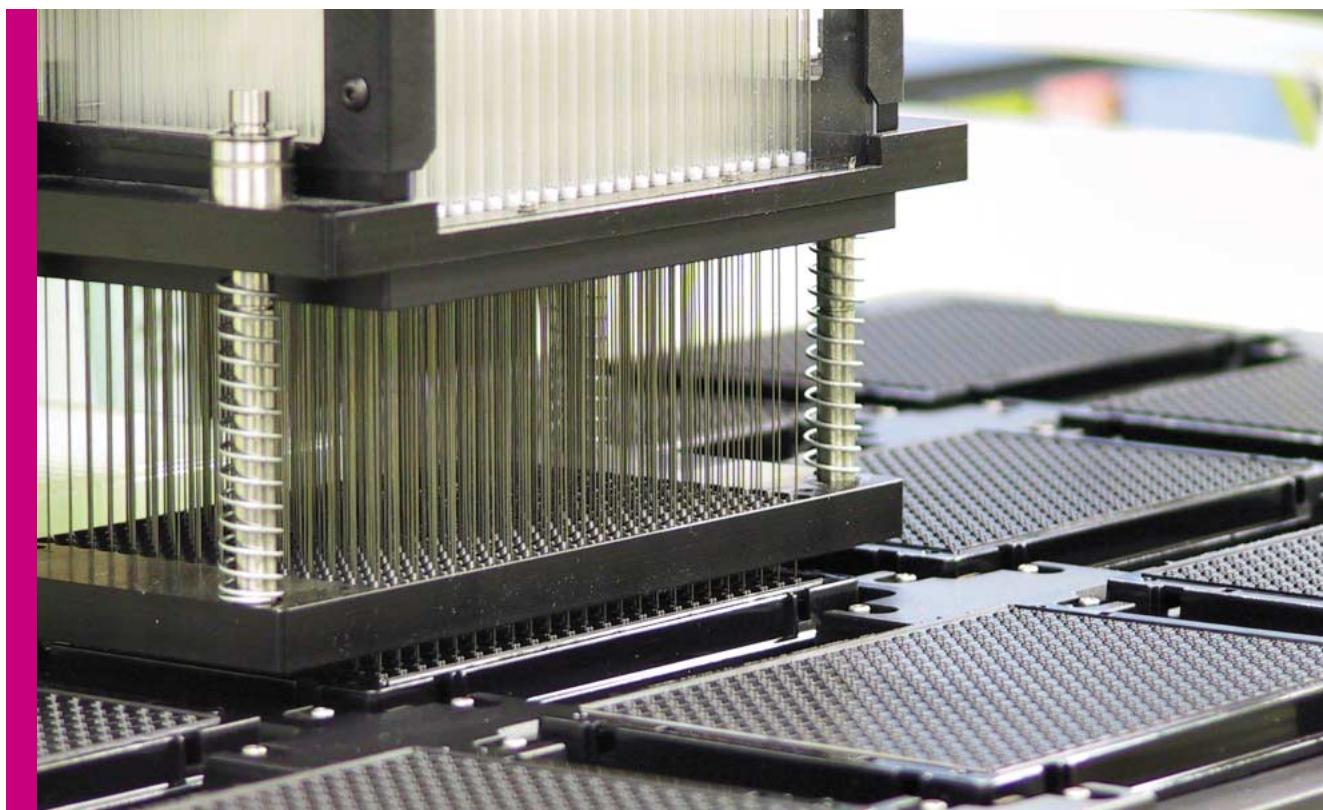


RIKEN NEWS

No. 269 November 2003

11



384マイクロエルカードへのゲノムDNAの注入
「オーダーメイド医療の基盤を作る大量・高速SNP
解析」より

2 研究最前線

オーダーメイド医療の基盤を作る
大量・高速SNP解析

5 SPOT NEWS

睡眠の視覚経験依存的な発達と
その臨界期を発見

睡眠も経験により発達する

6 特集

ゲノム科学総合研究センター
今後の展望

和田昭允センター所長に聞く

SPring-8でクォーク5個の
新粒子を発見

11 TOPICS

独立行政法人 理化学研究所の
運営体制について

12 原酒

The Asian Joint Graduate
School Program & Us

オーダーメイド医療の基盤を作る 大量・高速SNP解析

関根章博

遺伝子多型研究センター
遺伝子多型タイピング研究・支援チーム チームリーダー

ヒトの設計図であるヒトゲノムは、誰もがほとんど同じだ。しかし、設計図には個人ごとのわずかな違いがあり、目や髪の色などの多様性を決めている。病気のなりやすさ、薬の効き方や副作用の現れ方の違いも、ひとりひとりの設計図のわずかな違いによって考えられているが、そのほとんどが分かっていない。「私たちは、SNP (1塩基多型) を用いて遺伝情報の個人差と、病気のなりやすさや薬の効き方・副作用との関係を詳しく調べています」と遺伝子多型タイピング研究・支援チームの関根章博チームリーダーは語る。「目指しているのは、ひとりひとりに最も適した治療や予防を行うオーダーメイド医療の実現です」。SNPの研究は、医療をどう変えていくのだろうか。

病気のなりやすさや 薬の感受性には個人差がある

「〇〇病の家系なんです」。こんな言葉を聞いたり、自分で思ったことはないだろうか。糖尿病やリウマチなどの生活習慣病にも、遺伝的な要因が関連していることが知られている。また、同じ薬なのに効く人と効かない人がいると感じたことがあるだろう。同じ薬を飲んで、眠くなる人もいれば、ならない人もいる。人によって薬の効き方や、副作用の現れ方に違いがあるのだ。

「病気のなりやすさ、薬の感受性の違いの多くは、ひとりひとりの遺伝情報の違いによるのです」と関根チームリーダーは語る。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種類の塩基の配列によってDNAに書かれている。ヒトの遺伝情報のすべてをまとめたものがヒトゲノムであり、約30億塩基対からなる。そのうち99.数%の塩基配列は誰もが共通だが、残りの0.数%はひとりひとりで違っているのだ。「私たちは、遺伝情報の個人差を詳しく調べることで、病気のなりやすさにかかわっている疾患関連遺伝子や、薬の感受性に関連している遺伝子を見つけ出そうとしています」

りで違っているのだ。「私たちは、遺伝情報の個人差を詳しく調べることで、病気のなりやすさにかかわっている疾患関連遺伝子や、薬の感受性に関連している遺伝子を見つけ出そうとしています」

遺伝情報に基づく新しい医療

現在の医療では、同じ症状の患者さんには同じ薬が同じ量だけ投与されることが多い。しかし、薬がよく効いて早く治る人がいる一方で、効果が見られない人もいる。ときには重篤な副作用が出てしまうこともある。「このような状況をどうにかしたいのです」と関根チームリーダーは言う。「遺伝情報を調べることで、患者さんの薬の感受性が予測できれば、ひとりひとりに最も効果的で、副作用のない薬を使って治療することができます。これがオーダーメイド医療です」

生活習慣病は、1つの遺伝子が原因ではなく、いくつもの疾患関連遺伝子が組み合わさり、さらに環境要因が加わることで発症すると考えられている。「遺伝情報を調べて生活習慣病になりやすいことがあらかじめ分かれば、食事やストレスなどの生活習慣や環境に注意することで、発症せずに一生を過ごせるかもしれない。究極の予防医療といえるでしょう」

また、生活習慣病に限らず、多くの病気の治療は対症療法でしかない。治療法が確立していない病気も多い。疾患関連遺伝子群が分かれば、発症する仕組みや個人差を理解することができる。その結果、発症メカニズムを調節する新薬を開発し、原因療法ができる可能性があるのだ。

