

RIKEN NEWS

理研ニュース

RIKEN
PUBLIC RELATIONS OFFICE
2-1 Hirosawa, Wako, Saitama,
351-0198 Japan
phone: 048-467-8349(direct)
fax: 048-462-4715
koho@postman.riken.go.jp
http://www.riken.go.jp

8

No.266: August 2003



研究最前線 ②

- 宇宙誕生1万分の1秒後、陽子生成の謎を解く
- シロイヌナズナの全遺伝子の機能を解析する

特集 ⑧

- ヒトゲノム解読完了と今後の研究戦略

SPOT NEWS ⑩

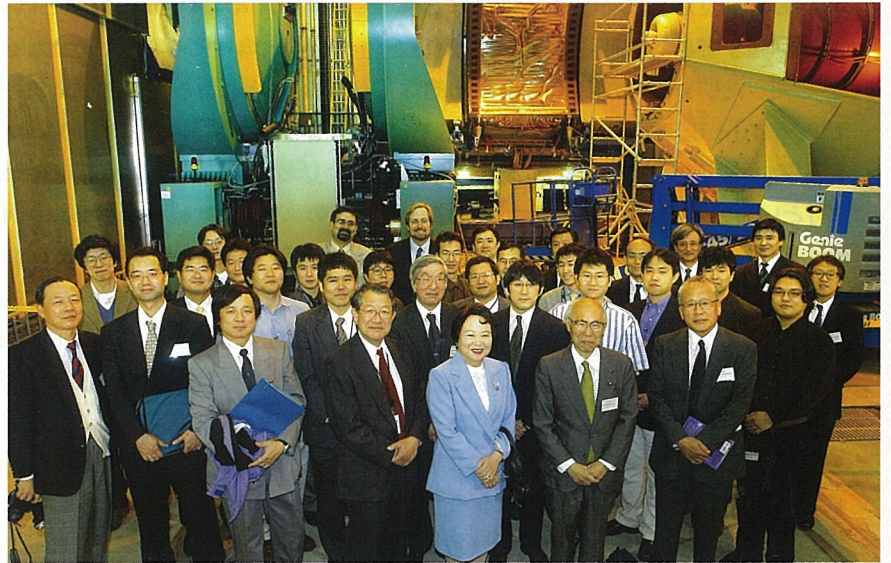
- 新しい遺伝子頒布形態の開発とDNAブックの試作
—遺伝子リソースの流通促進とライフサイエンス研究を
加速させる技術—

TOPICS ⑪

- 神戸研究所、横浜研究所の研究施設を一般公開
- 第1回「理研ナノサイエンスシンポジウム」を開催
- 各種展示会に出展

原酒 ⑫

- 激動のとき、ドイツ・ミュンヘンにて



(上) 大型測定装置PHENIXと理研BNL研究センターのメンバー・関係者

2002年4月、理研-BNL協力覚書延長の調印を記念して。前列右から、小林俊一理事長、有馬朗人前理事長、遠山敦子文部科学大臣、尾崎 敏BNL所長補佐(加速器担当)、延與秀人主任研究員。

写真提供:BNL

「宇宙誕生1万分の1秒後、陽子生成の謎を解く」から

(下) FOXハンティングシステムによって作られたシロイヌナズナ突然変異体

アントシアニンの過剰蓄積により葉が紫色になっている。右は植物体からの抽出液。正常な野生株は透明だが、突然変異体は濃い紫色である。

「シロイヌナズナの全遺伝子の機能を解析する」から

宇宙誕生1万分の1秒後、陽子生成の謎を解く

中央研究所
放射線研究室
主任研究員 延與秀人

約137億年前、宇宙はビッグバンと呼ばれる大爆発で始まったと考えられている。宇宙誕生から1万分の1秒後、陽子や中性子が生成された。現在の宇宙に存在するさまざまな元素は電子と原子核から構成され、原子核はすべて陽子と中性子の組み合わせから成る。「原子核を作る基本的な粒子である陽子と中性子の成り立ちを知りたい。これが私たちの究極的な目的です」と延與秀人主任研究員は語る。陽子と中性子は地球の自転に似た「スピン」という性質を持つ。しかし、このスピンの向きによって担われているか分かっていない。この謎を解くため、スピンの向きをそろえたまま超高速に加速した陽子同士を正面衝突させる世界初の実験を、延與主任研究員は世界の共同研究者とともに立案した。立案から約10年後、その実験施設が理研と米国・ブルックヘブン国立研究所(BNL)の国際協力により、相対論的重イオン衝突型加速器(RHIC)に付加された新機能として完成した。その実験が2001年12月から始まっている。

陽子スピンの謎

延與主任研究員の話は、おもちゃの救急車を走らせることから始まった。「この救急車がなぜ走り続けるか知っていますか？ この中に弾み車が入っていて、タイヤを回し続けるための“回転力”を担っているのです。私たちの研究は、陽子の中にある未知の“弾み車”を解明しようとするものです」

物質をどんどん細かく分けていくと原子に至る。原子はさらに原子核と電子から成る。原子核は陽子と中性子が結び付いてできている(図①)。「人と陽子の大きさの比は、地

球とウイルスの比に相当します。陽子は極めて小さいものですが、地球の自転に似たスピンという性質を持っています。コマと磁石の性質を併せ持っているのです(図②)」

陽子はクォークと呼ばれる粒子が3つ集まり、グルーオンと呼ばれる“糊の粒子”をやりとりして結び付いているという理論、量子色力学が1970年代に確立した。「この理論により、私たち物理学者は陽子の成り立ちをすでに理解していると思っていたのです」。クォークもスピンを持つ。3つのクォークのスピンを単純に足し合わせれば、陽子のスピンになると考えられていた。

しかし、1980年代の中ごろに始められた実験から、クォークのスピン合計は、陽子スピンの20%程度しか担っていないことが分かったのである。これらの実験結果は“陽子スピンの危機”と呼ばれるようになった。

“ひねり技”で陽子の中を探る

「未知の“弾み車”が陽子の中にあるのです。私たちはそれを知りたいと思い、1992年に実験提案書を書き上げました」

陽子の未知の“弾み車”の最有力候補はグルーオンである。グルーオンもスピンを持つが、そのスピンの向きはばらばらで、陽子のスピンを担っていないと考えられていた。しかしグルーオンが全体として陽子と同じ向きにスピンしていれば、“弾み車”になり得る。

それまでは、クォークに電子を衝突させてスピンを調べる実験が行われてきた。「私が提案したのは、スピンの向きをそろえて超高速に加速した陽子同士を、正面衝突させるという実験です(図③)。すると、例えばグルーオンとクォークが衝突します。衝突後の反応



延與主任研究員

には、グルーオンのスピンの向きによって起きやすい反応や、起きにくい反応があります」

衝突する陽子の向きをそろえておけば、衝突後の反応を調べて、陽子スピンに対するグルーオンのスピンの向きを知ることができる。

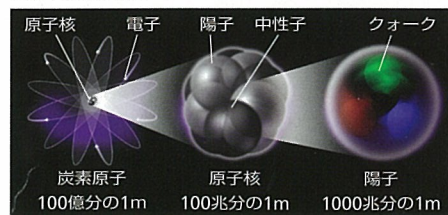
ただし、この実験には困難な問題があった。陽子のスピンの向きを固定したまま加速器の中を周回させて加速することは、極めて難しいのだ。

「回転しているジャイロを下敷きの上に置き、ある周期で揺るとジャイロの首振り運動が次第に大きくなって、やがて回転の向きがばらばらになります。これと同じような現象が陽子の加速で起きるのです」

