

氏名	SAVAGE Patrick Evan
ヨミガナ	サベジ パトリック エバン
学位の種類	博士 (音楽学)
学位記番号	博音第298号
学位授与年月日	平成29年3月27日
学位論文等題目	(論文) 音楽の文化的進化を測る —ブリティッシュ・アメリカンと日本の民謡・ポップス・古典音楽の事例を通して—

論文等審査委員

主査	東京藝術大学	教授	(音楽学部)	植村 幸生
副査	東京藝術大学	教授	(音楽学部)	塚原 康子
副査	東京藝術大学	准教授	(音楽学部)	丸井 淳史
副査	東京工業大学	教授		ヒュー デフェランティ

(論文内容の要旨)

ダーウィンの進化論はその高い説明力で生物学を統一することに成功し、社会科学にも応用されてきた。本論文では、文化的進化論のアプローチが様々な音楽の対象にも応用できる可能性を論じ、幾つかの異なる文化とジャンルを含む多様な計量的ケース・スタディーを通して音楽の変化を制限する一般的な規則の存在を提示する。

第一章では、音楽と文化的進化の先行研究をまとめて説明する。この30年間での文化的進化についての科学的見解の進歩に基づき、根強い誤解に関して指摘する。特に、「進化」の定義には遺伝子も進歩も必要とされていない。そして、世界の民謡様式におけるマクロ進化的パターンから、細かい旋律の変化による大きな曲族が生まれるマイクロ進化的メカニズムまで、既存の先行研究について言及する。音楽進化における複雑な動力を見せるため、筆者の日本における民謡演奏の自民族詩的ケース・スタディーを提供する。音楽進化に対する個人のエイジェンシーと還元主義の役割の批判に答えた後、最後に文化的進化論が教育、著作権、持続可能性などの分野において応用音楽学に貢献できることを論じる。

第二章では、音楽進化を計量的に測る新しい方法を提示する。この方法は曲族研究に基づくが、分子遺伝学的な方法を応用することによって、曲族の概念を計量化することが可能になる。特に、たんぱく質進化と旋律進化の類似性を強調する。たんぱく質を20のアミノ酸の「アルファベット」から作られた配列としてモデル化することができ、旋律を(平均律半音階に当たる)12の「アルファベット」から作られた配列としてモデル化することができる。これによって、西洋・東洋にかかわらず、五線譜化さえできれば分子遺伝学のために作られた配列整列方法を音楽進化を測るために応用することができ、人の手だけでは不可能な量の比較を自動的にできるようになる。コーディングと分析の過程の類似を説明するために、旋律(「スカボロー・フェア Scarborough Fair」)の進化とたんぱく質(鳥インフルエンザ)の進化の実例を示す。

第三章では、音楽進化の一般的な傾向の仮説を大きなサンプルで検討する(1575~1972年の間に記譜された4,125のブリティッシュ・アメリカンの「チャイルド・バラード」民謡)。第二章で提供した配列整列方法で、172の高い類似を持った旋律のペア(音符が85パーセント以上同じのもの同士)が見出された(全曲総量15,786音符)。突然変異率は大きく(100倍以上)異なり、一般的な文化的進化論の仮説の予測通り、次のような結果になった:1) 楽譜伝承は口頭伝承より進化が遅かった。2) 機能的音符は装飾的音符より変化が認められなかった。3) 旋律的に近い音程への変化が比較的多かった。また、置換より挿入・削除の方が多かったが、はっきりとした複雑さ(つまり、挿入)への傾向も、簡略化(つまり、削除)への傾向も見られなかった。これらの傾向は、主に普遍的な知覚的制限によるもので、異文化間でも音楽進化に見られるだろうという仮説を提示する。

第四章では、第三章で見出した仮説の一般性を検討するため、第二章において提示した方法を展開してゆく。本章では、音楽的進化の歴史が記録された以下の様々なケース・スタディーを用いる:1) 17世紀スコットランドの「カシリス婦人のリルト *Lady Cassiles Lilt*」の、20世紀アメリカにおけるその子孫へのほぼ認識不可能な変貌、2) 遠く離れたいくつかの県の労働唄の合併からできた日本民謡の「江差追分」、3) 雅楽の「青海波」における非常に異なった笛と笙の旋律の、一千年以上前の共通起源、そして4) ハリソン Harrison の「マイ・スイート・ロード *My Sweet Lord*」(1970年)とシック Thicke とウィリアムズ Williams の「ブラード・ラインズ *Blurred Lines*」(2013年)が剽窃と判断された法律事件。進化的メカニズムの詳細が異なったり、絶対的進化の「突然変異率」がほぼ400倍異なったりするも、一般的なパターンは第三章の仮説の予測通りであった。つまり、1) 旋律的に近い音程への変化が比較的多く、2) 置換より挿入・削除の方が多く、3) 機能的音符は比較的变化が認められない(リズム的に強調された音符は不強調音符より変化が認められない)結果となり、4) 口頭伝承より楽譜伝承の方が変化が少なかった。複雑さの程度が上下する事例もあり、どちらかに偏るはっきりとした傾向は見られなかった。

