

CASE 1

質量から探る 原子核の秩序と存在限界

身の回りの物質を構成する元素の中心には、同位体を含め約 270 種類の原子核が安定に存在している。しかし、原子核には、短い時間しか存在できず違う原子核に変化してしまう種もある。それらは確認されただけでも約 5000 種類。むしろ大勢である。そしてまだ 2000 種以上の短寿命核が未発見という予想である。原子核にはどんな秩序があり、その結果、どれほど多く種が存在できるのか？わたしたちは、存在限界に近い非常に短寿命な原子核を実験室で作出し、中性子との結合の強さを計測することで、原子核の秩序と存在範囲の解明を目指している。

わたしたちを取り囲むすべての物質は原子で構成され、その中心は陽子と中性子からなる原子核で占められている。原子核には、同じ元素でも中性子数が異なる同位体が存在し、陽子と中性子が同数程度の原子核の安定度が一般に高い。核内に中性子が増えると中性子を結合する力は次第に弱まってゆく。さらに増えると結合力は失われ、原子核の存在限界となる。

核内中性子の結合力は、それよりも2つ少ない中性子を含む同位体との質量差から計算される「二中性子分離エネルギー」を指標にすると都合が良い。図に、実験で測定した、カルシウム (Ca)、スカンジウム (Sc)、チタン (Ti) とバナジウム (V) の二中性子分離エネルギーの中性子数に対する変化を示した。今回、核質量を測定した原子核の寿命は約 10 ミリ秒、高速かつ有効数字 6 桁の質量精度を有するわれわれの測定技術の性能が発揮され、はじめてのデータが得られた。図を見ると二

中性子分離エネルギーが中性子の増加にしたがって減ってゆく様子がよくわかる。ただ、減少の様子は単調ではなく、そこには明らかな構造がある。

まず、Ca と Sc 同位体に注目する。これらには、中性子数 34 から 35 にかけての二中性子分離エネルギーの減り方に違いが見られる (図内の矢印)。Ca 同位体の大きな減少は中性子単位間に大きなエネルギーギャップがあることをあらわし、中性子数 34 での魔法性の発現を示唆する。中性子数 34 の Ca 核内での魔法性を予想する核構造理論はすでに報告されているが、Sc から Ca へ、陽子 1 つの減少で核内中性子に魔法数 34 という新しい秩序が突如発現することがはじめて観測された。

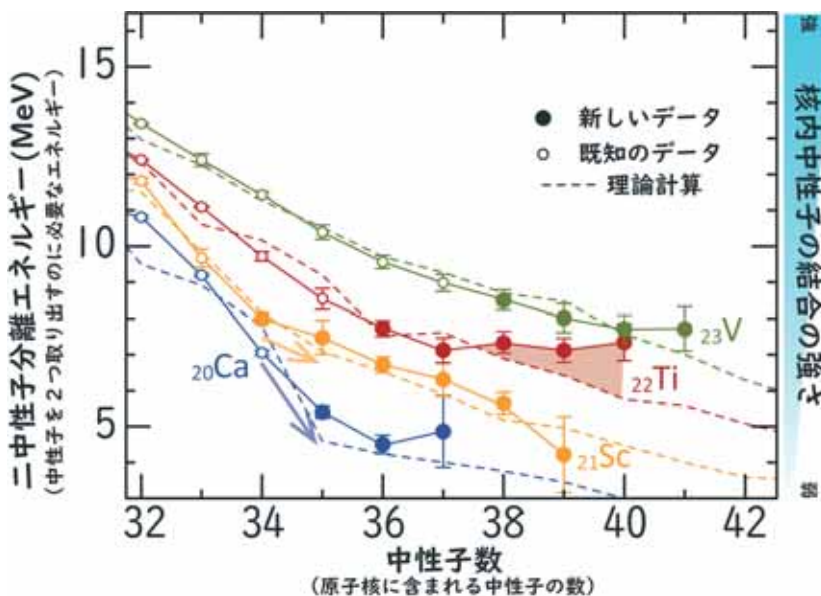
次に、中性子数 40 周辺の Ti、V 同位体を見てみる。ここにも同位体間に違いがみられる。中性子が増加しても、Ti 同位体の二中性子分離エネルギーは減少しない。最新の理論計算 (図中の破線) と比較しても、中性子との結合力は明らかに強い。これらの事実から、中性子を多く含む Ti 同位体内では核内核子の新たな構造変化が発現し、結合力を維持、核全体を安定にしていることが明らかになった。現時点では、この安定化の詳細なメカニズムはわかっていない。ただ、中性子を多く含む原子核内で起こる安定化現象の発見は、存在可能な原子核種がいままで予想より多い可能性を示唆している。

