれておらず、主に海産物を食料源としていたからではないか、そして、およそ3000年前の九州の遺跡からアズキの化石が見つかっていることから、農耕が広まった頃にはすでにアズキが利用されていたのだろう、ということであった。そんな、食料として利用される機会はなかった野生種たちが、今では世界の食糧問題の解決に一役買うかもしれない存在として注目されている。今後の研究の進展に乞うご期待、である。



*Vigna*属の系統樹（左） ([1]から改編) と、*V. marina*の群落（右上）および莢（右下）（2014年夏に沖縄にて筆者撮影）

参考文献

- [1] Naito K. et al. Genome sequence of 12 *Vigna* species as a knowledge base of stress tolerance and resistance. **bioRxiv** <https://doi.org/10.1101/2022.03.28.486085>
- [2] Sakai H. et al. (2016) The *Vigna* Genome Server, 'VigGS': a genomic knowledge base of the genus *Vigna* based on high quality, annotated genome sequence of the azuki bean, *Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi. **Plant and Cell Physiology** 57(1):e2
- [3] Takahashi Y. et al. (2019) Domesticating *Vigna Stipulacea*: A Potential Legume Crop With Broad Resistance to Biotic Stresses. **Frontiers in Plant Science** 10:1607

ことばめぐり

言語学は何ができるのか？

風間伸次郎（東京外国語大学；B02班研究分担者）

なぜか私に二度目の「ことばめぐり」がめぐってきた。「もっと若い人にはりきって書いてもらつたらいいのでは？、なぜだろう？、何かオレに書いてほしい特別な理由があるのかな？」と思ひ、斎藤先生にメールしたらすぐ返事が来た：「理由はないです、何でもいいです」。

さてヤポネシアゲノムももう最終年度である。そこでこの「ことばめぐり」の主旨からはちょっとはずれるかもしれないが、上記のタイトルで書いてみます、ごめんなさい。

さらに申し訳ないが、いきなり宣伝です。8月にこの本、出ました。684ページ、税込み5,500円です。中身について詳しくは <https://dictionary.sanseido-publ.co.jp/wordpress/wp-content/themes/dictionaryandbeyond/pdf/ssd36504.pdf> を御覧ください。



去年の言語学会のワークショップでやった「八丈型基層言語と日本語の重層性」は最後に第21章として収録されています。ドイツまで行ってM. ロベーツにダメ出しもしたし、上記のワークショップもやったし、それを活字にもしたし、私としては、ヤポネシアゲノムでやれるだけのことはやったかな、と思うけれど、日本人の起源の解明に貢献したか？、と言われば何もしていないと答えざるを得ないだろう。上記の本も、言語学以外の分野の人に「おもしろいから、この本

買って!!」とはとても気安く言えるものではない。言語学って、他の学間に比べると、サッカーに対する野球みたいなもんだな、と思う。道具立てが多くて、ルールが複雑なので、なかなか読んでパッと理解していただけるようにはできていないのだ、残念だけど…（言い訳か!?）

一方、私の方はこの科研に参加して大変勉強になった。ゲノム研究者をはじめとする方々の発表で、「ウリチ、ニブフ、チュクチ、ブリヤート、、、」など私にとってはおなじみだが、一般の人があまり知らないような民族名・言語名がポンポン出てくるのはうれしかった。一方でそうした研究者の方々はそれらの人々に会ったこともなく、その言語の単語の一つも知らないのだろうな、と思うと少し寂しかった。

最初、この科研に参加した時からこの分野における言語学の貢献の可能性については疑問を感じていた。文献や記録がない限り、過去の言語のことは知りようがなく、日本語については古事記・日本書紀・万葉集の時代（8世紀）以前のことは基本的にわかりようがないのだ。卑弥呼や古墳時代の言語はもちろん、縄文などとなればもうお手上げである。もちろん周囲論的分布や内的再建、というものはある。基本的に無文字言語で、現在の諸方言のデータしかないツングース諸語を専門にしている私は、内的再建に頼らざるを得ない面が多々ある。しかし日本語とアルタイ諸言語の関係、のような巨視的なレベルでこの手法を使うことはまずもって無理だ。

