生体内水構造のダイナミクスと広帯域誘電分光

東海大学理学部物理学科 八木原 晋, 新屋敷直木

Dynamics of water structure in biological system are explained from experimental results obtained from broadband dielectric spectroscopy (BDS). BDS measuring technique makes it possible to observe molecular dynamics in totalized time/frequency range of 200 ks-0.2 ps / 1 μ Hz-1THz, and is still developed to offer precise and stable measuring system. The BDS measurement looks best to observe slow dynamics of various water structures restricted and/or confined in molecular complex systems such as biological system. Topics on aquametry, confinement, freezing, supercooling, glass transition, etc. are described from the concept of dynamical behavior of complex system.

water structure / slow dynamics / complex system / BDS / restricted and/or confined molecules / glass transition

1. はじめに

生体の構造・機能の分子機構を理解するために水が重要であることは従来から指摘されてきているが、現在でも水の役割はまだ十分には理解されていない。本稿では、水構造の難しさとは何か、何を知らなければならないのか、などについて最近の知見を織り交ぜて解説していく。水構造のダイナミクスの観測と解析を行う手法の1つとして本稿で言及する誘電分光法は重要な知見をもたらすが、もちろんこの手法のみで問題が解決するわけではない。現段階でこれらの生体内水構造について記述することにはまだ困難が残るが、ここでは特に若い学生や研究者の多くへ誘電分光をご紹介します意味も込めて、少々リスクを覚悟で簡潔な記述を行っていく。

水構造の明確な定義や複雑系のダイナミクスとしての概念が希薄であった頃から、さまざまな水構造の定義がなされてきたため、同じ用語でよばれる水構造の物理的意味が異なったり、それらが混同されたりすることも珍しくはない。本稿では、水構造についてダイナミクスの立場から最小限の定義を行う。読者には、今後水構造は個々の文献や報告で改めて定義・分類されるべきものと認識して、お読みいただきたいと思います。

2. 生体内水構造の概念

タンパク質や核酸、脂質などの分子は多様な高次構造をとって生体を構成しているので、これらの生体構成分子と相互作用している水についても、対応する多様な階層的空間スケールでの構造を考えなければならない。単一水分子もしくは数分子のとりナノメートルスケールよりも小さな構造から、生体分子やその複合体周囲の数十-数百ナノメートルスケールに及ぶ構造水、さらに細胞のマイクロメートルスケールで考えるべき水まで、その空間スケールの階層性のために、生体内水構造の理解はあまり簡単ではない。

さらに深刻な困難は、典型的な複雑系物質である水の構造は空間スケールだけではなく、時間スケールを明記してはじめて正確に定義されることである。これは本稿の記述にあたって最も基本的で重要な概念である。たとえば、90分の講義を受講する学生たちは、教室内で何人かずつまとまって席をとり、ある凝集構造を作る。この構造は90分の寿命をもっている。もしも1年間の時間スケールで教室を観測すると、これら1年間の講義分すべての構造が重ね合わされるので、学生は教室内で満遍なく席をとっているように見え、その凝集構造はすっかり消えてしまうだろう。逆に90分という構造の特性時間よりも観測の時間スケールを短くしていくと、

Dynamics of Water Structure in Biological System and Broadband Dielectric Spectroscopy

Shin YAGIHARA and Naoki SHINYASHIKI

Department of Physics, School of Science, Tokai University

学生は静的構造をとっているように見え、たとえ学生が寝込んでしまっても区別できなくなるだろう。ある特性時間を有する構造は、異なる時間スケールで観測しても見えないのである。したがって、静的構造をもつ固体とは異なり、複雑系の構造はダイナミクスの特性時間を明記してようやく十分な記述となる。こういった事情は生体内の水構造についても同様であり、水構造の多様性も時空間で定義されるべきものである。

