

大地震の摩擦と破壊のエネルギーはどのくらい？

— 大地震発生後のすべり帯から直接測定 —

田中 秀実 (地球惑星科学専攻 講師)

地震は地殻に蓄積された力(応力)が断層滑りによって解放される時に発生する。その名の通り地震は地表面に揺れをもたらすので、一般に地震といえば弾性波動の側面が強調されることが多い。しかし、地震を応力解放過程としてみた場合、弾性波動によるエネルギー散逸は意外に小さく、断層面の破壊(破壊エネルギー)や断層面のすべり摩擦(熱エネルギー)によってかなりのエネルギーが散逸することが、理論的にまたは実験岩石学者の間では定性的に予想されていた。断層滑りの開始から終了までのこれらのエネルギーの動的散逸を概念的に図1に示した。

大地震で消費される全エネルギーはいったいどのくらいなのか？各散逸過程はそれぞれどの程度のエネルギーをどのように消費しているのか？地震の際の断層帯の破壊と熱に関する物理量と物理過程は、地震学によって正確に検知することが原理的に難しいため、これらの疑問は素朴かつ重要であるにもかかわらず、長らく放置されたままだった。この問題は大地震を起こした直後の断層帯を掘削し、その物理・化学的狀態を精密に測定することによって解決する糸口が見つけ

られた。

台湾は、日本の最西端である沖縄県と那国島から海上160 km西に位置し、九州とほぼ同じ大きさの島である。台湾で1999年に発生した集集地震(Mw 7.7)は、大きな人的被害を台湾中央部にもたらすとともに、南北全長100 kmにわたる活断層〔車籠埔(チェルンブ)断層〕を地表に現した。この断層において2000～2001年、2004～2005年の二度にわたり、断層の貫通掘削が試みられた。掘削によって断層帯の破壊された岩石(断層岩)を回収し、また掘削孔の断層帯の物理計測によって、地震すべりの波動以外のエネルギー、すなわち破壊と熱エネルギーの問題を解くためである。

2001年の貫通掘削は難航の末に成功し、断層帯の摩擦残留熱が世界で初めて捕捉された(図2)。ただし、地震によって破壊された岩石の回収は困難を極め、コアの回収率が低く、最終的な結論は、2004年から開始された2000 m掘削まで持ち越された。2004～2005年の掘削では、掘削コアの回収率と品質は前回よりも大幅に改善されたため、破碎帯の熱属性測定が可能となり、2001年の残留熱に基づいて、断層帯の摩擦熱による散

逸エネルギーが計算された(約 4×10^{17} J)で広島型原爆に換算すると約18000発に相当)。この結果と、すでに計算されていた波動および破壊エネルギーに基づいて見積もられた地震効率(波動エネルギー/全エネルギー)は、わずか1～3%で、大地震ではほとんどのエネルギーが熱によって散逸することが明らかにされた。

大地震の際の応力解放に伴うエネルギー散逸のうち、地震断層の滑りに伴う応力降下の際に消費されるエネルギーは、ブレイクダウンエネルギーと呼ばれる。このエネルギーの本性は明らかでなかったが、おそらく破壊エネルギーに対応するであろうと推定されてきた。2005年の2000 m掘削コアを用いて、滑り帯を同定、および滑り帯に含まれる粉碎物質(断層ガウジ)の総粒子の表面積を計測することによって、地震すべりの真の破壊エネルギーが直接定量された。その結果、真の破壊エネルギーは、ブレイクダウンエネルギーの10%、最大でも40%程度であることが明らかにされた。すなわち地震にはいまだに想定されていない散逸エネルギーが存在するということになる。

上記の一連の研究によって、大地震のエネルギー散逸構造が物質科学的な手法によって定量できることが示されつつある。この新たな一石によって、これまで地震波物理学のみが主力武器であった地震発生ダイナミクスの研究は、新たな局面を迎えるであろう。

