

©Keiko Murano

研究最前線「ダイオメガから始まる新粒子を予言する時代」より

02 研究最前線

ダイオメガから始まる 新粒子を予言する時代

06 研究最前線

不確実性を排除した気候変動予測の実現へ

10 特集

ゲノムの意味を解明するFANTOMの挑戦

15 TOPICS

- ・横浜地区で一般公開を開催
- ・放送大学特別番組
「科学技術立国への挑戦」

16 原酒

ブラックコーヒーとホーキング博士

2018年5月、ストレンジクォーク6個から成る

新粒子「ダイオメガ」の存在が予言された（図1、表紙）。

仁科加速器科学研究センター 量子ハドロン物理学研究室を中心とする共同研究グループ

「HAL QCD Collaboration」がスーパーコンピュータ「京」を用いて明らかにした成果である。

同研究室では今後、クォークに働く力を精密に計算することで、

新粒子の存在を次々と予言していく計画だ。

初田哲男 室長は、その研究中性子星の内部構造や

ブラックホール形成の研究にもつなげようとしている。

ダイオメガから始まる新粒子を予言する時代

■ クォークに働く力を精密に計算する

原子は電子と原子核から成り、原子核は陽子と中性子が結合して形成されている。そして、陽子や中性子はクォークが3個集まってできていることが、1960年代に明らかになった。

クォーク同士には、力を媒介するグルーオンと呼ばれるゲージ粒子をやりとりすることで、強い相互作用と呼ばれる力が働く。この強い相互作用を記述する量子色力学（Quantum Chromodynamics：QCD）が打ち立てられ、実験によりそれが正しい理論であることが確かめられたのは、1970年代半ばのことだ。

「ただし、QCDはとても難解な理論であるため、クォーク同士に働く力やそれによる陽子や中性子の成り立ちを精密に計算することの難しさも同時に明らか

になりました」と初田室長は語る。

1974年、時間と空間を4次元の格子に置き換えて定式化する「格子ゲージ理論」が提唱された。その理論は、コンピュータを使った大規模数値シミュレーションに適している。

「1990年代、格子ゲージ理論を用いてQCDを定式化した『格子QCD』の大規模数値シミュレーションを行うことにより、3個のクォークが相互作用して陽子や中性子ができることが確かめられました。2000年代に入ると、陽子や中性子の質量を10%程度の誤差で計算できるようになり、最近では誤差1%以下の精度を実現しています」

■ QCDで反発力を計算することに成功

陽子や中性子を結び付けて原子核をつくる力は「核力」と呼ばれる。核力もクォークやグルーオンの相互作用によって生じるため、QCDで扱うことができる。しかし、その計算は陽子や中性子1個についての計算より格段に難しい。

実験により、核力は遠距離では引力として働き、陽子や中性子を結合させて原子核をつくるが、近距離では反発力（斥力）として働くことが分かっている。

「反発力が働くことで原子核はつぶれずに済むのです。しかし、なぜ近距離で反発力が働くのか。その仕組みは核力にまつわる未解決の大問題であること

を、京都大学の大学院生だった1980年代の初めに知りました」と初田室長は振り返る。「私はその後、宇宙が誕生したビッグバン直後の物質状態などの研究を続けましたが、いつかは原子核がつぶれない謎に挑みたいと思っていました」

初田室長らは2005年、核力を格子QCDで精密に計算して、その謎に迫る研究に着手した。「そのために、QCDに基づいて核力を数学的に定義した新しい数理手法と計算手法をつくりました。そして、当時、国内で最速だった高エネルギー加速器研究機構（KEK）のスーパーコンピュータで精密計算を実行。その結果、核力が遠距離では引力、近距離では反発力となることを導き出すことに成功しました」（『理研ニュース』2012年12月号「研究最前線」）

その研究をまとめた初田室長らの論文を、『Nature』誌は「Research Highlights 2007」の自然科学21論文の一つに選定。日本からはほかに、京都大学の山中伸弥教授らによるヒトiPS細胞の論文が選ばれている。

■ 原子核がつぶれない謎には続きがあった

なぜ核力は近距離で反発力として働くのか。「それは量子力学の基本原理である『パウリの排他律』で全て説明できる、と『京』を使う前は考えていました」と初田室長。

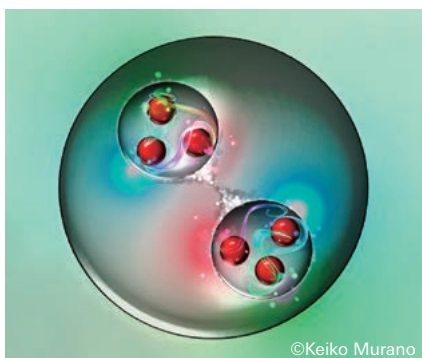


図1 ダイオメガのイメージ

ストレンジクォーク3個から成るオメガ2個が結合して、ダイオメガができることを格子QCDの計算により予言した。ダイオメガは、陽子1個と中性子1個が結合した重陽子と性質がよく似ていることが明らかになった。

初田哲男 (はつだ・てつお)

仁科加速器科学研究センター
量子ハドロン物理学研究室 室長

1958年、大阪府生まれ。理学博士。京都大学大学院理学研究科物理学第二専攻修了。高エネルギー物理学研究所、米国ワシントン大学、筑波大学、京都大学などを経て、東京大学大学院理学系研究科教授。2011年、理研 主任研究員。2016年より数理創造プログラムプログラムディレクター。2018年より現職。



量子力学の法則に従う粒子は、スピンという角運動量の違いから、クォークや電子などのフェルミ粒子と、光子などのボース粒子に分けることができる。ボース粒子は同じ位置に何個でも同時に存在できるが、同一種類のフェルミ粒子は同じ位置に同時に存在できない。それがパウリの排他律だ。

クォークには、質量が小さい順にダウン、アップ、ストレンジ、チャーム、ボトム、トップの6種類があり、フレーバーと呼ばれる(図2)。さらに、クォークは上向き・下向きの2種類のスピンの種類(赤・緑・青)のカラー(色電荷)と呼ばれる性質を持つ。

陽子や中性子は、ダウンとアップという最も軽い2種類のクォークが3個集まってできている。陽子や中性子がある一定の距離以内に近づけようとする、同じスピンやカラーを持つアップ同士やダウン同士が同じ位置に重なることになる。そこにパウリの排他律による反発力が働くのだ。

「反発力が働く仕組みを詳しく理解するためには、QCDによる核力の計算を

さらに精密化する必要があります」。そう語る初田室長らは、2012年から「京」を用いた研究を始めた。

「ストレンジを含むクォーク3個から成る粒子をハイペロンと呼びます(図2)。私たちはハイペロンを含めることでクォークの種類やスピン、カラーが重複せず、パウリの排他律が働かない状態の核力を計算してみました。すると、その場合にも反発力が生じる場合があることが分かったのです。パウリの排他律だけでなく、クォーク同士を結び付ける“のり”だと考えられていたグルーオンの相互作用も反発力に関わっていることが明らかになりました」

1980年代、矢崎絏一博士、岡真博士ら東京大学の研究グループは、グルーオンの相互作用を考慮した核力の理論モデルを提唱していた。「クォークのフレーバーの組み合わせにより核力を6種類に分類すると、その中の1種類だけはグルーオンの相互作用が近距離でも引力として働き、そのほかは反発力として働くと、矢崎先生たちは予想しました。私たちが『京』でQCDの計算を行うと、

その予想がおおむね正しいことが分かってきました。さらに詳細な計算を進めています」と初田室長。

「実は、私は修士論文で矢崎先生たちの研究に関連するテーマを選びました。当時、修士論文の執筆中に、京都から東京に電話をかけて岡先生に相談させていただいたこともありました。矢崎先生は東大退官後、理研の客員研究員を務めておられ、今もしばしば議論させていただいています」

■ 現実質量による計算で

ダイオメガの存在を宣言

ストレンジクォーク3個から成るハイペロンをオメガ(Ω)という。量子ハドロン物理学研究室の権業慎也 基礎科学特別研究員(以下、研究員)らは、オメガ2個が結合し、ストレンジクォーク6個から成る新粒子「ダイオメガ(ΩΩ)」が存在することを宣言した(図1、表紙)。近年、加速器実験では、4~5個のクォークから成る新粒子候補が次々に報告されている。しかし、6個のクォークで構成された粒子は、1930年代に発見され

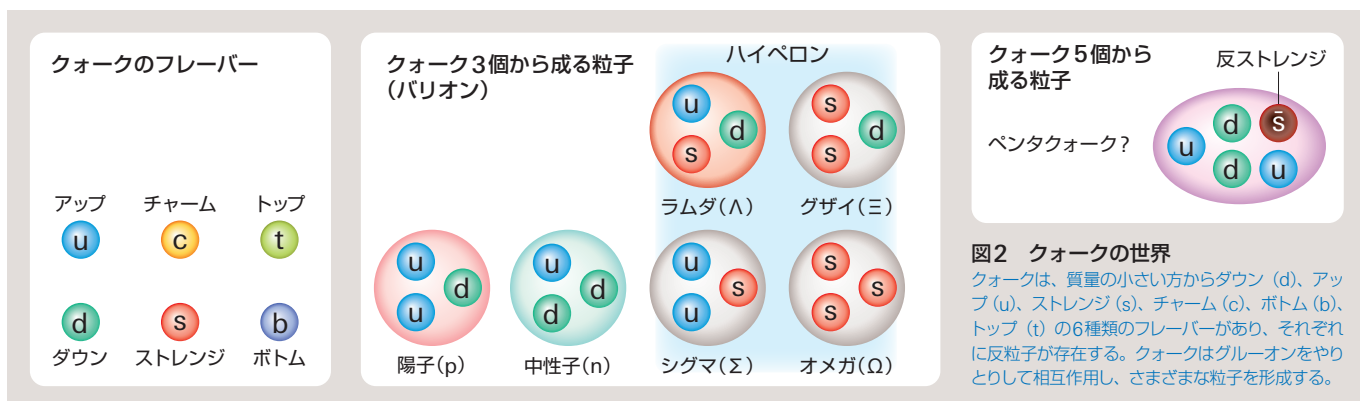


図2 クォークの世界
クォークは、質量の小さい方からダウン (d)、アップ (u)、ストレンジ (s)、チャーム (c)、ボトム (b)、トップ (t) の6種類のフレーバーがあり、それぞれに反粒子が存在する。クォークはグルーオンをやりとりして相互作用し、さまざまな粒子を形成する。

