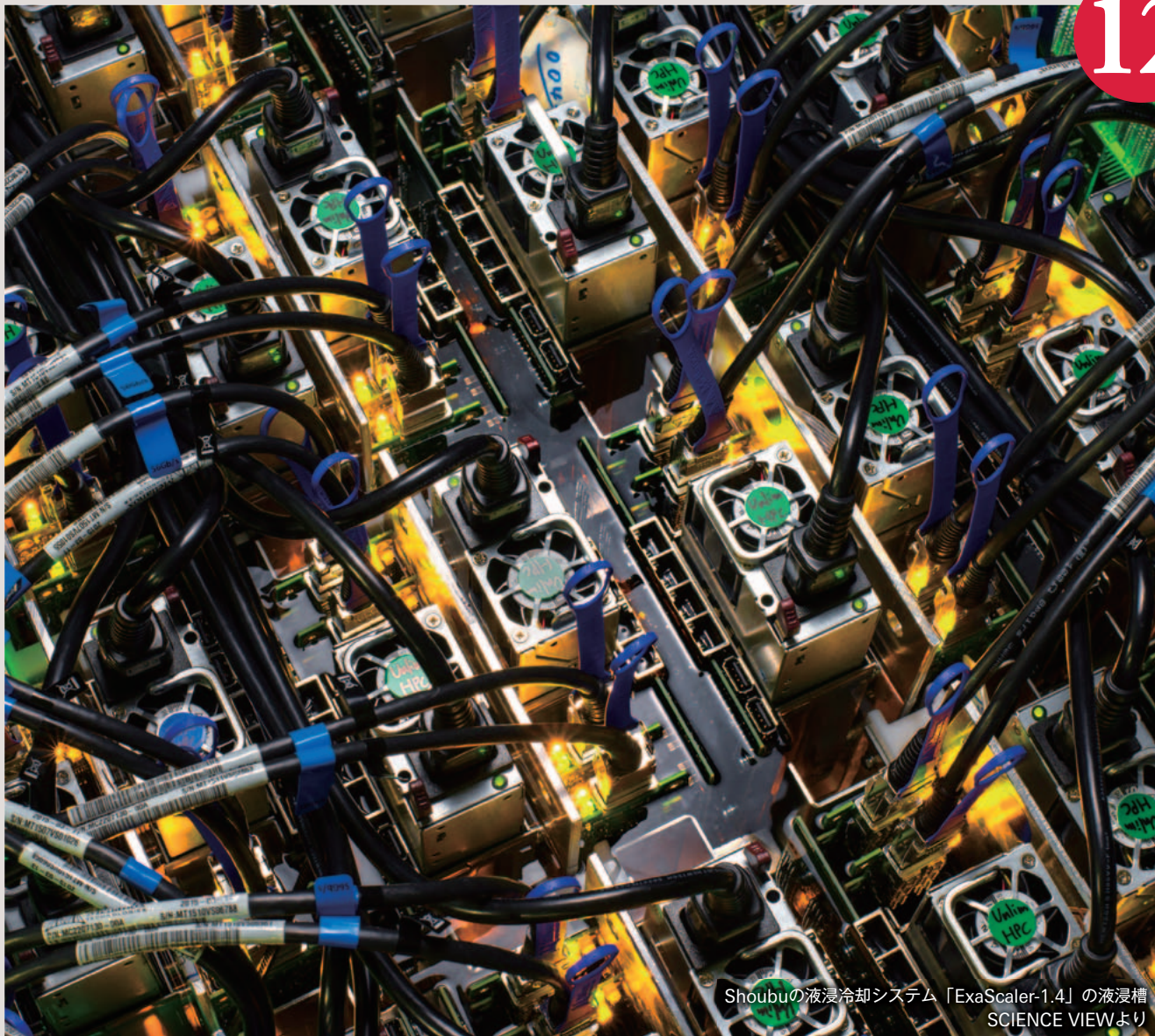


# RIKEN NEWS

No.414 December 2015

12



Shoubuの液浸冷却システム「ExaScaler-1.4」の液浸槽  
SCIENCE VIEWより

SCIENCE VIEW ⑫

## 1,024メニーコア搭載の液浸冷却スパコン 「Shoubu」が2期連続Green500世界1位獲得！

研究最前線 ④

## キネシンは、なぜ迷子にならない？

研究最前線 ⑧

## 遺伝暗号を改変して タンパク質の多様性を広げる

特集 ⑫

## 「京」を支える裏方さん

システム運転技術チーム 宇野篤也チームヘッドに聞く

TOPICS ⑮

- ・ インターンに聞く！  
RIKENってどんなところ？
- ・ 新研究室主宰者の紹介

原酒 ⑮

水の中からこんにちは

# 1,024メニーコア搭載の液浸冷却スパコン 「Shoubu」が2期連続Green500世界1位獲得！

2015年8月4日トピックス

スーパーコンピュータ（スパコン）は、計算速度などの性能向上に比例するように消費電力も増加してきた。その電力規模は、社会的に許容される限界に近づきつつある。「これからのスパコンには、消費電力を増やさずに、演算性能だけを向上させることが求められます。それには消費電力当たりの演算性能をいかに高めるかが、世界的な潮流です」と、理研情報基盤センター（ACCC）和光ユニットの黒川原佳ユニットリーダー（UL）は指摘する。

2007年から始まった、スパコンの消費電力当たりの性能を国際的に評価するGreen500において、2015年6月および11月付のランキングで、理研に設置された「Shoubu（菖蒲）」が2期連続で世界1位を獲得した。「Shoubuは独自のメニーコアプロセッサを用いることで、世界1位を獲得しました」と黒川UL。「スパコンを構成するLSI（大規模集積回路）の諸条件と面積によって、おおよその消費電力が決まります。従って、条件が一定の場合、一定面積当たりのLSI上でいかに演算性能を上げるかが、消費電力を抑える鍵になります。そのための有望な技術の一つがメニーコアプロセッサです」

コアとは実際にデータなどの処理を行うCPU（中央処理装置）のことで、メニーコアプロセッサは、一つのLSIチップにたくさんのコアを集積したものだ。従来は数十個のコアを集積したものがほとんどだったが、Shoubuには従来よりもシン

ブルで演算向きに特化した1,024個のコアを集積させたMIMD（Multiple Instruction, Multiple Data）型プロセッサ「PEZY-SC」が搭載されている（図1）。

PEZY-SCは、米国のシリコンバレーで医療用画像処理装置の会社を率いていた齊藤元章氏が、2010年に日本で株式会社PEZY Computingを設立し開発したものだ。ただし、高密度に基板実装されたメニーコアプロセッサの性能を低消費電力で、故障なく引き出すには、従来の空冷よりも効率的な冷却技術が必要だ。そこで齊藤氏は株式会社ExaScalerを2014年に設立し、液浸冷却技術の開発を進めた。「それはフロリナートというフッ素系の高沸点液体（174℃）に、LSIなどを搭載した基板複合体を丸ごと浸して冷却する技術です」と黒川ULは説明する（表紙）。

その液浸冷却技術とPEZY-SCを用いて初めて開発した小規模スパコン「Suiren（睡蓮）」が、高エネルギー加速器研究

画像提供：株式会社PEZY Computing

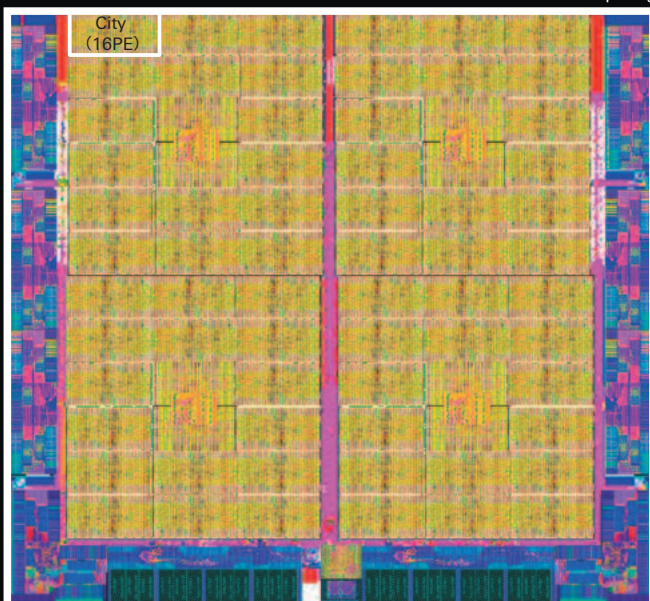


図1 PEZY-SC

21mm×19.6mmのLSIチップに、コアを1,024個集積している。左上のCity（16PE）は、16個のコアが集まった領域を示す。PEZY Computingではさらに、4,096個のコアを集積した「PEZY-SC2」の開発を進めている。



図2 最終仕様の  
Shoubuの全景

機構に設置され、2014年11月に発表されたGreen500のランキングで世界2位に認定された。その後、齊藤氏たちは規模の大きな第2世代スパコンを設置できる場所を探していた。「2015年4月に開かれた研究会で、理研の姫野龍太郎 情報基盤センター長、<sup>えびざき</sup>戎崎俊一 主任研究員そして理研計算科学研究機構の牧野淳一郎チームリーダーたちがその話を聞き、理研に設置できないか検討することになりました。ちょうどシステム入れ替えのはざまで、スパコンを設置できるスペースと電源が空いていたのです」と黒川UL。「それからが大変でした。実際に設置工事が始まったのが5月の連休明けですが、6月付のGreen500の申請に間に合うようにShoubuを稼働させることになりました。2社と共同で、通常は数ヶ月かけて行う作業を1ヶ月で行いました」

2015年6月付のGreen500では512個のPEZY-SCを用いて計測された。Shoubuの1W当たりの消費電力性能値は7.032ギガフリップス/Wを記録、2014年11月に発表されたランキング1位の数値（5.271ギガフリップス/W）を33.4%上回った。Green500世界1位は日本企業が開発したスパコンとして初、さらにはベンチャー企業が開発したスパコンとしても世界初の快挙だ。

