

モンスターの数学

松尾 厚 (数学科)

matsuo@ms.u-tokyo.ac.jp

モンスターという言葉聞いて、読者は何を想像されるだろうか。昔のヒット曲の題名であろうか。あるいは、現在連載中の人気漫画の題名を思い起こす方もいらっしゃるかも知れない。数学の世界でモンスターと言えば、最大の散在型有限単純群のことである。

群というものは、形式的に言うと、積(二項演算)の与えられた集合で、結合法則を満たし、単位元が存在し、すべての元が逆元を持つものである。ただし積は交換法則を満たすとは限らない。例えば、数字 $1, 2, \dots, n$ の置換(並べ換え)全体のなす集合は、二つの置換を立て続けに行ったものをそれらの置換の積であると考えることによって群となる。

ところで、群 G が与えられたとき、その元全体をうまくグループ分けして、その各グループを一つの元とみなすとき、グループ全体 Q が再び群となることがある。このとき、単位元を含むグループ N はそれ自身群をなし、与えられた群 G はグループ全体のなす群 Q と一つのグループのなす群 N に分解されたと考えることができる。単純群とは、この種の自明でないグループ分けが不可能な群のことである。

元の個数が素数であるような群は単純群であるが、それ以外の単純群で一番小さいものは60個の元からなる交代群 A_5 であり、群 A_n ($n \geq 5$)は単純群の系列をなす。それら以外の単純群で一番小さいものは168個の元からなる線型群 $GL_3(2) = PSL_2(7)$ であるが、このタイプの単純群も複数の系列をなして無限にある。以上のもの以外の有限単純群が26種類あり、散在型の有限単純群と呼ばれる。そのうちの最大のもがモンスターである。

長々と有限群について述べたが、実は筆者の専門は有限群論ではなく、無限次元 Lie 環の表現論である。その筆者がモンスターに関係する研究をするようになるとは、自分自身想像だにできなかったことであるが、いまにして思えば、1993年に米国を短期訪問したのがその転機であった。筆者は、当時の研究テーマと直接関係する研究を精力的に進めていた Yale 大学の教授に会い、自らの研究成果を報告するとともに彼の薫陶を受けるべく、New Haven を訪れたのだ。実は彼こそが、モンスターが作用する自然な空間「ムーンシャイン加群」を構成して見せた研究グループの中心人物であった。彼は「モンスターに関する話題は非常に重要だから、研究とは言わないまでも、勉強はしておきなさい。」と述べ、彼の著書のイントロを読むよう薦めた。これを真に受け

て勉強を始めたのが、筆者とモンスターの付き合いの始まりであった。

モンスターはおおよそ 8×10^{53} 個の元からなる巨大な群であるが、極めて例外的で、かつ面白い性質を持つ実に興味深い群である。とりわけ「ムーンシャイン」と呼ばれる、モンスターの表現とモジュラー関数との間の不思議な関係が人々を惹き付けてきた。ムーンシャイン加群もこれを解明するために考えだされたものである。ムーンシャイン加群を用いたムーンシャインの研究は、その主要な予想が解決されて(それはフィールズ賞につながる重要な研究であったが)一段落した感がある。しかし、モンスターについては、様々なことが分かっている反面、理解できていないこともまだまだ多い。

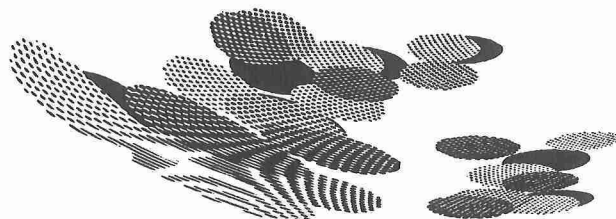
尤も、筆者はやはり群論家ではないので、群論的にモンスターを調べているわけではない。ムーンシャイン加群の性質を調べ、それに基づいてモンスターの性質を導きだそうとしているのである。挑発的な言い方をすれば、モンスターの世界から群論を追放してしまえ、というのが筆者の立場である。

この方向の研究は、実はある日本の研究グループが先鞭を付けたものなのだが、筆者の研究室でも最近いくつかの研究成果が得られた。例えば、モンスターは、ムーンシャイン加群の一部である196884次元の可換非結合的代数に自己同型群として作用していることが知られている。この代数の元の随伴作用のトレースに関するある恒等式がモンスターの群論的構造を用いて得られていたが、筆者は最近の研究で、この恒等式はモンスターの構造とは無関係に、ムーンシャイン加群の性質から直接に導かれることを示した。この恒等式は、代数の非結合性の度合を強く反映するものであると同時に、モンスターの元的作用に関する著しい拘束条件を与えているとみることができる。これをヒントにして、ムーンシャイン加群の新しい部分加群を見つけて、それに従うムーンシャイン加群の分解からモンスターの元的作用を具体的に記述する研究も進みつつある。この方面の研究は、まだまだ始まったばかりであると言えよう。

さて、昨今の数学の世界は、専門分野が細分化されると同時に、細分化された一つの分野に留まっていて飯が食える状況ではなくなってきた。最低でも二つ以上の分野についての知識と能力がなければ、職業数学者として継続的に論文を書くのは難しいように思われる。モンスターに関する数学においても、複数の分野が交錯して美し

い世界を織り成しており、その研究には広汎な知識と経験が必要である。実際、有限群論はもちろんのこと、組合せ論、符号理論、保型関数論、無限次元 Lie 環の表現論、共形場理論などの分野がモンスターと関係している。さらに、直接の関係は解明されていないが、一般コホモロジー論、モジュライ空間の理論なども隣接する分野と言える。こういった周辺分野も視野に入れつつ、研究を続けて行きたいと考えている。

本稿では、これらの周辺分野との関わり等について詳しく述べる余裕はなかったが、興味をもたれた読者は、原田耕一郎著「モンスター 群のひろがり」岩波書店を御覧頂きたい。



量子コンピュータ・量子通信の研究 — 量子情報科学へ

今井 浩 (情報科学専攻)

imai@is.s.u-tokyo.ac.jp

量子コンピュータとは、量子力学の基本原則を巧妙に利用した全く新しいタイプのコンピュータである。量子力学とコンピュータという名前が出てくることからわかるように、物理と情報科学の両方にまたがる新しい学際分野である。この量子コンピュータが、様々な観点から注目を浴びている。それは、90年代半ばに量子コンピュータが素因数分解を高速に行うことが理論的に証明され、量子コンピュータが実現すると現代のITセキュリティを支える公開鍵暗号の安全性が崩壊してしまうことがわかったからである。一方、量子力学は光通信で活用されており、それを押し進め量子観測における波束の収縮の原理を用いた完全に安全な暗号方式（量子暗号）が提案されている。

量子計算と量子通信が用いる量子力学の原理は、量子力学の教科書で最初のあたりに出ているものが多い。量子状態の重ね合わせ・干渉・観測・もつれ原理を用いて、計算と通信に資する方式を展開するのである。実際、量子計算を簡単に定義すると、量子純粋状態に対してある種の簡単なユニタリ変換を組合せ適用して一般のユニタリ変換を実現し、最後に観測を行うことによって出力を得るというものである。そのときの基本ユニタリ変換の適用回数が計算時間となる。一方、計算も通信も情報科学の中核をなす深い分野であり、それと絡み合った理論を展開していくと、量子推定・量子情報量から量子計算量・量子アルゴリズム理論まで深淵な世界が広がる。