撮影：STUDIO CAC



左から順に権業慎也 基礎科学特別研究員、初田哲男 室長、入谷 匠 特別研究員。手づくりのダイオメガの模型を手に。

た重陽子以来、例がない。「ダイオメガは実験ではまだ見つかりません。これまで、存在する、しないという両方の理論モデルが発表され、どちらが正しいか分からない状況が続いていました」と権業研究員。

ダイオメガが存在するかどうかを調べるには、2個のオメガに働く引力と反発力の大きさを精密に計算する必要がある。「それには膨大な計算量が必要で、従来のスパコンの性能では実現が難しかったのです。そのため、クォークの質量が、現実よりも数倍以上大きいと仮定して計算量を減らし、格子QCDの計算を行ってきました。質量が大きい粒子ほど動きにくくなるため、小さい格子で格子QCDの計算ができるのです」

しかし、現実より数倍以上の質量を持つストレンジクォークを仮定して計算しても、現実の質量でダイオメガが存在するかどうかは判然としないままだった。

「そこで大きな力となったのが『京』です。私たちは、数的手法やアルゴリズムを改良し、現実質量でオメガ同士に働く引力と反発力の大きさを格子QCDで精

密計算しました。すると、2個のオメガが一定の距離に近づくと引力が働き、結合してダイオメガになることが分かったのです」と権業研究員は説明する(図3)。

■ 数的手法の正しさを検証

「二つの粒子が結合するかどうかを格子QCDで計算するには、大まかに2種類の数的手法がありました。一つは私たちが開発した『HAL QCD法』。もう一方は、国内外の数グループが用いてきた『直接法』です。同研究室の入谷匠 特別研究員(以下、研究員)はそう紹介する。

「クォークの質量が現実より大きい世界での計算で、2種類の数的手法の計算結果が食い違っていました。しかも、研究者の数からいえば、私たちは少数派でした」

どちらの数的手法が正しい答えを導き出すかを理論的にテストする方法がある。「例えば、格子を小さくした場合、2個の粒子の相互作用がどう変わるかを調べます。HAL QCD法では、2個の粒子の距離が縮まるなど相互作用が変化

しました。しかし、直接法では格子が小さくなったことが反映されず、粒子が格子からすり抜けたかのような結果になっていたのです」(図4)

入谷研究員らは、さまざまなテストを行い、直接法の問題点を洗い出し、この方法では正しい答えが得られないことを示した一連の論文を2016年と17年に発表した。「HAL QCD法は、いずれのテストにも合格。現実質量で計算したダイオメガの予言など、私たちの計算結果の信頼性の高さを示すことができました」

■ 説明から予言する時代へ

質量が大きい粒子ほど数値計算しやすいのとは逆に、加速器実験では、質量が小さい粒子ほど生成しやすい。

その証拠に、最も軽いクォークであるアップとダウンだけから成る陽子と中性子では、さまざまな数の組み合わせで結合した約3,000種類の原子核が加速器実験などで発見されている。しかし、質量が大きいストレンジ1個を含む原子核は約40種類、2個含む原子核は数種類しか発見されていない。

「ダイオメガは、オメガ2個が結合した原子核だといえます。私たちが、格子QCDにより現実質量のクォークの相互作用を計算して最初にダイオメガを予言できたのは、それが質量の大きな粒子なので数値計算がしやすかったからです。現在、ハイペロンや陽子、中性子のうち2個が結合した新粒子(ダイバリオン)がほかにも存在しないか、格子QCDの計算を進めています。ダイオメガよりも軽く、実験で発見しやすい新粒子の存

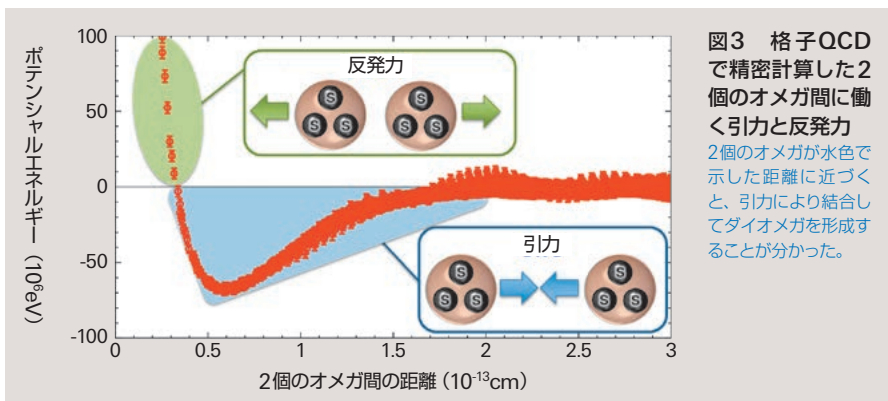


図3 格子QCDで精密計算した2個のオメガ間に働く引力と反発力
2個のオメガが水色で示した距離に近づくと、引力により結合してダイオメガを形成することが分かった。

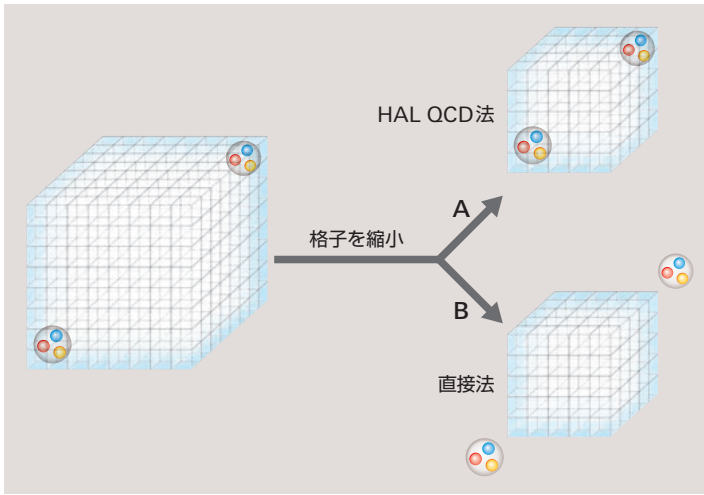


図4 格子QCDの
数値手法のテスト

初田室長らの数値手法「HAL QCD法」は、格子を小さくするとそれに応じて粒子間の距離が縮まる（A）。ほかの研究グループの数値手法「直接法」は、格子が小さくなったことを反映できず、粒子が格子からすり抜けたかのような結果になっていた（B）。

関連情報

●2018年5月24日プレスリリース
新粒子「ダイオメガ」

在を予言できるかもしれません」と権業研究員。

「数値手法の理論的な検証とともに、加速器の実験データと比較できる計算も行っていくつもりです」と入谷研究員。「ストレンジを含む5個のクォークから成るペンタクォーク（図2）を発見したという実験報告がありました。その存在を否定する実験もあり、はっきりしていません。私たちは、ペンタクォークが存在するかどうかを格子QCDの計算により決定するつもりです。そして、存在する場合にはこのような実験データが出るはずだ、という計算結果を示し、実験で確かめてもらいます。実験と理論をつなぐことで、私たちの数値手法の正しさを実験データでも検証していきたいと思います」

「2017年からは実験家との新しい交流を始めています」と初田室長。「これまでは実験データが出た後から、その結果を理論で説明することが多い状況でした。数値手法やスーパーコンピュータの性能が向上したおかげで、これからは、現実質量で格子QCDの計算を行い、さまざまな新粒子の存在を予言することができます。実験は時間もコストもかかり、存在するかどうか分からない新粒子を探すのは大変です。私たちが新粒子の存在を予言することで、実験家は探索の範囲を絞ることができます」

ダイオメガを実験で発見することは現在の加速器では難しいが、今後計画されている大型加速器施設の高度化や新

設により可能になるかもしれない。日本では、J-PARC（大強度陽子加速器施設）で計画されている重イオン衝突実験に期待がかかる。

2021年ごろには、最大で「京」の100倍のアプリケーション実効性能を目指すポスト「京」の共用が開始される予定だ。「それにより、実験がしやすい、より軽い新粒子の存在を予言できるようになります。また、自然界に存在するヘリウムのような軽い原子核の中で働く核力についても精密に計算できるようになるでしょう。そして、その計算結果を原子核理論とつなげていくことが重要になります」と初田室長は展望する。

■ QCDで中性子星の内部を探る

重い星は一生の最期に超新星爆発を起こし、後に中性子星やブラックホールが残る。中性子星は、太陽の1~2倍の質量を持つ物質が、半径10kmほどに集まった超高密度天体だ。「その物質の大部分は中性子ですが、内部には陽子と共にラムダなどのハイペロンが含まれると予想されます。それらハイペロンと中性子・陽子との引力や反発力の大きさによって中性子星の半径や質量は決まります。もし引力が小さく反発力が大きければ半径は大きくなります」と初田室長は解説する。

これまで、理論モデルによる中性子星の半径の予測値は約8~18kmと大きな幅があった。2017年8月、米国と欧州の重力波観測施設により、中性子星同士

の合体で発生した重力波が初めて観測された。「その1回の重力波観測から、中性子星の半径は、13.6km未満であることが明らかになりました。13.6km以上の半径を予想していた理論モデルは否定されたのです」

今後、日本の「KAGRA（大型低温重力波望遠鏡）」でも重力波の観測が始まる。「毎週のように中性子星の合体が観測され、大量の重力波データが得られるようになるかもしれません。その解析により、中性子星の半径や内部構造が詳細に分かってくるでしょう。それをQCDで説明できるかどうか。私たち理論家にとっても、極めてエキサイティングな時代を迎えています」

