

# *Yaponesian*

## 第4巻 はる号 2022年6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：琉球大学医学部名誉教授 石田肇	3頁
第3回くにうみミーティングの報告（長田直樹）	4頁
著書紹介：篠田謙一『人類の起源』（篠田謙一著、中公新書、2022）	5頁
論文紹介1：藤原一道（GBE掲載論文；マウスゲノム）	6-9頁
論文紹介2：鈴木留美子（iScience掲載論文；ピロリ菌ゲノム）	9-11頁
ソフトウェア紹介13：SLiM 長田直樹（B03班研究代表者）	12-13頁
遺跡めぐり1：五斗長垣内遺跡（河合洋介）	13-14頁
遺跡めぐり2：縄文時代の玉作り遺跡（大坪志子）	15-16頁
動植物ゲノム紹介：ウルシゲノム（菅裕、公募研究A04班研究代表者）	16-18頁
ことばめぐり：下ネタのことばより見えたる語源学の奥義（セリック・ケナン）	19-21頁
しまめぐり：五島列島（吉浦孝一郎）	21-22頁
わたしの好きなヤポネシアのうた：コンドルは飛んでいく（瀧上舞）	23頁
ヤポネシアゲノム関連行事カレンダー・奥付	24頁
人名索引・事項索引	25頁

### 表紙カバーの説明

上：藤原一道ら（2022、Genome Biology and Evolution）Fig. 2 Admixtureの一部（本誌論文紹介1を参照ください）

下：鈴木留美子ら（2022、iScience）Fig. 2 ピロリ菌ゲノムの系統樹（本誌論文紹介2を参照ください）

Yaponesian  
領域代表からのメッセージ

斎藤 成也（国立遺伝学研究所 集団遺伝研究室）

本新学術領域「ヤポネシアゲノム」の季刊誌Yaponesian第4巻はる号をお届けします。今回のリレーインタビューは、形態人類学研究者である琉球大学医学部名誉教授の石田肇先生にお願いしました。昨年の11月28日に開催した埴原和郎の二重構造モデル論文発表30周年記念シンポジウムでも発表していただきました。つぎに、今年の3月15日から17日まで三日間にわたり開催されました第3回くにうみミーティングの報告を、主催者である長田直樹（計画研究B03班研究代表者）がおこないました。また著書紹介として、A02班の研究代表者である篠田謙一（国立科学博物館長）が、今年2月に中公新書として刊行された『人類の起源』を紹介しました。

今回の論文紹介は2編です。ひとつは、計画研究A03班研究代表者である鈴木仁（北海道大学名誉教授）と計画研究B03班研究代表者である長田直樹（北海道大学准教授）、計画研究B03班研究分担者である河合洋介（国立国際医療研究センター）ゲノム医科学プロジェクト副プロジェクト長、理化学研究所バイオリソース研究センターのグループおよび私によってGenome Biology and Evolution誌に掲載されたマウス3亜種98匹のゲノム解析です。筆頭著者である藤原一道さん（北海道大学の大学院生）が紹介されました。ゲノム配列が決定されたこれらの野生マウスは、国立遺伝学研究所でながく研究された故森脇和郎先生が収集をはじめられたものです。もうひとつの論文は、公募研究A04班研究代表者である山岡吉生（大分大学医学部教授）によってiScience誌に掲載されたピロリ菌ゲノムの解析結果です。筆頭著者である鈴木留美子（国立遺伝学研究所斎藤成也研究室特任准教授）が紹介されました。沖縄で発見されためずらしいピロリ菌の系統について、興味深い結果が得られています。研究紹介は今回はおやすみです。

ソフトウェア紹介第13回は、長田直樹（計画研究B03班研究代表者）が、集団遺伝学で用いられる前向きシミュレーターSLiMを紹介しました。今回の遺跡めぐりは、ふたつあります。ひとつは第3回くにうみミーティングのあいだに参加者が訪れた、弥生時代後期にあたる淡路島の五斗長垣内遺跡であり、河合洋介（計画研究B03班研究分担者）が紹介しました。もうひとつは縄文時代後期に人々が暮らしていた熊本県菊池市の三万田東原遺跡であり、熊本大学埋蔵文化財調査センターの大坪志子先生が紹介されました。動植物ゲノム紹介は、ウルシのゲノム解析の現状について、県立広島大学生物資源科学部の菅裕教授（公募研究A04班研究代表者）が紹介しました。ことばめぐりは宮古語の「陰核」について、国立国語研究所のセリック・ケナン助教（公募研究B04班研究代表者）が内容的に関連する単語の音韻変化も含めた一連の推理をおこなっています。しまめぐりは、長崎県の五島列島について、吉浦孝一郎（長崎大学医学部教授）（計画研究A01班研究分担者）が紹介しました。「わたしの好きなヤポネシアのうた」は、私を含めてかなりの数のヤポネシア人が大好きで、でもヤポネシアというよりは南米を歌った「コンドルは飛んで行く」を、国立科学博物館人類研究部の瀧上舞（計画研究B01班研究協力者）が紹介しました。

今回も編集作業が遅れたため、6月になってからの刊行となりましたが、今回もりだくさんの内容となりました。なお、特別号として、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を文字にしたもの刊行する予定でしたが、編集作業が遅れています。もうしばらくお待ちください。

Yaponesian

# リレーインタビュー

## 頭骨の非計測的形質の研究

**石田肇 博士** (形質人類学者、琉球大学医学部名誉教授)

今回は、ヒトの頭骨の非計測的形質の解析を長年されてきた石田肇先生にインタビューしました。石田先生は1956年北海道のお生まれで、琉球大学医学部人体解剖学講座の教授をされていましたが、この3月末に定年退職されました。

石田先生は1981年に山形大学医学部をご卒業後、長崎大学医学部の助手に着任されました。1984年には札幌医科大学に移られ、助手、講師を経て、1991年に助教授に就任されました。そして1998年に琉球大学医学部解剖学の教授に就任されました。教授に就任された最初の年に、沖縄に呼んでいただいた記憶があります。また2017年から4年間、琉球大学医学部の学部長を務められました。現在は、現在沖縄県内のある病院に勤務されています。

長崎大学医学部では内藤芳篤教授に、札幌医科大学では百々幸雄教授に師事し、これら2先生のほか、長く国立科学博物館人類研究部の部長をつとめられた山口敏先生からも薰陶を受けられました。

石田先生は、人類学の研究では、一貫して形態小変異と呼ばれる、頭骨の非計測的特徴の解析に取り組みました。形態小変異とは、たとえば、眼窓上神経溝が孔になっているか切痕となっているかというものです。このテーマは、山口敏先生や百々幸雄先生から受け継がれたもので、伝統的な骨の計測と異なり、発掘で発見された部分的な骨からも特徴をみいだすことが可能です。百々幸雄著『アイヌと縄文人の骨学的研究～骨と語り合った40年』（東北大学出版会、2015年）によれば、頭骨の形態小変異として、22種類が列挙されています。石田先生の研究グループは、沖縄県内の頭骨を多数解析して、石垣島や宮古島の人々がややアイヌ人に近いことをしめし、アイヌ・沖縄の二重構造モデルを支持しました。

私は、遺伝性が高いと言われているこれら形態小変異に興味を持ち、頭骨全体をCTスキャンにかけばきっと生身の人間から形態小変異を観察できるだろうと考え、石田先生にお願いして、琉球大学医学部放射線科でわたし自身が被験者となって撮影していただきました。その結果、日本人に頻度が低いラムダ骨（頭骨の後ろにある五角形の骨）を持っていましたことがわかりました。なお、当時石田先生の講座の准教授（今年4月から教授）だった木村亮介先生（新学術領域研究ヤポネシアゲノムの公募研究代表者）もご自身の頭骨のCTスキャンをとられました。その後百々幸雄先生もご自身のCTスキャンを撮られたそうです。

今後はこのような生体での形態小変異を大規模に調べて、それらの人々のゲノム配列と比較すれば、あるいは形態小変異を生じるゲノム上の塩基サイトを解明できるかもしれません。退職されたあとも、石田先生にはこれらの研究の指導をしていただければと期待しております。



石田肇先生  
(石田先生よりいただく)

## 第3回ヤポネシアゲノムくにうみミーティングの報告

長田 直樹（北海道大学大学院情報科学研究院）

「第3回ヤポネシアゲノムくにうみミーティング」が開催されましたので、その内容についてご紹介いたします。くにうみミーティングはヤポネシアゲノム領域内の若手研究者の交流を促進するために行われているものです。2022年3月15日～17日の3日間にかけて、兵庫県淡路夢舞台において、現地参加とオンライン参加とのハイブリッド開催を行いました。昨年度行った第2回くにうみミーティングは直前にコロナウイルス流行の影響で会場が閉鎖されてしまいオンラインのみの開催となっていましたが、今回はなんとか現地で開催することができました。現地参加15名、オンライン参加10名、計25名の方々にご参加いただきました。

ハイブリッドの開催となりましたが、できる限り現地開催の良さをひきだしたい、ということで、実行委員の先生方と事前に何度も打ち合わせをし、いくつかの企画を行いました。ひとつ目は現地参加者のみで行われた「ワールドカフェ」と呼ばれる形式のグループディスカッションです。経験者の松波雅俊先生（琉球大）に取り仕切ってもらいました。いくつかのテーブルに分かれて決められたテーマについてのディスカッションを行うのですが、テーブルごとにテーマを決め、参加者がぐるぐるテーブルを回って色々な議論をしていくというものです。テーマは、「人類の交流・交雑について」、「日本語の祖語について」、「10年後の教科書について」、「異分野の連携について」の4つでした。各々の専門に近いものもあればそうでないものもあり、色々な人の意見を聞いたり、自分の意見を述べたり、参加者同士の距離を縮めるアイスブレイクとしても非常に有益だったという意見をいくつもいただきました。今後も発展させる形で似たようなことができると考えております。

もう一つの試みは、2日目の午後を利用した五斗長長垣（ごっさかいと）遺跡の視察です。会場からバスで30分の距離にある弥生時代の遺跡は、比較的最近見つかったものです。好天にも恵まれ、素晴らしい体験になりました。詳細については今号の遺跡紹介をご覧ください。

他にも、初学者・異分野研究者向けの「歴史はやわかりセミナー」や「くにうみやわらか講座」などを企画として行いました。考古学のやわらか講座では琉球大学の山極海嗣先生に講演をお願いすることができました。考古学の基本的な考え方について教わった後に遺跡の視察に向かうことができたので、有意義な講義だったと思います。日常生活から離れ普段とは違った時間過ごすことによって、研究生活に新たな活力を得ていただけたのであれば幸いです。最後に、この場を借りて実行委員の皆様と、現地参加していただいた斎藤代表にお礼を申したいと思います。今年度も同様の企画を行ないたいと考えています。5年間のヤポネシアゲノム最後のくにうみミーティングとなりますので、ぜひ多くの方に参加していただければと思います。スケジュールなどの詳細については決定次第お知らせいたします。



