

第38回 理工学部門研究談話会

日時：令和 4年10月19日(水) 13:30～15:00

方法：Microsoft Teams によるオンライン配信

話題及び提供者

『Qualitative - Quantitative』

大久保 慎人

『非一様ボーズ・アインシュタイン凝縮系の実空間
ダイナミクス』

高橋 淳一

『赤潮研究から見出された全く新しいウイルスの
感染戦略』

長崎 慶三

教職員，大学院生，学生，一般の方々のご参加をお待ちしております
(お問い合わせ： iida@kochi-u.ac.jp)

19 OCT 2022

Qualitative – Quantitative

大久保 慎人
Makoto OKUBO

自然科学系の学問では、観測事実を基にモデル化を行い、経験則を構築することから現象の理解が始まる。特に地球物理学や地震学では事象の再来間隔が長く、データ蓄積が容易でないため、より少ない事象でのモデル化・定式化が行われてきた。そのため初期のモデル化では定量的な評価・定式化が困難であり、定性的な (Qualitative) 議論に終始することが多い。私が研究を始めた頃 (30 年ぐらい前?) の地震学では、観測波形の振幅は理論値の倍半分となることが当たり前であった。結果、構築される経験則には、対数 (log) が用いられることとなる (そのせいか、地震学・固体地球物理学の研究に進むことを、学生から忌避されているような気がする。)。地震動「ゆれ」は、感震器である人間の分解能を基にしているため、倍半分の振幅の違い ($0.3 = \log(2)$) を容認してきた経緯がある。

近年、物理計測を基にした地震動観測が発展してきたこともあり、観測量を定量的に (Quantitative) 評価することが可能となってきた。結果、南海トラフの地震発生の際予測される「ゆれ」の強さが、数100m の空間規模で異なっている予測震度の図が一般にも目に触れるようになった。発表では、この「震度」の空間的な分布から、話をはじめ、最近の研究について発表を行う。

元来の興味は、「地震発生機構; おこりかた」や「地球深部内部構造; 発生した地震の記録を用いた人類では到底到達できない領域 (内核; 地表下, 約 5000 km, 温度 6000° K – 太陽表面温度と同等, 地表圧力の 3000 倍以上, 主成分は Fe) の状態把握」にあった。前職業務上、浅い領域 (500m 以浅) での地震動増幅の研究にも携わることにはあったが、メカニズムの理解や現象の定式化に留まり、場所ごとの物性に関して観測・測定を行うことはなかった。高知大着任後幸運にも、人間生活等に強く影響を与える浅部地震波速度構造の観測・測定を基にした研究を始めることができた。結果、幾らかの研究成果を残すことにもつながり、自己の興味の幅も広げることができた。発表の際には、異なる分野 (情報, 数学, 物理, 化学, 生物) との連携をも模索できるような、発表としたい。

非一様ボーズ・アインシュタイン凝縮系の実空間ダイナミクス 高橋淳一（物理分野）

量子物理学は 20 世紀の一大発見であり、現在欠かすことができない理論となっています。この理論は最初のアイデアから約 25 年で現在の理論にまで成長してきました。しかし、この間順調に育っていったわけではありません。量子というアイデアは 1900 年にプランクが熱輻射の問題に対して導入したものでした。しかし、そのアイデアは当初は受け入れられず、1905 年にアインシュタインが光子という解釈を導入するまで日の目を見ない空白の期間があったのでした。この受け入れがたさは、量子の世界が目に見えないというところに起因していたと推測できます。

現在では、この量子の性質を保ったマクロな現象が存在することがわかっています。超流動や超伝導がそれにあたります。目で量子の世界が見えるというのは非常に強力な魅力的なことです。これらを徹底的に解明すべく、冷却原子系と呼ばれる粒子を真空中に捕捉し、極低温まで冷却した系が注目されています。注目度が高い理由は、この系の実験制御性が非常によいからです。たとえば粒子間相互作用の間を変化させたり、トラップの形を変更したりできます。さらに、驚くべきことに、この系において気体の超流動（ボーズ・アインシュタイン凝縮; BE 凝縮）が実現しています。つまり、実験制御性が良く、量子性を有するマクロな物体が扱えるようになったというわけです。

さて、この気体の BE 凝縮系を用いることにより、理論・実験の両方面からより詳細に量子の振る舞いが理解されてきました。その中でも特に私が注目しているのは、量子の振る舞いが密度という形で観測できるという点です。密度として量子の性質を可視化できるため、今まで間接的にしかうかがい知れなかった量子世界の振る舞いが空間分布として見て取れるようになったのです。とりわけ、ダイナミクスを追うことができるという点が非常に重要であると考えています。量子論は定常状態の解析が主流であり、ダイナミクスの計算はどちらかといえば傍流となります。これは、ダイナミクスの計算は数値計算に頼らざるを得なかったという点と、得られるものが確率振幅であり直接的に観測できるものではないという点が挙げられるでしょう。しかし、BE 凝縮ならば時間発展するものは密度なので、直接的に観測が可能です。定常理論は時間発展理論の一つの見方ですので、ダイナミクスを通して従来の定常理論では解析できない現象を調べることが可能だと私は考えており、研究のメインテーマとしております。本談話会では、このような着想から得た成果をご紹介します。

また、話は変わりますが、時間が許せば現在私が受け持つ授業（量子物理学特論）での試みについてお話させていただきたいと考えております。こちらはダイナミクスから量子力学を理解しようというコンセプトで、プログラミングと量子力学をセットで教えることにより上述の問題を解決しようという試みです。授業では、インタラクティブ型の形式を採用して学生の理解を促進しようとしているところです。理工系におけるインタラクティブ型の授業方法についても議論できればと思います。

赤潮研究から見出された全く新しいウイルスの感染戦略

長崎慶三 (E-mail: nagasaki@kochi-u.ac.jp)

Onimatsu et al. (2004)は、緑藻クロレラを宿主とするウイルス CVK2 が持つ大型分子 VP130 に存在する 70-73 アミノ酸からなる反復配列が宿主細胞表面に特異的に吸着することを報じた。これは、高度反復配列が糖鎖識別に関与する可能性を明確に示唆するものである。演者らは、赤潮原因藻 *Heterosigma akashiwo* を宿主とする二本鎖 DNA ウイルス HaV の超巨大分子上に 74 アミノ酸の高度反復領域を見出し、その糖鎖認識の可能性に注目した。今回の話題提供では、これまでに得られた知見を概説し、糖鎖識別のための創薬ツールとしての応用の可能性を俯瞰する。

一つのウイルス懸濁液の MPN 値は用いる株によって大きく異なる。この実験結果は、一感染単位に由来するはずのクローンのウイルス粒子群が、感染特異性という点では多様であることを示す。また、HaV が持つ超巨大蛋白質分子の高度反復領域の配列比較ならびに AlfaFold2 を用いた立体構造解析の結果、ステムループ状を呈するポリペプチド鎖のうちループ部分の 3 アミノ酸が糖鎖構造の識別に関与している可能性が疑われた。今後さらに種内宿主特異性の異なるウイルス株の高度反復領域の配列比較を進めることで、新たな仮設構築が期待される。近年、疾病特異的な糖鎖構造が注目されており、演者らはこうした知見を基に、糖鎖認識分子の診断薬創出への応用を視野に入れた研究を進めているところである。