我々の研究室では、このように量子力学に基づく量子計算・量子通信の分野を量子情報科学としてとらえ、情報科学からのアプローチをはかっている。これまでに、量子計算モデルで対話証明というある種の認証問題の計算量クラス解析を行ってきた。これによってユニタリ変換が可逆であることからもたらされる量子計算の限界や、量子効果を使っても結局は古典の確立的挙動を許した計

算と同じ能力しか出ない状況や、今の計算の枠組みでは効率よく解けない問題が量子計算によって始めて現実的に解けるようになるといった有用な結果が得られている。また、量子計算を今の並列コンピュータでシミュレートするシステムも開発しており、これによってデコヒーレンスなどエラーに弱い量子計算を理論からサポートする計算方式の開発も行っている。科学技術振興事業団のERATO 今井量子計算機構プロジェクト <http://www.qci.jst.go.jp/> とも連携して、Berry フェーズを用いた幾何的量子計算、量子計算過程を組み紐群など位相的に捉える位相的量子計算、量子推定・量子符号理論さらには単一光子発生・光子計数の実験を通じた量子暗号技術の実証実験を目指している。

量子コンピュータ・量子通信は、情報科学だけでも物理だけでも実現できないものであり、計算・通信原理の物理から情報科学パラダイムの発展がなされる新しい魅力的な分野として研究を推進していきたい。

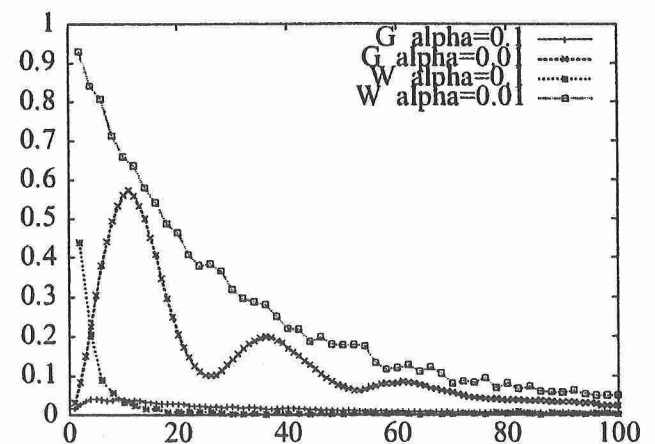


図. 量子計算の基本の Walsh-Hadamard 変換と、Grover 量子探索の両アルゴリズムにおいて、デコヒーレンスによりノイズが入った場合の計算精度の減衰のシミュレーション

クォークの色を観る

初田 哲男 (物理学専攻)
hatsuda@phys.u-tokyo.ac.jp

現在の素粒子・原子核物理学における2つの基本テーマは、物質の基本要素を探り当てる事と、その基本要素から物質がどのようにできているのかを明らかにする事です。今回この誌面で紹介するのは、「原子核はクォークからどのようにできているのか」という後者に関する話題です。

物質の基本要素としてのクォークの存在は、1970年代から実験的に検証されてきました。これまでの研究で、クォークには3種類の“色”（赤、緑、青）があり、赤緑青のクォークが3つ集まって白色になると安定な状態（陽子と中性子）ができる、という事が分かっています。（この“色”というのは、クォークがSU(3)群の基本表現に属しているという事実を便宜的に表したものです。）クォークの運動はこの“色”によって完全に支配されており、色に関する量子論が量子色力学と呼ばれています。またクォーク間の相互作用の結果、クォークの色は時々刻々変わっていきます。クォークの発見以前に物質を構成する最少単位だった陽子や中性子は、実は赤緑青のクォークの三つ組だったわけです。しかし、クォークが集合して具体的にどのように原子核をつくっているのかと問われると、未だに満足のいく答えは得られていません。実際、大きな原子核（例えば、金の原子核は591個のクォーク集合体）の内部で、クォークがどのような運動をしているかを解明するには、数百個のクォークからなる多体系を研究しなければなりません。

最近我々は、クォーク多体系の力学の研究を、色の自由度をとり入れた分子動力学の数値シミュレーションを用いて行いました。このカラー分子動力学では、それぞれのクォークが波束で近似され、クォーク間の色相互作用を考慮した上で、波束の位置と色の時間発展が数値的に求められます。クォーク3つが、どのようにして陽子や中性子をつくるのか？ それらが寄り集まってどのように原子核ができているのか？ 原子核の中で、クォークはどのように運動しているのか？ 原子核の圧縮、加熱、衝突などにより、その密度や内部エネルギーが上げると、クォークの色があらわに見えてくるのではないかと？ カラー分子動力学の手法は、近似的にですが、このような問題に答えてくれる可能性を秘めています。

図1には、数値シミュレーションの結果できた198個のクォークからなる原子核（亜鉛の原子核に対応）のスナップショットが示されています。個々の丸がクォークを表す波束に対応しています。三つ組をつくり全体で白

色になっているクォークには、淡い色がつけてあります。通常の原子核では、クォークはまず三つ組で陽子や中性子を構成し、それらがもう一度原子核を構成するという2重構造になっている事が見てとれます。

さて、中性子星（太陽と同程度の質量を持ち、半径は10km程度の高密度天体）を考えてみましょう。中性子星は1つの巨大な原子核と考える事ができます。その温度は、ニュートリノ放出による効率的な冷却により低温に保たれていますが、その密度は強い重力のために表面から中心部にむけて増大していきます。このため、星の表面付近では図1のような原子核がそのアイデンティティを保って存在していますが、星の内部に行くにつれ原子核は互いに重なり合い、主として中性子からなる一様物質となります。さらに、星の中心部では中性子が互いに重なり合い、クォークの一様物質になる可能性もあります。

カラー分子動力学のシミュレーションでは、周期境界条件を課した箱のなかにクォークを詰めこんでいき、中性子物質からクォーク物質への転移がどのようにおこるかを調べる事ができます。図2では、通常の原子核密度に近い密度を持つ一様物質（上図）と、その4倍程度の密度を持つ高密度物質（下図）が比較されています。淡い色のクォークは三つ組をつくって白色になっている者、濃い色のは近隣のクォークと三つ組をつくらない“はぐれ者”です。

計算結果は、はぐれ者のクォークが密度の上昇と共に大幅に増える事、クォーク物質への転移は、クォークの3次元実空間での配位のみならず、カラー空間での配位の変化を伴う事、などを示しています。より詳細な議論は文献[1]、及び私のホームページ[2]をご覧ください。

中性子星深部における低温・高密度の相転移とは別に、宇宙初期の最初の 10^{-5} 秒間や相対論的重イオン衝突実験では、クォークの高温プラズマが実現していると考えられます。アメリカのブルックヘブン国立研究所で昨年6月から始まった実験は、金の原子核を光速の99.99%で正面衝突させて、このプラズマ状態を生成する事を目的としており、すでに大量の実験データが蓄積されつつあります。

私たちの研究室では、ここで紹介したカラー分子動力学や格子量子色力学と呼ばれる手法による数値シミュレーション、そして有限温度・密度の場の量子論の解析的手法を併用して、原子核のクォーク構造と高温・高密度のクォーク物質の性質を理論的に明らかにしようとしています。

- [1]Color Molecular Dynamics for High Density Matter:
 T. Maruyama and T. Hatsuda, Physical Review C61 (2000) 062201.
 [2]<http://tkynt2.phys.s.u-tokyo.ac.jp/~hatsuda/index-j.html>