例えば加速器リングの一部がわずかにねじ曲がっていたりすると、陽子がそこを通るたびにスピンの首振り運動が大きくなり、やがてスピンの向きがばらばらになってしまう。

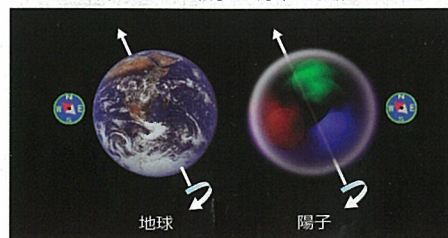
この問題を解決するために、加速器を半周ごとに陽子のスピンの向きを180度回転させるという“ひねり技”が提案された。

図①：物質の構成



図②：陽子のスピン

陽子や中性子、電子などの素粒子はスピンを持ち、このスピンの向きが粒子間の反応や、粒子の“寿命”を支配している。

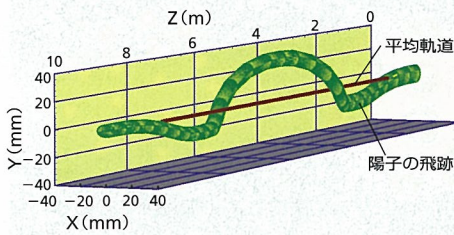


図⑥：偏極陽子の衝突

スピンの向きをそろえた（偏極した）陽子同士を超高速で正面衝突させる。



図④：RHIC内のサイベリアン・スネーク電磁石を通過中の陽子の飛跡



図⑤：製作途中のサイベリアン・スネーク電磁石



「これは、ある方向にスピンの向きが傾いて首振り運動が大きくなっても、半周ごとに反転することで逆向きに力を加えて、スピンの向きを立て直すことに相当します。このように陽子のスピンの向きがばらばらにならないようにして、向きを固定したまま加速するのです」

では、どうやって超高速で周回する陽子を反転させるのか？

「陽子を加速器の中で反転させれば、スピンの向きを固定した加速ができるはずだ、というアイデアは、ロシアの西部シベリア地方にあるノボシビルスク原子核研究所で提案されました。そのときに使う電磁石は、反転させるときの粒子の軌道がヘビのようにうねるので、『サイベリアン・スネーク（シベリアのヘビ）』と呼ばれるようになりました（図④）。しかし超高速にまで加速する大型加速器で、この電磁石を使った例はありませんでした」。RHICではこの反転を、超伝導コイルをらせん形に360度ねじった奇妙な電磁石で実現する（図⑤）。

よみがえった加速器計画

図⑥：RHICの全景



写真提供：BNL

1992年、延興主任研究員らは陽子スピンの謎を解くための実験提案書をBNLに出した。BNLは米国・ニューヨーク市郊外のロングアイランド島に位置する。実は、ここでは1980年代にISABELLEと呼ばれた陽子衝突型加速器の建設が開始されたが、途中で計画中止となり、周長3.8kmのトンネルが残されたままになっていた。このトンネルに新たな加速器を築く再生計画がRHICである。1991年からRHICの詳細設計と建設がスタートした（図⑥・図⑦）。

RHICの最大の目的は、クォークとグルーオンがばらばらな状態（クォーク・グルーオンプラズマ）を世界で初めて作り出し、その性質を調べることである。すなわち、金の原子核同士を超高速で衝突させて、宇宙誕生100万分の1秒後の超高温・超高密度な状態を再現するのだ（図③）。

延興主任研究員らの実験提案書は1993年に採択され、1995年から理研とBNLの国際協力により、サイベリアン・スネーク電磁石や、大型測定装置（PHENIX）などをRHIC内に建設する作業が始まった。さらに1997年にはBNL内に理研BNL

研究センター（RBRC）を開所し、センター長に1957年のノーベル物理学賞を受賞したT. D. Lee博士を迎えた。

「これは日本が外国の加速器に改造を加えた初めての例です。実験に参加する“お客的な立場”から、加速器施設の“共同経営者”になったようなもので、責任ははるかに重くなります。これは従来の国際協力から一歩進んだスタイルで、理研だからこそできたのだと思います」

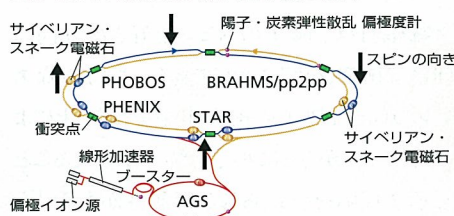
2004年、陽子スピンの謎を解明か？

RHICは1999年に完成し、クォーク・グルーオンプラズマを生み出す実験が始まった。

さらに2001年12月にはサイベリアン・スネーク電磁石などが完成し、スピンの向きをそろえて光速の99.996%に加速した陽子同士を正面衝突させることに、世界で初めて成功した。現在、この実験は2年目を迎えている。

「来年2004年には、グルーオンのスピンの向きが分かると思います」。陽子のスピ

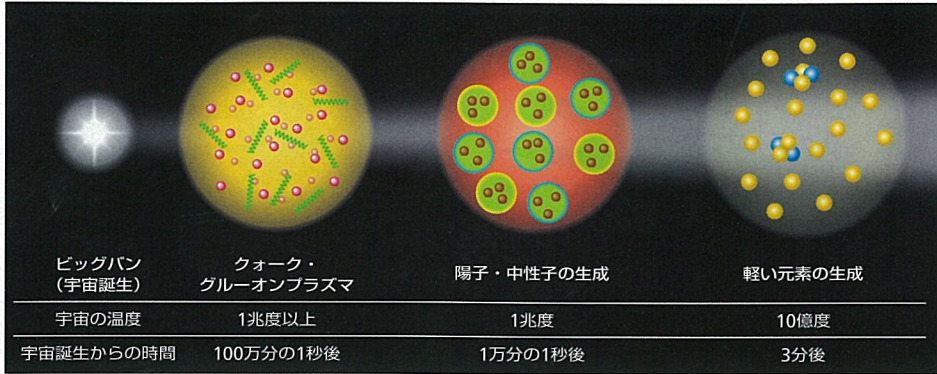
図⑦：RHICの構成と偏極陽子衝突実験の概要



偏極イオン源でスピンの向きがそろった陽子を作り出す。陽子は、線形加速器、ブースター加速器、AGS加速器を経てRHICの加速リングに入る。加速リングは2つあり（青色・黄色）、サイベリアン・スネーク電磁石が2台ずつ対称な位置に置かれている。衝突する陽子同士は、加速リングの中をそれぞれ逆向きに走り、半周ごとにスピンの向きを反転しながら加速する。そして6カ所にある衝突点（緑色）で正面衝突する。衝突反応は、主にPHENIX、STAR、pp2ppの3つの装置で観測する。理研を中心とした国際共同実験チームは、PHENIXを用いて衝突の観測を行っている。

図③：金の原子核同士の衝突で発生する粒子群





ンをグルーオンで説明できれば、20年来、研究者を悩ませてきた陽子スピンの謎が解明されることになる。

「ただし、もしグルーオンでも説明できず、クォークやグルーオンの軌道角運動量も陽子スピンの寄与していないことが分かったら、現在の素粒子物理の理論を見直す必要があるかもしれません」

宇宙誕生における物質の成り立ちを知る

一方、RHICでクォーク・グルーオンプラズマを作る実験も重要な局面を迎えている。

「金の原子核同士をぶつけると、通常、高いエネルギーを持った粒子が飛び出てきます。もしクォーク・グルーオンプラズマができると、その粒子は強く減速され、そのままでは出てこれなくなります。このような現象がRHICで見られたと、今年2003年に発表されました」