会議終了後の集合写真

Yaponesian  
著書紹介

篠田 謙一 (A02班 研究代表者 国立科学博物館)

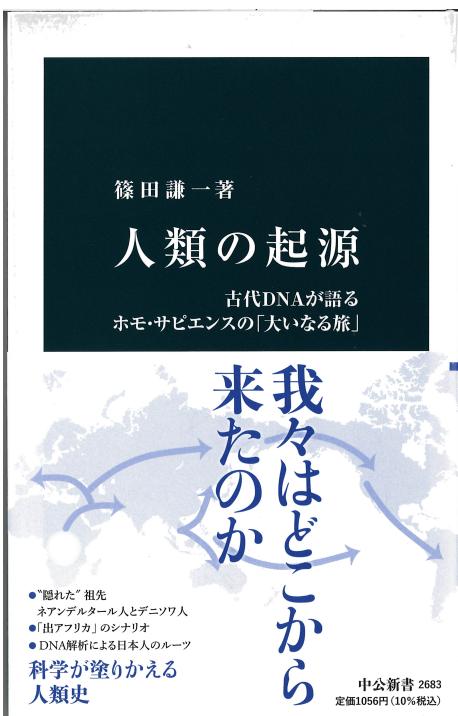
人類の起源—古代DNAが語るホモ・サピエンスの「大いなる旅」(中公新書、2022)

新型コロナウィルス感染症のパンデミックは、私たちの生活のあらゆる分野に甚大な影響をあたえました。たいていは迷惑な話ばかりでしたが、個人的に唯一ありがたかったのは、退職に伴うさまざまな行事が全部中止になったことです。おまけに厳しい行動制限が続いたことで出張などが不可能になり、退職前の1年間はぽっかりと穴が空いたような状況になりました。そこで、中央公論新社から古代ゲノムの新書を書くように誘われていたこともあり、退職を区切りとして、これまでの古代ゲノム解析の状況をまとめてみることにしました。ちなみに担当の編集者は、考古班の藤尾先生が書かれた『日本の先史時代—旧石器・縄文・弥生・古墳時代を読み直す』(中公新書2654) の編集を手がけた人でした。

本書にも書きましたが、ここ10年ほどの古代ゲノム解析の進展によって、古人骨から抽出した大量のゲノムデータが蓄積され、それを元にした数多くの論文が毎月のように世界のトップジャーナルに掲載されています。そのフォローアップは記憶力の衰えた私には大変で、とりあえず重要なものはメモを取りながら読んでいました。本書は、そのメモを元に書き進めたものです。ただし、2020年から21年にかけては世界の各地、特にアジアの古代ゲノムの論文が次々に発表されたので、どこまでを本書に盛り込むのか、大変に悩みました。そこで最終的には退職に合わせて2021年3月までに出版しようと思っていた予定を1年先延ばしすることにして、2021年11月までに出版された論文を元にして本書を書き上げました。ですから古代ゲノムによる人類拡散のシナリオとしては、この時点までの報告ということになります(ただしアフリカの初期のホモ・サピエンスであるオモ・キビシュの年代に関しては、2021年1月末に出た新たな結果を校正段階で反映させています)。ここ数年間のこの分野の学術的な成果は、新書を1冊書くほどになっているということは、考えて見れば凄いことです。

さらにその後も、ヨーロッパでは地域ごとに詳しいホモ・サピエンスの拡散の状況を明らかにした論文が出版されていますし、bioRxiv(バイオアーカイブ)には日本人の起源にも関係する韓国の古人骨ゲノム論文が発表されています。早晚、本書の内容が古くなってしまうことは避けられませんが、一般に新書は賞味期限!が短いものと認識されていますので、このような媒体は古代ゲノム研究の結果を発表するのに適しているのだろうと思います。5年もたてば新たな本を書く必要があると思いますが、それはヤポネシアゲノムに関わった若手の人たちにお任せしたいと思います。

一方タイトルとした「人類の起源」は大上段に振りかぶったもので、本書の内容にはそぐわないのではと思いましたが、これは出版社の方からの強い要請があった結果です。個人的にはサブタイトルの方をタイトルとしたいと思っていました。商業出版では、まず一般読者に手に取ってもらうことが重要ですので、タイトルはキャッチーなものである必要があります。このあたりの感覚は、研究者は持ち合っていないことが普通ですが、本科研費のタイトルである「ヤポネシア科研」は、ふり返ってみればなかなかのものだったと感心しています。



Yaponesian  
論文紹介 1

藤原 一道（北海道大学 情報科学研究院 博士課程大学院生）

全ゲノム解析で明らかになったユーラシア大陸のハツカネズミ  
(*Mus musculus*) の集団構造

論文タイトル : Insights into *Mus musculus* population structure across Eurasia revealed by whole-genome analysis

掲載誌 : *Genome Biology and Evolution* (2022年, 14巻, 5号, evac068) doi.org/10.1093/gbe/evac068

著者 : 藤原一道, 河合洋介, 高田豊行, 城石俊彦, 斎藤成也, 鈴木仁, 長田直樹

ハツカネズミ(*Mus musculus*)は医学・生理学研究において用いられる代表的な実験動物としてよく知られています。実験動物として最初に確立した近交系(継続した近親交配によって遺伝的なバックグラウンドを揃えた系統)のハツカネズミは、ヨーロッパにおいてペットとして親しまれていたハツカネズミと、東アジアにおいてペットとして親しまれていたハツカネズミの掛け合わせによって生まれたことが分かっています。これらの掛け合わせに用いられたペットとしてのハツカネズミは、野生のハツカネズミを掛け合わせて作られていることから、実験系統のハツカネズミも元を辿れば野生のハツカネズミの遺伝的要素の影響を多分に受けています。しかしながら、野生ハツカネズミの、とくに常染色体における世界的な規模での遺伝的背景は今まで明らかになっていませんでした。本研究では、ユーラシア大陸の幅広い地域から集められた野生ハツカネズミの全ゲノム配列を決定し、その遺伝的多様性を解明しました。

ハツカネズミはインド亜大陸北部が起源であるとされており、主要な3つの亜種が存在しているとされています。それらの3亜種は、*M. m. domesticus* (略称 : DOM) がヨーロッパ西部・アフリカ大陸・南北アメリカ大陸・オーストラリア大陸に、*M. m. musculus* (略称 : MUS) がユーラシア大陸北部に、*M. m. castaneus* (略称 : CAS) が南アジア・東南アジアにそれぞれ生息していると考えられています。野生ハツカネズミはヒトの移動に密接に関係していると考えられており、アフリカからやってきたヒトの移動とともに生息域を広げ、とくに1万年前から始まる農耕文化の発展以降、個体数を爆発的に増やし世界中に拡散していったと見られています。その後、世界中に分散した各野生ハツカネズミ亜種は、亜種間の2次接触により遺伝的混合が生じたようです。有名な2次接触による雑種地帯としてはドイツ-チェコ国境や、ユトランド半島、中国大陸、イラン、日本などが知られています。

今までの野生ハツカネズミを用いた研究では、ミトコンドリアの特定領域 (たとえばD-Loopや*Cyt b*) や常染色体の限られたSNP、もしくはマイクロサテライトなどを用いた研究が主に行なわれてきました。本研究ではハツカネズミの研究に生涯をささげた故・森脇和郎博士によって長年かけて収集されたMoriwaki Batteryと呼ばれるサンプル群と、ヤポネシアゲノムA03班研究代表者である鈴木仁博士が集めたサンプル合計98個体の全ゲノム配列を決定しました(図1)。このデータセットはユーラシア大陸の広範囲の地域から収集されており、今まで遺伝的リソースとして不十分であったアジアにおけるCASのデータが多く含まれています。全核ゲノム配列の決定に加えて、完全ミトコンドリア配列も決定し、その成果は既に鈴木仁博士によって発表されています(Li et al. 2021)。情報量の多い全核ゲノム配列を用いることで、今まで判明していたこと以上に詳細な解析が可能となり、ユーラシア大陸にどのように3亜種が存在しているのか、さらにそれらの亜種がど