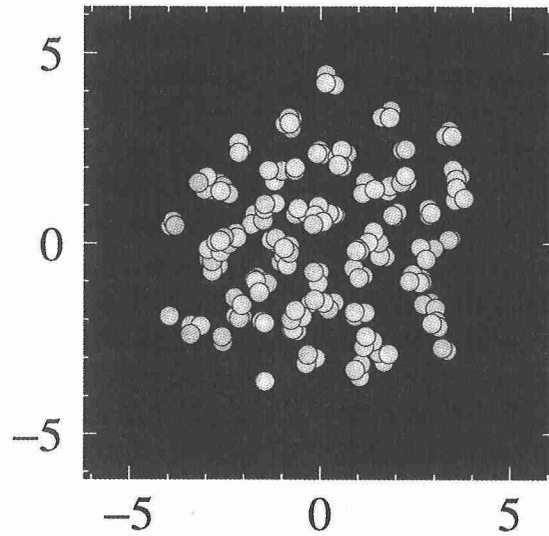


図 1 : カラー分子動力学から得られた 198 個のクォークからなる原子核のスナップショット。x-y 軸の一目盛は 1fm(= 10^{-13}cm) である。

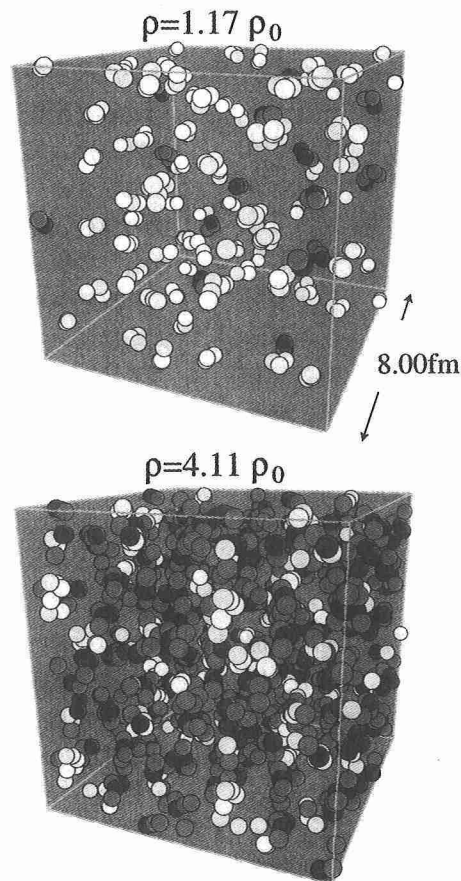


図 2 : 通常の原子核密度に近い密度を持つ一様物質 (上図) と、その 4 倍程度の密度を持つ高密度物質 (下図) の比較。 $\rho_0 = 0.17/\text{fm}^3$ は、通常の原子核密度を表す。淡い色のクォークは三つ組をつくって白色になっている者、濃い色のは近隣のクォークと三つ組をつくらぬ者である。

原子核の魔法数と中性子過剰核の核分光

櫻井 博 儀 (物理学専攻)
sakurai@phys.s.u-tokyo.ac.jp

有限個の粒子によって構成された量子有限多体系には魔法数が存在する。陽子と中性子で構成された原子核の魔法数は、天然に安定に存在する安定核およびその近傍核の研究から得られ、2、8、20、28、50…であり、陽子数、中性子数が魔法数を持つと安定な原子核となることが知られている。魔法数の存在は殻軌道がエネルギー的にバンチしていることと密接な関係がある。原子核の魔法数は、強いスピン軌道相互作用を導入した殻構造で説明することができ、Mayer と Jensen がこの業績で1963年にノーベル賞を受賞した。現在ではむしろ、中性子過剰核での「魔法数の喪失」に関する研究が盛んに行われている。

中性子過剰核とは陽子数に比して中性子数が極端に多い、 β 崩壊する不安定核である。約15年前に不安定核をビームとして効率よく生成する方法が開発され、中性子過剰核を研究対象にすることが出来るようになってきた。特に軽い領域での研究が進むにつれ、中性子数8、20を持った中性子過剰核ではその殻構造が安定核とは大きく異なり、魔法数の意味が喪失していることがわかりつつある。このように中性子過剰度に伴う殻構造の変化は陽子、中性子という2種粒子で構成された量子有限系の新しい研究対象として注目されている。

殻構造の変化は原子核の性質を大きく変える。従来、魔法数をもつ安定核はその閉殻構造のため球形であると考えられていたが、中性子数20近傍の中性子過剰核は異常に変形している。例えば ^{32}Mg (陽子数12、中性子数20) では付加的な束縛エネルギーの増加、第一励起準位エネルギーの異常、電気4重極遷移確率の増大など、複数の実験証拠が得られている。この領域の殻構造の変化をより包括的に理解し、軌道間相互作用に関する知見を得るためには、同じ陽子数を持ち、より中性子過剰な原子核 ^{34}Mg の性質が鍵となっていた。

原子核の変形度については励起準位のエネルギーが有

益な情報を与えてくれる。原子核の変形が進み表面が回転楕円体に変形すると第一励起準位のエネルギー E_1 が低くなり、回転準位が現れる。この回転準位の第一、第二励起準位のエネルギー比 E_2/E_1 は約3.3となることが知られている。実験的には中性子過剰核のビーム強度は中性子過剰度とともに著しく低くなるのでこれまで ^{34}Mg の励起準位を調べることは困難であった。

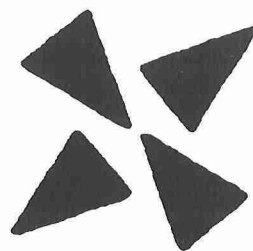
この困難を克服するために入射核破砕反応を用いた核分光法を開発した。入射核破砕反応とはビームの原子核(入射核)が標的核と衝突する際、入射核から核子が剥ぎ取られる反応である。反応直後に作られた原子核(破砕片)は励起状態にあり、脱励起時に γ 線を放出する。この γ 線のエネルギーを測定することで励起準位のエネルギーを得ることができる。

実験は理化学研究所加速器研究施設で行った。 ^{34}Mg を中性子過剰な不安定核 ^{36}Si のビームから生成することで効率を上げ、2本の γ 線を観測し、 ^{34}Mg の核分光に初めて成功した。実験によって得られた γ 線のエネルギーから ^{34}Mg の E_1 が ^{32}Mg よりも低く、 E_2/E_1 比が3.2という結果を得た。これは ^{34}Mg が ^{32}Mg に比べ大きく変形し、回転楕円体に近い表面を持っていることを示唆している。

以上の様な反応を用いた中性子過剰核の核分光は始まったばかりである。新たな実験手法の開発と新たなSerendipityを求めて、より中性子過剰な、またより重い原子核へと研究を進めている。

参考文献

- [1] 大学院原子核物理、中村誠太郎監修、講談社サイエンスエッセイ。2章(大塚孝治)、3章(谷畑勇夫)。
- [2] K. Yoneda, H. Sakurai et al.; Phys. Lett. B 499, 233 (2001)



