

新学術領域研究
ヤポネシアゲノム 季刊誌

第1巻なつ号
2019年9月



Yaponesian

Volume 1 なつ号

2019年9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（国立遺伝学研究所）	2頁
リレーエッセイ：日本語の起源について-ヤポネシアゲノムプロジェクトに期待するもの 田窪行則（国立国語研究所 所長）	3頁
論文紹介：ユーラシアにおけるマウス亜種の拡散 鈴木仁（北海道大学 A03班）	4-6頁
自著紹介：『新版日本人になった祖先たち』NHKブックス（2019）篠田謙一（国立科学博物館 A02班）	7-8頁
自著紹介：『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（2019）長田直樹（北海道大学 B03班）	8頁
日本遺伝学会年会にてヤポネシアゲノムのシンポジウムを開催 斎藤成也（領域代表）	9頁
ヤポネシアゲノム 第2回公開講演会（9月15日、福井市）のお知らせ 総括班	9頁
プログラム決定：ヤポネシアゲノムくにうみミーティング くにうみミーティング実行委員会	10頁
全体会議（5月11日国立科学博物館）の報告 篠田謙一（国立科学博物館 A02班）	11頁
第27回国際中国語学会プレワークショップ（5月9日神戸市）の報告 遠藤光暉（青山学院大学 B02班）	12頁
第1回ヤポネシア札幌国際セミナー（6月5日北海道大学）の報告 鈴木仁（北海道大学 A03班）	13頁
動植物ゲノム紹介：ヒョウタン 遠藤俊徳（北海道大学 A03班）	14頁
ソフトウェア紹介2：BWA 藤本明洋（東京大学 B03班）	15-16頁
研究室めぐり：麻生玲子（国立国語研究所 B04班）	17頁
遺跡めぐり：香川県高松市・高松茶臼山古墳 清家章（岡山大学 B01班）	18頁
ことばめぐり：風と船と酒と 風間伸次郎（東京外国語大学 B02班）	19頁
しまめぐり：淡路島 中澤光平（国立国語研究所 B04班）	20頁
タモリ俱楽部に出演して 木部暢子（国立国語研究所 B02班）	21頁
わたしの好きなヤポネシアのうた 木下尚子（熊本大学 B01班）	22頁
ヤポネシアゲノム座談会～ヒトゲノムをめぐって～ 太田博樹・長田直樹・河合洋介・神澤秀明・木村亮介・斎藤成也・藤本明洋・松波雅俊ほか	22-28頁
ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー・編集部だより	29頁
人名索引・事項索引	30頁

表紙カバーの図の説明：動植物の名（写真提供者）

左上：ジョウモンアズキ（左）とアズキ（右）（内藤健）

右上：ダイコン野生種のハマダイコン（花田耕介）

左中：ニホンオオカミ（石黒直隆）

右中：イネ（伊藤剛）

左下：ヒグマ（増田隆一）

右下：アワ原種のエノコログサ（里村和宏）

右下インセット左：ヒョウタンの種（遠藤俊徳）

右下インセット右：マウス（鈴木仁）



新学術領域研究
ヤポネシアゲノム

領域代表からのメッセージ

斎藤成也 領域代表

新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」(正式名：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)は、今年の7月から実質的な2年目にはいりました。昨年度に、計画研究6班と総括班だけではじまりましたが（ゼロ号をご覧ください）、今年度と来年度の2年間、公募研究A04班が11名、公募研究B04班が6名、合計17名が参加します（はる号をご覧ください）。また、以下のウェブホームページやツイッターから、新しい情報を提供していますので、ぜひご覧ください。

◎領域ウェブホームページ：<http://www.yaponesian.jp>

◎領域ツイッター：<https://twitter.com/hjjcEU7wFHUBIAM>

今回のリレーエッセイ（本号3頁）は、国立国語研究所の田窪行則所長に寄稿していただきました。

新学術領域のA03班は、ヤポネシアに生息するさまざまな動植物のゲノム解析を進めています。本号の表紙は、これらのうち8種類の生物の写真です。また本号4-6頁では、A03班の研究代表者である鈴木仁（北海道大学）が長年研究しているマウスのヤポネシアへの移動について、ミトコンドリアDNAを用いた解析結果を報告しています。

今年になって班員が刊行した2冊の自著紹介を、篠田謙一（A02班研究代表者；国立科学博物館）と長田直樹（B03班研究代表者；北海道大学）が、本号7-8頁で紹介しています。

2019年9月11日(水)の午後に、福井大学本部キャンパスで開催される日本遺伝学会年会において、本新学術領域研究のメンバー5名によるシンポジウムを開催します。くわしくは本号9頁をご覧ください。また2019年9月15日(日)には、福井駅前のアオッサにて、4名の講演者による第2回公開講演会を開催します（本号9頁をご覧ください）。

2019年9月24～25日には、淡路島で「第1回くにうみミーティング」を開催します（本号10頁を参照）。このほか、一般の方に聴講していただける講演会を、ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー（本号29頁を参照）にリストしてあります。

2019年5月11日に、上野の国立科学博物館にて、本年度第Ⅰ回の全体会議を開催しました。懇親会でのハプニングを含めて、報告を篠田謙一が本号11頁でおこないました。また、2019年5月9日に神戸で開催された国際中国語学会サテライトワークショップについて、B02班研究代表者の遠藤光暉（青山学院大学）が、2019年6月5日に北海道大学で開催された第1回ヤポネシア札幌国際セミナーについて、A03班研究代表者の鈴木仁（北海道大学）が、本号12頁と13頁でそれぞれ報告をおこないました。

今回の動植物ゲノム紹介は、A03班研究分担者の遠藤俊徳（北海道大学）がヒョウタンをとりあげました（本号14頁をご覧ください）。ヒョウタンのゲノム配列をもとにした論文の発表が期待されます。ソフトウェア紹介2は、B03班研究分担者の藤本明洋（2019年7月より京都大学医学部准教授から東京大学医学部教授に異動）が、本号15-16頁でBWAについて説明しています。

めぐりシリーズ（本号17-20頁）は、研究室めぐりを国立国語研究所の麻生玲子（公募研究B04班研究代表者）が方言スイッチの搜索を、遺跡めぐりを岡山大学文学部の清家章（B01班研究分担者）が香川県高松市・高松茶臼山古墳について紹介しています。ことばめぐりは、東京外国语大学の風間伸次郎（B02班研究分担者）が「風と船と酒と」と題して、重要な問題を軽妙に論じています。ヤポネシアゲノムプロジェクトの風の又三郎というところでしょうか。しまめぐりは、9月に「第1回くにうみミーティング」が開催される淡路島を、国立国語研究所の中澤光平（公募研究B04班研究協力者）が紹介しました。弥生時代後期における国内最大規模の鉄器製造群落遺跡のあるこの島は、これからもっと注目してゆく必要があります。

「タモリ俱楽部」に出演された国立国語研究所の木部暢子（B02班研究分担者）が、いろいろな興味深いエピソードを本号21頁で紹介しています。末尾のクイズも、ぜひチャレンジしてみてください。「私の好きなヤポネシアのうた」（本号22頁）は、編集委員のひとりである熊本大学文学部の木下尚子（B01班研究分担者）が、伊勢物語の歌からはじめて、考古遺跡から出土する勾玉で論考を終えるという、短いながら珠玉のエッセイです。

最後に、ヒトゲノム解析を進めている8名のヤポネシアゲノムメンバーを中心におこなった「ゲノム座談会」の一部を、本号22-28頁で紹介しました。今後も、新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」をよろしくお願ひいたします。

リレーエッセイ：日本語の起源について —ヤポネシアゲノムプロジェクトに期待するもの

田窪 行則 (国立国語研究所 所長)

日本人のルーツ、日本語のルーツを探るというのは多くのロマンを誘うテーマだが、一時期から言語学では残念ながらほとんど議論されなくなっている。それは通常の比較言語学的証拠では日本語の起源は解明できないと考えられたからである。それでも国語学者大野晋氏のように言語学のみならず、考古学や人類学の成果を援用して日本語・日本人の起源を解明しようとした研究者は少数ながら存在した。しかし、言語学者服部四郎氏が言うように日本語の系統関係の議論では他の分野の成果は参考するにとどめるべきであるというのが言語学研究者の大部分の意見であり、この考え方自体はいまでも変わらないであろう。例えば服部（『日本語の系統』241ページ）が言うように「奄美大島から台湾に近い八重山群島に至る琉球列島の諸方言が内地の諸方言と親族関係を有することは証明されている。もうこうなると、言語学者は外の人類科学の研究成果を気にかける必要はない」のである。

しかし、服部は考古学、人類学の成果を無視しているわけではなく、すこしでも蓋然性がある場合はこれらの分野の成果を利用して仮説構成を行っている。例えば、氏の仮説では弥生時代北九州に栄えた弥生文化の担い手が琉球列島を含む日本全国に波及したとする。その際、そこで話されていた言語は日本祖語と同系の言語あるいは方言であったかもしれません、先住民としての異民族が話す異形の言語であったかもしれない。この場合は2000年という近い過去に言語の取り換えが起こったわけで、氏は「東北、琉球列島の諸方言を調べれば、底層となつた言語の痕跡的特徴を見出しえるかもしれない」とし、その積極的な（言語学的）証拠はないが、「人類学や考古学などが更に明らかにしてくれる望みがないことはない」（同231ページ）と言う。本プロジェクトがその可能性を高めてくれることを望みたい。

最近の比較言語学研究者の態度は服部の時代からすこし変わってきた。琉球諸語と日本祖語の日琉祖語から分岐を考える際、考古学、人類学、遺伝学の成果はある種の制約として働く。すでに言語学的に証明されている日琉祖語の系統関係と違って、九州南部に日琉祖語の祖先がいて、何回かに分けて琉球列島に移動したとする仮説は、その蓋然性は高いが、現在我々が持つデータでは証明できない。したがって、日琉祖語を話す民族の移動に関する想定は他の分野の成果と矛盾しない形で仮説を構成するしかない。トマ・ペラール氏の最近の一連の研究は、このような立場からなされている。

また、最近は分子系統学の手法を言語の系統樹作成に用いた研究がなされてきているが、そのデータ自体に問題があり、言語学的には、非常に蓋然性が低い結論を導き出していると評価されている。現在のところ系統関係のデータの作成は言語学的・文献学的な知識に基づいて一語ずつ決定していくしかないため、一橋大学の五十嵐陽介氏がやっているように信頼度・精度を上げるのには言語学者が文献学者の協力を得て地道にやるしかない。

上記の服部の文章が出たのは70年ばかり前であるが、やっと考古学、人類学、遺伝学の成果を取り入れて、日本語、日本人の起源を解明するための一歩を踏み出す準備ができたわけで、本プロジェクトに期待するところは大である。

田窪行則先生のご紹介

1950年生まれ。京都大学文学部大学院で言語学を研究したあと、神戸大学教養部、九州大学文学部を経て2000～2016年京都大学文学部教授。2017年より国立国語研究所所長（現職）。2018年日本言語学会会長。単著に『日本語の構造－推論と知識管理』（くろしお出版、2010年）、共著に『岩波講座言語の科学 言語の科学入門』（岩波書店、1997年）、『シリーズ言語科学3 認知言語学II』（東京大学出版会、2002年）など。



論文紹介

ユーラシアにおけるマウス亜種の拡散

鈴木仁 (A03班研究代表者；北海道大学)

論文1 : Evolutionary and dispersal history of Eurasian house mice *Mus musculus* clarified by more extensive geographic sampling of mitochondrial DNA

{訳：ミトコンドリアDNAの広範な地理的サンプリングによるユーラシア産マウス *Mus musculus*の進化と分散}

掲載誌：Heredity (英国遺伝学会誌) 2013年111巻第5号、375–390頁

著者：鈴木仁, 布目三夫*, 木下豪太*(以上北海道大学地球環境科学院), Aplin, K.P.(スミソニアン協会), Vogel P. (イススローザンヌ大学), Kryukov A.P.(ロシア生物土壤研), Jin M.L.(中国上海生物研), Han S.H.(韓国国立環境研), Maryanto I.(インドネシアLIPI), 土屋公幸(応用生物), 池田秀俊(日獣医), 城石俊彦*(国立遺伝学研究所), 米川博通(都医学総合研), 森脇和郎*(理研BRC) {*印の所属は当時のもの}

論文2 : Heterogeneous genetic make-up of Japanese house mice (*Mus musculus*) created by multiple independent introductions and spatio-temporally diverse hybridization processes

{訳：ミトコンドリアDNAの広範な地理的サンプリングによるユーラシア産マウス *Mus musculus*の進化と分散}

掲載誌：Biological Journal of the Linnean Society (リンネ学会誌) 2017年122巻、661–674頁

著者：桑山崇(北海道大学地球環境科学院), 布目三夫(名古屋大学鳥類バイオサイエンスセンター), 木下豪太(北海道大学地球環境科学院), 阿部訓也(理化学研究所バイオリソースセンター), 鈴木仁(北海道大学地球環境科学院)