*Yaponesian*  
のような集団史を経てきたのかを明らかにする事を可能としました。

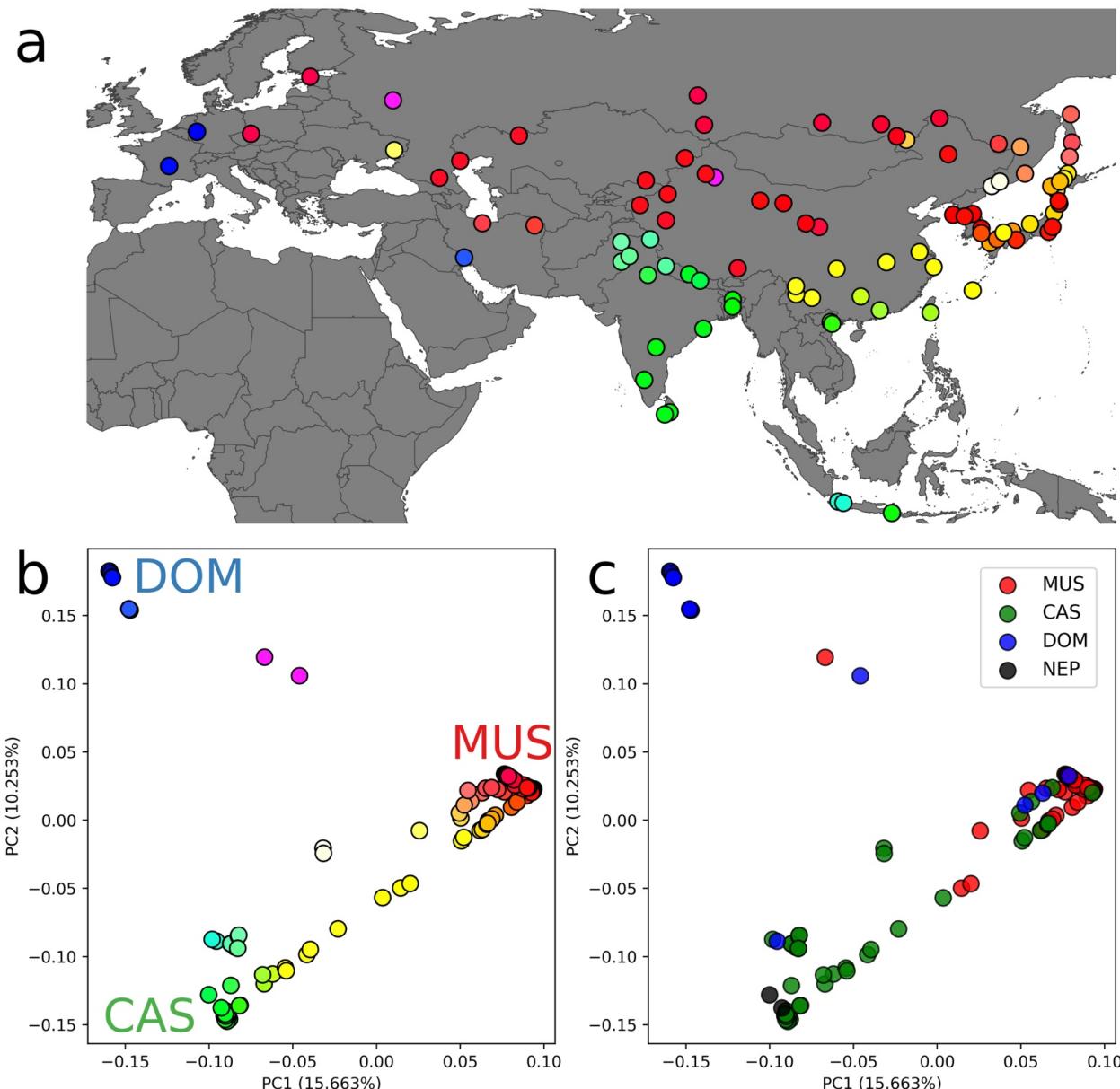


図1：今回解析を行なった野生ハツカネズミサンプルの採取地点と主成分分析  
(a)野生ハツカネズミのサンプル採取地点(色は(b)の結果と紐づいています)。  
(b)野生ハツカネズミの主成分分析の結果。中間色は雑種個体を示します。  
(c)(b)の主成分分析の結果をミトコンドリアハプログルーピングでラベリングしたもの。NEPはネパール由来の個体を示します。

今回の研究における全ゲノム解析から、今まで考えられてきたように野生ハツカネズミは主に3つの異なる遺伝的特徴から構成されていることが示され、この3つの遺伝的特徴がそれぞれ3亜種に該当することが示されました(図1)。また、今まで考えられていた以上に東アジアにおける野生ハツカネズミは、異なる2つの亜種に由来する遺伝的特徴を持つ交雑個体が広く分布していることが示されました。日本においては*M. m. molossinus*と呼ばれるMUSとCASの交雑による亜種が生息していると考えられてきましたが、中国大陸においてもMUSとCASの交雫個体がほとんどを占めていることがわかりました。東南アジアの個体についても、今まで純粋なCASだと考えられてきましたが、実際にはわずかながらも別亜種との交雫が生じている証拠が見られました。また、

## Yaponesian

ヨーロッパ西部のDOM、ヒマラヤのCAS、韓半島のMUSが現在生息している個体群として最も亜種間の遺伝的な交雑が少ないことも示されました。野生ハツカネズミの3亜種は元々それぞれ別の地域に生息していたところ、ヒトの移動と共に移動したことによって亜種間の遺伝的な交雫が生じたと考えられます。また、主成分分析の結果から、核ゲノムが示す3亜種の遺伝的特徴と、ミトコンドリアハプログループとの間で不一致が生じていることが分かりました。特にMUS個体において、CASやDOMなど異なる亜種のミトコンドリア配列を持っていることが見られました。

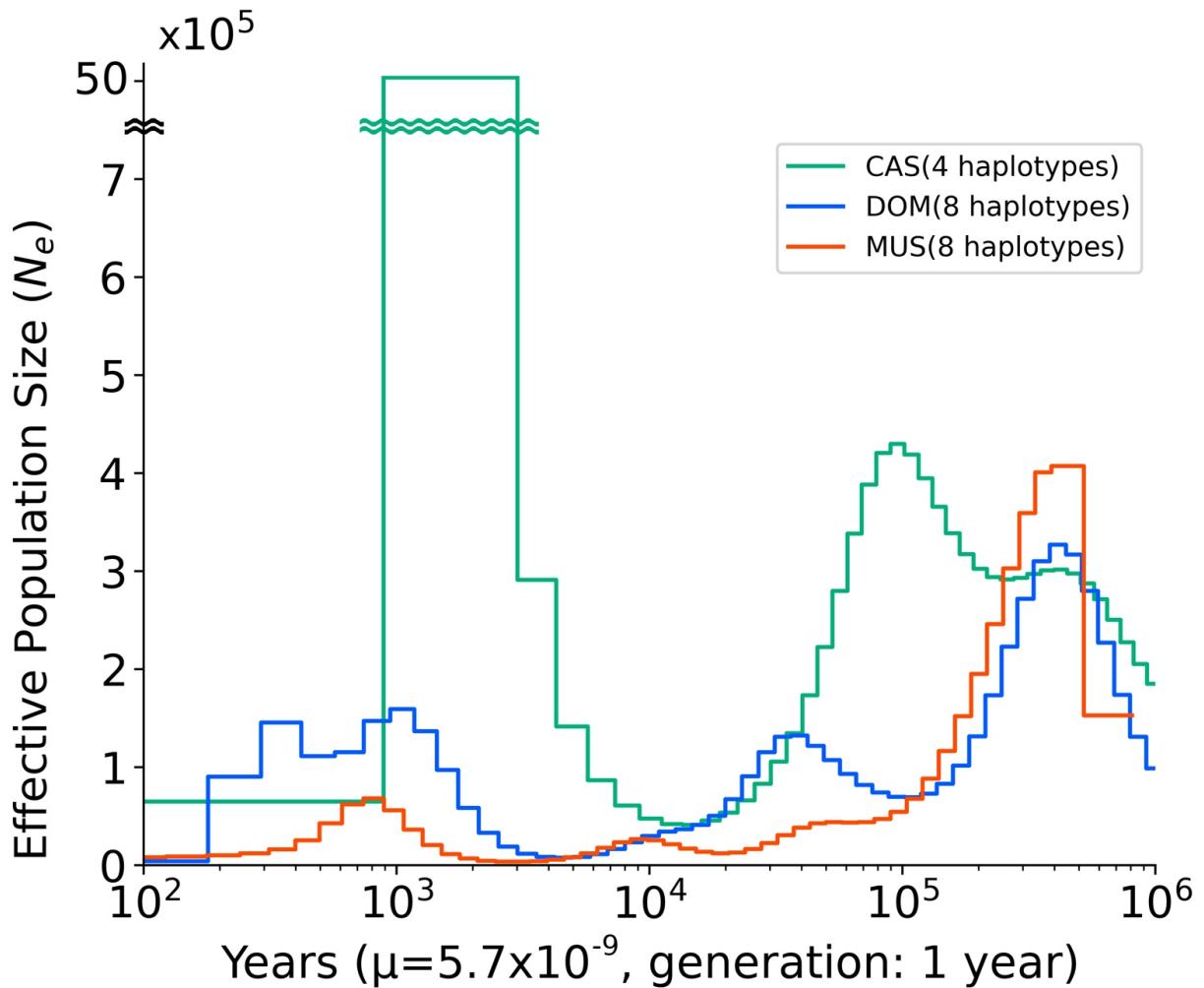


図2：3亜種の有効集団サイズ推定

さらに集団間の分岐年代を推定したところ3つの亜種はおよそ20万年前ごろにはほぼ同時に分岐したことがわかりました。また、この3亜種の関係はCASとMUSが最も遺伝的距離が近いことも分かりました。有効集団サイズの推定では最終氷期後ではCASが最も爆発的な個体数の増加を経験しており、これは亜種が生息する地域の気候や農耕文化が関係していると考えられます。さらに、韓半島にたどり着いたMUSは2,000~4,000年ほど前に集団サイズの減少を経験しながらも定住し、その後日本列島にMUSが渡ってきたと見られる知見も得ることができました(図2)。

この論文で解析したデータセットから、野生ハツカネズミの遺伝的背景について多くの知見を得ることができました。いまだ、野生ハツカネズミの遺伝的多様性については多くの謎が残っていますが、今回解析を行なった野生ハツカネズミの全ゲノム配列データは世界中の研究者に対して公開されており、未来の野生ハツカネズミ研究にとって非常に重要な遺伝的資源となり得る考えています。現在、この野生ハツカネズミの全ゲノム配列は論文執筆時の98個体から136個体まで拡

充しており、日本産のサンプルも2倍に増加しました。今後は日本列島へのヒトの移入という観点と結びつけて、より詳細な解析を行うことを計画しています。

参考文献：

Li Y., Fujiwara K., Osada N., Kawai Y., Takada T., Kryukov A. P., Abe K., Yonekawa H., Shiroishi T., Moriwaki K., Saitou N., and Suzuki H. (2020) House mouse *Mus musculus* dispersal in East Eurasia inferred from 98 newly determined mitogenome sequences. *Heredity*, vol. 126, pp. 132-147.

---

## 論文紹介 2

鈴木 留美子（国立遺伝学研究所斎藤成也研究室）

### ピロリ菌で探る日本列島への人類移動

論文タイトル：*Helicobacter pylori* genomes reveal Paleolithic human migration to the east end of Asia

掲載誌：*iScience* (2022, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2022.104477>)

著者：Rumiko Suzuki, Naruya Saitou, Osamu Matsuari, Seiji Shiota, Takashi Matsumoto, Junko Akada, Nagisa Kinjo, Fukunori Kinjo, Kuniko Teruya, Makiko Shimoji, Akino Shiroma, Mototsugu Kato, Kazuhito Satou, Takashi Hirano, Masahiro Asaka, Kirill Kryukov, Yoshan Moodley, and Yoshio Yamaoka

#### 要約

*Helicobacter pylori*（ピロリ菌）は、胃炎、胃・十二指腸潰瘍、胃がんなどのリスクを高める厄介者である一方、原生人類がアフリカで暮らしていた時代に感染を確立し、その後、出アフリカの旅を共にしてきた道連れでもあります。強酸性・低酸素という胃の中の特殊な環境に適応したピロリ菌は外界では増殖できず、宿主特異性があるため媒介生物もいません。また、感染力が弱いので免疫が未発達な乳幼児期に、親密に接する人から感染します。出来合いのベビーフードもなかつた古代では、親が噛んで与えた食物が感染源になることもあったでしょう。

上記のような性質のため、ピロリ菌の系統関係はヒトの系統関係をよく反映し、ピロリ菌をマーカーとして人類集団の移動を追う研究がなされてきました。我々は、沖縄と北海道に日本の他の地域と異なるピロリ菌を発見し、世界各地のピロリ菌と比較してその起源を探りました。その結果、沖縄株の1グループは遠く西～中央アジア株と近縁性があり、もう1つの沖縄株グループは東アジアと北アジアの中間的な性質を持ち、北海道アイヌ株はシベリア～北米系統と近縁であることがわかりました。まだ謎は残されていますが、*Yaponesian*第3巻なつ号「研究紹介3」でもご紹介した内容が、論文として発表されます（現在印刷中です）。

