



画像：中性子星合体の数値シミュレーション  
SPOT NEWS「金やウランなど鉄より重い元素は中性子星の合体によってつくられた!?」より

## SCIENCE VIEW ⑫

物理学の大前提は盤石か？  
世界初の反水素の精密測定が始まる

## 研究最前線 ⑭

データ同化で高精度な天気予報や  
ゲリラ豪雨予測に挑む

## 研究最前線 ⑯

約200種類のアミノ酸を使う  
人工生命の創製を目指す

## SPOT NEWS ⑫

- ・金やウランなど鉄より重い元素は  
中性子星の合体によってつくられた!?
- ・自然免疫系のNKT細胞にも  
免疫記憶があった

## FACE ⑭

思春期特発性側彎症の関連遺伝子を見  
つけ治療へつなぐ研究者

## TOPICS ⑮

- ・「科学講演会2014」開催のお知らせ
- ・ライフサイエンス技術基盤研究センター  
新研究室主宰者の紹介

## 原酒 ⑯

生身で行く水面下の別世界

# 物理学の大前提は盤石か？ 世界初の反水素の精密測定が始まる

現在の物理学では、なぜ宇宙に星や銀河が存在するのかを説明できない。宇宙誕生のビッグバンにおいて、超高温・超高压の光の塊から、同数の粒子と反粒子が対生成されたと考えられている。現在の物理学の標準理論によると、粒子と反粒子は質量や寿命などの性質がまったく同じで、電荷のプラスとマイナスの符号だけが反対だ。ビッグバンのときにまったく同じ数だけつくられたはずの粒子と反粒子は対消滅して光だけの世界に戻るか、あるいは、物質と同じだけの反物質が宇宙のどこかに存在している必要がある。

しかし現在の宇宙には、物質が集まった星や銀河が存在し、反物質から成る星や銀河は観測されていない。なぜ物質だけが残り、反物質は消えてしまったのか。粒子と反粒子の性質にはわずかに違いがあって、ビッグバンのときに粒子が反粒子より

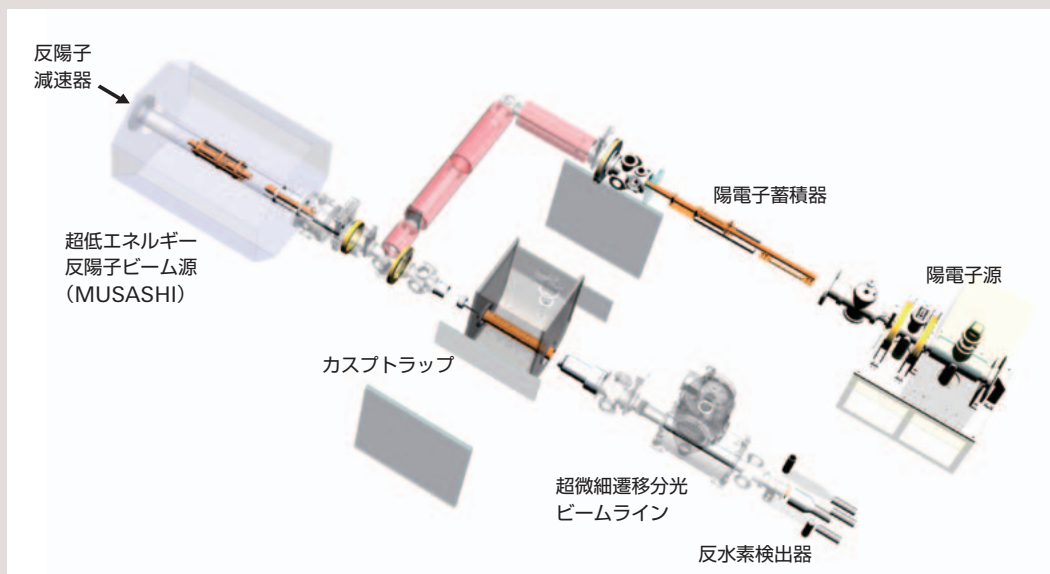
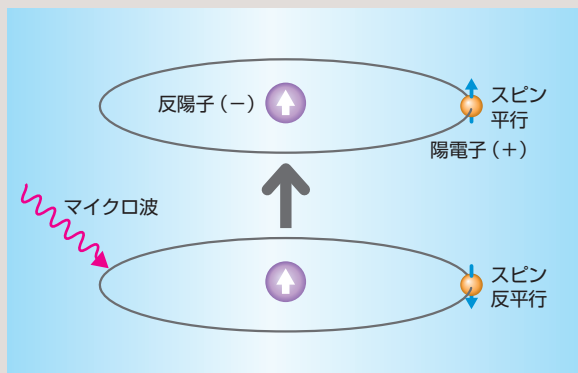
も多くつくられたのだろうか。あるいは、対消滅する前に反粒子の一部がどこか遠くへ消えてしまい、物質に満ちた宇宙が残されたのだろうか。

反粒子の存在は、1929年に理論物理学者のポール・ディラックによって予言された。1932年に宇宙線の中に電子の反粒子、プラス電荷を持った「陽電子」が発見されたことで、反粒子の存在が現実のものになった。さらに1955年、加速器を使った実験により、陽子の反粒子、マイナス電荷を持った「反陽子」が初めて生成された。

理研山崎原子物理研究室の山崎泰規 上席研究員たちは、ヨーロッパ原子核研究機構 (CERN) において、陽電子と反陽子から成る「反水素」の性質を精密に測定する実験を始めようとしている。「水素の性質は、とても高い精度で調べられています。

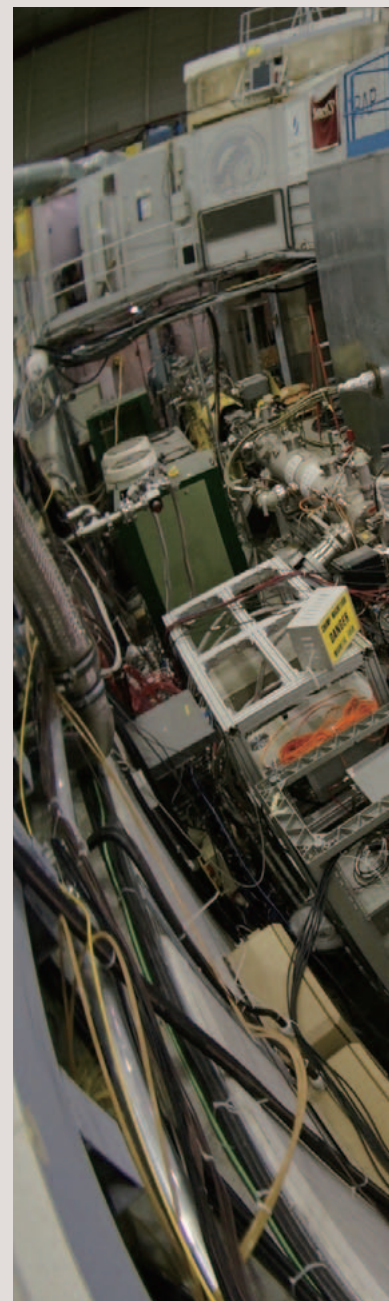
## 反水素と超微細構造

水素はプラス電荷の陽子とマイナス電荷の電子から成るのに対し、反水素はマイナス電荷の反陽子とプラス電荷の陽電子から成る。粒子や反粒子にはスピンという自転に似た性質があり、スピンの向きはアップとダウンの向きがある。反水素に特定の周波数のマイクロ波をかけると、反陽子と陽電子のスピンの向きが異なる向き（反平行）から同じ向き（平行）に切り替わる。その相対的な向きによって反水素のエネルギー準位は、わずかな違いを持ったいくつかの準位に分かれる。これを「超微細構造」と呼ぶ。スピンの向きが反転するときのマイクロ波の周波数を測定することで、超微細構造によるエネルギー分離の大きさを調べることができる。



## 反水素の測定装置

陽電子源で発生した陽電子は蓄積器に一定量たまるごとにカストラップに輸送される。CERNの反陽子減速器から供給される反陽子を超低エネルギー反陽子ビーム源 (MUSASHI) で捕捉・冷却した後、カストラップ中の陽電子プラズマに撃ち込み反水素を合成する。その反水素をカストラップからビームとして引き出し、マイクロ波をかけ、スピンの向きを分析する超微細遷移分光ビームラインと反水素検出器により、超微細構造を精密に測定する。



反水素の性質を精密に測定して、水素と反水素の性質に違いがあるかどうか調べたいのです。もし違いが少しでも見つければ、CPT対称性が破れている証拠となります。それは大変なことです。現在の物理学を基礎づけている標準理論の枠内では、CPT対称性は成り立つからです。それが崩れれば、標準理論を全面的に書き換える必要があります」

C (Charge) は粒子を反粒子に入れ替えること、P (Parity) は左右・上下・前後を入れ替えること、T (Time) は時間の進行を逆転させることだ。CPT対称性が成り立つとは、この三つの操作をしても物理法則は変わらないことを意味している。「もしCPT対称性が破れていれば、反物質が消えた謎とも関係している可能性があります」

CERNにおいて、反陽子と陽電子を混ぜて反水素の合成が確かめられたのは、2002年のことだ。「ただし、反水素の性質を物理的に意味のある精度で測定した例はまだありません。その一番乗りを目指して、私たちは反水素ビームの生成に成功しました。そのビーム強度を上げて、反水素の超微細構造を1000万分の1ほどの精度で測定しようとしています。CERNには、反

