

「物理現象→生命現象→心理現象」の一連の プロセスの統一的説明

～シュレーディンガー方程式をみたす
波動関数の確率性の純化 (2)

池田宗彰

“A General Interpretation of Physical scientific phenomena, Life
phenomena and Psychological phenomena.”

～Purification process of Probability of Wave function
constituting Schrödinger equation (2)

Muneaki Ikeda

(要約)

力学的物理現象を統一的に説明するものがシュレーディンガー方程式である。物理現象（連続的時間に関する変化曲線で表わされる：因果性）が粗視化されて跳び跳びに観測されて一時点に重ね合わされると確率分布に変換される。これはシュレーディンガー方程式の波動関数の確率性である。しかしこの確率化は不完全である。この確率分布には系列相関（因果性）が残るからである。これが再度変化曲線を形成して再度粗視化され、跳び跳びの観測を受け確率化する。これが繰返されるプロセスで確率は純化されてゆく。これは、一定の視野への粒子の時空値の参入と粗視化の繰返しを伴いながら、階層を上ってゆくプロセスであり、シュレーディンガー方程式の階層上げである。それが、物理現象→生命現象→心理現象、と派生・移行してゆくプロセスを誘導構成する。何となれば、粒子の因果性が確率に変換されることで、粒子に自発性・任意性が出てくる。分子が“自発的”だということは、分子が“確率的”だということと等価である。因果性が不完全に確率化されるある段階で分子に目的概念が出て来、ここが生命の発生点となる。これはRNAレプリカーゼ分子が発生した時点に対応する。それが更に確率化されると任意性が出てくる。ここが心理の発生点である。これはヒトの脳新皮質の発生点に対応する。以上の一連を統一的に説明するものがシュレーディンガー方程式を構成する波動関数の確率性の“純化”のプロセスである。（加えて、生命現象を表現する連立差分方程式

系が、粒子の確率性を表現するシュレーディンガー方程式と等価となることが証明される。また、シュレーディンガー方程式は階層上げに従い、マクロの“粒子”を説明するニュートン力学とも整合的である。さらにまた、上記生命モデルが、進化学の難問であるダーウィンの自然淘汰説と木村資生の分子進化の中立性との同時説明を可能にすることが示される。）

【キーワード】

シュレーディンガー方程式の確率解釈 参入と粗視化を伴う階層上げ（対応原理） 粒子の振舞いの確率性と自発性・任意性との等価性 階層上げに伴う確率の純化 RNA=レプリカーゼと大脳新皮質 生命現象の差分方程式系とシュレーディンガー方程式との等価性 進化の自然淘汰説と分子進化中立説の同時説明

目次

序

I. 粒子の物理過程：粒子の確率性の基礎理論

§ 3. 第 I 章の「付論」

3・5 粗視化と階層上げの等価性と Schrodinger 方程式の持つ階層上げという性質（再論）

II. 粒子の生命過程の確率性

§ 0. はじめに

0.1 生命の起源（1）

0.2 現在の生命現象における核酸の構造と複製および情報伝達的方式

(1) 核酸の構造

(2) DNA の複製

(3) DNA がタンパク質を指定するメカニズム～「転写」と「翻訳」

(4) 「翻訳」のメカニズムの再論

§ 1. 生命の素材の形成

1.1 原始地球上での生命素材の形成

(1) ユーレイ=ミラーの実験

(2) 熱水噴出口の特徴と生命素材の形成条件

1.2 地球外部からの生命素材の供給の可能性

§ 2. 核酸構成分子の供給およびアミノ酸の形成

2.1 核酸塩基の供給

2.2 リボースのでき方

2.3 リン酸の供給の形

2.4 アミノ酸の脱水重合による「原始タンパク質」の生成

§ 3. 核酸の形成

- 3・1 核酸は DNA が先か RNA が先か
- 3・2 核酸 (RNA) の重合の仕方の 2 説
- 3・3 ヌクレオシド, ヌクレオチドの起源
- 3・4 原始 RNA は如何にしてできたか
 - (1) 原始スープ中に先に形成されたと考えられるタンパク質集団が RNA を触媒したという説
 - (2) 原始スープ中にモノヌクレオチドが偶然に形成されて既に存在したという前提の下で RNA 合成を行なう場合
 - (3) 原始 RNA のかたち (前駆体 RNA)
 - (4) 核酸の鎖長伸長のモデル (鋳型合成で伸長するモデル)

§ 4. 生命の起源 (2)

- 4・1 RNA 依存 RNA ポリメラーゼ (RNA レプリカーゼ)
- 4・2 RNA の情報伝達機能とレプリカーゼの酵素活性との系による RNA の複製説
- 4・3 RNA 独自の酵素活性

§ 5. RNA 触媒 (リボザイム)