このようなダイナミックな構造を観測する代表的な実験手法として、線形応答に基づく緩和現象を観測する誘電分光法が挙げられる。物質中の極性分子は刺激としての電場に応答して配向分極を起こす。分極の時間応答は周波数応答関数である複素誘電率の周波数依存性と互に対応し、これらの時間・周波数応答の特性時間である緩和時間で分子のダイナミクスを特徴づけることができる。

誘電分光の歴史は古いですが、電子技術の発展によって今でも新たな開発がなされている。特に、ダイナミクスの特性時間を測定できる時間・周波数域の広帯域化がなされ、さまざまなシステムをあわせた時間域は200 fs-0.2 ps, 周波数域は1 μ Hz-1 THz と18桁に及び、この広帯域誘電分光 (BDS : broadband dielectric spectroscopy) によってはじめて、20 GHz 付近に大きく現れる水の誘電緩和が物質中での相互作用によって低周波側にシフトする「スローダイナミクス」とよばれる挙動の観測が可能になる。最近、上限周波数がTHz域までの誘電分光システムが開発され、単一水分子やOH基の速いダイナミクスの詳細な理解が期待されている。遅いダイナミクスの観測限界を拡張するためには、現在の最低周波数で必要となる1ヵ月にも及び観測時間をさらに延ばさなければならず、測定システムの技術的問題だけでなく、1年に1測定のための物性実験が現実的であるのかどうかの検討も必要となる。これはダイナミクスの観測原理の根幹にかかわる問題なのだが、これらのダイナミクスや観測原理の意味と解釈について、若干の認識不足やずれが研究者間に見られるのは、現在のBDSをもたらし電子技術の急速な進歩のゆえでもあろう。BDSによる観測周波数の上限がTHz域まで拡張されることは、分子の動的挙動として最も短い特性時間域まで観測が可能になってきたことを意味し、電子の速い挙動ではなく、分子機構に関する観測システムとしてのBDS開発の「行き着く先」はひとまず見えてきたと言える。国際誘電分光会議や学会の新たな発足が、誘電分光によるさまざまな試みにさらに弾みをつけつつあることは、本誌でも最近報告した¹⁾、誘電分光法の実践についての記述はほかの文献に譲ること

する^{2),3)}。

水分子は水素結合を介して互いに相互作用し、複数の分子による高次構造をつくっている。マイクロ波誘電分光によれば、25℃の純水で観測される誘電損失のピーク周波数はおよそ20 GHzで、緩和時間8.3 psという構造の特性時間をもつ。この特性時間を水分子のダイナミクスを伴う高次構造の寿命と解釈すると、前述した教室での学生は水1分子に相当していたことになる。今この構造を「動的クラスター」とよぶことにしよう。これはダイナミックな水分子の方向相関の及ぶ範囲として、誘電分光から定義されたものである。このダイナミックな水構造は、水分子と相互作用する分子の導入によって壊れる。一連の水溶液の誘電分光から、純水中の水の動的クラスターは6分子から成ることが示唆されたが⁴⁾、ほかの観測手法では4, 5分子にわたる相関も報告されており⁵⁾、観測の時間尺度を明記した比較が必要になってくる。観測した構造の時間尺度に不明確さが残る実験手法もあり、注意したいところである。

生体は、多様な生体分子や水が形成する分子複合体が、さらに上位の階層で準静的構造を形成した弾性的不均一分散系であり、そのすべてを「複雑液体」とよぶことに多少違和感が残るので、本稿で扱う生体内の物質群すべてを、ここでは広く「分子複雑系」とよぶことにする。水を含む分子複雑系では、水に接する界面に親水性グループ、水と接しない内側に疎水性グループが位置して巨視的な立体構造が決定され、さらに局所的な水和構造が微細構造を決定している。生体におい

Fig.1 Characteristic times and frequencies for various dynamics of protein and water in aqueous solution of protein as an example of molecular complex systems. Temperature is 25℃ except for T_l : freezing temperature and T_g : glass transition temperature. Various kinds of water shown in this figure cannot exist in pure water.