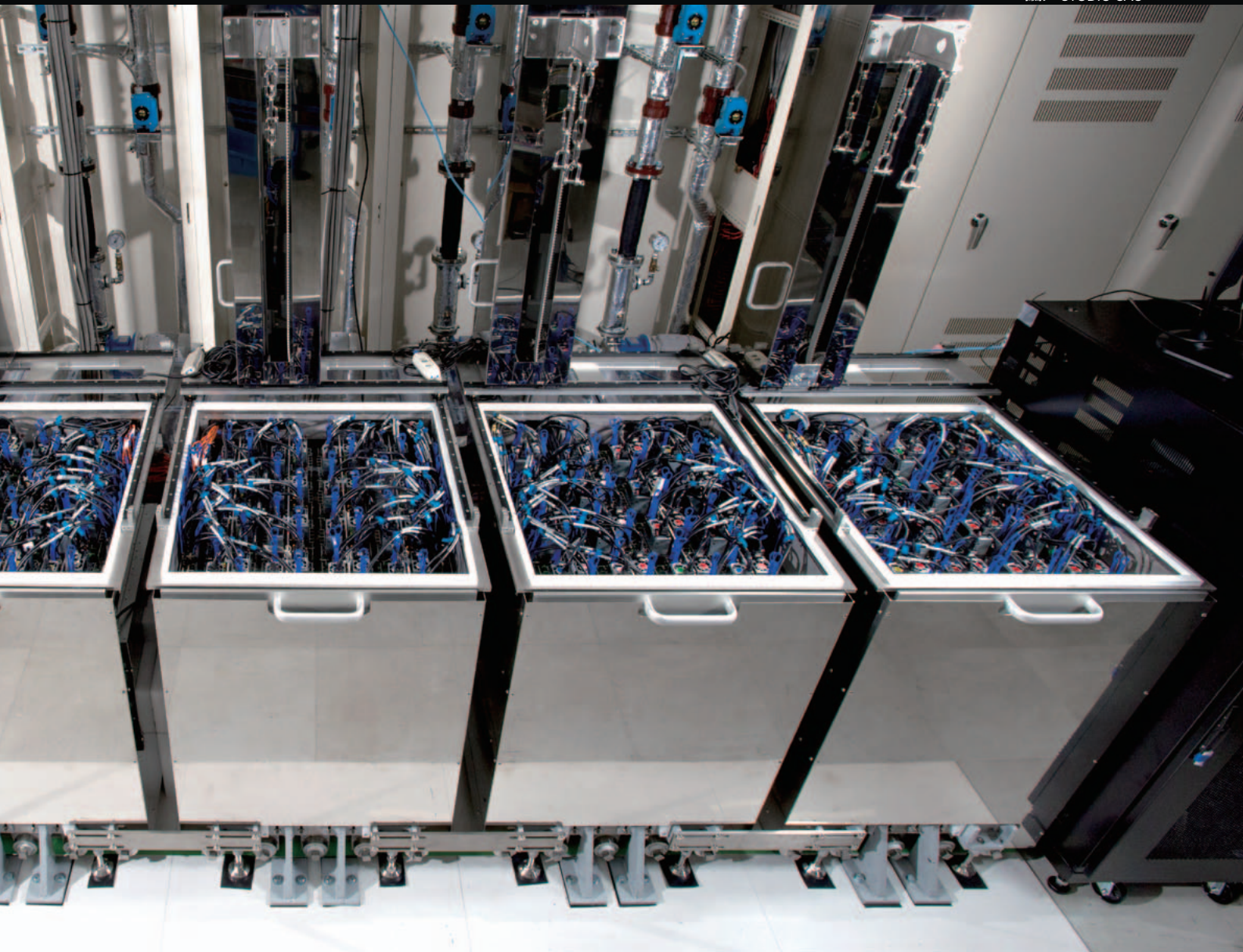
「その後、私たちは、1,280個のPEZY-SCを搭載する最終仕

様のShoubuの設置を完了しました（表紙・図2）。理論ピーク演算性能は2ペタフリップス、つまり1秒間に2000兆回の計算が可能になりました。そして2015年11月のGreen500ランキングにおいては、前回と同一環境で2期連続の世界1位を獲得しました」

プログラム中の各処理は、データの読み書きと演算の二つに分類することができる。演算処理を高速化するプロセッサを「アクセラレータ（演算加速器）」と呼び、PEZY-SCもアクセラレータに位置付けられる。一般に演算処理の割合が多いプログラムでアクセラレータを利用すると、計算時間の大幅な短縮が見込める。「省エネルギーで高性能なスーパーコンピュータを考えた場合、LSIの面積の多くを演算機能に割り当てるアクセラレータの有効利用が必要であるといわれています。しかしそのためにはアクセラレータに最適化したプログラムを作成しなければなりません。今後、私たちはShoubuを使って、さまざまなタイプの応用分野のプログラムで性能測定および解析を行い、1,024コアのPEZY-SCの性能を十分引き出すことができるかどうか確かめていきたいと思います。さらに、液浸冷却システムの長期の運用性や使い勝手も検証していきたいと考えています」

（取材・執筆：立山 晃/フotonクリエイト）

撮影：STUDIO CAC



細胞は、さまざまな物質がそれぞれ正しい場所に届けられることで、初めて正常に機能する。しかし、物質の輸送がどのようなシステムで行われているのかは、よく分かっていない。生命システム研究センター（QBiC）細胞極性統御研究チームの岡田康志チームリーダー（TL）は、神経細胞内の物流システムを解き明かそうとしている。そのためには、物質を運ぶトラックに相当するキネシンや、道路に相当する微小管1本1本を見分け、生きている細胞で輸送の様子を観察することが必要である。しかし、それは既存の光学顕微鏡では不可能だった。岡田TLは顕微鏡メーカーと共同で、時間分解能100分の1秒、空間分解能100nm（ナノメートル。1nmは1億分の1m）のスピニングディスク超解像蛍光顕微鏡を開発。誰も見たことがない物が見えてきた。

## キネシンは、なぜ迷子にならない？

### ■ 細胞の中に物流システムがある

「細胞、特に神経細胞の物流システムに興味を持っています」と岡田TL。細胞の物流システムとは？「私たちの社会では、さまざまな荷物がトラックに積み、工場から店へ、店から家庭へ、またごみは処理場へ運ばれていきますよね。細胞の中でも、物が生産される場所、消費される場所、不要物が処理される場所などに分かれていて、物質のやりとりがあり

ます。物流が滞ると生活が混乱してしまうように、細胞でも障害が生じます」

神経細胞は、核がある細胞体から、たくさんの短い樹状突起と、軸索という長い1本の突起が伸びている（図2下）。樹状突起で受け取った情報は、軸索を通して次の細胞へ伝えられる。軸索は、長いものでは1mを超える。長い軸索を持つ神経細胞にとって物流システムは非常に重要で、その異常は筋萎縮性側索

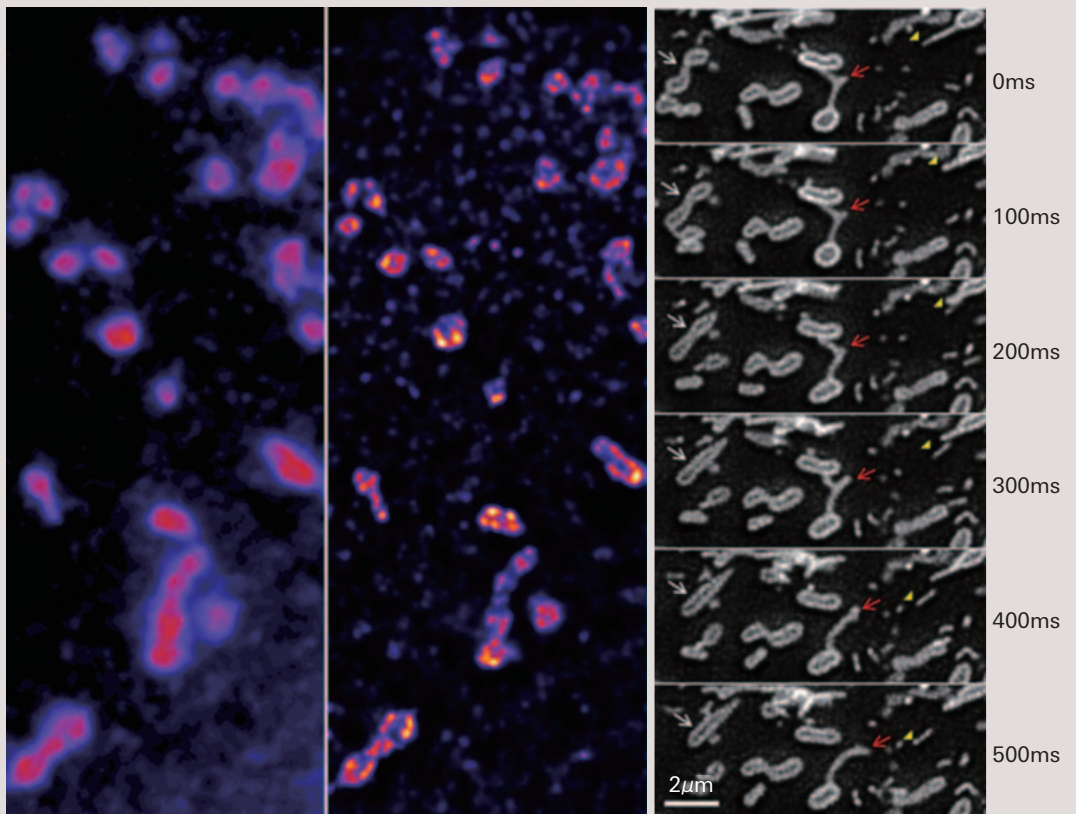
硬化症（ALS）などの原因にもなる。「私たちは、神経細胞の中で物質がどのように正しい場所へ運ばれるのか、そのシステムを解明しようとしています」

### ■ 1本足のモータータンパク質を発見

岡田TLが細胞の物流システムに興味を持ったのは、東京大学医学部3年生のときだ。「廣川信隆教授の講義で、軸索内部を観察した動画を見せてもらいまし

図1 スピニングディスク超解像蛍光顕微鏡で観察したミトコンドリアの動態

左は従来の蛍光顕微鏡像で、構造の細部がぼけている。中央はスピニングディスク超解像蛍光顕微鏡像で、外膜の構造がクリアに分かる。右はスピニングディスク超解像蛍光顕微鏡で10分の1秒（100ミリ秒）ごとに撮影した画像を並べたもの。ミトコンドリアが融合する様子（白矢印）や外膜が伸び出して激しく動く様子（赤矢印）などが見られる。



**岡田康志** (おかだ・やすし)

生命システム研究センター  
細胞動態計測コア  
細胞極性統御研究チーム  
チームリーダー

1968年、大阪府生まれ。医師、博士(医学)。東京大学大学院医学系研究科博士課程中退。東京大学医学部解剖学・細胞生物学教室助手を経て、2011年より現職。大阪大学大学院生命機能研究科招聘教授を併任。