- 5・1 セルフスプライシングする RNA の発見

§ 6. 最初の自発性を持った分子は「RNA レプリカーゼ」

- 6・1 生命の起源 (3)
- 6・2 アンフィンゼン・ドクマは RNA 分子にも適用できる

§ 7. その後の“自律性”を持った進化

- 7・1 RNA ワールド中の進化から RNP ワールド中の進化へ
- 7・2 DNA ワールドへ～「セントラル・ドグマ」の成立

III. 生命モデル (仮説)

§ 1. モデルの形成：連立漸化式モデルの構成

- 1・1 仮定
- 1・2 モデルの構成と動学

§ 2. 「生命モデル」とシュレーディンガー方程式との等価性

§ 3. ダーウィンの進化論と分子進化中立説との両立の説明

3・1 突然変異と進化

3・2 ダーウィンの「自然淘汰説」(自然選択説)と木村資生の「分子進化中立説」

3・3 「両説」のわれわれの理論による“同時説明”
(以下次稿IV.に続く)

1. 粒子の物理過程：粒子の確率性の基礎理論

§3. 第1章の「付論」

3.5 粗視化と階層上げの等価性と Schrödinger 方程式の持つ階層上げという性質 (再論)

われわれは、先に2.3において“粗視化”によって波動関数の形が(パラメータ変化を伴いながらも)頭初と同形に戻り、その際、系の“階層”が一階上っている(すなわちマクロ化されている一 n の改訂を伴いながら一対応原理)と述べた。本項では、このことを詳述する補論を提示したい。

さて、一般に、系(システム)全体が持つ構造や論理(統一論理)は、どのように記述したり理解したりすることができるであろうか。

(1) “構造”(統一論理形式)があるということは、システム(系)は非平衡状態にあるということである。閉じた系が非平衡状態にあるときには、それは「熱力学 第2法則」(エントロピー増大則)に従って、エントロピーを生成しながら(熱)平衡状態に移行しようとする。そしてそこでは“構造”は消失してゆく(“確率化”してゆく)。もし、その“構造”が、時間が経っても消滅せずに(“確率化”せずに)持続しているのならば、「熱力学 第2法則」が前提としている条件、すなわち閉じたシステムではなく、外界に開いていて、外界とエネルギーおよびエントロピーのやりとりをしている開放系が条件でなくてはならない。

“非平衡開放系”とその維持に関する例として、次のような熱力学上の問題を採り上げるのが普通である。すなわち <Fig.1.9> に示すように、高温熱源 T_1 から低温熱源 T_2 ($< T_1$) へ、棒を通して熱が輸送されている状況を考える。高温熱源から棒に流入する熱量 δQ_{in} と低温熱源へ流出してゆく熱量 δQ_{out} とが等しくなると、系(棒)内の温度は一定の温度分布になり、単位時間当りの熱流も一定になる。これが“定常状態”である。この熱流の方向は“不可逆”である。

ところで“非平衡開放系”において，“定常状態”では，系から出てゆくエントロピー δS_{out} の方が入ってくるエントロピー δS_{in} よりも大きい。その差が系内で生成されるエントロピー δS_{irr} である。

ミクロで見ると，分子の運動エネルギーの総和が熱エネルギーであり，系内に高い運動エネルギーを持つ分子と低い運動エネルギーを持つ一定数の分子が併存した場合に，それらは互いにぶつかり合いながら混ざってゆく。その場合に，運動エネルギーの総和は保存されるから，熱エネルギーは保存され， $\delta Q_{in} = \delta Q_{out}$ となるが，マクロで見た系内の“構造”は乱雑になり，“無秩序”の程度が増加している。この“無秩序の程度”を表わすものがエントロピー S である。

従って，上の系（棒）で成立している関係は

$$\delta Q_{in} = \delta Q_{out} = \delta Q > 0 \quad (\text{不可逆}) \quad (1.86)$$

$$\delta S_{in} + \delta S_{irr} = \delta S_{out}, \quad \delta S_{irr} > 0 \quad (\text{不可逆}) \quad (1.87)$$

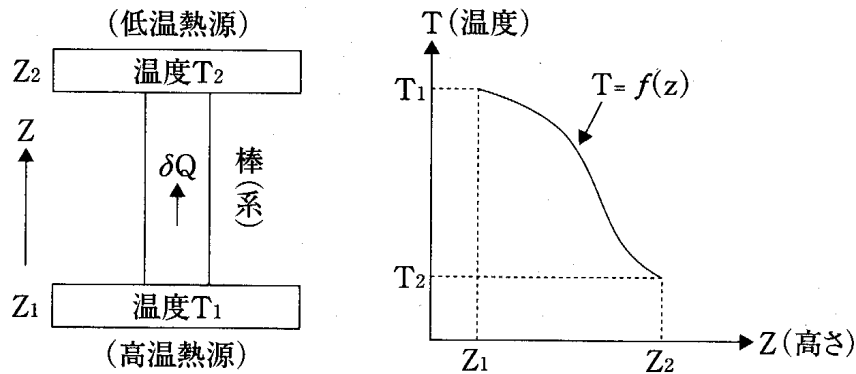
である。入ってくるエントロピーよりも出てゆくエントロピーの方が大きいという状態の下でエネルギーは保存される。この「エネルギー保存則」が，この系の“構造”（統一形式）を支える。これを維持するために“非平衡開放状態”が必要なのである。