#### 研究の内容

##### 謎の沖縄ピロリ菌

従来ピロリ菌は、ハウスキーピング遺伝子の配列 (multi-locus sequence typing, MLST) を用いていくつかの菌集団に分けられていました（図1：hpNEAfric 北東アフリカ、hpEurope ヨーロッパ、hpAsia2 中央～南アジア、hpSahulパプア～ギニア～オーストラリア、hspMaori 台湾～ニュージーランド、hspEAsia 極東、hspAmerind 南北アメリカ先住民）。日本本州の菌は中国・韓国と同じhspEAsia系統であり、この系統が持つ毒性の高い病原遺伝子（東アジア型CagA）が胃がんの発症率を高めていると言われてきました。

## Yaponesian

ところが大分大学と琉球大学による研究で、沖縄には系統も病原性も異なる2つの菌集団があることがわかりました（図1：hpOkinawa, hpRyukyu）。もちろん沖縄にもhspEAsiaの菌は存在しますが、それ以外にhpOkinawaが14%、hpRyukyuが16%と、低くない割合を占めています。また、hpOkinawaは病原遺伝子CagAを欠き（CagA陰性）、hpRyukyuは欧米株と似たCagAを持っています。このため、hpRyukyuは米軍関係者からの水平転移が疑われましたが、アミノ酸モチーフに日本株特有の配列が存在することからJ-Western CagA（JはJapanを表す）と名付けられ、異なるものとして認識されました。

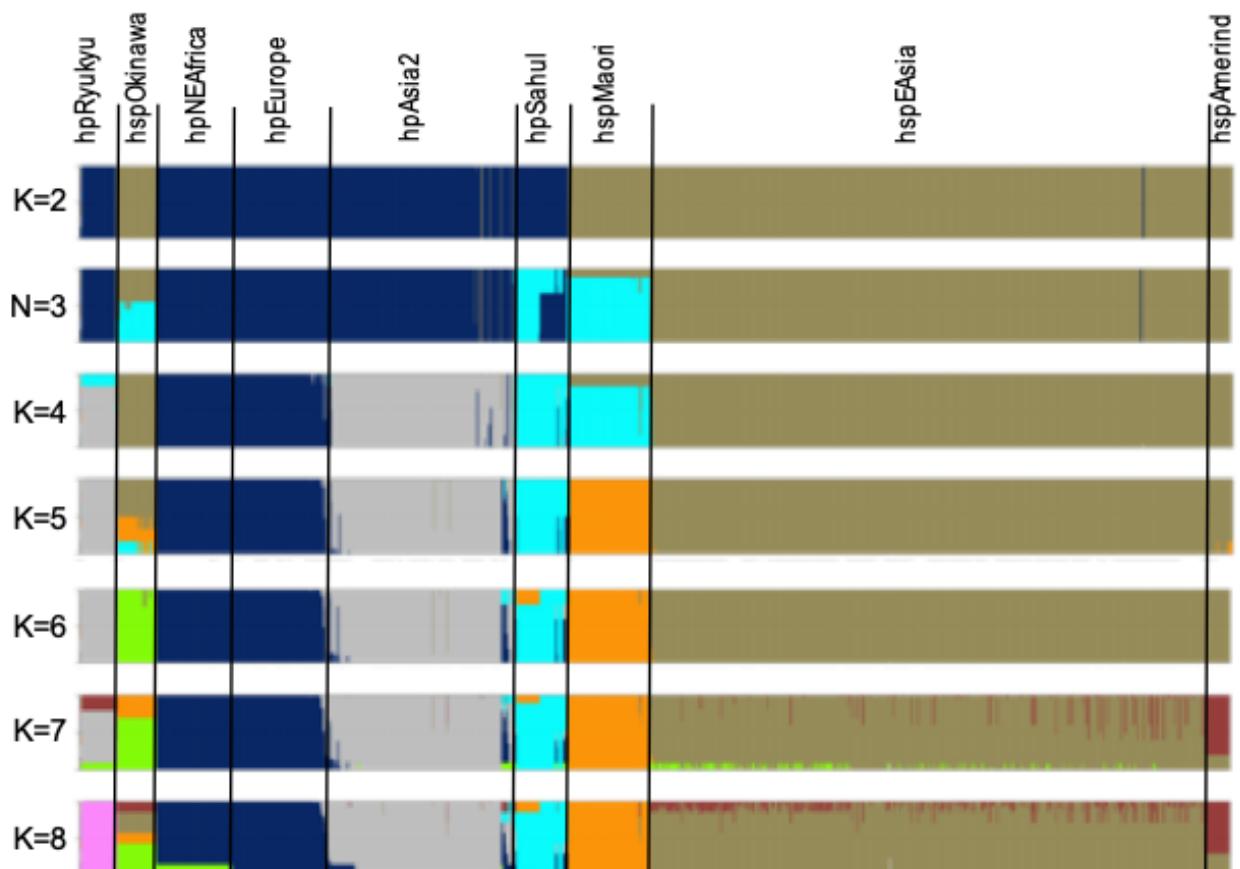


図1：MLST配列を使用した集団構造解析（STRUCTURE, admixture model）

以上はサンガーシーケンスレベルで判明したことですが、その後次世代シーケンサーを用いてピロリ菌ゲノムが読み取れるようになり、ゲノム配列に基づいた系統樹(図2)の構築が進みました。

図2に緑色の四角で示したhpOkinawaはhspEAsiaと同じサブブランチに入り、MLST解析では、約5000年前に台湾からニュージーランドにかけて拡散した人々が持つhspMaori系統との類似性が見られました。このことからは南方由来のように思われますが、CagA陰性（図2の△マーク）である点が北海道アイヌ株を含む北アジア系統のhspAmerindと共にしています。ピロリ菌は多重感染による組み替えでゲノムが混合することが知られているので、hpOkinawaは南方系の菌と北方系の菌が混ざったものではないかと考えています。大陸内で混ざってから琉球列島にやって来たのか、日本列島内で混ざったのかは今後検討する必要があります。

hpRyukyu（図2ピンク色の四角）は系統的に東アジア株から遠く離れ、hpAsia2に属するインド株より分岐が古く、なかなか近縁株がみつかりませんでした。大分大学山岡研究室にはタイ、ベトナム、ミャンマー、ラオス、バングラデイシュ、インドネシア、モンゴル、ネパール、ブータンなど、アジア各地から千株以上のピロリ菌が集まっていましたが、その中のネパール株からよ

## Yaponesian

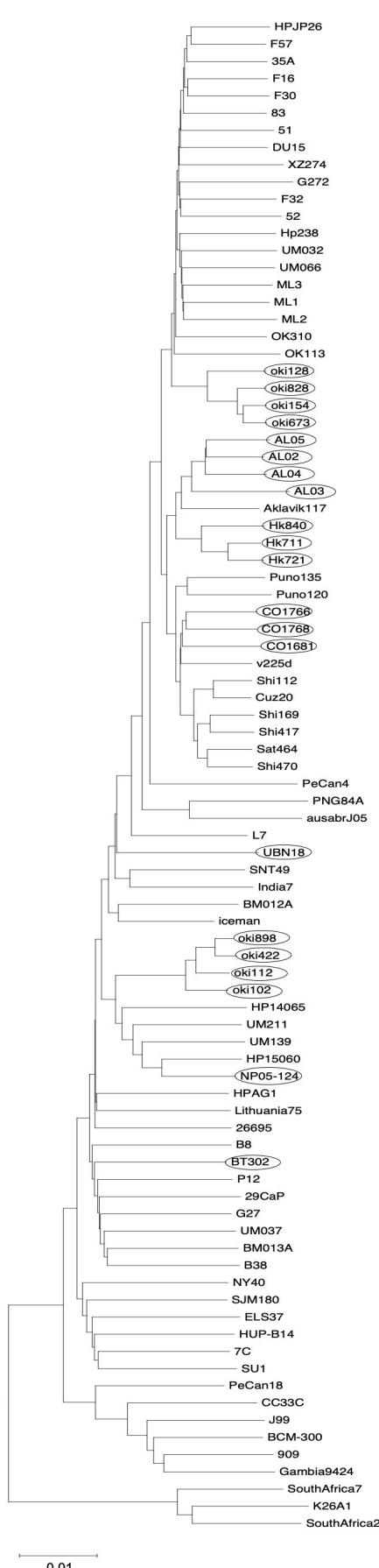


図2：ゲノム配列による系統樹

うやく2株の近縁株がみつかりました。その後も長らくネパール以外の近縁株が出ませんでしたが、他のグループが発表したデータの中に4株の近縁株がみつかり、著者に問い合わせたところ、それらがアフガニスタン、インド北西部からアフガニスタン北東部にまたがるパンジャーブ地方、そしてやはりネパールの株であることがわかりました。依然としてネパールより東では近縁株が見つかっていませんが、gene flowなどからhpRyukyu系統はヒマラヤ山脈の北側を経由した可能性が高いと考えています。ルートの候補としてはアフガニスタン北東部から中国南西部に抜けるワハーン渓谷があり、後にシルクロードの一部としても利用されています。

### 北アジア系統との関連

北に目を転じると、サンプルの中には少数ながら北海道アイヌの方々から採取された菌が存在しました（図2 Hk840, Hk711, Hk721）。これらは、系統樹では北米・南米の先住民族の人々が持つhspAmerind（図2 赤色の四角）のサブブランチに入ります。その中でもアラスカイヌイット株とクラスターを作り、オホーツク地方からの影響が推測されます。また、今回の論文には含めませんでしたが、モンゴルの株もhspAmerindに近く、興味深いことにJ-Western CagAを持つ株と、CagA陰性株の両方が見られています。

### 分岐年代の推定

各菌集団の代表株を用いてBEASTで分岐年代の推定を行った結果が表紙下の図です。この図はカリビュレーションポイントを3つ設けていますが、レビュワーから1つにしろというコメントがあり、論文中の図は変更されています。個人的には元の図の方が気に入っています。hspOkinawaに属するoki154の分岐年代は約2万年前、hpRyukyuに属するoki422の分岐年代は約2万7千年前と推定されました。これらの分岐年代は港川人骨や白保竿根田原洞穴人骨の年代と近いものですが、ヒトDNAの解析からは港川人と現代沖縄人のつながりは確認されていません。ピロリ菌はヒトそのものではないので先住集団から後続の移入者に感染した可能性も考えられますが、その場合、2集団間に継続的な交流がなければならなかつたでしょう。

### 今後の課題

hpRyukyuのように、近縁のものが少なく日本列島に孤立してみられるパターンは、ヒトY染色体ハプログループのD1a2aやミトコンドリアのM7a, N9bなど似ており、hpRyukyu宿主の遺伝的背景が気になるところです。また、今回の沖縄サンプルはすべて琉球大学附属病院で採取されたもので、地理分布もわかつていません。今後、新しいサンプルを集めてこれらの点を明らかにする計画を立てています。