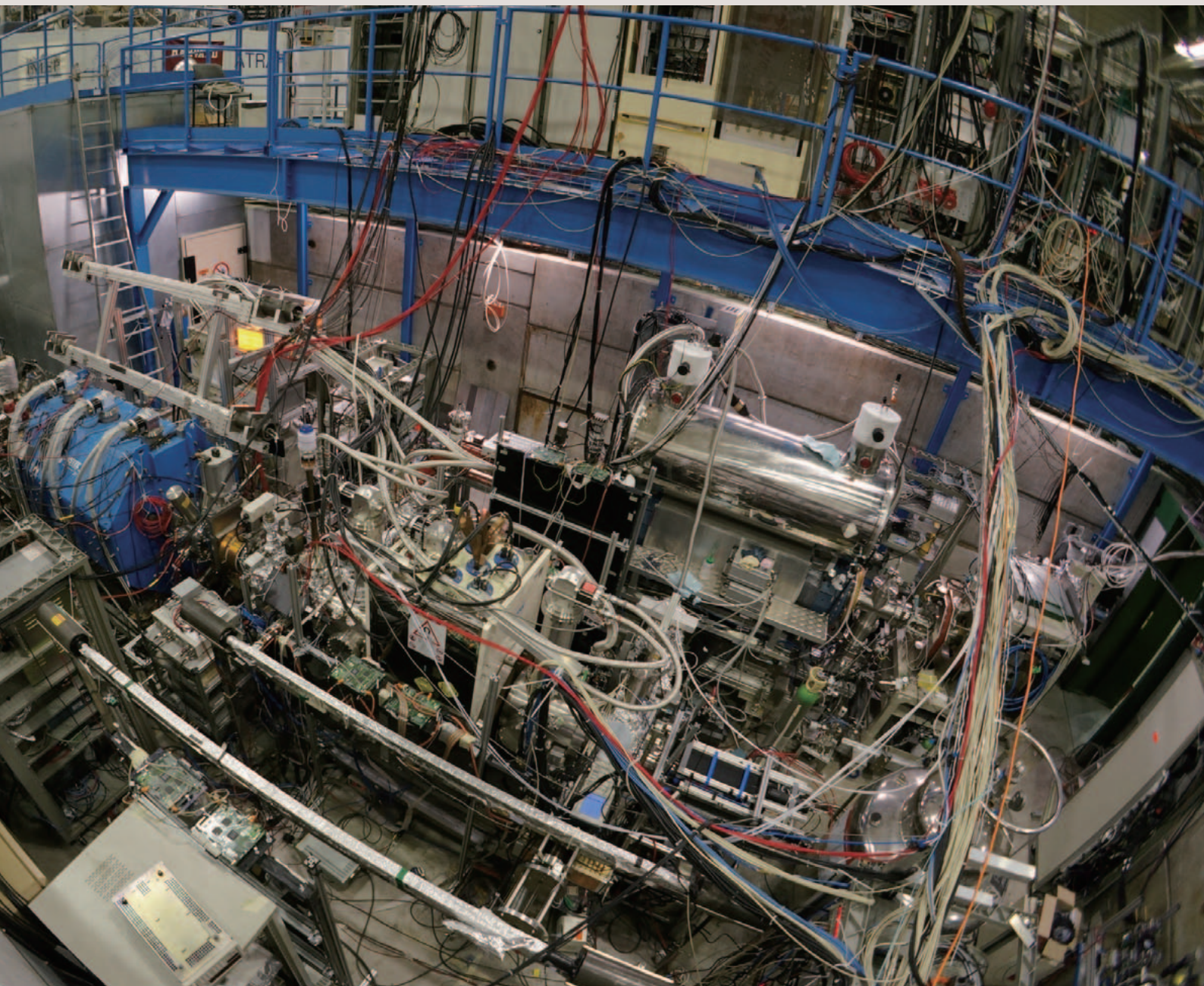
陽子や反水素の別の性質を精密に測定しようとしているグループがいくつかあります」

その一つは、山崎上席研究員たちと共同研究も行っている、理研のステファン・ウルマー (Stefan Ulmer) 国際主幹研究員を中心とするグループだ。「以前、私たちの研究室に博士研究員として在籍していたウルマーさんは、博士論文で陽子と反陽子の磁気モーメントを精密測定する新しい手法を考案しました」。その手法により、10万分の1の精度で陽子と反陽子の磁気モーメントが一致することがすでに確かめられている。

「さらにウルマーさんたちは、陽子の磁気モーメントを1億分の1の精度で測定することに成功し、これから反陽子も同じ精度で測定しようとしています。陽子と反陽子の性質に違いがあっても、CPT対称性が破れていることとなります。CPT対称性の検証という意味ではライバルですが、反陽子の磁気モーメントと反水素の超微細構造の測定は相補的です。両方を進めることで、反物質への理解がより深まるのです」

近い将来、新しい理論の登場を促す大発見が報告されるかもしれない。

(取材・執筆：立山 晃/フォトンクリエイト)



「データ同化」という言葉は、あまりなじみがないかもしれない。しかし、とても身近なことにも使われている。それは、天気予報だ。「データ同化は、観測とシミュレーションの間に橋を架ける役割をします。データ同化を行わずにシミュレーションを続けると、現実とかけ離れた世界になってしまい、天気予報はまったく当たらなくなります」と三好建正チームリーダー（TL）は言う。三好TLは、データ同化の新しい手法を研究・開発することで、より精度の高い天気予報を実現しようとしている。ゲリラ豪雨を30分前に予測し、30秒ごとに予測を更新することを目指した研究にも着手した。ゲリラ豪雨予測システムの実証試験は、2020年、東京オリンピック・パラリンピックが開催される年を目標にしている。

## データ同化で高精度な天気予報やゲリラ豪雨予測に挑む

### ■ データ同化とは

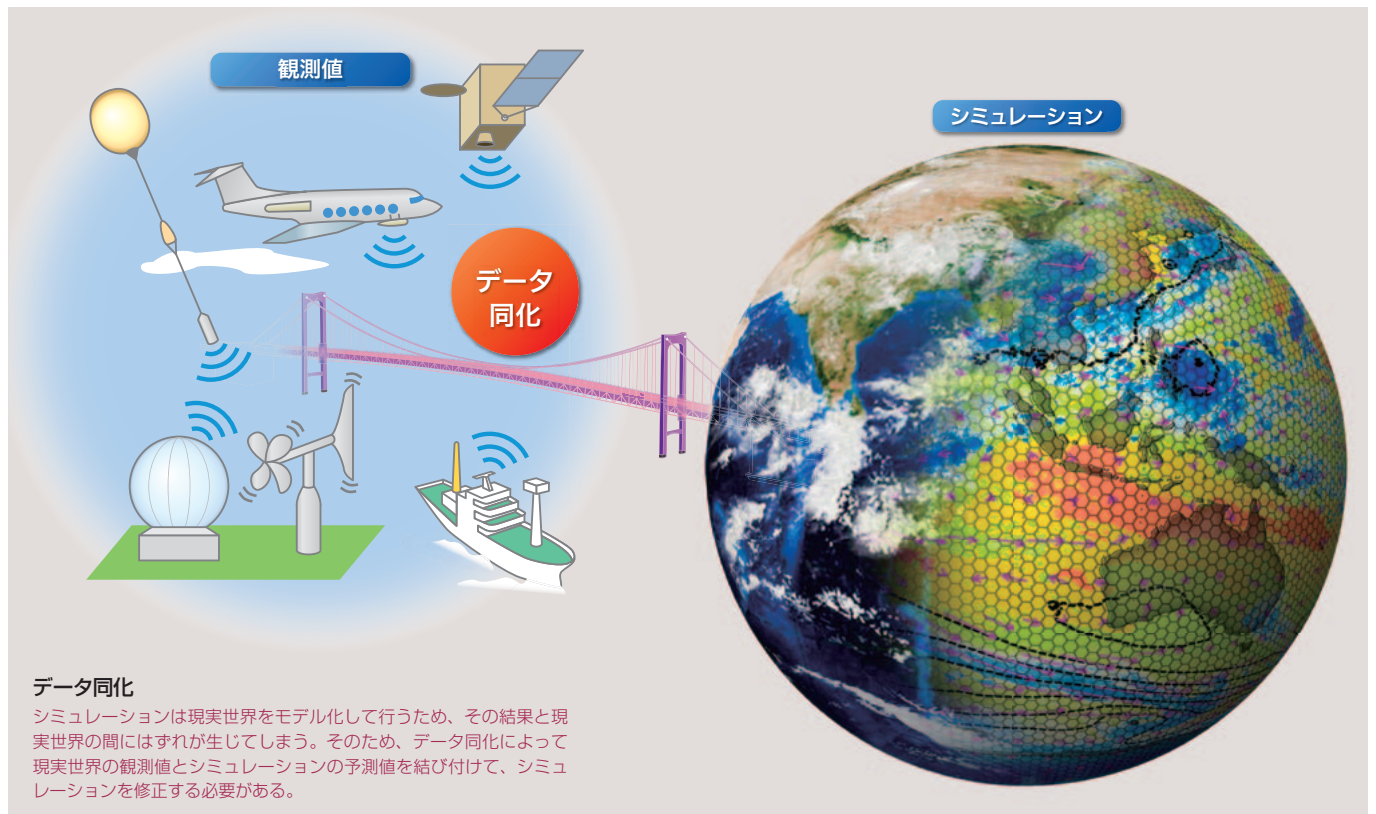
三好TLが率いるデータ同化研究チームは、世界最高水準のスーパーコンピュータ「京」が設置されている兵庫県神戸市の計算科学研究機構（AICS）にある。研究チーム名のデータ同化とは？「『京』では、さまざまなシミュレーションが行われています。シミュレーションは数理モデルを用いて現実世界を忠実に再現するものですが、どうしても現実世界とのずれが出てしまいます。そのため、実際の観測や実験に合わせてシミュレーションを修正する必要があります。シミュレーションと現実世界を統計数理的な手法を使って結び付けることを、データ同化といいます」と三好TL（タイトル図）。「私たちは、より精度の高いシミュレーションを実現するためにデータ同化手法の研究・開発をしています」

に再現するものですが、どうしても現実世界とのずれが出てしまいます。そのため、実際の観測や実験に合わせてシミュレーションを修正する必要があります。シミュレーションと現実世界を統計数理的な手法を使って結び付けることを、データ同化といいます」と三好TL（タイトル図）。「私たちは、より精度の高いシミュレーションを実現するためにデータ

同化手法の研究・開発をしています」

### ■ 天気予報でもデータ同化が重要

私たちにとって一番身近なシミュレーションは天気予報だろう。天気予報においても、データ同化はとても重要だ。天気予報は、ある時点の大気の状態を初期値として数値天気予報モデルを用いてシミュレーションを行い、将来の



#### データ同化

シミュレーションは現実世界をモデル化して行うため、その結果と現実世界の間にはずれが生じてしまう。そのため、データ同化によって現実世界の観測値とシミュレーションの予測値を結び付けて、シミュレーションを修正する必要がある。

### 三好建正 (みよし・たけまさ)

計算科学研究機構  
データ同化研究チーム  
チームリーダー

1977年、青森県生まれ。Ph.D(気象学)。2000年、京都大学理学部卒業、気象庁入庁。2003年より2年間、人事院行政官長期在外研究員として米国メリーランド大学に留学し、博士号を取得。気象庁予報部数値予報課技術専門官、メリーランド大学助教授を経て、2013年より現職。気象予報士。



大気の状態を予測するものだ。大気の状態とは、風向・風速、気温、湿度、気圧である。それらの値が、地上に設置した観測機器や、風船、航空機、人工衛星などを使って世界中で観測され、リアルタイムで提供されている。集まったある時点での大気の状態を初期値としてシミュレーションする。具体的には、地球を細かく分割し、分割したそれぞれの場所ごとに大気の状態がどのように移り変わっていくかを、海水温や地形などを考慮しながら物理法則に基づいてスーパーコンピュータで計算する。得られた予測値をもとに天気予報を出す。

しかし、ここで問題が出てくる。「シミュレーションで得られた予測値が、その時点の観測値と一致せず、ずれが生じるのです。予報の期間が長いほど、ずれが大きくなります」と三好TL。「そこで、予測値と観測値を結び付けるデータ同化を行って予測値を修正し、それを新たな初期値としてシミュレーションを続けて次の予測値を出します。天気予報では、このようにデータ同化を一定時間ごとに繰り返していくのです」