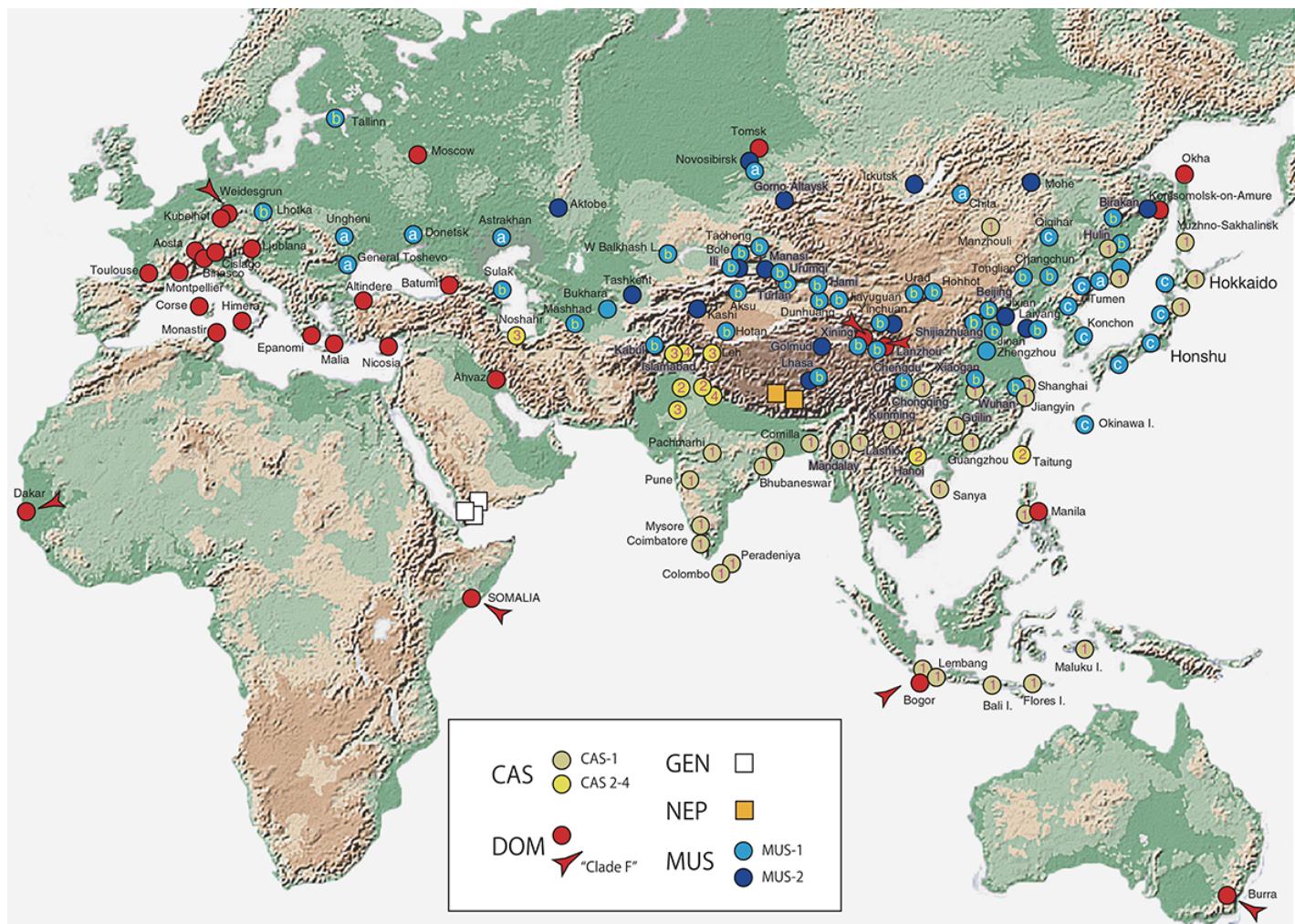
要約 ハツカネズミはもともと中近東・インドの在来種であり、先史時代の人類の農業文明の展開とともにユーラシア全域に拡散したと考えられている。日本列島 (=ヤポネシア) には 南アジア亜種系統と北アジア亜種系統の2種類のミトコンドリアDNA (mtDNA) 系統の存在が明らかになっていたが、詳細な起源地は長らく不明であった。本研究では、世界各地の野生マウスのDNA試料を用いて、mtDNAの塩基配列の解析を行なった。その結果、ヤポネシアに分布する南アジア亜種系統は南中国、北アジア亜種系統は朝鮮半島がそれぞれ起源地であることを明らかにした。

マウス (ハツカネズミ, *Mus musculus*)はそもそもイランからインドに渡る広い地域にホームランドが存在し、遺伝的に分化した複数の地域集団が存続したと考えられている。人類が出アフリカを行なった後、農耕文明が展開されたのち、農業技術の拡散とともにユーラシアに広く展開したと考えられている。ヤポネシアには、南アジア亜種系統 *M. m. castaneus* (CAS)と、北アジア亜種系統*M. m. musculus* (MUS)の 2系統が存在することが、米川博通らのミトコンドリア DNA (mtDNA) の制限酵素断片長多型の解析により明らかになっていたが、その具体的な移入の時期や起源地については長らく不明であった。一方、故森脇和郎のグループは30年以上の長い年月をかけ、18カ国、150地点からの約1000匹の野生マウスを採集し、そのリソースは「森脇バッテリー」と称されて、国立遺伝学研究所及び理研バイオリソースセンターに保管され、研究用リソースとして利用されている。本研究では、この森脇バッテリーを活用し、mtDNAの制御領域 (control region; ~800 bp)と チトクロームb遺伝子 (1140 bp) の配列変異を決定し、その変異解析の結果に基づき、マウスの先史時代の時空間動態の把握を試みた。

その結果、図1に示すように、北ユーラシア (MUS)、インドおよび東南アジア (CAS)、ネパール(不明亜種、NEP)、西ヨーロッパ (*M. m. domesticus*、DOM)およびイエメン(*M. m. gentilulus*)に主要な地理的範囲を有する5系統を検出した。MUSに着目すると、ふたつの亜系統が存在し (MUS-1, MUS-2)、そのうち、朝鮮半島、日本に及んでいるのはMUS-1のみである。一方、CASは4つの亜系統が存在し、そのうちの1つの亜系統 CAS-1(図1の①)が、インド、東南アジア、インドネシア、フィリピン、南中国、中国北東部、沿海地方、サハリン、日本の東部地域に広く展開していた(図1)。DOMは変異性が極端に少ない特定のタイプ (図1のクサビ型) がインドネシア、セネガル、ソマリア、オーストラリアなどに存在し、大航海時代などの比較的近年の移入であることが推察された。一方、ロシアには独自のDOM配列の存在が確認された。

以上は論文1の結果であるが、その後行なわれたmtDNAの長い配列 (~4000bp)に基づく解析結果 (論文2で発表) も踏まえて、以下にヤポネシアへの移入の時空間動態を考察する。まず、東アジアに展開したMUS-1系統に着目すると、朝鮮半島付近に分布する亜系統MUS-1cが存在する (図2の②)。このMUS-1cは朝鮮半島を含む大陸部において一斉放散という歴史的イベントを経験していることも示唆された。その時期は、進化速度0.11 substitutions /

site/million yearsを用いると、7000年前頃と計算された。一方、ヤポネシアのマウスのハプロタイプの多様性は低く、ヤポネシアへの移入の時期は、2000~3000年前と推定されている(論文2)。すなわち、朝鮮半島における多様化とヤポネシアにおける多様化は連動していない。今後、水田稲作との関連でどのようなシナリオが描けるのか、考古学的エビデンスとの照合が必要であると思われる。



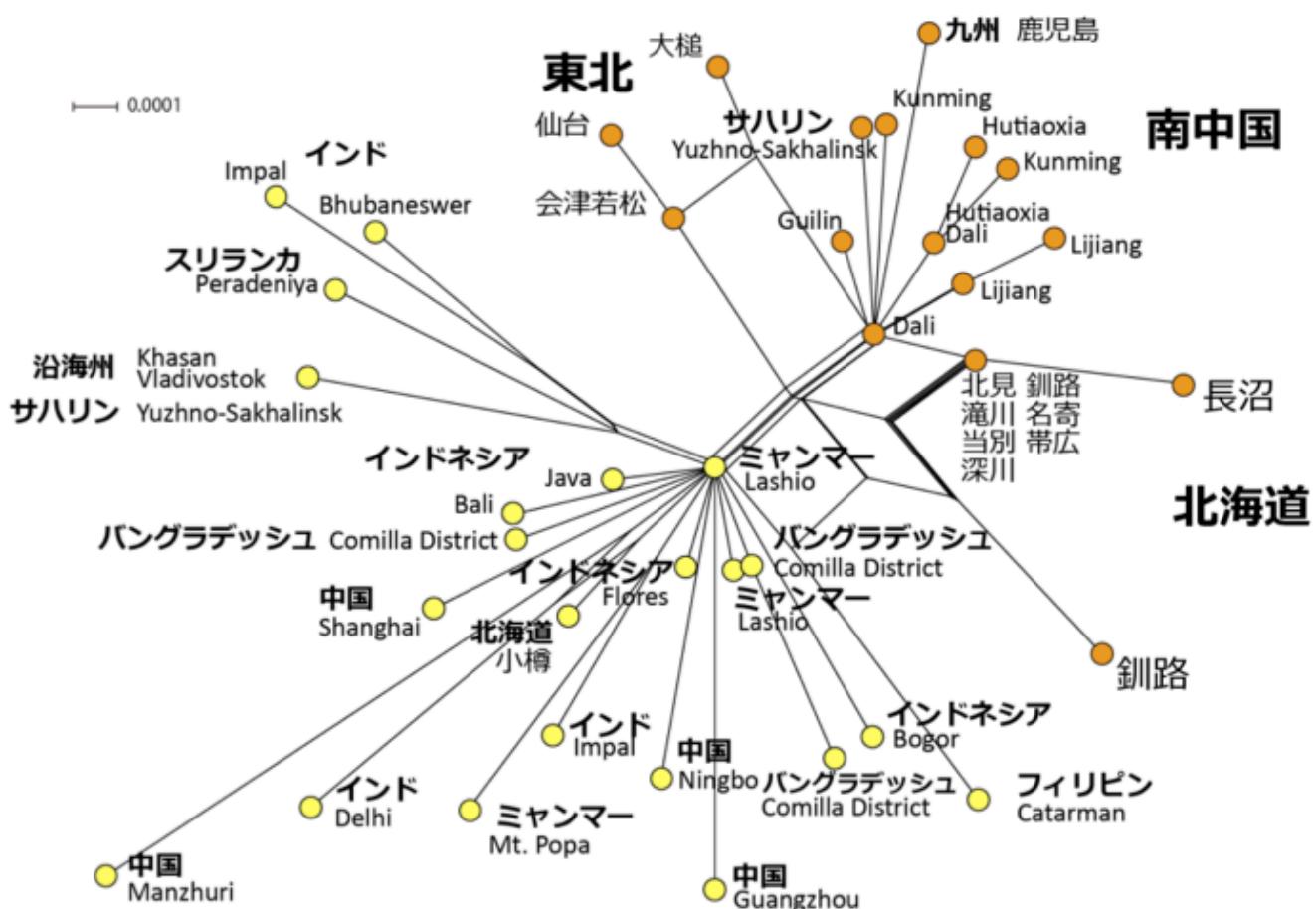
↑図1. マウスmtDNAの主要5系統の地理的分布。日本列島にはMUSおよびCASの2つの亜種系が分布。

次に、CASの先史時代の展開についてみていくと、CAS-1という亜系統は前述のようにインドを含む南アジアを始めとし、東南アジア、東アジアに広く分布する(図1の①)。これらのハプロタイプについてネットワークを描くと図3に示すように星型となる。これはCAS-1がインド付近を起点として一斉放散を起こしたと考えることが可能である。前述の進化速度を用いると、放散開始の時期は7000-8000年前と計算される。これは、アジアにおける初期の農業の展開の時期と一致する。

南中国に及んだこの系統はその後、再び一斉放散を起こし、麗川、大理、昆明などの地点を含む長江上流域および九州、東北、北海道、さらには南サハリンに及ぶ(CAS-1a, 図3のオレンジのハプロタイプ)。東北の系統は、図3のネットワークでは、初期に分岐しているようにもみることができ、ヤポネシアへの移入は複数回あった可能性も示された。留意すべき点として、CAS-1aは列島内で地理的構造がみられ、相互に独立の系統群として位置付けられることがある。放散開始時期を算出すると3000-4000年前となる。列島の北にCAS、南にMUSが分布するが、これは森脇らによってすでに示唆していたように、列島に最初に移入したのがCASで、ついでMUSが移入したことが強く示唆された。今後のゲノムデータを用いた解析により、より詳細な時空間動態の把握が行なわれていくことを期待したい。



←図2 北方系亜種系統MUSのうち、朝鮮半島付近に特異的グループが存在する(◎)。このMUS-1cは、最初に大陸部で放散現象を示し、その後、2回目の放散現象とともに日本列島に移入したようである。



↑図3 南方系亜種系統CASは2回の一斉放散現象を介してヤポネシアに移入した。最初はインドを含む東南アジア、東アジアに拡散し（黄色○）、ついで2回目の放散で南中国、日本、南サハリンに移入した（オレンジ○）。東北のハプロタイプは2回目の放散現象に先んじて分岐した可能性も示された。

自著紹介

篠田謙一著『新版 日本人になった祖先たち』 NHKブックス 2019年刊行



本書は、タイトルに『新版』と付いていることからも分かるように、2007年に同じNHKブックスから出版した旧版『日本人になった祖先たち』を全面的に見直して、加筆訂正して出版したものだ。旧版は幸いなことに版を重ね、4万部近くを売り上げてNHKブックスのシリーズの中でもベストセラーの1冊となった。しかし、発売後10年も経つと、さすがに内容が古くなり、事実に即さない記述も目立つようになった。書名も変えて新たな著作を出版することも考えたが、旧版は私の最初の著作であり、愛着もあったので、大幅な加筆と訂正を行って、新版として出版することにした。

双方の記述を比べると、この10年間にDNA人類学の研究が爆発的に進展したことがよく分かる。その最大の要因は、2010年以降に次世代シークエンサを使った古代ゲノム研究が可能になったことだ。この技術の開発によって、古代DNA研究は全く新しい段階に突入した。10年前には証拠がなかった、ネアンデルタール人とホモ・サピエンスの交雑が明らかとなり、ネアンデルタール人の高精度のゲノムデータが得られたことで、ホモ・サピエンスと彼らの遺伝子の違いについても詳しく分かるようになった。存在が全く知られていなかったデニソワ人が、古代DNA分析によって出現し、現在では東アジアの原人の中にデニソワ人を探す努力も行われるようになっている。

前作執筆時には、古代DNAの研究はミトコンドリアDNAの一部領域の解析に留まっており、前作の内容もミトコンドリアDNA研究によって明らかとなった人類の起源と拡散についての記述が大部分を占めていた。これに対し本書では、2018年段階で得ることのできたほぼ全ての古代ゲノムに関する情報を用いて、日本人の成立について記載した。しかし日本では核ゲノムの情報が得られた古人骨はそれほど多くはなく、まだ日本人成立のシナリオを詳細に描くに至ってはいない。

しかしこの10年の研究で、日本人の成立に関するいくつもの注目すべき進展があった。最も大きく変わったのは、現代日本人の成立に関する定説である「二重構造モデル」の綻びが見えてきたことだろう。ミトコンドリアDNAを用いた研究で、北海道の先住民集団の成立史は、本土日本との関連よりもオホーツク文化人などの遺伝的な影響を考慮しなければならないことが明らかとなっている。また、「均一な縄文人」という概念も見直す必要があることも、ミトコンドリアDNAの分析から指摘されている。