ても、水は単なる巨視的媒質ではなく、生体のダイナミックな構造と機能を直接担う生体構成成分としての役割を負っている。Fig.1に示すように、水は生体の階層構造を反映した多様なダイナミクスを有し、生体分子との相互作用によるスローダイナミクスの観測が、生体の構造・機能の1次情報の取得として重要になってくる¹⁾⁴⁾。

3. 自由水の水分量測定

生体系のBDSで得られる典型的な誘電緩和曲線の概略図をFig.2に示す⁶⁾。水のほか、生体分子やイオンのダイナミクスを反映する緩和過程がそれぞれの時間・周波数域に観測される。水の動的クラスターを反映する過程[Fig.2の(b)過程]の平均緩和時間が連続的に大きくなり、その分布も広がるスローダイナミクスの挙動をとる水を「自由水」とよぶことにする。自由水の緩和過程は一般に次式のCole-Cole型の緩和関数で記述される。

$$\varepsilon'_f(\omega) = \varepsilon'_f(\omega) - j\varepsilon''_f(\omega) = \frac{\Delta\varepsilon_f}{1 + (j\omega\tau_f)^{\beta_f}} \quad (1)$$

ここで ε^* 、 ε' 、 ε'' はそれぞれ複素誘電率およびその実数部と虚数部(誘電損失)、 ω は角周波数、 $\Delta\varepsilon$ は緩和強度、 τ は緩和時間で誘電損失曲線のピーク周波数 f_m と $\tau = 1/2\pi f_m$ に対応する。 β_f は緩和時間分布を記述するCole-Coleの形状パラメータで $0 < \beta_f \leq 1$ の値をとり、1の場合は単一緩和、1より小さいと緩和時間分布をもつより幅広い誘電損失曲線を描く。添字fは自由水による寄与

のみを意味する。多くの生体組織では、自由水が特別に強く相互作用を受けて束縛・拘束されていなければ20 GHzより少し低周波側に観測される。

25 の純水の緩和強度は73である。緩和強度は極性分子の数密度に比例するので、もしも自由水と純水の動的構造の違いが緩和時間のみであれば、生体に含まれる自由水量 C_f をその温度での純水の密度、 C_w 、と緩和強度、 $\Delta\varepsilon_w$ 、を用いて次式のように表して解析することができる。

$$C_f = C_w \frac{\Delta\varepsilon_f}{\Delta\varepsilon_w} \quad (2)$$

緩和強度は一般に極性分子の数密度、温度、分子にかかる電場と外部電場の強さの違いを補正する因子、双極子の方向相関などで決まる。最後の双極子相関は極性分子の凝集構造に関連し、その方向相関と相関距離の両方を1つの誘電分光結果から一意的に決定することはできず、何らかの構造のモデリングが必要になる。これは誘電分光を化学分析として用いることの困難を示すが、同時に、複雑系の多様な構造・物性を敏感に反映する観測法としての有用性も意味している。自由水の精密測定から、溶質分子や分散粒子表面の疎水・親水性の程度や水素結合のようすを議論することができる。これらの研究についてはより詳細な検討が今後なされていくだろう。

一方、式(2)は自由水量のシステムティックな変化や相対的な水構造変化の議論を可能にする。この手法の利点は、生体の電気測定で不可避なイオンの挙動に影響された誤った水分量取得を避けて、自由水のダイナミクスから直接自由水量を解析できる点にあり、条件によって測定誤差が10%またはそれ以上になっても式(2)の有用性に変わりはなく、多様な研究が可能である。

最近、我々は皮膚の水分量測定から、平静時、運動時の皮膚の水分代謝に要する時間や体内での水分移動のようすを調べた。発汗に伴って増加した皮膚の水分量は通常15-20分で元に戻るが、湯に浸漬した皮膚の場合には60分ほどもかかり、皮膚構造変化や脂分流出に伴う皮膚の保水機能の減少が数時間にわたって見られた。また、運動時の発汗によって体内から蒸散して体温調節に寄与する水が皮膚を通過していくようすや、血液中から補充される水分量との関連を定量的に知ることができた。また火傷後の皮膚の誘電分光から、火傷の種類、程度により皮膚の脱落までの時間は異なるが、新生した皮膚の保水機能が1週間ほどで平常値に回復していくようすをモニターすることができ、皮膚角質層の再生に対応していることがわかった。