本報告は、K. F. Ma, H. Tanaka *et al.*, *Nature*, **444**, 473-476, 2006, H. Tanaka *et al.*, *GRL*, **33**, doi:10.1029/2006GL028153, 2006, H. Tanaka *et al.*, *GRL*, **34**, doi:10.1029/2006GL028153, 2007の一連の研究をダイジェストしたものである。

(2006年11月22日プレスリリース)

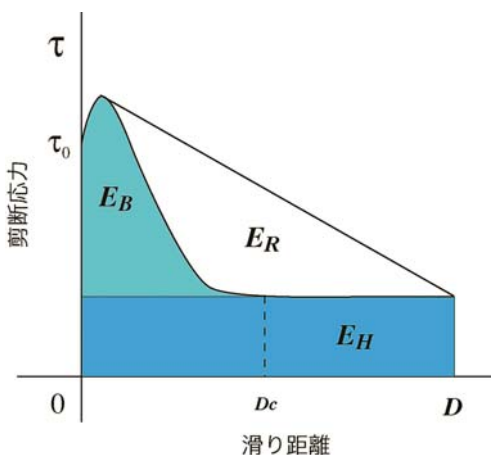


図1：地震エネルギーの散逸概念図。 E_H 熱エネルギー、 E_B ブレイクダウンエネルギー、 E_R 弾性波動エネルギー

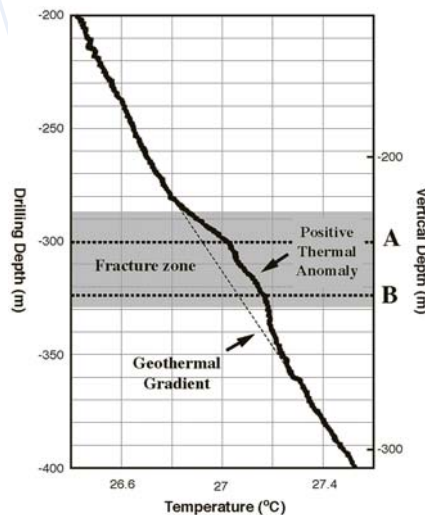


図2：断層帯の摩擦残留熱

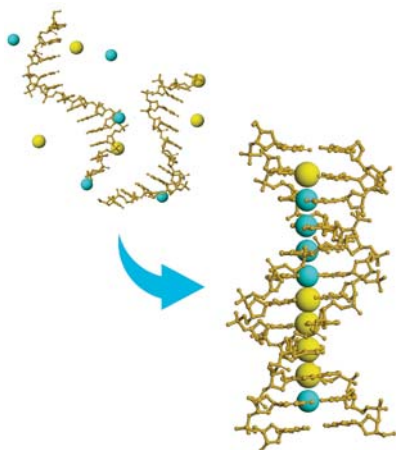
人工 DNA で 2 種類の金属イオンを自在に並べる

塩谷 光彦 (化学専攻 教授)

2種類以上の金属イオンの数と順番を制御して並べることは、きわめてむずかしい。私たちのグループは、人工の二本鎖 DNA の中心に 3 ~ 10 個の銅イオンと水銀イオンをいろいろな順番で並べることに成功し、ドイツの T. カレル (T. Carell) らのグループと共同発表した。ひも状に並んだ金属イオンの数と順番は、一本鎖 DNA 上の塩基の数と順番に正確に対応する。複数種の金属イオンの配列をプログラミングする優れた方法につながりそうだ。

DNA は、生物の遺伝情報を記録している鎖状高分子である。一本鎖 DNA 上には、アデニン、チミン、グアニン、シトシンの 4 種の塩基が並んでいる。2 本の一本鎖 DNA が会合して二本鎖 DNA を形成するとき、アデニンとチミン、グアニンとシトシンが、それぞれ水素結合で塩基対をつくる。遺伝情報伝達の基本ルールである。たった 4 種類の塩基でも、鎖が十分に長くなれば、可能な配列の数は天文学的である。塩基対形成のルールで、複雑な配列の情報も正確に伝わる。このような DNA の特徴は、異種の機能ユニットを主鎖の上に自在に配列することを可能にする。