遺伝子多型研究センター(SRC)は、このような遺伝情報の個人差に基づく新しい医療を実現することを目指し、豊島久真男センター長および中村祐輔グループディレクター(東京大学医科学研究所教授)を中心に、1999年に発足した。8つの疾患研究チームが収集したゲノムDNA試料を解析してデータを提供することが、遺伝子多型タイピング研究・支援チームの主な役割だ。各疾患研究チームでは、遺伝子多型情報解析研究チームと連携し、それぞれの疾患関連遺伝子群を突き止める。そして発症する仕組みを解明し、治療法や治療薬を開発するための研究を行っている。さらに、本年度よりオーダーメイド医療開発プロジェクトグループが発足し、加速度的に研究を進めようとしている。

SNPとは

遺伝情報の個人差は「多型」と呼ばれ、塩基が挿入したものや欠損したもの、繰

一歩でも病気に
近づき、結果を患者さんに
フィードバックする。
それが私たちの仕事です

関根章博チームリーダー
SEKINE Akihiro



※連鎖不平衡

連鎖する2つ以上の遺伝子座で起きる現象で、異なる遺伝子座間における対立遺伝子の配分が独立でないこと。(例えば、隣り合う2つのSNP [G/AとC/T] の場合、染色体上には4通りの組み合わせ [-G-C、-G-T、-A-C、-A-T] が考えられるが、実際には-G-Cと-A-Tの2通りの組み合わせしか存在しないなど)

り返しの回数が違うものなど、さまざまなタイプがある。

ゲノム上に最も高頻度で存在する多型が、1塩基だけ違う^{スニップ} SNP (single nucleotide polymorphism: 1塩基多型)である(図1)。SNPは数百塩基対に1個の割合で存在する。ヒトゲノム全体では、推定300万~1000万個といわれ、現在までに約500万個の報告がある。日本では、中村祐輔教授と科学技術振興機構(JST)の共同研究により、遺伝子領域にある20万個のSNPを発見し、多型情報(JSNP)データベースとして公開している(<http://snp.ims.u-tokyo.ac.jp/>)。

研究・支援チームでは、JSNPに登録されているSNPについて、ゲノムDNA試料ではどの遺伝子型になっているかを判定(タイピング)する。CとTから成るSNPについて対立遺伝子を見た場合、C/C、C/T、T/Tという3通りの遺伝子型が存在する。病気の人(ケース)と、病気でない人(コントロール)を比べたとき、病気の人だけに多い、あるいは少ない組み合わせがあれば、そのSNPが病気のなりやすさに関連しているらしいと考えられる。

もちろん、ケースとコントロールの間に差のあったすべてのSNPが、病気のなりやすさに直接関連しているわけではない。関根チームリーダーは「ゲノム上で近くにある多型や遺伝子は、連鎖不平衡^{*}とあって、まとまったブロックで遺伝します。SNPそのものが病気のなりやすさに関連していなくても、そのSNPの近くに本当に関連している多型あるいは遺伝子が存在すると考えられます。ゲノム上に高頻度に存在するSNPをマーカー、目印として、疾患関連遺伝子を絞り込んでいくことができるのです」と解説する。

最終的には、培養細胞や実験モデルなどで候補遺伝子の機能を調べ、疾患や薬剤感受性の関連遺伝子群を特定する。SRCではすでに、心筋梗塞(田中敏博チームリーダー)、関節リウマチ(山本一彦チームリーダー)、糖尿病性腎症(前田士郎チームリーダー)のなりやすさに関連する遺伝子を発見している。

大量・高速SNPタイピング

「生活習慣病のなりやすさを決めているのは、1つの遺伝子ではなく、ゲノム全域に散らばった複数の遺伝子が複雑に関連した結果です。多くの試料について、ゲノム全域・広域にわたって多数のSNPを調べなければ、生活習慣病の疾患関連遺伝子群を見つけ、解明するには至りません。だから、SNPの遺伝子型を判定するタイピングは高速で、そしてコストを抑えて効率的にやらなければならないのです」

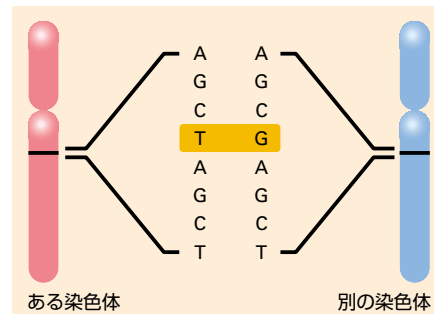
研究・支援チームでは、年間1億3000万SNPタイピングという世界トップクラスの高速化を実現している。高速化のポイントは、マルチプレックスPCR法と384マイクロエルカード(図2)の開発、そしてインベーター法の採用だ。

SNPタイピングを行うには、まずゲノムDNAをマルチプレックスPCR法で増幅する。従来のシングルPCR法では、SNPを含む1領域しか増幅できない。一方、SRCの大西洋三チームリーダーと尾崎浩一研究者らが開発したマルチプレックスPCR法では、96カ所のSNPを含む領域を一度に増幅できる。増幅に必要な時間や試薬の量は変わらない。つまり、シングルPCR法と比べ、速度は約100倍、コストは約100分の1である。

ゲノムDNAをPCR法で増幅せずにタイピングすることも可能だが、「現実的ではありません」と関根チームリーダーは言う。現在行っている10万~20万カ所のSNPタイピングに必要なゲノムDNA量は10~20 μ gだ。これは、数ccの採血から精製される量である。シングルPCR法で100倍、PCR法を用いなければさらにその数十倍もの採血が必要になる。「血液を提供していただくのは、多くが病気で苦しんでいる患者さんです。『将来の治療につなげてください』と協力してくださる患者さんの負担を最小限にすること、そして提供していただいた試料から多くの情報を得ることは、とても大事です」

マルチプレックスPCR法で増幅したゲノムDNAは、自動化された装置によって384マイクロエルカードの各反応槽に注入される(表紙)。乾燥させた後、遺伝子

図1 SNPとは

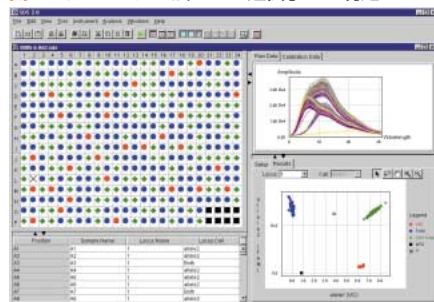


遺伝情報である塩基配列が、染色体間で1塩基だけ違っているものを「SNP(1塩基多型)」という。

図2 384マイクロエルカード



図3 インベーター法による遺伝子型の判定



CとTから成るSNPの場合、CはVIC、TはFAMという蛍光色素が光るようにインベーター試薬を設計し、各試料の蛍光値を測定する(右上)。Cを赤、Tを青で示すと、遺伝子型がC/Cの試料は赤、C/Tは緑、T/Tは青となる(右下)。384マイクロエルカードの各試料の遺伝子型が色分け表示される(左)。

型を判定するための試薬を注入する。高価な試薬の量を通常の8分の1と極限まで抑え、コストダウンに大きく貢献している。

遺伝子型を判定する方法はいくつかあるが、研究・支援チームでは、蛍光値を測定することで遺伝子型を判定できるインベーター法を採用している(図3)。インベーター法は、反応の工程が少なく自動化しやすいという特徴があり、大量・高速化に適している。

「試薬を注入したカードは、超音波でプラスチックカバーを溶着し、密閉させます。これが大量・高速化の最大の決め手です」と関根チームリーダーは解説する。「カードを密閉すれば、試薬の反応温度である63℃の湯に浸けるだけで済みます。高価な機器による温度調節の必要がないので処理枚数に制限を受けず、大量のカードを一度に処理できます」

図4 遺伝子多型タイピング研究・支援チームのスタッフ



現在、一連の作業を20数名のスタッフで行っている(図4)。「タイピングを行うテクニカルスタッフ、タイピングシステムおよびタイピングの間違いをチェックするソフトウェアを開発・運用しているプログラマーのみんなが、本当によくやってくれます。世界トップクラスのSNPタイピングを実現できるのは、スタッフのおかげです」