た。軸索の中を大小さまざまな小胞が右へ左へと動いているのです。それらの動きに見入ってしまいました」

細胞内で物質が輸送されていることは、100年ほど前には提唱されていた。1980年代になって顕微鏡技術が大きく進むと、物質が毎秒1μmほどで細胞内を動いている様子が観察されるようになった。さらに1985年には、キネシンというタンパク質がトラックの役割をしていることが発見された。「私が大学に入学したのは1987年ですから、物質の輸送やキネシンはとてもホットな話題で、本格的な研究がこれから始まるという時期でした。私は、廣川研究室に入り、キネシンの研究を始めました」

キネシンは、ATP(アデノシン三リン酸)という化合物が加水分解するとき生じるエネルギーを使って動き、モータータンパク質とも呼ばれる。エネルギー源は分かっているものの、キネシンがどのような仕組みで動いているのかはよく分かっていなかった。また当時、物を輸送するモータータンパク質はキネシンと、それとは逆向きに動くダイニンの2種類だけで、どちらも2個の分子がペアになって二足歩行するように左右の足を交互に出して進むと考えられていた。しかし岡田TLは、引っ掛かりを感じていた。「さまざまな物質を運ばなければいけないのだから、モータータンパク質にはもっと種類があると考えの方が自然です。また、ペアをつくらず1個の分子で働くものもあっていいはず。しかし、誰も認めてくれませんでした。ならば、証拠を示すだけです」

そして、ついに1分子から成るキネシンを発見。岡田TLは、それが動く様子を見ようと考えた。ちょうど大阪大学の柳田敏雄教授(現QBiCセンター長)が分子1個を観察できる1分子イメージング技術を開発し、注目を集めていた。「手法を教わってやってみると、キネシンが1本足でふらふらと進む様子が見えたのです。その瞬間は今でも強く印象に残っています」。さらにX線結晶構造解析を行い、キネシンの動く仕組みを原子レベルで明らかにすることにも成功した。

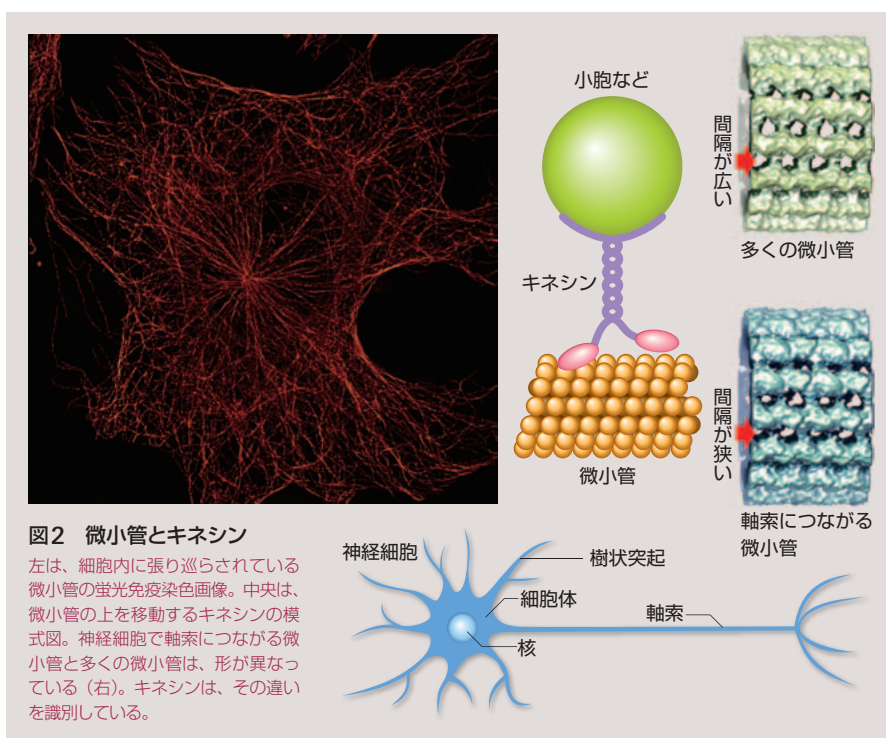
■ **キネシンが迷子にならない理由**

岡田TLは2011年、QBiCで細胞極性統御研究チームを立ち上げた。「キネシンが動く仕組みはかなり分かってきたの

で、キネシンから広げて物流システムをターゲットにすることにしました。生命システム研究センターですから、やはりシステムに注目すべきでしょう」

第一の課題は「キネシンは神経細胞の中で、なぜ迷子にならないのか?」である。「キネシンはただ物質を運ばばいいのではなく、軸索に運ぶべき物は軸索へ、樹状突起に運ぶべき物は樹状突起へと、物質を正しい目的地に運ばなければ、神経細胞は正常に機能しません。宅配便では、荷物には宛先ラベルが貼られていて、目的地までの道順は道路の案内標識やカーナビゲーションでわかります。細胞の物流システムにも、宛名ラベルや案内標識があるのでしょうか」

キネシンはヒトでは45種類あり、それ



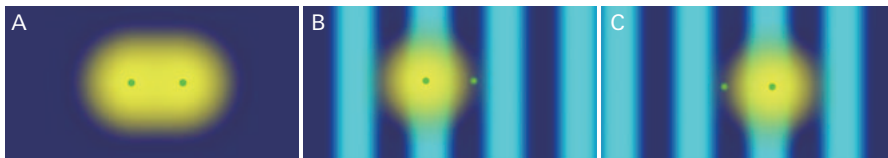


図3 構造化照明法の原理

2個の蛍光分子(緑の点)が回折限界より近接していると、円盤状に広がった像が重なってしまい識別できない(A)。縞模様の照明光を照射すると、照射した部分(水色)の蛍光分子だけが光る(B)。縞模様を動かすことで近接する2個の蛍光分子を区別することが可能となり(C)、縞模様と垂直な方向の空間分解能が向上する。縞模様の向きを変えると、全体の空間分解能を向上させることができる。

それぞれ違う物質を運ぶことが知られている。そこで、軸索に行くべき物質を運ぶキネシンと樹状突起に行くべき物質を運ぶキネシン、それぞれの遺伝子を改変して荷台部分を取り除き、蛍光タンパク質で標識して観察した。すると、キネシンは荷物を積んでいなくてもそれぞれ正しい目的地へ行くことが分かった。荷物に宛名ラベルが貼られているのではなく、キネシン自身が行き先を知っているのだ。

しかし、目的地を知っていても広い細胞の中では道に迷ってしまうのではないか。キネシンにとっての道路は、微小管だ。微小管は太さが25nmほどの細い管状のタンパク質で、キネシンはその表面を進んでいく(図2左・中)。微小管は細胞の中に無数に張り巡らされているため、その中から目的地までつながっている微小管を選ぶ必要がある。いくつかの実験の結果、軸索に行くキネシンは軸索につながっている微小管だけに付き、樹状突起に行くキネシンは樹状突起につながっている微小管だけに付くことが分かった。「軸索につながっている微小管と樹状突起につながっている微小管には何か違いがあるのではないかと考えました。そこで、電子顕微鏡で微小管を観察したところ、形が違っていることが分かりました(図2右)。キネシンは、その違いを見分けているのです」

キネシンは微小管の状態も見分けていた。「微小管は、常につくり替えられています。目的地につながっていても、古くて途中で壊れてしまいそうな道は通りたくないですね」と岡田TL。「電子顕微鏡で観察すると、新しい微小管と

古い微小管では形が違うことが分かりました。キネシンは、軸索と樹状突起のどちらにつながっているのかだけでなく、新しいか古いかを見分けることで、正しい目的地に確実に物質を運んでいるのです。つまり、道路自体が案内標識になっているのです」。岡田TLは、キネシンが足の右側の突起で微小管の形を識別していることも明らかにした。

■ 時間分解能も高い超解像顕微鏡

キネシンが神経細胞の中で迷子にならない理由が分かってきたが、「物流システムのほんの入り口に立っただけ」と岡田TLは言う。「電子顕微鏡は空間分解能が非常に高いですが、試料を薄くスライスして真空中で観察するため、見ているのは死んで干物のような細胞です。物流システムの理解には、生きている細胞で微小管の上をキネシンが動く様子を観察することが不可欠です」

しかし、それには回折限界という壁が立ちはだかっている。光学顕微鏡を使えば細胞を生きたまま観察できるが、光の波長の半分程度、つまり200nmくらい

が解像度の限界になる。これを回折限界といい、それより小さい構造を観察することはできない。キネシンは10nm、微小管は太さ約25nmだ。しかも微小管は回折限界以下の間隔で並んでいる。

「2000年ごろから回折限界を超えた空間分解能を達成する手法がいくつか提唱され、超解像顕微鏡が開発されました。今まで見るができなかった物が見える。夢の技術です。私も大きな期待を抱いて使ってみました。しかし、望んだ物は見えませんでした」

超解像顕微鏡の空間分解能は20nmに達しているのに、なぜ見えないのだろうか。「1枚の画像を撮るのに1秒以上かかるのです。キネシンは1秒間に1μm動くため、画像がにじんでしまいます。キネシンの観察には、空間分解能だけでなく、時間分解能も高い顕微鏡が必要です」。岡田TLは「なければ自分たちでつくるしかない」と、時間分解能が高い超解像顕微鏡の実現を目指し、オリンパス(株)との共同研究をスタートさせた。