すなわち、クォーク・グルーオンプラズマができたと考えれば、この反応をうまく説明できる。しかし、科学的に証明するまでには実験をさらに重ねる必要がある。

RHICでは、クォーク・グルーオンプラズマを作ってその性質を詳しく調べ、さらにスピンの研究により、クォーク・グルーオンプラズマから陽子や中性子がどのように組み上げられたかを研究しようとしているのだ。これは宇宙誕生から100万分の1秒後のクォーク・グルーオンプラズマから、1万分の1秒後の陽子・中性子の生成までを再現することであり、宇宙誕生における物質の成り立ちの歴史をたどることにほかならない(図9)。

RHICの主な役割は、「物質をより細かく分けて素粒子にたどり着く」という還元

論“分割の物理学”ではなく、それらの素粒子から「いかにして物質ができたか」という統合論“組み立ての物理学”を研究することだと延與主任研究員は指摘する。

「20世紀の物理学は、より小さな粒子を探る方向にずっと進んできました。これは宇宙の歴史をさかのぼることに相当します。そうしてクォークやグルーオンまで行き着いたのです。しかし陽子スピンの謎のように、クォークやグルーオンから陽子や中性子がどのように組み立てられたのか、その成り立ちを私たちはきちんと理解できていないのです」

RHICでの実験は、物質の成り立ちに伴う質量発生の謎にも迫る。ばらばらな状態のクォークにはほとんど質量はないが、陽子や中性子に閉じ込められると質量が生じる。「これはバネを縮めるとエネルギーを持つことに似ています。クォークが縮められるようにして陽子や中性子に閉じ込められてエネルギーを持ち、陽子や中性子に質量が生じるというイメージです。ただし、このような質量が生まれるメカニズムは実証されていません。それをRHICの実験で確かめたいと考えています」

さらに延與主任研究員は、“分割の物理学”にも意欲を見せる。サイベリアン・スネーク電磁石は、陽子のスピンを好きな方向に向けて衝突させることができる。さまざまなスピンの向きで陽子の衝突実験を行うことにより、クォークがさらに小さな粒子から成ることを示す反応をとらえられる可能性がある。「もしクォークがさらに小さな粒子から成る複合粒子だという証拠が見つかれば、現在の素粒子物理学を書き換えることになります」

ただし、当面は陽子スピンの謎を解くことに全力投球すると語る延與主任研究員は、最後に少し複雑な心境を漏らした。

「陽子スピンの謎を解くための最初の実験提案書は、ほとんどひとりで書き上げました。それから10年して、やっと実験が始まりました。現在、PHENIXだけでも世界12カ国・50研究機関から400名の研究者が実験に参加しています(図10)。私は、放射線研究室を率いるとともに、RBRCの副センター長として、予算や人事、実験の運営管理などを行う立場です。やりたい実験が本当に始まったとき、実験の現場から離れているのはとても皮肉なことで残念ですね。しかし、現場では次世代を担う多くの若手研究者が活躍しています」

実験で最も面白いのは、データを見て“あれっ”と思う瞬間、すなわち新しい事実を初めて目にした瞬間だと延與主任研究員は言う。

「おそらく来年には、その瞬間が訪れるでしょう。世界で誰も見たことのないグルーオンのスピンのデータを最初に目にする現場の研究者がいるはずですよ」

あらゆる元素を作る基本的な粒子のひとつである陽子。その成り立ちの謎を解く重要な実験報告が、ブルックヘブンから届くのを楽しみに待つことにしよう。 ■

図10：PHENIXと国際共同実験チーム



シロイヌナズナの 全遺伝子の機能を解析する

ゲノム科学総合研究センター
植物ゲノム機能情報研究グループ
プロジェクトディレクター 篠崎一雄
植物変異探索研究チーム
チームリーダー 松井 南

シロイヌナズナの全ゲノム塩基配列が2000年に解読されたことで、植物ゲノム研究は次の段階に入った。ゲノムに書かれている情報を読み解く作業だ。植物ゲノム機能情報研究グループでは、2万6000個といわれているシロイヌナズナの全遺伝子の機能を解析することを目指し、変異体の作製や完全長cDNA^{*1}の収集などを行っている。全遺伝子の機能が解析できれば、植物の複雑な生理・生命現象の制御メカニズムが明らかになるだけでなく、ゲノム科学総合研究センター(GSC)の他の研究グループとの連携によって、植物と動物の違い、さらには、生命とは何かという壮大な問題にも迫ることができるだろう。また、食糧問題や環境問題の解決につながる有用作物の作製にも、大きく貢献するに違いない。

シロイヌナズナのゲノム解読完了

植物ゲノム機能情報研究グループの栽培室の二重扉が開けられると、部屋いっぱいにシロイヌナズナが並んでいた(図①)。シロイヌナズナ(*Arabidopsis thaliana*)は、アブラナ科の1年草である。高さ20cmほどで室内でも栽培が容易な上に、1世代2か月とライフサイクルが短く、たくさんの種子を付ける。ゲノムサイズは1億2300万塩基対で、高等植物の中で最も小さい。このような理由から、シロイヌナズナはゲノム研究のモデル植物として広く使われている。

「ゲノム研究というのは、辞書作りです。シロイヌナズナは、植物としては最も早く、2000年に全ゲノム塩基配列の解読が終了しました」と篠崎一雄プロジェクトディレクターは語る。ゲノムとは、ある生物種の遺伝

情報のすべてである。遺伝情報はA(アデニン)、T(チミン)、G(グアニン)、C(シトシン)という4種類の塩基によってDNAに書かれている。塩基がどういう順番で並んでいるのかを読み取っていく作業が、塩基配列の解読だ。DNAの一部には、タンパク質をいつ、どこで、どれだけ作るかをプログラムしている遺伝子がある。

「全ゲノム塩基配列が解読された結果、シロイヌナズナの遺伝子は約2万6000個であることが分かりました。しかし、これではまだ単語の一覧表を作っただけです。実際に、それぞれの遺伝子がいつ、どこで、何をしているかという機能情報を書き込むことで、初めてゲノム辞書が出来上がるのです」

変異体による遺伝子の機能解析

遺伝子の機能を調べるために有力な手段が、変異体の解析である。ある遺伝子に異常があると、機能が変わり、表現型が変化することがある。表現型とは、観察することができる形で現れる形態的・生理的な性質のことだ。どの遺伝子に異常があると、どのような表現型の変化が生じ



篠崎プロジェクトディレクター

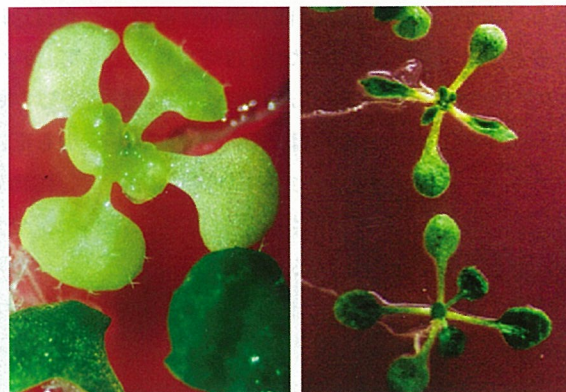
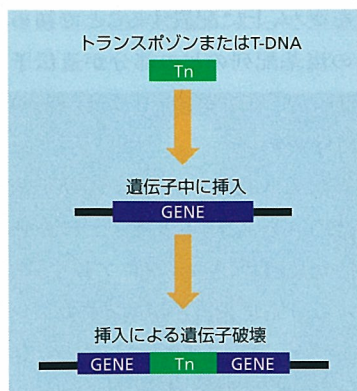
るかを詳しく調べることで、その遺伝子本来の機能を明らかにすることができる。