金やプラチナ（白金）などの重い元素は、中性子星合体により合成されたと考えられている。「中性子星の半径、質量、変形のしやすさなどによって、合成される元素の種類の比率や量は異なります。中性子星の研究は、元素誕生の謎を探る上でも重要です」

「中性子星の研究は、物質の最期にも関係しています」と初田室長は続ける。「超高密度の中性子星は、物質が最期を迎える直前の段階です。それよりも密度が高くなると、物質はつぶれてブラックホールとなります。そのとき物質がどのような状態になるのか。物質の終わりを探る研究も盛んになっていくでしょう」

QCDを精密に計算する研究は今、現実世界を予言する新しい時代を迎えている。その時代の幕を開けたのがダイオメガの予言だ。

（取材・執筆：立山 晃／フotonクリエイト）

「明日は晴れるのか雨が降るのかといった天気予報は、近年かなり正確になりました。しかし1年後や10年後、さらには100年後の気候がどのように変わるかを正確に予測することは、まだできていません」そう語るのは、計算科学研究センター（R-CCS）複合系気候科学研究チームの富田浩文チームリーダー（TL）である。「なぜ正確に予測できないのか、その原因を突き止め、不確実性を排除した気候変動予測を実現したい」と続ける。その目標に向け、気候科学研究のための数値計算ライブラリ「SCALE」や、世界で初めて雲を直接表現できる超高解像度の全球雲解像モデル「NICAM」の開発を行ってきた。富田TLらの挑戦を紹介しよう。

不確実性を排除した気候変動予測の実現へ

■ 将来の気温予測には、なぜ幅がある？

21世紀末における世界の平均地上気温は、1986～2005年平均に対して0.3～4.8℃高くなる——2013年に発表されたIPCC（気候変動に関する政府間パネル）による「第5次評価報告書」では、こう予測されている。上昇量に大きな幅があるのは、地球の気温を決める放射エネルギーの収支が将来どのように変わる可能性があるか四つのシナリオをつくり、それらに基づいて計算しているためである。しかし、一つのシナリオ、例えば放射エネルギーの収支の変化が中程度のシナリオの計算結果でも、平均地上気温の上昇量の予測は1.1～2.6℃と幅がある。その理由を富田TLは、「世界中の研究機関がそれぞれ開発した複数の気候モデルの結果を取りまとめているからです」と解説する。

気候モデルとは、気候の決定に関わ

るさまざまな現象を物理法則に従って数式で表現し、時間経過に伴って気候がどのように変化するかをコンピュータで計算しシミュレーションするためのプログラムである。しかし、地球の気候はさまざまな現象が複雑に相互作用した結果であり、全てを正確な数式で表現し計算することは難しい。

そのため、「こういう条件のときはこういう値になる」とあらかじめ決めてある項を数式に付け加えている。例えば、大気の温度と水蒸気の鉛直分布が不安定なときは対流が発生する、といった具合だ。これをパラメタリゼーションというのだが、「どのようなパラメタリゼーションが最適か、まだよく分かっていません」と富田TLは指摘する。「さらに仮定を入れたり、数値を調整したりもしているのので、どの気候モデルの結果も正確ではなく、不確実性が存在します。IPCCが複

数の気候モデルの結果を取りまとめているのは、一つの気候モデルでは偏った結果になってしまうためです。しかし、将来の気候をより高精度に予測するには、不確実性の原因を突き止めてそれを排除することが必要です。私たちは、モデルが不完全であることに起因する不確実性を排除した気候変動予測の実現を目指して研究開発を行っています」

■ 共通基盤ライブラリ「SCALE」を開発

気候モデルの不確実性の原因を突き止めるには、さまざまな気候モデルを比較して評価する必要がある。しかし富田TLは、「気候モデルの比較は容易ではない」と言う。さまざまな研究機関が気候モデルを開発していて、それぞれ独自性が高いため、比較することが難しいのだ。そもそも開発した研究グループ以外の研究者がその気候モデルを使用するには申請が必要で、また許可が出てもすぐには使いこなせない。その状況を変えするために富田TLらが取り組んだのが、気候科学研究のための共通基盤ライブラリSCALEの開発である。

気候モデルでは、大気の流れや雲の生成・消滅、放射などさまざまな物理現象を扱わなければならない。それぞれを表現する数式は異なる。大気の流れ一つ取っても、水平か、鉛直か、などによって数式はいくつもある。そうした複数の

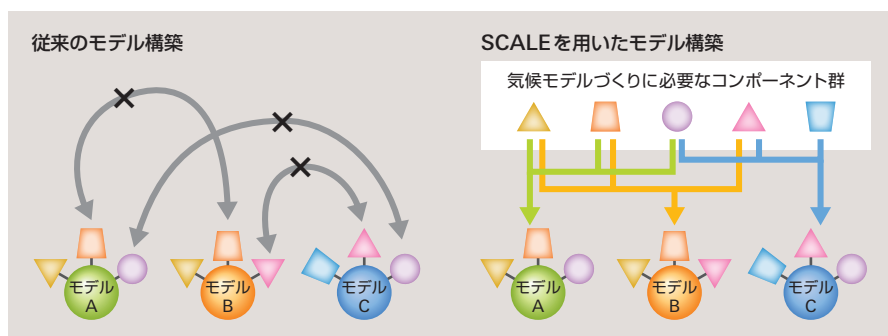


図1 SCALEを用いたモデル構築

気候モデルは、さまざまな物理過程の解析手法や通信のためのプログラムなど複数のコンポーネントで構成されている。従来のモデル構築では、同じ内容のコンポーネントでもモデルごとに開発しており、互換性がない（左）。SCALEでは、気候モデルづくりに必要なさまざまなコンポーネントがライブラリに格納されており、自由に組み合わせ利用できる（右）。

富田浩文 (とみた・ひろふみ)

計算科学研究センター
複合系気候科学研究チーム
チームリーダー

1969年、京都府生まれ。博士（工学）。東京大学工学部航空宇宙工学科卒業。東京大学大学院工学系研究科博士課程修了。海洋研究開発機構 地球環境フロンティア研究センター主任研究員などを経て、2011年より理研 計算科学研究機構 チームリーダー。2018年より現職。



コンポーネント（部品）が組み合わさって気候モデルができています。「さまざまな気候モデルで使われているコンポーネントを網羅していることが、SCALEの大きな特徴です。しかも既存のコンポーネントの寄せ集めではなく、仕様を統一してあります。そのため、コンポーネントを自由に組み合わせて気候モデルを構築できる画期的なライブラリになっています」と富田TLは解説する（図1）。SCALEは、富田TLらを中心に、気候科学の研究者と計算機科学の研究者が共同で開発し、2013年に公開された。

SCALEは誰でも自由に使い、これまでより気軽かつスピーディーに気候モデルの構築や計算ができる。「京」などのスーパーコンピュータはもちろん、汎用計算機でも高速計算が可能ないように設計されているため、利用のハードルが低いのもSCALEの特徴だ。

コンポーネントの組み合わせが違えば、結果に差が出る。その差を調べることで、気候モデルの不確実性の原因を突き止めることができる。SCALEの登場により、コンポーネントの組み合わせと計算結果の関係を容易にかつ詳細に比較できる環境が整った。今後、気候モデルの不確実性の原因を明らかにする研究が大きく進むと期待されている。

■ 地域気候の変動予測の評価を変えた

「さまざまな現象の基本原則を理解していないと、気候モデルをつくれないうし、検証もできません。共通基盤ライブラリを開発することで、現象の基本原則の理解が進み、その過程はサイエン

スの宝庫です」。そう語る富田TLは、SCALEを用いた先導的な気候研究の推進を、研究チームのもう一つの柱として掲げている。

そして2017年には、SCALEのコンポーネントを組み合わせて構築した気候モデル「SCALE-RM」を独自に開発。「RM」は領域気候モデルを意味するRegional Modelの略で、ある特定の地域の気候をコンピュータでシミュレーションする。このSCALE-RMによって、研究チームは地域気候の変動予測に関する画期的な成果を上げた。

二酸化炭素など温室効果ガスが大気中に増加すると、地球全体の平均的な大気の状態が変化し、気温が上昇し、暖くなった大気はたくさんの水蒸気を含むことができるようになる。同時に、大気の状態が平均から逸脱した台風や温帯低気圧といった気象擾乱^{じょうらん}の発生数、強さ、通過経路が変化する。「これまで地域気候の変動予測は、地球全体の平均的な状態の変化の影響のみを考慮して行われてきました。気象擾乱の変化は、地域気候の変動に影響を及ぼさないのであるか。そう疑問に思ったのが、始まりです」

研究チームは、SCALE-RMを用いて「現在の気候」「将来の気候」「現在の気候から地球全体の平均的な状態のみ変化した場合の将来の気候」「現在の気候から気象擾乱のみ変化した場合の将来の気候」という4種類の計算を行った。

「普通に考えたら、現在気候と将来気候の差は、地球全体の平均的な状態のみ変化した場合の変化量と気象擾乱の

み変化した場合の変化量を足したものと同じになりますよね」と富田TL。ところが、現在気候と将来気候の差は、二つの変化量を足し合わせたものと異なる（図2）。これは、地球全体の平均的な状態の変化と気象擾乱の変化、それぞれの影響に加え、二つの変化の相互作用の影響があることを表している。

「地球全体の平均的な状態の影響のみを考慮するこれまでの手法では、将来の地域気候を正確に予測できないのです。私たちが開発した手法を使うと、将来の地域気候がどのように変化するかを予測できるだけでなく、その変化の原因を区別して定量的に評価できます」