超解像顕微鏡の手法には、蛍光分子局在化法、誘導放出制御法、構造化照

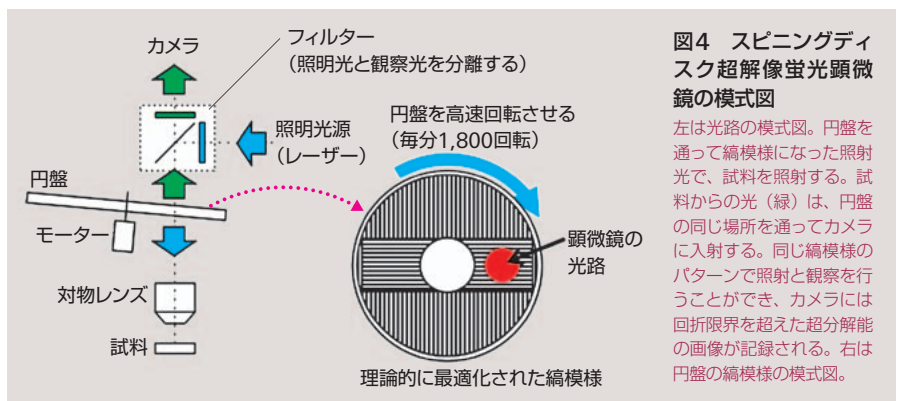
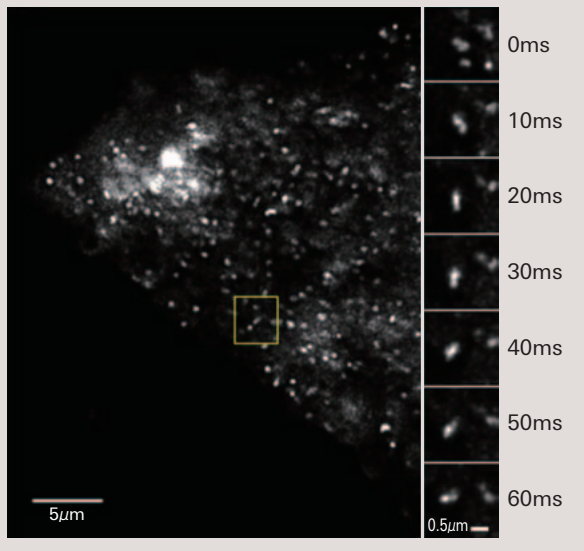


図4 スピニングディスク超解像蛍光顕微鏡の模式図

左は光路の模式図。円盤を通して縞模様になった照射光で、試料を照射する。試料からの光(緑)は、円盤の同じ場所を通してカメラに入射する。同じ縞模様のパターンで照射と観察を行うことができ、カメラには回折限界を超えた超分解能の画像が記録される。右は円盤の縞模様の模式図。

**図5 スピニングディスク超解像蛍光顕微鏡で観察したリサイクリング・エンドソームの動態**

左は全体像。右は全体像の黄色い四角部分の拡大で、100分の1秒（10ミリ秒）ごとに撮影した画像。小胞が融合して、時計回りに回転し、離れていく様子が分かる。



**関連情報**

●2015年4月15日プレスリリース  
シャッター速度世界一の超解像蛍光顕微鏡を開発

リサイクリング・エンドソームも観察。それは、細胞内外から回収されてきたタンパク質を、再利用するか廃棄するか仕分けする場所だ。100分の6秒という短い時間で、小胞が融合し、長細い形になって回転し、離れていく様子が捉えられた（図5）。回収されたタンパク質を受け取り、仕分けしているのだ。「これが見えるのは、私たちの顕微鏡だけ」と岡田TLは胸を張る。この超解像顕微鏡の発表後、多くの問い合わせがあるという。近く、製品化される予定だ。

**■ 大事なのは自分で見ること**

「残念ながら、私が本当に見たいキネシンが微小管の上を動く様子はまだ見えません。空間分解能のさらなる向上を目指した検討を始めています」と岡田TL。「時間分解能は1ミリ秒を目指します。そこまで到達すれば、たいいていの生物学的な反応を観察できるようになります」

「何事も自分で見ることが大事」と岡田TL。「偉い先生が言ったからとか、教科書に書いてあるからではなく、実際に起きていることを自分で見るべきです」。見たいのに見えない物があれば、自分で道具をつくる。「市販の顕微鏡そのままでは、ほかの人と同じ物しか見えません。要らない部品は外し、必要な部品を加えたりすることで、初めて見えない物が見えてくる。だから、私は顕微鏡を壊すことに抵抗がない（笑）」。時間分解能1ミリ秒、空間分解能10nmという究極の顕微鏡の開発はすでに始まっている。

（取材・執筆：鈴木志乃／フォトクリエイター）

明法がある。岡田TLが目じたのは、構造化照明法だ。試料に縞模様の照明光を照射して撮影する。蛍光分子のうち光を照射しているものだけが光るため、近接した蛍光分子を区別して捉えることができ、空間分解能が向上する（図3）。しかし、すべての蛍光分子を捉えるには、縞模様の位置や向きを変えながら10枚ほどの画像を撮影してコンピュータでの処理が必要なため、時間分解能は1秒程度が限界だった。

時間分解能を100倍向上させる方法はないかと思案していた岡田TLは、あるときひらめいた。「照明光の縞模様と同じ縞模様のパターンを通して試料を撮影すれば、画像は1枚でよく、コンピュータでの計算処理は不要。しかも、既存のスピニングディスク顕微鏡で使っている円盤の縞模様の間隔を狭くするだけでできる!」と。スピニングディスク顕微鏡は、共焦点顕微鏡の一種である。通常共焦点顕微鏡は試料を1点ずつ撮影していくが、スピニングディスク顕微鏡では縞模様の開口部を持つ円盤を高速回転させることで高速撮影を可能にしている。岡田TLは、縞模様の間隔を理論に沿って最適化した円盤を製作。「蛍光ビーズを用いて確認実験を行ったところ、空間分解能100nmを達成できていました。理論どおりです」と岡田TLは声を弾ませる。さらに、カメラを高感度なものに、照明を明るいレーザーに改良。

レーザー光が散乱されてできるスペックルと呼ばれる斑点状のノイズを除去する装置も改良した。そしてついに、時間分解能は世界一の100分の1秒（10ミリ秒）、空間分解能は100nmというスピニングディスク超解像蛍光顕微鏡の開発に成功した（図4）。

**■ 活発に動くミトコンドリア外膜を見た**

岡田TLは、超解像顕微鏡の実力を示すために、ミトコンドリアを観察した。ミトコンドリアは細菌が単細胞生物の中に取り込まれて定着したものだと考えられており、細菌の細胞膜だった内膜と、単細胞生物に取り込まれたときにできた外膜で覆われている。しかし従来の光学顕微鏡では内膜と外膜を区別して観察できない。今回開発した超解像顕微鏡で観察したところ、外膜の構造を詳細に捉えることに成功（図1）。しかも、外膜の一部が伸びたり、その先端が隣のミトコンドリアに接触したり、ちぎれたりする様子が見えた。「ミトコンドリアの外膜がこんなに活発に運動している様子は、誰も見たことがありませんでした」と岡田TL。ミトコンドリアは細胞のエネルギー工場とも呼ばれ、その動きが低下するとミトコンドリア病と総称されるさまざまな疾患を引き起こす。ミトコンドリアの動きを詳細に観察することで、ミトコンドリア病の原因や治療法の開発につながる可能性がある。

DNAの情報を、タンパク質を構成するアミノ酸に翻訳するルールである「遺伝暗号」は、地球上のあらゆる生物に共通だ。理研ライフサイエンス技術基盤研究センター 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）たちは2010年、大腸菌の遺伝暗号を改変して、非天然型である人工アミノ酸を自在にタンパク質に組み込む技術を開発することに成功した。さらに2015年、人工アミノ酸を組み込んだタンパク質の生産量を大幅に向上させる技術改良に成功し、産業界での実用化へ道を開いた。坂本TLたちはその技術を駆使して、タンパク質の多様性を大きく広げようとしている。

# 遺伝暗号を改変して タンパク質の多様性を広げる

■ 20種類のアミノ酸を指定する遺伝暗号  
「中学生のころから生物の進化に興味がありました」と坂本TLは振り返る。

進化では、親から子へと世代交代を繰り返す中で性質が変化して、多種多様な生物種に分化してきた。「世代交代で親

から子に伝わるのは、DNAに書かれた情報だけです。その情報をもとにタンパク質が合成され、子の体がつくられていきます。DNAとタンパク質を関係づけているのが遺伝暗号です」

DNAにはA（アデニン）・T（チミン）・G（グアニン）・C（シトシン）という4種類の塩基が並んでいて、その一部にタンパク質をつくる情報が書かれた遺伝子がある。遺伝子領域に並んだ塩基3個1組が、特定のアミノ酸に翻訳される。その塩基3個1組を「コドン」と呼び、例えばAGGはアルギニンを指定する。コドンが指定するアミノ酸がつながった鎖が立体的に折り畳まれたものが、タンパク質となる。

タンパク質を構成する天然のアミノ酸は20種類だが、コドンは64種類ある。そのうち61種類のコドンが20種類のアミノ酸を指定し（同一のアミノ酸を1～6種類のコドンが指定している）、残りの3種類はタンパク質の合成を終わらせる「終止コドン」となっている（図1）。

コドンをアミノ酸に翻訳するルールである「遺伝暗号」は、基本的にはあらゆる生物で共通だ。「それが、地球上の生物が共通の祖先から進化したと考える根拠の一つになっています。ヒトの遺伝子を大腸菌に組み込んでヒトのタンパク質を合成することができるのも、ヒトと大腸菌で遺伝暗号が共通だからです」

## ■ 遺伝暗号の改変に成功！

タンパク質の種類は、ヒトでは約10万種類といわれている。タンパク質は、筋肉や皮膚、骨など体の構造をつくると

遺伝暗号

TTT	Phe フェニルアラニン	TCT		TAT	Tyr チロシン	TGT	Cys システイン
TTC		TCC	Ser セリン	TAC		TGC	
TTA		TCA		TAA	終止コドン	TGA	終止コドン
TTG		TCG	TAG	TGG		Trp トリプトファン	
CTT	Leu ロイシン	CCT	Pro プロリン	CAT	His ヒスチジン	CGT	Arg アルギニン
CTC		CCC		CAA	Gln グルタミン	CGC	
CTA		CCA		CAG		CGA	
CTG		CCG				CGG	
ATT	Ile イソロイシン	ACT	Thr トレオニン	AAT	Asn アスパラギン	AGT	Ser セリン
ATC		ACC		AAC		AGC	
ATA		ACA		AAA	Lys リシン	AGA	Arg アルギニン
ATG		ACG		AAG		AGG	
GTT	Val バリン	GCT	Ala アラニン	GAT	Asp アスパラギン酸	GGT	Gly グリシン
GTC		GCC		GAC		GGC	
GTA		GCA		GAA	Glu グルタミン酸	GGA	
GTG		GCG		GAG		GGG	