「私たちは、シロイヌナズナの遺伝子2万6000個すべてについて機能を明らかにしようとしています。そのためには変異体をたくさん作らなければなりません。私たちの目標は10万種類です」と篠崎プロジェクトディレクターは語る。植物ゲノム機能情報研究グループでは、2つの方法で変異体を作り出している。

篠崎プロジェクトディレクターがチームリーダーを務める植物変異開発研究チームが担当しているのが、破壊型変異体である(図②)。アグロバクテリウムという土壌細菌を使ってT-DNA^{*2}やトランスポゾン^{*3}をシロイヌナズナのDNAに組み込む。T-DNAやトランスポゾンが遺伝子領域



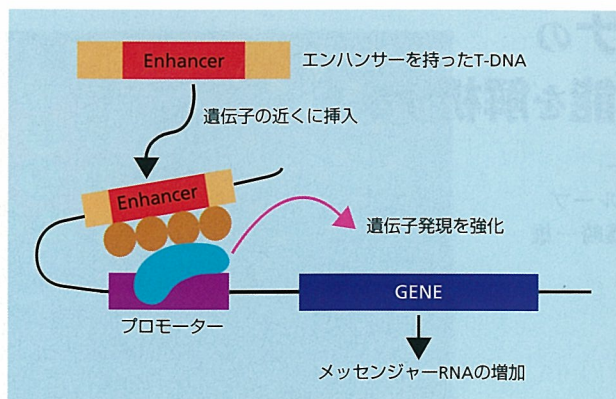
図①：シロイヌナズナの栽培室



図②：トランスポゾンまたはT-DNAを使った遺伝子破壊による機能解析写真は、白色化(左)と葉の形に異常(右)が見られた突然変異体。



松井チームリーダー



図③：エンハンサーを用いた遺伝子過剰発現による機能解析
写真は、光応答が変化した突然変異体 (WT: 野生型、M: 突然変異体)。



域に挿入されれば、その遺伝子は破壊される。葉緑体の遺伝子が壊れたために白色化した変異体や、葉の形に異常が見られる変異体が作られている。

しかし、遺伝子が破壊されているにもかかわらず、表現型に変化が見られないことがある。似た機能を持つ遺伝子が複数あり、1個の遺伝子が壊れても、別の遺伝子が代わりに働いているのだ。また、その遺伝子が壊れてしまうと発生すらできないものは、この方法では機能解析できない。全遺伝子の機能を解析するためには、破壊型以外の方法でも変異体を作る必要がある。

別のタイプの変異体が過剰発現型であり、松井南チームリーダーが率いる植物変異探索研究チームが担当している(図③)。遺伝子の発現を活性化する働きを持つ「エンハンサー」と呼ばれる塩基配列を組み込んだT-DNAを、シロイヌナズナのDNAに導入する。エンハンサーが遺伝子の近くに挿入されると、その遺伝子が過剰に働くようになり、表現型が変化することがある。受ける光の波長によって形態が変化する変異体などが作られている。

これまでに作り出した変異体は、破壊型が約2万種類、過剰発現型が約6万種類に上る。「ようやく遺伝子の機能を解析するための材料がそろってきました」と篠崎プロジェクトディレクターは語る。これらの変異体の情報を公開し、変異体株は理研バイオリソースセンター(BRC)を通じて国内外の研究者に提供している。破壊型も過剰発現型も、どの遺伝子に変異が起きるかは前もって予測できない。植物ゲノム機能情報研究グループでは、どの遺伝子に変異が起きているかを解析し、その情報も公開しているため、研究材料としての価値が非常に高い。

● 完全長cDNAによる遺伝子の機能解析

● 植物変異開発研究チームでは、遺伝子の機能解析に重要なもう1つの材料として、完全長cDNAの収集を行っている。

遺伝子が機能を発揮するには、まずDNAの二重らせんがほどけて、RNAに転写されなければならない。RNAは、不要な部分(イントロン)が取り除かれ、mRNA(メッセンジャーRNA)となる。mRNAの塩基3つで1つのアミノ酸が指定され、連なったアミノ酸が折り畳まれることで、遺伝子の機能を担うタンパク質が出来上がるのだ。

完全長cDNAとは、mRNAを人工的にDNAにコピーしたもので、タンパク質を合成するための設計情報がすべて入っている。植物変異開発研究チームが、GSCの遺伝子構造・機能研究グループと共同で収集したシロイヌナズナの完全長cDNAは、全遺伝子の70%に当たる1万8000個に達している。

シロイヌナズナの遺伝子は2万6000個といわれているが、これは塩基配列からコンピュータで予測した数にすぎない。完全長cDNAをゲノム上に配置することで初めて、ゲノムの塩基配列のどの部分が遺伝子として機能しているのか、そして遺伝子の数も正確に分かる。

植物変異開発研究チームでは、7000個の完全長cDNAをスライドガラス上に整列させた「完全長cDNAマイクロアレイ」を作製している。完全長cDNAマイクロアレイを使うことで、遺伝子がいつ、どこで発現しているのかを調べることができる(図④)。最終的には、すべての完全長

cDNAを整列させ、シロイヌナズナ的全遺伝子の発現カタログを作る計画だ。

また、遺伝子の機能を知るには、タンパク質の立体構造や生化学的な機能を解析しなければならない。しかも、植物のタンパク質は、動物とは違った立体構造を持つものが多いと考えられている。直接タンパク質を合成できる完全長cDNAを使うことで、解析効率が大きく向上する。

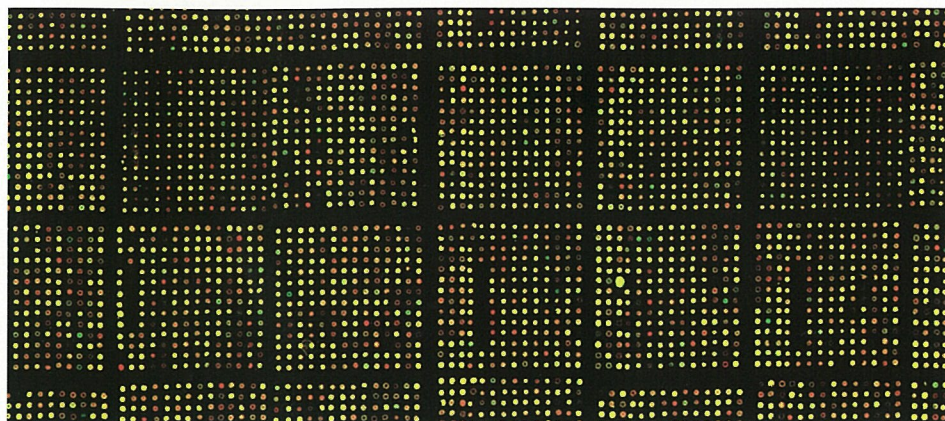
完全長cDNAの情報は、塩基配列だけでなく、新規の遺伝子か、どのような働きを持つかなど、機能情報の注釈を付けて公開している。高等植物において、これほど大量で詳細な完全長cDNA情報の公開は世界で初めてである。

さらに注目すべきは、プロモーター・データベースだ。プロモーターは、遺伝子をいつ、どのような状況で、どれだけ発現させるかを決定しているDNA配列の領域である。「植物は動けません。動ける動物と違っていろいろな環境にさらされますが、植物はそれに対して精密な応答をしています。植物には転写調節因子が、動物の2倍もあるのです」と篠崎プロジェクトディレクターは語る。植物においてプロモーターなどの転写調節因子は、動物以上に重要であるようだ。また、遺伝子の機能解析をする際、発現を調節できるプロモーター情報は有用な道具となる。