富田TLらはこの手法を用いて、西日本を中心とする水平方向約1,000km四方の領域について計算してみた。すると、平均降水量と連続無降水日数の将来変化の大部分は気象擾乱の変化で説明できること、強い雨の将来変化は地球全体の平均的な状態の変化の影響と気象擾乱の変化の影響が打ち消し合っていることが分かった（図3）。平均降水量と連続無降水日数は水資源と、強い降雨は豪雨災害と、それぞれ関係する。将来の地域気候を正確に理解することで、適切な対策を検討でき、水資源の確保や豪雨災害の防災・減災にも役立つと期待されている。「気候変動予測の概念を変える非常に大きな成果です。こういう社会を変えるような研究をしていきたいですね」

■ 雲をリアルに表現

「気候モデルの不確実性の大きな要因の一つは解像度」と富田TLは指摘する。

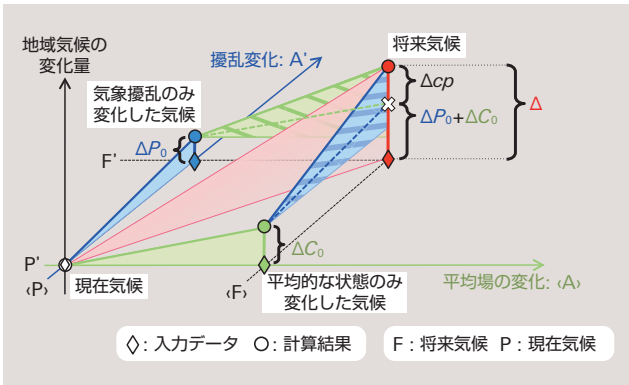


図2 地域気候の変動を理解する新評価手法

地域気候の変化は現在の気候と将来の気候の差 (Δ) で表される。現在気候から地球全体の平均的な状態のみ変化した場合の地域気候変化は ΔC_0 。現在気候から台風や温帯低気圧といった気象擾乱のみ変化した場合の地域気候変化は ΔP_0 で表される。その二つの変化から推測される将来変化は \times 印であり、実際の将来気候(赤丸)と異なる。この差が、地球全体の平均的な状態の変化と気象擾乱の変化の相互作用による変化(Δ_{cp})である。

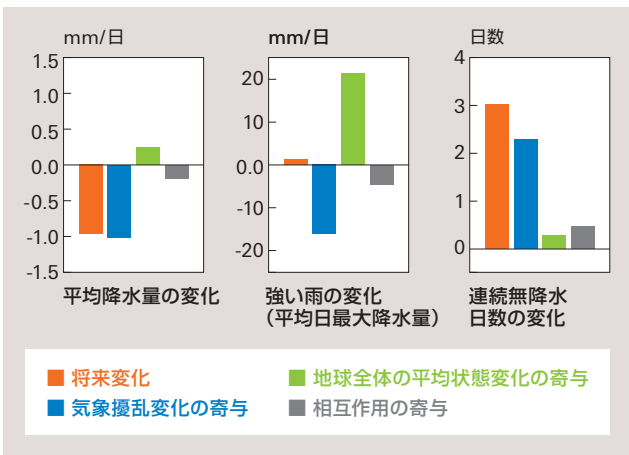


図3 上記手法によるデモンストレーション計算

西日本を中心とする領域に対して、6~9月の4カ月について25年分のシミュレーションを行った。平均降水量の将来変化(左)は、気象擾乱の変化(青)の影響が大きく、地球全体の平均的な状態の変化(緑)の影響だけでは説明できない。強い雨の将来変化(中央)は、気象擾乱の変化の影響と地球全体の平均的な状態の変化の影響が打ち消し合っている。連続無降水日数の将来変化(右)は、気象擾乱の変化の影響が大きく、地球全体の平均的な状態の変化の影響だけでは説明できない。

関連情報

- 2018年3月13日プレスリリース
大気中のチリが雲に与える影響を正確に再現
- 2017年12月20日プレスリリース
地域気候変動を理解する新評価手法の開発
- 2016年5月25日プレスリリース
北極域への「すす」の輸送メカニズムを解明
- 2013年9月20日トピックス
「京」を利用した世界初の超高解像度全球大気シミュレーションで積乱雲をリアルに表現

た。では、積乱雲と積乱雲の距離はどうやって決まっているのか。今後は、それを明らかにしていくつもりです」

■ 海水を黒くする黒色炭素の輸送量を精度よく推定

NICAMを用いた最近の研究を二つ紹介しよう。いずれもエアロゾルと呼ばれる大気中の浮遊物質に関するものだ。エアロゾルは数mmから数nmのごく微小な粒子だが、気候の決定に大きく関わっていることが知られている。

一つ目の研究で注目したのは、エアロゾルの一種で「すす」と呼ばれる黒色炭素の輸送量である。黒色炭素は、焼き畑農耕や化石燃料の燃焼など人間活動によって放出され、大気中を輸送される。「黒色炭素が北極域まで運ばれ、海水の上に降り積ると、海水の表面を黒く変色させます。これが地球温暖化に直接影響を及ぼすのです」と富田TL。

白い海水は太陽光を反射する。ところが、海水の表面が黒くなると反射率が

気候モデルでは、地球表面の空間を3次元の格子状に分割し、格子ごとに計算していく。格子間隔を小さくすると計算量が多くなってしまったため、地球全体を扱う全球気候モデルの格子間隔は100km程度のものが多い。「気候の決定に大きな影響を与える現象の一つが雲です。しかし、1個の雲の水平サイズは約10km、細かい雲では数百mと格子間隔より小さいため、1個1個の雲を表現できず、パラメタリゼーションなどの処理をしています。これが気候変動予測に大きな不確実性をもたらしているのです。そこで、私は理研に来る前、海洋研究開発機構(JAMSTEC)に在籍していたときから、パラメタリゼーションを行わずに1個1個の雲を直接表現できる超高解像度の全球雲解像モデル『NICAM』の開発に取り組んできました」

そして2005年、スーパーコンピュータ「地球シミュレータ」によって、格子間隔3.5kmという当時の最高解像度で雲をシミュレーションすることに成功した。富田TLは、2011年に理研計算科学研究機構(現 R-CCS)で複合系気

候科学研究チームを立ち上げた後も、JAMSTEC、東京大学大気海洋研究所と共同研究を続け、格子間隔1km以下で雲を直接表現することに挑戦してきた。そして2013年、「京」を用いて格子間隔870mという超高解像度を達成し、世界中から注目を集めた(『理研ニュース』2014年1月号「SCIENCE VIEW」)。

「水平格子間隔2kmを境に、全球での積乱雲の個数や、積乱雲と積乱雲の距離など、モデルの中で表現できる積乱雲がより現実に近づくことが分かりまし

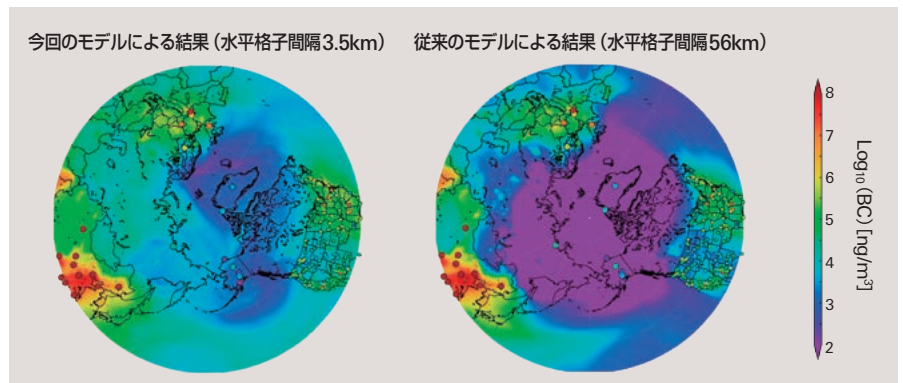


図4 北極域における黒色炭素の地表面濃度

左は、全球雲解像モデルNICAMとエアロゾルモデルSPRINTARSを結合して、中緯度から北極域への黒色炭素の輸送についてシミュレーションを行った結果。北極域における黒色炭素の地表面濃度は、従来のシミュレーション(右)のおよそ4倍になった。○は観測結果。

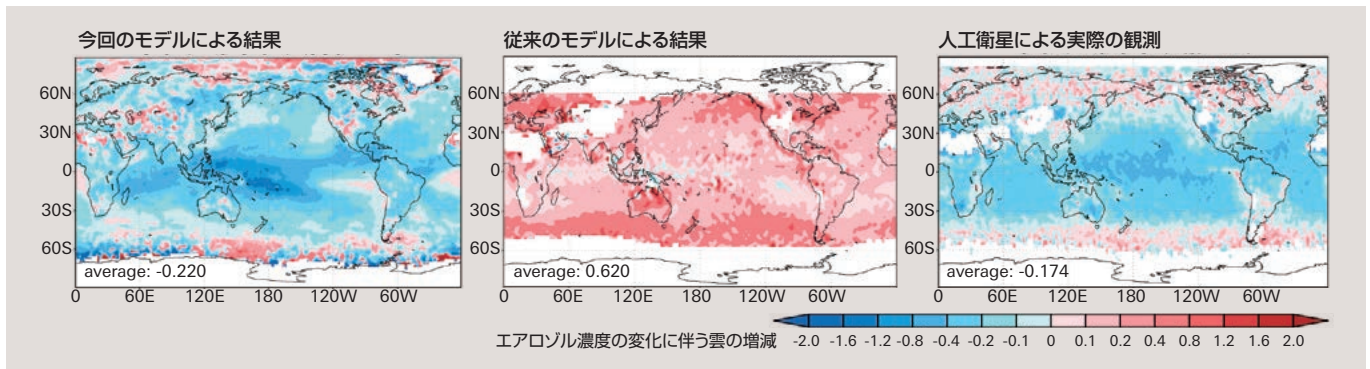


図5 エアロゾル濃度の変化に伴う雲の量の変化

赤色はエアロゾルの増加に伴って雲が増加する領域を示し、青色はエアロゾルが増加すると雲が減少する領域を示す。近年、大気中のエアロゾル濃度は増加している。人工衛星による実際の観測では、雲が減った領域が多い(右)。従来の低解像度シミュレーションでは、ほとんどの領域でエアロゾルが増えると雲が増えることを示す計算結果となっていた(中央)。今回の高解像度シミュレーションでは、観測と同様にエアロゾルが増えたときに雲が減る領域が多いことが示されている(左)。