## ソフトウェア紹介13

### SLiM—前向きシミュレーターについて

長田 直樹（北海道大学大学院情報科学研究院）

今回で私がYaponesianでソフトウェアを紹介するのは最後になります。コンピュータの知識があまりなくても読めるように、ということを考えながら書き進めていきましたが、その達成にはなかなか至らずといったところでしょうか。連載は残り3回となりますので、ぜひ最後までおつきあいいただければ幸いです。

私の最後の紹介は、SLiMと呼ばれるフォワードシミュレーターです。シミュレーターとはコンピュータ上で現実に即したなにかを再現するプログラムを指します。現実の物理法則をコンピュータ上で再現した物理シミュレーターは、手間のかかる現物作成や大掛かりな実験を行わずにものの挙動を調べることができますので、基礎研究から製品開発までさまざまな分野で用いられています。また、「地球シミュレータ」というスーパーコンピュータシステムの名前を聞いたことのある方もいるかもしれません。これは天候予測など地球規模のシミュレーションを行うためのシステムになります。これらのシステムはこれから何が起こるのかという将来を予測するために用いられることが多いですが、進化の解析においては、過去に何が起きたのかということを明らかにするためにシミュレーションが用いられます。時計の針を巻き戻して生物の進化の歴史を検証する方法は存在しないからです。たとえば、シミュレーションで大量にデータを生み出し、それらと観察結果をすり合わせることによって、集団の分岐年代などの歴史を推定することが可能になります。

ゲノム解析におけるシミュレーションとは、集団遺伝学的プロセスを再現するプログラムを指します。集団遺伝学的プロセスとは、集団内の個体間で交配が行なわれ、メンデルの法則にしたがってゲノムが伝達される過程のことを言います。たとえば、コンピュータのなかに仮想の雄雌個体をたくさんつくり、雄と雌を交配させ子供を作っています。一定の確率で個体が死亡していくようすれば、そのコンピュータの箱庭のなかには仮想の集団が作り上げられ、世代ごとに突然変異によりゲノムが変化する条件を付けくわえることにより時間とともに進化していきます。ただし、集団の進化を考える場合には最低でも1000人くらいの規模のシミュレーションが必要ですから、実際には計算コストが膨大になるために、計算の工夫やモデルの単純化が行われています。

最初の例のように、時間が進むにしたがって集団が進化していくようなものを前向きシミュレーションと呼びます。その一方、現在ある個体から祖先を遡っていくことにより進化を逆にシミュレートする方法を後ろ向きシミュレーションと呼びます。後ろ向きシミュレーションは計算効率が非常に良いので、多くの集団遺伝学解析で用いられていますが、自然選択がはたらかず中立な場合での利用が基本となります（後ろ向きシミュレーターであるmsについては第11回に紹介がありました）。また、特殊な交配様式などを仮定した複雑な条件下でもうまくはたらきません。そのような場合には計算時間はかかるけれどもより柔軟な前向きシミュレーションを行う必要があります。

SLiMはEidosというRに似たコンピュータ言語で作られた前向きシミュレーターで、現在バージョン3が公開されています [1]。米コーネル大学のBenjamin C. Haller博士とPhilipp W. Messer博士が作者となっており、マニュアルだけで700ページ以上がある凄まじいソフトウェアです。さらに、このEidosというコンピュータ言語はBenjamin C. Haller博士が一人で作ったものとなっており、どれだけの時間を使えばこのようないいものが作れるのか不思議なくらいの労力が注がれています。

ます。SLiMの特徴はその柔軟性です。実行時間さえ気にしなければ、考え付く限りの多くのモデルを再現することが可能でしょう。一般的なライト・フィッシャーモデル（任意交配している集団のすべての個体が世代交代とともに一斉に入れ替わるモデル）だけではなく、個体ごとの寿命や交配相手を見つける確率を変化させることも可能です。また、ゲノムの塩基配列自体をシミュレートすることができます。さらに、任意交配ではなく、2次元平面上に配置された個体が周囲の個体と競争しながら進化していくといったシナリオを考えることも可能です。

最初に述べた通り、前向きシミュレーションの欠点は計算量です。自然選択やライト・フィッシャーモデル以外のシナリオを考える場合は前向きシミュレーションを、そうでない場合は計算の早い後ろ向きシミュレーションを行うといったような検討が必要でしょう。集団遺伝学解析の良いところは、得られたデータを用いて、感覚的ではなく、ある程度定量的な評価ができることがあります。そのためにもこれらのシミュレーターを用いて、自分がもっている観察結果がどのくらいの確率で起こり得るものなのか、ある統計量を計算したときにその統計量がどのくらいの意味をもつのかなどについて、シミュレーションを用いて検討しておくと良いと思います。

[1] Haller, B.C., and Messer, P.W. (2019). SLiM 3: Forward genetic simulations beyond the Wright–Fisher model. *Molecular Biology and Evolution* 36(3), 632–637. doi: 10.1093/molbev/msy228.

---

## 遺跡めぐり1：五斗長垣内遺跡を訪れて

河合 洋介 (B03班研究分担者 国立国際医療研究センター・ゲノム医学プロジェクト)

第3回くにうみミーティングの2日目に五斗長垣内遺跡を訪れた。五斗長垣内は「ごっさかいと」と読む難読地名である。五斗長は遺跡のある淡路市黒川にある集落の名前だが、元々は垣内遺跡と呼ばれていた。しかし周辺のカイト（開戸）遺跡と混同を避けるために五斗長垣内遺跡と改名されたそうである。淡路島には古代に遡ることのできる地名が多い。たとえば難読地名でもある倭文（しとおり）は平城京の木管にその名を確認することができる。五斗長がどこまで遡れる地名なのはわからないが、遺跡の発見は2004年と比較的最近のことである。2004年に淡路島に接近した台風23号がもたらした土砂災害の復旧の過程で発見された遺跡で、2006年から2010年にかけて発掘調査が行われ、2012年に国の史跡に指定された。この遺跡は弥生時代後期の集落跡で、丘陵地に東西に広がる尾根の上に存在する。遺跡のもっとも高い位置から見ると淡路島の西側の播磨灘を望むことができる（写真1）。発掘により23棟の竪穴建物跡が見つかり、そのうち12棟には鍛冶に使われた炉があることからこの集落は鉄器などの道具を加工する工場の役割を果たしていたと考えられている。鉄製の鎌や農機具も発見されており、幅広い鉄製品を製造していたようである。今回の見学では淡路市教育委員会の伊藤宏幸氏から詳しい発掘の経緯を聞く機会に恵まれた。写真2は遺跡で実際に鉄器の製造が行われていることを証明するために行った鍛冶作業の再現実験についてを復元された竪穴建物の中で聞いている様子である。

観光ガイドには五斗長垣内遺跡は鍛冶屋の村と紹介されることが多いがこの遺跡には人が住んでいた痕跡はほとんどないようである。弥生人はこの遺跡の周辺に住み鉄器工場に出勤していたのだろう。実際、五斗長垣内移籍の周辺には同時期の遺跡が複数ある。現在のこの地区は棚田が広がる田園地帯であるが、当時は最先端技術を持つ技術者が集まるシリコンバレーのような存在だったのかもしれない。

参考文献：伊藤宏幸・大石雅一・足立敬介編、五斗長垣内遺跡発掘調査報告、淡路市埋蔵文化財調査報告書第8集、2011



写真1 遺跡から見える播磨灘の眺め



写真2 鍛冶作業の再現実験の説明をする伊藤宏幸氏（写真右）

## 遺跡めぐり2：熊本県菊池市 三万田東原遺跡

### 大坪 志子（熊本大学 埋蔵文化財調査センター）

雄大な阿蘇外輪山の西側には、有明海に向かう河川の浸食によつていくつかに分かれた台地が広がっています。その一つ、花房台地に九州の縄文時代後期後葉（約3,400年前）の土器型式「三万田式」の標識遺跡「三万田東原遺跡」が立地しています（図1～3）。台地上は水が乏しい場所ですが、遺跡近くの台地崖には近年まで湧水地点があつたといい、縄文人はこの湧水を利用したのでしょう。「三万田」という地名は、細川藩時代の村名の名残で、遺跡が三万田の東に位置することから、最初の発掘調査時にそのまま遺跡名にしたようです。遺跡の範囲は、南北約300m、東西約500mとされます。

遺跡発見の経緯は、熊本県の考古学の発展に尽力した当地出身の教員であった坂本経堯のもとに、学生が採集した遺物をもたらしたことと言われています。本遺跡の最初の発掘調査は、熊本県出身の財界人本山彦一の支援を受けて、1931（昭和6）年に坂本が実施しました。1934（昭和9）年の第2回（通算3回目）の発掘調査では、西日本初の土偶が出土しています。計3回の発掘調査で出土した膨大な土器資料をもとに、坂本・小林久雄・乙益重隆等の熊本県下の研究者により「西平式」と「御領式」の間に「三万田式」が設定され、現在も九州の土器編年研究上の重要な位置を占めています。

さて、この三万田式の頃、鮮やかな緑色の石を加工した玉（アクセサリー）文化が始まります。お腹の抉りの形がカタカナの「コ」の字状の「コの字形勾玉」と呼ばれる九州独特の勾玉、管状の管玉、ビーズ状の小玉の3種類を基本セットとし、このほか三万田の名を冠する独特の形をした三万田型垂飾という玉もあります（図4）。かつて、この緑色の石はヒスイ、孔雀石、蛇紋岩、緑色片岩などと考えられていましたが、2006（平成18）年に三万田東原遺跡で採集した原石を分析（偏光顕微鏡観察・粉末X線回折・蛍光X線分析）した結果、「クロム白雲母」という石であることが判明しました。さらに追跡調査をしたところ、クロム白雲母製の玉は九州一円および西日本に広がっており、縄文時代後期後葉～晩期初頭の日本列島には、「東のヒスイ」と「西のクロム白雲母」の二つの玉文化が存在していたことが明らかになりました。

クロム白雲母製の玉の製作について、その道具や工程などの詳細は長らく不明でした。三万田東原遺跡では、玉の完成品以外にも未完成品や原石を採集でき、玉の製作遺跡である可能性が高いと考えられたため、私は三万田東原遺跡の発掘調査を計画しました。そして、2017（平成29）～2019（令和元）年に、坂本の最初の発掘調査から86年ぶりに、発掘調査を実施しました。

製作工程や技術を復元するために、通常の掘削では見逃してしまう微細な遺物を徹底して回収することにしました。梁池地区のIV地点（図1）では、竪穴建物の一角とその周囲の土の全てを、膨大な時間をかけ、根気よく、1mmメッシュの篩いにかけました（図5）。篩に残った土は、さらに大学に持ち帰り、精査しました。その結果、約2,400点に及ぶクロム白雲母と滑石の小玉の未完成品や原石や破片（約65%が5mm以下）