これらの完全長cDNAは2002年4月からBRCを通じて国内外の研究者に提供し、その数はすでに2000件を超えている。

● 食糧や環境の問題解決にも貢献

● 「動物ゲノムの研究は、ヒトを理解したり、病気を治したり、すべてヒトにかかわってきます。一方、植物ゲノムの研究は、食糧や環



図④：7000個の完全長cDNAをスライドガラス上に整列させた「完全長cDNAマイクロアレイ」による遺伝子発現パターン

境といった生活にかかわってくるのです」と篠崎プロジェクトディレクターは解説する。

現在の地球の人口は61億である。2050年には89億になると予測されており、食糧危機の到来が危惧されている。食糧問題を解決するためには、1株からの収穫量を上げるだけでなく、作物を栽培できる地域を増やすことも必要である。しかし一方で、地球温暖化によって砂漠化が進行し、農業に適さない土地が増えている。乾燥に耐性を持つ作物の開発は急務である。

植物は、温度が変わったり乾燥したりすると、多くの遺伝子が働き出す。「環境ストレスを与えたときに発現する遺伝子は、耐性の獲得に関係しているかもしれませんが」と篠崎プロジェクトディレクターは解説する。完全長cDNAマイクロアレイによって、乾燥、低温、塩ストレスによって働き出す遺伝子が約300個見つまっている。乾燥や低温、塩害に耐性を持つ有用植物の作製を目指し、大学や企業との共同研究を進めているところである。

「暗い所で育てたダイズがモヤシになるように、植物の形態形成は、光によって制御されています。開花のタイミング、光合成の活性を制御するのも光です。植物と光の関係は非常に重要です」と松井チームリーダーは語る。光合成にかかわる遺伝子が発見されれば、光合成を活性化して作物の収穫量を上げることができる。また同時に、二酸化炭素を固定する能力が上がるので、地球温暖化という環境問題の解決にも貢献できる。

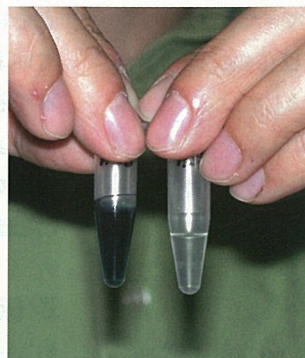
また、松井チームリーダーは「地球はいま、オゾン層の破壊によって紫外線の量が増加しています。このような環境の変化に、植物がどのように対応していくか、非常に興味があります」と語る。今後、強い

紫外線を当てたときに働き出す遺伝子の探索を進める計画だ。

● FOXハンティング

「ゲノム研究では、新しい方法論の開発も非常に重要です。新しい方法がないと、新しいことは分かりません」と松井チームリーダーは語る。松井チームが、篠崎チームと共同で開発した新しい方法、それがFOXハンティング (Full-length Over Expressor gene Hunting System) である。完全長cDNAをシロイヌナズナのDNAに導入し、過剰発現させる方法だ。

遺伝子を過剰発現させる方法には、遺伝子の発現を活性化するエンハンサーを用いたものがある。しかし、エンハンサーが遺伝子の近くに挿入されなければならないことや、どの遺伝子が過剰発現するか前もって分からないことなど、いくつかの難点がある。一方、FOXハンティングは、タンパク質を合成する設計情報をすべて持っている完全長cDNAを直接導入するため、狙った遺伝子を確実に過剰発現させ、その機能を解析することができる。すでに、アントシアニンという色素の過剰蓄積によって葉が紫色にな



※1:cDNA 10ページ※1参照

※2:T-DNA

土壌細菌であるアグロバクテリウムが植物細胞に感染すると、「プラスミド」と呼ばれる、染色体とは独立して自己増殖・遺伝するDNAを植物細胞の細胞質に送り込む。プラスミドのうち、植物細胞のDNAに組み込まれる領域がT-DNAである。

※3:トランスポゾン

DNAの中を自由に動き回る塩基配列の単位。変異体の作製には、転移酵素遺伝子が欠損しているために、自らは動き回ることができないトランスポゾンを用いる。

●
監修:ゲノム科学総合研究センター
植物ゲノム機能情報研究グループ
プロジェクトディレクター 篠崎一雄
同グループ植物変異探索研究チーム
チームリーダー 松井 南

った変異体などが作られている(図⑤)。

「FOXハンティングによって、遺伝子の機能解析の効率は大幅に向上するでしょう。さらに、機能解析によって見つかった有用遺伝子を、作物で確実に過剰発現させることもできるようになります」と松井チームリーダーは解説する。GSCは、完全長cDNAの収集という世界最先端の技術を持っている。FOXハンティングも加わり、GSCのゲノム研究はいっそう推進されることだろう。

● 生命とは何か

GSCでは、動物ゲノム、ヒトゲノム、植物ゲノム、タンパク質、そしてゲノム情報の各研究グループがネットワークを構築しながら、融合領域での研究を進めている。「ゲノムに書かれた情報をもとに、“生命とは何か”を解明しようというのがGSCのコンセプトです」と篠崎プロジェクトディレクターは語り、次のように話を結んだ。「動物ゲノムと植物ゲノムの研究を合わせることで、生命の多様性を理解し、生命に対する理解をいっそう深めることができるでしょう。まずは、植物ゲノムの研究から“生物において植物とは何か”という問題に答えを出したいですね」

図⑤:FOXハンティングによって作られたシロイヌナズナ突然変異体
アントシアニンの過剰蓄積により葉が紫色になっている。右は植物体からの抽出液。正常な野生株は透明だが、突然変異体は濃い紫色である。(写真提供:市川尚斉研究員)

ヒトゲノム解読完了と今後の研究戦略

2003年4月14日、国際ヒトゲノム計画^{*1}の「国際ヒトゲノム配列決定コンソーシアム」によって、ヒトゲノム解読完了が発表された。ヒトゲノムとは、ヒトが持つ遺伝情報1セットのことである。遺伝情報は、A(アデニン)、T(チミン)、G(グアニン)、C(シトシン)という4種類の塩基から成る約30億の塩基によってDNAに記されている。ヒトゲノム解読完了の意義と今後の研究戦略を、ヒトゲノム国際機構(HUGO)^{*2}会長を務める理研ゲノム科学総合研究センター(GSC)ゲノム構造情報研究グループの榊佳之プロジェクトディレクターに聞いた。

● 完べきな研究基盤を獲得

——ヒトゲノム解析計画は1991年から始まり、2000年6月に概要版、そして2003年4月に完成版が発表されました。概要版と完成版では、どのような違いがあるのでしょうか。

榊:概要版はヒトゲノムの90%ですが、完成版では99%に相当する約28億3000万塩基を解読しました(表①)。データの精度も概要版より1桁向上して99.99%です。数字としてはわずかな違いですが、科学的な意義はまったく違います。今後の研究を進める上で、完べきな基盤ができたといえます。

残りの1%については現在の技術では解読できませんが、科学者としては、そこにも何かあるかもしれないと気になります。国際チームで引き続き解読していく予定です。——概要版における予測では、遺伝子の数は考えられていたより少なく3万~4万個でした。完成版ではどうなりましたか。