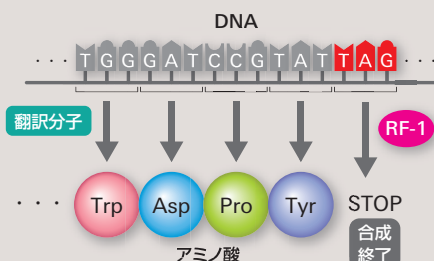


図1 遺伝暗号とタンパク質の合成  
遺伝暗号に従って、翻訳分子（tRNA：トランスファーRNA、aaRS：アミノアシルtRNA合成酵素）がDNAの情報をアミノ酸に翻訳していき、RF-1が終止コドンTAGを認識して合成を終了させる。こうして合成されたアミノ酸の連なりが立体的に折り畳まれてタンパク質ができる。



### 坂本健作 (さかもと・けんさく)

ライフサイエンス技術基盤研究センター  
構造・合成生物学部門 生命分子制御研究グループ  
グループディレクター  
非天然型アミノ酸技術研究チーム  
チームリーダー

1964年、大阪府生まれ。博士（理学）。  
東京大学大学院理学系研究科博士課程中退。  
筑波大学大学院 助手、東京大学大学院  
助手などを経て、2004年、理研ゲノム  
科学総合研究センター タンパク質合成  
技術高度化チーム チームリーダー。  
2013年より現職。



ともに、さまざまな化学反応を促進する酵素や、インスリンなどのホルモン、特定の異物に結合して攻撃する抗体など、多様な機能を持つ。

天然の20種類に加えて、新たに人工アミノ酸をタンパク質に組み込むことができれば、タンパク質の機能の多様性をさらに大きく広げることができるだろう。「遺伝暗号には人工アミノ酸を組み込むための余裕があります」と坂本TLは指摘する。「コドンは64種類ありますが、20種類のアミノ酸と終止の指定ならば、21種類のコドンで済みます。残りの43種類のコドンは人工アミノ酸の指定に使えるはずです」

しかし、遺伝暗号のルールを改変することは難しいと考えられてきた。DNAの二重らせん構造の発見者の一人であるフランシス・クリック博士は、「遺伝暗号の改変は、生物にとって致命的な結果になる」と1960年代に述べている。

だが1980年代になると、名古屋大学の澤省三教授たちが、コドンの意味をいったん消し去った後に新たな意味を与えることで、遺伝暗号を改変できるという理論を提唱した。

そして2010年、坂本TLたちは実験により大腸菌の1種類のコドンの意味を完全に改変することに、世界で初めて成功した(図2)。「生物の進化史において、遺伝暗号は確立された後、30億年以上、基本的には変わらずに受け継がれてきたと考えられます。私たちは、その不変のルールを改変することに成功したのです。世界に先駆けて成功したポイントは、改変を必要最小限にしたことです」

と坂本TLは説明する。

そのために、まず大腸菌の増殖に必須の遺伝子の中で、できるだけ登場しないコドンを探した。それが、三つある終止コドンの一つTAGだった。「TAGは、わずか7種類の必須遺伝子で使われているだけです。そのTAGをあらかじめ別の終止コドンであるTAAに変えておくことが、ポイントです」

TAGを認識してタンパク質合成を止めるのは、RF-1という分子だ。「次に、RF-1を取り除くことで、TAGの終止コドンとしての意味をいったん消し去りました。終止コドンにはほかにTAAとTGAがありますが、それらは別の分子RF-2が認識して働くので、意味を失いません。そしてTAGを認識して人工アミノ酸に翻訳する分子を導入することで、TAGに新たな意味を与えました」

7個の必須遺伝子では、アミノ酸への翻訳がTAGと入れ替えたTAAで止まり、タンパク質が正しく合成されるため、大腸菌は増殖することができる。

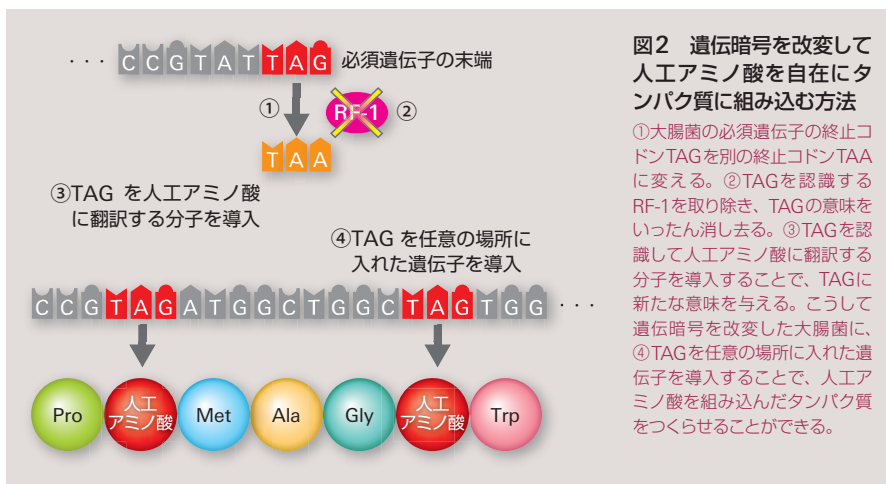
その大腸菌に、任意の箇所に新たな意味を与えたTAGを入れた遺伝子を導入することで、人工アミノ酸を自在に組み込んだタンパク質を生産させることができる。

### ■ 生産量を5倍に向上

人工アミノ酸を組み込んだタンパク質をつくる従来の手法には、大腸菌からRFを取り除かないまま、終止コドンに人工アミノ酸に翻訳する分子を導入するというものがある。しかし、その翻訳分子とRFが終止コドンの認識で競合するので、RFが先に働けばタンパク質の合成が途中で止まってしまう。そのため、人工アミノ酸に翻訳される確率が低いという課題があった。

1種類の天然アミノ酸をすべて人工アミノ酸に置き換える手法もある。しかしその天然アミノ酸は使えなくなってしまうので、タンパク質の合成に使えるアミノ酸の種類が増えるわけではない。

坂本TLたちの手法は、20種類の天



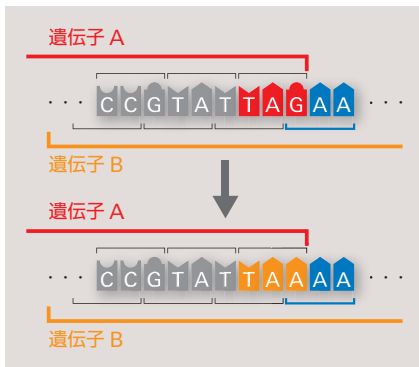


図3 重複する遺伝子領域を変更したときの影響

上のように遺伝子の領域が重複している場合、遺伝子Aの終止コドンTAGをTAAに変更すると、遺伝子Bでは、アミノ酸を指定するコドンGAA（グルタミン酸）がAAA（リジン）になってしまう。

然アミノ酸に加えて、1種類の人工アミノ酸を一つのタンパク質に何ヶ所でも自在に組み込むことができるため、従来手法よりもタンパク質の機能を拡大できる可能性が格段に広がるはずだ。

「ただし2010年時点の私たちの手法では、大腸菌の増殖力が弱く、タンパク質の生産量が少ないという課題がありました。例えば、バイオ医薬品をつくる場合、化学合成された物質のみでつくられた、成分が明らかな培地で大腸菌を育てて、タンパク質を生産します。そのような培地は栄養に乏しく、遺伝暗号を改変した大腸菌は、ほとんど増殖できませんでした」

大腸菌では、約300の遺伝子でTAGが終止コドンとして使われている。2010年の手法では、7種類の必須遺伝子以外の遺伝子のTAGはTAAに変えていない。RF-1を取り除いたため、それらの遺伝子ではTAGで合成が終了せずアミノ酸が長く連なった鎖となり、そうしてできた異常タンパク質の影響で大腸菌の増殖力が弱まったと考えられる。

それでは約300の遺伝子すべてについて、TAGをTAAに変えれば、増殖力の問題を解決できるのだろうか。「2013年、米国ハーバード大学の研究者たちが、そのような大腸菌をつくり出しました。しかし増殖力はあまり高くならなかったそうです。私はその論文を読み、遺伝子領域の重複が原因かもしれないと考えました」

DNA上で、遺伝子Aと遺伝子Bの領域が重複していて、遺伝子AではTAGが終止コドンだが、遺伝子Bにとっては、

特定のアミノ酸のコドンの一部になっている場合がある(図3)。「TAGをTAAに変えることで遺伝子Bのアミノ酸の種類が変わってしまい、それが増殖力に悪影響を及ぼしている可能性がある」と推測したのです」

では、どうすれば増殖力が弱いという問題を解決できるのか。「私たちが2010年にTAGをTAAに変えた7種類は、最適な条件で増殖するとき必須の遺伝子です。それに加え、高温や低温、栄養に乏しい培地など、さまざまな条件に適応して増殖するために必要な遺伝子を95種類選り出し、それらもTAGをTAAに変えるとともに、遺伝子重複を考慮して影響が出ないように塩基配列を改変しました」。こうして坂本TLたちが2015年につくり出した大腸菌は、さまざまな条件に適応して増殖することができ、2010年のものよりもタンパク質の生産量が5倍も向上した。

### ■ 人工アミノ酸で

#### 丈夫なタンパク質を作製

人工アミノ酸を自在に組み込むことで、タンパク質にどのような機能を加えることができるのか。

坂本TLたちは、人工アミノ酸を組み込むことでタンパク質を安定化させる技術の開発に成功した。タンパク質は、その立体構造によって特定の分子に結合して機能を発揮する。しかし熱などによって構造が崩れると機能を失ってしまう。酵素などのタンパク質を工業で利用する際、構造の安定化が強く望まれる。