DNA の 4 種の各塩基を金属イオンと



■ 図 1：まぜるだけでできる金属錯体型人工 DNA

結合する配位子 (人工塩基) に置き換えれば、人工 DNA の中心で両方の鎖の塩基にはさまれる形で金属イオンが並ぶかもしれない。このことは、塩基の部分に銅イオンに強く結合する配位子で置き換えた一本鎖人工 DNA 分子と銅イオンを水中で混ぜると、二重鎖が 100% の収率で形成され、そのらせん軸上に塩基の数だけの銅イオンが並ぶことにより証明された (2003 年の Science 誌に掲載)。次の目標は、異なる 2 種以上の金属イオンを自在に並べることだった。

今回は、銅イオンに結合しやすい塩基と水銀イオンに結合しやすい塩基を設計・合成し、一本鎖 DNA 上に数と順番を制御して並べた。この一本鎖 DNA の水溶液に銅イオンと水銀イオンを混ぜるだけで、中心に両イオンが整列した人工二本鎖 DNA が組み上がった。並んだ銅イオンと水銀のイオンの数と順番は、一本鎖 DNA 上の二種類の塩基の数と順番に一致した。また、一本鎖 DNA 上の塩基の数と順番を変えることにより、金属イオンの数と順番を変えられることがわかった。

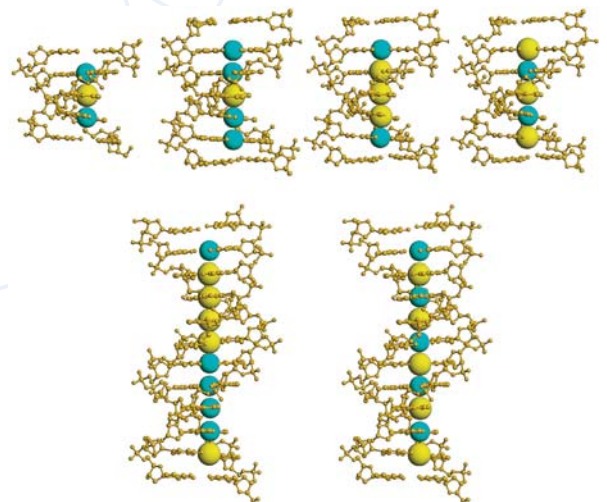
遷移金属イオンには多くの種類があり、さらにそれぞれが異なる酸化状態をとることができる。したがって、個々の金属

イオンの電子のやりとり、小さな磁石としての振るまい、光に対する反応性などはさまざまである。多種の金属イオンの並び方を自在にプログラムすることができれば、並び方に対応した新しい機能をもつ金属集合体の開発につながると考えられる。「ヘテロ分子電線」「ナノ合金」といった言葉が、この研究のキーワードになりそうだ。

金属イオンの配列を情報とみるのも面白い。たった 2 種類の金属イオンを並べる場合を考えても、3 個の場合は 6 とおり、5 個の場合は 20 とおり、10 個の場合は 528 とおりもの並べ方がある。数少ない材料で多くの種類の分子 (情報) をつくる方法でもある。天然 DNA は、塩基配列の情報が固有のタンパク質と対応し、新たな機能を生んでいる。はたして、フラスコの中でセントラルドグマを実現できるか？

本研究は、K. Tanaka, G. H. Clever, Y. Takezawa, Y. Yamada, C. Kaul, M. Shionoya, and T. Carell, *Nature Nanotech.*, **1**, 190-194, 2006 に掲載されており、*Nature*, **444**, 698, 2006 にも紹介記事が掲載された。

(2006 年 11 月 24 日プレスリリース)



■ 図 2：いろいろな配列

抗体遺伝子が多様化するまったく新しい仕組みを解明

— 免疫系の起源と進化の謎に迫る —

名川 文清 (生物化学専攻 講師)