本論文は、文化的進化と分子遺伝学の理論や方法を適応することによって、音楽進化を計量的に測ることができることを明らかにし、遺伝子や言語と同じように、音楽進化は幾つかの一般的な規則に制限されていることを明らかにする。もちろん、音楽的变化に興味を持つ音楽学者が立ち向かう問題の全てを、文化的進化の理論と方法だけで解決できるわけではない。しかし、少なくとも長年論争してきた問題解決に役立つ、新しい統一されたツールとして貢献できることを本論文で論じる。

人類の音楽における「進化」や「普遍」を語ること、そして定量的、統計的な手法によって地球上の音楽を「計測」することは、比較音楽学から民族音楽学への転換がなされた20世紀後半以降、ロマックスAlan Lomaxが提唱したカントメトリクス Cantometrics などをおおむね例外として、長らく等閑視されてきた。しかし21世紀に入り、エスノセントリズムを脱した文化進化論の新しい潮流が台頭し始めている。本論文はそうした潮流を背景に、音楽における文化進化のメカニズムを解明するための分析手法を検討し、かついくつかの実例によってその手法の妥当性を主張するものであり、全体としてきわめてユニークで野心的な論考となっている。

第1章では、本論でいう「進化」概念が変異を内包した連続的継承と選択の過程を意味し、それゆえ「進歩」の含意をもたないことをまず確認した上で、これが音楽に適用可能な概念であること、その前提で成立する音楽の「マクロ進化」および「ミクロ進化」モデルが、実は既存の研究にも潜在的に認められることを示した（カントメトリクスは前者の、旋律ヴァリエーション（曲族）の研究は後者の例とする）。さらに音楽の進化論には楽曲の認同や、著作権、希少な音楽の伝承といった問題にも応用可能な有用性があると主張した。

第2章では、遺伝子におけるタンパク質配列の変異と継承をモデルとして、旋律における音の配列を定量的に把握するための方法を提示した。ここでは配列類似、突然変異率、推移速度の計算方法を示し、それらを自動計算させるアルゴリズムを開発したが、一方では「音楽的」な観点からの手動による補正も必要であると説いた。

第3章では前章の方法に基づいて、英米系民謡の膨大なコレクションとして知られる、いわゆるチャイルド・バラッド 4,125曲を対象に、その進化の程度を定量的に示した。その結果、1) 楽譜伝承が口頭伝承より変化が少ない（進化が遅い）、2) 装飾的な音より機能的な音の変化が少ない、3) 旋律的に近い音程への変化が比較的多い、4) 音の複雑化への傾向も、単純化への傾向も、明確には認められない、といった所見を導き、これを音楽進化の普遍的なパターンではないかとする仮説をたてた。

第4章ではその仮説を、別の英米系民謡、《江差追分》、日本の雅楽、およびポピュラー音楽の事例を通して検証し、上記の所見と大きく異ならない結果を得たことから、この仮説の妥当性を主張した。

本論文の最も重要な成果は、これまでなかばタブー視されてきた音楽の普遍性の問題に、定量的にアプローチすることの意義それ自体を示した点である。旋律のコード化、数値への還元方法には多くの批判や改良の余地があろうが、分析方法をオープンに開示することで今後の研究に資するからである（その意味では、自ら開発したアルゴリズムを公表するなど、他者による追試可能性を論文中で徹底させるべきであった）。また本論文は執筆者の既発表論文（多数あり）の成果を集約したものであるが、そのためか術語の使用や日本語表現には無視できない揺れが認められる。さらに言語学、文献学など隣接分野における数理的手法への言及もあれば、本論文の研究上の位置づけがさらに明確になったであろう。しかしながらこれらの課題は執筆者自身によって今後解決され得るものと考えられる。本研究は、その学術的先駆性、独創性からみて博士の学位にふさわしい成果であると認め、合格とする。