榊:完成版でも、遺伝子の数は約3万2000

個と大きく変わっていません。しかし、個々の遺伝子を見ると3分の1に変動がありました。ゲノムの全体像が見えたことで、2つの遺伝子だと予測されていたものが実は1つの遺伝子だと分かったり、コンピュータによる遺伝子予測の精度が向上して新たな遺伝子が発見されたりしたためです。遺伝子の平均の大きさは、概要版では1400塩基でしたが、完成版では2300塩基となりました。

——遺伝子の数はこれで確定でしょうか。

榊:遺伝子は、DNAからRNAに転写され、それに基づいてタンパク質が作られ、機能します。ところが、GSC遺伝子構造・機能研究グループ(林崎良英プロジェクトディレクター)が、タンパク質を作らずにRNAのまま働く遺伝子があることを、マウスのゲノム解析から明らかにしました。マウスにある遺伝子の95~99%はヒトにもありますから、同じような遺伝子がヒトにあるかもしれません。しかし“タンパク質の設計図となる遺伝子”という意味では、3万2000個という数は変わらないでしょう。

——米国59%、英国31%、そして日本は6%を解読しました。日本の貢献はどのように評価されているのでしょうか。

榊:量では3番目ですが、日本は質の高い貢献をしています。特に、日本が中心となって21番染色体をすべて解読して論文発表をしたことは、とても重要な意味を持っています。米国は24本の染色体のうち13本を担当しましたが、すべて解読して論文発表した染色体は1本もありません。1本の染色体の解読をきちんと終わらせることは難しく、かつ非常に重要です。

● 遺伝情報のネットワークを解く



榊プロジェクトディレクター

——ヒトゲノムの解読が完了し、次にすべきことは何でしょうか。

榊:まず、ゲノムに書かれている情報を理解しなければなりません。

遺伝子は、必要ときに、必要な場所で、必要な量だけタンパク質を作ります。遺伝子のスイッチをオン・オフしているのが、プロモーターなどの制御領域です。米国では、制御領域に書かれている情報を正確に読み取ろうという計画を立てています。

日本では理研GSCを中心に、遺伝情報のネットワークの解明を目指しています。遺伝子は1個で働くのではなく、いくつもの遺伝子と相互に連携しています。実際には、遺伝子の情報から作られたタンパク質の相互作用によって、ダイナミックかつバランスがとれた生命活動が営まれているのです。

遺伝情報のネットワークが解明できれば、病気の発症メカニズムがタンパク質などの分子レベルで分かってきます。その結果、発症にかかわるタンパク質を標的として、効果が高く副作用の少ない薬を効率よく開発できるようになります。

——ゲノムに基づいた創薬は、世界中で激しい競争が繰り広げられています。日本にはどのような戦略があるのでしょうか。

榊:日本には、遺伝子情報ネットワークを解析するにあたっての利点があります。完全長cDNA^{*3}を収集する技術と、大型放射光施設Spring-8のX線や、核磁気共鳴(NMR)によるタンパク質の立体構造解析技術はいずれも、GSCが世界最先端を独走しているのです(図①)。

完全長cDNAはタンパク質を作るすべての情報を含んでいるので、タンパク質を効率よく合成し、薬の標的とするべきタンパク質を素早く検索できます。さらに標的と

表①：ヒトゲノム全塩基配列の解読結果

塩基決定数	28億3200万塩基
カバー率	99%
データ精度	99.99%

染色体	取りまとめ責任国	解読塩基数 (1Mb)	予測遺伝子数
1	英	219	3063
2	米	237	2344
3	英	194	1736
4	米	187	1383
5	米	177	1512
6	英	167	1784
7	米	154	1736
8	米	142	1222
9	英	115	1344
10	英	131	1411

ヒトゲノム約30億塩基のうち、真正クロマチンと呼ばれる遺伝子などの情報を含む約28億6000万塩基が解読の対象である。

染色体	取りまとめ責任国	解読塩基数 (1Mb)	予測遺伝子数
11	日 (理研)	131	1967
12	英	129	1516
13	米	95	636
14	仏	87	990
15	米	81	1166
16	米	80	1426
17	米	77	1714
18	米	75	570
19	米	56	1824
20	英	57	870
21	日 (理研)	34	306
22	英	34	677
X	米	148	1192
Y	米	23	197
計		2832	32615

※1：国際ヒトゲノム計画
ヒトゲノムの全塩基配列解読を目指し、国際協力の下、1991年に始まった。1996年、日米英仏独中の6カ国24機関から構成される「国際ヒトゲノム配列決定コンソーシアム」を結成（中国は1999年から参加）。日本からは、理化学研究所ゲノム科学総合研究センター、慶應義塾大学医学部、東海大学医学部、国立遺伝学研究所日本DNAデータバンクの4機関が参加。

※2：ヒトゲノム国際機構（HUGO）
ヒトゲノムの全塩基配列解読における国際協力を推進するため、1989年に設立された国際組織。

※3：cDNA
10ページ※1参照

●
監修：ゲノム科学総合研究センター
ゲノム構造情報研究グループ
プロジェクトディレクター 榎 佳之

するタンパク質の立体構造を解析することで、そのタンパク質に特異的に結合して働きを強めたり抑えたりする薬をデザインすることができるのです。

欧米では巨大な製薬企業が独自にゲノム創薬に取り組んでいます。日本の製薬企業の規模ではとても太刀打ちできませんので、日本では公的な機関が企業の研究をバックアップする必要があります。その役割を担うのがGSCです。タンパク質Aとタンパク質Bが相互作用する、といった基本的なデータをGSCが出し、それをもとに企業で創薬を進めていくという、2本柱になるでしょう。

——遺伝子情報のネットワークを解明するためにネックとなっていることはありますか。

榎：タンパク質の相互作用の解析には、タンパク質チップが使われていますが、精度に問題があります。正確に、そして高速でタンパク質の相互作用を解析できる技術の開発が不可欠です。ナノテクノロジーから画期的な技術が生まれる可能性もありますが、ただ待っているわけにはいきません。研究を進めながら技術開発をしていくことが必要です。そして、画期的な技術が生まれたときには、すぐに乗り換えることができるフレキシブルな研究体制であることも重要です。

生命科学と情報科学の融合領域であるバイオインフォマティクスの発展も不可欠です。遺伝子の機能や相互作用を1つずつ実験で検証していたのでは、際限なく時間がかかります。ゲノムに書かれている情報を読み取り、そこに規則性を見つけることができれば、解析効率は急激に向上するでしょう。しかし今は、いろいろな解析方法が提出されているが決定打がない、という状況です。まったく新しいコンセプトを出す天才が現れなければ、次の飛躍は難しいかもしれません。

● テーラーメイド医療と病気の予防

——ヒトゲノム解読完了は、私たちの生活に直接どういう恩恵があるのでしょうか。

榎：いちばん大きいのは、一人一人の遺伝的な違いによって、副作用の少ない適確な薬で治療ができるようになることです。テーラーメイド医療です。ヒトゲノムには、塩基が1つだけ置き換わった^{スニップ}SNP（1塩基多型）と呼ばれる個人差が多数あります。SNPを調べれば、病気のなりやすさ、薬の効きやすさ、副作用の有無などを診断することができるのです。特定の病気や薬の副作用についての診断は、5年ほどで可能になるでしょう。

実現は10年ほど先になりますが、病気の予防にも役立ちます。例えば、糖尿病について現在分かるのは、“食事をするとき血糖値が上がってそのまま下がらない”という現象だけです。そのため糖尿病には、血糖値を下げる対症療法しかありません。ところが、“食事をして何時間後に、どの遺伝子がどこで働き、何が起き、その結果血糖値が上がる、あるいは下がる”といった遺伝情報のネットワークが分かれば、根本的な治療が可能になります。さらに、SNP診断によって糖尿病になりやすい体質であることが分かれば、早い時期からコントロールを開始することで、発症を予防することができます。