新版ではこれら的事実を受けて、日本列島集団の歴史を記載する際に「列島全体に分布した均一な縄文人が、大陸から渡来してきた集団と交雑し、より交雫の進んだ本土日本と、その程度が小さかった周辺地域とに分離していった」と考える二重構造モデルは妥当なのか、という問題を提起した。日本列島集団の成立史は、地域集団の統合の歴史として描き直す必要があるはずで、少なくとも北海道と琉球列島集団の形成史は、渡来系集団との混血の程度という要素だけで語ることは難しいことが明らかとなっている。

古代ゲノム研究の発展で、ヨーロッパや新大陸などでは、あらたな集団形成のシナリオが描かれるようになっている。一方、日本人の起源に関しては、私たちの努力不足もあって、これらの地域に比べると大きく遅れている。しかし幸いなことに、本科研費「ヤポネシアゲノム」に参加していることで、少なくとも研究を進めるための予算的な問題は、あまり考える必要がなくなった。本科研費を使った古代ゲノム研究は順調に進んでおり、科研終了時には新たな日本人成立のシナリオを描くことができると考えている。その時には、『決定版 日本人になった祖先たち』の執筆ができればと思っている。



著者紹介：新学術領域ヤポネシアゲノム計画研究A02班代表者。国立科学博物館副

館長・人類研究部長。1955年生まれ。1979年京都大学理学部卒業。博士(医学)。佐賀医科大学助教授を経て、2003年国立科学博物館人類第一研究室長。2015年より現職。その他の著書に「DNAで語る日本人起源論」「江戸の骨は語る　甦った宣教師シドッチのDNA」(いずれも岩波書店)などがある。

自著紹介

長田直樹著『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 2019年刊行



進化学者テオドシウス・ドブジヤンスキの有名な言葉に, “Nothing in biology makes sense except in the light of evolution (生物学では、進化の光なくしては何事も意味をなさない)”があります。バイオインフォマティクスと呼ばれる研究分野は、コンピュータを用いて生物を理解することを目的の一つとしていますが、他の生物学分野以上に、進化の考え方が重要な分野となっています。本書は、進化という軸を通して、近年ますます複雑になっていくバイオインフォマティクス分野の方法論を初学者が学べるように書いたものです。

本書はもともと、私が講義を担当している学部3年生向けの講義、「生命情報解析学」で用いる講義資料がもとになっています。4年前に本講義を担当するにあたってまず考えたのは、「生命情報」とは何か、ということです。近年のコンピュータの性能の発達には目覚ましいものがあり、デジタルデータによる情報収集からコンピュータを用いた画像解析まで、いわゆる「情報」を扱わない生物学研究は無いと言っても過言ではないでしょう。そこで、本書では、生命情報を「DNAやRNAなどの遺伝物質がもつ情報」と定義し、それらを扱うための知識について体系的に整理しました。

生命がもつ情報は、突然変異によって変化しながら次世代に伝えられていき、最終的には生物の進化につながります。この流れがつかめるように、序盤で分子生物学と集団遺伝学の基礎を学び、その後、これらの知識を利用し、データ解析のための理論的背景を学んでいきます。実際のデータ解析にはコンピュータ上でソフトウェアを動かすことになるのですが、本書では、ソフトウェアの紹介は最小限にとどめて、基本となる考え方の理解のために多くの紙面が割かれています。より実際のデータ解析に役立つような教科書の作成は、今後ヤポネシアゲノムB03班のメンバーが中心になり進めていく予定なので、ご期待ください。

内容については、生物学、情報学、統計学、それぞれについて中途半端な知識しか持っていない読者であってもついてこれるように気を使いました。また、生物の遺伝情報を解析するためにはかならず理解しておくべき古典的な理論から、次世代シーケンサーから得られるデータの解析まで、できる限り幅広い内容について触れるようにしました。流し読みできるほど簡単なものはありませんが、とりあえずバイオインフォマティクス分野で用いられる手法について概観できるようになっているので、これから勉強を始める学生さんがいらっしゃいましたら、ぜひご紹介いただければと思います。

著者紹介：新学術領域ヤポネシアゲノム計画研究B03班研究代表者。北海道大学大学院情報科学研究院准教授。1997年東京大学理学部生物学科人類学課程卒業。東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻修士・博士修了。シカゴ大学生態学進化学科でポストドクをしたあと、厚生労働省国立感染症研究所研究官（その後組織変更で医薬基盤研究所）に勤務。2010年～2015年、国立遺伝学研究所進化遺伝研究部門助教。2015年より現職。

右の写真は、以下のホームページより掲載したものです：
<https://sites.google.com/site/nosada17/>



日本遺伝学会年会にてヤポネシアゲノムのシンポジウムを開催

斎藤成也（領域代表；国立遺伝学研究所）

日時：2019年9月11日(日) 13:30～16:30

場所：福井県福井市福井大学

シンポジウムタイトル：In search of Yaponesian Homeland using human and nonhuman genome data

Introduction 斎藤成也（領域代表；国立遺伝学研究所）

神澤秀明（計画研究A02班研究分担者；国立科学博物館）

タイトル：Ancient genomes of people who lived during Jomon, Yayoi, and Kofun periods in Yaponesia

Timothy A. Jinam（計画研究A01班研究分担者；国立遺伝学研究所）

タイトル：Modern genomes of people who live in South East Asia and their relationships with Yaponesians

内藤健（公募研究A04班研究代表者）

タイトル：Seeking the origin of azuki bean domestication

鈴木仁（計画研究A03班研究代表者；北海道大学）

タイトル：Two waves of mice migrations to Yaponesia based on 100 mice genomes

遠藤俊徳（計画研究A03班研究分担者；北海道大学）

タイトル：Origin of gourd domestication and its introduction to Yaponesia

Conclusion 斎藤成也

本シンポジウムの講演は、すべて英語でおこなわれます。聴講には日本遺伝学会年会に参加する必要があります。

日本遺伝学会福井大会のホームページ：<https://sites.google.com/site/gsj91am/>

ヤポネシアゲノム 第2回公開講演会のお知らせ

新学術領域研究ヤポネシアゲノム 総括班

日時：2019年9月15日(日) 午後1時～5時

場所：福井県福井市JR福井駅前 アオッサ 6階会議室



13:00～13:10 主催者あいさつ



斎藤成也（新領域研究「ヤポネシアゲノム」領域代表）



13:10～13:55 講演1

演題 言語変化と方言の形成

演者 林由華（国立国語研究所 研究員）

13:55～14:40 講演2

演題 ゲノムからみたヤポネシア人の三重構造：福井県人はどこにくる？

演者 斎藤成也（国立遺伝学研究所 教授）

14:40～15:00 休憩

15:00～15:45 講演3

演題 日本海側の弥生時代・文化の特質

演者 藤尾慎一郎（国立歴史民俗博物館 教授）

15:45～16:30 講演4

演題 「DNAの記憶」と「DNAの記録」からみた列島日本人

演者 植田信太郎（東京大学理学部 名誉教授）

16:30～17:00 総合討論

どなたでも聴講していただけます。参加登録は必要ありません。入場料は無料です。



連絡先：新領域研究「ヤポネシアゲノム」事務局 (Email yaponesia_genome@nig.ac.jp)

電話/FAX (055)-981-6790/-6789 (国立遺伝学研究所集団遺伝研究室)

プログラム決定：ヤポネシアノムくにうみミーティング

くにうみミーティング実行委員

長田直樹（北海道大学），河合洋介（国立国際医療研究センター），神澤秀明（国立科学博物館），五條堀淳（総合研究大学院大学），佐藤丈寛（金沢大学），藤本明洋（東京大学），松波雅俊（琉球大学）

前回はる号でお知らせしました「くにうみミーティング」のプログラムが決定いたしました。ウェブページも作成いたしましたので、そちらもご覧ください (<https://yaponesian-kuniumi.jimdosite.com/>)。

プログラムの中心は、夜に行なわれるポスターセッションです。参加者全員にご自分の研究内容、興味などに関するポスターを作成していただき、気のすむまで語らっていただければと思います。また、ポスター発表に応募いただいたなかから数名を実行委員の方で選ばせていただき、口頭発表を行なっていただくことを考えています。普段あまり聞く機会のない異分野の発表が聞けるように、分野の偏りを考慮した構成にしたいと思います。発表の間には十分な休憩時間を取り、参加者どうしの交流が測れるようにしたいと思います。

会場は、くにうみ神話にかかわりの深い、淡路島で行ないます。くにうみの出発点である淡路島で、新しい研究を始めていきましょう。

会場：淡路島夢舞台

プログラム概要（参加者の人数により調整します）

2019年 9月24日（火）

13:30～14:30：歴史はやわかりセミナー（斎藤領域代表）

14:45～15:45：ポスター発表トートーク1（参加者全員の自己紹介、一人2~3分程度、参加人数により調整）

16:00～17:00：ポスター発表トートーク2

17:00～18:00：夕食（会場内レストラン）

19:00～21:00：ポスターセッション、懇親会

2019年 9月25日（水）

各自で朝食

9:00～10:00：30分トーク1, 2

10:15～11:15：30分トーク3, 4

11:30～12:00：30分トーク5

12:00～13:00：昼食

13:00～14:00：総合討論、グループフォト

14:21, 14:46：新神戸行のバスが出発



右の写真は以下のHPより

<http://www.yumebutai.co.jp/ando/>

全体会議（5月11日国立科学博物館）の報告

篠田謙一（A02班研究代表者；国立科学博物館）

標記の会合は2019年5月11日に東京上野にある国立科学博物館日本館の講堂で開催されました。本会議は公募班も参加して行う1回目の全体会合でした。なお、本年度に採択された公募研究17課題の内容については、季刊誌ヤポネシアゲノムの第1巻はる号に掲載されています。

会合は、午前10時より始まり、各計画研究班の前年度の報告に続いて、新たに採用された公募班全員の今後の研究計画についての発表と、懇親会が行われました。参加総数は懇親会までを含めると70名を超える盛会となりました。会合では、特に公募班の研究に関しては充分な質疑応答の時間が取られ、内容について会場から活発な質問が続きました。大規模な共同研究を行う場合には、それぞれの研究が孤立することなく、お互いの研究の接点を見つけてさらに発展させていくことが求められます。そのためには、研究発表だけではなく、共同研究のきっかけとなる休憩時間の話し合い、さらには懇親会での談笑なども、会議の重要な要素となります。その意味では、終始活発な意見交換が行われた本会は、成功裏に終わったと評価して良いと思います。

懇親会では、即席のカラオケまで飛び出し、斎藤代表らの熱唱まで聞くことができましたが、当日国立科学博物館は夜間開館をしており、時ならぬ「津軽海峡冬景色」の絶唱が館内に漏れたことで、科博の事務職員が飛んでくるというハプニングもありました。

なお、翌日には同じ国立科学博物館で総括班の会議も行われました。



左より：乾杯の音頭を取る篠田謙一全体会議主催者；講評をする植田信太郎新学術領域評価者；くにうみミーティングの紹介をする長田直樹B03班研究代表者

第27回国際中国語学会プレワークショップ 「東・東南アジア諸言語と人類集団の系譜・拡散・接触」報告

遠藤 光暉 (B02班研究代表者；青山学院大学)

表題のワークショップをヤポネシアゲノムプロジェクトの一環として2019年5月9日の終日、神戸の大学共同利用施設ユニティにて行った。用語はすべて英語で、日本・フランス・イギリスの言語学・遺伝学・考古学研究者が11の研究発表をした。

メインとなったのは諸言語の系譜関係を語彙から論じるアプローチのもので、公立小松大学の岩田礼(以下敬称略)の「中国語の語彙革新と方言間の距離」、三重大学の濱田武志「過去の樹状再建：進化枝の方法の漢語族史に対する試みとその有効性」、千葉大学の田口善久「苗瑤語の系譜概観」、中国科学院動物学研究所の季婷・ロンドン大学の張涵之・Exeter大学のThomas E. Currie・Reading大学/サンタフェ研究所のMark Pagel・ロンドン大学のRuth Maceらによる「文化比較研究における応用系統言語学：シナ・チベット語族の親族進化のケーススタディ」などである。

今回は本会議でもシナ・チベット語族の語彙統計による系譜再建に関する発表が2つあり、会期の数日前に発表されたDated language phylogenies shed light on the ancestry of Sino-Tibetan (Proceedings of the National Academy of Sciences 116 (21))に関するフランスチームのサガールらとPhylogenetic evidence for Sino-Tibetan origin in northern China in the Late Neolithic (Nature 569)を発表した中国チームのPan Wuyun、そして上記のイギリスチームの張涵之らが三つ巴になって同一テーマについて論じたこととなる。

言語班では狩俣繁久教授らが琉球語に関して語彙を始めとした言語特徴に基づいて遺伝学的手法を応用して系統樹化に着手している。また日本語方言全体に関しても既存の研究を細かく再検討することにしている。方法論的には濱田武志『中国方言系統論 漢語系諸語の分岐と粵語の成立』(東京大学出版会、2019年)も注目される。

言語学畠ではサガールが「タイカダイ語の声調の起源」としてオーストロネシア語族の音節末子音との対応関係を指摘した。またオズロ大学の鈴木博之「東部チベット地区言語のチベット族の“ブタ”に関する分類」、国士館大学の八木堅二の「漢語族の前舌円心母音についてのノート」、南山大学の鈴木史己の「漢語族の文化語彙の地理分布特徴」は地理言語学的手法による研究であった。

遺伝学では本プロジェクト代表の斎藤成也「ヤポネシア人の原郷を求めて」と神澤秀明「古代人類ゲノム配列による古代東アジアの人類移動の追跡」、考古学では九州大学の宮本一夫「東アジアにおける先史文化の変遷」がそれぞれの分野の最新の研究動向の概観を与えた。

英文による会議論文集が東京外国語大学アジア・アフリカ言語文化研究所の電子出版物として2019年度中に公開される予定である (<https://publication.aa-ken.jp/> 参照)。