Fig.2 Dielectric relaxation processes typically obtained for biological systems. (a) Single water molecule. (b) Dynamical cluster of water. (c) Local motion of biological molecule, bound water, counter ion process, Maxwell-Wagner effect, etc. (d) Large scale domain motion of protein. (e) Electrode polarization by ions. (f) Direct current.

このような同一の手法によって、生体からコンクリートまで多様な物質の水構造解析をすることで、多彩な分野での応用研究が可能になってきた。

4. 自由水のスローダイナミクスが反映する生体構造

Fig.3a に高分子水溶液中で自由水が示す緩和時間の典型的な高分子密度依存性をいくつか表した⁷⁾。高分子濃度の増大に伴う自由水のスローダイナミクスが見られる。自由水の成分をさらに緩和時間の大小で「遅い水」と「速い水」とに分離して議論することもしばしば行われるが、本稿ではこれらを自由水と総称して扱う。自由水のスローダイナミクスは、はじめ液体の粘性を議論するために用いられた自由体積モデルを用いて、

$$\log \tau = -A - B / (C_d - C_0) \quad (3)$$

と表される。 C_d は水溶液中での高分子密度である。このVogel-Fulcher-Tammann (VFT) 型とよばれる挙動は、古典的には水分子の van der Waals 体積で周囲の運動可能な空間の体積をスケールしてダイナミクスを表現する手法に相当し、パラメータ A , B , C_0 の値の比較から分子間相互作用などが検討される。さらに一般的なスケールリングのアプローチでは、高分子ゲル中に拘束された溶媒分子の緩和時間 τ_{sol} がゲルの収縮に伴って起こすスローダイナミクスを

$$\tau_{sol} / \tau_{liq} = f(x^n) \quad (4)$$

$$x = g(M, C_d) \quad (5)$$

と記述する。ここで τ_{liq} は純溶媒の緩和時間、 $x (= R/\xi)$ は分子量 M の溶媒分子のサイズ R とネットワークのメッシュサイズ ξ の比をスケールリング変数として導入したもので、どのような関数 f , g やべき数 n をとるかを調べることで、溶媒 - 溶質分子間相互作用を議論することが多い⁸⁾。生体中の水分子もほかの溶質分子や分散粒子と相互作用し、これらの分子によって束縛・拘束されてスローダイナミクスを示す。「拘束」は、ある分子を閉じ込める狭い空間の親水・疎水性の程度によって、分子のより速いダイナミクスを引き出す場合にも使われる用語であることに注意していただきたい¹⁾。自由水の束縛・拘束の程度はスローダイナミクスを示す自由水の平均緩和時間で表される。また、一般に Fig.3b に示されるように、Cole-Cole の形状パラメータによって表される緩和時間分布は、高分子密度の増加とともに広がっていく。この緩和時間分布はナノメートルスケールでの水構造の動的不均一性を示している。緩和時間

Fig.3 (a) Concentration dependence of the relaxation time due to free water in various polymer solutions, I, II, and III. (b) Concentration dependence of distribution of the relaxation time for the free water. (c) τ - β diagram proposed to characterize various aqueous systems.