私たちヒトの免疫系は、限られたゲノム情報(約 30 億塩基対)を基に多様な抗体遺伝子を創り出すため、ゲノムを V(D)J 組み換えと呼ばれる「切断・再結合」システムにより再編成し、実に 100 兆種類に及ぶ多様な抗体遺伝子を創り出すことができる。この免疫系の起源を探るため、もっとも下等な脊椎動物のひとつであるヤツメウナギの抗体の遺伝子について解析した。その結果、ヤツメウナギの場合は、「切断・再結合」ではなく、染色体上にバラバラに散らばって存在する多数の遺伝子断片を、さまざまな組み合わせや長さで「コピー」して継ぎ合わせることで、100 兆種類に及ぶ多様な抗体遺伝子を作り出していることが明らかになった。

ヒトを含む高等動物の免疫系は、外界から侵入してくるきわめて多様な病原体を認識・排除するために、自らの DNA をリンパ細胞において「切断・再結合」することにより、DNA をさまざまな組み合わせで再構成し、実に 100 兆種類を超える多様な抗体遺伝子を作ることができる。このように高度に発達した免疫

系はどのように進化してきたのであろうか? 高度に発達した獲得免疫系は、もっとも下等な脊椎動物であるヤツメウナギなどの無顎類からその存在が認識されていた。しかしながら、無顎類は私たちも持っているタイプの抗体はもっておらず、どのようにして多様な病原体を認識しているのかについては不明であった。ところが最近、ヤツメウナギにおいて、ヒトなどに見られる抗体とはまったく異なるタイプの抗体(variable lymphocyte receptor: VLR)が報告され、免疫系の起源について新たな問題が提起された。ヤツメウナギの VLR も、ヒトの抗体の場合と同様、遺伝子の再編成によりきわめて多様なものが作られるが、この仕組みについてはまったくの謎であった。

私たちは、このヤツメウナギの VLR 遺伝子がリンパ細胞でどのように作り上げられ多様化するのかを、カワヤツメ(図 1)を用いて解析した。その結果、周辺に散らばっている多数の遺伝子の断片が、さまざまな組み合わせで「コピー」されて、繋ぎ合わされることにより遺伝子ができあがること明らかとなった(図 2)。また、どの遺伝子断片をどのよう

な順番でコピーするのか、またそれら遺伝子断片のどこからどこまでをコピーするかをさまざまに変化させることにより、きわめて多様な遺伝子を創り出すことができることが明らかとなった。

本研究で明らかになったように、下等な脊椎動物では「コピー」のシステムが、いっぽうヒトなどでは「切断・再結合」のシステムが抗体の遺伝子の形成と多様化に使われている。これら 2 つのまったく異なる抗体遺伝子多様化のシステムが、脊椎動物の進化の過程でどのように生じたのか、また、なぜ高等動物はそのうち一方のシステムを利用するようになったのかなどについては今後の課題である。本研究で示された「コピー」による遺伝子多様化のシステムが、われわれヒトに何らかの形で残っているかどうかについても興味深い問題である。いずれにせよ、本研究の成果は、免疫系の起源とその進化についての謎を解くための大きな手がかりになると期待される。

本研究は、F. Nagawa *et al.*, *Nature Immunology*, **8**, 206-213, 2007 に掲載された。

(2006 年 12 月 21 日プレスリリース)



図 1: カワヤツメ (*Lethenteron japonicum*)。目の後ろに 7 個のえらの孔があり、それが一見、目のようにみえることから「八目」と呼ばれる。体は細長く、約 50 ~ 60 cm。ビタミン A を多く含み、食用とされる。丸い口の内側に小さな歯が多数生えおり、吸い付いた魚などの肉に穴をあけ、その体液を吸って暮らしている。ヤツメウナギなどの無顎類は脊椎動物のうち顎を獲得する前に分岐したもっとも古い系統群で、約 5 億年前に出現したと考えられている。顎がなく口が丸いので円口類とも呼ばれる。