(2) ところで“開放系”では，外界も非平衡でなくてはならない。この例では，外界が高温熱源（エントロピー $\delta Q_{in}/T_1$ ）と低温熱源（エントロピー $\delta Q_{out}/T_2$ ）に分かれて共存しているという“非平衡状態”にある。こうして，“非平衡状態”下での“定常状態”は，それを包む，より大きい非平衡システムの中であって初めて存続しうる。その大きい“非平衡”も“定常状態”にあるなら，それはさらに大きい“非平衡”の中に含まれている。こうして，“非平衡”下での“定常状態”は「階層構造」を成して存続している。

これを式の上で確認すると次のようになる。（〈Fig. 1.9〉参照）

パラメーター： T_1, T_2, Z_1, Z_2 （それぞれ高温，低温熱源の位置）， $f(Z)$ （棒内の温度分布関数を構成するパラメーター）

内生変数： $\delta Q_{in}, \delta Q_{out}, \delta Q, \delta S_{in}, \delta S_{out}, \delta S_{irr}, Z$ （棒内の位置）， T （棒内の Z に於ける温度）



〈Fig. 1・9〉 熱量 δQ の定常的輸送
(杉本(2002)を改変)

として、上記(1・86)、(1・87)及び、

$$\delta S_{in} = \delta Q_{in} / T_1, \quad \delta S_{out} = \delta Q_{out} / T_2, \quad \delta S_{irr} = \delta Q / T \quad (1\cdot88)$$

$$T = f(Z) \quad (1\cdot89)$$

が上記をモデル化したものである。

これを見てわかるように、系は閉じていないから（階層構造を成すから）式の数より内生変数の数が1つ多い。

そして、(1・87)式に(1・86)式および(1・88)式を代入すると

$$\delta S_{irr} = -\delta S_{in} + \delta S_{out} = \left(-\frac{1}{T_1} + \frac{1}{T_2} \right) \delta Q > 0$$

となって、系内でエントロピーが生成されることがわかる。

(2) 上記の階層構造は、Schrödinger 方程式の場合、「階層上げ」としてのみ不可逆的に存在しうることは次のようにして説明される。

われわれのモデル（第I章のモデル）においては、

「物理現象の測定値（エネルギー）の“視野”への流入→不完全な“確率化”（粗視化の不完全）」（流入＝新たな“参入”）

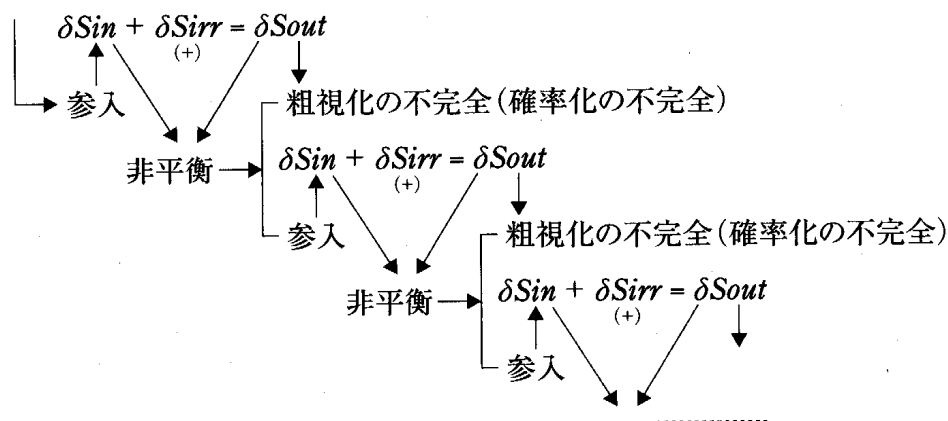
すなわち

「エントロピーの系への流入→不完全な“確率化”（粗視化の不完全）」

の関係が成立している。つまり、「流入→粗視化の不完全」の不可逆性の成立が保証される。そこで系の“非平衡”が成立していれば、再度“参入”が起こり、同じプロセスが繰り返される。ここで“非平衡”とは“確率化の不完全”

のことである（“完全な”確率化は“平衡”と等価である。“粗視化”が完全であれば確率化は完全になる）。

ところでわれわれの場合（Schrödinger 方程式の場合）は、任意の階層の確率化が不完全であるから（記述）、常に系に“非平衡”が成立している。すなわち S_{irr} の流入（実は生成）が起こっている。このことはわれわれの場合（Schrodinger 方程式の場合）も「階層上げ」の動学が成立していることを保証する。これを図式化すると次のようになる（(1.87) 式を用いて）。