ただ万葉集には東歌・防人の歌というものがあり、方言差の記録もある。しかも現代もなおその特徴を維持している方言がある。そこで何とかならないだろうかと、去年の言語学会のワークショップのためにいろいろ勉強してみた。そうしているうちに、言語学・日本語学側の問題点（偏見?）や視野の狭さというものにいろいろと気がつくようになった。そしてそれに対してごく最近、これまでの殻を破った核心的な研究も現われてきた。このことについて以下に4つの問題点に分けて記す。

1. 今ある国や地域、県境などに捉われてはいけない。人はずっと動かないわけではない。

学生と話していると、中国には中国語、ロシア語にはロシア語、韓国には韓国語だけが話されていて、過去にもずっとそうだったと思っている者がたくさんいる。方言も同様で、彼らは最初はもう日本全国ほとんど標準語なんだと思っていた、そこで青森や鹿児島の方言を紹介すると、今度は47都道府県に47の違った方言があると思い込んでしまう。しかし学生たちのことを笑うことはできない。蝦夷征伐の時代、（アイヌだったのかもしれないが）蝦夷の人々とは通訳が必要だったのに、百濟とのやりとりは全く通訳不要だった。白村江以前、朝廷にとって朝鮮半島は取り返すべき本拠地で、他方東国は全くの異国の世界だった。そういうことを考慮に入れていない日本語研究者の方がほとんどであると思う。

開拓民による北海道の歴史を考えてみればわかるが、現在の東北地方にも開拓民や中央から派遣された支配者の層の「流入」があり、都からプレステージのある言語がもたらされたのだ。山口幸洋氏は、無アクセントの話し手が段階的に有アクセントの言語を獲得してきたと考えた。もちろんそれもあっただろうが、一方で人間の移動や流入があったはずだ。XX県の人はずっと昔からXX県に住んできた人々だけで構成されているわけではないだろう。フランスにはローマ人が攻め入ってその言語が姿を変えて定着したが、先住民のバスクは今でもピレネー山脈にいるし、別の先住民のケルト語の特徴はフランス語に下層言語の特徴として残っている。日本語の古層を考えるのであれば八丈島や秋山郷、静岡県大井川上流などに目を向ける必要があるし、そこに新しい支配勢力が流入した可能性を考える必要があるだろう。

2. 水田適地も現在と同じではない。

私も勉強してみるまでは、現在と同じように大河川の河口には広い土地があって、山国の中間に

あってはもっぱらそこで大昔から稻が育てられてきたんだと思っていた。しかし大河川の河口の平野はかつては治水がままならず氾濫すればすぐ水浸しになり、大湿地帯も多かったという。さらに富士や阿蘇は噴火していたし、火山による黒ボク土は稻作に適さなかつたんだという。決して現在の水田地帯すべてに弥生人が広がって今と同じように稻作をしていたとは言えないのだ。

3. 平安時代なんて、決して大昔ではない。

これまでの日本語アクセント研究では、平安時代の類聚妙義抄（11c-12c?）に記されているかなり複雑な体系のアクセントに近いものが祖体系であると考えられてきた。これには「理由なく分裂することは比較言語学の方法論上、慎まなければならない、だから複雑な体系こそ祖体系で、だんだん簡単になり、無アクセントは「なれの果て」である」という金田一春彦先生以来の考えが金科玉条のようにみなされてきた。一方で文献のない時代の日本語の起源について、南方の言語（オーストロネシア）に北方のアルタイ系が被さったんだとか、インドのタミル語が関係あるとか、眉唾な説を怪しげな音対応で説明する者がいろいろあって、多くの日本語研究者は文献以前の日本語に心を閉ざしてしまったようだ。それでもっとも古いアクセントの記録（の一つ）である類聚妙義抄の体系がより神聖視されたようにも思う。