薬の効き目や副作用を予測

研究・支援チームでは、飯田有俊上級研究員と斉藤督研究員を中心に、薬の吸収、分布、代謝、排泄にかかわる遺伝子に存在する多型を見つけ、詳細な多型地図の作成も行っている。それらの多型についてのタイピングを行い、薬の効き方や副作用の現れ方と関連する遺伝子を突き止めようとしているのだ。薬の感受性を調べるためのデータベースをより充実させていく必要があるが、個人の遺伝情報から薬の効果や副作用の強さを予測できるようになると期待される。

個人の遺伝情報に基づくオーダーメイド医療については、個人情報取り扱いや、就職や保険における差別が危惧されている。それに対し、関根チームリーダーはこう指摘する。「オーダーメイド医療は、個人情報がかきと保護され、適切に使われれば、患者さんにとってのメリットは非常に大きいのです。しかし残念なことに、悪い面ばかりが報道されています。実際に苦しんでいる患者さんの立場で考えることも必要ではないでしょうか。個人情報を保護するシステムを構築するとともに、良

い面と悪い面、両方の正確な情報を伝えていくことが不可欠です」

より効率よく、より高速に

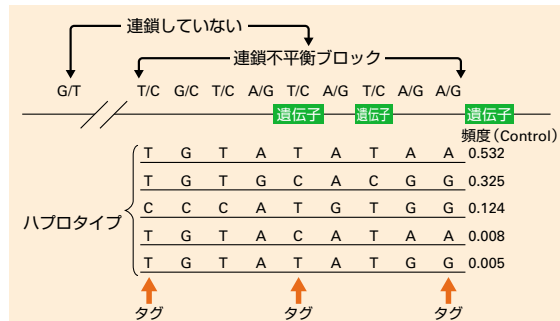
2002年からSNP研究の新しい国際プロジェクトが始まっている。日米英中加による「国際ハップマッププロジェクト」である。

ゲノム上で近い距離にある複数のSNPは、まとまったブロック(連鎖不平衡ブロック)で遺伝する。このブロックの中で、同一染色体上に並ぶ遺伝子型の組み合わせを「ハプロタイプ」という(図5)。「ハプロタイプは、連鎖不平衡ブロックの指標であり、同時にブロック内での遺伝子型の並びを表しています。つまり、個々のSNPを全部タイピングしなくても、タグという旗印になるSNPをタイピングするだけで、ブロック内のSNPについては遺伝子型がすべて分かる。ハプロタイプのタグを使うことで、効率的に疾患や薬の感受性に関連する候補遺伝子を特定することが可能となります」と関根チームリーダーは語る。

ハプロタイプをSNP解析に使うためにはまず、染色体のどこに、どのようなハプロタイプがあるかを探索し、どのSNPがタグとなるかを突き止めなければならない。国際ハップマッププロジェクトでは、2004年末までにヒト染色体について約60万個のSNPから成るハプロタイプ地図(ハップマップ)の作成を目指す。SRCは25%を担当する。1つの研究施設の解析数としては最大だ。

研究・支援チームでは、SNPタイピン

図5 ハプロタイプとは



「ハプロタイプ」とは、まとめて遺伝する連鎖不平衡ブロックの中で同一染色体上に並ぶ遺伝子型の組み合わせである。例えば、9個のSNPから成る連鎖不平衡ブロックに5種類のハプロタイプがあるとすると、この場合は、3個のタグをタイピングするだけで、どの種類のハプロタイプかが分かるので、効率的に解析を進めることができる。ケースとコントロール間でのハプロタイプの頻度の差を調べ、関連遺伝子を探索する。

図6 遺伝子多型タイピング自動化システム



グのさらなる大量・高速化を目指して開発された自動化システムが、12月から本格的に稼働する(図6)。PCR法から試薬の注入、インバーダー反応あるいはタックマン反応など、蛍光値の判定まで自動的に行う。「タイピング速度は、人が行う既存システムのまだ5分の1ですが、人の手を必要としないというのは、大きな利点です」

SNPタイピングの大量・高速化によって、オーダーメイド医療の基盤となるデータは着々と集まっている。「重篤な副作用の予測など、数年で実績が出てくるものもあるでしょう」と関根チームリーダーは語る。「もちろん、医療をオーダーメイド化するには、まだやるべきことがたくさんあります。実現に向け、やれるところからやっていくしかない。とにかく一歩でも病気に近づくことが大事なのです。そして、結果を患者さんにフィードバックする。それが私たちの仕事です」

R

監修 遺伝子多型研究センター
遺伝子多型タイピング研究・支援チーム
チームリーダー 関根章博

睡眠の視覚経験依存的な発達とその臨界期を発見

睡眠も経験により発達する

2003年5月19日 文部科学省においてプレスリリース

脳科学研究では、発達期の脳の視覚系が視覚経験を適切に受けることによって正常な視覚機能を獲得するなど、すでに多くの研究成果が蓄積されている。また、視覚神経回路は覚醒時に視覚情報処理を担っているが、脳が睡眠に入ると同じ視覚回路に組織立った神経活動のリズム(脳波など)が引き起こされることも知られている。研究チームでは、この脳の視覚系の発達と睡眠のメカニズムを結び付け、神経回路の発達期における視覚経験と睡眠の関係を解析した。

今回の研究では、出生時から成熟するまで完全な暗室で飼育された動物のグループと正常な視覚経験を受けたグループに分け、それぞれの視覚皮質から睡眠中の脳波を長期的に記録した。暗室グループでは正常グループと比べて、徐波睡眠※2(ノンレム睡眠)時の視覚野においてデルタ成分※3と呼ばれる特定の脳波の成分が低下していた(図1)。視覚野のデルタ成分は動物を光環境に戻すことで徐々に(1~2カ月)回復させることができた。一方、生まれてから1カ月間暗室で育て、正常な環境に戻した場合、あるいは成長した動物を長期間暗闇に置いた場合も、睡眠中の視覚野のデルタ成分に変化は生じていなかった。しかし、生後1カ月間正常な環境で飼育し、続いて暗室で1カ月間を経過した場合、生まれてから長期間暗室飼育したグループ同様、著しくデルタ成分が低下していることが明らかになった。これらのことから、発達期の動物の視覚系

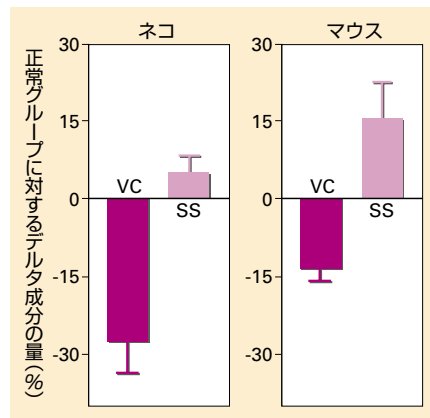


図1 暗室グループのデルタ成分(正常グループとの比較)
視覚に関与しない他の皮質(SS)に比べて視覚野(VC)ではデルタ成分が大きく低下している。

では、視覚経験により睡眠も発達することが示され、他の脳機能(言語獲得など)と同じく、生後のある限られた時期(1~2カ月)に脳の神経回路を変化させる時期、すなわち臨界期が存在していることが明らかになった(図2)。

睡眠の役割に関する研究は、記憶の問題を含め、いまだ現象論にとどまり、未知の問題が山積している。しかし本研究は、睡眠が覚醒時の視覚経験に影響されることを明らかにするとともに、睡眠の発達にも臨界期が存在することを示した世界初の例である。脳研究の分野で知見が蓄積されている視覚系と睡眠の密接な関連性が明らかになったことで、神経細胞・神経回路網のレベルから睡眠機能を解き明かす上で絶好のモデルを提供していくとともに、睡眠の健全な発達に関する知見が、睡眠障害の解明をはじめ脳と身体の健やかな成長と