海洋深層における鉛直乱流拡散率のグローバルな時空間分布の解明に向けて

日比谷 紀之 (地球惑星科学専攻)

hibiya@eps.s.u-tokyo.ac.jp

将来の気候変動や地球温暖化を予測するには、海洋の長期変動を精度よく再現できる熱塩海洋大循環モデルの構築が必要である。しかしながら、数値モデルで再現される熱塩海洋大循環のパターンや強さは、モデル内で仮定される乱流拡散パラメータの値、特に、内部波の碎波に伴う等密度線を横切る方向の鉛直乱流拡散係数の値に依存して大きく変化してしまう。最近の数値実験の結果によれば、観測と矛盾しない程度の強さの循環場を再現するには温度躍層の下部において、全球平均で約 $1.0\text{cm}^2\text{s}^{-1}$ の鉛直乱流拡散係数が必要とされているが、実際の海洋観測から見積もられる値は、これより1オーダーも小さく、 $0.1\text{cm}^2\text{s}^{-1}$ の程度である。しかし、これら従来の乱流観測は、春から夏に、しかも東部北太平洋に集中して行われており、見積もられた鉛直乱流拡散係数を全球的な代表値と考えてよいのかどうかについては疑問が残る。

従来、鉛直乱流拡散率の観測は、アメリカ合衆国の研究者を中心にマイクロスケールプロファイラーなどの測器を海洋中でゆっくりと落下させ、水平流速の鉛直シアの微細構造を測定することによってなされてきた。しかしながら、この方法では、鉛直乱流拡散率のグローバルなマッピングは到底望むことができない。これを解決するため、筆者らは、鉛直乱流拡散に使われるエネルギーが、元々は大規模スケールにおいて大気擾乱や潮汐流などにより与えられ、それが内部波の非線形相互干渉を通じて、中・深層に存在する平衡内部波スペクトル内を乱流拡散スケールまでカスケードダウンしてくることに注目した。すなわち、このエネルギーの流れを理論的におさえることができれば、大気擾乱や潮汐流によって供給される鉛直低波数の内部波エネルギーという、より把握しやすい外力場の情報をもとにして、海洋の中・深層における鉛直乱流拡散率のグローバルなマッピングという難題が解決できるとの観点から研究を進めてきた。その結果、特に、内部波平衡スペクトルに供給される内部波の周波数が $2f$ ($f=2\Omega\sin\phi$ は局所的な慣性周波数。但し、 Ω は地球の自転角速度、 ϕ は緯度) 以上になると、内部波の3波共鳴干渉機構 parametric subharmonic instability の働きでそのエネルギーが近慣性周波数・高鉛直波数域へ効率よく輸送されるため、中・深層には鉛直スケール数10m程度の強い鉛直シアを伴う臨界層が発達し(図1)、これに小規模スケールの内部波が捕捉され碎波することで鉛直乱流拡散が活発化することが理論的に明らかにされた^{[1][2]}。実際、海洋観測からも、

この鉛直スケール10m程度の近慣性流に伴う鉛直シアの大きさと、鉛直乱流拡散の強さがスケールリングできることが示されている^[3]。さらに、筆者らは、北太平洋を対象として3次元高解像度の数値実験を行い、中・深層における鉛直乱流拡散過程への主要なエネルギー供給源となる鉛直低波数・周波数 $\omega\sim 2f$ の内部波が、中緯度低気圧や台風などの大気擾乱や半日周期の潮汐流によって励起される過程を再現した^{[4][5]}。その結果、時間的には、台風や中緯度低気圧が次々と伝播していく秋季～冬季、空間的には、海底地形の変化が激しいために振幅の大きな半日周期の内部潮汐波が発生し、さらに、中緯度低気圧によって励起された近慣性内部波エネルギーが南下してくる北太平洋の西部から中央部にかけての緯度帯 $18^\circ\text{N}-30^\circ\text{N}$ で、鉛直低波数・周波数 $\omega\sim 2f$ の内部波エネルギーが著しく大きくなることが明らかにされた(図2)。これによれば、春から夏に、主に、東部北太平洋(図2の星印)で行われてきた従来の乱流観測は、鉛直乱流拡散率の全球的な代表値を捉えるという点からは、全く不適當な時期・場所で行われており、これらの観測によって見積もられた $0.1\text{cm}^2\text{s}^{-1}$ という鉛直乱流拡散係数は全球的な代表値としては考えにくいことが結論された。

以上の結果を踏まえて、現在、筆者らは、乱流観測の空白域といえる北太平洋の西部から中央部にかけての中・深層における鉛直乱流拡散率を明らかにするプロジェクトを進行させている。具体的には、北海道大学・水産学部のおしよろ丸(平成12年7-8月:図2の航路A、平成13年7-8月:図2の航路C)および北星丸(平成13年2-3月:図2の航路B)、東京水産大学の海鷹丸(平成14年1-2月:図2の航路D)による観測航海を利用し、航走中の船舶から相当数のXCP(Expendable Current Profiler)およびXCTD(Expendable Conductivity-Temperature-Depth)を次々と落下させ、北太平洋の各海域における水平流速、水温・塩分の鉛直構造を観測する。得られた結果からGregg(1989)のスケールリング則^[3]を用いて、各海域毎に鉛直乱流拡散率を求め、その空間分布が鉛直低波数・周波数 $\omega\sim 2f$ の内部波エネルギーの空間分布(図2)と対応しているのかどうかを調べる。さらに、従来、アメリカ合衆国の研究者により東部北太平洋で行われてきた観測結果と比較することで、北太平洋の東西における鉛直乱流拡散率の空間分布のコントラストを明らかにする。従来のマイクロストラクチャー・プロファイラーを用いた乱流観測とは異なり、XCPや

XCTDでは乱流拡散スケールを直接観測することはできない。このため、鉛直スケール10m程度の水平流速の鉛直シアーなどの情報から、スケーリング則を用いて、鉛直乱流拡散率の推定を間接的に行わなければならない点はあるが、XCPおよびXCTDともに航走中の船舶から約6分間のうちに水深約1.5kmまでの水平流速構造を観測でき、限られた時間内に広範囲の観測を行えるため、この研究課題には最適の観測方法といえる。このようにして明らかにされる鉛直乱流拡散率のグローバルな時空間分布は、気候変動をはじめ、将来の地球環境の予測に不可欠な熱塩海洋大循環モデルの高精度化に大きく貢献するものと思われる。

参考文献

[1] Hibiya, T., Y. Niwa, K. Nakajima, and N. Suginohara, Direct numerical simulation of the roll-

off range of internal wave shear spectra in the ocean, *J. Geophys. Res.*, 101, 14,123-14,129, 1996.
 [2] Hibiya, T., Y. Niwa, and K. Fujiwara, Numerical experiments of nonlinear energy transfer within the oceanic internal wave spectrum, *J. Geophys. Res.*, 103, 18,715-18,722, 1998.
 [3] Gregg, M. C., Scaling turbulent dissipation in the thermocline., *J. Geophys. Res.*, 94, 9,686-9,698, 1989.
 [4] Nagasawa, M., Y. Niwa, and T. Hibiya, Spatial and temporal distribution of the wind-induced internal wave energy available for deep water mixing in the North Pacific, *J. Geophys. Res.*, 105, 13,933-13,943, 2000.
 [5] Niwa, Y., and T. Hibiya, Numerical study of the spatial distribution of the M_2 internal tide in the Pacific Ocean, *J. Geophys. Res.*, revised, 2001.