九州大学の宮本一夫教授（左；考古学）と香港理工大学の王士元教授（右；言語学）

第1回ヤポネシア札幌国際セミナーの報告

鈴木仁 (A03班研究代表者；北海道大学地球環境科学研究院)

2019年5月6日、北海道大学地球環境科学研究院において第1回目の国際ヤポネシア札幌研究会が開催された。ユーラシア大陸の東辺縁部の長い沿岸域を占めるベトナムは東中国海を介してヤポネシア（日本列島）と隣接し、その多様性を理解することは本プロジェクトを進めていく上でも重要である。本セミナーは、京都大学博物館の本川雅治教授が責任者を務めるJSPS研究拠点形成事業との共催により、ベトナムの国立自然史博物館のLe Duc Mihn博士およびBui Tuan Hai博士をお招きし、東南アジアの哺乳類の多様性に関する研究発表と意見交換を行なった。

Mihnさんより、ベトナムにおいてはこれまで十分に種の多様性に関する分子系統学的な解析が行なわれてこなかつたが、現在は種および遺伝的多様性の研究が精力的に進められ、大型の哺乳類を含め、新種の発見があいついでおり、多くの隠蔽種の存在も認識されている状況が報告された。アメリカ合衆国やベトナム政府の支援によってベトナムの種の多様性を理解するためのサイトDNA-tracker.orgが構築され、それらの状況が公開されていることも紹介された。

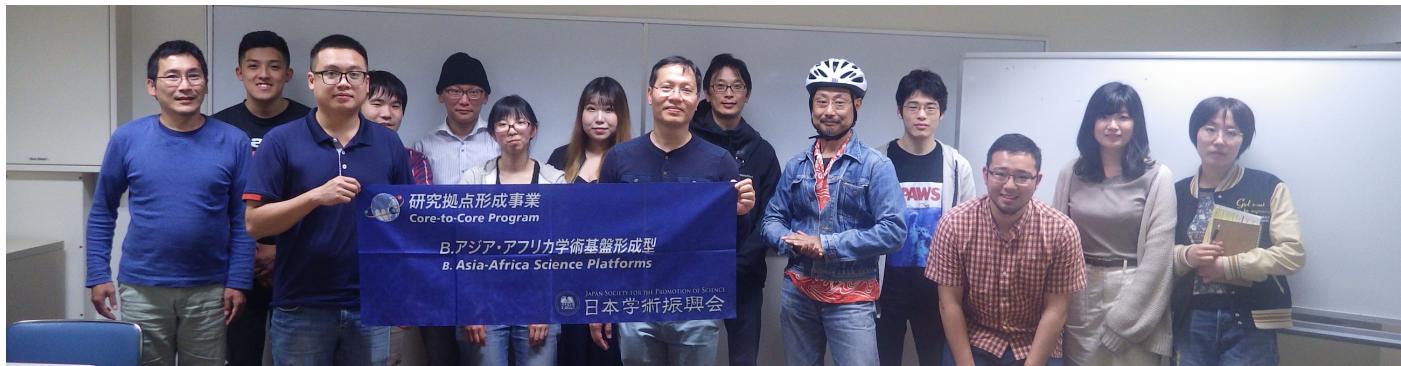
ベトナムにおいてなぜ種および遺伝的多様性が高いのか。Tuan Haiさんはモグラ科のミズラモグラ類の研究例を紹介した。ベトナムは南中国、タイ、インドネシア（スンダランド）からの断続的移入と、緯度および高度および、複雑な地形による物理的障壁の存在により多様な生息環境が存在し、さらに第四紀の環境変動の中で分布域が、たとえば緯度の高い区域に分断されることで、遺伝的に分化する機会が生じた可能性などが議論された。

北海道大学の大館智志さんにより、人為的に移動の可能性も示唆されているジャコウネズミが大きな遺伝的多様性を維持する種であることが紹介された。ミャンマーではミトコンドリアDNAの大きく異なる4系統が混在しており、進化的時間の中で複数回の放散的分化が生じ、現在の多様性が構築されている可能性が議論された。先史時代に一斉放散したと思われるクラスターは、ベトナム起源である可能性もあることが紹介された。

Li Yueさん（北海道大学地球環境科学研究院）からは、ヒトに帶同しユーラシア大陸を移動しヤポネシアまで到着したハツカネズミに関する話題が提供された。イラク周辺がソースエリアと考えられている亜種グループdomesticusはおよそ6万年前に一斉放散をし、中国北東部では亜種グループmusculusは中央アジアを含む領域でおよそ18,000年前に放散したといったように、地域ごとに集団動態は大きく異なっていることが報告された。

岸本真琴さん（北海道大学水産科学研究院）は、東南アジアのMus属がいまだその基本的な種構成および系統関係が構築されていない現状を紹介した。特にネパールにおいて新種記載されたMus cervicolorの問題を取り上げた。本種はベトナムからネパールまで広い地域に分布することになっているが、これまでのミャンマー、タイ、ベトナム、インドネシアの分子系統学的解析からは再現できず、従来の認識に問題がある可能性が示唆されている。ネパール産の博物館標本を用いて頭骨の形態学的解析と標本由来DNAを用いた分子系統解析の進捗状況が示された。

以上のように、本セミナーにより、ヤポネシアの生物相およびヒトに帶同した動植物の起源を知る上で東南アジアの生物相の構成種の把握と形成過程の理解は必須であるが、未だ緒についたばかりであり、今後とも注視していく必要があること、さらに、ベトナムはヤポネシアとも先史時代から現代にかけて、動物の移入という観点で重要な関係性を持つ地理的空間のひとつであることも改めて認識された。



動植物ゲノム紹介：ヒョウタン

遠藤俊徳（A02班研究分担者；北海道大学大学院情報科学研究院）

ヒョウタンは世界中の熱帯～温帯で栽培されるが、近縁種の分布からアフリカ起源とされ、南北アメリカ大陸の複数の1万年前頃の遺跡から果皮や種子が出土し、最古の栽培植物のひとつと考えられる。以前は、世界で容器、食器、楽器、道具、工芸品などに頻用され、形状も多様で、いわゆる瓢箪型のものでも、千成瓢箪のように小型のものから最大容積100リットルにおよぶもの、長さ4mにおよぶ長瓢、直径1mを超える球形のもの、丸底フラスコ型、首の曲がったつる首型まで、形も大きさも幅が大きい。ひしゃくは瓢（ひさご）が訛った名称で、古くは瓢箪を縦半分に割ったものだったという。干瓢のもとになるユウガオは瓢箪型にならない無毒の食用系統である。アフリカでは現在も容器や楽器として用いられ、古代には土器の原型だったという説もある。

ヒョウタンがいつ頃どのようにアフリカから出て世界中に広がったかはほとんどわかっていない。種子形状からアフリカ亜種(ssp. *siceraria*)とアジア亜種(ssp. *asiatica*)に分かれ、出アフリカ後にアジア型が確立、アジア各地域に広がったと考えられる。アメリカ大陸への伝播は、葉緑体ゲノム解析に基づき、大西洋経由でアメリカ大陸に漂着した野生種が栽培化されたという説 (Kistler et al. 2014) が有力だが、問題もある。

アジアでは6,000～10,000年前頃とされるタイのスピリットケープ、7,000年前頃とされる中国の河姆渡遺跡・田螺山遺跡、8,500年前とされる日本の鳥浜貝塚でヒョウタンの出土がある。くわえて1992年の公共工事に伴う日本の粟津湖底遺跡の報告書にて、栗果皮やエゴマなどと一緒にヒョウタン果皮・種子が出土した。報告書では放射性炭素同位体による種子6粒の年代推定より9,600±110年前とされたが、補正式適用すると11,000年前頃相当となって、世界最古となる。アメリカ大陸へは、日本周辺に定着後、1,000年程度の間に伝播したことになる。しかし、ヒョウタンは冷涼地での栽培が難しく、短期間に発芽率が急降下するため、種子の長期常温保存もできない。ベーリング海峡経由の陸路の伝播は具合が悪く、海洋沿岸ルートで短期間に広がったと想定すればつじつまが合う。しかもアメリカ大陸の古い出土例は太平洋沿岸近くに多い。

われわれは、ヒョウタンの伝播経路・地域系統確立・交流の解明を念頭に、財団法人進化生物学研究所の湯浅浩史博士との共同研究により、氏が収集してきた世界中の各民俗の伝統栽培系統60系統以上の供与を受け、アジア、アフリカ、アメリカの各地域系統と近縁野生種3種のゲノムを解読し比較解析を進めている(渡部大¹、里村和浩¹、長田直樹¹、湯浅浩史²、遠藤俊徳¹；¹北海道大学大学院情報科学研究院 ²財団法人進化生物学研究所)。単一塩基変異(SNV)やサテライトDNA解析の結果から、アジア地域でのひんぱんな交流と、日本では独自の系統が確立したことを示唆する結果が得られており、RadSeq法によるゲノム間の詳細解析を計画中である。くわえて先述の粟津湖底の種子標本について、直接年代測定された最古のヒョウタンのDNAに刻まれた歴史の解明を計画中である。このほか、日本各地の縄文～古墳時代前後の遺跡から頻繁に出土するヒョウタン果皮や種子について、那須浩郎博士との共同研究により入手し解析する予定である。

引用文献：Kistler et al. (2014) Proceedings of National Academy of Sciences, 111巻、2937-2941頁.



写真上：ヒョウタン種子サンプルの一部

写真右上：解析中のヒョウタン種子サンプル

写真右下：粟津湖底から出土したヒョウタン種子標本

ソフトウェア紹介2：Burrows-Wheeler Aligner (BWA)

藤本明洋（B03班研究分担者；東京大学・大学院医学系研究科）

ゲノム情報は、遺伝人類学にとって最も重要な情報です。これまで、ゲノム配列を調べるために様々な技術が開発されてきました。2008年ごろに次世代シーケンサーと呼ばれる技術が導入され、塩基配列の産出量は大きく上昇しました。原理についてはここでは述べませんが、この技術の出現により、得られるデータ量がそれまでの数万倍以上になり、遺伝学や分子生物学の一部に爆発的な進展をもたらしました。たとえば、私が大学院時代に古典的な方法を用いて1年半の努力で得たデータと同じ量が1秒以内で得られる、と述べると、この衝撃を理解していただけるでしょうか。

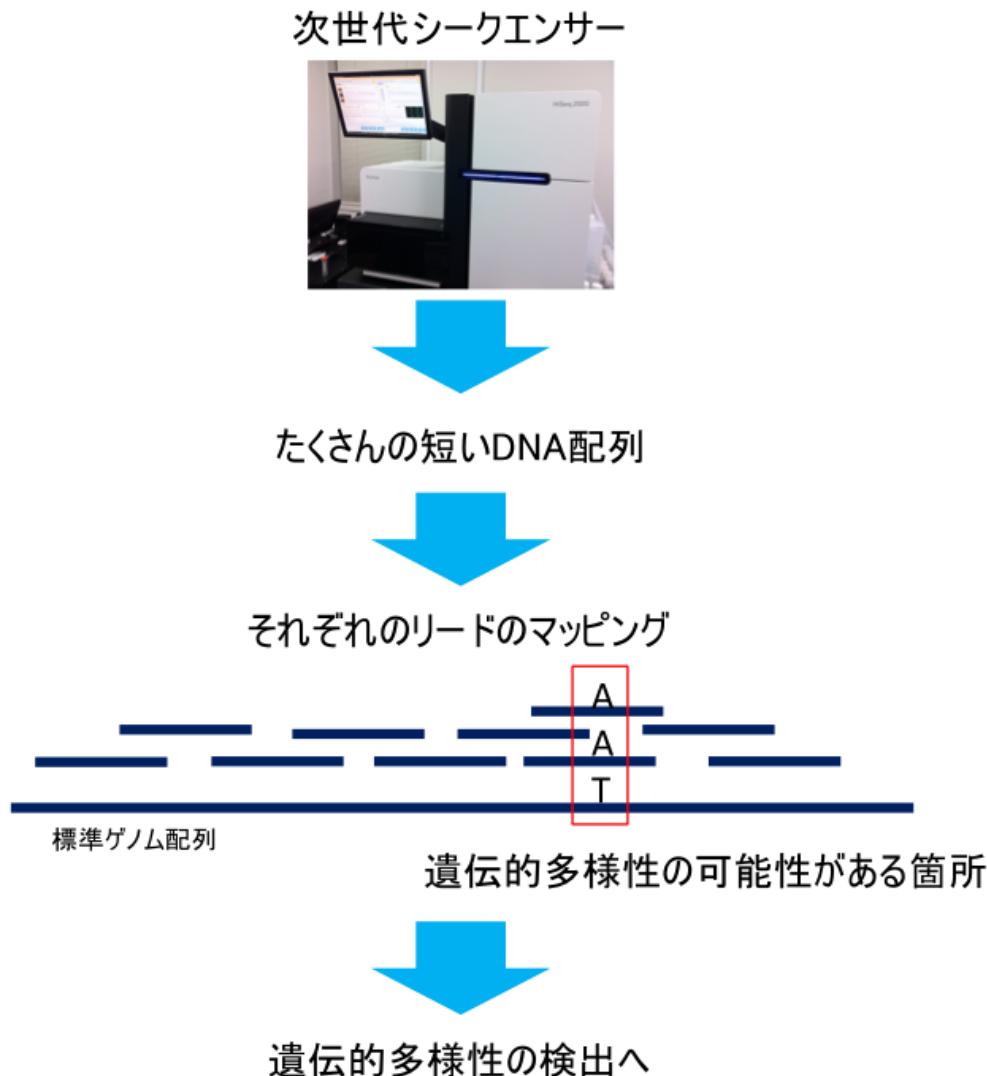


図1 マッピングのイメージ。次世代シーケンサーが outputするリード配列を標準ゲノム配列と比較し、類似度が高い領域を見つける。この結果を用いて遺伝的多様性の検出が行なわれる。

次世代シーケンサーからは、100-300塩基程度の配列(リードと呼ばれます)が、数億本産出されます。すなわち、ヒトゲノムの断片配列が大量に得られることになります。この大量のデータの解析するためには、それぞれのリード配列が30億塩基の広大なヒトゲノム配列のどこに由来するのかを決定する必要があります(図1)。リード配列にはシーケンサーのエラーや個体差が含まれ、標準ゲノム配列と異なることが期待されるため、ある程度の違いを許容し