### ■ アンサンブルデータ同化で 予測精度向上

天気予報の精度は高くなってきた。しかし三好TLは、「皆さんも実感していると思いますが、天気予報は100%当たるわけではありません。まだできることがあるはずですよ」と指摘する。「データ同化は天気予報の精度に直接影響します。そこで、データ同化の高度化を目指した研究・開発が進められています。現在

注目されているのが、アンサンブルデータ同化という手法です」

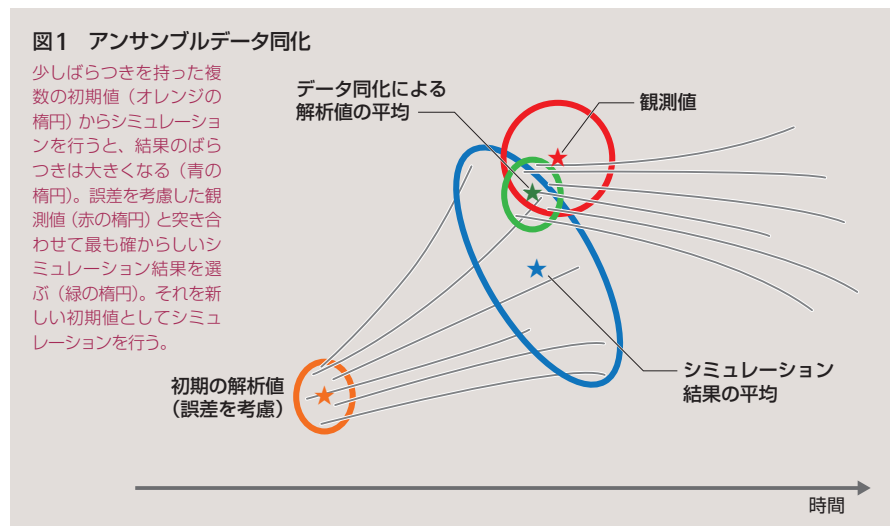
アンサンブルとはフランス語で、「一緒に、ひとそろい」という意味だ。アンサンブルデータ同化では、誤差を考慮して少しばらつきのある複数の初期値から、それぞれシミュレーションを行う(図1)。シミュレーション結果のばらつきは初期値のばらつきより大きくなるが、どれも同等に確からしいものである。観測値をその誤差も考慮した上でシミュレーション結果と比較し、最も確からしいシミュレーション結果を選ぶ。それを新しい初期値として次のシミュレーションを行う。このときも誤差を考慮して初期値は複数とする。それを繰り返していく。

「以前は、予測値と観測値の平均を取ったり、予測値を観測値に無理やり近づけたりしていました。しかし、その初期値からシミュレーションを行うと、気圧が数時間で何百ヘクトパスカルも

下がったり、現実世界では起きない結果が出る場合があります」と三好TL。観測値にも予測値にも誤差が含まれている。それらが影響し合って、あり得ない予測値が出てしまうのだ。「アンサンブルデータ同化では、誤差も考慮した上で統計数理に基づいて客観的にデータ同化を行うため、予測精度の向上が期待できます」

### ■ 並列計算効率が高いLETKF法

しかし、アンサンブルデータ同化は、日本ではまだ日々の天気予報には使われていない。「アンサンブルデータ同化では複数の初期値からそれぞれシミュレーションを独立に行います。そのため、計算量が膨大になってしまうのです」と三好TL。「いかに効率的に計算するかが大きな課題になっています。私たちは、局所アンサンブル変換カルマンフィルター(LETKF)という新しいアンサンブルデータ同化手法の研究・開発を進め



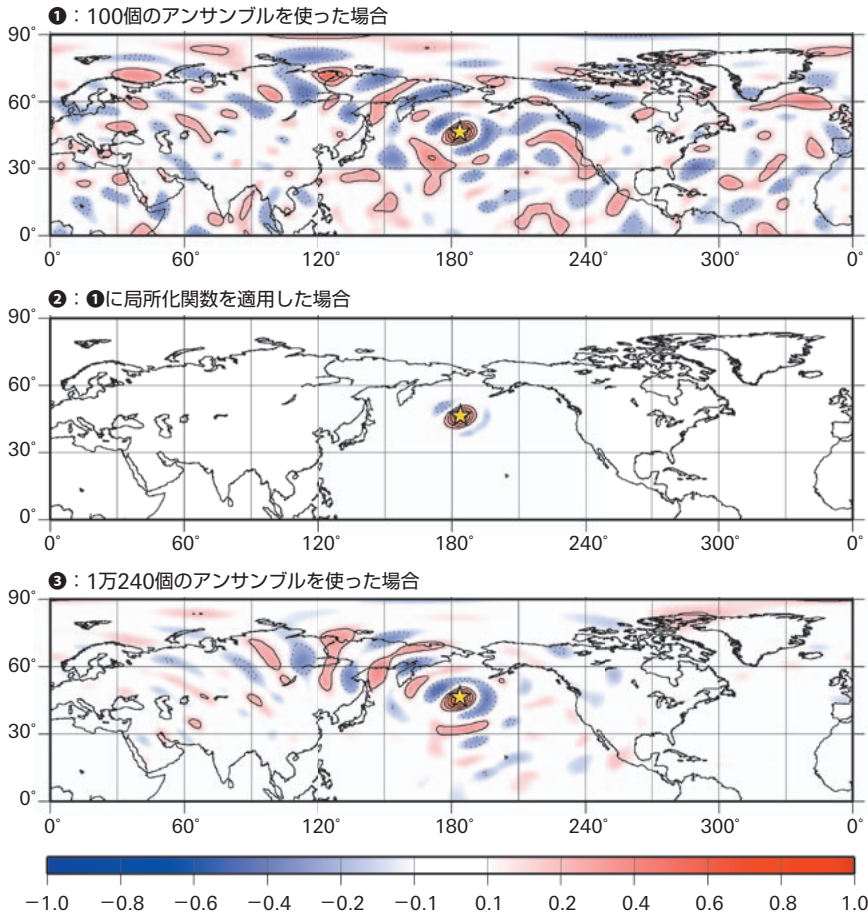


図2 アンサンブルデータ同化による18日目の水蒸気量の相関マップ

各地点での水蒸気量を、星印の場所の水蒸気量との相関係数で表している（赤は正の相関、青は負の相関）。アンサンブル数が100個の場合は、星印の場所の影響が北半球全体にランダムに広がっている（①）。その影響のほとんどは物理的に意味のない統計上のノイズだと考え、2,000～3,000km以内の影響だけを扱っていた（②）。アンサンブル数が1万2400個の場合は、1万kmも離れた遠くロシア西部にまで影響が及んでいることが分かる（③）。

場所の水蒸気量との相関係数で表したもので、星印での水蒸気量の観測がどこまで影響するかが分かる。「星印の場所の観測の影響が1万kmも離れたロシア西部にまで及んでいることが分かりました。この結果は驚きでした」

アンサンブル数が100個の場合、星印の水蒸気量の影響は北半球全体にランダムに広がってしまう（図2①）。これまでは、その影響のほとんどは統計上のノイズだと考えられていた。そこで、2,000～3,000km以内の影響だけを扱い、それより遠方の影響は無視することにしたのだ（図2②）。ところが、1万個のアンサンブルの結果から、すべてがノイズではないことが明らかになった。

今回の結果について三好TLは、こう解説する。「アンサンブル数を1万個にすると、100個のときよりも格段に高精度のシミュレーション結果が得られることが分かりました。そして、日本から1万km以上離れた場所の観測値を有効に使うことによって、予報の誤差を減らすことができる可能性が見えてきました。天気予報の精度向上に貢献する大きな成果です。実際の天気予報でアンサンブル数を1万個にすることは現実的ではありませんが、200～300個でも遠方への影響がほんやりと見られることも分かりました。精度向上に有効なアンサンブル数や、少ないアンサンブル数を有効に活用する手法を考える材料を提供できたという点でも大きな意義があります」

■ 降水のデータ同化に挑む

三好TLは、天気予報の精度向上を目

ています。LETKF法は、並列計算がとても速いという特徴があります」

「京」は8万2944個の計算ノードから成る並列計算機である。並列計算に優れているLETKF法を使うことで、「京」の性能を最大限に発揮してアンサンブルデータ同化が可能になる。とはいえ、三好TLたちは、「京」を使って日々の天気予報を出そうとしているわけではない。

「京」は、1秒間に1ペタ（ $10^{16}$ ）、つまり1京回の計算を行うことができる。「京」の計算性能は現在、世界最高水準である。しかしスーパーコンピュータの進歩は急速で、10年後には「京」と同程度の計算性能を持つスーパーコンピュータが普及し、天気予報にも使われるようになるだろう。「私たちは現在世界最高水準の『京』に合わせて高度で挑戦的なデータ同化手法の研究・開発を行うことで、10年後にはこんなことができるのではないかと示そうとしているのです。もちろん、10年後を見据えて開発した手法が、そのまま今の天気予報に使えることもあります」

■ 1万個のアンサンブルデータ同化に成功

「天気予報の精度を上げるには、アンサンブルの数を増やすことも有効です。それは誰もが知っているのですが、アンサンブル数を増やせば計算量が増えるため、むやみに増やすわけにもいきません。通常100個程度で研究していますが、十分な予測精度を実現するには何個が適正なのかも、実は分かっていないのです」と三好TLは言う。「そこで私たちは、思い切って1万2400個のアンサンブルデータ同化をやってみることにしました。天気予報では、これまでの世界最大規模です」

アンサンブル数を1万個にしたときの計算量は、100個のときの100万倍になる。「京」でなければ不可能な計算量だ。三好TLらは、LETKF法を使うことで計算を高速化し、1万2400個のアンサンブルで全球大気について3週間分のシミュレーションに成功した。

その結果が図2③である。各地点での水蒸気量を、北部太平洋にある星印の

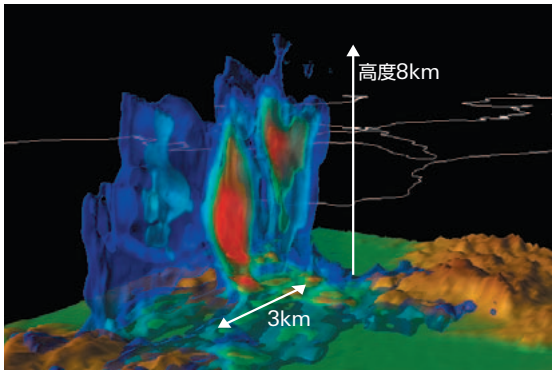


図3 フェーズドアレイ気象レーダーの観測画像

2012年7月26日に京都府京田辺市を襲ったゲリラ豪雨の降水分布。フェーズドアレイ気象レーダーは、10~30秒ごとに半径20~60km、高度14kmまでの範囲の全天を観測し、3次元降水分布を100mの分解能で観測することが可能である。(画像提供：情報通信研究機構)