低下する。地球の温度は入射する太陽光の放射エネルギーと地球から宇宙空間に出ていく放射エネルギーのバランスで決まるため、海水の反射率が低下すると、宇宙に出ていく放射エネルギー量が減少して地球の温度が上昇する。すると、海水が融け、黒い海洋が現れて反射率がさらに低下し、地球の温度が上昇し……と温暖化が進行してしまう。

「気候変動を精度よく予測するには、人間活動が活発な中緯度から北極域へ輸送される黒色炭素の量を正確に推定する必要があります。しかし、これまでの推定では実際に北極域で観測されている黒色炭素の量より少なく見積もられ、問題になっていたのです」

そこで富田TLらは、NICAMにエアロゾルの輸送の計算を行うSPRINTARSという九州大学などが開発したモデルを結合し、「京」を用いて従来より1桁細かい水平格子間隔3.5kmの超高解像度で全球でのエアロゾルの輸送をシミュレーションした。その結果、従来のシミュレーションの4倍もの黒色炭素が中緯度から北極域に運ばれていると算出された(図4)。この結果は、観測とよく一致している。黒色炭素は雨によって大気中から除去されるが、除去されずに残る黒色炭素が多いことが分かった。また、強い上昇気流などによって黒色炭素が上空まで吹き上げられ、遠くまで運ばれていることも明らかになった。

■ エアロゾルが増加すると雲は増える？ 減る？

NICAMを用いたエアロゾルに関する

二つ目の研究について、富田TLは「気候学者の悲願だった」と紹介する。「雲はエアロゾルを核として生成されるため、エアロゾルが増えれば雲が増えると考えられています。雲は、放射エネルギーの反射・吸収に関わり、地球の気候の決定に直接影響するため、エアロゾルと雲の関係は重要です。しかし、その詳細はよく分かっていませんでした」

そこで富田TLらは、NICAMとエアロゾルモデルSPRINTARSを結合し「京」を用いて、水平格子間隔14km、1年間のシミュレーションを行った。「結果を見てがくぜんとなりました。従来の予測結果とまったく違ったのです」

従来のモデルでは、エアロゾルが増加すると、全球のほとんどの場所で雲が増加すると考えられていた。ところが今回のモデルでは、地球上の大半の場所でエアロゾルの増加に伴って雲が減少していたのだ(図5)。これは、人工衛星による観測と一致する。「実は、エアロゾルが増加すると雲の生成が増える一方、雲の蒸発も促され、全体としては雲が減少する場合があることが、以前から指摘されていました。超高解像度で1個1個の雲のライフサイクルを表現したことで、その現象を再現できたのです」

■ 地球最大の擾乱「MJO」に挑む

富田TLが興味を持っている現象の一つが、マッデン・ジュリアン振動(MJO)である。MJOは、水平規模が数千km

にも及ぶ巨大な積乱雲の群れがインド洋で発生し、赤道に沿って東に進んでいく地球上で最も大きい大気の擾乱である。台風の発生とも関わっている。富田TLはJAMSTECなどとの共同研究によって、NICAMを用いてMJOを1カ月先まで予測できることを、2014年に示した。「MJOは、積乱雲が集まって自己組織化し、階層構造をつくり、巨大な雲システムを形成していることは分かっていますが、その発生メカニズムや移動速度など多くの謎があります。私は『水惑星実験』で、MJOの本質を探りたいと考えています」

水惑星実験とは、全球が海だけで覆われた地球を想定し、そこで気候変動のシミュレーションを行うことである。「全ての要素を入れた方が現実を再現できると思うかもしれませんが、それでは複雑過ぎて何が起きているのか理解できません。シンプルな系から一つ一つ積み上げていくことで、MJOの本質に迫れると考えています」

「解像度を上げ、パラメタリゼーションなどを行わず、基本原理に基づいて物理現象を一つ一つ直接表現するのは、とても大変で、チャレンジングです」と富田TLは語る。「しかし、それによって現象の本質に迫れることを、私はこれまで身をもって知ってきました。これからも基本原理に基づいた手法で、気候変動予測の新しい時代を切り拓いていきます」

(取材・執筆：鈴木志乃/フォトンクリエイト)

2000年に誕生した哺乳類ゲノムの国際研究コンソーシアム

FANTOM (Functional ANnotation Of the Mammalian genome) は、「ゲノムに何が書かれているのか？」を追求し、成果は全て世界に公表してきた。

その結果、20年足らずの間にゲノムの常識は次々と覆され、

生命科学の新分野が拓かれた。医療への応用にも熱い期待が寄せられている。

6カ国41機関でスタートした第1期 (FANTOM 1) から、

第6期 (FANTOM 6) では20カ国、68機関、約300名の研究者が集結。

ゲノムのフロンティア研究はどこに向かうのか。FANTOM 1から5をけん引した

林崎良英博士 (現 科技ハブ産連本部 予防医療・診断技術開発プログラム: PMIプログラムディレクター)、

FANTOM 6からプロジェクトのオーガナイザーを務める

ピエロ カルニンチ Piero Carninci博士 (生命医科学研究センター: IMS副センター長) の両氏に話を聞く。

ゲノムの意味を解明するFANTOMの挑戦

— FANTOMも第5期が終了し、第6期が進行中ということですが。

カルニンチ: はい、2001年に最初のデータを発表したFANTOM 1から17年、ゲノムの常識を塗り替える数々の発見を発表しつつ、今もFANTOMは進化し続けています。研究の内容もゲノムの転写産物という「要素」の理解から、転写制御ネットワークという「システム」つまり「生命体のシステム」の理解へと進化しています。これも最初にFANTOMでかつてない大規模な遺伝子解析を実施するにあたり、どのような戦略が一番効果的なのかということが活発に議論されたからだだと思います。

■ 完全長cDNAデータベースの構築を目指して

— 1992年、理研でゲノム研究を始めた林崎博士は、1995年にゲノム科学研究室の主任研究員に就任されました (図1)。

林崎: 当時、米国ではヒトゲノムの塩基配列の解析が巨額の予算をかけて始まっていました。後に、この国際プロジェクト「ヒトゲノム計画」には日本を代表して理研も参加しましたが、当時、理研はどのようなゲノムプロジェクトの戦略を取るべきか議論されていました。ゲノムプロジェクトで塩基配列という暗号の文字列を読み取っただけでは、ゲノムに何が書かれているのか、その意味は解明できません。理研のゲノム研究の方向性

を決める立場にあった私は、DNAの情報を転写したRNAを調べるマウスの完全長cDNAのプロジェクトにかじを切りました。米国の後追いをせず、ゲノムに書かれた意味を解明することをゴールに定めたのです。

— cDNA (complementary DNA=相補的DNA) とは?

林崎: DNAの情報を転写したRNAは、イントロンと呼ばれるRNAの一部が切り取られ、エクソンと呼ばれるRNA領域が繋がられて成熟RNAがつくられます。タンパク質を合成するためにアミノ酸の配列をコード (指定) するメッセンジャーRNA (mRNA) もその中に含まれます。タンパク質はそのmRNAの情報に基づき合成されます (図3)。cDNAは、mRNAを鋳型に逆転写することによりDNAとして暗号を読み取ったもので、mRNAの端から端までを反映したものが完全長cDNAです。

DNAから転写されるRNAは、細胞の種類ごとに異なります。転写されるRNAを網羅的に調べるには、生体の全身の器官から細胞を採取しなければなりません。ヒトの脳や受精卵などの細胞は、倫理的問題もあり、非常に入手が難しいことから、まずマウスを対象とすることにしました。マウスのさまざまな種類の細胞で発現しているRNAの塩基配列を解析し、データを集めることを目指しました。

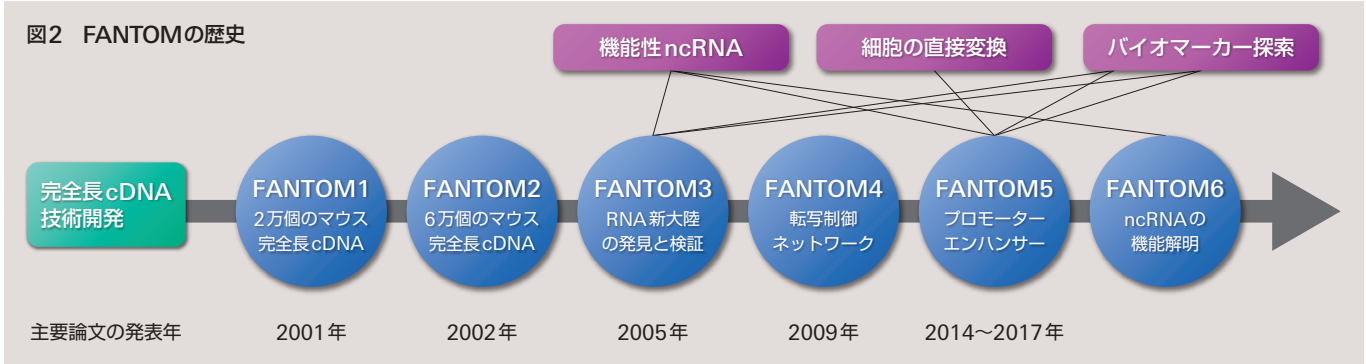
しかし、そのころはまだmRNAの全長をcDNAに写し取り、解析するための技術がありませんでした。私たちの研究の進め方は、まず独自技術を開発し、その技術を用いて独自のデータを取得するというスタイルです。完全長cDNA合成に必要な技術 (Cap Trapper法) の初期アイデアを持っていたのが、イタリアから私たちの研究グループに参加したカルニンチさんでした。
カルニンチ: ドイツの学会で偶然、林崎さんに出会い、ゲノム研究を行っている理研のグループに参加したいと申し出ました。
林崎: 私たちのゲノム科学研究室では、主にcDNA技術に関しては、カルニンチさんを中心として開発が推進されました。完全長cDNAを合成する技術や、RNAがゲノム上のどこから