て、リード配列と類似性が高いヒトゲノム配列の部分を見つける必要があります。この行程をリード配列のマッピングと呼びます。マッピングは、ゲノム研究においてもっとも基本的かつ重要なプロセスであり、30年以上にわたり研究されてきました。

配列の個人差の検出は、マッピングプログラムの出力結果に大きく依存しているため、マッピングプログラムの性能は非常に重要です。さらに、大量データを解析するため、正確さに加えて、速さやメモリ使用量などの点でも優れている必要があります。マッピングプログラムは数多く開発されており、200種類以上のマッピングプログラムがあると言われています。今回紹介するBurrows-Wheeler Aligner(BWA)は、速さ、正確さ、使いやすさ（コンパイルしやすさ、メモリ使用量、出力フォーマットなど）の点でも優れており、19000回以上引用され、もっともよく使われているソフトウェアのひとつです（1）。

まず、高速での検索を可能にするために、ヒト標準ゲノム配列の索引が作成されます。マッピングを実行する際には、索引を用いて個々のリード配列の位置の候補が絞られ（探索の範囲を狭め）、違いを許容したより丁寧な配列の比較が行なわれます。BWAではこの索引の作成に、Burrows-Wheeler変換というアルゴリズムを用いています（2）。

BWAの使用方法は以下のとおりです[図2(a)]。まず、ゲノムの索引ファイルを作成します。これは初回に一度だけ行ないます。また索引ファイルが入手できれば自分で行なう必要ありません。その後、次世代シーケンサーのデータと作成した索引ファイルを用いてマッピングを行ないます。出力ファイルはsequence alignmentフォーマット（samフォーマット）で出力されます[図2(b)]。samフォーマットは、次世代シーケンサーのマッピング結果の標準的なフォーマットです。なお、samフォーマットを圧縮した形式はbamフォーマットと言われます。

このデータが大量に得られ、そのデータを解析することで、ヒトゲノムの個人差が同定されます。方法やソフトウェアについては、次号以降で解説されると思います。

(a) BWAを用いたマッピング

索引ファイルの作成

```
bwa index <ゲノム配列のfastaファイル>
```

マッピング

```
bwa mem <索引ファイル> <リード配列のファイル> <リード配列のファイル> > <出力ファイル(samフォーマット)>
```

(b) マッピングの結果(samフォーマット)の例

@SQ; マッピング対象の配列名、長さ

```
@SQ SN:chr22 LN:50818468
@PG ID:bwa PN:bwa VN:0.7.12-r1039 CL:bwa mem chr22.fa NA18943.chr22.sort.1.fastq NA18943.chr22.sort.2.fastq
ERR239771.1000187 67 chr22 33790925 60 100M = 33791358 434 TGCTTAAAGGCCACA
ERR239771.1000187 131 chr22 33791358 60 100M = 33790925 -434 AAACCTCTGCACAACT
ERR239771.1000358 67 chr22 25794480 60 100M = 25794079 -402 CTGGCCTTGTTATTATA
ERR239771.1000358 131 chr22 25794079 60 100M = 25794480 402 ACCCGCCACCGCCAGG
```

リード名



この後ろに、Base quality（各塩基配列の信頼度、ミスマッチ、他の類似度が高い領域の情報）などが記載される

図2 BWAを用いたマッピングのコマンドと結果。（a）索引ファイルの作成と、マッピングのコマンドを示す。次世代シーケンサーでは通常、1分子の両端から配列が決定され2本の配列が得られる（ペアエンド法）。ここでは、ペアエンド法で得られたリードをマッピングするコマンドを示している。（b）マッピング結果の例。この結果を解釈し、その後の解析が行われる。くわしくは、BWAのマニュアルを参照してください。

1. Li, H. & Durbin, R. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. Bioinformatics 25, 1754–1760 (2009).

2. B03班代表長田直樹著『進化で読み解くバイオインフォマティクス入門』142頁をご参考ください。

研究室めぐり

公募研究B04班 研究代表者 麻生玲子

(人間文化研究機構 総合人間文化研究推進センター研究員／国立国語研究所 特任助教（併任）)

やる気スイッチ 君のはどこにあるんだろう 見つけてあげるよ 君だけのやる気スイッチ
—このCMソングを聞くと、同じようなことをしている自分達に気付く。

国立国語研究所・言語変異研究領域（領域代表・木部暢子教授）では、日本各地の消滅危機方言の資料を収集・整理・公開を行なっている。しかしこの表むきの仕事は、スイッチ探しという重要なミッションの上に成り立っているといつても過言ではない。

言わずもがな、まず調査に協力していただけるネイティブの話者に出会うまでも困難を極める。相性の良い話者の方と巡り逢うまでに、一年くらいかかることもざらだ。そしてこの出会いと同時にミッション開始である。

ご想像いただきたい。

挨拶もほどほどに初対面の人間に出生地や育った場所、仕事などプライベートなことを尋問される。さらになぜか嬉々とした表情で「頭って方言でなんて言いますか？」と矢継ぎ早に質問される。昔のことを思い出すだけでも一苦労なうえに「方言で会話やお話を録音したいのですが…」と追加注文される。「方言で」と言われても目の前の人間は理解しているのだろうか…。一体こいつは何がしたいのか。非日常的な空気の中では、いざ話そうとしても、ついつい標準語がでてしまう。



普段と違う状況にもかかわらず「普段と同じとおりに」「娘や孫だと思って」と言っても、やはりそれには無理があるだろう。無理難題、至難の業、立ちはだかる高い壁。そこで話者の「方言スイッチ」を探さなくてはならない。リラックスでき、なるべく普段どおりの、方言での話を引き出せる—そんなスイッチだ。細やかな洞察力と、多面的かつ同時並行的に想像する能力が求められよう。子ども達のささいな所作からやる気スイッチを見つけ出す個別指導塾の先生さながらである。

「エーヤリョナー（「なんですか？」の意）—その刹那、標準語から方言に切り替わる。たがいに目を見開き、話が弾む。これが、波照間島（沖縄県）の方言スイッチであった。

おしゃべり仲間を連れてきて普段通りに近い環境をつくる。方言での昔話や歌、行事のセリフ、かつてよく言っていた・言われていただろうフレーズを聞く。「今日は方言で少し話を聞かせてくださいね」と方言で言う。録音機材のみ置いてその場から退散する、等々。正解はどこにも用意されていないし、一つとも限らない。ありとあらゆる方法を、試行錯誤しながらひたすら試す。前述の「エーヤリョナー」は、別の話者の方をまねて言ってみた結果、偶然見つかったものである。

方言スイッチの搜索—最大かつ最重要とも言えるこの隠されたミッションを遂行して、ようやくスムーズな資料収集が可能になる。

方言スイッチ 君のはどこにあるんだろう 見つけてあげるよ 君だけの方言スイッチ。

遺跡めぐり：香川県高松市・高松茶臼山古墳

B01班研究分担者 清家章（岡山大学・文学部）

古墳時代にはそれ以前とは比較にならない大型の墳丘が築かれる。古墳である。古墳には大小さまざまな規模のものがあり、直径10mに満たない円墳から全長500mを超える大型前方後円墳まで存在する。弥生時代になって階層が生まれ、その階層化がより一層激しくなった結果、古墳が築造されるようになったとされる。

首長墳の代表的な形が前方後円墳である。前方後円墳の多くには、大規模な石室や粘土槨があり、その中に木棺や石棺が豊富な副葬品とともに置かれていた。ここにどのような人びとが埋葬されているか、当然のことだが多くの研究がある。しかし、それは上記の埋葬施設や副葬品からの研究であり、資料的な限界から「人」そのものの研究はきわめて少なかった。被葬者の階層的位置づけや、ヤマト政権との関係、あるいは築造地域における勢力範囲や交流関係などの研究が多かったのである。

その理由は、まず前方後円墳から出土する人骨が少ないことがあげられる。全国には前方後円墳出土人骨はポツポツと存在はするが、その残りが悪い個体が多い。性別と年齢すら正確に判明する資料は数例程度といったところであろう。さらに、考古学は集団を研究するものという理解が一般的で、個人史を扱う研究者はいなかつたし、人類学者も縄文人骨や弥生人骨ほど古墳人骨に興味を示していなかつたように思う。

しかし、時代は変わった。DNA分析は少ない試料から多くの情報を引き出すことを可能にした。DNAが比較的よく残る側頭骨と歯根があれば被葬者個人の情報をこれまで以上に引き出すことができる。A02班とB01班は古墳人骨を分析するに際し、前方後円墳である高松茶臼山古墳出土人骨をまず最初に分析対象として選んだ。高松茶臼山古墳は、香川県高松市東部にある全長72mの前方後円墳で、讃岐においては前期を代表する大型首長墳である。さらに後円部には未盗掘の竪穴式石室が発見され、とくにより大型の第I主体部からは多くの副葬品とともに2体の成人人骨が検出されている。それだけでなく前方部の箱形石棺からも成人骨が検出されている。前方後円墳から複数の人骨が検出された数少ない事例であるのだ。残念ながら第I主体部の一つの人骨は部位に恵まれず、分析に回っていないが、もう一体の人骨と前方部人骨の分析を行なっている。

彼らは縄文からの遺伝子をもつのであろうか、それとも渡来系遺伝子を多く持つのであろうか。首長層である彼らと一般の讃岐古墳人に違いはあるのであろうか。さらに後円部と前方部の被葬者はどのような関係にあるのであろうか。キョウダイか親子か、はたまたまったく無関係なのか。西日本では初めての前方後円墳出土人骨のDNA分析である。いかのような分析結果が出、さらにどのような歴史像が展開できるのか。楽しみでならない。

最後にもう一点、高松茶臼山古墳について注目すべき分析を紹介しておこう。先述の通り、高松茶臼山古墳は未盗掘の竪穴式石室が検出され、数多くの副葬品がある。本古墳は古墳時代の相対年代を考える際に基準として取り上げられることが多い。B01班では炭素14年の測定を古人骨から行なっている。高松茶臼山古墳が基準資料であるだけに人骨の炭素14年代は、高松茶臼山古墳だけでなく他の古墳の絶対年代を考える上で重要な分析となるであろう。

↓第I主体出土鍬形石



↑第I主体の石室

ことばめぐり：風と船と酒と

風間伸次郎（東京外国語大学；B02班研究分担者）

タイトルの「ことば」が意味するところは何か？ いつぞやの大河ドラマ？ ブブー。3つともエ段の音で終わる？

惜しい！あと一步。さて、答はこれを読んでくれ、ということで。

私が大学3年生だった頃の話。英語学の授業か何かで、「英語のような屈折タイプの言語には sing-sang-sung のような“母音交替”があるが、膠着タイプの日本語にはそういうものはない」と習った。その帰り道だったか、風間青年はふと思いついた。「待てよ、酒(sake)と酒屋(saka-ya)、雨(ame)と雨宿り(ama-yadori)、おお日本語にも母音交替があるじゃないか！」

翌日、言語学研究室に行って助手の人に「オレ、日本語の母音交替を発見しちゃったっすよ！」と言ったら、「バ～カ、そんなものはとっくに発見されるとるわい、これを読め」と言われてしまった。その本だったか論文だったかを読んでみると、日本語では後ろに何かつく時に、前の語の最後の母音が交替する。そして何かついた時に出て来る形の方を被覆形、単独で出て来る時に出て来る形の方を露出形という、などと書いてある。例はジャンジャン出てきた、金物、船宿、稻穂、鏡(影見)、「ゑ we」だったことの化石の「声色」「苗代」なんてのもある。一音節語にも手-手(た)向ける、毛-毛(か)細い、目-目(ま)蓋、、、あっ、自分の苗字(風間)がそもそもこれじゃないか!!(早く気づけよ、20年も気がつかなかつたのかよ!?)

しかしこれが実に深遠な問題を孕んでいるのだ。上記は a と e の交替だが、u-i(月夜；昔はツクヨだった)、神風(同じくカムカゼだった)、o-i(火柱(ホバシラ)-火、木枯らし-木)、o-e(背く(ソムク)-背)の交替もあるという。そして現代でも「痛い」が itee、「細い」が hosee、「寒い」が samii になるように、酒は saka-i から、背は so-i から、月は tuku-i からできたのだという(ただし白雲-白、のように -i で説明できないヤツもあるんだけどね)。さあ、じゃあこの“-i”っていったい何者だ!?

『言語学大辞典 術語編』 p. 1110 はこの -i を「絶対接尾辞」(特に意味を持たない終端辞)としている。つまり、意味がないけど何かつけなきゃならなかつた、というのだ。「そんないいかげんな!?’’と思うけれど、「中米インディアンの言語の名詞にみられる」と書いてある。

私のやっているアルタイ諸言語のうちのチュルク諸語やツングース諸語には、「所有人称接辞」というものがあつて、たとえばトルコ語では ev「家」に対して、ev-im「私の家」、ev-in「あなたの家」、ev-i「彼(女)の家、それの家」のように名詞が形を変える。「彼の家」は o-nun ev-i 「彼-の 家-その」のようになる。私の先生の先生(池上二良先生)は「日本語には名詞をならべてあの名詞に限定をあらわす要素 -i をつける構造があり、なおその -i をつけた名詞は前に名詞を置かなくとも使われただろう」と考えた。母音交替も連濁も、2語の意味関係が並列的であれば起こらないという(『時代別国語大辞典 上代編』 p.31、ここには連濁の方の例をあげておく：田畠 ta-hata, 麦畠 mugi-batake)。つまりこうした交替には2語の間の「文法関係」がからんでいるのだ。池上はさらに「古事記(神武)のイシツツイもこれであろうか」としている。イシツツイのツツはツチ(槌)の古形で、石でできた槌型の道具だという。つまり isi tutu-i 「石 槌-その」となっている、といいたいのだ(ただしこれについてもイは助詞であるとする説がある)。かくしてこの“-i”が何なのか、わからない! いまだに定説もないのだ。

さらにこんな問題もある。「月」のキと「木」のキの音は、現代では同じ音である(そりやそうだ!?)。しかし tuku-i の ku-i からできたキの音と、ko-i からきたキの音(さっきの木枯らしを思い出してくれ)は、昔は違う音だったのかもしれない。そしてなんと、その対立はその姿をさまざまに変えながらも、琉球各地の諸方言に保たれているというのだ(奄美: tik^fi vs. k^{hi}i, 沖縄本島北部: citci: vs. k^{hi}i:、石垣: tsik^si vs. ki:、与那国: t^fi - k^{hi}i)。

日本語の古い姿を解くカギはないか、とマイナス30度のシベリアの奥地まで出かけていくオレだが(なあんてな、カッコいい?)、そんなカギとなることばなんて、遠くまで行かなくても、そこらにいくらでも転がっているのかもしれない。あなたの苗字や名前の中にもね。



参考文献

- 津曲敏郎 (2003) 「ツングース語と上代日本語の文法上の類似点」アレキサンダー・ボビン／長田俊樹 共編『日本語系統論の現在』237-247. 京都：国際日本文化研究センター.
- ペラール トマ (2016) 「第6章 日琉祖語の分岐年代」『琉球諸語と古代日本語』99-124. 東京：くろしお出版.