当研究所は、発達期のネコおよびマウスを用いて、睡眠中の脳波のリズムが視覚経験によって発達することを発見し、さらにそのリズムを生み出す脳の回路は生後の限られた時期に作られていることを世界で初めて突き止めた。理研脳科学総合研究センター神経回路発達研究チームのTakao K. Hensch^{ハインツ}チームリーダーおよび宮本浩行・片桐大之研究者らによる研究成果。研究チームでは覚醒時の経験が睡眠に及ぼす影響に注目。生後間もない発達期の動物を完全な暗室で育て視覚経験を妨げると、成長した後も視覚皮質において睡眠中の脳活動(脳波)が著しく低下していることを発見した。一方、成長した動物の視覚経験を妨げても脳波に大きな変化はなく、動物の視覚野では生後1~2カ月の間に脳波のリズムを形作る時期、すなわち睡眠の視覚野可塑性※1の臨界期が存在していることも突き止めた。今後、脳の発達と睡眠の関係や、睡眠障害の解明など幅広い貢献が期待される。

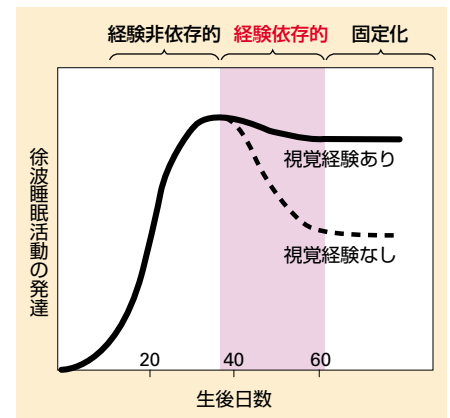


図2 徐波睡眠活動の3段階モデル

生後の初期には徐波睡眠活動が発達してくるが、睡眠の臨界期に視覚入力がないと正常レベルの徐波睡眠活動を維持できなくなると考えられる。

いう観点から広く社会に還元されることも期待される。本研究成果は、米国の科学雑誌『Nature Neuroscience』のウェブサイト上のアドバンス・オンライン・パブリケーション(AOP・5月19日)、および6月号に発表された。 R

※1可塑性

外部からの刺激に応じて脳の神経回路網(形体)が変化する性質。視覚野可塑性: 視覚経験によって視覚回路の機能(方位選択性、眼優位性など)を変化させ保持する性質。

※2徐波睡眠

睡眠は一般に徐波睡眠(ノンレム睡眠ともいう)とレム睡眠に区別される。睡眠時間の多くは徐波睡眠で占められ、このとき高振幅の電気活動のリズム(脳波)が観察される。

※3デルタ成分

脳活動の周波数の一つで、成人では通常睡眠中にしか現れない。主にシータ波(6~8Hz)が占めるものがレム睡眠、デルタ波(1~4Hz)が多く現れるものがノンレム睡眠である。

監修 脳科学総合研究センター
神経回路発達研究チーム
チームリーダー Takao K. Hensch
研究員 宮本浩行

ゲノム科学総合研究センター 今後の展望

和田昭允センター所長に聞く

ゲノム科学総合研究センター(GSC)は、日本におけるゲノム科学の中核的な研究拠点として1998年10月に設立された。GSCでは、ゲノムから遺伝子、タンパク質、個体までを総合的に研究し、生命を理解することを目指している。世界最先端の研究が展開され、多くの“日本発”の独創的な研究を生んできた。これまでの成果、そして今後の展望を和田昭允^{あきよし}センター所長に聞いた。

「生命とは何か」に挑む

—GSCの設立には、どのような背景があったのでしょうか。

和田：1980年代は、生物学が急速に変わった時代です。かつて生物学は、経験に基づいた漠然とした「暗黙知」の学問でした。それが1980年代になると、物理学的・化学的な計測器や技術が開発され、精密で定量的なデータを収集することができるようになりました。その結果、生物学はデータや法則によって記述できる「形式知」に変わったのです。そういう生物学の変化を受けて、理研にGSCが設立されました。

これまでの生物学は、分子、細胞、個体といった階層に分かれて研究をしてきました。GSCでは、それらの階層をすべて統合し、高度な計測器や技術を駆使して収集した膨大なデータを基礎として、「生命とは何か」という命題に大胆に挑戦します。現在6つの研究グループが、生命の理解を目指し、研究を進めています(図1)。GSCのように、生命現象を分子レベルから個体レベルまで広く総合的に扱う研究所は、世界に類を見ません。

—和田センター所長は、東京大学理学部化学科を卒業し、物理学教室では生物物理を研究されています。1980年代初頭には、DNA大量解析の重要性を世界に先駆けて提唱し、高速自動解析装置の基礎開発も行いました。GSCの特徴には、和田センター所長の幅広いバックグラウンドが反映しているのですね。

和田：自然を広く見て、その中にどういう秘密があるのかを調べるといった観点が、科学には不可欠です。これは化学、物理、生物物理など、科学を広く見てきた私自身の経験に基づいています。

和田昭允センター所長 **WADA Akiyoshi**



“日本発”の独創的な研究

—設立後5年がたちました。どのような成果が出ていますか。

和田：生命の設計図であるゲノムを解析しているゲノム構造情報研究グループ(榎佳之プロジェクトディレクター)では、ヒトゲノムの11番、18番、21番染色体の塩基配列解読を行い、ヒトゲノム解読の国際プロジェクトの中で大きな貢献をしました。チンパンジーのゲノム解析も進めています。チンパンジーとヒトのゲノムを比較することで、「ヒトとは何か」を明らかにしようとしているのです。これは“日本発”の独創的な研究で、米国はとても驚いていましたね。今ではその重要性に気づき、必死に追いかけてきているところです。

マウスのcDNAを全部収集して「遺伝子百科事典」を作っているのが、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)です。cDNAは、遺伝子から転写されたmRNAを人工的にDNAにコピーしたもので、遺伝子そのものです。マウスの遺伝子の多くはヒトと共通なので、疾患の原因や治療法の研究に使えます。林崎プロジェクトディレクターは、マウスcDNAの重要性にいち早く気づき、独自の技術を開発しました。cDNAの研究は“日本発”であり、世界のトップを独走しています。

cDNAは、研究に広く使ってもらってこそ意味があります。cDNAを書籍の形で頒布する「DNAブック」というユニークな技術も開発しました。迅速に低価格で頒布できる有力な武器を手に入れたことで、GSCのcDNAが世界標準になると期待されます。

生体の中で実際に働くのは、DNAの遺伝情報を基に作られたタンパク質です。タンパク質構造・機能研究グループ(横山茂之プロジェクトディレクター)では、タンパク質の基本構造の解析をしています。

タンパク質は10万種類以上あり、多種多様で複雑な立体構造をしています。実は1万ほどの基本構造の組み合わせでできているのです。横山プロジェクトディレクターは、基本構造を徹底的に調べれば、その組み合わせで構造と機能の関係を理解できるというアイデアを出しました。世界がそれに追随し、国際協力の下で基本構造の解析が進められています。日本は、3000種類の基本構造の解析を目指しており、すでに目標の約20%の解析を終了しました。米国の解析数を抜き、世界のトップを走るGSCには、2つの武器があります。播磨研究所にある最高輝度の大型放射光施設SPring-8と、世界最大の集積数を誇る横浜研究所のNMR(核磁気共鳴装置)です。

個体レベルでは動物と植物の2つのグループがあります。どちらも、遺伝子を人為的に破壊して変異体を作製することで、どのような表現型(観察できる形で現れる形態的・生理的な性質)の変化が出るのかを調べています。動物ゲノム機能情報研究グループ(城石俊彦プロジェクトディレクター)では、2万5000匹のマウスを飼育し、変異発見率は世界最高です。120項目に上る検査の自動化や、パー



