

CASE 1

「京」での先端原子核多体計算とニュートリノ質量

素粒子の一つであるニュートリノは多くの謎に包まれている。その一つは質量であり、極めて軽いもののゼロではなく、その発見が梶田博士のノーベル賞受賞となった。しかし質量そのものは未知である。有力な測定方法として二重ベータ崩壊というプロセスがあり、例えばカルシウム48原子核がチタン48原子核に変わる半減期^{*}から質量が分かる。ただし、半減期とニュートリノ質量を結びつけるには核行列要素と呼ばれる係数が必要で、陽子や中性子からなる量子系の性質で決まる。今回、東京大学のグループはスーパーコンピュータ「京」(けい)を用いてそれを高い精度で計算した。



「京」(提供:理化学研究所)



物質は原子の集まりで、原子は原子核と電子から構成される。原子核は多数の中性子と陽子から成る。図の上半分に示されているように、中性子は「ベータ崩壊」という現象により陽子と電子に変わる事がある。その際にニュートリノの反粒子である反ニュートリノが放出される。ニュートリノの素性には分かってない事が多く、その一つがニュートリノと反ニュートリノは同じ粒子か(マヨラナ粒子仮説)、違う粒子か(ディラック粒子仮説)、という問題である。粒子と反粒子はお互いに相手を消滅させるので、一つの粒子が両方の性質を持つ事は、信じられないような奇妙なことである。しかし、ニュートリノでは起こり得るし、多分そうであろうと信じられている。反ニュートリノが1

個にいる限り、これは大した事ではなさそうだが、2個の中性子が同時にベータ崩壊すると、つまり二重ベータ崩壊が起こると大問題となる。2個の反ニュートリノの内、1個がニュートリノのように振る舞い、2個が互いに消滅し合う。陽子2個は原子核に残り、電子2個だけが放出される。それが図の下半分に示されている「0(ゼロ)ニュート

リノ二重ベータ崩壊」と呼ばれる現象である。それを観測し、それが起こる頻度を測定することによって、この過程の半減期が分かる。その半減期をニュートリノの質量に結びつけるには核行列要素が必要で、関係式が図に示されている。

核行列要素の計算は決して簡単ではない。図にあるように、二重ベータ崩壊をする前の原子核は多数の中性子や陽子が量子論に従って塊になっている。その中から、中性子2個を抜き出し二重ベータ崩壊により陽子2個に変え、崩壊後の原子核に作り替える過程の、言わば起こりやすさを計算する。該当する2個の中性子や陽子だけでなく、他の多くの中性子や陽子も関わるので、非常に大規模な数値計算になる。それを実現するには高性能のスパコンだけでなく、その性能を活かす量子多体系の物理理論や計算機コードが必要である。

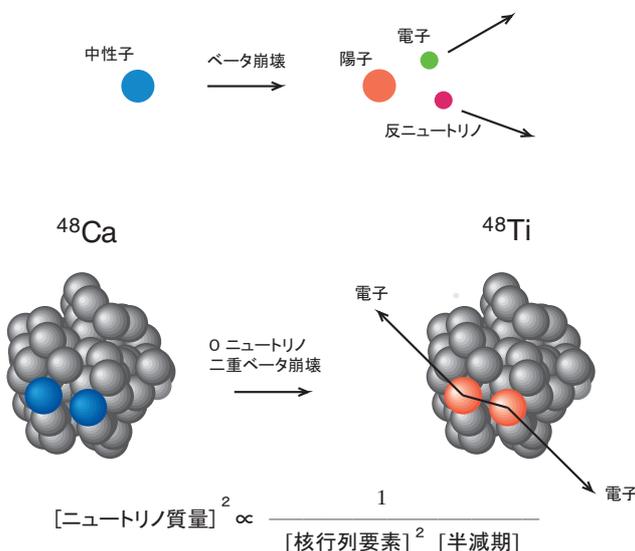
このような数値計算は元々は原子核の量子構造を探究するためのものであった。一方、原子核の性質が分かると、この例のように他の様々な分野で役に立つ。そのためにも、さらに大型の計算をすべく研究が進められている。ニュートリノの質量は宇宙の進化にも関わり、その精密な決定は大きな意味を持ち、核行列要素も精度よく決める必要がある。0ニュートリノ二重ベータ崩壊の実験は他にもいくつかの原子核で行われているが稀にしか起きない現象なので観測は成功していない。それらの核行列要素の計算も含め私達の研究は続いている。