とその分布は各高分子の構造に特有な密度依存性を示し、緩和時間が大きな高分子のほうがより広い分布を示すというわけではない。Fig.3a と Fig.3b に示したように、高分子種 I, II, III の緩和時間とその分布の大小は対応せず、さまざまな組み合わせがあって統一的な解釈は難しい。そこで Fig.3c の τ - β ダイアグラムをつくると、自由水がある平均緩和時間で示される束縛・拘束を受けている状態での、構造不均一性の程度が各高分子を特徴付けていることがわかる。

Fig.3 のスローダイナミクスは、生体の乾燥によるガラス化に対応している。ガラス化とは物質が液体やゴムのような柔らかい状態から硬化した状態になることである。熱変性卵白をゆっくりと乾燥して得られる「ガラス卵」では、含水量低下による水のスローダイナミクスが見られる。変性タンパク質に多少残された疎水・親水性相互作用によるネイティブな構造が含水量の低下に伴って表面から崩れ、コイル化していくようすがペプチド鎖ダイナミクスの誘電分光で示唆された。このガラス卵のコイル構造は、エネルギー・ランドスケープでまずネイティブな構造がエネルギー極小にある熱変性構造に移行したのち、ペプチド鎖の分子鎖運動によって実現されるのだろう。ダイナミクスの立場からは一般に、高分子のガラス転移温度は高分子骨格鎖などのマイクロブラウン運動の緩和時間が 100 秒になる温度と定義される。したがって乾燥によるタンパク質のガラス化は、高次構造破壊によるペプチド鎖ダイナミクスの束縛・拘束の解除と、自由水量の減少に伴う自由体積の喪失によるペプチド鎖の束縛・拘束の二面性を有しているが、どちらも水構造の変化に起因し、ペプチド鎖のスローダイナミクスを引き起こす結果となっている。

Fig.4 (a) Schematic diagram of temperature and concentration, C_d , dependences of the relaxation time for free water and unfreezable water, respectively, above and below the freezing temperature. (b) Schematic diagram of temperature dependence of the volume fraction, ϕ , of unfreezable water in the ice cage in different polymer solutions IV and V. An iso-volume fraction, ϕ_G , is obtained at T_g .

水溶液中の高分子のガラス転移は乾燥だけではなく、凍結温度(0 - 10)以下の低温域でも見られる。凍結温度以下でも一部の水は液体としての挙動をとり「不凍水」として残るので、誘電分光からそのダイナミクスや量を知ることが可能である。Fig.4aは凍結後の不凍水の緩和時間が元々の高分子水溶液の濃度によらず一定であることを示している⁹⁾。凍結してしまう「過剰水」をもたない高濃度の水溶液は凍結しない。不凍水量は温度の低下とともに減少して氷の領域が増加し、残された領域で高分子の実効濃度が増加する凍結濃縮を起こす。降温に伴って速いダイナミクスを有する水の一部は過剰水として凍結してしまい、形成された氷と高分子鎖によって不凍水がさらに束縛・拘束されてスローダイナミクスを引き起こしていくわけである。さらに高分子水溶液は、-20 - -30 程度でガラス転移を起こす。凍結温度付近での水の緩和時間は数 ns 程度、ガラス転移温度付近でも数百 ns から数 μ s 程度で、高分子鎖よりも不凍水のダイナミクスは速く、凍結水溶液のガラス転移を引き起こす 100 s の時間域の現象は高分子鎖運動である

ことを示唆している。不凍水はより遅い高分子鎖のダイナミクスに自由体積を提供している。高分子のガラス転移に関する一般的な等自由体積分率モデルに倣えば、降温に伴って不凍水の体積分率が減少していくと高分子鎖は自由な空間をさらに失ってスローダイナミクスが進み、不凍水体積分率がある臨界値に達したときにガラス転移が生じることになる (Fig.4b)。

食品などのさまざまな生体系は -20 - -70 でガラス転移を起こす。水の緩和時間は高分子水溶液の場合と同様である。生体には多様な構成分子が含まれているが、ここでは簡単に高分子水溶液とのアナロジーを考えることにする。ガラス転移を、降温に伴う不凍水体積分率の減少が引き起こす生体分子のスローダイナミクスによるものと解釈すれば、氷に束縛・拘束された生体分子のダイナミクスを調節している不凍水がガラス転移を支配していることになる。生体分子表面でスローダイナミクスを示して凍結を免れた不凍水は、結晶化による生体構造・機能の破壊から生体を保護していることになる。言い換えれば、生体の凍結・ガラス転移現象とは、水の分子ダイナミクスによる生体保護の分子機構でもある。