今回の研究成果を通して、陽子と中性子、2 種を構成粒子とする原子核に表れる新しい秩序を目の当たりにした。研究では常に、新しい疑問がより深い理解の原動力である。核質量変化の観察も原子核という謎の多い物質の起源をより深く理解するための道のひとつであるに違いない。

本研究は、S. Michimasa *et al.*, *Phys. Rev. Lett.* 121, 122506 (2018) と *Phys. Rev. Lett.* 125, 122501 (2020) に掲載された。

(2020 年 9 月 16 日プレスリリース)

存在限界近傍のカルシウム (Ca)、スカンジウム (Sc)、チタン (Ti)、バナジウム (V) 同位体の二中性子分離エネルギー。実線は同位体同士をつないでおり、中性子数に対する変化を表している。破線は理論計算値。



CASE 2

巨大惑星の発見
白色矮星をまわる

2009–2018年に活躍したNASAのケプラー(Kepler)宇宙望遠鏡は、4千個を超える太陽系外惑星を発見し、宇宙における惑星の普遍性および多様性を明らかにした。しかし、ケプラーは天球面上の限られた領域しか探索しておらず、太陽系近傍の大部分の恒星については未探索であった。

現在、ケプラーの後継機にあたるテス(TESS)宇宙望遠鏡が全天の明るい恒星を探索中であり、惑星のさらなる多様性やその詳細な性質を明らかにしつつある。

太陽以外の恒星をまわる惑星を初めて発見した功績により、M. マイヨール (Michel Mayor) と D. ケロー (Didier Queloz) の両氏が2019年のノーベル物理学賞を受賞したことは記憶に新しい。この1995年に発見された木星サイズの系外惑星は、主星のまわりをたった周期4日で公転する「常識はずれ」の惑星であり、それまで太陽系内の惑星しか知らなかったわれわれの知見を大きく広げた。その後、世界中で繰り広げられた系外惑星ハンティングによって新たな惑星が次々と発見され、惑星は宇宙に豊富に存在すること、多様な惑星が存在すること、生命に適した温度をもつ惑星が系外に実在することなどが明らかとなった。しかし、これまでに発見された系外惑星のうち、密度や大気成分が観測されたものはまだ数が少なく、大半の惑星はその組成や成り立ちがよく分かっていない。また、これまでの惑星探索はおもに太陽と同程度の質量の恒星に対して行われており、われわれから見てより「異質」な星(低/高質量星や白色矮星など)に対する探索はまだ十分に進んでいない。

2018年に打ち上げられたテス宇宙望遠鏡は、全天に広く分布する明るい(太陽系近傍の)恒星に対して惑星探索を行うことで、密度や大気組成を調べることが出来る惑星や、多様な恒星をまわる惑星の探索を行っている。テスは、ケプラー探索でも用いられた「トランジット法」と呼ばれる手法で惑星を探索している。トランジット法は、惑星が主星の手前を通過(トランジット)するさいの主星の減光を捉える方法であり、主星の減光率から惑星の半径を測ることができる。また、発見された惑星に対して

地上や宇宙から追観測を行うことで、惑星の質量や大気組成を測ることが可能である。

一方、じつは、テスの観測だけでは惑星の「候補」しか発見することができない。惑星候補が本物の惑星かどうかを確かめるためには、地上の望遠鏡を用いた追観測が必要不可欠である。そこでわれわれの研究チームでは、テスが発見する惑星候補の中から効率的に本物の惑星を見つけ出すとともに、発見した惑星の特徴(質量や大気の性質など)を詳しく調べることをおもな目的として、惑星のトランジットを多波長で同時に観測出来る観測装置「マスカット (MuSCAT)」を計3台開発した(それぞれ岡山、スペイン、ハワイの望遠鏡に搭載)。現在、これらの装置を用いてテスが発見した惑星候補の網羅的な観測を進めている。

そして今回、われわれが観測した天体の一つであるWD1856+534と呼ばれる白色矮星に、白色矮星としては初めて惑星(もしくは低質量の褐色矮星)が存在することを国際協力で突き止めた。白色矮星は太陽の約8倍以下の質量をもつ恒星の成れの果ての姿であり、恒星が内部の燃料(水素)を使い果たし、一度膨張して巨星となったあと、外層を放出して中心に残った高密度の天体である。そのような劇的な進化を遂げた天体のまわりにも惑星が存在し得ることが、今回の発見で初めて明らかとなった。この発見は、われわれがもつ「惑星」の概念をさらに広げるとともに、この惑星がどのようにして恒星進化の激変期を生き延びたのかという新たな問いを投げかけている。