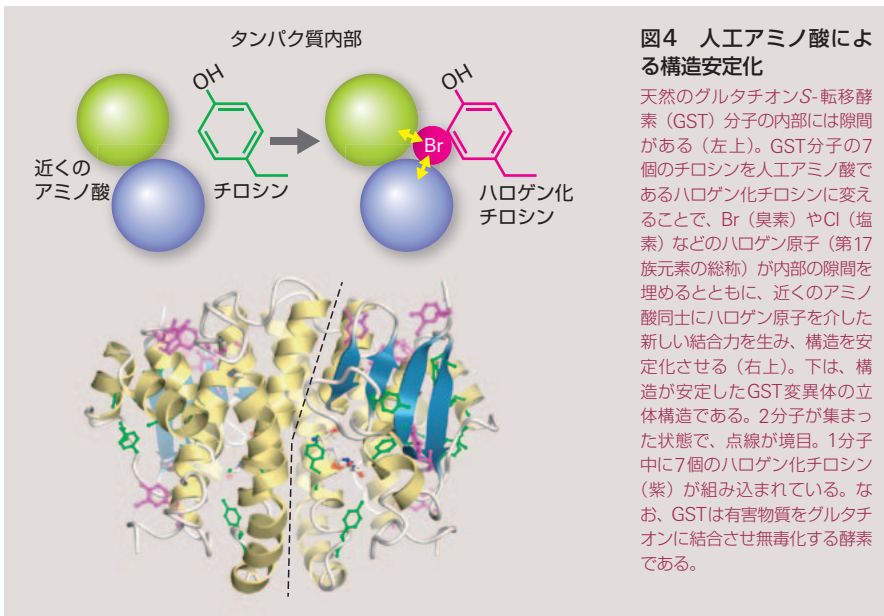
坂本TLたちは、グルタチオンS-転移

酵素（GST）を例に、人工アミノ酸を組み込み安定化させる実験を行った。GSTの1分子にはチロシンが15個含まれる。そのうちの特定の7個をハロゲン化チロシンという人工アミノ酸に変えた。天然のチロシンに比べて、ハロゲン化チロシンはサイズが少し大きい。7個のハロゲン化チロシンが、GST分子の内部にある隙間を埋めるとともに、近くのアミノ酸同士に新しい結合力を生み、構造を安定化させたと考えられる(図4右上)。「特定箇所の天然アミノ酸を、少しだけサイズの大きな人工アミノ酸に変えることで構造を安定化させるこの手法は、ほかのタンパク質でも有効なことを確かめました」

### ■ 環境に応じて働くタンパク質

人工アミノ酸を自在に組み込むことができる坂本TLたちの手法には、製薬業界をはじめさまざまな分野の産業界から大きな関心が寄せられている。

「抗体に薬剤を結合させて、がん細胞だけを狙って攻撃する、副作用の少ない抗体医薬の開発が進んでいます。バイオ医薬品の世界では、そのようにタンパク質に化合物を結合させることで、天然のタンパク質だけでは実現できない機能を生み出そうとしています。私たちは、化学反応性を高めるアジド基(-N<sub>3</sub>)を持つ人工アミノ酸を、抗体の一部(Fab分子)に組み込むことに成功しました。こうすることで、抗体にさまざまな薬剤を結合させることが容易になります。センサー機能を持つ化合物を結合させれば、「環境に応じて働くタンパ



**図4 人工アミノ酸による構造安定化**

天然のグルタチオンS-転移酵素 (GST) 分子の内部には隙間がある (左上)。GST分子の7個のチロシンを人工アミノ酸であるハロゲン化チロシンに変えることで、Br (臭素) やCl (塩素) などのハロゲン原子 (第17族元素の総称) が内部の隙間を埋めるとともに、近くのアミノ酸同士にハロゲン原子を介した新しい結合力を生み、構造を安定化させる (右上)。下は、構造が安定したGST変異体の立体構造である。2分子が集まった状態で、点線が境目。1分子中に7個のハロゲン化チロシン (紫) が組み込まれている。なお、GSTは有害物質をグルタチオンに結合させ無毒化する酵素である。

**関連情報**

- 2015年5月26日プレスリリース  
新規アミノ酸を用いた酵素の安定化技術を開発
- 2015年5月18日プレスリリース  
DNA情報の変換ルールを人為的に改変

伝暗号を改変した大腸菌を人為的に進化させると何が起きるのか、実験を始めています。それによりタンパク質の新しい基本構造を生み出すことができるかもしれません」

坂本TLは、「生物がつくり出す多様性は創造的で、役に立つものが多い」と指摘する。「例えば創薬において、微生物がつくり出す多様な化合物には薬になるものが多いのですが、人がランダムにつくり出した化合物で薬になるものはごくわずかです。ランダムと多様性は異なるのです」

生物進化をまねて、たくさんの解の候補から条件に合うものを選択し、それらを組み換えたり変異を起こしたりして候補を増やし、さらに絞り込む。この操作を繰り返して問題を解く「遺伝的アルゴリズム」という計算手法がある。

「遺伝的アルゴリズムでも、解の候補がランダムなものでは駄目だそうです。そして候補を絞り込むとき、一番良さそうなものだけを選ぶと、さらに良い解に進化させることが難しくなり、わざと悪いものも残した方が優れた解に進化する場合があるそうです。生物進化は、創造的な多様性を生み出してきました。しかし、創造的な多様性とは何か、それをうまく定義できていません。創造的な多様性をどうすれば生み出すことができるのかも、よく分かっていません。私はそのような生物進化の謎を念頭に置いて、遺伝暗号を改変した大腸菌を人為的に進化させ、タンパク質の多様性を広げる実験を進めています」

(取材・執筆：立山 晃/フォトンクリエイト)

ク質”のような新たな応用も可能になります」

糖尿病では、血糖値に応じてインスリンを注射する必要がある。血糖値のセンサーをインスリンに結合して、血糖値に応じてインスリンが活性化できるようにできれば、利便性が高く効果が高い薬になるだろう。また、酵素に周囲の環境を捉えるセンサーを結合して、ある条件のときにだけ活性化させることができれば、さまざまな工業分野で役立つはずだ。

**■ タンパク質の**

**新しい基本構造をつくり出す**

坂本TLたちは、2種類目の人工アミノ酸を組み込む研究も進めている。「アルギニンを指定するコドンは6種類もあります。そのうちの一つ、AGGを2種類目の人工アミノ酸のコドンに改変した大腸菌を作製しました。いったんコドンの意味を消し去ってから、新たな意味を与えるという改変の原理は、2010年と同じです。アミノ酸を指定するコドンを改変すると、その影響は終止コドンの改変より大きく出ますが、それは技術的な問題で、いずれ解決できると思います」

2種類の人工アミノ酸を組み込むことができれば、例えば1種類目でタンパク質の安定化を行い、2種類目をセンサー結合の足場にすることで、“環境に応じて働く丈夫なタンパク質”をつくること

ができるだろう。

「技術的なハードルは高いでしょうが、私たちが実証した改変原理により、遺伝暗号の余裕分である43種類のコドンを改変して、43種類の人工アミノ酸を組み込んだタンパク質をつくるのが、いざれできるようになるはずですよ」

坂本TLたちは、新しい研究テーマに挑み始めている。「20種類の天然アミノ酸が繋がった鎖が折り畳まれて、 $\alpha$ ヘリックスや $\beta$ シートと呼ばれる基本構造ができ、それらが組み合わせられてタンパク質の立体構造がつくれます。人工アミノ酸を加えることで、従来とは異なる基本構造をつくることができるでしょう。タンパク質はサイズが大きい分子なので、よりコンパクトで有用な機能を持つ分子の設計に役立つ、基本構造をつくり出したいと思います。タンパク質の多様性を広げるための基盤を築きたいのです」

**■ 改変した大腸菌を進化させ**

**創造的な多様性を生み出す**

どのような方法でタンパク質の新しい基本構造をつくり出すのか。「20種類のアミノ酸を指定する遺伝暗号を受け継いで進化することで、多種多様な生物種が生み出されてきました。遺伝暗号を改変した大腸菌は、それとは違った形で進化する可能性があります。私たちは、遺

スーパーコンピュータ (スパコン) の性能を評価するTOP500において2011年に世界1位を獲得した理研の「京」は、現在でも、実際のアプリケーションの実効性能で世界トップレベルを維持し続けている。理研計算科学研究機構 (AICS) システム運転技術チームの宇野篤也チームヘッド (TH) は、「京」の設計段階から携わり、2012年の共用開始から運用・維持管理を担当するとともに、管理運用の高度化に関する研究開発を行っている。「京」を支える取り組みについて宇野THに聞いた。

## 「京」を支える裏方さん

システム運転技術チーム 宇野篤也チームヘッドに聞く

### ■ TOP500世界1位だけが「京」の開発目標ではなかった

——「京」は、複数のスパコンの国際的な性能評価ランキングにおいて、世界1~2位を獲得し続けています。

宇野:「京」はTOP500というランキング (年2回発表) で、2011年の6月と11月に世界1位に輝きました。その課題は足し算や掛け算などの演算を中心にしたもので、ハードウェアの最高性能を出しやすいものです。現在、「京」はTOP500では世界4位です。

しかし、スパコンの利用者にとっては、実際の科学技術計算で使われるアプリケーションプログラムが、どれだけ速く実行できるの方がより重要です。そのような実際のアプリケーションの実効性能を競う新しい性能評価も始まりました。

その一つがHPCチャレンジ賞 (年1回) です。スーパーコンピュータを多角的かつ総合的に評価するために28項目の性能を測定するのがHPCチャレンジベンチマークですが、その中の最も重要な4項目がHPCチャレンジ賞の対象になっています。「京」は2011年に全4項目で1位を獲得し、2014年も2項

目で1位 (残り2項目は2位) となっており、総合的な性能でも世界のトップレベルにあることが分かります。

またHPCGというランキング (年2回) では、産業利用などのアプリケーションでよく使われる計算手法 (共役勾配法) の処理速度を競います。「京」は2014年11月、2015年6月および11月に2位でしたが、いずれも1位とは僅差でした。

近年、さまざまな分野でビッグデータ解析が注目されています。ビッグデータ解析に必要な課題 (グラフ処理の幅優先探索問題) を競うGraph500 (年2回) では、2014年6月と2015年7月および11月に世界1位に輝きました。

——「京」が世界トップレベルの実効性能を維持できている理由は何ですか。

宇野: その要因の大部分は、「京」のハードウェアの仕様にあると思います。「京」の設計段階で、ナノテクノロジー分野およびライフサイエンス分野のグランドチャレンジ<sup>\*1</sup>アプリケーションと、さまざまな分野の代表的アプリケーション21本を選び、どれくらいの性能が出るのか予測を行い「京」の仕様が決められました。その後、戦略的に取り組むべき五つの研究分野が定められ、「京」の開発と並行してアプリケーションの開発が行われました。「予測する生命科学・医療および創薬基盤」「新物質・エネルギー創成」「防災・減災に資する地球変動予測」「次世代ものづくり」「物質と宇宙の起源と構造」の5分野です。TOP500で世界1位を獲得することだけが目的であれば、特定の処理で高い性能を引き出せる「アクセラレータ」というプロセッサを搭載する選択肢もあります。「京」ではそうせず、さまざまなアプリケーションで高い性能を出すことを目指し、汎用性の高いスカラ型システムを採用しました。——「京」は、故障に強い工夫もされているそうですね。