（図6・8・9）、そして穿孔具（石錐）（図10）が得られました。また、小玉を専属的に製作していた三万田東原遺跡では、玉の製作遺跡で出土すると考えられている溝（筋）砥石が出土せず、手に持って玉の加工・研磨に用いたと考えられる石器（持ち砥石：図7）が多数出土しました。熊本県下の他の遺跡と比較したところ、他の種類の玉、特に管玉を製作していた遺跡では溝（筋）砥石が出土しており、作る玉の種類で砥石が異なることが分かりました。これらから、小玉製作の一連の工程と技術、道具類を復元することができました。このほか、出土した多くの原石の特徴や遺跡周辺の地質などから、未発見のクロム白雲母の原産地の新たな候補地も浮上しました。

三万田東原遺跡には、これまでの発掘調査で少なくとも時期の異なる集落が2地点あったと推察されます。そのうちの一つは、すでにほとんどが失われたことが確認されたが、もう一つは良好な状態で残されている可能性が出てきました。今後、残された遺跡の範囲を把握し、保存・活用されることが望まれます。

#### <参考文献>

大坪志子 2021『三万田東原遺跡の研究－縄文時代後期後葉の石製装身具製作遺跡－』2017～2021年度科学研究費補助金 基盤研究（B）研究成果報告書



図1 三万田東原遺跡全景（東より）

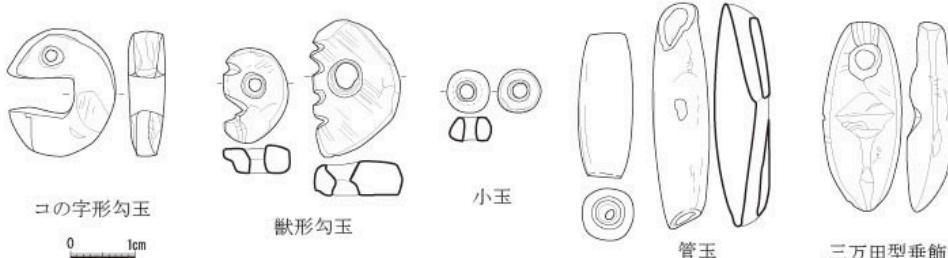


図4 九州縄文時代後晩期の石製玉類 (S=4/5)



図3 三万田東原遺跡の位置



図5 現場での篩（水洗選別）作業

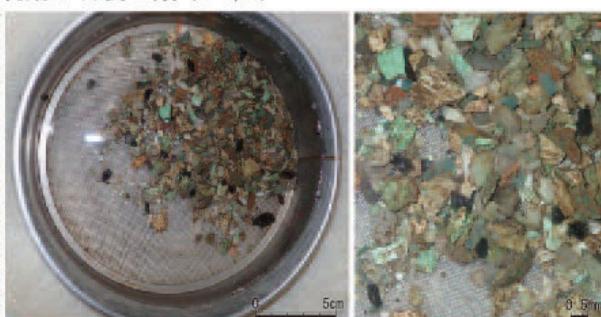


図6 選別された玉素材・破片



図7 持ち砥石

(目盛り: 1 mm)



図8 玉の原石



図9 小玉未製品 (失敗品)



図10 石錐

## 動植物ゲノムの紹介：ウルシ

菅 裕（公募研究A04班研究代表者 県立広島大学生物資源科学部）

漆を知らない日本人は、まずいまい。しかし漆器そのものや、漆を産出する樹木としてのウルシを実際に見たり触ったりしたことのある日本人はそれほど多くないのではないか。漆器は高価だし、ウルシはかぶれる。なじみがありながら、身近に見ることのないヤポネシアの植物の典型といえる。

ウルシの樹液は、適切に処理して木材などに塗ってやると、ちょっと信じられないほど硬く、

美しく固化する。プラスチック製品のない時代に、それが人々の生活にどれほどの恩恵をもたらしたか、容易に想像できる。日本人は1万年以上前からウルシを塗料や接着剤として利用してきたと言われている。その進化を探ることは、ヤポネシアの成立やその発展、他地域との交流を探るうえで有意義なことだろう。

我々は、ウルシのゲノムを解読することで、ウルシの進化に迫ろうとしている。ヤポネシアプロジェクトに採択される前から細々とためてきたデータがやっと十分な量となり、また解析ソフトウェアの性能もここ数年で長足の進歩を遂げた。解析に耐えるだけの品質を備えたゲノムDNA配列が、今やっと手に入るかもしれない。ヤポネシアの仲間である農研機構の内藤さんの助けを得て、コンティグ<sub>1</sub>の数が50以内に収まる勢いである。オプティカルマッピング<sub>2</sub>などの飛び道具を用いずにこの分野の素人が得たゲノムデータとしては、ちょっと良い数字と言えるのではないか。

内藤さんを差し置いてその手法を詳しく解説するわけにはいかないが、簡単に言うと、多型<sub>3</sub>配列をうまく処理してやることが最大のポイントである。実際にアセンブラー<sub>4</sub>が吐き出した一次データを細かく見てやると分かるのだが、どうやらウルシでは一もしかすると植物では一般に一多型がかなりしっかりと維持されているらしく、これがコンティグ同士の結合を妨げる主要因となっている。酷い場合は何十万塩基対にもわたつて延々と、ずいぶんと異なる配列が多型として存在する領域があり、しかも大量のトランスポゾン<sub>5</sub>がそこに飛び交った跡が見られる。こんなものがちゃんと対合するのか不安になるほどである。互いに似てはいるが明らかに異なる配列に出くわした時、これが多型なのか、それともゲノムの異なる場所に含まれる異なる配列なのか、慎重に判断してやらねばならない。我々は（といっても私一人だが）それを手作業で丁寧に行なうことで、これ以上はつながらない（つなげるにはある種の「仮定」を導入してやる必要があり、それは人為的に過ぎる）というところまで品質を高めることができた。かなり面倒ではあったが、妙な中毒性のある作業であった。私は、ウルシ研究にカブれてしまった上に、そのゲノムにもハマってしまったようである。

```
-rw-r--r--- 1 hsuga hs-puh 2349459 5月 31 13:4
-rw-r--r--- 1 hsuga hs-puh 1477 5月 31 13:4
-rw-r--r--- 1 hsuga hs-puh 1213361 5月 31 13:4
drwxr-xr-x 2 hsuga hs-puh 4096 5月 31 13:4
-rw-r--r--- 1 hsuga hs-puh 23080 5月 31 13:4
drwxr-xr-x 2 hsuga hs-puh 4096 5月 31 14:1
-rw-r--r--- 1 hsuga hs-puh 5447 5月 31 14:1
[hsuga@gwB1 braker_restart]$ N50.rb genome.fa
# scaffolds: 37
# bases: 444,228,782
# largest: 30,288,998
N50: 21,099,203
N90: 7,110,150
[hsuga@gwB1 braker_restart]$
```



図1 何度も「搔か」れて満身創痍の8月のウルシ。この時期に採取された樹液は「盛漆（さかりうるし）」と呼ばれる。漆を取り巻く世界には美しい日本語がたくさん残っている。

図2 この値を見よ！本稿提出当日の核ゲノム配列スタッツ。

## *Yaponesian*

現在、このゲノム配列を出発点に、そこにどのような遺伝子が含まれているか、そしてその遺伝子はどのような時に働き、どのような時に休んでいるか、RNaseqという手法で得たデータを重ね合わせて調べ上げようとしているところである。本当はその結果まで書きたいのだが、原稿の締め切りが本日までなのでここで終わらざるを得ない。実は原稿の依頼自体がつい先日であった。そうした無茶ぶりは既にヤポネシアプロジェクトの一部といっていいだろう。皆が苦笑いしながら代表に必死についていく（あるいは追いかける）ヤポネシアスタイル、私は嫌いではない。

さて、この作業が終われば、次はいよいよ外国のウルシのゲノムとの比較により、ウルシが一体どこからやってきてどのようにヤポネシアに広がったのかを解明する、もっとも重要な解析が待っている。ウルシは中国由来というのが多くの研究者の見解であるが、遺跡の遺物を調べる限り、現時点では日本の記録の方が古い。これをもって漆文化は日本発祥であると唱える研究者もいたくらいである。ただこの2年間、新型コロナウイルスのため中国への渡航は非常に困難である。日本は出国できても中国に入国できない、あるいはその逆という状況がずっと続いている。サンプリング自体が不可能となっている。とはいってもそれを言い訳にしていてよいわけがない。厳しい戦いだが、何とかヤポネシアウルシの起源に決着をつけるべく、様々な方向性を探っているところである。

1, コンティグ：短いDNA配列を計算機的につなぎ合させた結果得られる、切れ目のないひとつなめりのDNA配列。ゲノム当たりのコンティグ数が多いほど、ゲノムDNA配列が分断されていることになり、品質が良くないとされる

2, オプティカルマッピング：蛍光を用いて、コンティグを染色体上に物理的に配置する手法。

3, 多型：（ここでは）DNA配列の個体差。2倍体の生物の場合、相同的な染色体が2本ずつセットで含まれるので、その2本の間にも多型が見られることになる。ゲノムとは、その2本をひとまとめにした「1セットの遺伝情報」であるから、多型が多いと、どうしても異なる配列をまとめあわせて無理やり中間型の情報にしてやらなければならない場面が出てくる。その際、多型の配列を誤って染色体上の異なる配列と判断したり、異なる配列を個体差に由来する多型と判断してしまったりすると、正確な「まとめあわせ」ができなくなってしまう。現時点では、最新のアセンブラーを使用しても多型か否かの判断を自動で正確に行うことは困難であるが、人の目で丁寧にみてやると、多型かそうでないかの判断はたいていの場合可能である。

4, アセンブラー：（ここでは）短いDNA塩基配列をつなぎ合せるコンピュータソフトウェア。腕に覚えのあるプログラマーが毎年のように新たなものを開発してきているが、最近は停滞気味である。個人的には、多少時間がかかるかもしれないから、多型か否かをAIで判定するようなアセンブラーが出てきてほしい。或いは、ゲノムのアセンブリを妨げるような多型は、大抵トランスポゾンや重複によってつくられているため、そういう配列を動的に除きながらアセンブリを行う仕組みができると有効かもしれない。

5, トランスポゾン：ゲノム上を勝手に移動したり、自己コピーをつくったりする、比較的短いDNA配列。「ゲノムのウイルス」といえるかもしれない。実際ウイルス由来のものも多い。本来似てはいけない（進化的に関連性のない）場所によく似た配列を持ち込むので、ゲノムアセンブリを大きく混乱させる要因となる。

Yaponesian  
ことばめぐり  
下ネタのことばより見えたる語源学の奥儀

セリック・ケナン(公募研究A04班研究代表者 国立国語研究所)