(3) 他方、 $\delta Q_{in} = \delta Q_{out} (\equiv \delta Q > 0)$ の“不可逆性”で、系内は“定常状態”になるがエントロピーで見れば“非平衡”である。すなわち δQ の“不可逆性”があるために、“非平衡”が生ずる。 δQ に δS_{in} が乗って系に入ってきて、同じ δQ に $\delta S_{out} (= \delta S_{in} + \delta S_{irr})$ が乗って系外に出てゆくのである。故にエントロピーも不可逆に増大する。

従って、“非平衡”の条件は、一般的には、「熱力学 第2法則」（「エントロピー増大則」ともいう）にもとづく“不可逆性”であり、 $\delta Q_{in} = \delta Q_{out}$ の“定常状態”は熱力学における上例の場合に当てはまる一例にすぎない。

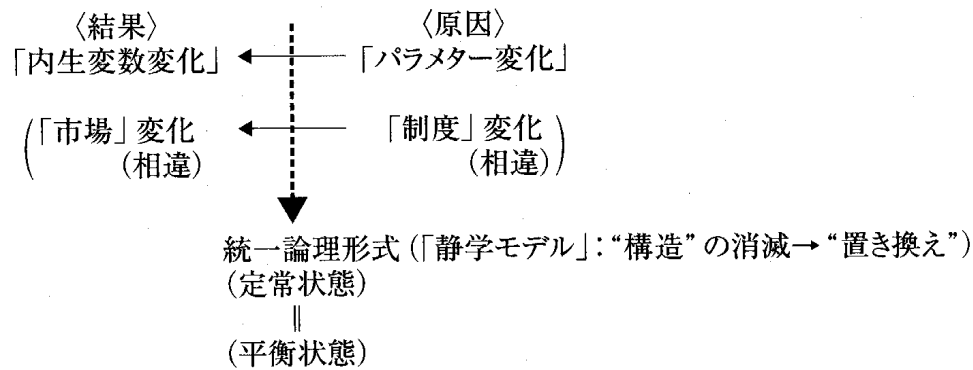
上述の如く、熱力学では、エネルギーの流出入の不可逆性（「エネルギー保存則」）がそれに当たるが、量子力学の場合には、Schrodinger 方程式がパラメーターと共に保存されることが「エネルギー保存則」による不可逆性と等価となる。そしてそれが、パラメーター変化 (\hbar 変化) を伴い乍ら階層上げを通じて、形式を保存されることが「熱力学 第2法則」による“非平衡”の中の“統一論理形式”であり“構造”の保存である。

すなわちこれが一階層内でのパラメーター変化を通じての“不変の形式”であると同時に階層を通じての“不変の形式”でもある。一階層内でのパラメーター不変が成立すれば、形式の“不可逆性”が成立し、従って“非平衡”を生じ(確率性の不完全を生じ)、従って δS_{in} の流入、形式の不可逆性の発生、 δS_{irr} のさらなる発生と続き、階層を上っても“形式”は不変に保存されるのである。Schrodinger 方程式の場合、パラメーター n 不変だと階層内保存で、 n が変わると階層を上る。

(4) 以上から、マクロはミクロの単なる足し合わせではないことがわかる。(1.87) 式、従って上掲式から、系に参入したものと系内でつくり出されたものが(ミクロ同志が)足し合わされたものが、不完全に粗視化され、“確率化”されることによって、ミクロで成立していた因果性(統一形式)が解きほぐされて“確率化”したものの平均値が、マクロの階層の変数である。そのマクロの変数の間に、再びミクロと同じ形式が成立すると、それが真の“統一形式”である。そして各階層での“統一形式”が、各階層の“定常状態”を表わす。

(5) もし仮に、このプロセスが進み、“非平衡状態”が解消されたとすれば、その時にはもはや「階層上げ」が起こらない。この時にはミクロとマクロとが一致するから、「ミクロの定常状態=マクロの定常状態」が成立し、 δS_{irr} が消えて(1.86)式と(1.87)式は同形となる。しかしそれは永久に起こらない。そこで定常状態を表わす“統一形式”が「静学モデル」により置き換えられる。そこでは、統一理論形式は内生変数の1つが固定されパラメーターとなる。時間変数 t を固定すると階層上げの停止となり、時間変数 t 以外の変数が固定された場合は階層内動学となる。このモデル(方程式系)の解はパラメーターで表わされる。この場合、このモデル(統一形式)によって内生変数とパラメーターが対応付けられる。そして、このモデルによって、パラメーター変化の内生変数への影響(変化)が明らかとなる。すなわち、ある内生変数の変化(結果)が、どのパラメーターのどのような変化を原因とするかを明らかにすることが可能となる(比較静学分析)。

例えば、経済モデルを例にとると、ある経済モデルにおいて“制度”の変化



〈Fig. 1・10〉 「静学モデル」の概念図

- 「熱力学第2法則」が普遍法則である限り、本来「静学モデル」というものはあり得ない。仮に系が静止すると、同時に“構造”が消える。そこで、非平衡での“構造”を表す“統一形式”の内生変数の1つを固定してパラメーターとし、「静学モデル」とする。