● ゲノムからヒトの本質を理解する

——遺伝子情報のネットワーク解析のほかに、日本ではどのようなヒトゲノム研究が計画されているのでしょうか。

榎：ヒトゲノムの中には、われわれが今生きている仕組みと、進化の歴史が刻み込まれ

ています。いろいろな生物のゲノムを比較することで、ヒトを含めて生物がどのように進化してきたかを理解することも重要です。この問題にも、これからGSCで取り組みます。

ヒトの最大の特徴は、高度な脳の活動です。ヒトとチンパンジーでは脳の発達が大きく違います。その違いの鍵を握る遺伝子があるはずですが。私たちは世界に先駆けてチンパンジーのゲノムを解析しています。チンパンジーとヒトのゲノムを比較することで、ヒトを人たらしめている「智の遺伝子」を明らかにしたいのです。

「智の遺伝子」の候補は、数年で出せるでしょう。ただし証明するには、実験的な裏付けが必要になりますから、脳の研究者と一緒に取り組んでいく必要があるでしょう。

——ヒトゲノム研究の最終目標は何ですか。

榎：ゲノムからヒトの本質を理解することです。ヒトは、ゲノムに基づいていろいろな生命活動をしています。脳だけでなく発生、疾患そして進化についても、ゲノムを出発点にして考えなければ、ヒトについての体系的な研究はできません。理研には脳、免疫・アレルギー、遺伝子多型、発生・再生の研究センターがそれぞれあり、主要な生命科学の分野を網羅しています。今はまだ個別にやっていますが、ぜひ将来に向けて有機的に連携してヒトの本質に迫りたいですね。

図①：理研GSCのNMR棟（手前の10棟）と中央NMR棟（奥のリング）



新しい遺伝子頒布形態の開発と DNAブックの試作

遺伝子リソースの流通促進と
ライフサイエンス研究を加速させる技術

(2003年4月16日、文部科学省においてプレスリリース)

当研究所は、遺伝子クローンを書籍の形で、世界中に広く低価格で頒布する新しい技術、「DNAブック」を開発した。理研ゲノム科学総合研究センターの遺伝子構造・機能研究グループ(林崎良英プロジェクトディレクター、河合純チームリーダー)による成果。この技術は遺伝子研究を大きく進展させるとともに、書籍などの印刷物に遺伝子クローンという物質を運搬する従来にない役割を与える、まったく新しいコンセプトによるものである。今回、研究グループが開発した新規の遺伝子クローン頒布法「DNAブック」は、遺伝子クローンを固体の状態(固相化)にして、書籍の形で通常の宅配便などで利用者に届けるものである。利用者は、遺伝子クローンをPCR法、または大腸菌への形質転換により、容易かつ短時間で回収、入手することができ、即座に遺伝子を用い意図する研究を開始することができる。科学専門誌の論文に解析対象となった遺伝子クローンを固相化し、論文とともに印刷された形で読者に頒布したり、多数の遺伝子が固相化された「遺伝子百科事典」を作製することが可能になる。

● 遺伝子クローンをタイムリーに、低価格で広く頒布することは、遺伝子研究の発展のために欠かせない。ところが、従来の凍結大腸菌で遺伝子を頒布する方法は多大な手間と経費がかかるために、遺伝子クローンを活用しようとする研究者に的確に届けることができない場合があった。近年、ヒトゲノムの完全解読やマウスゲノムなど多数のゲノムの解読が進み、さらに完全長cDNA^{※1}クローンが網羅的に収集さ

れてきた。これにより遺伝子資源が整備され、本格的な遺伝子機能解析の時代に突入している。この機能解析研究においては、タンパク質を発現させることのできる完全長cDNAクローンが必須であり、ポストゲノム研究の最重要基盤リソースとして、世界中の研究者が必要としている。

● 研究グループでは、2002年12月にFANTOMコンソーシアム^{※2}(Functional ANnotation Of Mouse)による「マウスcDNA機能アノテーション国際会議」を開催し、約6万クローンのマウスcDNAの完全長配列をもとに遺伝子機能などの注釈を付加し、マウス遺伝子百科事典の世界標準化を目指してきた。しかしながら、遺伝子クローンを研究者に届けるために利用されてきた凍結法(凍結大腸菌)または抽出DNAを送付する方法には、多大な手間と経費がかかるという問題があった。

● この問題を解決するために開発された「DNAブック」は、新しいコンセプトに基づく方法である。「DNAブック」は、書籍などの印刷物のページにDNAを固相化することによって、論文など文字情報と同時に遺伝子DNAを読者に届けることができ、読者はPCR(ポリメラーゼ連鎖反応)法^{※3}などにより容易にDNAを回収できる。この方法によればcDNAプラスミド溶液を水溶性紙にスポットし乾燥させたDNAシートから、DNAがスポットされた部分を切り出しPCRチューブに移し、そこへPCR溶液(酵素、プライマー、基質、塩など)を加え、そのままPCR反応を行うことにより、cDNAを回収することができる。

※1:cDNA
ゲノムDNAの中から不要な塩基配列を除き、タンパク質をコードする塩基配列のみに整理された遺伝情報物質であるmRNA(メッセンジャーRNA)を鋳型にして作られたDNAのこと。

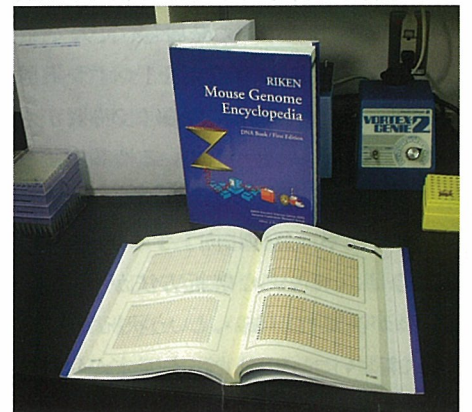
※2:FANTOMコンソーシアム
理研ゲノム科学総合研究センター
遺伝子構造・機能研究グループの主導により結成された、マウス遺伝子の機能解析を行う研究者の国際的な組織。

※3:PCR法
微量のDNAを短時間で100万倍ほどに増やすことができる方法。
現在の遺伝子研究に必須の技術のひとつ。

●
監修:ゲノム科学総合研究センター
遺伝子構造・機能研究グループ
プロジェクトディレクター 林崎良英

「DNAブック」は、書籍の製本・出版・輸送・保管の際にさらされる低温から高温(-40℃/14時間から140℃/5秒)、高圧(17メガパスカル)、長期保存(4カ月以上)に対応でき、かつ高い割合(95~100%)でさまざまな長さのcDNA(インサート長;732~4,896ベース)を回収できる極めて便利なものになる。-80℃の冷凍庫の中に入れたDNAバンクと同じDNAクローンを、常温で研究者の本棚に置くことができる。必要なときに、2時間のPCRでDNAを入手でき、従来のようにクローン頒布機関に注文してから2週間から数カ月の間、待つ必要はない。本研究の成果により、生命科学の各研究テーマを担う研究者の机の上に、小さな巨大容量のcDNAバンクが出現する時代が到来する。 ■

DNAブック





神戸研究所、横浜研究所の 研究施設を一般公開

当研究所は、神戸研究所を5月31日、横浜研究所を6月14日に一般に公開しました。公開ではさまざまな催しが行われ、当研究所の研究内容をアピールするとともに、地域との交流を深める絶好の機会となりました。