関連情報

- 2014年7月23日プレスリリース  
「『京』を使い世界最大規模の全球大気アンサンブルデータ同化に成功」

指し、新しい挑戦も始めている。「全球降水観測計画（GPM）の主衛星に搭載された二周波降水レーダー（DPR）の観測値を天気予報に使用しています」

GPMとは全球の降水を正確に把握することを目指した国際プロジェクトで、主衛星は2014年2月に日本のH-II Aロケットによって打ち上げられた。DPRは、従来の衛星ができなかった弱い雨から豪雨までの観測が可能で、雨粒の大きさや雲の中での3次元分布も分かる。

「降水のデータ同化は難しく、データ同化を行うと予報精度が悪くなってしまうことが多かったのです。しかし、天気予報において雨が降るかどうかはとても重要ですから、降水のデータ同化はぜひやりたいと、ずっと考えていました」

一方、シミュレーションでも大きな進展があった。「京」を使った全球雲解像モデル（NICAM）によって、870mという超高解像度で全球の雲をシミュレーションできるようになったのだ。「まさに機が熟した。降水のデータ同化の手法を確立できれば、より精度の高い天気予報を実現できるでしょう」

■ゲリラ豪雨を30分前に予測し  
30秒ごとに更新する

降水といえば、近年問題になっているのが、狭い地域で短時間に激しい雨が降る“ゲリラ豪雨”だ。三好TLは、ゲリラ豪雨の予測にも取り組んでいる。「その鍵を握るのが、『京』とフェーズドアレイ気象レーダーと『ひまわり8号』です」

フェーズドアレイ気象レーダーは、2012年に大阪府吹田市の大阪大学に国

内で初めて設置された最新型の気象レーダーである。2014年に2基目が、兵庫県神戸市の情報通信研究機構（NICT）未来ICT研究所に設置された。積乱雲は成長を始めてから30分から1時間くらいの間で、雲の中に雨粒ができ、それが落ちて降雨となる。フェーズドアレイ気象レーダーは、半径20~60km、高度14kmまでの3次元降水分布を100mの分解能で観測できる（図3）。従来の気象レーダーでは全天を観測するのに5分かかっていたが、フェーズドアレイ気象レーダーでは10~30秒だ。

ゲリラ豪雨対策として気象庁では、250mの解像度で30分後の降水予報を出す高解像度降水ナウキャストを2014年8月から始めた。これは、従来の気象レーダーを使ってすでに発生しているゲリラ豪雨を観測し、それが風などによってどの方向に動いていくかを予測するものだ。「私たちは単にゲリラ豪雨の動きを追うだけではなく、フェーズドアレイ気象レーダーの観測値と次世代型気象モデル（SCALE）などを用いて『京』でシミュレーションし、ゲリラ豪雨の発生を100mの解像度で30分前に予測することを目指しています。30秒ごとに得られる観測値でデータ同化を行い、予測を更新していきます」。SCALEはAICSが開発している気象モデルで、数km~数千kmの領域を高解像度でシミュレーションできる。

2014年10月には、次世代気象衛星「ひまわり8号」がH-II Aロケットで打ち上げられた。「ひまわり8号」は、1,000×500kmの範囲であれば30秒ごとに観

測可能だ。しかも、まだ雨粒ができていない雲を観測できるので、「ひまわり8号」の観測値を使うことでより速くゲリラ豪雨の発生を予測できると期待されている。

しかし、「ゲリラ豪雨の予測は大きな挑戦」と三好TLは言う。「現在の天気予報では、データ同化は数時間ごとです。30秒ごとに観測値を『京』に転送し、シミュレーションしてデータ同化するには、桁違いに高度で高速なデータ処理が必要になります」。過去の観測値を使った試験を始めているところだ。「東京オリンピック・パラリンピックが開催される2020年に、ゲリラ豪雨予測システムの実証試験を行うことを目指しています」

■データ同化をさまざまな分野へ

「私は大学卒業後、気象庁で天気予報業務に就いていました。気象予報士でもあります。そうしたバックグラウンドから天気予報をターゲットにした研究が多くなっていますが、データ同化はもともと学際的な科学で、さまざまな分野のシミュレーションにも適用できます」と三好TL。「幅広い分野で使っていただけるような基盤のかつ先進的なデータ同化の研究・開発をする。それが私たちデータ同化研究チームのミッションです」

ビッグデータ時代を迎え、シミュレーションが大規模化・精緻化していく中、データ同化の重要性はますます高まるだろう。三好TLは言う。「1+1は2ではありません。データ同化では2以上の価値を生み出せるのです」と。

(取材・執筆：鈴木志乃/フォトンクリエイト)

地球上の生命は、主に20種類のアミノ酸からタンパク質を合成している。優れた機能を持つタンパク質をつくるために、21番目、22番目のアミノ酸を用いる生物もいる。しかし、23番目のアミノ酸はまだ発見されていない。一方、バイオテクノロジーによって、人工アミノ酸を組み込んで天然にはない機能のタンパク質をつくる研究が行われている。ただし、一度にタンパク質に組み込める人工アミノ酸は1種類に限られている。たくさんの種類のアミノ酸をタンパク質に組み込むことができない大きな理由の一つに、特定のアミノ酸とそれを運ぶ専用tRNA（運搬RNA）を結び付けることの難しさがあつた。理研横山構造生物学研究室の横山茂之 上席研究員たちは2014年、アミノ酸の一種であるアラニンとその専用tRNAを結び付ける酵素の仕組みを解明することに成功した。その仕組みにより、細胞の中でたくさんの種類の人工アミノ酸を使ってタンパク質を合成する人工生命の創製へ向けた実験を始めようとしている。

# 約200種類のアミノ酸を使う人工生命の創製を目指す

## ■ タンパク質合成のブラックボックス

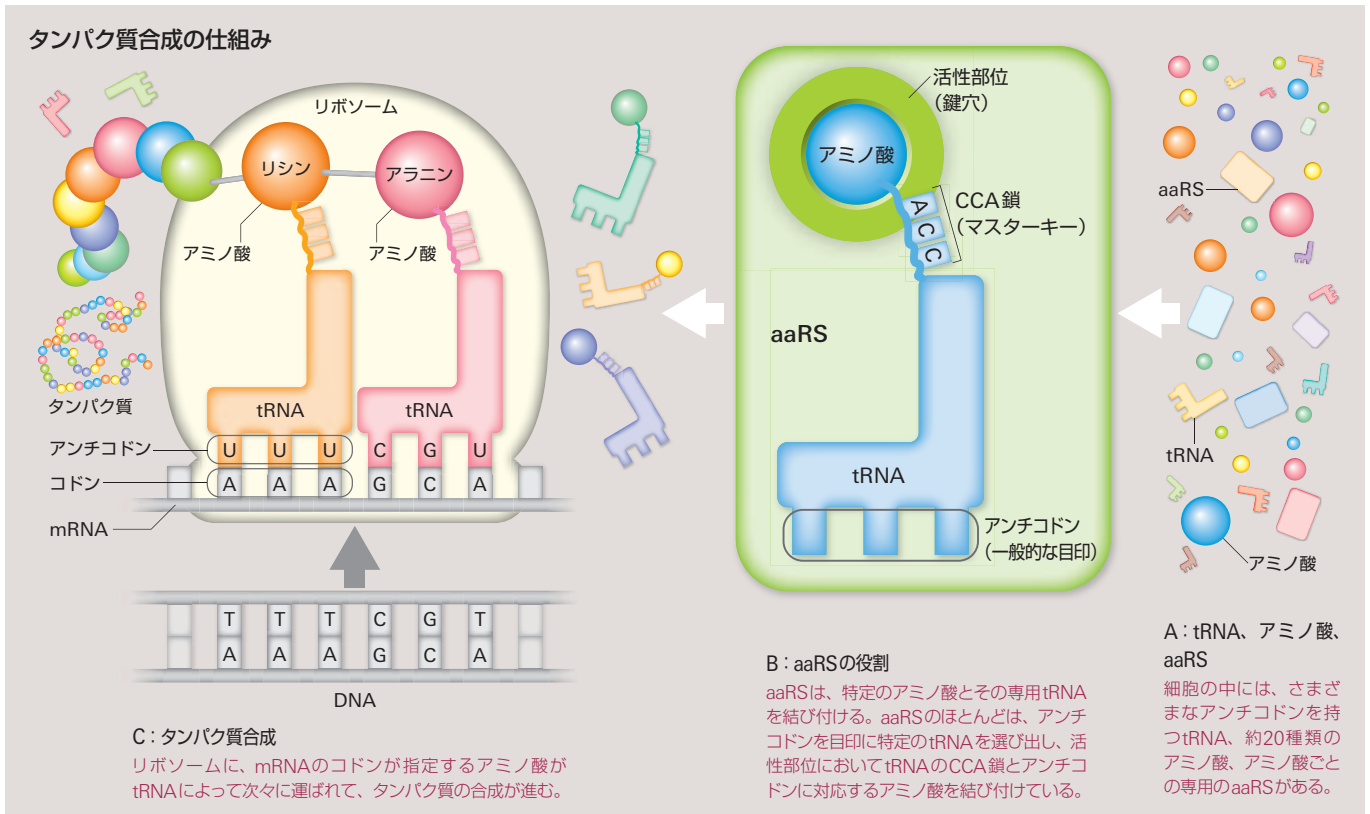
横山茂之 上席研究員は、今回の研究成果を、「歴史的な大事件です」と語る。「私たちが解明したアラニンとその専用tRNAを特異的に結び付ける酵素の仕組みを使えば、200種類のアミノ酸でタンパク質を合成することが可能になるかもしれません。人工生命の創製へ向けて、新しい研究をスタートさせることができ

ます」  
200種類のアミノ酸を使ってタンパク質をつくる人工生命とは、いったい何か。まず、タンパク質合成の仕組みから紹介しよう（タイトル図）。タンパク質は約20種類のアミノ酸が連なり、立体的に折り畳まれたものだ。どの種類のアミノ酸をどの順番でつなげてタンパク質をつくるのが、DNAにあるA（アデニン）、T（チ

ミン）、G（グアニン）、C（シトシン）という4種類の塩基の並び方（塩基配列）によって書かれている。

タンパク質がつくられるとき、DNAの一部にある遺伝子領域の塩基配列が、RNAに写し取られる。RNAにも4種類の塩基があり、A、G、CはDNAと共通で、Tの代わりにU（ウラシル）を持つ。そして、DNAの塩基にRNAの塩基がA-T（U）とG-Cのペアで相補的に結び付いていくことで、DNAからmRNA（伝令RNA）へ塩基配列が転写されていく。

mRNAは、リボソームという細胞内小器官に結合する。mRNAの塩基配列は、3個1組みで特定のアミノ酸を指定





**横山茂之**（よこやま・しげゆき）横山構造生物学研究室  
上席研究員

1953年、東京都生まれ。理学博士。東京大学大学院理学系研究科博士課程修了。1991年、東京大学理学部 教授。1993年、理研主任研究員。ゲノム科学総合研究センター プロジェクトディレクター、生命分子システム基盤研究領域 領域長などを経て、2013年より現職。東京大学名誉教授。