図1 ゲノム科学研究室のメンバー (1995年)

後列向かって右端が林崎博士、後列右から3人目がカルニンチ博士。理研筑波研究所 (現理研筑波地区) にて。

図2 FANTOMの歴史



転写されているのかを同定するCAGE法 (Cap Analysis of Gene Expression) の開発を行いました。また、完全長cDNAの大規模解析システムとして、384本の多本架キャピラリーシーケンサーや、1日に4万個のプラスミドDNAを精製する全自動プラスミド調製機も開発しました。プラスミド調製機に関しては、当時の理研の工学基盤技術部の献身的な協力が大きな力となりました。

それらの技術のどれか一つが欠けても完全長cDNAの解析はうまくいきません。技術開発のみで論文を発表できない時期が何年も続きました。そのつらい時期をみんなで頑張り通し、一連の技術を完成させました。全てのシステムを組み上げ、完全長cDNAの解析が本格的に開始されたのは、1997年のことでした。

1999年に米国で行われたシンポジウムで、急にリクエストされ飛び入りで発表すると、理研の完全長cDNAシステムは一気に世界の注目を集めました。すぐに国内外の大学や企業からデータ供与の依頼が殺到しました。しかし、私たちはまず、米国に端を発するシーケンスの特許問題や、メディカルサイエンスやライフサイエンス領域で幅広く使われるcDNAリソースの頒布ポリシーを決めなくてはなりません。そして、ヒトゲノム配列公開の原則や、国税を使って明らかになった遺伝子配列データを無料公開するため、それぞれのRNAについてきちんと注釈付けを行った完全長cDNAデータベースを早期に作成し、少しでも早く研究の成果を論文として出版し、同日付で無料公開することを目標にしました。その注釈付けされた国際標準データベースをつくるために、世界中の研究者たちと結成した国際研究コンソーシアムがFANTOMです (図2)。国際競争ではなく、独自技術とそれに基づく独自のデータを確立した上での国際協調、それがFANTOMの原動力だったのです。

■ データをありのままに見て

ジャンクから「RNA新大陸」を発見

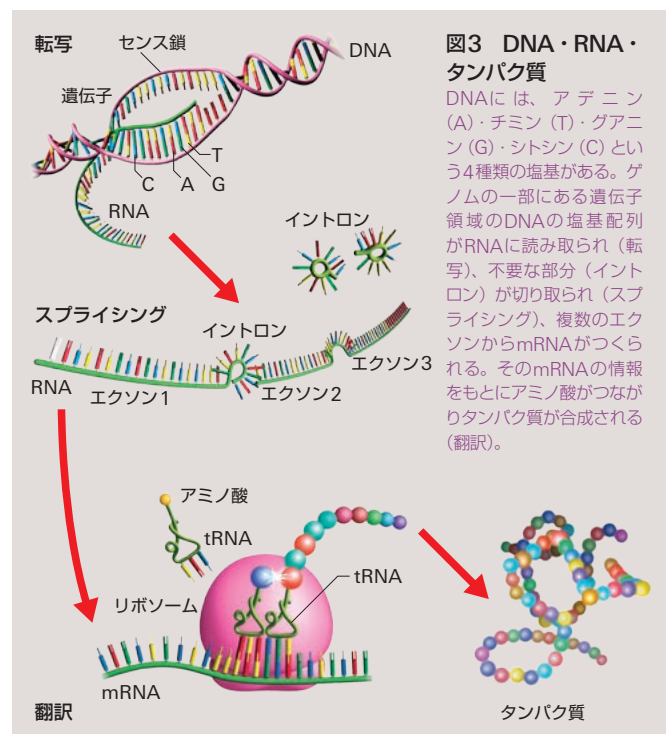
林崎: 2001年、FANTOM 1の成果として2万個のマウス完全長cDNAデータを『Nature』に発表しました。2002年には、データを6万個まで増やし、FANTOM 2の成果として発表しました。**カルニンチ:** その後、FANTOM 3で10万3,000個のデータを解析してみると、2万3,000個以上がタンパク質をつくる情報を

持たないncRNA (ノンコーディングRNA) でした。それは、従来のゲノムの常識を覆す発見でした。それまでに発見されていたncRNAは100個ほどにすぎなかったからです。

当時、日本のほかの研究グループや米国NIH (国立衛生研究所) でもRNAの研究を始めていました。しかし、タンパク質の情報を持たないncRNAには誰も注目していませんでした。

林崎: 研究室のメンバーが私の部屋に来て大量のncRNAのデータを示し、「全て発表しますか?」と尋ねました。データはありのままに見ることが重要です。私は即座に「全てのデータを公表しよう」と答えました。

1953年にDNAの二重らせん構造が発見され、遺伝子からタンパク質がつくられる仕組みの解明が進みました。この生命の「セントラルドグマ (中心教義)」により、遺伝子はタンパク質をつくるのが主な機能と考えられていました。ゲノム中でタンパク質をつくる部分が全体のわずか2%であったことから、機能が分からない残りの98%のゲノム領域は、いわゆる「ジャンク (ごみ)」と呼ばれていました。



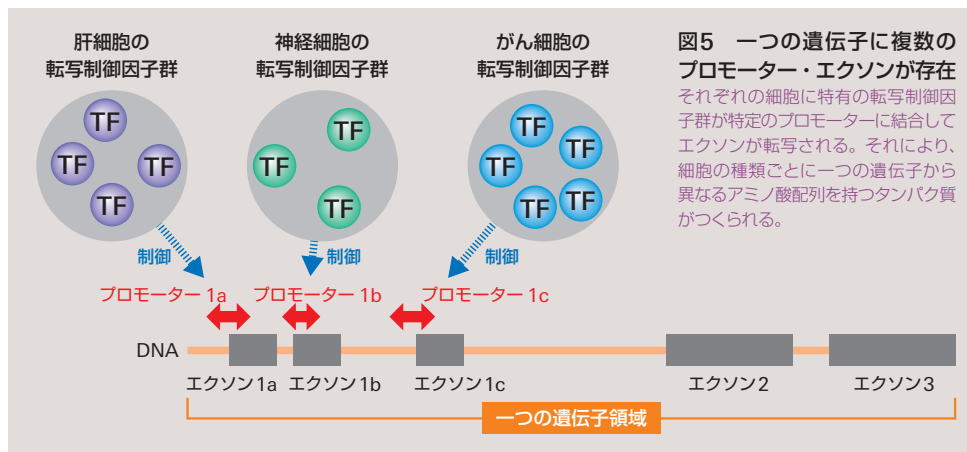


図5 一つの遺伝子に複数のプロモーター・エクソンが存在
それぞれの細胞に特有の転写制御因子群が特定のプロモーターに結合してエクソンが転写される。それにより、細胞の種類ごとに一つの遺伝子から異なるアミノ酸配列を持つタンパク質がつけられる。

ところが、それから半世紀後に私たちの研究から大量の ncRNA が見つかりました。それらは、ゲノムの 80% 以上の領域にまたがり、さらに、FANTOM の ncRNA のデータベースから、選抜された一つ一つの ncRNA の機能を証明する研究が始まり、ほとんどの RNA では対応するセンス鎖（DNA 二重らせんの反対側の鎖：図 3）からアンチセンス ncRNA が転写されたりしていることが判明しました。これらの事柄を併せると、ゲノムの大部分から ncRNA が発現しており、何らかの機能を担っていることとなります。それらは、全てタンパク質を介さない機能であり、大量の ncRNA はセントラルドグマを覆す発見です。半世紀にわたり、私たちは大部分の RNA の存在や機能にはまったく気付かず、タンパク質の情報を持つ RNA のみを研究していたこととなります。

当然のように、反論の嵐が巻き起こりました。理研が集めた ncRNA の大部分は、「ゲノム DNA から漏れ出てきた RNA であり、機能していないものである」と。しかし、FANTOM 2 で公表したデータを用いて、遺伝子の発現量に影響を与えるアンチセンス ncRNA や、3 次構造をつくりほかの RNA やタンパク質と結合してその機能を制御したりする ncRNA など、さまざまな機能を持った ncRNA が次々と見つかり始めました。それらの研究の論文とともに、FANTOM 3 の成果として、大量の機能性 ncRNA が存在することを示した論文が、2005 年 9 月の『Science』に掲載されました。一般に、大きな発見というのは、常識を否定するところから始まります。私たちは、ゲノムのフ

ロンティア「RNA 新大陸」を発見したのです。

■ 転写制御ネットワークで細胞の直接変換を可能に

—その後、FANTOM 4、5 と成果は続きます。

林崎：FANTOM 4 での大きな進展は、転写因子間の制御ネットワークを解析するシステムをつくり上げたことです。遺伝子のすぐ上流にあるプロモーターに、転写因子と呼ばれるタンパク質が結合すると、その部分のゲノム DNA から RNA が転写されて、別の転写因子などのタンパク質がつけられます。それが別の転写因子遺伝子のプロモーターに結合して、さらに別の転写因子がつけられます。そのような転写因子・遺伝子間の転写制御ネットワークにより、それぞれの細胞の表現形質の発現に必要な遺伝子が活性化され、各遺伝子からその細胞を特徴付けるタンパク質や ncRNA がつけられます。転写制御ネットワークが細胞の表現形質を決定しているのです。

京都大学の山中伸弥教授らは、iPS 細胞の開発において FANTOM 1 の成果を利用しました。そのデータベースの中から、さまざまな種類の細胞に分化する能力を持つ ES 細胞で特異的に発現している 23 個の転写因子の遺伝子を抽出し、それらを線維芽細胞に導入すると iPS 細胞に分化したそうです。さらに、これらの転写因子から iPS 細胞に真に必要な 3~4 個の遺伝子を絞り込みました。それがいわゆる「山中ファクター」です。山中ファクターにより、線維芽細胞の転写制御ネットワークが、ES 細胞の転写制御ネットワークに切り替わるのです。