ことばには貴賤なし。大学の暖かい研究室で、心地よさげな椅子に腰を据え、高尚な文献ばかりを研究対象とする国語学の先生方とは違い、我々記述言語学のフィールドワーカーはときに田畠の泥に浸かり、ときに南島の太陽に肌を焼かれ、ナマの生活に根付いたことばを聞いて収録していく。我々は相手を選ばない。たとえ、賄賂沙汰の市長、生活保護のアル中、自慢三昧な校長先生、文字が苦手な小卒であっても、教えてもらう。そして、ことばも選ばない。村の男どもが集まる酒の席で回し酒が回され、果てしもない笑いと喧噪の中でどんな熾烈な下ネタのことばが飛び交わされようともノートを広げ、ペンを取りその土地のことばを記録する。それには大きなワケがある。あることばを知ることによって、何が分かるか分からぬからだ。難解なことばで言うと、よき科学活動につきものの「セレンディピティ」がそう要求しているのだ。これより「陰核」を意味する宮古語の表現とそれより導かれた発見について述べる。

宮古語は沖縄県の南西の方に位置する宮古群島で話されており、約40方言から成っている。宮古群島は小さな地理的空間だが、その島々で話される方言は言語的バリエーションが激しい。そのため、1つだけの方言を調べただけでは宮古語の全体像が全く把握できず、各方言をゼロから調べ上げる必要がある。私は一番最初に「陰核」を意味する宮古語をいつ、誰から、いやそれよりも、どのようなきさつで教わったのかは全く覚えていない。しかし、その単語の存在を知ってから、新たな方言を調査するときに必ず「陰核」を調べるという習慣を身につけた（上品な方に聞く際に下ネタ感のオーラを放たず、相手を不愉快な気持ちにさせないのもフィールドワーカーの技能である）。

調査の結果、宮古島の多くの方言では「陰核」のことを〈なかち〉と言う。同源のことばは離島の伊良部島の仲地にもあるが、そこでは〈なはつ〉と言う。この2つの語形の比較から、「陰核」を古く〈なかつ〉と発音していたことが推測される。語頭の〈なか〉は「中」に当たると考えられるが、語末の〈つ〉についてはよく分からない。そこで2つの可能性がある。1つは語末の〈つ〉が〈つー〉「釣針」と同源で、（上部の）真ん中の小突起であることを比喩的に表現したことばであると考えられる。しかし一方で、もっと興味深い可能性がある。〈なかつ〉が宮古語の多くの方言で〈なかち〉に変わっているわけだが、この音変化は不規則的な上で、宮古語の中ではたいへん珍しい。同じ変化が他にどの語に起きたかを見ると、これはなんと「尻」を意味する〈ちび〉にも起きているのだ。

〈ちび〉系のことばは同じ意味で琉球に広く分布しているばかりか、日本古語の〈つび〉と同源である。これは琉球諸語と日本語の直近の祖先である日琉祖語にまでさかのぼる、大変古いことばである証だ。しかし、日本古語では「尻」ではなく、「女性器」を指している。現代本土諸方言にも〈つび〉系のことばを発見することができるが、「尻」と「女性器」の両方の意味が観察される。意味変化の普遍的な傾向からすると、この2つの意味のうち「尻」の方が古く「女性器」の方が新しい（そのほかに〈ちび・つび〉が「丸い」を意味する〈つぶ〉と同根で、臀部の丸さに因んだことばであろうという根拠もある）。少しの脱線だが、フランス語でも似たような意味変化が起きており、「尻」を意味する〈cul〉は「性交」の意味も獲得している。もっとも、〈つび〉系のことばが「性交」の意味を持つ日本本土方言（徳島県美馬郡）も存在する。

肝心の「陰核」に話を戻すが、宮古語の中で生起頻度が極めて低い音変化がちょうど「陰核」

と「尻」の単語に見られるのは果たして偶然の結果によるものだろうか。日琉祖語に再建される〈ちび・つび〉は「尻」が原義であることは上で述べた通りだが、本土諸方言における意味の分布を見るに、往古より既に「女性器」の意味も兼ねていた可能性がある。そう考えると、宮古語の〈なかつ〉を〈なか〉「中」と〈つび〉「女性器」からできた複合語とみなす語源説が成り立つ（語末の〈び〉の脱落を想定する必要はあるが）。というのも、「果実の中心にある堅い部分」を意味する日本語の「さね（核）」も「陰核」のことを指しているが、その表現に込まれている「中心」という発想は〈なかつ〉 = 〈なか〉「中」 + 〈つび〉「女性器」と全く同じだ。さらに、この語源説が正しければ、「陰核」と「尻」が同じ不規則的な変化を被ったのも納得がつく。

しかし—ここから本題に入るが—宮古語の全ての方言では「陰核」のことを〈なかつ〉系のことばで表しているわけでは、決してない。宮古島より約60キロメートル西の方に離れている水納島という、最高標高13メートルの砂地だけの小島では、「陰核」のことを〈ぴぬがい〉と言う。〈ぴぬがい〉…どこからどう見てもその語源が全く理解できない。しかし、水納島の南方に約7キロメートル離れている多良間島のことばを調べると、一目瞭然となる。多良間島のことばでは「陰核」を〈ピーぬ がり。〉と言う。この表現は誰の目にも透明で、〈ピー〉「女性器」、〈ぬ〉「～の」、そして〈がり。〉から構成されている。最後の〈がり。〉は〈あぎがり。〉「喉彥」に含まれる〈がり。〉と同じだ。つまり「陰核」は〈ピー〉「女性器」の〈がり。〉であるのに対し、「喉彥」は〈あぎ〉「口蓋」の〈がり。〉である。多良間・水納では「陰核」と「喉彥」は共通点（おそらく「ぶら下がる突起」）を持つと見なされ、同じことばの〈がり。〉で表現されているわけだ。しかし、この〈がり。〉というのは何だろうか。

〈がり。〉は「あげ（鎌）」、すなわち鎌や釣針の返しの部分のことで、魚を「ひっかける」のがその機能だ。50万以上の項目を誇る『日本国語大辞典』には立項されていないが、日本古語を多く収録した平安時代末期の『類聚名義抄』には全く同じ意味で〈かり〉ということばが見える。多良間・水納の〈がり。〉と日本古語の〈かり〉は音韻的に対応し、意味が同じで、アクセントも一致しているため、偶然の類似ではあり得ない。つまり〈かり〉系のことばも〈つび〉「尻・女性器」と同じく日琉祖語から継承された、とても古いことばである。ちなみに、「亀頭冠」を指す日本語の〈かり〉も、「ひっかける部分」という明瞭な意味的な繋がりがあるため、同源の可能性がある。

さて、「ひっかけるもの」と言えば、多良間・水納の〈がギ〉「鉤」、そしてそれと同源の日本語の〈かぎ〉「鉤」がすぐ思い浮かぶ。〈かり〉「返し」と〈かぎ〉「鉤」が同じ〈か〉から始まり、同じアクセントを示し、共通の意味を持っていることはそれもやはり偶然とは考えにくい。下の表で示すように、それにさらに琉球諸語と日本語に分布し、日琉祖語に遡る〈かかる〉「掛かる」と〈かける〉「掛ける」を加えることもできる。

### \*\*ka 「ひっかける」の再建

日琉祖語	日本語	多良間	意味（原義）
* <u>kari</u>	かり	がり。	（鎌の）返し
* <u>kagi</u>	かぎ	がギ	鉤
* <u>kakar-</u>	かかる	かかり。	掛かる
* <u>kakai-</u>	かける	かきり。	掛ける
**ka			引っ掛ける

## *Yaponesian*

これらのことばはすべて共通の〈か〉、共通のアクセント、共通の意味を示しているため、同根である、つまり同一の語根〈か〉をもとに形成されていることが推測される。これは、日琉祖語が話されていたであろう時代よりもっと古い時代のことばでは「ひっかける」を意味する〈か〉ということばが存在していたことを意味する。「陰核」を調査したはずみに、〈かり〉「返し」、〈かぎ〉「鉤」、〈かかる〉「掛かる」の語群に気づき、その語群を形成する〈か〉という語根を発見したわけだ。

私は南島の小島の方言で「陰核」を調べていなければ、〈がり。〉「返し」ということばの存在を知ることも、同源の日本古語の〈かり〉「返し」を知ることも、究極的に〈か〉「ひっかける」という語根を発見することもなかった。これが下ネタのことばより見えたる語源学の奥儀である。

---

## しまめぐり：五島列島

吉浦 孝一郎 (A01班 研究分担者 長崎大学原爆後障害医療研究所人類遺伝学)

もう6年前になりますでしょうか。領域代表の斎藤先生が日本人の成り立ちを文理融合研究として新学術研究を提案したい、特にゲノムDNA解析を使った日本人の成り立ちを・・・と熱意をもって話され、長崎県で五島列島、壱岐、対馬を解析しましょうということになり、担当者となりました。翌年には、実際に研究班が組織され、とにかく一回行ってみようということになり、実際に試料収集をお願いすることになった長崎大学総合診療科の前田隆浩教授の五島検診にお邪魔させていただきました。それに合わせ、福江島と奈留島を視察（観光？？）しました。とはいいうものの、私は五島列島奈留島の出身ですので、しばらくぶりに帰郷した形でした。



(斎藤成也撮影)

## *Yaponesian*

長崎港からジェットフォイルで約1時間30分、福江港に到着します。入港時の船からは、ちょっとだけ盛り上がった丘の様に見えるなだらかな火山、鬼岳がみえます。鬼岳は18,000年前の噴火が最後らしく、現在は標高315m、裾野がながく緑に覆われ、ご当地和牛として有名な「五島牛」が放牧されています。実は、あなたが食べている高級な松阪牛や但馬牛は、元は五島牛かもという話は時々聞く話です。五島牛は、近現代にどこからか連れてこられたのかと思いきや、弥生時代の遺跡から牛歯が出土するなど、かなり昔からいる黒毛和種とのこと。鬼岳火山群は、「こんかな王国」と称した観光地となっていて、人気の観光地になっているそうです。私が、小さかった頃には、それほどブランディングされてはいなかつたと思いますし、もしかしたら最近なのかな?と思います。“こんかな”は、“五島にいらっしゃいませんか?”という意味です。斎藤先生と福江島をまわった際には、荒川温泉で少しだけゆったりとした気分で湯につかっただですが、火山でできている島の割には、それほど温泉が観光スポットといえるようなものではなく、地元の人情報交換の場所といったところでしょう。もちろん、観光スポットとしての「こんかな王国」には、鬼岳温泉が楽しめるようです。