宇野: 独立したコンピュータとして機能する単位を「ノード」と呼びます。「京」にはノードが8万2944個あり、それぞれをつないで処理を分担することで、高速に計算することができます。たくさんのノードが分担して計算するためには、ノード間



図1 「京」のノード間をつなぐネットワークの概念模型

複数の迂回路を設けた「6次元メッシュ/トラス構造ネットワーク (Tofu)」により、あるノードが故障しても運用を継続できるとともに、ジョブ単位で最適なノード構成を組むことができる。

## 宇野篤也 (うの・あつや)

計算科学研究機構  
システム運転技術チーム チームヘッド

1972年、岡山県生まれ。博士(工学)。筑波大学大学院博士課程修了。2000年より地球シミュレータ研究開発センターにて「地球シミュレータ」の研究開発に従事。2002年から海洋科学技術センター(現 海洋研究開発機構)地球シミュレータセンターにて「地球シミュレータ」の運用を担当した後、2007年より理研次世代スーパーコンピュータ開発実施本部にて「京」の運用ソフトウェア関連の研究開発に携わる。理研計算科学研究機構開発研究員を経て、2014年4月より現職。



でデータをやりとりする必要があります。もし隣り合うノード間しかつながっていないと、通信経路にあるノードが故障した場合、離れたノード間の通信ができなくなってしまいます。「京」では、ノード間を複数の通信経路でつないだ独自のネットワークにより、たとえあるノードが故障しても、そのノードを迂回してネットワークを構成することができます(図1)。

### ■ コンパイラやライブラリの改良を積み重ねる

——「京」のハードウェアが完成した後も、ソフトウェアの改良による性能向上が図られていますね。

宇野：それぞれの計算プログラムを工夫することで処理を高速化することができます。例えば、AICSの丸山直也チームリーダー(TL)たちは、Graph500の課題を解くために計算のやり方を工夫することで、前々回(2014年11月)よりも2倍近い性能向上を実現して、2015年7月に世界1位を奪還しました(『理研ニュース』2015年11月号「研究最前線」参照)。

計算プログラムだけでなく、「コンパイラ」も性能向上に重要です。コンピュータの計算プログラムは、C言語やFORTRAN(フォートラン)などの人間が理解できるプログラム言語で書きます。それを、コンピュータが理解できる言葉に「翻訳」と同時に、コンピュータが高速に計算できるように演算の順番を最適化するソフトウェアがコンパイラです。「京」向けに最適化されたコンパイラを使ってプログラムをつくると、処理速度が2割向上するケースもあります。

計算プログラムには、よく使う定型的な処理があります。ノード間の通信や、表計算ソフトにもあるsinやcosなどの関数です。そのようなよく使う処理については、利用者がその都度プログラムを書かなくて済むように、「ライブラリ」というソフトウェア群があらかじめ用意されています。「京」のハードウェアに適したライブラリを追加したり改良したりすることで、処理速度を向上させることができます。例えば、「京」のノード間の通信を処理するMPIライブラリを改良することで、最大で約4倍も性能を向上させることができました(図2)。

コンパイラやライブラリを実際に作成するのはメーカーです。計算プログラムを実行するとき、どの部分でどれくらい時間がかかったのかといった詳細なレポートを取ることがで

きます。私たちは、それを分析してメーカーと共同でコンパイラやライブラリの改良を行っています。

### ■ システム利用率70~80%を実現

——「京」の運用・維持管理も担当されていますね。

宇野：いくら性能を向上させても、できるだけ多くのユーザーが「京」を利用できるようにしなければ意味がありません。共用を開始した当初のシステムの利用率は平均で40~50%でしたが、今では70~80%まで改善しています(図3)。

——どのような方法で、利用率を高めたのですか。

宇野：「京」では、一つのジョブで8万2944ノードすべてを専有して計算を行う場合もありますが、数百とか数千ノードを割り当てたジョブが複数、同時並行で実行される場合がほとんどです。

それぞれのジョブで使用するノード数と時間をあらかじめ申請してもらい、それをもとに、スケジューラというプログラムでノードを割り当てていきます。ノード間通信の経路にほかのジョブのノードが入ってしまうと、ノイズとなって通信性能が低下する要因となります。「京」では、迂回路も使って一筆書きの要領で通信経路が隣接した計算ノードを割り当てます。このようにノードを割り当てることで、通信効率を最適化してジョブの実効性能を高めています。

また、それぞれのジョブに最適なノードを割り当て、でき

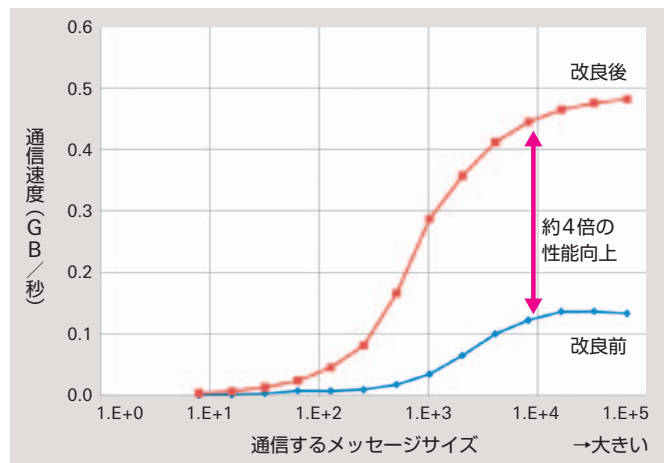


図2 ノード間通信を行うMPIライブラリの改良効果

改良前に比べ、メッセージサイズ10kBで約4倍の性能向上を実現できた。

図3 「京」のシステム利用率の推移

共用開始当初、40～50%だった利用率を、70～80%に引き上げることに成功している。なお、棒グラフは各月に使用された計算資源量（ノード数×時間）を示し、各ジョブで使用したノード数別に色分けされている。例えば、オレンジは3万6864～8万2944ノードを使用した大きなジョブを示す。

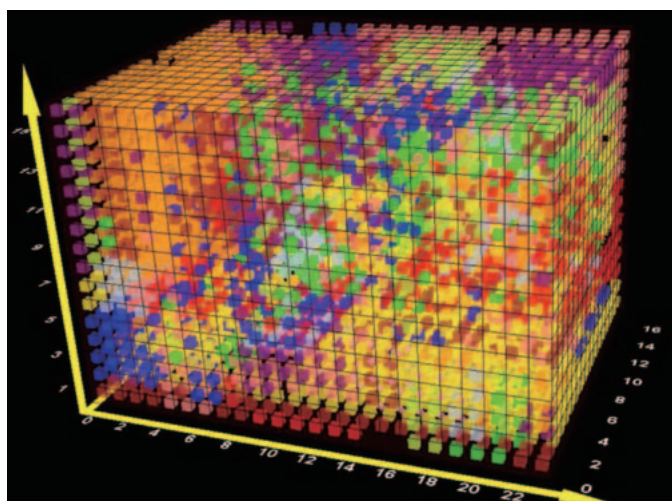
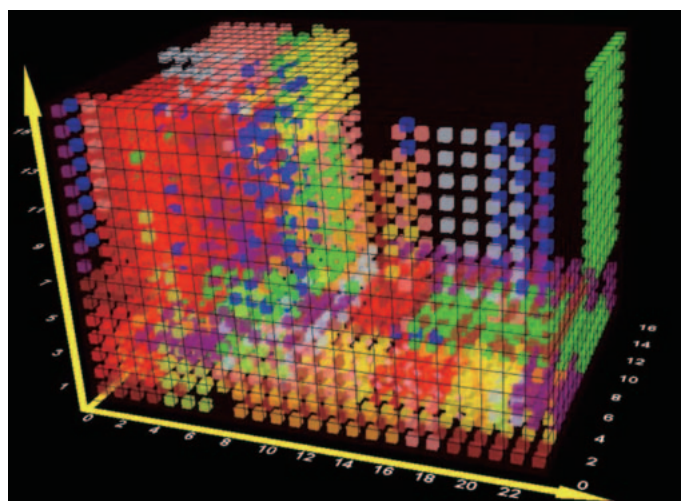
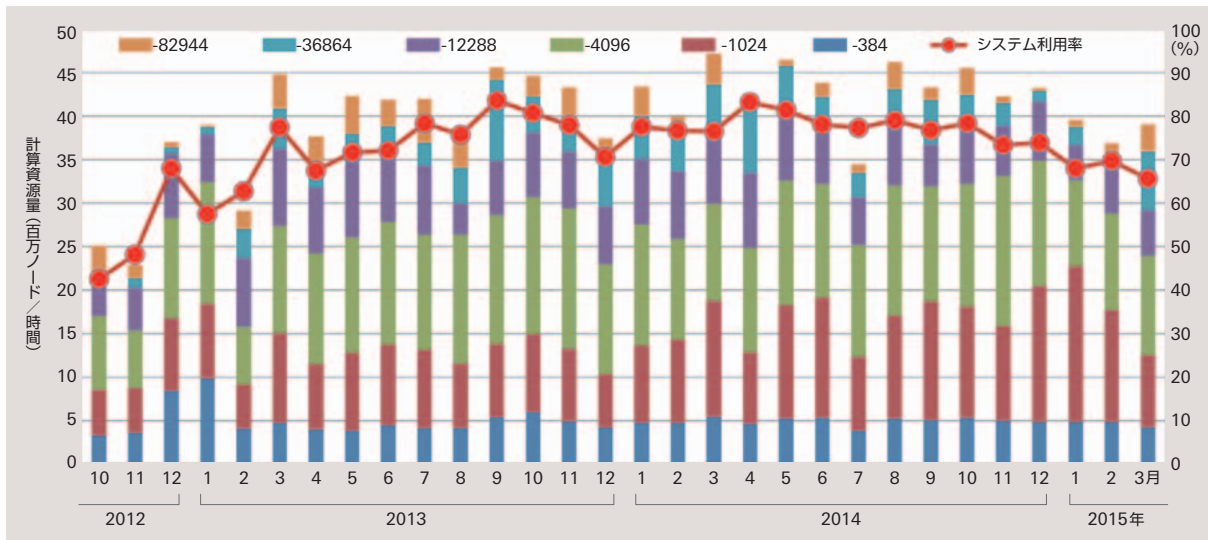


図4 「京」のシステム利用状況

ある時点で使用されているノードをジョブごとに色分けして表示している。左は利用率が低く、右は高い例。

るだけ多くのジョブを同時に走らせてシステム全体の利用率を高める必要もあります。具体的には、時間軸も入れた4次元の容器に、さまざまな大きさのジョブをできるだけ隙間なく詰めていくような作業です(図4)。