しまめぐり：淡路島

中澤光平 (B04班研究協力者；国立国語研究所)

しまめぐり第3回は淡路島をレポートします。淡路島は兵庫県に属する瀬戸内海で最東部にありかつ瀬戸内海で最大の島で、東は大阪湾、西は播磨灘、南は紀伊水道に面し、北端は明石海峡、南東端は紀淡海峡、南西部は鳴門海峡に面しています。広さは南北に55km、東西に28km、面積は595.74km²で、一周約150kmほど、琵琶湖の周囲約200kmより少し小さいくらいです。主な属島には紀淡海峡の成ヶ島、紀伊水道の沼島（ぬしま）があります。

淡路（あはぢ）の名は記紀万葉にも見え、「国生み神話」ではイザナギ・イザナミが国土で最初に産んだ島とされますが、ヤマト王権にとっても淡路は何か特別な立場にあったのでしょうか。ちなみに沼島は国生みの舞台となるオノゴロ島であると言われます。

北部の淡路市では、五斗長垣内（ごっさかいと）遺跡という弥生時代後期の国内最大規模の鉄器製造群落遺跡も見つかり、古代の国家勢力の要所であったことが伺われます（右写真）。

律令の時代には、御食国（みけつくに）として特別な立場にあり、島全体が淡路国という一国をなしていました。淡路国は紀伊国、四国とともに南海道に含まれます。江戸時代には徳島藩の諸領でしたが、明治9年に全島が兵庫県に編入されました。1985年に鳴門海峡に大鳴門橋が通り徳島県鳴門市と陸続きになり離島ではなくなり、1998年に明石海峡に明石海峡大橋が開通し、神戸市とも陸続きになり車での往来が可能になりました。



どれも淡路の歴史の中では比較的新しいものです。たまねぎの栽培は明治以降、人形淨瑠璃と化け狸の話も江戸時代頃からで、最近では3年トラフグなども新たな名物です（左上写真はハモ料理）。昔から変わらないものは、鳴門の渦潮や御食国としての豊かな海や土地でしょうか。ところで、「あはぢ」の名が、「阿波への道」に由来するとしたら、なんだか消極的にも聞こえますが、紀伊と四国を結ぶ南海道の道と考えるとどうでしょうか。淡路島と関連が深い加太の淡島神社や沼島（右写真は沼島の上立神岩）などが一望できる紀淡海峡から見れば、淡路はまさに「阿波路」と言えるでしょう。

春のイカナゴ（最近は不漁でご無沙汰ですが）や夏の玉ねぎ小屋のたまねぎの香りなどとともに、淡路を訪れた際は淡路の風を是非とも感じてください。



私が初めて淡路島を訪れたのは、2010年8月、大学院修士1年の夏休みでした。方言調査のため淡路市の東浦、南あわじ市の三原、福良、沼島などを回り、一つの島であっても南北で違いが大きいことを実感しました。以来、現在まで、たびたび調査で淡路島を訪ねています。

淡路島と言えば、たまねぎ、人形淨瑠璃、柴右衛門（しばえもん）などが知られていますが、



タモリ倶楽部に出演して

木部 嘴子（B02班分担研究者；国立国語研究所）

5月17日放映の「タモリ倶楽部」に出演しました。テーマは「方言を音楽で斬る。」

なんでも、ミュージシャンで京都精華大学の特任教授でもある岸田繁さんがツイッターで、

「関西弁、特に京都弁はアタック弱めディケイ長めで独特。ストレートとスウェイの間をペターペターと歩くようなフロウ。関東弁のちっさい「つ」が多用されるスタッカート気味にスウェイするフロウとサブディビジョンの単位が違う。」（2019年2月26日）

「福岡弁とかは子音にアクセント付いてる感じがするのに、母音にコンプ掛かっててコシがある感じ。関西弁ほど音程の高低差無いのにメロディアスに聴こえる。」（2019年2月26日）

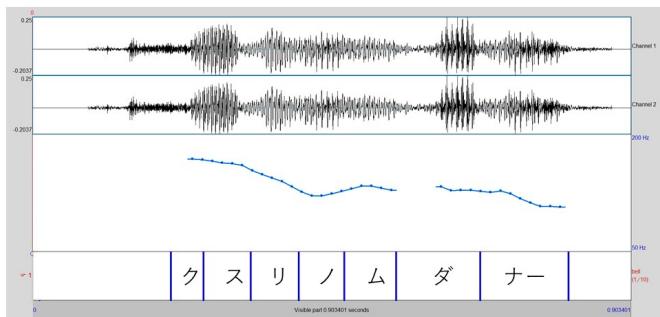
とつぶやいたのをきっかけに、番組のディレクターさんが「方言の喋りを音楽的視点で分析」する番組を企画しようと思ったのだそうです。

出演者は、きっかけを作った岸田繁さん、シンガーソングライターの高橋優さん、ロックやメタルに造形の深いフリーライターの竹田砂鉄さん、それにもちろんタモリさんと司会の大木さん。この方々が方言を音楽的に分析し、それが的を射ているかどうかを専門家の立場から判定する、その専門家に抜擢されたわけです。

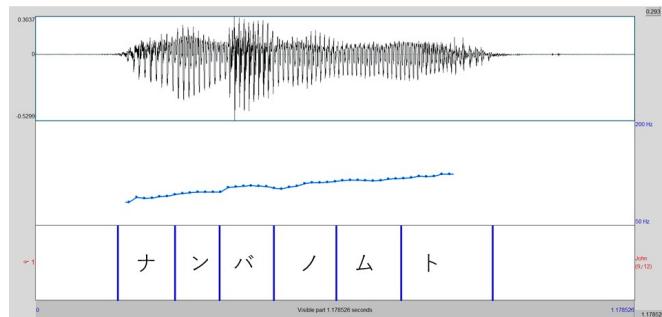
4月の最初にディレクターさんから相談があり、おもしろそうなのでお引き受けしたものの、私はロックやメタルなど聴いたことがなく、岸田さんのツイッターを読んでも、ディケイ、フロウ、サブディビジョン、コンプなど！“# \$ % & ~ @ (ちんぶんかんぶん)。しかし、それはそれで、とディレクターさんが言うので、私はもっぱら自分の専門のアクセントやイントネーションの方面から参加することになりました。

番組は、その土地の特徴が出やすい単語を使った短い文章を各地の方言美女がしゃべり、それを出演者が音楽にたとえて分析し、私はそれを聞いて「当たっている」とか「当たっていない」とか評価するという趣向で進みます。分析結果は、さすがミュージシャン。こしがあるとか、尻下がりだととか、突然音程が跳ね上がるとか、アタック弱めとか、サロンパスをペタペタ貼るようなとか。これらは、表現こそ違え、言語学的な分析とだいたい一致しています。まあ、話したことば自体が音程とリズム、速さと強さといった音楽的要素からできているわけですから、ミュージシャンが言語分析に強いのはあたりまえかもしれません。いや待てよ、言語が音楽的要素からできているのではなく、音楽が言語的要素からできていると言うべきかも。最初の音楽は、歌だったはずですから。

青森県五所川原方言「薬を飲むか？」



福岡市方言「何を飲むの？」



この番組では最後に、各地の方言を音楽のジャンルの一つに落とし込んでいかなければなりません。取り上げたのは、津軽弁、秋田弁、京都弁、広島弁、博多弁の5つです。さあ、これらはどのようなジャンルに喻えられたでしょうか。選択肢は「カントリー」「90年代Jポップス」「シャンソン」「デスメタル」「ブルース」です。みなさんも考えてみてください。（答えは本号の28頁）

わたしの好きなヤポネシアのうた

木下尚子（B01班研究分担者；熊本大学文学部）

平安時代、男女間の機知にとんだ和歌の往復は、現代の若者の電子メールに相当するだろうか。

思ひあまりいでにし魂のあるならむ 夜深く見れば魂結びせよ

これは、男性から女性への返事の歌で、先に女性が「昨夜の夢に、あなたのお姿が現れたのよ」と言ってきたことを踏まえている。「君への愛情がありあって僕の体から抜け出てしまつた魂があるみたい。もしも夜遅く夢で僕の姿が見えたなら魂を僕の身体へもどるように魂結びのまじないをしてね」。『伊勢物語』110段（平安時代初期）にててくる話である。古代人は、相手への思いが強いと魂が身体を離れてその人のところに行くと思っていたのだろう。身体を離れた魂を呼びもどしておかないと人はうつろになつてしまうので、魂結びは是非必要である。それが実際にどういうものかはわからないが、結ぶというからには、紐状のもので結び封じる動作が伴つていたのだろう。

これに関わって思い出すのが、沖縄県西表島の祖納集落で、豆腐作りにいそしむ中年の婦人が話してくれた話である。幼児が転んだりたいそう驚いて気を動転させたりすると、母親が子供を抱いて海辺に連れて行き、身体から抜け出した魂を呼び戻してやるというのである。その婦人は掌を上に向けて海に向かってふーっと吹いて子供の手首に紐を結ぶ動作をしてくれた。1975年のことである。この話は上の魂結びとどこかで通じていないだろうか。

縄文時代の装身具である勾玉には、しばしば溝のような彫刻が全面に刻まれる。ここに紐を通して結ぶ行為が繰り返されていたらしい。魂結びの源流はこのような玉の結びにあるのかもしれない、細い刻み目を見ながらわたしは想像している。

ヤポネシアゲノム座談会～ヒトゲノムをめぐって～

太田博樹・長田直樹・河合洋介・神澤秀明・木村亮介・斎藤成也・佐藤丈寛・藤本明洋・松波雅俊ほか

++++++

5月11日の全体会議前日にゲノムデータ解析に関する講習会が開催されたあとに、一部の参加者が東京大学理学部二号館の会議室で座談会を開催しました。その内容のうちでさしさわりのない部分を紹介します。

++++++



前頁写真左から：松波雅俊、河合洋介、神澤秀明、斎藤成也、太田博樹、長田直樹、藤本明洋、木村亮介、佐藤丈寛

斎藤：自己紹介からはじめましょう。私は本新学術領域研究「ヤポネシアゲノム」の領域代表である、国立遺伝学研究所の斎藤成也です。計画研究A01班の研究代表者もつとめています。では、今年度から公募研究に入った木村さんからお願ひします。

木村亮介



木村：琉球大学医学部の木村亮介です。公募研究A04班に加わりました。2年間よろしくお願ひします。沖縄では、計画班の班員に松波さんもいるんですけども、私は特に宮古を中心とした宮古の移住と、宮古の人は沖縄の中でもちょっとphenotype（注1）が特殊だという風に言われているんですね。それが本当にそうなのかというところと集団の形成の歴史っていうところをおもに調べていきたいと思います。よろしくお願ひします。

藤本：計画研究B03班に入れていただいています、藤本明洋と申します。私がやろうと思っているのは、SNP（注2）以外のヒトゲノムのvariation（変異）を発見する方法を開発し、それを使って集団の歴史を推定することです。SNPでは見つからないような最近の集団構造、あるいは古い集団構造ですね。そういう事が見えるのではないかと思っています。具体的には

microsatellite（注3）や構造異常です。microsatelliteは突然変異率が高いので、最近の集団構造が見えるかもしません。たくさんのSNPを使う方法と、少数だけれども突然変異率の高いmicrosatelliteを使う方法のうちで、どちらがいいのかというのはわからないですが。またHLA（注4）を使うと、きわめて古い集団の歴史がわかります。HLAは非常にvariationの多いゲノム領域ですから。

斎藤：IBD（注5）も使えますよね。きわめて近い時代の歴史、とくに歴史時代の混血には興味があります。

藤本明洋



長田直樹



長田：計画研究B03班研究代表者の長田直樹です。しばらく人類学から離れていてひさしぶりに戻ってきている感じです。最近やっているのは染色体とdemography（人口動態）の関係について、ヒトだけではなくサルでも研究しています。たとえばメスが動くとミトコンドリアDNAが集団のあいだを移動する。Y染色体はオスと一緒に動くというのは昔からいわれています。そこで注目しているのがX染色体です。X染色体はメスが1匹動くと2本動く。オスが1匹動くと1本動く。このため、ミトコンドリアDNAやY染色体みたいな分かりやすさはないんですが、X染色体は組換えがあるので、統計的には高い解像度の結果をしめすことができるんじゃないかなと考えて、いまはサルのデータで検証しています。これからヒトのデータも解析して、人間の移住があったときは、男性がたくさん移住したのか女性がたくさん移住したのかという点を、X染色体をみて調べていこうと思っています。

斎藤：せっかくですから最近出た本の事を紹介してください。

長田：本はまだ出ていないのですが、6月の末に発売になるんです（注6）。北海道大学で僕が今いるところは、情報科学研究院ってところなんんですけど、バイオインフォマティクスの授業を受けもっています。バリバリのコンピューターサイエンスではなくて、バイオインフォマティクスの講義に進化学と遺伝学をうまくいれこむような内容になっています。タイトルは『進化で読み解くバイオマティクス入門』。昨日くらいに最終的にこのタイトルに決まりました。値段は3500円で、230ページくらいです。「ヤポネシア人」ということばも一言入れてあります。

太田：A04の公募で採択させていただきました、東京大学理学部の太田博樹と申します。これまでの研究は、古代ゲノムを中心とした人の遺伝的多様性と進化の研究をしてきましたが、今回この公募で採択していただいたテーマは「澎湖水道出土古人骨の全ゲノム解析」です。台湾の近くの海の中から出てきた人骨というのがあります、このDNA分析にとりくんで参りたいと思っています。この研究は、日本の国立科学博物館と台湾の国立科学博物館の共同研究の一部でもあります。