する遺伝暗号「コドン」になっている。塩基4種類が3個並ぶことで、 $4 \times 4 \times 4 = 64$ 通りのコドンがある。64種類のコドンのうち3種類はタンパク質合成の終わりを示す「終止コドン」で、残りの61種類のコドンで20種類のアミノ酸を指定している（同一のアミノ酸を1~6種類のコドンが指定している）。

mRNAのコドンが指定するアミノ酸をリボソームに運んでくるのがtRNAだ。tRNAには70個を超える塩基が並んでいて、その一部に、mRNAのコドンと相補的に結合する「アンチコドン」がある。例えば、mRNAの「AAA」というコドンに相補的に結合する「UUU」というアンチコドンを持つtRNAは、リシンというアミノ酸を付けて運んでくる。こうしてコドンが指定するアミノ酸をその専用tRNAが次々と運んでくることで、遺伝暗号はタンパク質に翻訳される。

「実はこのタンパク質合成の仕組みに、謎のままになっていたブラックボックスがあります」と横山上席研究員は指摘する。細胞の中には、さまざまなアンチコドンを持つたくさんの種類のtRNAと、約20種類のアミノ酸がある。mRNAのコドンの指定に従ってタンパク質の合成が行われるためには、リボソームに運ばれてくる前に、約20種類のアミノ酸とその専用tRNAが正しく結び付けられなければならない。

tRNAとアミノ酸を結び付ける「アミノアシルtRNA合成酵素（aaRS）」が、20種類のアミノ酸ごとに存在する。「それらのaaRSが特定のtRNAを選び出し、アンチコドンに対応する正しいアミノ酸

を付けています。その仕組みが分かっているのではありません」（タイトル図）

### ■ aaRSはtRNAを結合させてから、種類を振り分けている

「aaRSが特定のtRNAに正しいアミノ酸を結合させる精度はとても高く、1万回に1回ほどしか間違えないと推定されています。それはつまり、aaRSが特定のtRNAを選び出す精度がとても高いことを意味しています」

では、aaRSはどのようにtRNAの種類を選別しているのか。酵素と酵素が作用する物質との関係は、鍵穴と鍵に例えられる。鍵穴と鍵の形がぴったりと合うと、結合することができ、鍵が回り、扉が開いて化学反応が起きる。一般に酵素は、結合するかしないかを主な目印にして、作用する物質を選び出しているのだ。

aaRSとtRNAでいうと、鍵穴はaaRSの活性部位、鍵はアミノ酸が付くtRNAの塩基配列末端のCCA鎖になる（タイトル図B、図1）。「つまり、鍵穴はaaRSの種類によって形が異なるけど、鍵の形はtRNAの種類によらず同じなのです。どのtRNAも同じマスターキー（CCA鎖）を持っているようなものです」

tRNAはある一定の形でなければリボソームで機能することができないため、tRNAの形のバリエーションには限りがある。そして、多くのaaRSはさまざまな種類のtRNAと結合することが分かった。

「ほとんどのaaRSは、一般の酵素のように、結合するかしないか、という仕方です。tRNAの種類を選別しているわけではないのです。aaRSとtRNAが結合して

も、アミノ酸を付けるのは、特定のアンチコドンを持つtRNAだけです。ほかのtRNAが結合してもaaRSはアミノ酸を付けません。マスターキーを鍵穴に入れて回しても扉は開かないのです」

aaRSはtRNAと結合した後で、特定の種類だけにアミノ酸を付け、それ以外の種類にはアミノ酸を付けない、という振り分けをしているのだ。

### ■ 足の裏に付いた名札で

#### 握手するかどうかを決める謎

では、aaRSは何を目印にtRNAの種類を振り分けているのだろうか。大学院のころからtRNAの研究を進めていた横山上席研究員は1988年、アミノ酸の一種であるイソロイシン専用のaaRS（IleRS）が、イソロイシンを運ぶtRNA（tRNA<sup>Ile</sup>）を選ぶときの目印がアンチコドンにあることを発見した。多くのaaRSはtRNAのごく一部分を目印にして種類を振り分けていること、そして、ほとんどのaaRSはアンチコドンを目印にして特定のtRNAだけにアミノ酸を付けることが明らかになり始めた。しかし、その仕組みはまだ謎だ。

「それは、足の裏に付いた名札を見て、握手するかどうかを決めるようなものです」と横山上席研究員。アンチコドン（目印）とアミノ酸が付くCCA鎖（マスターキー）はtRNAの両端にあり、遠く離れているからだ（タイトル図B）。しかもCCA鎖は軟らかい構造になっている。

「tRNAは、ふらふら動くCCA鎖に、L字形の棒のような二重らせん構造の領域がつながり、その棒の反対側の端にア

図1 アラニン専用の tRNA<sup>Ala</sup>の立体構造と塩基配列

いずれのtRNAもL字形をしており、一方の端にはアミノ酸を付けるCCA鎖、もう一方の端にはアンチコドンがある。

tRNA<sup>Ala</sup>のアクセプターステムにある1ヶ所の塩基対はG-Uという変則型である。アラニン専用のaaRS (AlaRS)はそこを目印にtRNA<sup>Ala</sup>を選び出している。

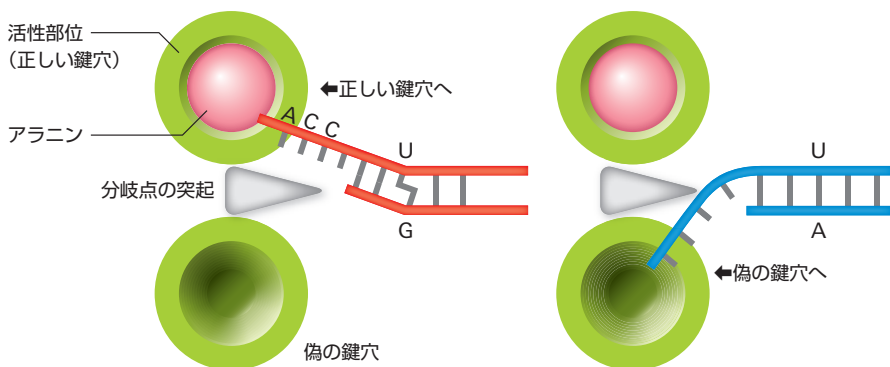
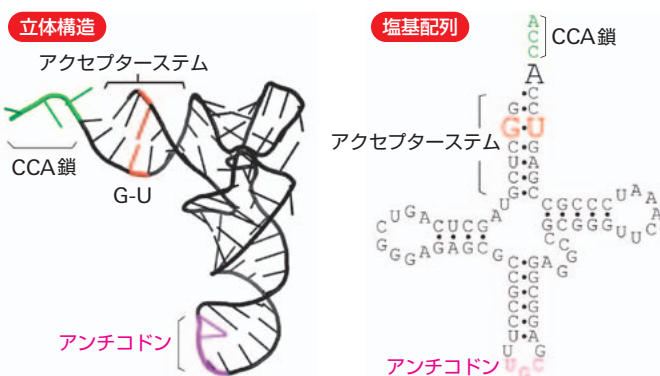


図2 AlaRSがtRNA<sup>Ala</sup>だけにアラニンを結び付ける仕組み

tRNA<sup>Ala</sup>はアクセプターステムの目印(図1)がG-Uという変則型塩基対のため二重らせんにずれが生じる。そのため、鎖の位置が分岐点の上側にずれて正しい鍵穴に入り、活性部位でCCA鎖にアラニンが付く(左)。

tRNA<sup>Ala</sup>以外のtRNAはA-Uなどの通常型塩基対なので二重らせん構造にずれは生じない。そのため、tRNAの鎖は分岐点の下側を通って偽の鍵穴に入り、活性部位から遠い位置にCCA鎖が固定され、アラニンが付かない(右)。

ンチコドンがある、といった構造です。特定のtRNAにだけアミノ酸を付けるには、遠くにある目印(名札)が正しいかどうかによって、aaRSの活性部位(鍵穴)の中で、ふらふら動くCCA鎖(マスターキー)をコントロールして、扉を開けるかどうかを決めなければなりません。遠くにある目印が鍵穴の働きを切り替える、つまり、アンチコドンの情報がどのように伝わり、活性部位をコントロールして、特定のtRNAのCCA鎖だけに反応が起きるようにしているのか、謎はさらに深まりました。2014年、これまで想定されたことのないまったく新しいメカニズムが、私たちの研究によって明らかになりました」

■ 鍵穴は二つあった！

1988年、アメリカの二つの研究グループが、アラニン専用のaaRS (AlaRS)

が、アラニンを運ぶtRNA (tRNA<sup>Ala</sup>)を選ぶときの目印を発見した。tRNA<sup>Ala</sup>にはCCA鎖に隣接するアクセプターステムと呼ばれる二重らせん構造の領域があり、その塩基対が1ヶ所G-Uという変則型になっていた。AlaRSは、それを目印にしてtRNA<sup>Ala</sup>を選び出していた(図1)。

「その塩基対をA-Uという通常型の塩基対に改変すると、アラニンは付かなくなります。また、ほかのアミノ酸を運ぶtRNAでも、そこをG-Uに改変すると、アラニンが付くようになります。ただし、1ヶ所の塩基対をG-Uに換えただけで、なぜアラニンが付くのか、その後25年間、その仕組みは謎のままでした」

横山上席研究員たちは大型放射光施設Spring-8などを駆使して、tRNA<sup>Ala</sup>とAlaRSが結合した複合体のX線結晶構造解析を実施。目印からCCA鎖までの

構造を高い分解能で調べた。

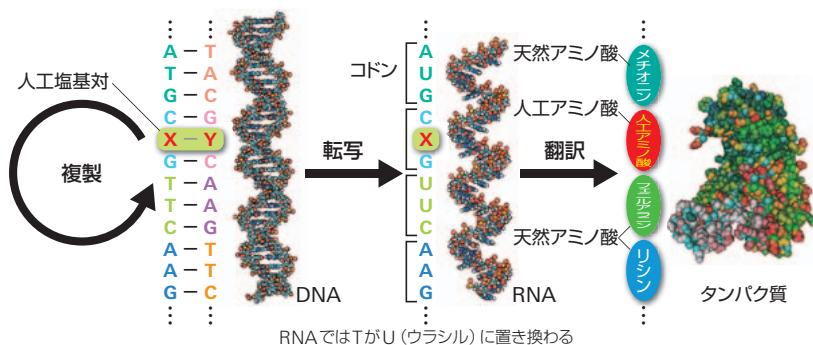
「2種類の複合体を作製して解析しました。一つは目印がG-Uの天然型、もう一つは目印をA-Uという通常の塩基対に換えた変異型です。その結果、天然型では、CCA鎖が活性部位に到達するのに、変異型は途中で大きく曲げられて活性部位から離れた場所にCCA鎖が固定されていることが分かりました。AlaRSには、いわば“二つの鍵穴”があったのです！一方は扉を開けられる正しい鍵穴(活性部位)。もう一方は今回、新たに発見された部位で、扉を開けられない偽の鍵穴です。それは誰も考えたこともない振り分けの仕組みです」