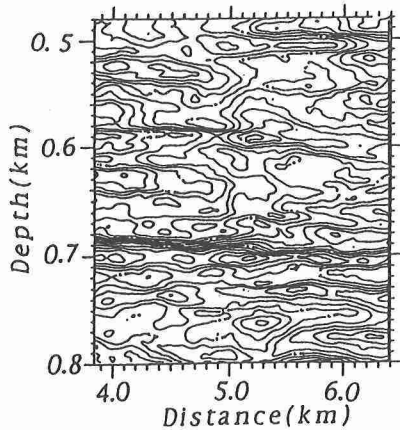


図1. 数値実験^{[1][2]}により得られた、海洋の中・深層における水平流速の空間パターン (コンター間隔は 1cm s^{-1})。内部波の3波共鳴干渉機構 parametric subharmonic instability に伴って、水平スケール5-6km、鉛直スケール数10m程度の強い鉛直シアーを伴う近慣性流が散在して形成されてくる。

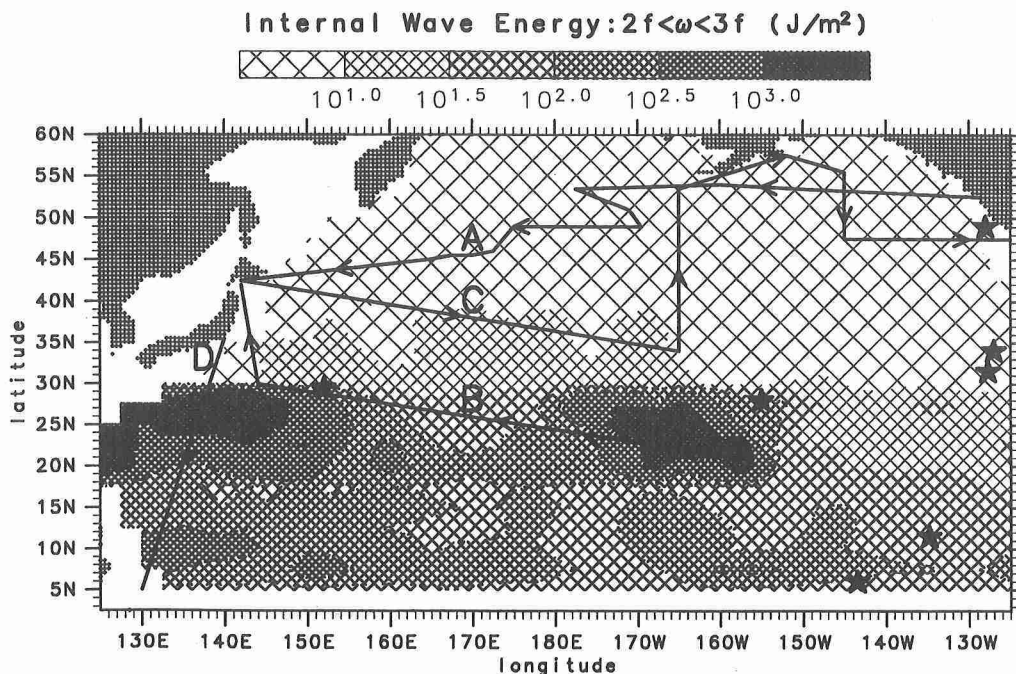


図2. 数値実験^{[4][5]}により得られた、鉛直第1モード・ $2f < \omega < 3f$ の内部波エネルギーの空間分布。A-Dは、XCP/XCTD観測の航路。星印は、現在までの乱流観測によって、鉛直乱流拡散係数の見積もりが行われてきた地点。

巻貝の殻はいかにして巻くか

遠藤 一 佳 (地球惑星科学専攻)
endo@eps.s.u-tokyo.ac.jp

「水面の渦巻き、星雲、旋じ風以外の自然界のらせんはすべて生物によって作られる」とまで言われるように、らせんは生物を特徴づける形である。その代表的な例が巻貝などの軟体動物がつくる貝殻であるが、その基本形はすべて対数らせんにかなり良く近似することができる。では、なぜ貝殻はそのような規則的ならせん形を呈するのだろうか？対数らせんでは、その性質上、ある一巻きはその次の巻きと相似形である。このことから、「貝が軟体部のプロポーションを変えずに成長しながら徐々に貝殻を付加させていくので対数らせんの形がうまれる」という説明がなされる。しかし、これでは巻くことの説明にならない。

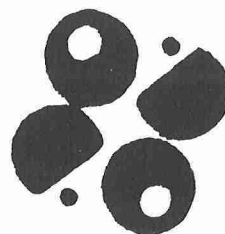
貝殻の成長については、理論形態学的な研究が先行している。ある研究者は、巻きの拡大率・離心率・転移率という3つのパラメータによってほとんどの貝殻の形を記述できると主張した。しかし、このモデルは貝殻が対数らせんで巻くことを前提にしているため、なぜ対数らせんか？という問いに対しては全く無力である。その後開発された動漂溝モデルは、対数らせんといった全体的な規則を前提とせずあらゆる貝殻の形を記述することを可能にした。また貝殻の形を表現するには、微小時間での貝殻成長を、伸びる、膨らむ、曲がるといった要素に分解して考えると見通しがよいことを明らかにした。

貝殻の概形がそれぞれの系統内で通常安定していることや、系統学的に近縁な仲間が一般に類似した貝殻形態を呈することは、貝殻の成長が大枠では遺伝的に決定されていることを強く示唆する。しかし、その発生遺伝的な機構今のところ全くわかっていない。そのしくみを明らかにできれば、幅広い多様性を示す貝殻形態の進化過程を統一的に説明できるかもしれない。また、軟体動物は化石記録が最も豊富な分類群の一つであるが、地質時

代に絶滅してしまった系統（アンモナイトとか）の進化過程についても解明の手がかりを与えるものと期待できる。

貝殻は、材質的には主に炭酸カルシウムからできており、外套上皮から分泌される有機マトリックスと、同じく外套上皮から輸送される無機イオンとの相互作用によって形成される。微小時間での貝殻成長を決定する要因として、この外套上皮を構成する各細胞の分裂、活性・不活性化、移動、細胞死などの挙動が重要であることは明らかであろう。特に、曲がる、よじれるといった要素を含む成長様式から、円周状の外套上皮を構成する細胞群には周辺より分裂速度の大きい部分が局所的に存在し、その部分が成長に伴って規則的に移動するというモデルを想定できる。このような細胞の挙動をもたらすためには細胞間のシグナル伝達が不可欠なはずで、このモデルの物質的基礎として、何らかのシグナル物質もしくはそのレセプターがある部分に局在しているという状況が考えられる。

巻貝の殻は通常右巻きであるが、中には左巻きのもも存在する。同種内で両者が共存するものを比較すると両者は内臓も含め鏡像体になっていることがわかる。このことから殻の巻きは体の左右性と関連していること、そして巻きの決定に関与していると想定される物質は、体を左右に分けた場合、そのいずれかに局在し、両者にまたがっては存在しないと予想された。そこで私は、その物質を特定すべく、淡水巻貝であるモノアラガイの外套組織より左右別々に mRNA を抽出し、サブトラクション法を用いて、左右いずれかで特異的に発現している遺伝子の探索をはじめた。現在のところ左巻き個体の左側で特異的に発現していると見られる興味深い遺伝子について解析を急いでいる。