しかし考古学者やゲノムの研究者が縄文や石器時代を当たり前に扱うのを見ていると、「平安時代なんてつい最近じゃん！」という気になる。先の玉条も「理由なく」と言うところが大事で、「理由」があればいいのである。世界の言語では何らかの理由／条件によって声調が分裂／発生したという、いわゆる「声調発生論」によって、現在ある声調の起源が歴史的に説明されている例は枚挙にいとまがない。日本語ではただその理由／条件がこれまで発見されたことがなかつただけなのだ（Vovinさんとか、提案した人はいたがうまくいかなかったのだ）。

ところがつい最近（今年の春の言語学会のワークショップ3で）、すばらしい発表があった。五十嵐陽介氏の「2音節名詞第4/5類に対応する琉球祖語B類は革新であるとする仮説」である。これは本土と琉球で異なるアクセント類に分けられている諸語群について、それぞれの語群への分裂が①狭母音か非狭母音か、②かつて複合語であったか否か、という条件によって説明できることを提案したものである。つまりは日本語アクセントにおける声調発生論がついに登場したのだ!! したがって祖体系はもっと簡単なものになる可能性が出てきた。

4. 「アクセントだけ」を研究していてもダメだ！

他の学問分野も多かれ少なかれ同じかもしれないが、言語学はますます細分化していく、扱う言語の違いよりも方法論の違いの方が大きな距離を感じるほどになっている。そして、ある一言語しか扱わない、とか、文法、それも受身しかやらないとか、音声、それもアクセントしかやらないとか、そういう研究者も多い。いわゆる蛸壺状態だ。しかし上記の五十嵐さんによるような研究成果はアクセントと共に子音や母音の配列や、語構成、琉球諸言語と本土諸方言の音対応などを総合的に考察していないと到達することはできない。日本語学は寺村秀夫の出現で1970年代に活用重視の国語学から脱皮し、最近は琉球諸方言の「体系的」研究の進展などによって再び新たなステージを迎えるようとしているように見える（、だといいんだけど）。

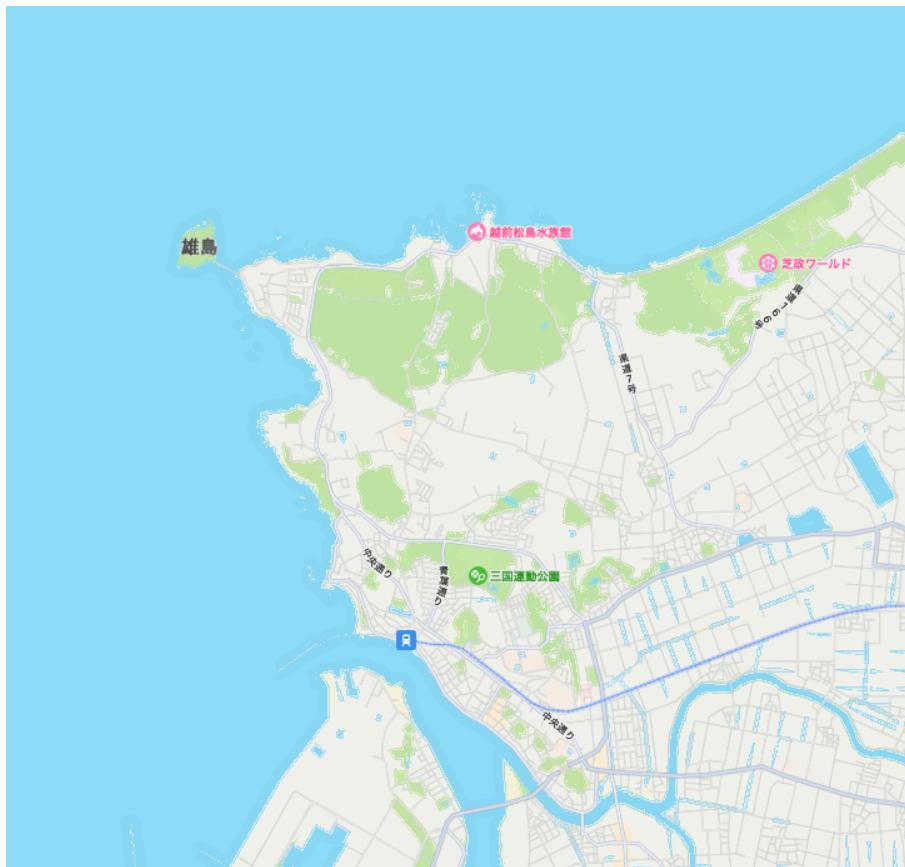
私自身も偏見で曇ってしまっている眼拭って、今後もう少しましな成果をお見せできるように精進したいと思っております。ゲノムをはじめとする他の研究分野の方々の期待に応えるには、まだまだはるかに遠い道のりですが、どうか温かく見守ってやってください。私は言語学の力を信じています、だって言語学を深く愛してしまったんですもの。