なぜ、G-Uの天然型だけが、正しい鍵穴に入ることができるのか。まず、目印がG-UでもA-Uでも、そのUの位置はAlaRSの特定の場所に精密に固定される。そしてAlaRSの正しい鍵穴と偽の鍵の分岐点には突起がある。

tRNA<sup>Ala</sup>は目印がG-Uという変則型塩基対のため二重らせん構造にずれが生じる。そのため、tRNA<sup>Ala</sup>の鎖は、分岐点の上側に位置がずれて正しい鍵穴に入り、CCA鎖が活性部位に到達してアラニンが付く(図2左)。

tRNA<sup>Ala</sup>以外のtRNAはA-Uなどの通常型塩基対なので二重らせん構造にずれは生じない。そのため、tRNAの鎖は分岐点の下側を通って偽の鍵穴に入り、大きく曲げられて活性部位から遠い位置にCCA鎖が固定され、アラニンが付かないのだ(図2右)。

ただし、AlaRSのようにCCA鎖に隣接したアクセプターステムにある塩基対



#### 関連情報

- 2014年6月23日プレスリリース  
「遺伝暗号を解読する鍵となる新メカニズムを発見」
- 「理研ニュース」2013年8月号（研究最前線）  
「人工DNAで薬をつくる」

図3 人工塩基対と人工アミノ酸を用いたタンパク質合成  
2種類の人工塩基を加えることで、コドンは216通りとなる。人工塩基を含むコドンに人工アミノ酸を割り当てて、タンパク質に組み込む。それには人工塩基を含むアンチコドンを目印にして、特定のtRNAと人工アミノ酸を結び付ける、人工aaRSを開発する必要がある。

を目印に選別しているのは、特殊な例だ。イソロイシン専用のIleRSのように多くのaaRSはCCA鎖から遠く離れたアンチコドンを目印にしている。「それらのaaRSも、この二つの鍵穴の振り分けの仕組みを使って特定のtRNAだけにアミノ酸を付けているのだらうと、私は推測しています。アンチコドンから分岐点までの距離が遠くても、その間は硬い二重らせん構造なので、アンチコドンの違いが伝わり、二つの鍵穴の仕組みで振り分けられると考えられます」

### ■ 200種類のアミノ酸を用いてタンパク質をつくるには

地球上で生命は、約40億年前に誕生したと考えられている。初期の生命は20種類よりも少ない数のアミノ酸しかタンパク質合成に使えず、進化の過程でアミノ酸の種類を増やし、20種類を使うようになったと推測されている。

ヒトを含めた動物と、細菌や古細菌の一部は、必須元素であるセレンを含むセレノシステインを「21番目のアミノ酸」としてタンパク質の合成に用いていることが知られている。2002年には、メタン産生古細菌から「22番目のアミノ酸」であるピロリシンが発見された。メタン産生古細菌は、メタン産生に必要な酵素をつくるためにピロリシンを組み込んでいた。

さらにたくさんのアミノ酸を使うことができれば、従来にない機能を持つ酵素などをつくることができると考えられる。しかし23種類以上のアミノ酸を使ってタンパク質をつくることのできる生物

は、まだ知られていない。

その大きな理由の一つは、コドンの種類が64種類と限られていることだ。そのうちの61種類が20種類のアミノ酸の指定に割り当てられているため、21番目や22番目のアミノ酸をタンパク質に組み込むときには、3種類ある終止コドンのうちの1つを割り当てるといって、特殊な手法を生命は用いている。

「私たちは、理研ライフサイエンス技術基盤研究センター（CLST）非天然型アミノ酸技術研究チームの坂本健作チームリーダー（TL）たちと共同で、人工アミノ酸をタンパク質に組み込むバイオテクノロジーの開発を進めてきました。今まで私たちも、新しいアミノ酸を組み込むときに終止コドンを利用してきました。しかし終止コドンは3種類だけです。たくさんの種類のアミノ酸を使うには、コドンの種類を増やす必要があります」

横山上席研究員は、CLST 合成分子生物学研究チームの平尾一郎TLたちとの共同研究も進めてきた。平尾TLたちは、Ds-Pxという人工塩基対を開発し、その塩基対を組み込んだDNAを試験管内で高い精度で複製・増幅させることに成功している。

天然の4種類に人工塩基2種類が加わり6種類になることで、コドンは $6 \times 6 \times 6 = 216$ 種類に増える。「それにより、約200種類の人工アミノ酸を指定することができるようになります。しかし、その人工塩基を組み込んだDNAを細胞の中で機能させて、人工コドンが指定する人工アミノ酸を組み込んだタンパク質を合

成する人工生命の創製には、まだ成功していません」(図3)

それには人工アンチコドンを目印にして特定のtRNAと人工アミノ酸を結び付ける、人工aaRSを開発する必要がある。それが今まで実現できなかったことが、細胞の中で人工塩基を利用したタンパク質合成ができなかった大きな理由の一つだ。二つの鍵穴で振り分ける仕組みの発見は、その状況にブレークスルーをもたらすはずだ、と横山上席研究員は言う。

「それはコロンブスの卵のような仕組みです。人工アンチコドンを目印にして特定のtRNAと人工アミノ酸を結び付ける人工aaRSを開発する実験を早速、始めたいと思います。タンパク質合成にはまだ大きな謎がいくつか残されていますが、その人工aaRSが実現できれば、約200種類の人工アミノ酸からタンパク質をつくる人工生命の創製へ向けて、大きく近づくことになります」

その人工生命により、従来にない医薬品やバイオ燃料、バイオ材料、酵素など、人類が直面するさまざまな課題を解決するスーパータンパク質を大量につくり出すことができると期待される。「組み込むことができる人工アミノ酸の種類が増えるごとに、タンパク質の形と機能のバリエーションは大きく広がります。生命が約40億年かけても実現できなかった、まったく新しいタンパク質の世界の扉を開くことになります」

将来、2014年は生命科学の分岐点として記憶されているかもしれない。

(取材・執筆：立山 晃/フォトンクリエイト)

# 金やウランなど鉄より重い元素は 中性子星の合体によって つくられた!?

2014年7月17日プレスリリース

天然に存在する元素のうち、水素やヘリウムなどの軽い元素はビッグバンでつくられ、鉄までの元素は恒星内の核融合や超新星爆発でつくられた。一方、鉄より重いレアアース、金、ウランなどは、「rプロセス」という元素合成過程によってつくられたと考えられている。多量の中性子が高密度に存在すると、原子核が中性子を次々に取り込み、同じ陽子数でそれより中性子の多い不安定核が連続してつくられ、最後に $\beta$ 崩壊して陽子数一つ増やし新しい元素となる。これを繰り返し、より重い元素の不安定核が次々に合成されていく。この一連の過程をrプロセスという。rプロセスでつくられた不安定核は、その後、放射性崩壊し安定核へと変化していく。

このrプロセスがいかなる天体現象で起こるのか、分かっていない。その第一候補が超新星爆発であるが、爆発で放出される中性子が少な過ぎ、rプロセスは起こりにくいことが分かってきた。第二候補が中性子星の合体である。二つの中性子星が互いの重心の周りを公転する中性子星連星は、一般相対性理論で存在が予想されている重力波を放出しつつ、1億~10億年かけて合体する。そのときの強い衝撃波と遠心力によって合体部から、また合体後にできる大質量中性子星の表面から、太陽質量の1%程度の物質が渦状に放出される。その渦の腕の中でrプロセスが起こると考えられている。ところが、渦状に放出される物質は90%以上が中性子で、超新星爆発のときとは逆に中性子が多過ぎる。そのため、非常に重い元素はつくられるが、質量数90~120（原子番号40~50）の元素がまったくつくられないという問題があった。

理研理論科学連携研究推進グループの和南城伸也 研究員、京都大学の関口雄一郎 特任助教らは、一般相対性理論とニュートリノの効果を考慮した計算手法で、二つの中性子星（質量は太陽の1.3倍、半径は12km）が互いに回りながら合体し、物質が渦状に放出されるまでを数値シミュレーションし、金やウランなどの重い元素の起源の解明に挑んだ（図1、表紙）。

その結果、合体時に放出される物質中の中性子は、その一部がニュートリノを吸収して陽子に換わることで60~90%程度にとどまること、それをもとに求めた元素組成は、質量数90~238（原子番号40~92）のほぼすべてにわたって太陽系の元素分布を再現することが分かった（図2）。以上より、rプ

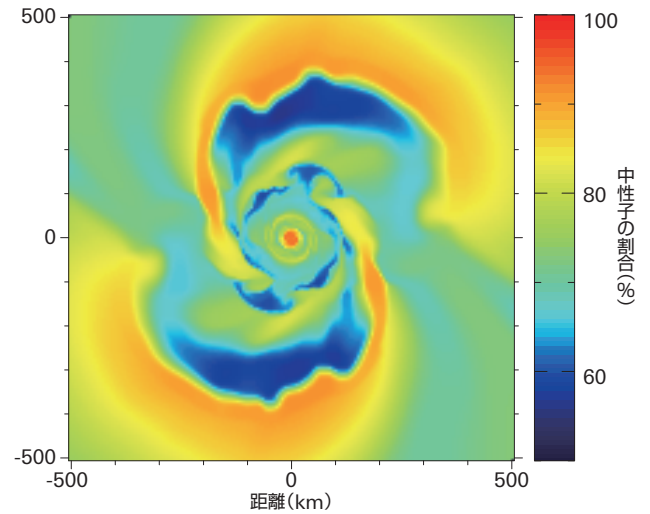


図1 中性子星合体の数値シミュレーション

二つの中性子星の合体の瞬間から8ミリ秒後の様子を、物質中の中性子の割合(%)で表したもの。黄色からオレンジの渦状部分で金やウランなどが、青から水色の部分で銀やレアアースなどがつくられる。

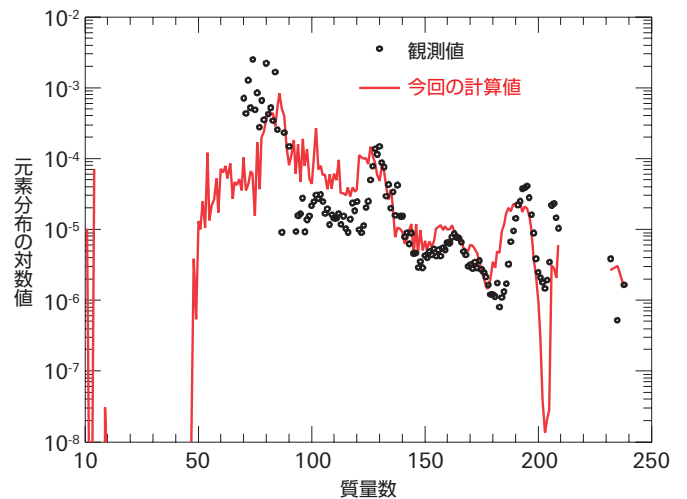


図2 太陽系の重元素組成

太陽系重元素分布（rプロセス成分）の観測値（丸印）と今回の計算値（赤線）。レアアースの質量数は約140~180、金は197、ウランは238など。

ロセスは、超新星爆発でなく中性子星合体を起源とする可能性が高いことが明らかとなった。

rプロセスで大量につくられる不安定核は、放射性崩壊してガンマ線や電子を放出する。すると周囲の物質が加熱され明るく輝く。岐阜県の子神岡鉱山跡に建設中の「KAGRA」などで重力波が観測され、その方向に光り輝く天体が発見されれば、中性子星合体でrプロセスが起きた証拠となる。また、その明るさから宇宙に放出された重い元素の質量も推定できる。そのときに備え、研究チームは現在、中性子星合体による元素合成の精密計算をスーパーコンピュータ「京」で行っている。