五島列島は、古事記では知訶島、日本書紀では血鹿島（いずれも“ちかしま”）と記されているらしく、日本列島西端に位置しながらも本土との交流がうかがえます。福江島の西の入り江は、古くは遣唐使が船出する港（三井楽）として歴史に登場し、中世には倭寇の根拠地として、近世にはキリシタンの島々として登場します。実際、斎藤先生と訪れた「とある場所」では、仏像の様な不思議なマリア像がありました。さて、それより前の縄文時代、弥生時代はどうなっていたのか、どのような人々が暮らしていたのかが本研究班の皆様は気になるところでしょう。縄文時代の遺跡、弥生時代の遺跡が何カ所か見つかっていますが、小さな遺跡のようで解析にたえられる人骨などはないようです。五島列島に縄文人のDNAが残っているかも・・・と始めた研究は、現在の五島列島人を解析するしか道がないようです。五島列島は、晴れた日には長崎市、佐世保市の山の上からは十分に見える範囲にあり、また、上五島と佐世保間は島が絶妙な距離で点在していますので、島へ渡ろうと考えた人はいたのでしょう。それなりに多くの人々がいたのかもしれません。

五島列島というと大体は、福江島での観光やお話しで終了してしまうのですが、南から福江島、久賀島、奈留島、若松島、中通島の5つのmain landsがあります。その中でも中心なのが福江島です。五島市となったのは、ごく最近のこと、私が小さい頃は、福江島だけが福江市で、その他の島々は、南松浦郡XX町という住所でした。奈留島からは、当時は渡海船で1時間程度かかり、年に2~3回の福江”市”への上陸は大都会に出てきたような気持ちでしたね・・・。島では「あるある」ですが、島が変われば言葉やイントネーションも少し違います。私は、福江市の言葉と奈留島の会話は聞き分けられますが、長崎弁とは違います。福江島の中でも各入り江ごとに富江、玉之浦、三井楽、岐宿・・・と集落がありますので、言葉・町の作り・少しづつ違うことでしょう。奈留島でも入り江ごとに集落が形成されています。xxx島全体がまとまっているかといえば、それでもなかつたり、集落毎に仲良くはないな～～と小さいながらに思っていました。

この「しまめぐり」を書きながら、島のことを思い出してくださいました。島を出て、40年くらい経ちますが、やはり今の自分の考え方や生き方が形成されたのは、島の影響が絶大であるとつくづく感じます。永住するのは大変ですが、遊びに行くにはとてもよい所です。コロナ騒ぎが終息した際には、ガイドブックを片手に、全島全周制覇をめざすのもよいのでは無いでしょうか。お待ちしております。

Yaponesian

# わたしの好きなヤポネシアのうた

瀧上 舞 (B01班 研究協力者 国立科学博物館人類研究部)

## El Cóndor Pasa : コンドルは飛んで行く

冷たく長い夜も いつしか目覚めて 日は昇る  
巣を離れコンドルは 高く 高く 空を翔ける

El Cóndor

<https://www.youtube.com/watch?v=N2EboNW1rHs>

「"私の好きなヤポネシアの唄"を"アンデスの曲"で書かないか?」という頓智のようなご指名を頂きました、頭を悩ませながら筆をとりました。ラテンポップスや、ペルーの歌謡曲など、何について書こうかと逡巡しましたが、やはり私のアンデスへの興味の源泉であるフォークloreについて取り上げたいと思います。

英語の『Folklore』は民俗学一般を指す単語ですが、スペイン語読みで『フォークlore』と言う場合、ラテンアメリカの民族音楽を指すことが多いです。先スペイン期からあるケーナやサンポーニャ、ボンボ（タイコの一種）、チャフチャス（リヤマの爪や乾燥した木の実を束ねた物）と、植民地時代に入ってきたギターやチャランゴ、マラカスなどを使って演奏します。先スペイン期の伝統音楽にスペイン系の音楽が加わった旋律で、多くは20世紀以降に作られたものです。ペルーだけでなく、チリ、アルゼンチン、パラグアイなど南米各地で演奏されています。日本にはフォークloreの愛好者がとても多く、プロからアマチュアまで、老若男女が演奏を楽しんでいます。

日本で最も有名なフォークloreの曲は、なんと言っても『コンドルは飛んで行く』でしょう。教育芸術社が出版する音楽の教科書「小学生の音楽6」にも掲載されるほど、多くの日本人に馴染みの深い曲となっています。元々はペルーの作曲家ダニエル・アロミア・ロブレスが20世紀初頭に作曲し、20世紀中頃にフォークloreグループのロス・インカスが演奏して広げ、その演奏を元にアメリカの歌手のサイモン&ガーファンクルが英語の歌詞をつけました。そこで世界的な大ヒット曲となり、スペイン語圏での歌詞も付きました。日本でも様々な歌手がカバーしています。サイモン&ガーファンクルの英語歌詞をそのままに狩人や森山良子が歌っていますし、和訳した歌詞を越路吹雪や宝ともこ、和やす子、坂本スミ子が歌いました。アンデスの雄大な自然が燐銀色に染まる曲調になっており、とても味わい深いです。本稿の初めに上げた歌詞は和やす子版の一部です。コンドルの飛翔する鮮やかなアンデスの情景が思い浮かぶ編曲となっています。

El Condor Pasaは、本来は3部構成の曲です。残念ながら歌として使われるのは第2部までのことが多いですが、私は第3部の踊りだしたくなるようなアップテンポの旋律が好きです。和やす子版ではララライの歌詞で第3部まで歌っているのも好ましい点です。

さて、私が最初にアンデスに興味をもつきっかけとなったのがフォークloreです。高校生の頃、大学の学園祭を見学に行き、フォークlore同好会の演奏に惹きつけられました。進学先を決めたきっかけとして、対外的には「年代測定ができる大学を選んだ」ともっともらしい事を言っていますが、実のところ半分は「フォークlore同好会がある大学を選んだ」というのが本当です。フォークloreへの興味がひょんな方向に転じて、アンデス文明の研究者となり、現在に至ります。この原稿を書くにあたり、フォークloreを聴いていたらアンデスが恋しくなりました。なんと不思議な魅力のある音楽でしょうか。早くまた南米調査に行ける事を切に願っています。

*Yaponesian*  
**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6月11日(土)～12日(日) 総括班会議・全体会議(北海道内) B03班研究代表者の長田直樹が主催

2022年8月5日(金)～7日(日) 日本進化学会年会(沼津)でヤポネシアゲノム関連シンポジウムを開催

2023年冬 総括班会議・全体会議(国立遺伝学研究所) A01班研究代表者・領域代表者の斎藤成也が主催

---

領域事務局：水口昌子・濱砂貴代

大学共同利用機関法人情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 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](mailto: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巻はる号

発行：2022年6月6日 印刷：2022年6月6日

## 人名索引

- 石田肇 1,2,3  
 伊藤宏幸 13,14  
 井上章一 2  
 遠藤光暉 24  
 大坪志子 1,2,15  
 長田俊樹 2  
 長田直樹 1,2,4,6,12,24  
 和やす子 23  
 狩人 23  
 河合洋介 1,2,6,13  
 木下尚子 24  
 木村亮介 3  
 木部暢子 24  
 越路吹雪 23  
 斎藤成也 1,2,4,6,21,22,24  
 サイモン&ガーファンクル 23  
 坂本スミ子 23  
 坂本経堯 15  
 篠田謙一 1,2,5,24  
 城石俊彦 6  
 菅裕 1,16  
 鈴木仁 2,6,24  
 鈴木留美子 1,2,9  
 セリック・ケナン 1,2,19  
 高田豊行 6  
 宝ともこ 23  
 ダニエル・アロミア・ロブレス 23  
 百々幸雄 3  
 内藤建 17  
 内藤芳篤 3  
 堀原和郎 2  
 濱砂貴代 24  
 藤尾慎一郎 5,24  
 藤原一道 1,2,6  
 前田隆浩 21  
 松波雅俊 4  
 水口昌子 24  
 瀧上舞 1,2,23  
 本山彦一 15  
 森山良子 23  
 森脇和郎 6  
 山極海嗣 4  
 山口敏 3  
 吉浦孝一郎 1,2,21  
 Benjamin C. Haller 12  
 Philipp W. Messer 12

## 事項索引

- 畿 20  
 アセンブラ 17,18  
 アンデス 23  
 陰核 2,19,20,21  
 インド亜大陸 6  
 後ろ向きシミュレーション 12,13  
 ウルシ 1,16,17,18  
 大分大学 10  
 沖縄株 9  
 鬼岳 22  
 オプティカルマッピング 17,18  
 オモ・キビシュ 5  
 近交系 6  
 形態小変異 3  
 くにうみミーティング 1,4,13  
 クロム白雲母 15  
 語源学 1,19  
 五斗長垣内遺跡 1,4,13  
 五島列島 1,2,21,22  
 コンティグ 17,18  
 コンドルは飛んでいく 1,23  
 倭文 13  
 下ネタ 1,19  
 主成分分析 7,8  
 シミュレーション 12,13  
 集団遺伝学的プロセス 12  
 常染色体 6  
 女性器 19,20  
 人類の起源 1,2,5  
 水平転移 10  
 性交 19  
 多型 17,18  
 玉作り遺跡 1  
 多良間島 20  
 知讃島 22  
 地球シミュレータ 12  
 トランスポン 17,18  
 奈留島 21  
 日琉祖語 20,21  
 日本国語大辞典 20  
 日本進化学会年会 24  
 日本の先史時代 5  
 ネパール 10,11  
 ハツカネズミ 6,7

## 播磨灘 14

- 非計測的形質 3  
 ピロリ菌 1,9  
 フィールドワーカー 19  
 フォルクローレ 23  
 フォワードシミュレーター 12  
 福江島 21  
 フランス語 19  
 北海道アイヌ株 9,10  
 ホモ・サピエンス  
 マウス 1  
 マイクロサテライト 6  
 前向きシミュレーション 12,13  
 ミトコンドリア 6,7,8  
 港川人 11  
 三万田東原遺跡 2,15,16  
 宮古語 2,19  
 水納島 20  
 ヤポネシア 5,18  
 山岡研究室 10  
 有効集団サイズ 8  
 夢舞台 4  
 ユーラシア大陸 6  
 ライト・フィッシャーモデル 13  
 ラムダ骨 3  
 琉球大学 3,10,11  
 類聚名義抄 20  
 ワールドカフェ 4  
 bioRxiv 5  
 CagA 9,10  
 CAS 6,7,8  
 CTスキャン 3  
 DOM 6,7,8  
 Eidos 12  
 El Condor Pasa 23  
*Helicobacter pylori* 9  
 MLST 9,10  
 ms 12  
 MUS 6,7,8  
*Mus musculus* 6  
*M. m. molossinus* 7  
 NEP 7  
 RNAseq 18  
 SLiM 1,2,12,13

新学術領域ヤポネシアゲノム  
季刊誌  
第4巻はる号  
2022年6月発行