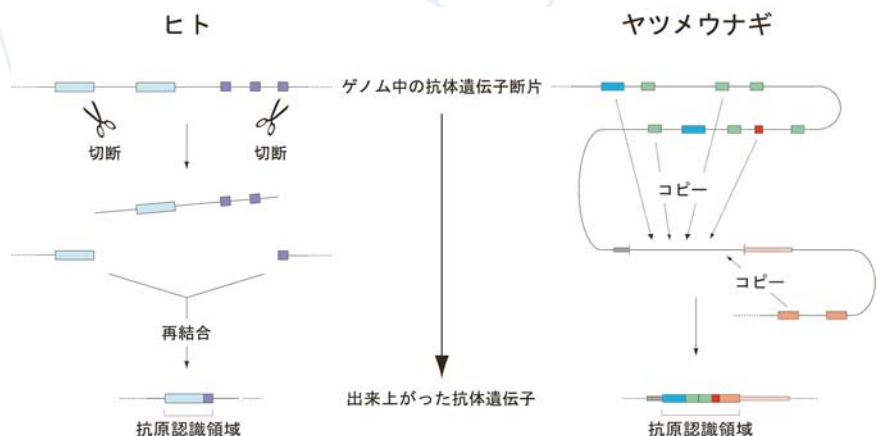


図 2: ヒトとヤツメウナギの抗体遺伝子は異なる方法で作られられる。私たちヒトの抗体遺伝子は、ゲノムの遺伝子断片を「切断・再結合」することにより創り出される。いっぽう、ヤツメウナギの抗体の遺伝子は、ゲノムの遺伝子断片を「コピー」して繋ぎ合わせることで創り出される。

タンパク質と RNA が協調して 基質に適合するポケットをかたちづくる

—グルタミル tRNA 合成酵素による tRNA に依存したアミノ酸認識のメカニズム—

関根 俊一 (生物化学専攻 講師), 横山 茂之 (生物化学専攻 教授)

タンパク質合成において重要な役割を演じている酵素の一種 (グルタミル tRNA 合成酵素) は, RNA と会合することによってはじめて基質 (アミノ酸) を特異的に認識し, 他の類似の基質と識別できるようになる。X 線結晶構造解析により, RNA とタンパク質が協調して基質と相補的なポケットを作り, 特異的な認識を達成できるようになるしくみが明らかになった。

生命活動で主要な役割を演じているタンパク質は, 20 種類のアミノ酸が連なってできており, 遺伝子の情報に基づいて合成される。DNA の塩基配列に対応して順序よくアミノ酸をつなげていくこのプロセスを遺伝暗号の翻訳とよぶが, 翻訳では転移 RNA (tRNA) とよばれる RNA の一種が重要なはたらきをしている。tRNA はその末端にアミノ酸を結合し, 塩基の配列をアミノ酸の配列に変換する橋渡しの役割をする。翻訳が正常に行われるためには, 20 種類のアミノ酸の各々が, そのアミノ酸専用の tRNA と正しく結びついていなければならない。それを実現しているのがアミノアシル tRNA 合成酵素 (aaRS) とよばれる 20 種類の酵素である。各々の酵素がひとつのアミノ酸を担当しており, 適切なアミノ酸と tRNA のペアを高い精度で選び出して結合させる。正確なタンパク質合成はこの