●『The Astrophysical Journal Letters』オンライン版（7月10日）掲載

# 自然免疫系のNKT細胞にも免疫記憶があった

2014年8月19日プレスリリース

免疫は、病原体やがん細胞などの異物が持つ抗原をパターン認識し即座に反応する「自然免疫」と、時間がかかるが抗原を特異的に認識できる細胞をつくり集中攻撃する「獲得免疫」とがある。例えばがん免疫療法では、自然免疫のNK細胞とNKT細胞、獲得免疫のキラーT細胞など、がん細胞を攻撃する細胞群の同時活性が、また、それら細胞群でのがん抗原情報を記憶する「免疫記憶」の長期維持などが課題となる。この免疫記憶を持つのは獲得免疫だけで自然免疫は持たないとこれまで考えられてきたが、最近、自然免疫系のNK細胞などに免疫記憶があることが分かってきた。しかし、NKT細胞にそのような報告はなかった。

理研統合生命医科学研究センター 免疫細胞治療研究チームの藤井眞一郎チームリーダー (TL) らは、患者さんから樹状細胞 (DC) を取り出し、NKT細胞を活性化する糖脂質 ( $\alpha$ -GalCer) を持たせ再び体内に戻す、肺がんを対象にした「NKT細胞免疫療法」の臨床研究を千葉大学などと進め、平均生存期間の延長を確認してきた。そこで今回、 $\alpha$ -GalCerを持つ樹状細胞 (DC/Gal) をマウスに投与し、NKT細胞の数や抗腫瘍作用の持続効果を、さまざまな臓器で詳しく調べた。

その結果、①2度目の抗原侵入に対して迅速かつ強力に反応する「記憶免疫様NKT細胞」(以下、記憶NKT細胞)が、肺に9ヶ月以上生存すること (図1)、②同細胞ではNK細胞とT細胞で発現する分子やアポトーシスを引き起こす分子が発現しており、自然免疫と獲得免疫の細胞群を活性化するサイトカイン (IFN- $\gamma$ ) が多く産生されることが分かった。また、③マウスに記憶NKT細胞を誘導した4ヶ月後に、皮膚がんの一種である悪性黒色腫を静脈内に投与したところ、黒色腫の転移が抑性された。さらに④記憶NKT細胞の抗原特異性を確認した (図2)。これら結果は、役割を終えたNKT細胞の一部が記憶NKT細胞となって長期にわたり存在し、抗腫瘍作用を発揮し続けることを示している。

また、藤井TLらは、 $\alpha$ -GalCerとがん抗原を持たせた次世代がんワクチン「ヒト型人工アジュバントベクター細胞 (aAVC)」を2012年に開発し、aAVCを用いた新たなNKT細胞免疫療法の前臨床研究を進めている (図3)。同研究で、キラーT細胞による抗腫瘍作用の長期継続を見いだしている。

本研究結果により、aAVCによってがん細胞を直接攻撃す

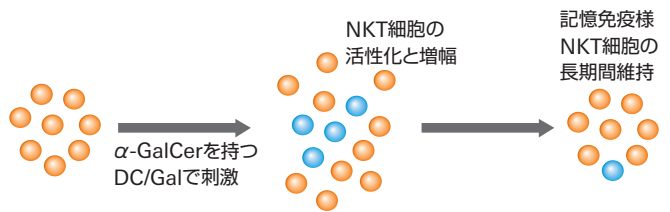


図1 NKT細胞と記憶免疫様NKT細胞

糖脂質 $\alpha$ -GalCerを持つ樹状細胞 (DC/Gal) をマウスに投与すると、NKT細胞 (オレンジ) が活性化し、抗原を排除できるまで増幅する。すると、その中で抗原情報を記憶する記憶免疫様NKT細胞に分化するもの (青) が現れ、抗原排除が完了しても長期にわたり存在し続ける。

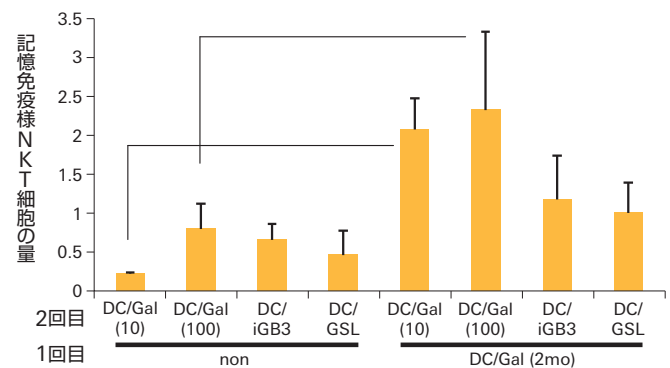


図2 記憶免疫様NKT細胞の抗原特異性

$\alpha$ -GalCerを持つ樹状細胞 (DC/Gal) をマウスに投与した2ヶ月後、DC/Galを再投与するケースとは別に、NKT細胞が抗原認識する別の糖脂質 (iGB3、GSL) を持つ樹状細胞 (DC/iGB3、DC/GSL) を再投与した。DC/Gal再投与で記憶免疫様NKT細胞は急激に増え、投与量を1/10に減らしても反応は強力だった。一方、DC/iGB3、DC/GSLを再投与しても記憶免疫様NKT細胞は大きく増えなかった。

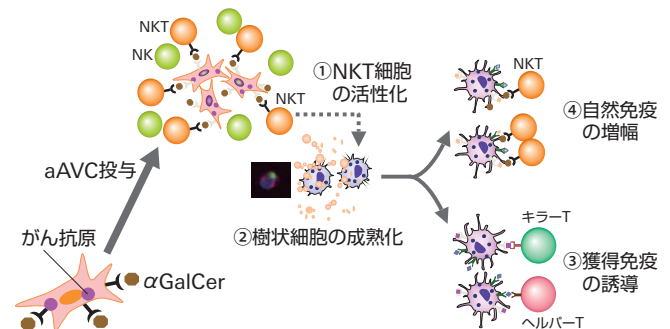


図3 aAVCを用いたNKT細胞免疫療法

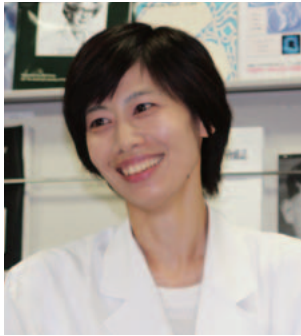
がん患者さんに、 $\alpha$ -GalCerとがん抗原を持つaAVCを投与すると、① $\alpha$ -GalCerにより自然免疫系のNKT細胞が活性化し、同細胞の活性化因子によりNK細胞も活性化する。②活性化したNKT細胞とNK細胞はがん抗原を持つaAVCを攻撃し、残骸を樹状細胞が貪食する。すると樹状細胞は、③がん抗原をT細胞に提示して獲得免疫を誘導するとともに、④ $\alpha$ -GalCerをNKT細胞に提示して自然免疫も増幅する。本手法は、がん抗原を入れ替えることでさまざまながん治療に適用できる。患者さんから血液を採取する必要がないので、医薬製剤化も期待できる。

るキラーT細胞のみならず、その司令塔であるNKT細胞にも免疫記憶が存在することが示された。今後のヒト細胞での検証、さらには臨床試験予定にあるaAVCを用いたがん免疫療法への展開が期待される。

- 『Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America』オンライン版 (8月12日) 掲載

## 思春期特発性側彎症の関連遺伝子を見つけ治療へつなぐ研究者

側彎症は、背骨が横に曲がる疾患である。側彎症には何種類かあるが、10歳以降に発症し原因不明の思春期特発性側彎症 (AIS) の発症頻度が最も高い。統合生命医科学研究センター (IMS) 骨関節疾患研究チームの稲葉 (黄) 郁代 上級研究員 (以下、研究員) は、慶應義塾大学などとの共同研究によって、ゲノムワイド相関解析 (GWAS) を用いて AIS のなりやすさに関連している遺伝子を発見した。「大学院修士課程修了後、製薬企業に就職したのですが、研究を通じて人の役に立ちたいと理研に転職しました。最初はテクニカルスタッフとしての採用だったので、勤務時間外に研究をさせてもらっていました。私のような経歴を持つ研究員は少ないかもしれませんが。性格は真面目なコツコツタイプで、要領よくできる人がうらやましいという。そんな稲葉研究員の素顔に迫る。



### 稲葉 (黄) 郁代

統合生命医科学研究センター  
骨関節疾患研究チーム 上級研究員

いなば (コウ)・いくよ

1974年、台湾生まれ。博士 (工学)。早稲田大学理工学部応用化学科卒業。同大学大学院理工学研究科応用化学専攻修士課程修了。佐藤製薬(株)製剤研究所研究員を経て、2002年より理研遺伝子多型研究センター変形性関節症関連遺伝子研究チーム テクニカルスタッフ。2014年より現職。

「小学校卒業まで青森県下北半島に住んでいました。信号機ができたのが小学6年生のときですから、とても小さな町でした」と稲葉研究員。その後、秋田市へ転居。中学・高校と陸上部で短距離走に打ち込んだ。「親族に医師が多かったことから、人の役に立つ仕事をしたいと考えていました。でも、医師は手術のイメージが強く、私には無理。生物の授業で興味を持った遺伝子の研究をしたいと思うようになりました」

早稲田大学理工学部応用化学科へ進学。大学院の修士課程を終えると、製薬会社に就職した。「研究機関や大学より製薬会社の方が早く人の役に立つ研究ができると考えたのです。しかし配属先は、薬効が確認された化合物を服用しやすい形にする製剤開発が中心で、思い描いていた研究とは違っていました。2年たったころから研究職への転職を考え始めました」

しかし、転職は順調にはいかなかった。「博士号を持たず、研究職でもなかったので、研究職で採用してもらえないのです」。そんなある日のこと。「学術誌をめくっていたら、中村祐輔先生の記事が目にとまりました」。IMSにつながる理研遺伝子多型研究センター (SRC) の創設に深く関わり、後にセンター長も務めた研究者だ。「1塩基多型 (SNP) つまりゲノム塩基配列における1塩基の違いを目印にすれば疾患の関