図1 ゲノム科学総合研究センターの研究グループ

コードによるマウスの管理など、独自の技術開発による成果です。植物ゲノム機能情報研究グループ(篠崎一雄プロジェクトディレクター)では、シロイヌナズナの変異体を約8万種類作っています。篠崎プロジェクトディレクターは、論文引用数で日本人研究者のトップ20に入っています。世界的に注目されている証拠です。

——ゲノム、遺伝子、タンパク質、個体の研究から出てきた膨大なデータを解析しデータベース化するのが、ゲノム情報科学研究グループ(小長谷明彦プロジェクトディレクター)ですね。

和田: 膨大なデータを基礎として、ゲノムと表現型の総体であるフェノームを結ぶ「ゲノム・フェノーム・スーパー・ハイウェイ」を作り、生命現象全体を把握したいのです。こういう考え方でバイオインフォマティクスの研究グループを作った研究所はGSCが世界で初めてです。追いかけてきているところはいくつもありますが。

——“日本発”の研究が多いですね。

和田: 私が20年前にヒトゲノム解析を提案したとき、「世界のどこもやっていないことを日本がやるはずがない」と言われました。その結果、米国に抜かれてしまった。これでは、いつまでたっても日本は二番手です。日本の科学の欠陥はそこです。GSCは違います。他でやっていない新しいことをやろうという強い意欲を持つ研究者が多く、それを受け入れる基盤があります。だから、GSCの研究は世界に類を見ないものばかりなのです。

オーミック・スペースのネットワーク解明

——次にすべきことは何でしょうか。

和田: オーミック・スペースのネットワークの解明です(図2)。オーミックとは、総体を意味するラテン語ome*からの造語です。ゲノムからフェノームまですべてを包含するという意味で、私が名付けました。相互作用のネットワークを、階層を越えて立体的にとらえようというものです。

——研究グループ間の連携が重要になりますね。

和田: 設立以来、研究グループ間の連携研究を重視しています。

全体予算の数%を所長保留金として、連携研究に充てているのです。6つのグループが連携しながら研究を行ってきた5年間の積み重ねがあるからこそ、オーミック・スペースのネットワーク解明という構想も出てきたのです。

物質、生命、ヒト、宇宙に橋を懸ける

——和田センター所長が今、科学に興味を持っていることは？

和田: 宇宙生物学です。私は、生命は地球外にも必ず存在すると思っています。その生命のシステムは、地球の生命と同じか、まったく違うのか。それが分かれば面白いですね。

自然科学には4つの課題があります。「物質とは何か」「生命とは何か」「ヒトとは何か」「宇宙とは何か」です。現在の科学では、物質、生命、ヒトはつながってきて、宇宙だけが少し離れています。宇宙と生命やヒトをどう結び付けるかが、最後の課題です。

——科学に興味を持ったきっかけは何ですか。

和田: 小学3年生のころに火星の大接近があり、天文学に興味を持ち始めました。『子供の天文学』という本で、太陽から各惑星までの平均距離を表す数式「ボーデの法則」を知ったときは衝撃的でした。自然界の配列が数式で書けるというのですから。もう少し大きくなってからは、流体の状態を示す「レイノルズ数」など、やはり自然現象をひとつの考えでまとめることに興味を持ちました。

私の発想は一言で言うと、「総合に向かって」です。何かをまとめることに、とてもワクワクします。大きな問題を設定して、その間に橋を懸けて関連を調べたいのです。ヒトと宇宙の間にも、ぜひ橋を懸けたいですね。

R

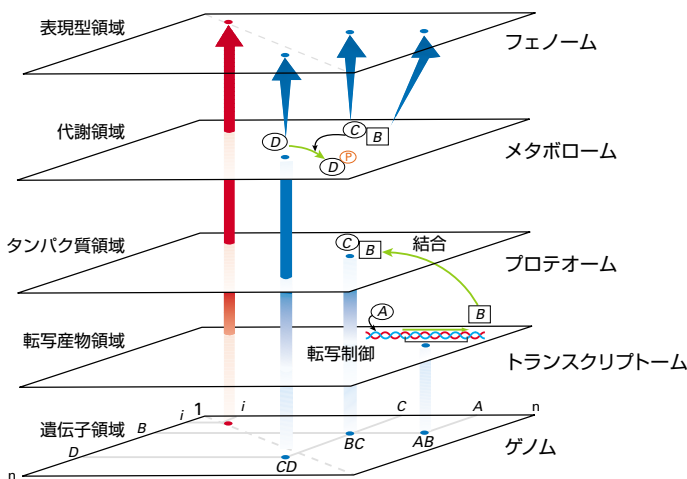


図2 オーミック・スペース (Omic Space)

遺伝子A、B、C、Dが発現している場合、表現型として現れるまでには、例えば遺伝子AによるBの転写制御、タンパク質BとCの結合、タンパク質BとCの複合体によるタンパク質Dのリン酸化というように、縦横に張り巡らされた立体的なネットワークがある。生命の理解には、ゲノムからフェノームまですべてを包含したオーミック・スペースのネットワーク解明が不可欠である。

*ome

総体、全体を意味するラテン語。ゲノム(genome)は遺伝子(gene)、トランスクリプトーム(transcriptome)は転写産物(transcript)、プロテオーム(proteome)はタンパク質(protein)、メタボローム(metabolome)は代謝(metabolism)、フェノーム(phenome)は表現型(phenotype)の総体をそれぞれ意味する。

SPring-8でクォーク5個の新粒子を発見

中野貴志

大阪大学核物理研究センター教授

上坪宏道

理化学研究所 和光研究所長 (元サイクロトロン研究室 主任研究員)

谷畑勇夫

理化学研究所 理事 (元RIビーム科学研究室 主任研究員)

大型放射光施設SPring-8で大発見があった。レーザー電子光 (LEPS) 研究グループ*が、クォーク5個から成る新粒子を検出したのだ。中間子はクォーク2個、陽子や中性子はクォーク3個から成る。しかし理論的には存在してもよいはずのクォーク4個以上から成る粒子は、これまで1個も見つかっていなかった。クォークの理論が登場して以来約35年、ついにその粒子の1つが発見されたのだ。今回の発見は、クォークが陽子や中性子に閉じ込められるときに発生する質量の謎や、たくさんのクォークから成る粒子を探る研究の重要な手掛かりとなるだろう。

不思議な基本粒子クォーク

「これはいける! えらいことになった」。2002年8月、SPring-8での実験データをひとりで解析していた中野貴志 大阪大学核物理研究センター教授は、クォーク5個から成る新粒子の存在をとらえた。「その日から3日間は興奮して眠れませんでした。でも、しばらくの間、この発見はLEPSの研究グループのみんなにも黙っていました。リーダーである私が、“変なもの”に取りつかれたと思われると困りますから」

クォーク4個以上から成る粒子は、“変なもの”と表現されるほど存在が疑問視され、発見がきらめられかけていた。クォークは物質を作る最小単位、基本粒子の一種だと考えられている。しかし最小単位であるにもかかわらず、単独のクォークを取り出すことができない。それはクォーク同士に働く「強い相互作用」の性質によると考えられている。強い相互作用で結び付いているクォーク同士を引き離そうとするほど、力が強まる性質があるのだ。「これはバネで結ばれた粒子を引き離そうとするほど、働く力が強まることに似ています。無理に引き離してバネを引きちぎると、その大きなエネルギーによってバネの切り口にクォークと反クォークができる。だから単独で存在するクォークはないと考えられています」と中野教授は解説する。