本研究は、Y. Iwata, *et al.*, *Phys. Rev. Lett.* **116**, 112502 (2016) に掲載された。

(2016年3月17日プレスリリース)

^{*}半減期: ある確率で物体Aが時間の経過とともに物体Bに変わる場合、初めにN個あった物体Aが半数のN/2個になるまでの時間。

ベータ崩壊と二重ベータ崩壊



CASE 2

分子系統地理学に 正確な「根」をもたらし

激動の氷河期を経て生物はどのように現在の分布域を形成したのか。生物集団のDNA配列に刻み込まれた情報をひもとくことで、その空間的・時間的な背景を明らかにし、多様な生物からなる生態系が形作られてきた歴史に光をあてることができる。分子系統樹はその中で特に大きな役割を果たすが、そのために欠かせないのが分子系統樹の根を決定する「ルーティング」と呼ばれるプロセスである。これまで、安定したルーティングを行うことはかなり難しい問題であったが、私たちは新しいシーケンス技術でこの難題を解決した。

あったが、新たに得られたミトゲノムデータを解析したところ、ルーティングの安定した信頼性の高い分子系統樹が得られた。その結果、これまで知られていなかった日本海系統内の北部系統と南部系統の存在が明らかとなり、このうち北部の系統は過去に急拡大した一方で、南部の系統は拡大しなかったことが明らかとなった。さらには、約350万年前に日本海南方の対馬海峡が開いた時期にアゴハゼが日本海に侵入し、それ以降の日本海の隔離によって、太平洋側と日本海側の集団を分断したことが考えられた。

この地球上の環境変動と生物の歴史とは密接に関係している。ミトゲノムを用いた分子系統地理学は、その関係をより精緻に解明していこう。

本研究は、S. Hirase, *et al.*, *Genome Biol. Evol.* 8(4), 1267-1278 (2016) に掲載された。

(2016年4月26日プレスリリース)

※注 2015年まで生物科学専攻特別研究員

ミトゲノムを解析に用いたことで日本海系統のルーティングが安定し、北部系統と南部系統が存在することが明らかになった。

生物は共通の祖先から分岐を繰り返すことで多様化する。この「枝分かれ」の様子を樹木になぞらえて表現したものが系統樹である。現在では、DNA配列の情報を用いて構築された分子系統樹が多く用いられ、分子系統地理学においても重要なツールとなっている。分子系統樹は例えば生物が分岐した年代の推定に用いられるが、そのためには外群(対象の生物集団ではないが、近縁な関係にある生物)のDNA情報を用いて分子系統樹の根(対象の生物集団と外群が分岐する位置)を決定する「ルーティング」を正確に行うことが重要となる。しかしながら、ルーティングは、とりわけ、ごく近縁な集団の遺伝的関係の解析を行う分子系統地理学においては困難であった。

ミトコンドリアDNAは、母系遺伝し、進化速度が速く、組み換えを起ささないという特徴を持ち、生物集団の分岐プロセス(系図)を辿りやすいため、分子系統地理学においてよく用いられる。これまでの、コストや時間の制約からその部分配列のみを解析することが行われてきたが、全塩基配列(ミトゲノム)の情報を多個体について一挙に取得し、その情報をすべて解析すれば、ルーティングを正確に行うことができるのではないだろうか? 私たちはそう考え、新型のDNAシーケンサーを用いて多数のミトゲノム情報を高速かつ低コストで得る手法によって、解析を行った。

今回解析の対象としたのは、ハゼ科の海産魚であるアゴハゼのうち、現在、日本海に分布する系統である。ミトコンドリアDNAの部分配列のみを用いた従来の研究ではルーティングは不安定で