(パラメーターの変化)が、“市場”変数の変化(内生変数の変化)をどのように惹き起こすかがこれによって分析される。ここでの“モデル”は、われわれのいう“統一形式”のことであり、この“モデル”は“定常状態”であると同時に“平衡状態”における経済という仮想の状態の近似を意味し、従って、現実の経済の近似の分析の装置なのである(〈Fig. 1・10〉参照)。

(6) 以上を要約すると次のようになる。

すなわち、パラメーター変化・階層変化を通じての統一理論形式が成立しているのが“定常状態”であり、階層を上げる原動力となっているのが“非平衡開放状態”である。そしてその非平衡状態が向う先は“平衡状態”であるが、その“平衡状態”になると階層を構成する構造がなくなり、“統一論理形式”は、内生変数の1つを固定してパラメーターにした「静学的モデル」によって置換される。ここに“構造”とは“非平衡状態”における“統一的論理形式”のことである。すなわち、“非平衡”が存続することで真の“統一形式”が(平衡状態でない定常状態が)維持される。そして“非平衡状態”からの距離が“構造”の存在を意味するのである。

本章におけるわれわれのモデル(Schrodinger方程式モデル)は、“非平衡”の条件を満たすので、階層が上がるのである。そして“統一形式”がSchrodinger方程式なのである。

(7) さらに以上を図式化すると次のように説明される。

(イ) 「熱力学 第2法則」:

|||

繰り返しの δS_{irr} の生成と，“確率化の不完全”（“粗視化の不完全”）の繰り返り返しとは等価である。

|||

エントロピーの“流入”（ δS_{irr} の“流入”）の繰り返り返し（“流入” \equiv 実は系内での“生成” \equiv 新たな“参入”⁽⁸⁾）

↓

“不可逆性”

↓

“非平衡”の繰り返りの成立

↓

「階層上げ」動学の成立

(ロ) Schrödinger 方程式の場合:

観測される“因果性”を持った物理量の discrete 性（跳び跳びの観測）による測定値の“確率変換”

↓

「“確率の不完全”（“粗視化の不完全”） $\rightarrow \delta S_{irr}$ の生成」の繰り返り返し（確率化された測定物理量に於ける“因果性”の残存の繰り返り返し）

↓

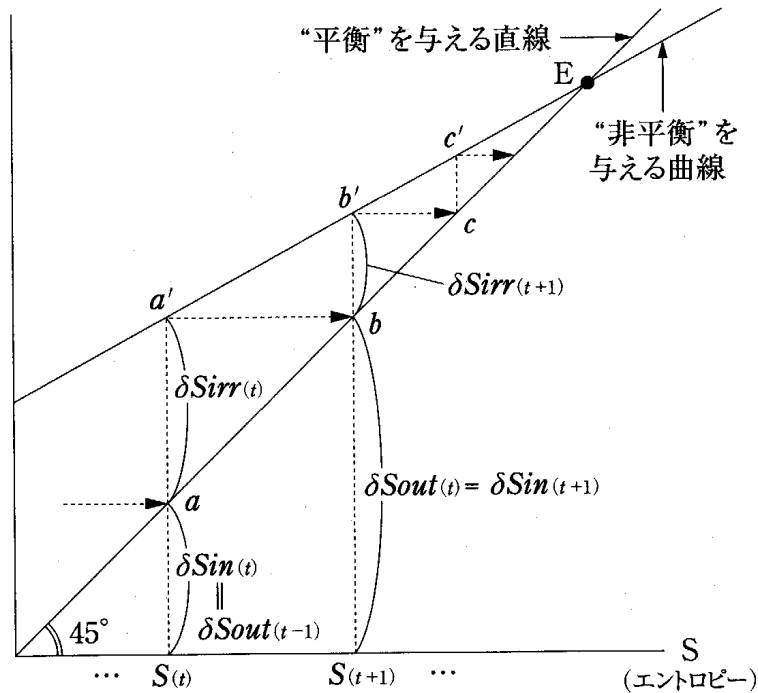
“不可逆性”

↓

“非平衡”の繰り返り

↓

⁽⁸⁾ シュレーディンガーは、「生命とは何か」(1951)に於いて、エントロピーの系内での生成を系外からの負のエントロピー（ネゲントロピー）の摂取と云った。 $\delta S_{in}(t) - (-\delta S_{irr}(t)) = \delta S_{out}(t)$ シュレーディンガー方程式を発見した、あのシュレーディンガーが、こういう論文をも書いているのである。



〈Fig. 1.11〉 「熱力学第2法則」と「階層上げ」の必然性

- “非平衡”を与える曲線がE点より左側では必ず“平衡”を与える直線より上に存在する $\Leftrightarrow \delta S_{irr} > 0 \Leftrightarrow$ “不可逆性” \rightarrow 「階層上げ」
- “統一論理形式” (Schrödinger方程式) が与える“構造”の辿る径路が $\dots a \rightarrow a' \rightarrow b \rightarrow b' \rightarrow c \rightarrow c' \rightarrow \dots \rightarrow (E)$ である。