生きた細胞内のサイクリックGMPを見る

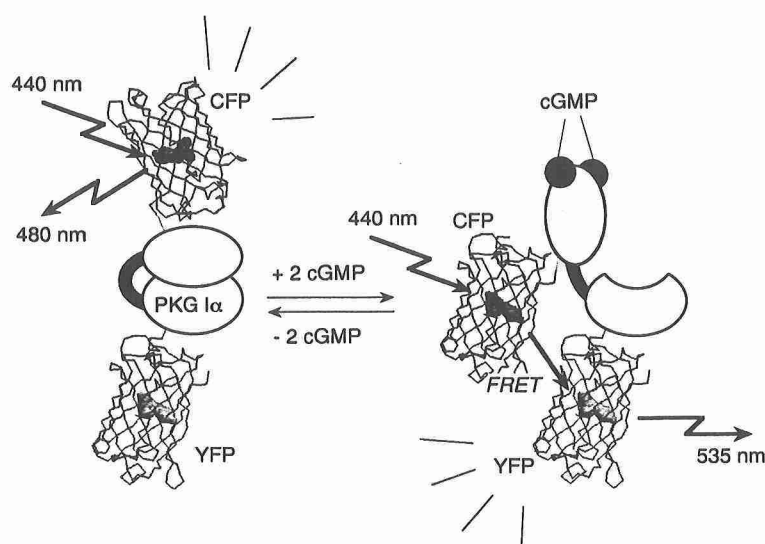
佐藤 守俊 (化学専攻)
sato@chem.s.u-tokyo.ac.jp

梅澤 喜夫 (化学専攻)
umezawa@chem.s.u-tokyo.ac.jp

生物化学研究で用いられる分析手法の多くはいわゆる破壊分析法であり、十万から百万個以上の細胞をすりつぶして、蛋白質・脂質など細胞内生体分子の定性定量分析が一般的に行われている。しかしながら、この破壊分析法には空間分解能はもとより、細胞内情報伝達が進行する数百ミリ秒から秒単位の時間分解能も期待できない。一方、生きた単一細胞レベルでの生体イオン・分子の動態・定量分析には、蛍光分子を巧妙に利用した光学顕微鏡下での可視化分析法が強力である。例えば1980年代にカルシウムイオンの蛍光性の可視化分析試薬が開発され、カルシウム濃度振動や受精卵におけるカルシウム波のような細胞内現象の発見に至っている。これは可視化分析試薬に基づく非破壊・可視化分析法が、従来の破壊分析法にはない空間分解能（数百ナノメートル）および時間分解能（数百ミリ秒から秒）を有しているからに他ならない。但し、個々の生体イオン・分子に対する可視化分析試薬の開発が必要であるため、この新しい研究開発領域が期待されている。

サイクリックGMP (cGMP) は、循環器系・脳神経系などあらゆる生体組織での細胞内情報伝達を担う生体分子であり、カルシウムなどと共に主要な第二次情報伝達物質（セカンドメッセンジャー）として位置づけられている。我々は最近、cGMPを選択的につかんで光る

蛍光分子 (CGY : シージー) を遺伝子工学的手法で設計・合成し、たった一つの生きた細胞の中のcGMP濃度が蛍光顕微鏡下で可視化分析できるようになった(図)。一酸化窒素(NO)は細胞内にcGMPを産生させる生体分子であるが、CGYを用いることにより、NO刺激により産生されるcGMPの濃度はNO刺激濃度に対して必ずしも平行には変化せず、あるNO濃度領域ではcGMP濃度振動がおこることを見出した。現在、この新しい細胞内cGMP動態の解析をCGYを用いて行っている。遺伝子でコードされたcGMPの可視化分析試薬CGYは、有機合成した分子でなくたんぱく質から構成されている点が特徴の一つであり、この分析試薬を体中あるいはニューロンなど特定の細胞に生まれながらに有するマウスを用いて、cGMPの役割を解析できるのも近い将来のことであろう。またCGYは、「バイアグラ」のような細胞内のcGMP濃度を制御する医薬品の高速スクリーニングに貢献すると期待される。我々はcGMPを可視化分析するCGYのみならず、蛋白質のリン酸化を可視化分析するphocus (フォーカス) など、細胞内情報伝達を可視化する新しい蛍光分子を既に開発し、それらを武器に従来の破壊分析法にはない空間分解能・時間分解能で生命現象を分析・発見したいと考えている。



図：cGMPの選択的分子認識のために、細胞内でのcGMP結合たんぱく質であるcGMP依存性プロテインキナーゼI α (PKGI α)を用いた、cGMPの結合によるPKGI α の構造変化を蛍光シグナルとして検出するために、オワンクラゲ由来の緑色蛍光蛋白質 (GFP) の変異体であり蛍光共鳴エネルギー移動 (FRET) のドナー・アクセプター蛍光団として機能するCFP (シアン色) およびYFP (黄色) を、PKGI α のそれぞれN- およびC- 末端に連結した。この融合蛋白質 CFP-PKGI α -YFP (CGY : シージー) は、細胞内で産生されたcGMPに結合して分子内のFRETが増加するので、蛍光顕微鏡下で細胞内のcGMP濃度変化が可視化分析できる。

強光子場中の分子ダイナミクス研究の新展開： タンデム型質量分析法によるアプローチ

山内 薫 (化学専攻)
kaoru@chem.s.u-tokyo.ac.jp

光子場を強くし、その大きさを原子・分子の中で原子核が作るクーロン場に匹敵するほどにすると、光子場中の原子・分子内の電子は、強い交番電場である光によって外部から揺すられ、その電子状態は著しく乱され、多重イオン化を経てクーロン爆発にいたる [1-3]。

私の研究室では、フェムト秒 (40~100 fs) のパルス幅の超短パルスレーザー光により作られた強光子場中に分子を晒し、クーロン爆発によって生成した原子フラグメントイオンの運動量ベクトル分布を観測し、強光子場中の分子のダイナミクスを追跡している。実際、その運動量ベクトル分布をを2次元表示した質量選別運動量画像 (Mass-resolved momentum imaging: MRMI) を観測することによって、NO、N₂、SO₂、CO₂、NO₂、H₂O などの分子の構造が、強光子場中において大きく変化することを突き止めた。特に、3原子分子における変角方向への構造変形は顕著であり、それは、直線型のポテンシャルを持つ電子状態と変角型のポテンシャルをもつ電子状態との間でドレスト状態 (光の衣をまとった状態) が形成された結果として起こると解釈された。

しかしながら、ドレスト状態の形成とイオン化は互いに競合して起こるので、中性状態でのドレスト状態の生成が構造変形を決定付けたのか、それとも、1価イオンやさらに多価イオンの状態でのドレスト状態が構造変形を支配したのかについては区別することは困難である。

そこで、あらかじめ分子をイオン化し、特定のイオンの価数をもつ分子のみを質量選別し、それを強光子場と相互作用させることを試みた。すなわち、図1に示すタンデム型飛行時間質量分析装置を製作し、質量およびイオン価数を選別したのち、強光子場中でクーロン爆発を起こさせて、そのフラグメントイオンの運動量分布を観

測した [4]。装置の構成の概略を図2に示した。

この装置を用い、ベンゼンの強光子場内でのダイナミクスについて研究を行った。電荷を持たないベンゼンと1価のベンゼンイオンをそれぞれ強光子場と相互作用させたところ、光子場の波長が400 nmの場合、強光子場との強い結合が、ベンゼンの1価のイオンにおいて起こることが明らかとなった。しかし、波長が800 nmの場合には、2価の親イオンの生成が主たる生成物であり、電子状態間の強い結合による現象は見出されていない。このことは、強光子場の波長によって分子の応答が大きく異なることを示しており、強光子場を利用した分子制御に指針を与えるものである。

上記の研究は、科学技術振興事業団の戦略基礎研究推進事業 (CREST) によるプロジェクト「フェムト秒領域の光反応コントロール」(平成8~12年度)、および、研究科特別研究プロジェクト (広域理学プロジェクト) 「強光子場中の化学反応制御」(平成11年度~) によって行われた。

参考文献

- [1] 山内 薫、渡部俊太郎、小森文夫、吉信 淳、中島信昭、河野裕彦、染田清彦、池田研介：物性研究所短期研究会報告、物性研だより42(2000)41.
- [2] 菱川明栄、山内 薫：季刊化学総説44(2000)232, 分光研究、49(2000)62, 日本物理学会誌、56(2001)2.
- [3] 山内 薫：レーザー研究29(2001)243.
- [4] R. Itakura, J. Watanabe, A. Hishikawa, and K. Yamanouchi, J. Chem. Phys. 114(2001)5598.