● 神戸研究所は5月31日、発生・再生科学総合研究センターの施設を公開しました。研究棟Cの展示コーナーで発生・再生研究の概要および研究内容に関するパネルや実験動物を展示するとともに、施設の一部を公開しました。特にプラナリア、ゼブラフィッシュ、ショウジョウバエ、線虫といった実験動物の展示では、子供から大人まで数多くの来場者が興味深く眺めたり、説明者に質問したりして人気を博していました。さらに「香り当てクイズ」などのクイズラリーも行われました。一般向けの講演では、線虫やES細胞についての最先端の話題を各チームリーダーが分かりやすく紹介しました。講演会場は聴衆で満員となり、多くの質問が寄せられるなど、関心の高さがうかがえました。当日は台風が直撃したものの、雨が降らなかったことが幸いして、初の一般公開にもかかわらず、学校などの団体を含めて約1150名の来場者がありました。——1

● 横浜研究所は6月14日、隣接する横浜市立大学大学院と共同で施設を公開しました。当日は好天にも恵まれ、約1000名の来場者でにぎわいました。今回は、高校生を対象にした実験教室「試験管の中で遺伝子からタンパク質を合成してみよう」を開催し、高校生が楽しんで実験に取り組む姿が見られました。一般向けの講演会では、

福田裕穂グループディレクター(理研植物科学研究センター)が「植物の命と細胞の死」、佐藤衛教授(横浜市立大学大学院)が「タンパク質～永遠の名作“生命劇”の主役」、城石俊彦プロジェクトディレクター(理研ゲノム科学総合研究センター)が「モデル動物としてのマウスの今昔物語」と題して多くの来聴者に研究内容を紹介しました。また、各研究室や施設では実演やパネル展示で研究内容を紹介しました。特に今回が初公開となる中央NMR棟は、多くの来場者に関心をもって見学していました。——2

第1回「理研ナノサイエンス シンポジウム」を開催

当研究所は和光本所を中心に昨年12月、「ナノサイエンス研究プログラム推進本部」を発足させ、ナノサイエンス研究への取り組みを強化しました。本年3月には研究推進のための「ナノサイエンス実験棟」が完成し、18の研究テーマを掲げて本格的に活動を始めています。

今回、このプログラムの紹介を目的に5月26日、27日の2日間にわたって、第1回「理研ナノサイエンスシンポジウム」を和光本所で開催しました。当シンポジウムでは、ナノサイエンス研究プログラム推進委員長である丸山瑛一フロンティア研究システム長がプログラムの概略を説明した後、7つのセッションにおいて数多くの研究発表が行われました。また招待講演として、1986年ノーベル物理学賞受賞者のハインリッヒ・ローラー博士が「ナノテクノロジーの挑戦／Challenges in Nanotechnology」、同じく1991年ノーベル物理学賞受賞者のピエール・ジル・ドゥジェンヌ教授が「フラストレーション高分子システム／Frustrated Polymer System」と題

して講演しました。2日間で国内外からナノサイエンスに関する研究者が延べ約220名集まり、白熱した議論が展開されました。——3

各種展示会に出展

当研究所は研究成果を広く一般の方に見ていただくため、下記の展示会に出展しました。

●「理化学研究所特別展」

場所：サイエンス・サテライト(大阪市)

期間：5月16日～6月3日

●「理化学研究所特別展」

場所：未来科学技術情報館(新宿区)

期間：6月6日～15日

●「第2回産学官連携推進会議 展示会」

場所：国立京都国際会館(京都市)

期間：6月7日～8日



1989年4月から1年間、私はミュンヘン郊外のマックスプランク量子光学研究所に滞在していた。その2年前からミシガン州立大学でいわゆるポスドクとしてレーザー分光の研究を行っていたが、そのまま日本に帰らずにポスドクのハシゴをしたためである。

● 当時は西ドイツであった。ご存知のようにあの東欧革命の年である。まさかその年のうちに壁が崩壊するとはまったく想像できなかったが、ドイツに滞在した記念にわざわざベルリンまで出かけて壁を見にいったりもした。東ベルリンに入るバスツアーがあり、なんとも重苦しい感じで用意された観光ルートを見て回ったことを記憶している。研究所でオフィスが同室だったルーマニア出身(亡命?)の大学院生との会話は、もっと衝撃的で、ヨーロッパは当時の東西分断の最前線なのだと感じた。他の東欧政権がすべて倒れた後のその年の暮れ、彼女はミュンヘンで行われるチャウシェスク政権反対のデモに参加すると話してくれた。「私たちが遠いドイツでデモをしてどうなるものでもないけど、何かをしたいの」と。そして数日後、独裁政権が崩壊したことをニュースで知った。

● このように取り巻く国際環境は激動のときであったが、私の日々の生活は当然のことながらまったくの平和の中にあつた。ただ、言葉の問題と頻発する車のトラブルには泣かされた。研究所の中ではおおむねそこそこの英語で生きていけるのだが、一歩外へ出るとドイツは比較的英語に堪能な人が多いとはいえ、そうはいかないことも多い。理研に滞在されている外国人研究者の方も、おそらくこのような困難を感じておられることは想像に難くない。それでも1年間の滞在中、毎週のように“外国人のためのドイツ語教室”に通ったかいてか、帰国前には多少ながら怪しげなドイツ語の会話が成立するようになっていた。それを証明してくれたのは、もう一つの悩みの種であった車の販売店とのやりとりである。そのオンボロ車(BMWの本拠地ミュンヘンでなぜか私は中古のトヨタに乗っていた)は、人の良さそうな一家が販売と整備工場を兼ねているらしき小さなお店で購入した。この車は買って一週間後にアウトバーンの上で突然止まったり、真冬に取り替えたばかりのバッテリーが上がったり、と大変なスリルを私に与えてくれた。そのたびにその販売店に行く羽目になったのだが、帰国間際に排ガス検査のためにまたその店に行くと、「今度は何が壊れた?」とその家の主のおじさんが笑いながら迎えてくれた。排ガス検査の手続きをしながら、もうすぐ日本に帰る予定だと話していると、おじさんに“Aber, Sie sprechen gut Deutsch(ドイツ語うまいじゃないの)”と言われてしまい、何だか苦勞が報われた気がして少しうれしくなった。

● そのころには、ミュンヘンでも壁が崩壊した影響が見られるようになっていた。国境が解放されたため、東ドイツ製の小型自動車黒い煙を吐きながらアウトバーンを通って買い物などにやってくる。私のオンボロ車とどちらがノロノロ走っていたであろうか。そして私が日本に帰国したころ、ドイツは一気に統一へと向かっていった。生まれたときから壁があったドイツ人の大学院生は、「自分の生きている間、壁はずっと存在し続けるのだと思っていた」と語ってくれた。このとき世界中の人は、今あるものが絶対に永遠ではないのだ、ということ学んだのではなからうか。仕事においても人生においても、既定概念にとらわれていては進まないことを考えさせられる。



筆者近影



今はもう無いベルリンの壁

理研ニュース

8

No.266: August 2003

発行日——平成15年8月5日

編集発行——理化学研究所 広報室
〒351-0198

埼玉県和光市広沢2番1号

phone: 048-467-8349 [ダイヤルイン]

fax: 048-462-4715

koho@postman.riken.go.jp

http://www.riken.go.jp

「理研ニュース」はホームページにも

掲載されています。

デザイン——勝井三雄+中野豪雄 [勝井デザイン事務所]
株式会社デザインコンピビア

制作協力——有限会社フォトンクリエイト

再生紙(古紙100%)を使用しています。