しまめぐり

雄島

斎藤成也

雄島（おしま）は、福井県の名勝「東尋坊」の北西に位置する小島です。本土との距離はわずか200メートルほど。雄島橋という人が歩くだけの橋でつながっています。島を一周するのも1kmほどだけです。島内には大湊（おおみなと）神社があります。祭られている神々は、ことしろぬしのみこと、すくなびこのみこと、あまたらすおおみかみ、いざなぎのみこと、いざなみのみこと、そして応神天皇と、絢爛豪華です（福井県神社庁のホームページより）。特に最初のふたりは出雲神話に登場しますから、この雄島を含む越前が出雲と日本海を通じて太古の時代から交流のあったことがわかります。



わたしは若い時からこの雄島が好きでした。島内はうつそうとした木々に覆われており、神秘的な感じがします。実際に、この島はパワースポットとして有名だとか。きっと、デートスポットにもなっているのではないでしょうか。

ちなみに、百人一首のひとつ「見せばやな 雄島のあまの袖だにも 濡れにぞ濡れし 色はかはらず」に登場する「雄島」（をじま）は、松島の雄島のことであり、陸奥国（現在の青森県、岩手県、宮城県、福島県と秋田県北東部を含む）の歌枕だそうです。

わたしの好きなヤポネシアのうた

斎藤 成也

(領域代表 国立遺伝学研究所)

めぐりあいて みしやそれとも わかぬまに
くもがくれにし よわのつきかな

この和歌は、百人一首にも入っているので、ご存じの方も多いでしょう。紫式部の作とされています。漢字交じりにすると、「巡り会いて 見しやそれともわかぬ間に 雲隠れにし 夜半の月かな」となります。昔は、めぐりあった相手が夫だと習ったのですが、最近は、幼なじみの女友達ということになっているそうです。私は、やはり源氏物語の作者らしく、男女の恋を歌った歌だと思いたいのですが。あるいは幼なじみの男友達なのではないかと思ったりします。なお、最初の句「めぐりあいて」は6文字なので、字余りです。

百人一首に出会ったのは、小学校5年生のころでした。友達の家に遊びに行ったら、百人一首で遊ぶということになったのです。歌を作った人のなかで、名前を知っていたのは、紫式部ぐらいでした。このため、この歌は百人一首のなかで、最初に憶えた歌のひとつです。また、下の句がすべて平仮名で書いてある札が畳の上にばらまかれ、歌が読まれると、上の句の最初のほうでどの下の句が対応するかをきちんと憶えている人が、正しい札をとるというゲームです。小学6年生の時にはすっかり百人一首が好きになり、子供の大会にも出たことがあります。もう50年以上前のことです。

現在の日本でも、百人一首は人気があるのでしょうか？ そう思って検索したら、競技かるたを題材とした「ちはやふる」という少女漫画が、2008年から今年まである雑誌に連載されていたことを知りました。すると、現代でも百人一首の人気はすたれていない、ということなのでしょう。

百人一首のなかで私がいちばん好きな歌は、実は紫式部のこの作品ではなく、権中納言敦忠の「逢い見ての 後のこころにくらぶれば 昔はものを おもはざりけり」です。ませた男の子でした。

ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー

★2022年度(第5年度；最終年度)

2022年11月26-27日 九州大学伊都キャンパスで九州考古学会開催(B01班メンバーが発表)