本研究成果は、Vanderburg *et al. Nature* 585, 363 (2020)に掲載された。

(2020年9月17日プレスリリース)



白色矮星 (WD1856+534, 左) をまわる巨大惑星 (WD1856b, 右) の想像図。惑星は白色矮星よりも約7倍大きい。©NASA's Goddard Space Flight Center

大橋 順
(生物科学専攻 准教授)

渡部 裕介*
(生物科学専攻 博士課程3年生)

一色 真理子*
(生物科学専攻 博士課程3年生)

CASE 3

47都道府県の遺伝的地域差

日本列島には、アイヌ人、琉球人、本土人の3つの民族集団が住んでいる。これまでの研究により、これら3集団間には遺伝的な違いがあることが分かっている。

では、47都道府県に住む本土人の間に、遺伝的な地域差はあるだろうか？また、地域差があるとすると、その違いを生じさせた要因は何だろうか？

個体間でゲノム配列の塩基が異なる位置はSNPとよばれる。ヒトゲノム中の約14万個のSNPを調べたところ、47都道府県間には、縄文人と渡来人の混血の程度によって特徴づけられる地域差があることがわかった。

日本列島には3万年以上前からヒトが住んでおり、約1万6千年前から縄文時代が始まる。そして、弥生時代が始まる約3千年前に、それまで日本に住んでいた縄文人が、アジア大陸から渡ってきた渡来人と混血したと考えられている。現在の日本には、アイヌ人（おもに北海道に居住）、琉球人（おもに沖縄県に居住）、本土人が住んでいるが、最近のDNA研究により、縄文人と渡来人の混血集団の子孫が本土人であり、アイヌ人や琉球人は、本土人に比べて当時の混血の影響をあまり受けていないことが明らかとなった。DNA研究によって日本人集団の遺伝的背景について多くの知見がもたらされているが、都道府県レベルでの遺伝的な地域差についてはこれまでよくわかっていなかった。

個体間でゲノム配列の塩基が異なる位置はSNPとよばれる。遺伝的に類縁関係のある個体間ではSNPの対立遺伝子がより似ている傾向が強いことを利用し、個体間および地域間の遺伝的差異を評価することができる。われわれは、47都道府県に居住する日本人11,000人の約14万か所のSNP遺伝子型データを分析し、本土人の間に遺伝的な地域差が存在するかを調べた。個人の遺伝子型データに対して、多変量解析手法の一つである主成分分析を行

うと、沖縄県には、他の都道府県の人と遺伝的に明瞭に異なる人が多いことが確認された。本研究では住所データのみを使用しており、各個体が属する民族集団については正確なことは分からないが、沖縄県居住者に琉球人が多く含まれていたためと思われる。つぎに、都道府県の遺伝的關係を調べるために、各都道府県から50人ずつ無作為に抽出して計算した対立遺伝子頻度の平均値データに対して主成分分析を行った。第一主成分の値に着目すると、沖縄県に最も近いのは鹿児島県であり、東北地方の青森県や岩手県も近かった。一方、近畿地方や四国地方の県は遠かった。第二主成分の値は、緯度もしくは経度と相関していた。他の統計解析結果も含めて考察すると、第一主成分は縄文人と大陸から来た渡来人との混血の程度の違い（沖縄県に近いほど縄文人に近い）を反映しており、第二主成分は地理的位置（近い都道府県どうしは遺伝的にも近い）を反映していると考えられる。

縄文人の骨から抽出したDNAを調べた研究などの成果を含め、現在の本土人は、縄文人に由来するゲノム成分を20%程度保有していると推定されている。言い換えれば、本土人のゲノム成分の80%程度は渡来人に由来する。大部分の渡来人は朝鮮半島経由で日本列島に到達したと思われるが、朝鮮半島から地理的に近い九州北部ではなく、近畿地方や四国地方に、より多くの割合の渡来人が流入したのかもしれない。本研究によって、47都道府県間の遺伝的な近縁関係が明らかとなった。しかし、大きな疑問が残っている。渡来人との混血時、8万人程度の縄文人が日本列島に住んでおり、その居住域は日本列島全域にわたっていた。海を渡ってきた渡来人が優勢になることなどあるのだろうか？日本人の集団史に興味は尽きない。

本研究成果は、Y. Watanabe*, M. Isshiki* et al., *Journal of Human Genetics* (2020) (DOI: 10.1038/s10038-020-00847-0) に掲載された。*共同第一著者。学年は研究当時のもの。

(2020年10月14日プレスリリース)

47都道府県を対象とする主成分分析結果(左)と沖縄県を除く46都道府県の第一主成分スコアの分布(右)。