太田博樹



神澤秀明

神澤：A02班の古代ゲノム分析をする国立科学博物館の神澤秀明です。分担者で参加し、古代人ゲノムのデータ解析を担当しています。縄文人ゲノムは充実しているんですけど、それをしっかりと解析することと並行して、もっと新しい時代である弥生時代と古墳時代のデータも充実させて、日本列島の遺伝的な変遷を把握していくことをやっています。

斎藤：コメントですが、神澤さんが私のところで博士号を取られたんですが、最初に骨を切り刻むのを慣れるということで、厚生労働省から当時フィリピンから持ち帰った日本人とされている遺骨が、本当に日本人のもののかどうか調べてくれと言われて彼にお願いしました。100個体くらいありました。その後厚生労働省からさらにやってほしいと依頼されたのですが、これからは博士論文を書くから嫌だと言われて、それらがどうやら山梨大学と山形大学で検査されたらしくて。実はですね、厚生労働省のWEBサイトに全部出ているんですよ、

我々の報告書も。8年前には、学会発表もダメだと言われたんですね。

河合：B03班の分担研究者の河合洋介と申します。B03班なので、データ解析からデモグラフィーの推定をする。私自身はハプロタイプの対応を着目してヤポネシアゲノムがターゲットにしている日本に人類が入ってから以降の人類史を精密に推定します。具体的には3000年より最近の人口の変化とかも移住の様子を調べようとしています。

ゲノムデータからハプロタイプに更新していく地域から地域内の分布からハプロタイプのシェアリングからデモグラフィーを推定しようと考えています。

斎藤：河合さんはジャボニカアレイのデザインをされました。

松波：A01班分担研究者の琉球大学医学部の松波雅俊と言います。僕はもともと人類はあまりやってい

なかつたんですけど最近やり始めました。今メインは琉球大にいるので沖縄でバイオバンクの授業が始まっています、そのサンプルを集めています。沖縄県というか琉球地域には、たくさん離島があるんですけど、離島を含めた詳細な集団行動というのはわかっていないので。今続々とサンプルが集まっていますので、くわしくゲノムを読んでいくっていうのをやっていこうと考えています。

渡部：公募研究A04班の大橋順先生の研究室の博士課程3年の、渡部裕介と言います。先生の公募研究の話はくわしく把握していないのですが、実際の解析を僕もやらせてもらえると思うの



河合洋介



松波雅俊

で、よろしくお願ひします。

和久：いま、太田博樹先生の研究室で4月から特任研究員をさせていただいております。和久大介と申します。よろしくお願ひします。もともとは野生動物の研究で絶滅したカワウソの研究をやっていました。剥製からDNAを抽出して解析というのが、博士課程からの研究になります。そう言ったところでお力になればと思っております。

斎藤：カワウソというと、対馬カワウソですか？

和久：はい。それを研究しております。

斎藤：僕、対馬に2回ゆきましたよ。では次、佐藤さんお願ひします。

佐藤：A02班の研究分担者をしております、金沢大学医学部の佐藤丈寛と申します。今考えているのは、神澤さんに協力していただいて縄文人の深読みゲノム（注7）を使って、縄文人のハプロタイプの情報を活用してですね、弥生時代以降の大陸からの移住が1回なのか数回のかつていうようなことを検証してやっていきたいです。また縄文人のゲノムを解析すると、日本列島の周辺にも縄文人とaffinity（遺伝的近縁性）のある集団がいくつかあるのですが、たとえば朝鮮半島、台湾、サハリン集団のなかにある、縄文的な要素を見てゆきたいと考えています。

斎藤：台湾といえば、今度の船泊の論文（注8）で台湾原住民と縄文人が結構近縁性があるって出ていますね。僕、喜んじやって。昔からアイヌ語と台湾の言葉（オーストロネシア語族）に弱いながらも共通性があるんじゃないかと言われているんですよ。このことを昨日開催された神戸の言語学の大会（注9）で話しました。そのあと、フランスのサガールさん（注10）が僕のところに来て、あれは台湾にも縄文人的な人々が居たからではないかと。そこからもらったのと縄文人との共通性があると。神澤さんはどう思われますか。

神澤：そういう事もあり得るだろうと考えていました。



自己紹介が終わったところで、缶ビールを開けて記念撮影

左から：松波、河合、神澤、斎藤、太田、長田、藤本、木村、渡部、和久

斎藤：それでは、歴史的なところをすこし話しましょう。私、最近80歳になられた赤澤威先生が代表になられた、1989年から始まった「先史モンゴロイド」というプロジェクトに参加したのが初めてなんですよ。赤澤威先生に会ったことない人？（数人が挙手）……結構いますね。Yaponesianのゼロ号には、赤澤先生のリレーエッセイが載っていますから読んでください。

長田：そのころは、重点領域だったんですか。

斎藤：そう。重点領域研究ですね。私はなんとね、まだポスドクだったんですが、たまたま筑波大学で非常勤講義をしていたんですよ。講義していたらポスドクでも筑波大学所属でいいと赤澤先生が言ってくれて。それで重点領域に入れたんです。そしたら半年後には東京大学理学部生物学科の助手になりました。「先史モンゴロイド」の時も座談会ってあったんですよ。山口敏先生（注11）も出席されていました。そのときはミトコンドリアDNAやタンパク多型の頻度データですよ。そうすると一人の人間のデータなんてほとんどゼロに等しいんです。遺伝子型があったってたい

したことない。ところが顔は見たとたんに日本人だとわかるでしょ。僕はそのときに「形態学がうらやましい」って発言したんですよ。今は完全に逆転しましたね。だって形態なんてこうやって計っているだけでしょ。

木村：だけじゃないですよ。

斎藤：どうですか。神澤さんは国立博物館ですからね。あなたと篠田さん以外はみんな骨の人でしょ？

神澤：まあそうですね。

斎藤：ガチンコの（遺伝と形態のあいだの）バトルはないんですか？

神澤：ヒトの歴史を解明するには、ゲノムは情報がたくさんある場合はゲノムでやりますけど、骨からしかわからぬ情報もあるので。どういう生活をしていたのかとか。そういう情報を骨から読み解きましょうという方向にシフトしていっています。また古代ゲノムでも、ゲノムデータが取れる試料ならいいんですけど、取れない試料もたくさんありますし、予算もかかりますし、やはり両方必要ですね。

木村：神澤さんはなんで斎藤さんのラボに行ったんですか。なんでこの分野に興味をもったのかと思って。

斎藤：亡くなった先生の影響があったんですよね。

神澤：新潟大学で日本語の起源について研究をしていた大西耕二先生の講義を受けて。大学院は外に出たいという希望があり、そのテーマでいろいろ探して見つけました。なぜか東大の植田先生ら他の先生はそのとき引っかかりませんでしたが。

木村：僕らの頃はちょうどなんかムックがあったんですね。人類学のムック。

斎藤：AERAムック、ありましたね。

木村：(人類学者を)全員網羅するような感じで、誰がいいかなとわかりますね。人類学はあれ以来ムックがないですよね。靈長類学はちょこちょこ出している。そういう意味では今若い人たちがどうやってこの分野を選んで、先生を選んでいるのか。

長田：やっぱインターネットじゃないですかね。

斎藤：渡部さん、どうですか。なぜ、大橋研なんですか。

渡部：もともとは植田研です。

斎藤：植田研では何をやっていたんですか、修士時代は。

渡部：植田研では、ネアンデルタールの混血というか、遺伝子データに興味を持っていました。

斎藤：あとみなさんの個人史的なことでなにかどうですか。藤本さん、いかがでしょうか？

藤本：はい。わたしは杉を研究していました。植物の杉。集団遺伝を勉強して分子生物学で何か発見したいと思っていました。ヒトの研究をやろうと決めていたので修士まで勉強して、木村さんがいらっしゃった徳永勝士先生のラボに入りました。

太田：木村君を目指していたわけでなく？

藤本：初めてあった時に怖そうな顔をした人がいるなと思いました。

太田：大橋順さんもいましたよね。

斎藤：有名になったEDAR遺伝子。最初にこれだ！と見つけたのは誰なんですか。

藤本：あのときにいろんなことがあって、木村さんの研究でFST(注12)の研究で出てきたんですよね。

木村：FSTじゃなくて、long-range haplotype(注13)。

斎藤：タイかなんかの人でしょ？

木村：違います。HAPMAP(注14)のデータ解析です。

藤本：HAPMAPの論文でもFSTが一番高いと出ていたし。そうゆうチャンピオンみたいな遺伝子でした。

斎藤：なんかPhenotypeに関係あるだろうと。

藤本：その後、縮れ毛の知り合いにDNAを送ってくれって、口の中をこすってもらって。

斎藤：毛じやないかと思ったんですね。なぜですか？

藤本：毛じやないかと思ったのは、もともとEDARがおもしろそうじゃないかと話をしていて。ダーウィンも記述している有名な遺伝病の原因遺伝子です。髪や歯の形態に影響する外胚葉性形成異常っていうのがあって、それを手掛かりにして...。

河合：最初からわかつていたんですか？

藤本：最初からわかつていたんですよ。



木村：それはあの時にみんな言い出して、でも髪の毛に関しては間違いなくわれわれが最初。

斎藤：そうですか。

藤本：そうなんですよ。木村さんにたまたまタイに連れて行ってもらって。

木村：日本人は縮れ毛の人がそんなにいませんよね。

藤本：でも結局、縮れ毛じゃなく髪の太さに関連していました。

木村：縮れも太いとマイルドになるんですよね。太いと重くなりますし、重くなるとまっすぐになるし。

斎藤：直毛の方がRecessive (潜性)なんですか。

藤本：縮れ毛の原因遺伝子ってまだ遺伝子みつかってないんです。アジアでの縮れ毛の原因遺伝子はまだみつかってなくて、ヨーロッパでウェーブの角度の影響をする遺伝子がGWAS (Genome-Wide Association Study)でいくつか見つかっています。日本人ってそんなに縮れている人はいないので解析には不利な集団かもしれません。

長田：ネグリトとかはどうなんですか。縮れとか。

斎藤：縮れすごいですよ。もう、ウットリとしちゃった。縮れ毛大好きだから。

木村：アフリカ人の縮れ毛は？

斎藤：Pubic Hair (陰毛) は誰でも縮れているでしょ。それ僕わかんない。

長田：ダーウィン的な理由が欲しいんですか(笑)。縮れている方が防御力が高いんじゃないですか。

木村：EDARにはまだわからないことがあって、髪の毛細いタイプの方の方が髭が濃い。アジアタイプの人は髪の毛太くなるけど髭が薄くなる。だけど祖先形の人、沖縄タイプの髪の毛は細いけど髭は濃くなる。耳たぶとか顎とかにも関係しているんですけど。

斎藤：福耳はどっちでしたつけ。EDARがシャベル切歯(注15)でない方でしたつけ。

木村：いや、アジアの方が。

斎藤：直毛の方で、Derived (派生型)。

藤本：アジア人の方が毛が太いんだけど本数は少ないって研究があって、もしかしたら髭が濃いっていうのは、本数に関係しているのかもしれない。

木村：最近、毛の生え方についても歯の嚙頭の数とかに関係しているんですけど、そういうのがチューリングパターン(注16)で説明されるっていうことが。毛髪では太くなるとか、こっちでは細くなるとか、一律に上げるとか下げるとかではないんですね。上げすぎちゃうと無くなったりするのがチューリングパターンなので。そういう意味で、チューリングパターンで説明するできるんじゃないかと。

斎藤：ところで、船泊で縄文人のF23、女性で肌の色が浅黒いってのがあったでしょ。あれは何個の遺伝子ですか。

神澤：浅黒いってまではいきません。東アジア人と比べて少し色が濃いだろうってレベルの話で。

斎藤：佐藤さんがあまりに慎重すぎて、ヨーロッパ人(で肌の色に関連のある遺伝子も)使ったらいいっていったのに使わなくって、東アジア人しか使わなかつた。

長田：細かい形質の問題で、(遺伝的変異は)集団特有的なものが多いので、あてはまる顔とか全然違いますよね。

木村：関連変異はassociation(注17)しかないので、同じの物を持ってきてても実はハプロタイプが違う可能性がある。

斎藤：それよくわかんないけど、メラニンかなんかでしょ。そしたらCell Line(培養細胞系)で実験できないの？

木村：できます。そういうのをやった上でやるんだったらOKなんですけど。association studyでもってきたやつをやるのはちょっと危険ですね。

斎藤：僕はネグリトをやっているでしょ。ネグリトはフィリピンの肌が黒い人なんですけどね。フィリピンだけじゃなくマレーシアにもいますけど。ネグリトと縄文人が共通祖先の可能性があるんですよ。そうすると縄文人の肌の色がすこし黒かったという結果がすばらしい。で、シミはどうなんですか。

神澤：シミは、論文がいくつかありますけど、同じの変異でもシミは関係あるっていうのと....

佐藤：有意にassociationがあるっていう論文と、P値(Probability value)が有意にならなかつた論文とあるんで、P値が有意になった論文を書いた方は科博で研究をしていた方なので、まあそちらの....

神澤：見てるもののが違うんだった気がしますが....