電磁気力では、プラスとマイナスの2種類が引き合って中和す

図1 クォークの色電荷

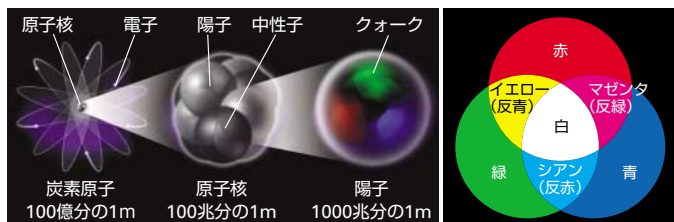


図2 SPring-8 ドーナツ形の施設が蓄積リング。



るが、強い相互作用では3種類が引き合って中和する。そこでこの3種類は、混ぜると白になる赤・緑・青の光の3原色に例えられ「色電荷」と呼ばれる(図1)。赤・緑・青の色電荷を持つクォークが3個集まり、白色(色電荷が中性)の陽子や中性子などを作る。また3種類の色電荷にはそれぞれ混ぜると白になる補色がある。例えば赤とその補色のシアン(反赤)の色電荷を持つ2個のクォークが結び付いて白色になり、中間子と呼ばれる粒子を作る。補色の色電荷を持つ粒子が反クォークである。

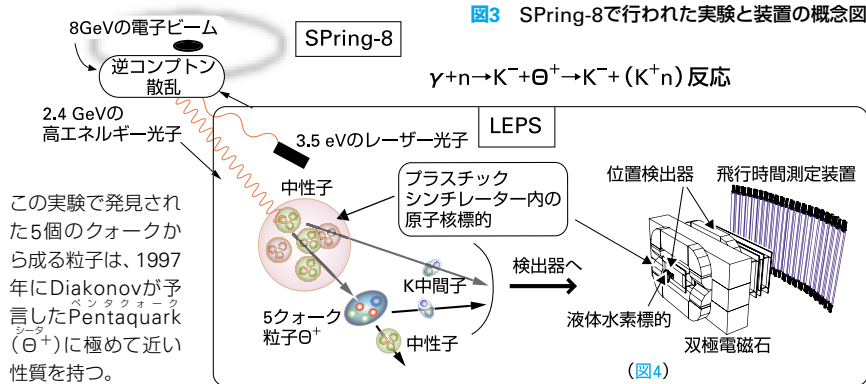
色に例えられる強い相互作用の理論は、「量子色力学(QCD)」と呼ばれる。量子色力学によれば、2個以上で白色になりさえすれば、あらゆる整数個のクォークから成る粒子が存在し得る。例えば、赤・緑・青が2個ずつで6個や、赤・反赤・緑・反緑の4個のクォークがあってもよい。ところが、これまでに2個あるいは3個のクォークから成る粒子は1000種類以上も見つかったが、4個以上のクォークから成る粒子は1つも発見されていなかった。「1960年代後半に量子色力学が登場してから10年間くらいは、4個以上のクォークから成る粒子が一生懸命探されました。しかし誰も見つけれなかった。そのため、1980年代半ばには、その存在が疑問視されるようになりました。なぜクォーク4個以上から成る粒子が見つからないのか、長い間、研究者を悩ませる大問題になっていたのです」と、中野教授はこれまでの経緯を語る。それではなぜ、世界で誰も見つけれなかった粒子をSPring-8で発見できたのだろうか。

SPring-8の改造

2000年2月、中野教授はオーストラリアのアデレードにいた。素粒子物理学の国際会議に出席するためだ。「この会議でD. Diakonov という理論家と仲良くなり、ランチタイムに彼は“私は隠し球を持っている。ある新粒子を予言しているのだ。その新粒子を探さないか”と熱心に語り始めたのです」。彼が予言した粒子こそ5個のクォークから成る粒子だった。「彼は論文として発表していましたが、彼自身“隠し球”と言うくらいで、あまり宣伝していませんでした。しかし粒子の質量や寿命を具

*レーザー電子光 (LEPS) 研究グループ

大阪大学核物理研究センター、日本原子力研究所、高輝度光科学研究センターをはじめ日・米・加・韓など計19機関、52名から成る国際研究チーム。代表者は中野貴志 大阪大学核物理研究センター教授。



この実験で発見された5個のクォークから成る粒子は、1997年にDiakonovが予言したPentaquark (Θ^+)に極めて近い性質を持つ。

体的に予言していたので、これは面白い、SPring-8で探してみようと思いました」。そのとき、中野教授はLEPS研究グループを率いてSPring-8での素粒子実験の準備を進めているところだった。「実は、私たちのライバルであるジェファーソン研究所(米国)の研究者もその場に同席していました」

SPring-8は理研が日本原子力研究所と共同で建設し、1997年に完成した大型放射光施設である(図2)。放射光とは、光速近くまで加速された高エネルギーの電子ビームが、磁石で軌道を曲げられるときに発する光である。SPring-8では80億電子ボルト(8GeV)という、放射光施設としては世界最高エネルギーの電子ビームから極めて明るい放射光を得る。この世界最高性能の放射光を使ってタンパク質の構造や機能を調べる生命科学や新材料の性質を調べるナノテクノロジーなど、さまざまな分野の研究が国内外の研究者により進められている。

中野教授らの素粒子実験は、放射光ではなく、蓄積リングを回る8GeVの電子ビームを利用する。この電子ビームにレーザー光を正面衝突させて跳ね返ってくる(逆コンプトン散乱)のエネルギーの極めて高い波長のそろった「レーザー電子光」を測定するのだ。

「1995年、大阪大学からSPring-8にレーザー電子光施設を加えてほしいと提案を受けたときには、すでに蓄積リングの建設は始まっていて、偏向磁石の真空箱に改造が必要でした」と語るのは、SPring-8の立案者のひとりであり、開発・建設・運用に至るまでプロジェクトを指揮してきた上坪宏道 和光研究所長である。「実際に改造を引き受けたのは、蓄積リングの建設を担当していた熊谷孝孝主任研究員(当時)率いる理研の加速器チームです。すでに建設が進んでいたものをやり直すことは、普通認められません。理研だからこそできたのだと思います。学問的に面白く、重要だからやろうと加速器チームが一丸となりました。またそういうときに理研では事務の人もないへん協力的です」と上坪 和光研究所長は振り返る。蓄積リングの建設・改造を成し遂げた加速器チームのメンバーは、現在SPring-8を運営する高輝度光科学センターに移籍し、今回の実験にも参加している。

新たな道具と柔軟な発想

SPring-8に完成したレーザー電子光施設を使って、中野教授らは2000年11月から素粒子実験を開始した。ただし、クォーク5個の粒子の発見を目的とする実験を行ったわけではない。「陽子の

図4 水素標的と検出器



大きさよりも短い波長(ガンマ線)の2.4GeVのレーザー電子光を水素標的中の陽子にぶつけて、 ϕ 中間子と呼ばれる粒子を詳しく調べる実験を始めたのです。Diakonovによると、この反応によりクォーク5個の粒子もできるはずで、 ϕ 中間子の実験で、同時に新粒子も発見できるかもしれないと期待したのです。ところが、新粒子ができたとしても、この実験の検出器ではその存在を確認することができないことが分かり、がっかりしました」

しかし、ここで中野教授は水素標的のすぐ後ろにプラスチックの検出器(プラスチック・シンチレーター)があることに気が付いた。水素標的を突き抜けたレーザー電子光(ガンマ線)はプラスチック中の中性子と衝突する(図3・図4)。「このガンマ線と中性子の反応からもクォーク5個の粒子ができるはずで、しかもその粒子が壊れてできる生成物と、本来の実験目的である ϕ 中間子が壊れてできる生成物は、どちらもK中間子。今回の実験に使用した検出器はK中間子を検出するのに最も適した装置です。これはうまくいくかもしれないと思いました」

ただし従来の素粒子実験施設では、標的のすぐ後ろに検出器を配置するなどということはしない。普通、光ビームは実験にとってノイズとなる低いエネルギーの成分をたくさん含んでいる。これらを含んだビームが検出器を直撃すると、肝心なデータがとれなくなるからだ。「SPring-8のレーザー電子光は極めてノイズが少なく、きれいなビームなので、水素標的のすぐ後ろに検出器を設置できたのです」と中野教授。