「階層上げ」動学

(ハ) 以上の図式化によりわれわれの場合 (Schrodinger方程式の場合) の「階層上げ」運動が一目瞭然となる。

これを図によって一層明瞭にすると 〈Fig. 1.11〉 のようになる。すなわち、時間 t も入れて (1.86), (1.87) を書き直すと次のようになる。

$$\delta Q_{in}(t) = \delta Q_{out}(t) \equiv \delta Q \text{ (エネルギー保存則)} \tag{1.88}$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \delta S_{in}(t) + \delta S_{irr}(t) = \delta S_{out}(t) \\ \text{(熱力学第2法則)} \end{array} \right. \tag{1.89}$$

$$\delta S_{out}(t) = \delta S_{in}(t+1) \tag{1.90}$$

(1.88) は (1.86) をそのまま書いたものであり、(1.89) も (1.87) をそのまま書いたものである。(1.90) は (1.87) を動学化したものであり、 t 階層の $\delta S_{out}(t)$ は1階層上 ($(t+1)$ 階層) のエントロピーの流入であることを表現

したものである。

〈Fig. 1・11〉において、原点から発した45度線は“平衡”を表わす直線であり、もう1本の曲線は“非平衡”を与える曲線である。

図において、 a 点までの高さが $\delta S_{in}(t)$ であるとする、その時、 $\delta S_{irr}(t)$ が生じ、 aa' だけの“非平衡”が発生する。そこで(1・89)に従って $a'b$ だけエントロピーが増大し、それがその階層から流出する。その流出エントロピーは(1・90)に従ってそのまま1階層上の($t+1$ 階層の)流入エントロピーとなる。この(1・90)の両辺のエントロピーは不完全に確率化されている。そこでその時、再び $\delta S_{irr}(t+1)$ が生成し、 bb' だけの“非平衡”が発生する。そこで再度(1・89)に従って c 点に移行する……。

これを繰り返すうちに系は階層を次々と上げながら両曲線の交点、すなわち非平衡の存在しない“平衡点” E へと限りなく近づいてゆく。しかしながら、 E 点に完全に一致することは永久にない。開放系である限り、“非平衡”は永久に残る。開放系である限り“構造”は残る。

上記の説明において、非平衡 aa' から b 点に移行するが、この時、 bb' という非平衡が残り、系は b' に一致しない。これが“粗視化”の不完全性であり、従って、“粗視化”(=“確率化”)の不完全が“非平衡”と等価となるのである。なぜならば、完全な“粗視化”の場合は非平衡 aa' が1点 b (大ききゼロ)に一致するからである。このときは、 $\delta S_{out}(t)(=\delta S_{in}(t+1))$ が完全に“確率化”されているのである。しかしこれは「第2法則」が許さない。あるいは、生成エントロピー δS_{irr} と“確率化”(“粗視化”)の不完全とが等価であるといってもよい。これが「熱力学 第2法則」(エントロピー増大則)の意味するところである。

(二) Schrodinger 方程式の場合も、因果性を持った連続の物理量の測定が discrete に行われて“確率化”したのが a 点で、“確率化”の不完全 aa' がそこで生ずるので、“非平衡”従ってエントロピー $\delta S_{irr}(t)$ が発生し、系は b 点に移行する(即ち“階層が上る”)のである。そして b 点でそれが繰り返される……。

ここで、この一連のプロセスで“構造”を表わす“統一論理形式”が

Schrodinger 方程式である。この“統一形式”が与える“構造”が辿る経路が
 $\dots a \rightarrow a' \rightarrow b \rightarrow b' \rightarrow c \rightarrow c' \rightarrow \dots \rightarrow (E)$ である。⁽⁹⁾

<第1章, §3., 3・5の参考文献>

杉本大一郎「複雑システム科学」, 放送大学教育振興会, 2002年

E. シュレーディンガー (岡小夫, 鎮目恭夫訳)「生命とは何か」, 岩波書店,
1951年

池田宗彰「「生きた系」の理論 (経済学序説)-生命とは何か」, 御茶の水書房,
2003年

II. 粒子の生命過程の確率性

§0. はじめに

0・1 生命の起源(1)

(1) 前章において、われわれは、物理的粒子 (分子) が、観察者の視野 (粒子現象の定義域) への参入と不完全な粗視化 (不完全な確率化) とを繰り返しながら、次第に階層上げ (マクロ化) 運動を限りなく繰り返すことおよびその過程で確率性が純化してゆくことをみた。原始地球においては、この過程は、分子の化学反応の進化のプロセスとして現われていた。

すなわち、化学反応の自動化が、物理的に階層上げのプロセスと対応し、その過程で、物理的に階層上げのプロセスで出てきた分子 (粒子) の確率性の純化の一定のステップとその化学反応の自動化とが一致したことにより、この現象が現われた。この化学反応の自動化 (分子の“自発性”) の発生が、分子に「目的」が発生したと捉えることができる。すなわちここで「生命」が発生したのである。