このように、生体系の束縛・拘束、凍結やガラス転移などの物理現象は水や生体分子のさまざまなダイナミクスの組み合わせによって成立しており、ガラス状態でもアクティブなダイナミクスの観測が重要である。ガラス化の研究は基礎科学だけでなく食品や医療などの応用分野でも重要な意味があり、現在さかんになっているが、系全体のマクロな現象を個々の生体構成分子のダイナミクスから解釈していくことで、より正確で詳細な分子機構の議論が可能になるであろう。

5. 構造水と束縛・拘束された水

これまでさまざまな観測手法で生体中の構造水が提案されてきたが、このうち核酸やタンパク質分子表面に結合した水分子同士が形成する2次元ネットワークと見られる「結合水」については、誘電分光によって観測したダイナミクスからすでに本誌で論じた¹⁾。

分子動力学計算や結晶構造解析では、いくつかのタンパク質周囲の水分子が示す時空間相関が、タンパク質の活性部位近傍のヒンジやクレフトの周囲に特徴的な水構造を示している¹⁰⁾。これはさまざまな球状タンパク質水溶液の誘電分光で、ヒンジ構造などによって広い表面積を有するタンパク質が示す多量の結合水とも対応している。IgG ではヒンジ構造に伴うドメイン運動も観測された⁶⁾ (Fig.1)。

ここで生物物理誌の読者には驚かれることを承知で、

Fig.5 Scheme of curing time dependence of the dielectric loss curve for water in mortar.

Fig.5にモルタル（セメント、水、砂の混合物）中の水が示すスローダイナミクス¹¹⁾の概略を紹介したい。モルタルの調製直後には通常的自由水として観測された水が、セメント粉の水和構造の成長に伴う硬化過程では構造水に取り込まれてスローダイナミクスを示し、4年後には緩和時間が自由水の 10^{10} 倍を超えるまでに増大していく。このとき複数の水構造を含む広い緩和曲線は不均一構造を示唆する一方で、それぞれ水構造の平均緩和時間は養生時間によって連続的に変化していく。したがってこれらの水が特異的な時空構造で定義される構造水なのか、あるいは自由水やほかの構造水が束縛・拘束されたものであるのかの判断はきわめて難しい。生体高分子の場合も、特異的な構造をとる結合水と自由水（乾燥）や不凍水（低温域）が示すスローダイナミクスとの判別には困難が大きく、この問題を正しく理解するには、共通のものさしでさまざまな物質群における水構造を、より精密に評価していくことが重要であろう。

そのための手法としてFig.3cの τ - β ダイアグラムを考えると、この特徴づけの物理的な意味は何だろうか。水構造のダイナミクスが反映する生体の階層性を表現するためにはスケーリングやフラクタルによる記述が有効な手法である。最近、著者らはさまざまな水複雑系について、スローダイナミクスを示す自由水を反映している緩和過程のCole-Coleの形状パラメータ β を

$$\beta = \frac{d_G}{2} \frac{\log(\tau\omega_s)}{\log(\tau/\tau_0)} \quad (6)$$

と表現してFig.3cの理論的裏づけとしている¹²⁾。ここで d_G はフラクタル次元、 τ_0 は時間のスケーリングのカットオフ時間、 ω_s は自己拡散過程の特性周波数で

$$\omega_s = \frac{2d_E G^{2/d_E} D_s}{R_0^2} \quad (7)$$

と書かれ、 d_E はユークリッド次元、 G は1よりも十分に

大きい幾何学的係数、 D_s は自己拡散係数、そして R_0 は空間のスケーリングのカットオフサイズである。異なるカテゴリーに属する多岐にわたる分子複雑系物質群の構造を、統一的に解釈することはきわめて困難なはずであるが、そこに共通に存在している水構造をフラクタルの数理解析的手法で統一的に表現する一般化されたアプローチは、分子複雑系の動的構造解析の際に重要なツールになることが期待される。