このように、SPring-8の優れた特性と中野教授の柔軟な発想力が新粒子の発見をもたらしたのだ(図5)。この新粒子は、質量

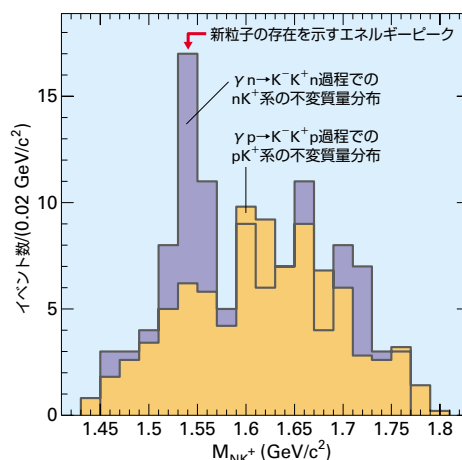


図5 新粒子の存在を示す実験の解析データ。今回発見された5個のクォークから成る粒子の質量は、中性子の約1.7倍(1540±10MeV)と推定されている。重い反ストレンジクォークが含まれているわりには軽い。寿命は10⁻²¹秒以下。

中野貴志 大阪大学教授
NAKANO Takashi



上坪宏道 理研和光研究所長
KAMITSUBO Hiromichi



谷畑勇夫 理研理事
TANIHATA Isao



などの性質が異なる3種類のクォークから成る。アップクォークとダウンクォークが2個ずつ、そして反ストレンジクォークが1個の計5個である。反ストレンジクォークが含まれていることが、新粒子がクォーク5個から成ることの有力な証拠だ。同じ種類のクォークと反クォークが一緒になると、対消滅してエネルギーになる。もし反ストレンジクォークではなく反アップか反ダウンクォークであれば、アップあるいはダウンクォークと対消滅してしまい、クォーク3個の粒子か5個の粒子か、区別がつかない。反ストレンジクォークは陽子や中性子などには含まれない重いクォークである。この重いクォークを生成できたのも、SPring-8の8GeV電子ビームに衝突させて、2.4GeVという極めて高いエネルギーのレーザー電子光を得たからだ。これだけ高いエネルギーのレーザー電子光が得られる放射光施設は、世界でもSPring-8のみである。

発見が新たな領域を切り開く

2002年10月、中野教授は今回の発見の第一報を大阪で開かれた素粒子原子核国際会議で発表した。以来、1年もたたないうちに米国ジェファーソン研究所をはじめ、ロシア、ドイツなど4つの研究所で追試が行われ、新粒子の存在が確かめられた。また新粒子を理論的に説明しようとする論文が15本ほど立て続けに発表されている。2003年7月、中野教授らの論文が米物理学会の学術誌『フィジカル・レビュー・レターズ』に掲載され、特に欧米のマスコミが発見を大きく報じた。

発見を中野教授自身は次のように語る。「まず、これまで見つからなかったものが、見つかったということが第一の意義でしょう。これから新粒子の寿命や、スピンやパリティと呼ばれる性質を詳しく調べることで、クォークがどのように閉じ込められているか精密に調べるつもりです。実は単独のクォークはとても軽いのですが、3つ集まって陽子や中性子を作ると約100倍も重くなります。クォークがどのように閉じ込められて質量を得るのかを探る上でも重要なデータになると思います」

単独のクォークがなぜ質量を持つのかも謎だ。現在、クォークなどの素粒子に質量を与える「ヒッグス粒子」の発見が目指されている。しかしヒッグス粒子が発見されたとしても、原子の質量の約99.9%以上を占める陽子や中性子の質量の起源が解けるわけではないのだ。今までクォークの閉じ込めによる質量の起源は、クォーク2個と3個の粒子から考えるしかなかった。

今回クォーク5個の粒子の存在を示す有力な手掛かりが得られ、研究が大きく発展することが期待できる。また、よりたくさんクォークから成る粒子の研究も活発になるだろう。

「今回の発見は、新しい金鉱を掘り当てたようなもの。それ自体が意味のある重要な発見であることはもちろんですが、どうもその後ろに大金鉱が控えているのではないかと感じています。大きな研究領域を切り開く契機となる発見だと思うのです」と語るのは、谷畑勇夫理研理事である。谷畑理事自身、寿命の短い不安定な原子核のビーム(RIビーム)を発明し、不安定原子核の研究領域を切り開いてきた。「今回の発見のように、世の中になかった新しい道具を使って、人が誰もやっていない領域で新しいものを見つけ出す。今まで日本の科学は、そういうことをあまり味わってきませんでした。人が何と言おうがこの研究は重要なのだ、と自分たちで判断が下せるかどうかは、今回のような発見を日本の科学がたくさん味わっていくかどうかだと思います」

実は、今回の実験途中で、実験の中断を覚悟しなければならない出来事があったと中野教授は語る。「電子ビームにレーザー光を当てるレーザー電子光は、蓄積リングを回る電子ビームの寿命を短くしてしまいます。SPring-8には“10%以上寿命を短くしてはいけない”というルールがあったのです。あるとき効率が上がりすぎてそのルールを犯していることに気付き、青くなって上坪さんのところに報告に行きました。ところがそのとき、上坪さんの第一声が“ああ、それはおめでとう”でした」

「良い仕事をしているチームには、あまり文句は言いません。だけど今回のような素晴らしい成果が出てほっとしましたよ」とほほ笑む上坪 和光研究所長。そしてこう締めくくった。「中野さんの話を聞いていてつくづく思うのは、常識的な考え方では新しいものを見つけられないということです。新しい道具を使うときには、ものの見方・考え方を変えることが必要ですね。今回のような発見は、若い研究者たちの大きな励みになると思います」

理研の加速器技術を結集したSPring-8は、新たな発想を持つ科学者たちによってさらに真価を発揮し、未知の領域を次々と照らし出す光となることだろう。

R

監修 大阪大学核物理研究センター教授 中野貴志
理化学研究所 和光研究所長 上坪宏道
理化学研究所理事 谷畑勇夫

独立行政法人 理化学研究所の運営体制について

本年10月より、独立行政法人理化学研究所は新たな執行体制により運営されることになりました。(略歴中、特殊法人理化学研究所を理研と省略)



理事長
のよりりょうじ
野依 良治

1938年9月3日、兵庫県生まれ。京都大学工学部卒業。工学博士。名古屋大学理学部教授、同大学大学院理学研究科長・理学部長。この間、文部省学術審議会委員、日本学術振興会学術顧問、日本化学会会長等を務める。00年に文化勲章、01年には「触媒による不斉合成」の業績によりノーベル化学賞を受賞。65歳。

理事 横浜研究所 所長 小川 智也



1939年3月19日、東京都生まれ。中央大学農学部農芸化学科卒業。農学博士。理研細胞制御化学研究室主任研究員、東京大学農学部教授、理研理事。01年、同副理事長。64歳。

理事 柴田 勉



1943年3月16日、秋田県生まれ。中央大学経済学部卒業。理研入所。研究業務部長、企画室長、総務部長。00年、理研理事。60歳。

理事 井上 頼直



1939年10月3日、東京都生まれ。東京大学農学部卒業。農学博士。理研太陽エネルギー科学研究グループ主任研究員、理研光合成科学研究室主任研究員。01年、理研理事。64歳。

理事 谷畑 勇夫



1947年3月14日、兵庫県生まれ。大阪大学理学部卒業。理学博士。カリフォルニア大学ローレンス・バークレー研究所、東京大学核研助教授、理研RIビーム科学研究室主任研究員。03年、理研理事。56歳。

理事 小中 元秀



1948年10月15日、大阪府生まれ。京都大学工学部卒業。同修士課程修了。科学技術庁入省。研究開発局ライフサイエンス課長、科学技術庁長官官房審議官(研究開発局、原子力担当)等を歴任。03年、理研理事。55歳。