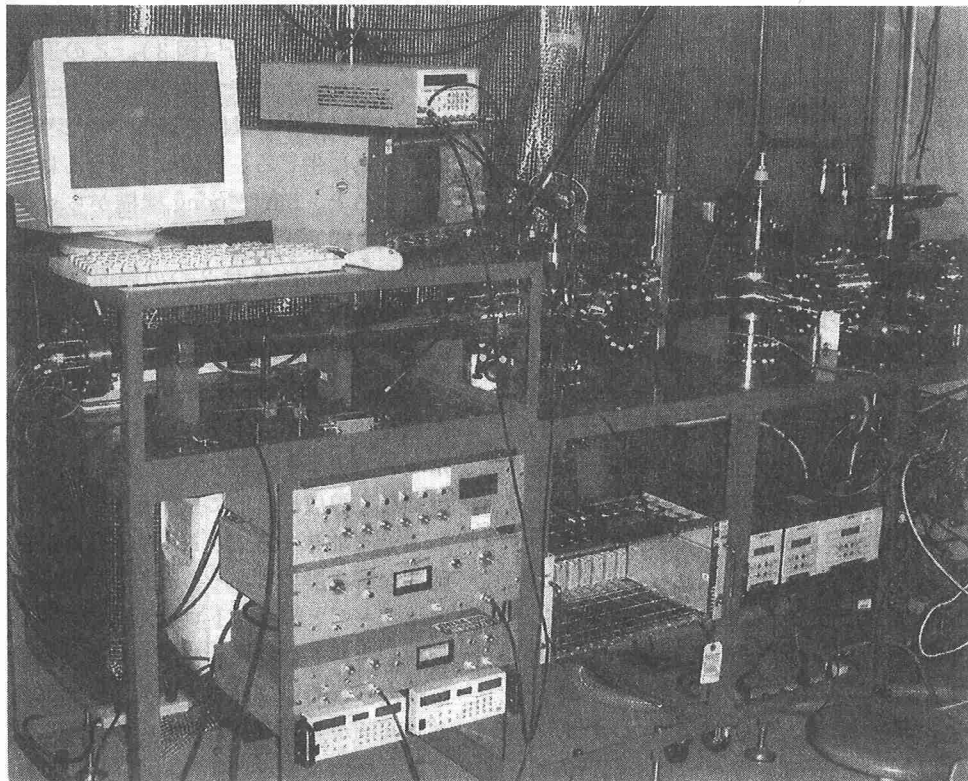


図 1 : タンデム型質量分析装置の写真

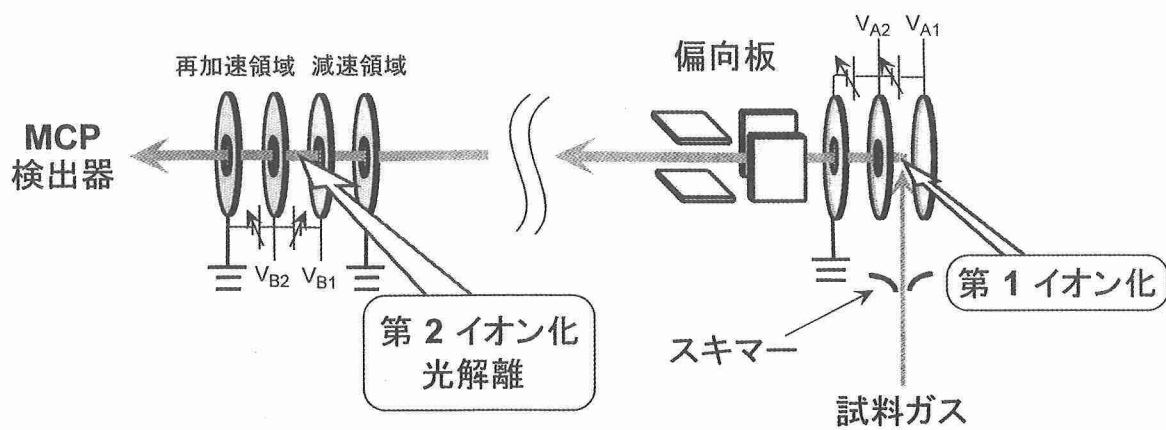


図 2 : タンデム型質量分析装置の概略図

大腸菌の酸素非感受性ニトロ還元酵素

善野修平 (生物化学専攻)
zenno@biochem.s.u-tokyo.ac.jp

ヒトに発生する癌の80-90%は環境要因が原因といわれる。芳香族ニトロ化合物は代表的な環境発癌物質の1つであり、生体内に取り込まれると肝ミクロソーム系と腸内細菌系でニトロソやヒドロキシルアミンに活性化され(図1)、結果的に遺伝子DNAに変異を誘導する。このニトロ還元反応は1電子移行(酸素感受性)と2電子移行(酸素非感受性)する還元酵素により触媒される。酸素感受性の還元酵素はニトロ基をニトロアニオン遊離ラジカルに変換し、間接的に活性酸素を生成し(図1の点線領域)、酸素非感受性の酵素は酸素感受性酵素と競合して、ラジカル発生を抑制する。肝ミクロソームでは、ニトロ還元活性の大部分はDT-ジアホラーゼと呼ばれる酸素非感受性のNAD(P)H-FAD酵素により担われているが、腸内細菌のニトロ還元活性はどのような酵素蛋白に依存するのかは最近まで不明であった。我々は消化器系の発癌への関与が疑われている大腸菌のニトロ還元酵素群の全貌を明らかにすべく、それらの遺伝子および遺伝子産物の解析を進めてきたので、以下に紹介する。

大腸菌の酸素非感受性ニトロ還元酵素活性は1つのメジャーな成分(NfsA)と2つのマイナーな成分(NfsBと未同定)から成る。その内の2つであるNfsAとNfsBは共にDT-ジアホラーゼとは構造的に全く異なる新しいタイプのNAD(P)H依存性FMN酵素であったが(文献1, 2)、その構造の様相は巧みに異なっていた。NfsAとNfsBではお互いに配列相同性が殆ど見い出されず、2次構造上でもNfsBのhelix Gに対応する領域はNfsAで欠失し、その逆でNfsAのhelix IJKに相当する領域はNfsBに存在しないという違いがあった(図2)。一方、それらの立体構造はFMNを挟み込んだ2量体で非常によく似た構造を呈するように見えるが(図3;文献3, 4)、活性ポケット