そして、粒子 (分子) の持つ物理量の時間変化 (因果性) が粗視化によって“確率”に変換される。生物の“目的関数”の任意の独立変数の時間変化が粗

⁽⁹⁾ 実はE点には限りなく近づくが決して到達しない。“開放系”である限りそうである。従って“構造”は“開放系”である限り残る。

視化を通じて“確率”に変換される。その“確率”が「シャノンの公式」によって“情報量”に変換され、それが“目的充足度”と解釈される。すなわち、生物という“粒子”の“自発性”の程度が、その“確率密度”と対応する⁽¹⁰⁾。すなわち、生物という“粒子”の“確率性”が、“粒子”の“自発性”と同一現象なのである。

本章では、“生物”という自発性を持った分子（“粒子”）が如何にして発生したかをみる。最初の「生命」と呼べるものは如何なるものであったであろうか。

(2) 生命の誕生を考えると、われわれが悩まされてきたのは、ニワトリが先か、タマゴが先かというパラドックスである。すなわち、“情報”（タマゴ）が先か、“機能”（ニワトリ）が先かが問題である。

現在の生物では、“情報”を担うのが“核酸”（DNA または RNA）であり、“機能”を受け持つのが“タンパク質”である。“核酸”を作るためには“タンパク質”の働きが必要であるが、その“タンパク質”を作るために必要な情報（アミノ酸の配列）は“核酸”が持っている。どちらが先に存在したのであるか。ここに、“遺伝情報”（タマゴ）と“複製機能”（ニワトリ）との間に閉じた循環が成立している。

この矛盾（循環）から脱却するためには、1つの主体が、タマゴとニワトリの両方を同時に持つことが必要十分である。すなわち、“遺伝情報”と“複製機能”の両方の性質を持つ分子の存在が必要十分ということになる。最初の「生命体」と呼べるものはそのようなものであったのではないであろうか。すなわち、自ら遺伝情報（設計図）を持ち（あるいは“鋳型”を持ち）、かつ、触媒機能を持っており、前者を鋳型として後者により自らを構成するような分子である。そのようなものとして、“RNA レプリカーゼ”が考えられる。

0・2 現在の生命現象における核酸の構造と複製および情報伝達の方式

前項において、遺伝情報は核酸が担い、複製機能はタンパク質が担うといっ

⁽¹⁰⁾ 池田 (2003) 参照。

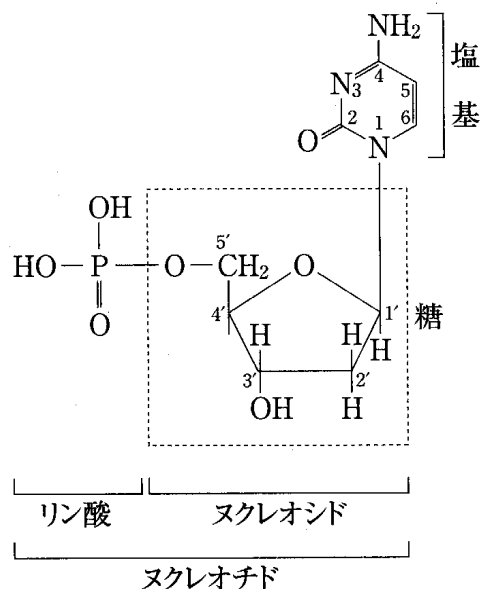
だが、それは現在の生物の生命現象からの類推であって、従って、ここで、現在の生命現象のメカニズムを概観しておくことが必要となる。

(1) 核酸の構造

現在の「生物」の核酸は、DNAとRNAとから成る。核酸は、“ヌクレオチド”と呼ばれる化合物が多数線状に結合してできた高分子物質である。ヌクレオチドとは、DNAの場合〈Fig. 2・1〉に示されたような構造をしており、“糖 (RNAの場合リボース、DNAの場合デオキシリボース。前者は2'位がOHであるが後者はHである。)”が一方では“塩基”と、他方では“リン酸残基”と結合して作られたものである。隣り合った糖残基がリン酸を介して結合することでヌクレオチド同志が繋がり、こうして“ポリヌクレオチド鎖”ができる。

DNA (デオキシリボ核酸) の塩基には4種類があり、それらは、アデニン (A)、グアニン (G)、シトシン (C)、チミン (T) である。これら4つの塩基の構造は〈Fig. 2・2(a)〉に示されている。

これに対しRNAの塩基は、DNAの場合のチミンがウラシル (U) に代っ



〈Fig. 2・1〉 ヌクレオチドとヌクレオチドの構成
(三浦, 1984より)

た点が異っている。ウラシル (U) はチミン (T) の CH_3 が H に代ったものである。

〈Fig. 2・2-a〉 からわかるように、DNA の 4 つの塩基は 2 つの異った構造群に分かれ、それぞれ異なる群 (すなわちプリンおよびピリミジン) に含まれるもの同志が、自発的に、“非共有結合” で結ばれる。すなわち、その組合わせは、