2022年11月28日 熊本県庁にて熊本大学医学部所蔵人骨のDNA分析結果の報告(B01班)

2023年1月21-22日 米子市内にてB01班の班会議

2023年2月17-19日 沖縄・那覇市内で総括班会議・全体会議(領域代表者の斎藤成也が主催)

2023年3月1-3日 くにうみミーティング

=====

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 斎藤成也研究室

〒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4巻なつ号

発行：2022年9月27日 印刷：2022年10月5日

人名索引	Hasegawa T. 11	九州考古学会 20	総合研究大学院大	東アフリカ 6	BEAST 7
あまでらすおおみ	Highnam G. 11	九州大学 20	学 8	非狭母音 17	CDPG 3
かみ 18	Kawai Y. 11	くにうみミーティ	祖体系 17	微生物 3	Center for Demographic and Population Genetics 3
新井智 6	Li H. 11	ング 20	ソフトウェ	ヒトゲノム 10	Canis lupus 9
いざなぎのみこと	Lipson M. 11	クマネズミ 6	ア 10,11	非同義置換 3	CAS 6
18	Mallick S. 11	熊本県庁 20	大陸書房 5	卑弥呼 16	CAS亜種 7
五十嵐陽介 17	Marie C.	ナイトゲノム 20	タミル語 17	百人一首 18	DDBJ 3
池田次郎 5	Ranorosoa 6	縹り返しのタイプ	ちはやふる 18	百済 16	DOM 6
井上章一 2	Rosenberg N. A. 11	10	チュクチ 16	ヒューストン 3	DOM亜種 7
今西規 3	Sakai H. 14	クレード 7	中公新書 4	標準語 16	f 3統計 8
遠藤光暉 20	Takahashi Y. 14	黒ボク土 17	ツングース諸	平仮名 18	f4検定 7
応神天皇 18	Vovin A. 17	群落 14	語 16	ピレネー山脈 16	GEN 6
大館智志 6	Weber J. L. 11	系統樹 14	データスポット	福井県 18	H-Inv DB 3
長田俊樹 2,6,20	Willemse T. 11	齧歯類 6	ト 18	福井県神社庁 18	HGDPプロジェクト
風間伸次郎 1,2,15	事項索引	ケニア 6	テキサス大	複合語 17	ト 10
加藤晋平 5	アイヌ 16	ゲノム 17	学 3	複雑 12	HIVウイルス 3
河合洋介 10	秋山郷 16	ゲノム解説 13	頭蓋 12	父子鑑定 10	KAUST 3
木下尚子 20	アクセント 17	ケルト語 16	東京外国语大	富士 17	MaOI 機構 3
木部暢子 20	朝日選書 5	源氏物語 18	学 14	フランス 16	Marine Open Innovation 3
木村資生 3	アズキ 13,14	言語 17	東京人類学	ブリヤート 16	Microsatellite variation caller 10
金田一春彦 17	東歌 16	公益信託進化学振	会 12	文化人類学 4	MIVcall法 1,2,10
グロート 5	阿蘇 17	興木村資生基金 3	東京湾沿岸	分子進化学 3	MSMC 7
ことしづぬしのみ	アズドラ王立科学	紅海 3	域 12	文法 17	Mus musculus 6
こと 18	技術大学 3	合葬 12	東尋坊 18	平安時代 17	Mus musculus castaneus 6
五條堀孝 1,2,3	アラビア商	講談社現代新書 5	東南アジア 6	法医学 10	Mus musculus domesticus 6
五條堀淳 2,3	人 6	国立遺伝学研究所	土壤 12	方言差 16	Mus musculus gentilulus 6
後藤守一 5	アルタイ系 17	3	内的再建 16	北海道 16	NHKブックス 5