に注目してみると、NfsAでは1つのサブユニットから成るのに対して、NfsBでは2つのサブユニットを必要とすることが分かる(図3)。この違いは各々反対側のサブユニットに由来するNfsB helix GとNfsAのhelix IJKが、2量体構造上で同じ空間位置に配置されている為に生じる。実際に、NfsAは酸素添加酵素と共役させると、ping-pong機構からsequential機構に反応様式を変換するので、単量体酵素としても機能しえる(文献5)。NfsAは2つの局面(単量体と2量体)の活性型状態が存在するという観点から大変興味深く、その単量体の立体構造解明が待たれるところである。

NfsAとNfsBを機能面からみると、補酵素フラビンを活性中心とする反応特異性の極めて広いDT-ジアホラーゼと類似しており(文献1, 2)、実際に細菌だけでなく線虫やヒトにもNfsA/NfsBホモログが存在することを加味すると、NfsA/NfsB蛋白ファミリーは広範囲な解毒酵素であろうと推測できる。近年、DT-ジアホラーゼと細菌ニトロ還元酵素の反応特異性の違いを利用したニトロ制癌剤やニトロ抗生物質の開発が精力的に進められているので、今後、プロドラッグとしてのニトロ薬剤が癌や多剤耐性菌の特効薬と成り得る日も、そう遠くないかもしれない。

参考文献

- [1] Zenno, S. et al.(1996) J. Bacteriol., 178: 4508.
- [2] Zenno, S. et al.(1996) J. Biochem., 120: 736.
- [3] Kobori, T. et al.(2001) J. Biol. Chem., 276: 2816.
- [4] Parkinson, G.N. et al.(2000) J. Med. Chem., 43: 3624.
- [5] Zenno, S. et al.(1998) Biosci. Biotechnol. Biochem., 62: 1978.

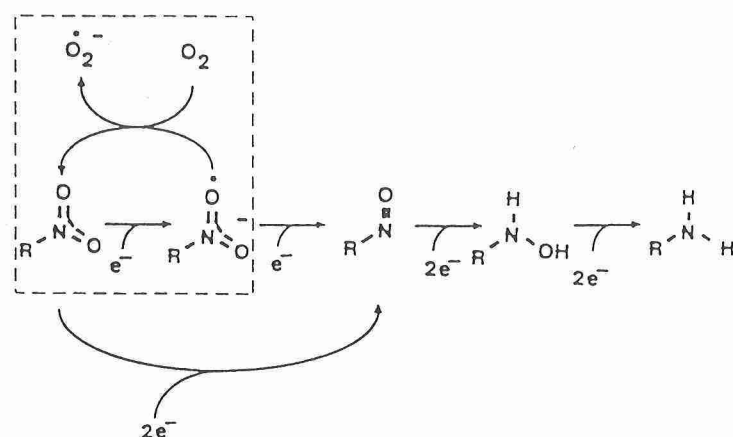


図1 芳香族ニトロ化合物の還元。Rはベンゼン、フラン、イミダゾールなどを示す。

```

          aaaaaa * * *          aaaaaaaaaa *          bbbb aaaaaaaaaa          * aaaa bbbbbbb
NfsA:MTPTTELICGHRIRHET-DEPISEAQREAIN SARATS S SFLQCSSTIRITDKALREELVTLT-----GGQKHVAQAEFWFCAD-----
NfsB:-MDIISVALKRRTKADASKKLTPEAEQKTLQYSPSS TNS PWHFIVASTEKGARVAKSAAGNYVVFNERKMLDASHVVPCAKTAMDDVW
          aaaa * * *          aaaaaaaaaa * aaa          bbbb aaaaaaaaaa          aaaaaa bbbbbbbb aaa
          * *
          aaaaaa          aaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa          bbbb**          aaaaaa          bbbbb
NfsA:FNRHLQI--CPDAQLGL-----AEQLLGVVDTAMMAQQAATAAESLGLGGWYVGLRNNIEAVTKLLKIPQH-VLFFG
NfsB:LKLVVDQEDADGRFATPEAKAANDKGRKFFADMHRKDLHDDAEWMAKQVYLVNNGNIFLGVAAIGIDAMPFEFD--AAILDAEFGKEKGYTSLVV
          aaaaaaaaaaaaa          aaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa          aaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa          bbbbb          aaaaaa          bbbbbbb
          helix G
          *
          bbbb          * *          aaaabb          helix I          helix J          helix K
          aaaaaaaaaa          aaaaaaaaaa          aaaaaaaaaa
NfsA:LCLSWPA-----DNPDLRFRITFASILVHENSYQPLDKGALAQYDEQLAEYLTRGSNNRRDTWSDHIRRTI IKESRPFILDYLHKQGWATR 240
NfsB:VPVQ-HHVEDFNATLPSRLRQNTLTV-----
          bbb          aa          * *          aaaabb
    
```

図2 NfsAとNfsBの1次構造及び2次構造の比較。一致するアミノ酸は黒地に白文字で表示。aはαヘリックス、bはβストランドの領域を示す。*はFMNと水素結合しているアミノ酸。

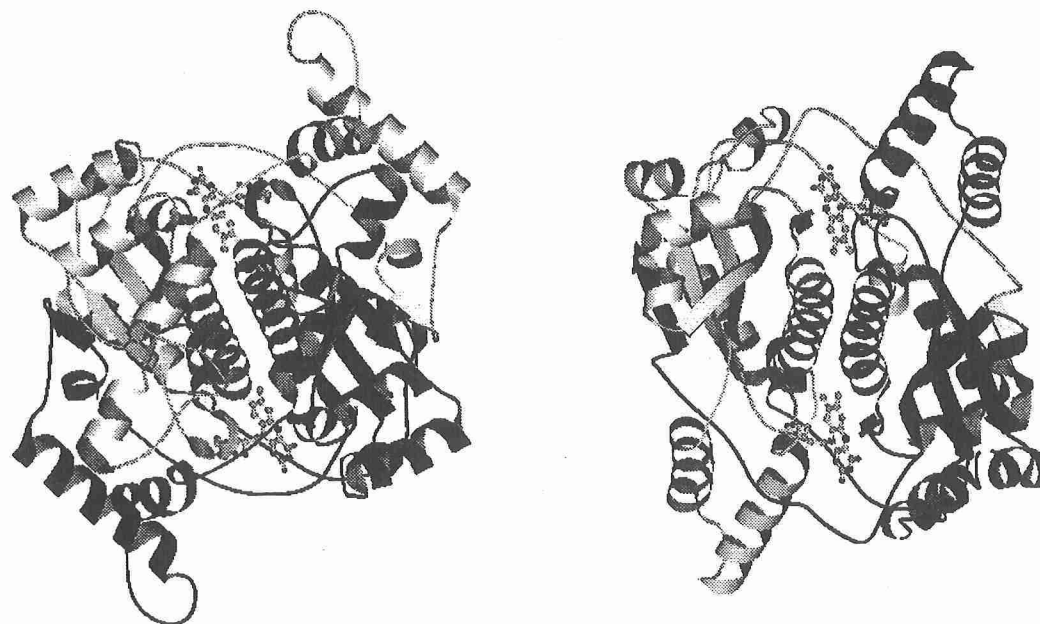


図3 NfsA 2量体とNfsB 2量体の立体構造。NfsAを左側に、NfsBを右側に示す。各サブユニットはグレーと黒のリボン表示で色分けした。