佐藤：そう、老人性のシミと若い人のそばかすだから違うものを見ているんですよね。

神澤：今回女性のは年齢がいっているもんで、老人性のシミがあるって仮定してやるぶんには問題ないだろうと。

斎藤：話は変わって、僕の「うちなる二重構造」では、東北の人にはアイヌの影響はない、という主張なのですが、これはどうですか。埴原和郎さんにも松村博文さんにも骨から見て東北の人は二重構造で説明している。

太田：縄文的な集団の中にアイヌの人もいたし、必ずしも現代のアイヌの祖先ではない人もいた。アイヌは文化ですよね。縄文も文化ですが、縄文の子孫に縄文のカテゴリーにアイヌの祖先だけじゃなくて、その後にヤマトに征服されて文化を失った集団もいたって。そういう可能性もありますよね。

木村：北海道でアイヌが成立したあとに南下したって事実はないんですよ。

斎藤：もっと前。

木村：もっと前、同じ縄文時代に同じ文化圏だったってのは、ひょっとしたらあるのかもしれない。逆に東北縄文の人がアイヌの影響をおよぼしているってのはもちろんある。

太田：旧石器時代からいた可能性があるんだから。

河合：続縄文の人が北東北のあたりまで南下したりは？

木村：それは微妙で、続縄文時代に東北縄文人が北上して南北海道あたりに影響を及ぼしたっていうのが。

河合：私が読んだ本だと、弥生時代が弘前のあたりまで来たんだけど滅びて、続縄文文化が南下ってきて弥生時代がしばらく続いたという。

斎藤：後は古墳時代以降ですもんね、阿倍比羅夫が出てきますから。3種類あるんですよね、蝦夷には。一番北がツカル。ツカルっていうのは、私の読んだ本では、アイヌ語でアザラシ。あとはアラエミシとニギエミシ。ニギってのは熟したという意味。私の「うちなる二重構造」モデルでは、エミシとエゾは全然違う。そういう説なんですがどうですか。DNA的に違うという主張なのですが。

太田：祖先が共通かどうかってことですか。ある程度、gene flow（遺伝子流入）がなければ生物学的に独立していくけど、おおもとがいつしょかどうかというのは。．．

斎藤：たとえば、東北地方のアイヌ語地名ってありますよね。ナイとかベツとか。あれを残した人々は結局、大和朝廷が一生懸命プッシュしたから北海道まで移って、アイヌの祖先になった。

河合：東北地方だけアイヌの地名に残ってるっていうのは？

斎藤：それは、続縄文の時にはいたという。それは瀬川拓郎さんもいっている。そうすると、その後の空白のニッチは、関東とか東北、北陸から大和朝廷に引きずられてきた人々が来て、そして。．．

河合：そうすると蝦夷ってなんなんですか。

斎藤：だから内なる二重構造でいうと周辺の人です。

河合：違う言語を喋ってた。

斎藤：違う言語。それは日本語ですよ。

河合：エミシオサとは、通訳がいないと会話ができなかつたって。

斎藤：だって、与那国島でもわからなかつたでしょ。僕は大学3年の時に千葉県の五井ってところに行って、市原の近くですよ。発掘実習をやっていたんですよ。おばさんたちが言っていることが、まったくわからなかつた。千葉県でわからなかつた、ショックでしたね。唯一わかつたのがメークイン。ジャガイモの品種名です。

河合：坂上田村麻呂が何と戦っていたのか、まったくわからない。捕虜を捕まえて日本中に移したり、明らかに自分たちとは違うと認識して扱っているってのは、不思議でしょうがないです。

注1：表現型。遺伝学の用語であり、遺伝子によって生じる形態などを指す。

注2：Single Nucleotide Polymorphism。日本語では「単一塩基多型」と訳します。スニップと発音することあり。

注3：1～5塩基を単位として直列に並んでいる塩基配列が単位数を変える変異。STR (Short Tandem Repeat)変異とも呼ぶ。

注4：Human Leukocyte Antigen (ヒト白血球抗原) の略。遺伝的多様性がきわめて高いことが知られています。

注5：Identity By Descent (由来によるDNAの同一性) の略称。

注6：本号8頁の「自著紹介」をご覧ください。

注7：次世代シークエンサーで大量の短い塩基配列を生成して、ヒトゲノムを数十回、数百回も重ね読みすること。

注8：北海道礼文島の船泊縄文人ゲノム解析の論文。5月に刊行した季刊誌Yaponesianはる号の論文紹介をご覧ください。

注9：本号12頁をご覧ください。

注10：Laurent Sagart。オーストロネシア語などの言語を専門とする言語学者。

注11：日本を代表する自然人類学者のひとり。『日本人の生き立ち』(1999、みすず書房)など著書多数。

注12：集団間の遺伝的差異を相対的にあらわす指標。

注13：組換えがなく長い塩基配列が共通であるゲノム領域を発見して統計解析をする方法。

注14：欧米が中心となった国際組織で多数の人類集団のSNPタイピングや最近は全ゲノム配列を決定している活動。

注15：下顎切歯の裏側周囲が盛り上がり、シャベルのような形態となっていること。

注16：チューリングが理論的に発見した空間的なパターン生成メカニズム。

注17：関連。統計学の用語。

=====

21頁「タモリ倶楽部に出演して」クイズの答え：津軽弁=シャンソン、秋田弁=カントリー、京都弁=ブルース、広島弁=90年代Jポップス、博多方言=デスマタル

ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー

★2019年度(第2年度)

- 9月11日(水) 午後 日本遺伝学会年会にてヤポネシアゲノムのシンポジウム(福井大学)
 9月15日(日) 総括班会議・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)
 9月24日(火)~25日(水) 第1回くにうみミーティング(淡路夢舞台)
 9月24日(火) 上記くにうみミーティングで斎藤成也領域代表が「歴史早わかりセミナー」第二回を講義
 10月5日(土)~6日(日) 日本地理言語学会第1回大会(青山学院大学) B02班の遠藤光暉研究代表者が主催
 10月12日(土)~13日(日) 日本人類学会大会(佐賀大学) A02班の篠田謙一研究代表者が主催
 10月14日(月) 篠田謙一A02班代表と藤尾慎一郎B01班代表が日本人類学会大会公開講演会で講演
 10月15日(火)~19日(土) 米国人類遺伝学会(Houston, USA)
 10月26日(土)~27日(月) 日本考古学協会第86回総会(岡山大学) B01班の清家章研究分担者が主催
 11月7日(木)~9日(土) Asia-Pacific Conference of Human Genetics(Manila)
 11月8日(金) 日本人類遺伝学会大会(長崎)にてヤポネシアゲノム関連のシンポジウム
 11月9日(土) 篠田謙一A02班代表 講演(日本人類遺伝学会大会公開講演会)
 11月15日(金) 斎藤成也領域代表 講演(宮城県大河原町)
 11月16日(土)~17日(日) 日本言語学会(名古屋学院大学)
 11月16日(土)~17日(日) 那覇市内で、琉球に関する文理融合シンポジウム(言語班分担研究者の狩俣が主催)
 11月22日(金)~25日(月) 斎藤成也領域代表と遠藤光暉B02班長が上海で開催される進化言語学国際会議で講演
 11月24日(日) 神澤秀明・斎藤成也 講演(古代出雲人人骨研究報告会・都内島根イン青山)
 11月27日(水)~29日(金) 日本DNA多型学会大会(京都)
 12月1日(日) 神澤秀明・斎藤成也講演(古代出雲人人骨研究報告会・出雲弥生の森博物館)
 12月7日(土) 斎藤成也領域代表 講義1(創企舎ソフィ・名古屋市)
 12月8日(日) 斎藤成也領域代表 特別講演(泌尿器抗加齢医学研究会・東京)
 12月15日(日) 斎藤成也領域代表 講義2(創企舎ソフィ・名古屋市)
 2020年1月16日(木) 斎藤成也領域代表 講演(ゲーテの会・国際高等研究所)
 1月11日(土)~13日(月) 言語学B02班会議(千葉大学)
 1月25日(土)~26日(月) 考古学B01班会議(国立歴史民俗博物館)
 3月28日(土)~29日(日) 全体会議(国立遺伝学研究所)

★2020年度(第3年度)

- 2020年4月~2021年3月 新学術領域研究ヤポネシアゲノムの総括班メンバー 講演(名古屋NHK文化センター)
 2020年6月 新学術領域研究ヤポネシアゲノムの中間評価報告を提出
 2020年6月27日(土)~28日(日) 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
 2020年6月29日(月)~7月2日(木) 分子進化学の国際会議SMBE2020(Canada, Quebec)
 2020年8月23日(日)~25日(火) ゲノム概念誕生百周年記念国際シンポジウム(沼津駅前) 斎藤成也領域代表ら主催
 2020年9月3日(木)~6日(日) 日本進化学会年会(琉球大学) A03班研究代表者の木村亮介らが実行委員会メンバー
 2020年9月上旬 ヤポネシアゲノム新学術領域研究公開講演会(那覇市内)
 2020年10月9日(金)~10日(土) 日本人類学会大会(甲府市) A02班研究分担者の安達登が主催
 2020年秋 日本人類遺伝学会大会(名古屋市)
 2021年冬 全体会議(国立国語研究所) B02班研究分担者の木部暢子が主催

=====
 領域事務局: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 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
 領域ツイッター: <https://twitter.com/hjjcEU7wFHUBIaM>

雑誌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

第1巻はる号 発行:2019年9月21日 印刷:2019年9月30日

人名索引
 赤澤威・・25
 麻生玲子・・2, 17
 阿部訓也・・4
 阿倍比羅夫・・28
 五十嵐陽介・・3
 池上二良・・19
 池田秀俊・・4
 岩田礼・・12
 石黒直隆・・1
 伊藤剛・・1
 植田信太郎・・9, 11
 遠藤俊徳・・1, 2, 9, 14
 遠藤光暉・・2, 12
 太田博樹・・22, 24, 26, 28
 大館智志・・13
 大西耕二・・26
 大野晋・・3
 大橋順・・26
 長田直樹・・2, 8, 10, 11, 14, 22, 23, 25-27
 風間伸次郎・・2, 18
 犬俣繁久・・12
 河合洋介・・10, 22, 24, 26, 28
 神澤秀明・・9, 10, 12, 22, 24-27
 岸田繁・・21
 岸本真琴・・13
 木下豪太・・4
 木下尚子・・2, 22
 木部暢子・・2, 17, 21
 木村亮介・・22, 23, 26-28
 桑山崇・・4
 五條堀淳・・10
 斎藤成也・・2, 9, 10-12, 22-28
 坂上田村麻呂・・28
 サガール・・12, 25
 佐藤丈寛・・10, 22, 25, 27
 里村和浩・・1, 14
 篠田謙一・・2, 7, 11
 城石俊彦・・4
 鈴木博之・・12
 鈴木仁・・1, 2, 4, 9, 13
 鈴木史己・・12
 清家章・・2, 18
 瀬川拓郎・・28
 高橋優・・21
 竹田砂鉄・・21
 田口善久・・12
 田窪行則・・2, 3
 タモリ・・21
 張涵之・・12
 上屋公幸・・4
 テオドシウス・ドブジヤンスキイ・・8
 徳永勝士・・26
 トマ・ペラール・・3
 内藤健・・1, 9
 中澤光平・・20
 布目三夫・・4
 濱田武志・・12
 花田耕介・・1
 林由華・・9
 服部四郎・・3
 増原和郎・・27
 ビビる大木・・21
 藤尾慎一郎・・9
 藤本明洋・・2, 10, 15, 22, 23, 26, 27
 増田隆一・・1

松波雅俊・・10, 22, 24
 松村博文・・27
 宮本一夫・・12
 本川雅治・・13
 森脇和郎・・4
 八木堅二・・12
 山口敏・・25
 湯浅浩史・・14
 米川博通・・4
 季婷・・12
 和久大介・・24, 25
 渡部大・・14
 渡部裕介・・24, 26
 Bui Tuan Hai・・13
 Kistler・・14
 Kryukov A.P.・・4
 Laurent Sagart・・28
 Le Duc Mihn・・13
 Li Yue・・13
 Mark Pagel・・12
 Ruth Mace・・12
 Thomas E. Currie・・12
 Timothy A. Jinam・・9
 =====
 用語索引
 アオッサ・・9
 アズキ・・1
 アルタイ諸言語・・19
 淡路島・・2, 20
 淡路島夢舞台・・10
 栗津湖・・14
 イカナゴ・・20
 伊勢物語・・22
 一斉放散・・4-6
 イネ・・1
 うちなる二重構造・・27, 28
 エノコログサ・・1
 エーヤリヨーナー・・17
 風の又三郎・・2
 国生み神話・・20
 くにうみミーティング・・2, 10
 言語学大辞典・・19
 國際中国語学会・・12
 國際ヤボネシア札幌研究会・・13
 国立科学博物館・・11
 国立国語研究所・・17
 五斗長垣内遺跡・・20
 古代DNA分析・・7
 古墳時代・・18
 次世代シークエンサー・・7, 15
 時代別国語大辞典・・19
 柴右衛門・・20
 シベリア・・19
 首長墳・・18
 消滅危機方言・・17
 所有人称接辞・・19
 進化で読み解くバイオインフォマティクス入門・・8, 16, 23
 制御領域・・4
 前方後円墳・・18
 祖納集落・・22
 高松茶臼山古墳・・18
 たまねぎ・・20
 タモリ俱楽部・・2, 21
 チトクロームb遺伝子・・4

チューリングパターン・・27
 長江上流域・・5
 津軽海峡冬景色・・11
 デニソワ人・・7
 東京外国语大学アジア・アフリカ言語文化研究所・・12
 東京大学理学部二号館・・22
 突然変異率・・23
 鳥浜貝塚・・14
 鳴門海峡・・20
 南方系亜種系統・・6
 西表島・・22
 二重構造モデル・・7
 ニホンオオカミ・・1
 日本遺伝学会福井大会・・9
 日本人になった祖先たち・・7
 人形淨瑠璃・・20
 沼島・・20
 ネアンデルタール人・・7
 バイオインフォマティクス・・8, 23
 ハツカネズミ・・4
 波照間島・・17
 ハプロタイプ・・5, 6
 ハマダイコン・・1
 ひざご・・14
 ヒグマ・・1
 ヒョウタン・・1, 2, 14
 福井県人・・9
 福井大学・・9
 平安時代・・22
 ベトナム・・13
 母音交替・・19
 方言・・9
 方言スイッチ・・17
 マウス・・1
 勾玉・・22
 マッピング・・15
 御食国・・20
 ミトコンドリアDNA・・4, 7, 13, 23
 ヤボネシア人の三重構造・・9
 弥生時代・・9
 やる気スイッチ・・17
 ユーラシア・・4
 リード・・15
 歴史はやわかりセミナー・・10
 列島日本人・・9
 Burrows-Wheeler変換・・16
 BWA・・15, 16
 CAS・・4-6
 demography・・23
 DOM・・4
 HLA・・23
 IBD・・23
 JSPS研究拠点形成事業・・13
 HLA・・23
 IBD・・23
 JSPS研究拠点形成事業・・13
 microsatellite・・23
 mtDNA・・4
 MUS・・4
 Mus cervicolor・・13
 phenotype・・23
 SNP・・23
 variation・・23
 X染色体・・23

新学術領域ヤポネシアゲノム
季刊誌
第1巻なつ号
2019年9月発行