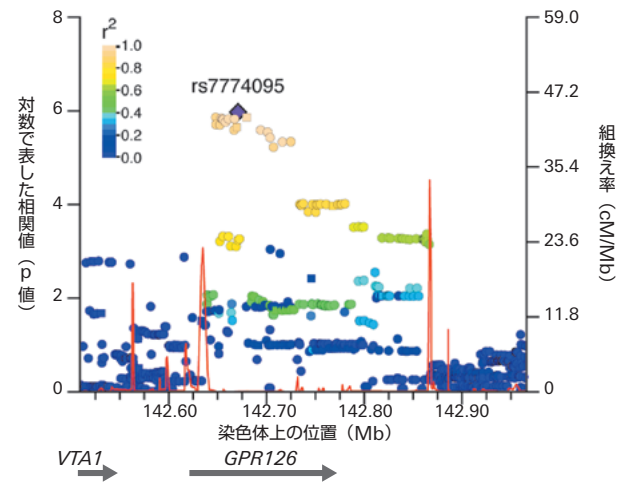


図 思春期特発性側彎症 (AIS) のゲノムワイド相関解析 (GWAS) の結果  
*GPR126* という遺伝子領域に存在している rs7774095 を含む 19 個の SNP が、AIS のなりやすさに関連していることが明らかになった。*GPR126* は日本人だけでなく、中国人や欧米人でも AIS のなりやすさに関連している。

連遺伝子を発見できること、一人ひとりに最適な医療を提供するオーダーメイド医療の実現を目指すプロジェクトが始まることが書かれていました。面白そう、この研究をやりたいと、すぐ SRC のホームページで求人情報を調べました」

研究員の応募条件を満たしていなかったが、諦めなかった。「テクニカルスタッフの求人に応募しては、研究をやらせてほしいとお願いし続けました。すると唯一、池川志郎チームリーダーが、『やる気があるなら、勤務時間外に研究をしたらいい』と言ってくださったのです」。そして 2002 年、SRC 変形性関節症関連遺伝子研究チームに。毎日夜まで残って夢中で研究して、2 年かけて論文にまとめた。リサーチアソシエイト、特任職員となり、早稲田大学で博士号も取得。特別研究員、研究員を経て、上級研究員となった。

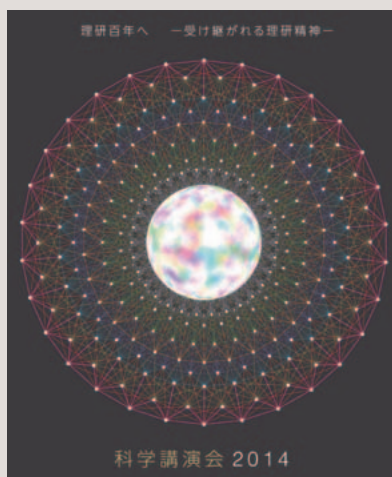
現在は、2013 年に発見した AIS の関連遺伝子 *GPR126* の機能を調べている (図)。「ゼブラフィッシュを用いた実験で、*GPR126* の発現を抑えると背骨を形成する椎骨の骨化が遅れることが分かりました。*GPR126* が AIS の発症や進行にどのように関連しているかを明らかにして、新しい診断や治療法の開発につなげたい。新しい関連遺伝子探しも続けています」

「大学進学では遺伝子の研究ができると聞いて応用化学科を選んだのですが、入ってみると工学科が濃くて後悔しました」と振り返る。「でも、指導教官の言葉で、迷いが消えました。『工学、特に応用化学は、人の生活にどう貢献するかを常に考えなければいけない』。それは私がやりたかったことであり、選択は間違っていなかったのです。今も、患者さんへの貢献を常に意識して研究をしています」。稲葉研究員の柔らかい笑顔の中に強い意志が秘められている。

(取材・執筆：鈴木志乃/フォトクリエイト)

## 「科学講演会2014」開催のお知らせ

理研の最新の研究成果を、研究の最前線で活躍する研究者が分かりやすく紹介する理化学研究所 科学講演会。第36回を迎える今年は、生命の不思議、物質の謎からイノベーション技術まで、幅広い分野での成果を紹介します。



東京都中央区京橋3丁目1-1 東京スクエアガーデン5F  
(地下鉄銀座線京橋駅直結、JR東京駅徒歩5分)

|      |  |
|------|--|
| 開催日時 | 2014年11月30日(日) 14:00~16:50<br>開場 13:30   |
| 開催場所 | 東京コンベンションホール   |
| 参加方法 | 事前申込制(先着順、定員400名)。Webフォームから登録願います。<br><a href="http://www.riken.jp/pr/events/events/20141130/">http://www.riken.jp/pr/events/events/20141130/</a><br>(登録期間: 11月4日12時から20日10時まで)<br>参加対象: 高校生・大学生・一般、参加無料 |
| 問合せ先 | 理化学研究所広報室 電話048-467-9954(直通) event-koho@riken.jp   |

### プログラム

|             |                                       |  |
|-------------|---------------------------------------|--|
| 13:30       | 開場                                    |  |
| 14:00       | 開会                                    |  |
| 14:00~14:10 | 開会あいさつ                                | 野依良治 理事長   |
| 14:10~14:55 | 講演「濃度勾配のスケーリング<br>—生物の形を相似形にするメカニズム—」 | 講師 猪股秀彦<br>発生・再生科学総合研究センター<br>体軸動態研究チーム<br>チームリーダー   |
| 14:55~15:10 | 休憩                                    |  |
| 15:10~15:55 | 講演「ミクロな世界の<br>3体・4体問題へのいざない」          | 講師 肥山詠美子<br>仁科加速器研究センター<br>肥山ストレンジネス核物理研究室<br>准主任研究員 |
| 15:55~16:40 | 講演「紫外線LEDの開発<br>—殺菌・浄水、医療市場を目指して—」    | 講師 平山秀樹<br>平山量子光素子研究室<br>主任研究員                       |
| 16:40~16:50 | 開会あいさつ                                | 川合眞紀 理事  |
| 16:50       | 閉会                                    |  |



## ライフサイエンス技術基盤研究センター 新研究室主宰者の紹介

新しく就任した研究室主宰者を紹介します。

- ①生まれ年、②出生地、③最終学歴、④主な職歴、  
⑤活動内容・研究テーマ、⑥信条、⑦趣味



ゲノムデータ解析アルゴリズム開発ユニット  
ユニットリーダー

**Michiel Jan Laurens De Hoon**  
デ・ホーン・ミヒル

- ①1972年 ②ヘールレン(オランダ) ③カリフォルニア大学バークレー校(米国) 物理学博士課程修了  
④コロンビア大学(米国) ⑤次世代シーケンサーを利用したnon-coding RNAsの解析 ⑥特になし  
⑦絵を描く

## 生身で行く水面下の別世界

中川 直 なかがわ・なお

脳科学総合研究センター  
局所神経回路研究チーム  
研究員

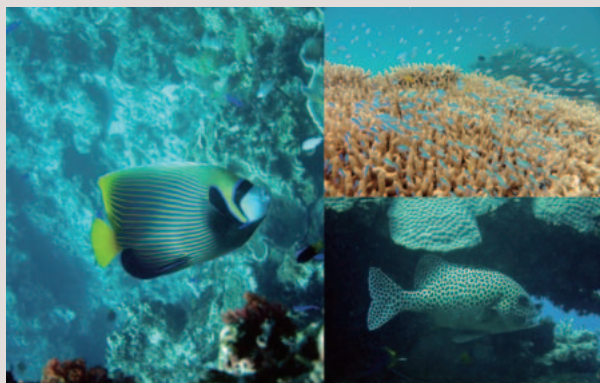
子どものころ、家族でよく海に行っていました。僕が水面に浮かんでいる下で、父が潜ってナイフでウニを割ると、周りの魚がワッと群がってきてミソを食べあさる。眼下数mで繰り広げられる光景を“もっと近くで見たい”ともどかしい思いをしたのを覚えています。大学でそれを専門に行うサークルを見つけ、のめり込み今まで続けてきた、筆者が最も好きな趣味の一つであるスキューバダイビングの魅力について書かせていただきます。

テレビで美しいサンゴ礁の海の映像を見たことがありますよね？青く澄んだ海に色鮮やかな魚やサンゴ。その世界を最低限の装備、すなわちマスク／シュノーケル／フィンだけで楽しむ海洋性レクリエーション、それがスキューバダイビングです。装備は2万円で収まり、そのほかで潜りに掛かる費用は0。ポートもインストラクターも必要としません。海岸で道具を装着したら沖まで泳ぎ、思い思いに潜水と浮上とを繰り返してさまざまな生き物を探索、観賞します。サンゴの根ではカラフルな魚の群れを、砂地ではハゼを、ドロップオフの深い場所では大物を。重い機材を背負わないため機敏に広範囲を巡ることができます。身軽さと自由度の高さは大きな魅力です。

しかし潜るのは大変。息を止め、頭を下にした垂直な体勢になり下半身とフィンの重みで一気に真下へと潜るのですが、深度が増すと水圧が体内の圧力より高くなって目や耳が痛むため、肺の空気をうまく送り込んで中和しなければなりません。これを潜りながら行うには経験を要します。初めは5m潜るのも大変です。けれども、深い場所にはそこにはしかない生き物がいて、珍しい魚影や何か潜んでいるような岩のくぼみが見えたなら、潜らずにはいられない。そうして夢中で潜っているうちにだんだん深く潜れるようになるのです。今や筆者とその友人は、深く潜ること自体も楽しみの一部となり、15mは難なく潜ります。この深さから見上げる太陽揺らめく水面は、その遠さにゾクリとす



(左) 海にエントリーするところ。おなかに入っているのはカメラ  
(右) 岩のくぼみをのぞき込む筆者



(左) タテジマキンチャクダイ  
(右上) エダサンゴとデバスズメダイの群れ  
(右下) 深場にいたチョウチョウコショウダイ  
撮影：10年来の潜り仲間たちによる（慶良間諸島、2012年・2014年）

るも、とてもきれいです。

息を止めて潜ることは、苦しい一方で良い面もあります。吐く息をブクブクさせるなどの音を潜水中に一切立てないため、生き物たちは警戒せず、より自然な姿を見せてくれるのです。時には明らかな興味を示されます。あるとき、子ガメが僕に気づき、進路を変え真っすぐこちらに向かってきたことがありました。僕は微動だにせず、心の中で「すごい！すごい！」と叫んでいました。これまでで最も感懐した瞬間でした。

周囲の色彩、体を伝う水の流れ、浮遊感、息苦しさ。生身で潜る海は非日常性に満ち、さながら宇宙を遊泳しているかのような没頭感を生みます。潜りを繰り返すたびに、徐々にその別世界へと溶け込んでいくような。敷居は高いでしょうが、この水面下の別世界を体感したい方は、ぜひ周りで詳しい人を探し訪ねてみてください！

### 寄附ご支援のお願い

理研を支える研究者たちへの支援を通じて、日本の自然科学の発展にご参加ください。

問合せ先 ●理研 外部資金室 寄附金担当

Tel：048-462-4955 Email：kifu-info@riken.jp（一部クレジットカード決済が可能です）



http://www.riken.jp/