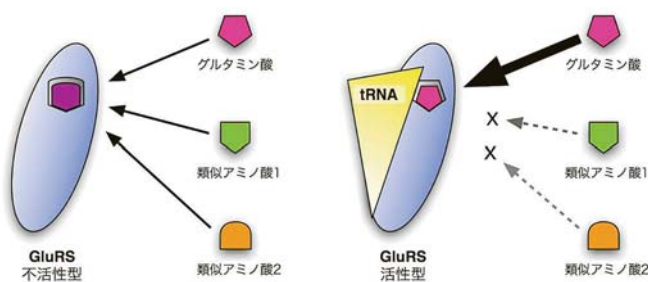
厳密な対応づけによって達成されている。タンパク質合成を支えている aaRS は, 生命の歴史上もっとも古くから存在している酵素と考えられているが, 事実いくつかの aaRS には原始的ともいえる特徴がみられる。20 種類の aaRS のうち, 「グルタミン酸」に対応する合成酵素をグルタミル tRNA 合成酵素 (GluRS) とよぶ。興味深いことに, GluRS はタンパク質単独では触媒能力がない。また, アミノ酸の識別能力がなく, グルタミン酸以外の類似のアミノ酸とも会合してしまう (図 1 左)。ところが, GluRS は tRNA と会合することによって活性型になり, 厳密にグルタミン酸だけを認識できるようになる (図 1 右)。このことから, tRNA は単なる基質ではなく, GluRS と会合することによってタンパク質の構造を変化させる活性化因子として働き, 厳密なアミノ酸認識を可能にしているのではないかと考えられるようになった。

この RNA に依存したアミノ酸認識の分子機構を明らかにするために, GluRS 単独と GluRS-tRNA 複合体それぞれについて結晶解析を行って三次元構造を比較したところ, アミノ酸の会合の仕方が tRNA の有無によって異なることが分かった (図 2A,B)。GluRS 単独では, グルタミン酸を結合するポケットは不完全で, グルタミン酸によく適合しない (図 2C)。いっぽう, GluRS-tRNA 複合体では, タンパク質と RNA が協調して, かたち, 大きさ, 電荷分布の点でグルタミン酸を収容するのに最適な (かつそれ以外の不適切なアミノ酸と

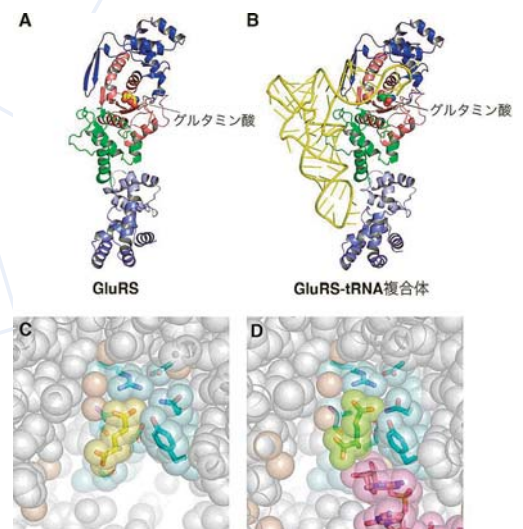
会合ポケットを形成していた (図 2D)。このように, RNA とタンパク質が一体となることによってはじめて特異的なアミノ酸認識が達成され, 正確な翻訳が可能になるしくみが明らかになった。

タンパク質-RNA 複合体として機能する生体分子は数多く知られている。本研究の成果は, aaRS による厳密なアミノ酸認識機構を解明し, 遺伝暗号翻訳のメカニズムの一端を明らかにしたというだけでなく, タンパク質と RNA が協調的にはたらくようすを原子レベルで解明した数少ない例として重要である。GluRS のように機能の一部を RNA に依存している aaRS は, GluRS を含めて 3 種類しかない。これは生命の起源において RNA がタンパク質合成の主役をつとめていたことの痕跡ととらえることもでき, RNA から多彩な機能をもったタンパク質へと分子の役割が移り変わってきた道筋を考えるうえでも重要な知見となるだろう。

本研究は, S. Sekine *et al.*, *Structure*, **14**, 1791-1799, 2006 に掲載されている。
(2006 年 12 月 13 日プレスリリース)



■ 図 1: GluRS によるアミノ酸の認識は tRNA に依存している



■ 図 2: GluRS と GluRS-tRNA 複合体によるアミノ酸の結合様式のちがいが