実際に運用を始めてみると、私たちの想定とは違い、少ないノード数で処理時間が長いジョブが数多く申請されました。そのため、時間軸方向に長細い釘のようなジョブが虫食いのように散在するという状況になりました。その結果、大きいジョブを効率よく詰めることが難しくなり、システム利用率が40～50%と低くなってしまったのです。そこで、散在していた釘のようなジョブを1ヶ所に集めるようにスケジューラを改良しました。それにより大きなジョブも詰めやすくなり、利用率を一気に70～80%にまで高めることができたのです。

### ■ ポスト「京」に向けて

——宇野THは、2002年6月から2004年6月まで5期連続でTOP500の世界1位を獲得した「地球シミュレータ」(海洋研究開発機構)の運用も担当されたそうですね。

宇野: 学位取得後、縁あって2000年から「地球シミュレータ」に携わることになりました。設計が終わり、建物やハードウエ

アの製作が行われていた段階でした。2002年の運用開始後は、運用関連を担当しました。その経験を生かすことができればと、「京」には設計段階から参加させていただきました。

「地球シミュレータ」と「京」は共に、TOP500世界1位やゴードン・ベル賞<sup>※2</sup>を獲得しました。そのような世界トップのスパコンに2度も携われたことは、とても恵まれていると思います。

現在、「京」の計算速度を大きく超えるポスト「京」の開発が2020年の完成を目指して進められています。「地球シミュレータ」や「京」での経験を生かして、科学技術計算で実際に使われるアプリケーションが、ポスト「京」でも世界最高レベルの実効性能を出せるよう全力を尽くすつもりです。

(取材・構成: 立山 晃/フotonクリエイト)

- ※1 グランドチャレンジ: 「京」のようなスーパーコンピュータにしか解けない問題を、国家プロジェクトで解こうという取り組み。文部科学省の委託事業として2006年度から進められた。
- ※2 ゴードン・ベル賞: 並列計算機を実用的な科学技術計算に応用し、科学的成果を含め優れた成果を出した研究グループに与えられる賞。「京」は、2011年と2012年に受賞している。

## インターンに聞く！ RIKENってどんなところ？

理研には、サイエンティストを目指す国内外の学生を「インターンシップ」として受け入れる制度があり、若手を対象とした国際的な頭脳交流にも力を入れています。

この夏、ライフサイエンス技術基盤研究センター（CLST）機能性ゲノム解析部門（横浜地区）は、米国、英国、カナダ、ロシア、トルコから合わせて7人のインターンを受け入れました。9月の帰国を前に、ピエロ・カルニンチ部門長（CLST副センター長）とメンター役の<sup>みの</sup>蓑田亜希子ユニットリーダーが聞き手となって、インターンに理研での生活を振り返ってもらいました。

### Q：理研をインターンシップ先に選んだ理由は？

**A：**論文を読んで興味のあるトピックを選ぶことから始めたところ、FANTOM<sup>※1</sup>やCAGE<sup>※2</sup>などに興味を持ち、カルニンチ先生のもとで学びたいと思い、来日しました。

**A：**私は、在籍するトロント大学が理研と学生交換のプログラムを結んでいたのを知りました。競争率は非常に高かったです。

### Q：理研でのインターンシップはどうでしたか？

**A：**最初のガイダンスのプレゼン資料が文字でいっぱい、読むのが大変でした（笑）

**A：**住居など基本的なサポートがあるのはありがたいです。数ヶ月であっても一人で生活するのはかなり大変ですから。



**A：**アイデアを持ち寄って議論し合える雰囲気は非常に良いです。大学ではこういう場がなく、大変勉強になりました。

### Q：インターンシップで得られたものはありましたか？

**A：**たくさんの知り合いができたことです。いろいろな場所に知り合いがいると、これからの活動に役立つと思います。

**A：**研究員だけでなく、技術者などさまざまな人と話すことができ、多様なキャリアパスを知ることができました。

**A：**これほど国際化されている研究環境が、北米以外にもあることに大変驚いています。今後の選択肢が広がりました。

※1 FANTOM：Functional Annotation of the Mammalian Genomeの略。理研が主導する国際コンソーシアム。

※2 CAGE：Cap Analysis Gene Expressionの略。理研が独自に開発した遺伝子解析手法。

## 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

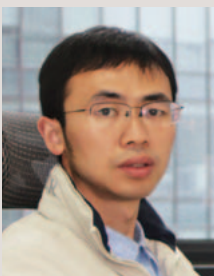
### 創発物性科学研究センター



創発光物性研究ユニット  
ユニットリーダー

**小川直毅** おがわ・なおき

①1976年 ②岐阜県 ③東京大学大学院工学系研究科物理工学専攻博士課程 ④カリフォルニア大学（米国）、東大先端科学技術研究センター、理研基幹研究所、理研創発物性科学研究センター ⑤光による物性制御 ⑥自作による精密計測 ⑦バレーボール



計算物質機能研究ユニット  
ユニットリーダー

**XU Yong** ス・ヨン

①1983年 ②中国 ③精華大学物性物理博士課程（中国） ④マックス・プランク協会フリッツ・ハーバー研究所（ドイツ）、スタンフォード大学（米国） ⑤第一原理密度汎関数理論に基づく計算による異常量子効果、新奇物性の解明と予言 ⑦バドミントン、水泳、旅行、読書など

### 統合生命医科学研究センター



自然免疫システム研究チーム  
チームリーダー

**茂呂和世** もろ・かずよ

①1976年 ②栃木県 ③慶應義塾大学医学部大学院単位取得満期退学 ④慶應義塾大学医学部、横浜市立大学生命医科学研究科、JSTさきがけ、理研統合生命医科学研究センター ⑤自然リンパ球ILC2の機能解析 ⑥何事も楽しむ ⑦熱帯魚

### 准主任研究員研究室



Yoo 生理遺伝学研究室  
准主任研究員

**Yoo Sa Kan** ユ・サガン

①1982年 ②大阪府 ③ウィスコンシン大学マディソン校（米国） ④カリフォルニア大学バークレー校（米国） ⑤傷やがんが、個体に影響を与えるメカニズム ⑥No risk, no gain ⑦パラグライディング

## 水の中からこんにちは

宮崎裕輔 みやざき・ゆうすけ

和光事業所 研究支援部 総務課

皆さんはゲンゴロウという昆虫をご存じでしょうか。日本全国に生息する水生昆虫ですが、その親しみのある名前とは裏腹に実物を見たことはないという方が多いかと思えます。小さなころからさまざまな生き物に興味を抱いていた私は、小学校3年生のころに祖母がデパートで買ってきてくれたゲンゴロウになぜだかとても心を奪われてしまいました。いつかは自分で採集し飼育してみたい。ただ、ゲンゴロウの採集は予想以上に難しく、その願いをかなえられたのは大学生になってからでした。

近年、護岸工事や宅地開発などによる生息地の消滅、農薬、水質汚染、ため池におけるブラックバスやザリガニの放流などが原因で、今ではゲンゴロウ科に属するほとんどの種類が絶滅の危機にひんしています。もともと人里近くに住んでいたため、開発の影響をモロに受けてしまったのでしょう。そんなゲンゴロウ科の中に、貴重種として有名なヤンバルクイナやイリオモテヤマネコと同じく、環境省で絶滅危惧IA類（ごく近い将来における野生での絶滅の危険性が極めて高いもの）に分類されている種類が、関東に生息しています。その種の名前はシャープゲンゴロウモドキ (*D. s. sharpi*)。たぶんたいていの人は名前を聞いたことすらないと思われます。これまでのいろいろな種類のゲンゴロウを採取・飼育してきましたが、あるとき、絶滅のふちに立たされながらも認知度のほとんどないこの種を飼育する機会を得て、6年以上飼育・繁殖し続けています。

シャープゲンゴロウモドキは体長3cmほどになる大型のゲンゴロウの仲間ですが、かつては関東地方の水田などで普通に見られましたが、生息環境の消失や悪化によって激減し、一時は絶滅したものと考えられていました。しかし1980年代に千葉県で再発見され、現在、関東地方では房総半島の2ヶ所しか生息が確認されていない希少種です。この種はもともと湧水が絶えることのない環境に生息していることから、飼育時も水温は常に25℃以下を保たなければいけません。夏場は35℃を超えるような灼熱の



写真1・シャープゲンゴロウモドキ  
現在、種の保護法に基づき国内希少野生動物種指定を受け、捕獲・採取や譲渡（販売や譲渡など）は原則禁止されている。

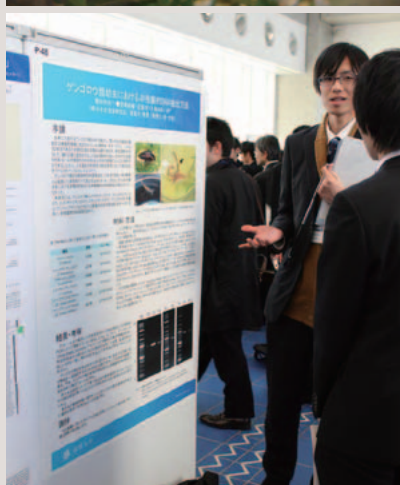


写真2・ゲンゴロウについて発表する筆者

地、ここ埼玉では水温維持がとても大変です。また、繁殖期になると休日に車を飛ばし、幼虫の餌であるオタマジャクシを採集。幼虫がふ化してからは毎日朝晩2回、餌やりと水換えを行い、私の生活はゲンゴロウに振り回されることとなります。

こんなに時間をかけて大切に育てていても、成虫になるのはほんの一握りで、水生昆虫にもかかわらず泳ぎが下手で溺死してしまう個体もしばしばいます。正直、何度か飼育をやめようと思ったこともありましたが、しかし、ここで飼育をやめると近い将来本当に絶滅してしまうのではないかと、思うとなんとなく寂しく、また人が彼らの生息地を奪ってしまったことに対する罪悪感から、何とか種をつないで報いたいという気持ちで継続飼育しています。この種が絶えることのないよう、今後も細々と飼育・繁殖に取り組んでいきたいと思っています。

### 創立百周年記念事業寄附金へのご支援のお願い

創立百周年（2017年）の記念事業寄附金へのご支援をお願いします。

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

理研 寄附金  
Support RIKEN

理化学研究所 創立百周年  
RIKEN 100th Anniversary



http://www.riken.jp/