作製したい種類の細胞の転写制御ネットワークのうちキーとなるいくつかの転写因子の遺伝子を、分化させる材料となる細胞に導入することで、iPS 細胞を経ずに、直接目的の細胞に変換することができるはずです。鈴木治和チームリーダー（現 IMS 細胞機能変換技術研究チーム）たちは 2012 年、線維芽細胞に、単球という免疫細胞で働く 4 種類の転写因子の遺伝子を導入しました。すると細胞の形が変わり、異物をのみ込む貪食能を持つ単球、マクロファージに似た性質の細胞に変わりました（図 4）。この直接変換の手法を発展させることで、創薬や再生医療に必要な細胞に分化させることができるようになるでしょう。

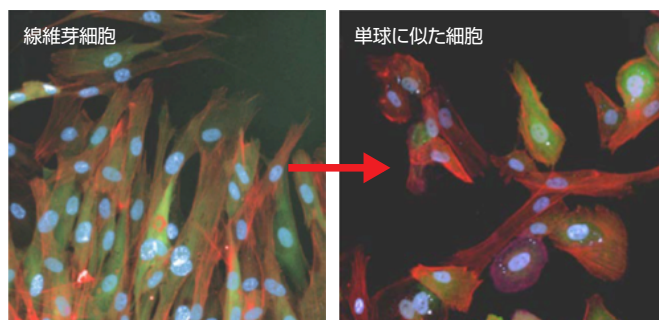
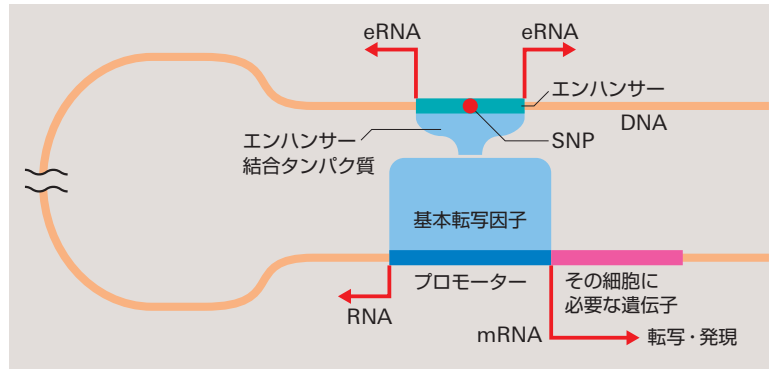


図 4 細胞の直接変換
線維芽細胞に 4 種類の転写因子の遺伝子を導入することで、貪食能を持つ単球に似た細胞に変換した。

図6 エンハンサーとプロモーターによる遺伝子発現の模式図

エンハンサーは転写因子などのタンパク質を介してプロモーターを制御し、その細胞に必要な遺伝子の発現量を著しく高める。エンハンサーの両側からeRNAが発現する。また、プロモーターでは、発現している遺伝子の反対側（上流側）からもRNAが発現していることが分かってきた。



■ プロモーター・エンハンサーの解析と医療への新展開

林崎：FANTOM 5では、CAGE法を駆使してプロモーターやエンハンサーを網羅的に解析しました。これまで、一つの遺伝子に一つのエクソン1が記載されている教科書が多く、プロモーターを一つだけ持つものが標準的な遺伝子の形態であるというイメージが、研究者の常識のように思われていました。ところがFANTOM 5で調べてみると、一つの遺伝子には、平均して数個以上のプロモーターと、それぞれに制御されるいくつものエクソン1があることが分かってきました。例えば、肝細胞に特有の転写制御因子群がプロモーター1aに結合してエクソン1aが転写され、エクソン2とエクソン3などと共にmRNAをつくり、タンパク質ができます。神経細胞ではプロモーター1bからエクソン1bが、がん細胞ではプロモーター1cからエクソン1cが転写されます(図5)。がん細胞だけで働くエクソン1は、がんを特異的に同定するバイオマーカーとなります。

ヒトの体には数百種類の細胞があります。これまで、さまざまな種類の細胞の性質を推定すること、例えば、がん細胞の転移能を見分けて正確に推定することが望まれていましたが、なかなかそれを実現する方法がありませんでした。さらに、患者から採取した病変が、がんであるか否かという病理診断は、手術の可否を決める非常に重要な情報ですが、現場の医師の長年の経験と能力にかかっていました。もし、対象となる細胞で働く全プロモーターのプロファイルを解析することができれば、細胞の種類を定義し、がん細胞を見分ける最も客観的な指標となるでしょう。

——2013年、予防医療・診断技術開発プログラム(PMI)がスタートしました。

林崎：かつて私は医師として医療の現場にいたこともあり、FANTOMなどの基礎科学の研究成果を、医療に還元する仕事がしたいと考えていました。PMIでは順天堂大学医学部との共同研究を企画し、そのうちの一つに子宮体がんの転移能と予後診断のプロジェクトがあります。子宮体がんは、予後が比較的良いがんの一つではありますが、ステージの浅い初期がんの中にも後腹膜リンパ節への転移を起こす予後の悪いがんがあり、そのほとんどにおいて病理学的な判定が困難です。そのため、ステージの浅いがんであっても、周囲のリンパ節を全て切

除する拡大郭清手術が行われています。すると、リンパ液の還流が悪くなりリンパ浮腫が起きて、生活の質(QOL)が大きく損なわれるケースがあります。

私たちは子宮体がんの転移能に関するプロモーターを見つけました。それをバイオマーカーとして、切除したがん細胞サンプルを術中診断することで、子宮体がんの手術を受ける患者の7割はリンパ節の拡大郭清手術をする必要がなくなります。

■ 病気に関する変異の多くが

エンハンサーやプロモーターにあった！

——FANTOM 5のもう一つのターゲットであるエンハンサーについて教えてください。

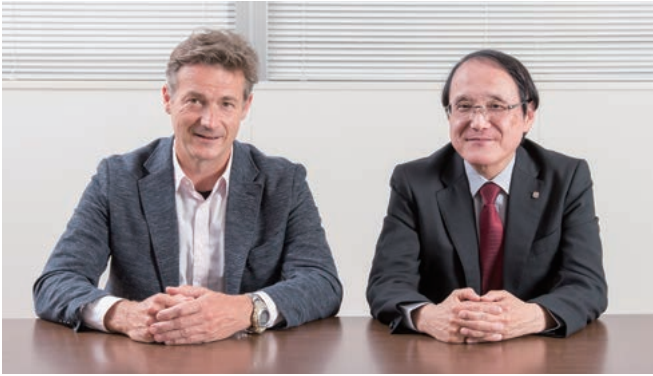
林崎：エンハンサーには、ゲノム上の離れた領域にあるプロモーターを制御し、その遺伝子のRNA転写量を著しく高める働きがあります(図6)。ただしこれまで、ゲノム上のどこにエンハンサーがあり、どのプロモーターを制御してどの遺伝子の発現量を高めているのか、よく分かっていませんでした。

2013年、がん遺伝子の発現を高めるエンハンサーを挟んで、上流と下流の両方向からRNAが発現している、という研究が発表されました。それらeRNA(エンハンサーRNA)をFANTOMのデータベースから探せば、エンハンサーの位置が分かります。また、eRNAと同時にRNA発現レベルが増えるプロモーター・遺伝子を調べることで、どのエンハンサーが、どのプロモーター・遺伝子を制御しているのか分かります。

FANTOM 5では2014年、180種類の細胞から6万5,000カ所のエンハンサーを同定。それぞれのエンハンサーが制御しているプロモーターと遺伝子を推定したデータベースをつくりました。するとエンハンサーの活性(eRNAの発現)は、非常に組織特異的であることが分かりました。つまり、ある種類の細胞では、特定のエンハンサーとプロモーターが活性化して、その細胞に必要な遺伝子の発現量を著しく高めていると考えられます。

さらに、病気に関連する「一塩基多型(SNP)」とエンハンサーの関係を調べました。個体によってゲノム配列が異なること(変異)を多型と呼びます。その中で最も多いのが1塩基だけが異なっているSNPです。

甲状腺の機能に異常が生じるバセドウ病の表現形質に関連



ピエロ・カルニンチ博士と林崎良英博士(右)

するSNPが、甲状腺の濾胞細胞で活性化している(eRNAが強く発現している)エンハンサー上に見つかりました。このエンハンサーの一つが甲状腺刺激ホルモン受容体の遺伝子の発現量に影響を及ぼしていること、さらに、このエンハンサー上のSNPがまさにバセドウ病の発症に関わる責任変異であることが分かりました。

このほか、63の疾患に関連するSNPについて、その多くが疾患に関連する責任細胞で働くエンハンサーにあることが分かりました。エンハンサーやプロモーターの位置情報が大規模に収集できた結果、疾患に関連するSNPの45%がエンハンサーに、35%がプロモーターに、そしてわずか20%がエクソンにあることが分かりました。病気に関連する変異の大半は、タンパク質をコードするエクソン領域ではなく、エンハンサーやプロモーターにあったのです。

先天性の甲状腺機能低下を示す、先天性甲状腺刺激ホルモン単独欠損症という病気があります。私は博士課程のとき、甲状腺刺激ホルモンβ鎖の遺伝子を単離同定し、その病気の原因である変異がこの遺伝子のタンパク質コード領域にあり、特定のアミノ酸が別の種類に置き換わる変異を起こしていることを発見して学位をもらいました。それは、遺伝性の病気の原因となる遺伝子変異を日本で最初に発見した研究です。発見した変異がたまたまタンパク質コード領域にあってアミノ酸変異を起こし、さらにその変異により、タンパク質中のβ鎖がα鎖と結合しなくなることを証明した論文を書いた私は幸運でした。病気への関連が考えられる変異が遺伝子領域になかったがために、未発表になった論文がたくさんあるはずで、それらがエンハンサーやプロモーターに存在しないかどうかを調べれば、病気に関連する変異が数多く見つかるでしょう。