監事 林 剛



1944年4月19日、静岡県生まれ。早稲田大学法学部卒業。人事院入省。人事院任用局試験課長、同関東事務局長等を歴任。00年、新エネルギー・産業技術総合開発機構監事。59歳。

監事 藤井 隆



1943年1月2日、東京都生まれ。東洋大学経済学部卒業。理研入所。経理部会計課長、総務部長等を歴任。60歳。

和光研究所 所長、中央研究所 所長 上坪 宏道

1933年2月7日、北海道生まれ。東京大学理学部物理学科卒業。理学博士。理研サイクロトロン研究室主任研究員、東京大学核研教授、理研理事、(財)高輝度光科学研究センター副理事長兼放射光研究所長。01年、理研研究顧問。70歳。

筑波研究所 所長 バイオリソースセンター センター長 森脇 和郎

1930年11月4日、東京都生まれ。東京大学理学部物理学卒業。理学博士。国立遺伝学研究所教授、同副所長、日本学術会議会員、総合研究大学院大学副学長等を歴任。01年、理研バイオリソースセンターセンター長。73歳。

播磨研究所 所長 飯塚 哲太郎

1941年3月15日、群馬県生まれ。東京大学理学部物理学科卒業。理学博士。米国ペンシルバニア大学客員助教授、慶應義塾大学医学部助教授等を経て、理研生体物理化学研究室主任研究員。02年、理研播磨研究所副所長技術相談役。62歳。

横浜研究所 副所長 栗原 良樹

1949年1月30日、長野県生まれ。東京大学工学部航空学科卒業。科学技術庁入省。同庁科学技術振興局研究交流課長、研究開発局海洋地球課長、HFSP事務局次長。02年、理研ゲノム科学総合研究センタープロジェクト管理役。54歳。

横浜研究所 副所長 加藤 武雄

1943年3月20日、東京都生まれ。東京工業大学応用物理学卒業。理研放射線研究室、ライフサイエンス筑波研究センター推進部長、総務部長。01年、理研免疫・アレルギー科学総合研究センタープロジェクト管理役。60歳。

神戸研究所 所長、発生・再生科学 総合研究センター センター長 竹市 雅俊

1943年11月27日、愛知県生まれ。名古屋大学理学部生物学科卒業。理学博士(京都大学)。京都大学理学部教授、岡崎国立研究機構客員教授。00年、理研発生・再生科学総合研究センター センター長、高次構造形成研究グループ グループディレクター。59歳。

神戸研究所 副所長 関 理夫

1935年10月18日、鹿児島県生まれ。中央大学法学部卒業。理研入所。ライフサイエンス筑波研究センター推進部長、企画室長、審議役、監事。00年、理研発生・再生科学総合研究センター プロジェクト管理役。68歳。

フロンティア研究システム システム長 丸山 瑛一

1934年7月12日、長野県生まれ。東京大学理学部卒業。工学博士。(株)日立製作所基礎研究所所長、同社技師長、技術研究組合常務理事、政策研究大学院大学教授。99年、理研フロンティア研究システム システム長。69歳。

脳科学総合研究センター センター長 甘利 俊一

1936年1月3日、東京都生まれ。東京大学工学部卒業。工学博士。東京大学教授。国際神経回路網学会会長、理研脳科学総合研究センター グループディレクター。03年、理研脳科学総合研究センター センター長。67歳。

ゲノム科学総合研究センター センター所長 和田 昭允

1929年6月28日、東京都生まれ。東京大学理学部卒業。理学博士。東京大学教授、同理学部長、(財)相模中央化学研究所理事。日本学術会議会員、第4部長。理研研究顧問。98年、理研ゲノム科学総合研究センター センター所長。02年に勲二等瑞宝章受章。74歳。

植物科学研究センター センター長 杉山 達夫

1937年10月25日、愛知県生まれ。名古屋大学農学部卒業。農学博士。国際イネ研究所研究員、ジョンズ・ホプキンス大学研究員、名古屋大学教授。00年、理研植物科学研究センター センター長。66歳。

遺伝子多型研究センター センター長 豊島 久真男

1930年10月5日、大阪府生まれ。大阪大学医学部卒業。医学博士。東京大学医科学研究所所長、大阪大学微生物病研究所所長、(財)住友病院院長。日本学士院会員。00年、理研遺伝子多型研究センター センター長。01年に文化勲章受章。73歳。

免疫・アレルギー科学総合研究センター センター長 谷口 克

1940年12月2日、新潟県生まれ。千葉大学医学部卒業。医学博士。千葉大学教授、同医学部長、日本免疫学会会長。01年、理研免疫・アレルギー科学総合研究センター センター長。62歳。

The Asian Joint Graduate School Program & Us

ノルミ・モハッド・ヤハヤ

Normi Mohd Yahaya

高分子化学研究室 アジア・プログラム・アソシエイト

2002年1月、冬のある寒い日、私は理研に到着した。理研には、私の所属するマレーシア科学大学との間に、アジア連携大学院制度と呼ばれる協定がある。この制度は、小林俊一 前理事長によって、将来アジアの中で研究協力に貢献することが期待される若手研究者を発掘、奨励することを目的として設置された。

まず、本制度に基づく最初の学生(アソシエイト)である韓国の金さんを紹介された。当初、本プログラムのアソシエイトは私たち2人だけだったが、やがてほかのアソシエイトも到着し始めた。中国からウーさん、タイのタクサワンさん、ピンスランさん、そしてベトナムのカイさんが続いた。理研で金さんと私は、生分解性プラスチックの研究を行っている。金さんは、生分解性プラスチックの形態の研究、私は遺伝子工学的手法を用いた生分解性プラスチックの加工、改良の研究を行っている。また、タクサワンさん

とピンスランさんは、それぞれシロアリから抽出した好アルカリ性バクテリアと嫌気性バクテリアの分離と解析を行っている。ウーさんとカイさんは、不安定な中性子過剰原子核の研究をしている。ウーさんは、通常の炭素16原子核より中性子が多い炭素17原子核の反応断面積が異常に大きいかどうかを測定している。カイさんは、通常のヘリウム4原子核より極端に中性子が多いヘリウム6原子核中において、密度が低いハロー状態を形成している2つの中性子間の運動量分布を測定することで、短距離相互作用力である核力の波動関数を詳細に測ろうとしている。

国際協力課の清水さん(みんなのお姉さん)と横浜研究推進部の横田さんが私たちの面倒を見てくれている。私たちは、みんなでいろいろな経験をしている。今年4月12~13日、金さんとタクサワンさん、それぞれのスーパーバイザーである高分子化学研



ピンスランさんとカイさんの歓迎会。前列右から筆者、タクサワンさん、ピンスランさん、ウーさん、金さん。後列中央にカイさん。[2003年4月22日]



金毘羅宮(香川県)にて[2003年4月12日]



学生の手作り料理で“Asian Food Party”
[2003年4月25日]

きをカイさん、そして私がマレーシアのチキンカレーと“nashi himpit”をそれぞれ持ち寄った。おなかいっぱい食べ、おしゃべりとジョークで楽しい夜となった。

アジア連携大学院制度により、理研で科学に取り組めることは何よりである。また、私たちみんながこのような素晴らしいひとときを一緒に経験できたことに非常に満足している。そして何にも増して、私たち全員が日本の文化を知ることができるだけでなく、それぞれがアジアの文化を知ることができるということは、とても素晴らしい。これからさらに素晴らしい経験が待っていることを期待している。

※英語原文は理研ホームページに掲載されています。

The original text (in English) can be seen on RIKEN home page:
<http://www.riken.jp/r-world/info/release/news/2003/index.html>

理研ニュース

11

No.269

November 2003

発行日

平成15年11月5日

編集発行

独立行政法人 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@riken.jp
<http://www.riken.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
制作協力

株式会社デザインコンピビア
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。