6. おわりに

本稿では、生体内の水構造の観測と解析について、最近の知見を織り交ぜて解説してきた。生体内の水は生物機能の本質的な発現物質ではないと考えている方々もおられるだろう。しかし、生体のような複雑系の構造や機能は、水も含めた構成物質のどれが欠けても成立せず、むしろ水構造の観測の困難から、本来水構造が引き起こしている生体の分子機構のモデリングが遅れてきたと言ってもよいだろう。水構造とダイナミクス、束縛・拘束、ガラス化などの問題については、今後さまざまな手法によるスローダイナミクスの観測から包括的に議論していく必要がある。近い将来、生体も含めた分子複雑系に共通な「映し絵」として、水構造のダイナミクスを解釈していくことができれば、このアプローチはきわめて広い応用へと直結することになるだろう。本稿で水構造の観測・解析の困難と重要性、今後なすべきことの多さに目を向けていただければ幸いである。

謝 辞

本稿は、著者らと誘電分光研究を進めてきた東海大学分子複雑系研究グループのメンバーと外部から共同研究に参加していただいた多くの方々との議論を基に執筆させていただきました。諸氏の熱意とご理解に深く感謝いたします。

文 献

- 1) 八木原 晋 (2001) 生物物理 **41**, 240-243.
- 2) 八木原 晋, 新屋敷直木 (2000) 高分子 **49**, 724-730.
- 3) F. Kremer and A. Schonhal (Eds.), (2002) Broadband Dielectric Spectroscopy, Springer-Verlag, Berlin.
- 4) 真下 悟 (1996) 表面 **34**, 231-236.
- 5) 富永靖徳 (1993) 日本物理学会誌 **48**, 773-780.
- 6) Y. Hayashi *et al.* (2000) *Biophys. J.* **79**, 1023-1029.
- 7) N. Shinyashiki *et al.* (1998) *J. Phys. Chem. B* **102**, 3249-3251.
- 8) M. Tokita *et al.* (1996) *Phys. Rev. E* **53**, 1823-1827.
- 9) N. Shinyashiki *et al.* (1994) *J. Phys. Chem.* **98**, 13612-13615.
- 10) 中迫雅由, 肥後順一 (2002) 現代化学 No.374, 24-30.
- 11) N. Miura *et al.* (1998) *J. Am. Ceram. Soc.* **81**, 213-216.
- 12) Y. E. Ryabov *et al.* (2002) *J. Chem. Phys.* **116**, 8610-8615.

八木原 晋

八木原 晋(やぎはら しん)

東海大学理学部物理学科 教授

1982年北海道大学大学院理学研究科・高分子学専攻博士課程修了, 理学博士. 学振奨励研究員, ケベック州立大学トロア・リヴィエール校(UQTR)ポスドク, 86年より東海大学短大部, 同理学部・講師, 助教授を経て2001年より現職. この間UQTR客員研究員, 客員教授.

BDSシステムの開発によるさまざまな分子複雑系, 生体系のダイナミクスの観測と解析. 最近は「水による複雑系の映し絵」という概念を進めていくことに興味をもっている.

連絡先: 〒259-1292 神奈川県平塚市北金目1117

E-mail: yagihara@keyaki.cc.u-tokai.ac.jp

URL: <http://bosei.cc.u-tokai.ac.jp/~naoki-ko/>

新屋敷直木(しんやしき なおき)

東海大学理学部物理学科 助教授

1989年東海大学理学研究科物理学専攻修士課程修了, 89年富士写真フイルム株式会社勤務, 92年東海大学理学部物理学科研究生, 94年博士(理学), 同年より東海大学理学部物理学科助手, 講師を経て2002年より現職.

連絡先: 〒259-1292 神奈川県平塚市北金目1117

E-mail: naoki-ko@keyaki.cc.u-tokai.ac.jp