—eRNAもバイオマーカーとして期待できるのですね。

林崎：手術中に採取したがん組織などからeRNAを高精度で検出できれば、細胞形質の識別や転移能などの性質についてより詳しく分かるはずで、しかし、eRNAは核内ですぐに分解されるらしく、検体中に微量に含まれるeRNAを検出することはこれまで非常に困難でした。最近、理研で一緒に研究している村川泰裕 PMI マネージャーが新しいCAGE法を開発したことで、微量のeRNAを検出できるようになってきました。

関連情報

- 理研ビデオライブラリー
科学のフロンティアシリーズ19
「RNAから読み解く生命の不思議」
http://www.riken.jp/pr/videos/frontiers/20160422_1/

■ 98%が機能不明のncRNAの解明へ

—FANTOMのデータには、今や世界中から2秒に1回のアクセスがあると聞いています。

林崎：FANTOMデータベースは、医療を含め、さまざまな研究への貢献度が高くなっています。特に2005年の「RNA新大陸」発表以降、ncRNAに関する論文数は飛躍的に増加しました。ncRNAに否定的だった人たちを含め、多くの研究者がncRNAの解明を目指し始めたのです。

—FANTOMにより、さらにゲノムの常識が覆されそうですね。

カルニンチ：とはいえ現在でも、ncRNAの約98%はその機能が分かっていません。2015年に開始したFANTOM 6では、これらのncRNAが持つ機能の網羅的解析および分類を目的に進めています。さらには、機能解析に向けた新たな技術開発も行っています。

林崎：発表前なので残念ながら紹介できませんが、カルニンチさんによると、ncRNAの驚くべき機能が分かってきたそうです。いよいよ、生命全体に影響を及ぼすゲノムの「暗黒物質」に切り込んでいきます。

カルニンチ：FANTOM 5では27,919種のlncRNA（長鎖ノンコーディングRNA）を同定し、約2万種に機能がある可能性を示しました。FANTOM 6ではこの機能をさらに実証していくことにより、私たちが持っている遺伝子の数の認識が大きく覆されるかもしれません。

林崎：科学的な研究の質を高めて国際的なブランドを確立したFANTOMは、今後さらに海外でも展開を広げていくことが望まれます。そのために、質の高い国際共同研究プロジェクトの提案推進を目的とした相互援助の枠組みをつくっていくことを模索しています。

カルニンチ：そうですね。今やFANTOMの実力は世界的に認識されていると感じています。私たちが培ってきた国際的な組織づくりのノウハウが新たな国際プロジェクト「Human Cell Atlas（ヒト細胞アトラス：HCA）」でも活かせるよう、理研には中核的な役割が求められています。FANTOMで得られたネットワークで世界中のゲノム科学をけん引していけるように、私たちもさらに力を尽くしていきます。今後にぜひご期待ください。

(取材・構成：立山 晃/フotonクリエイト)

横浜地区で一般公開を開催

理研横浜地区では、横浜市立大学鶴見キャンパスとの共催による一般公開を開催します。一般公開は、誰でも自由にご参加いただける施設公開です。普段は見ることのできない研究施設を公開し、これまで取り組んできた研究活動やその成果について、理解を深めていただくイベントです。

当日は、研究者による講演会をはじめ、子どもから大人まで気軽に参加できる体験イベントや、施設を巡るツアー、ポスターによる研究発表など数多くのプログラムをご用意しています。お誘い合わせの上、ぜひご来場ください。

入場無料、雨天決行。理研グッズの販売も行います。

日時	2018年9月1日(土) 10:00~16:30 (入場は15:30まで)
場所	神奈川県横浜市鶴見区末広町1-7-22
アクセス	JR京浜東北線「鶴見」駅・京浜急行「京急鶴見」駅より無料シャトルバスを運行(詳細は下記URL参照)
詳細	www.yokohama.riken.jp/openday/
問い合わせ	理研 横浜事業所 045-503-9111 (代表)



光学顕微鏡や電子顕微鏡で、さまざまな植物や微生物を観察できます。



最先端の研究を研究者自身が説明します。

放送大学特別番組「科学技術立国への挑戦」

創立百周年を迎えた理研は、放送大学学園と共同で特別番組

「科学技術立国への挑戦 ～理化学研究所の100年を通して～」を制作しました。

この特別番組は、理研の過去・現在・未来を紹介する3部構成になっており、放送大学の番組として放映されています。

また、YouTubeの「RIKEN Channel」(<https://www.youtube.com/user/rikenchannel>)でも公開しています。

第1回 「国民科学研究所」はこうして生まれた

近代国家として欧米諸国に肩を並べるには基礎となる純正理化学の研究所を設立する必要がある、と高峰譲吉や渋沢栄一が奔走した理研創立までの黎明期と、財政難に悩まされた創成期、そして「財団理研の黄金期」と呼ばれた大河内正敏 第3代所長の時代を経て戦後までを描いています。理研の誕生と成長が日本に与えたインパクトを科学技術的な側面と社会的な側面の両方から紹介しています。



第2回 科学と科学を結びつける

科学技術の発展を「ハブ(結節点)」と「基盤」をキーワードに描き、理研の「今」を紹介しています。バイオリソース研究センターやスーパーコンピュータ「京」、大型放射光施設「SPring-8」、X線自由電子レーザー施設「SACLA」などの理研の研究施設は、世界の科学技術発展の研究基盤となっており、これら基盤のもとに人と人がつながり、多くの成果が生まれています。また、理研は基礎科学特別研究員制度や大学院リサーチ・アソシエイトなど多くの若手人材育成制度を構築し、人材育成の基盤としての役割を果たしています。

第3回 科学の未来を考える

日本の科学技術のフロントランナーの役割を果たしている理研が、100年後の科学技術と社会の在り方を模索します。科学技術のこれからを語るのには、広島大学の観山正見 特任教授、放送大学学園の有川節夫 理事長、理研の松本 紘 理事長、そしてナビゲーターはサイエンス作家の竹内 薫 氏です。

——ぜひご覧ください。

ブラックコーヒーと ホーキング博士

横倉祐貴 よこくら・ゆうき

数理創造プログラム 基礎科学特別研究員

ブラックコーヒーは名前のお通り、真っ黒である。人々を魅了してやまないこの真っ黒な液体は、基本的には、香り、酸味、コク、苦味という四つの要素から成るが、それだけでは語り切れない奥深さがある。個人的には、二つの極端なものが好きだ。一つはロブスタ種とアラビカ種が半分ずつ入ったイタリアのバルを彷彿とさせる強烈で刺激的なエスプレッソ (写真1)。もう一つは、浅煎りの香り高く酸味も含んだフルーティーで繊細なハンドドリップコーヒー (写真2)。私にとっては、コーヒーは平日の仕事の合間のリフレッシュや休日のゆっくりとした時間を効果的に演出してくれる大切な要素である。

ブラックホールも真っ黒である。それは、一般相対論によって予言されている、光でさえも出られないほど重力の強い星だからである。それに物を投げ入れると、中心に向かって落下し、奥深くにある特異点という点にのみ込まれる。その結果、内部は空っぽで、質量、電荷、角運動量という三つの要素でしか区別がつかない。この異常なまでにシンプルな黒い星に人々は畏怖の念を抱いている。

ブラックコーヒーをブラックホールに落としたり、コーヒーの種類などの情報はどこに行ってしまうのだろうか？ この問いを考えた一人がスティーブン・ホーキングである。

写真1 ● 直火式エスプレッソはとても簡単でオススメです。



写真2 ● まずはエチオピア・イルガチエフを試してみてください。



写真3 ● 筆者近影。黒板は私の理論を表しています。

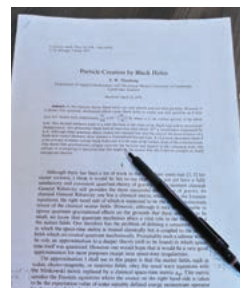


写真4 ● ホーキング博士の原論文。何度読んでも気付きがあります。

1974年、彼は、量子力学の効果により、ブラックホールは温度を持ち、熱を放出して痩せ、そして最終的には蒸発することを示した。コーヒーがコーヒーカップから蒸発する場合、その匂いの分子などが空気中に拡散するため、その情報は分かりづら残っている。だが、ブラックホールが蒸発する場合、落下したコーヒーの情報は、ブラックホールの蒸発とともに消えてしまうことをホーキングは指摘した。これは困ったことである。というのも、量子力学の法則に反するからである。この情報問題はいまだに解かれていないが、それは現代物理学をこれまで大きく進展させることに貢献してきた。

ブラックコーヒーとブラックホールはどれくらい違うのだろうか？ 外見はどちらも真っ黒だが、コーヒーは液体が入っていて、ブラックホールは空っぽだと考えられている。だが、誰もブラックホールの中を見たことはない。“ブラックホール”と我々が考えているものは本当は何なのだろうか？ 私は、量子力学と一般相対論を同時に扱って、ブラックホールの中身を調べている (写真3)。もしブラックコーヒーとブラックホールの違いが重力の強さの違いでしかないならば、情報は、コーヒーの蒸発の場合のように、ブラックホールの蒸発とともに戻ってくるのではないだろうか。

私はホーキング本人に会ったことはない。いつか会って、自分の理論を紹介したいと思っていた。残念なことに、それはかなわなかった。彼は2018年3月14日にこの世を去った。しかし、コーヒーを飲みながら彼の原論文 (写真4) を読み返すたび、彼の大胆な発想とそれを形にしようとする情熱に鼓舞され、新しいアイデアが湧いてくる。熱いコーヒーとホーキングの熱い意志が、宇宙の新たな情報をブラックホールから生み出している。

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)

理研 寄附金
Support RIKEN