小山修三 5	アルタイ諸言	古事記 16	中妻貝塚 1,2,12	ボトルネット 7,8	outgroup f3検定 7
権中納言敦忠 19	語 16	古墳時代 16	ナノ・ライフ創新	ボルネオ島 6,8	PHP二十一世紀図書館 5
斎藤成也	アンタナナリ	サウジアラビア 3	研究機構 3	マイクロサテライ	PSMC 7
1,2,4,15,18,19,20	ボ 6	防人の歌 16	那覇市 20	ト 10,11	Rattus rattus 6
坂井寛章 1,2	イエメン 6,8	ササゲ 13	二重構成モデル 5	マイクロサテライ	SGDPプロジェクト 10
坂井寛章 13	出雲神話 18	サッカー 16	ニブフ 16	トDNA多型 6	SNP 10,11
坂野徹 1,2,4	一塙基多型 10	三省堂 14	ニホンオオカミ	ト多型 10	V. marina 13,14
佐久間有希 6	遺伝学普及会 3	字余り 18	2,8	埋葬人骨 12	V. nakashimae 13
佐々木高明 5	遺伝距離 7	シーケンス 10	日本DNAデータバ	マウスゲノム 2	V. riukiuensis 13
佐原真 5	遺伝情報分析研究	シーケンスエ	ンク 3	マダガスカル 8	V. stipulacea 13
篠田謙一 20	室 3	ラー 10	日本遺伝学会大会	マダガスカル島 3	Vigna angularis 13
神武天皇 5	伊都キャンパス 20	紫綬褒章 3	日本語 17	マイクロサテライ	Vigna属 13,14
すくなびこのみこ	犬派 8	静岡県 16	研究 17	埋葬人骨 12	
と 18	岩波新書 5	自然人類学 5	日本語の類型 14	マウスゲノム 2	
鈴木尚 5,6,20	インド洋 7	集英社 5	日本書紀 16	マダガスカル 8	
寺井洋平 1,2	受身 17	周囲論の分布 16	日本人の成り立ち	マダガスカル島 3	
寺井洋平 8	歌枕 18	集団遺伝研究部門	5	無文字言語 16	
寺田和夫 5	ウリチ 16	3	日本人起源論 4,5	メタゲノム 3	
寺村秀夫 17	蝦夷 16	銃弾 9	日本進化学会 3	野球 16	
内藤健 13	エラー率 10,11	主成分分析 7,10	日本の人類学 5	野生アズキ 1,2	
根井正利 3	遠足会 12	少女漫画 18	日本の先史時	野生種 13	
埴原和郎 2,5	オーストロネシア	常染色体 7	代 4	ヤマトシジミ 12	
濱砂貴代 20	17	縄文時代 4	猫派 8	弥生時代 4	
樋口隆康 5	オーストロネシア	縄文時代後期 12	農研機構 13	弥生人 4,17	
藤尾慎一郎 4,20	語族 8	縄文人 4	ハイイロオオカミ	有効集団サイズ 7	
藤本明洋 1,2,10	大井川上流 16	進化遺伝研究部門	9	尤度 11	
藤原一道 1,2,6	大湊神社 18	3	バクテリア 3	羊頭狗肉 4	
松本秀雄 5	大山史前学研究所	人種 4	白村江 16	米子市 20	
丸山毅夫 3	12	人文書院 5	バスク 16	リード 11	
水口昌子 20	沖縄 13,14	水田 16	八丈型基層言語 14	リョクトウ 13	
紫式部 1,2	幼なじみ 18	駿河湾 3	狭母音 17	琉球祖語B類 17	
森島啓子 5	雄島 1,2,18	生体の科学 遺伝 8	先住民 16	琉球諸方言 17	
山口幸洋 16	雄島橋 18	声調 17	ハツカネズミ	類聚妙義抄 17	
山口敏 5	改新 17	声調発生論 17	全体会議 20	ローマ人 16	
山田康弘 1,2,12	海水 13	狭母音 17	6,7,8	早稲田大学 3	
ロバーツ 15	科学史家 5	先住民 16	発芽率 13		
Fujimoto A. 11	火山 17	総括班会議 20	パワースポット 18		
Fujita M. 11	活用 17				
Gochi L. 11	環状貝塚 12				

新学術領域ヤポネシアゲノム
季刊誌
第4巻なつ号
2022年9月発行