(アデニン (A) とチミン (T)
グアニン (G) とシトシン (C)

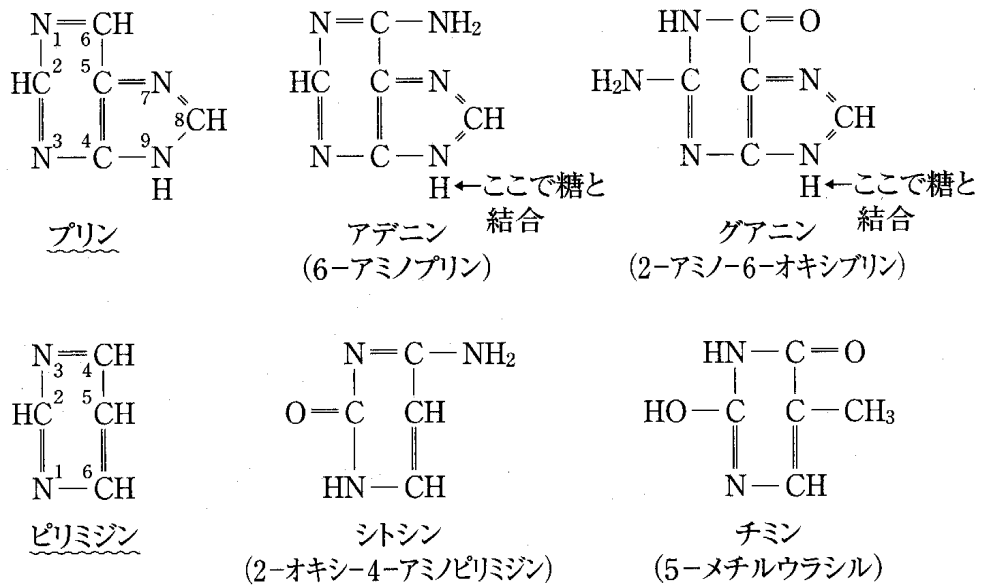
である。RNA の場合は、チミン (T) がウラシル (U) に代る。

核酸は、特異的な非共有結合によって会合している 2 本のポリヌクレオチド鎖からできている。一方の鎖に属する A は他方の T (RNA の場合は U) と、また、一方の G は他方の C と結ばれることによって、2 本のポリヌクレオチド鎖が繋がっているのである。この 2 本の鎖の一方の化学構造式が 〈Fig. 2・3〉 (DNA の場合) および 〈Fig. 2・4〉 (RNA の場合) に描かれている。2 本鎖の塩基が“非共有結合” している様子は 〈Fig. 2・2(b)〉 に描かれている。

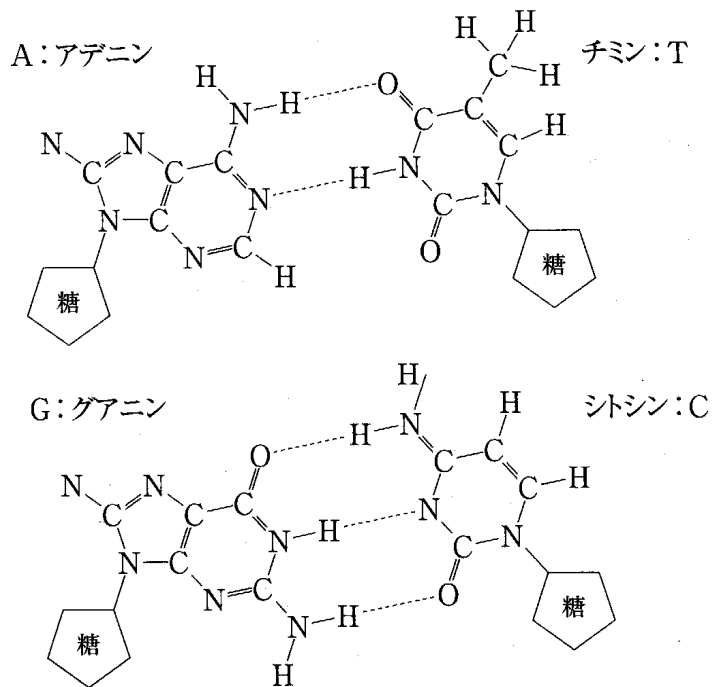
“糖” (リボース $\text{C}_5\text{H}_{10}\text{O}_5$) は、ヌクレオチドの骨格部分を成し、ATP (アデノシン三リン酸) などの各種ヌクレオチドや補酵素の糖成分であるが、リボースリン酸の形でグルコース (CH_2O)₆ から作られる。2 位の OH 基が H になった 2-デオキシ-D-リボースは、DNA の構成成分として見出される (既述)。リボースの構造は 〈Fig. 2・5〉 のようになっている。このリボース (糖) 分子の 1 位の OH に塩基がエステル結合し、且つ、5 位の CH_2OH (ヒドロキシル基) の OH にリン酸が“エステル結合” したものが“アデノシン” という一種のヌクレオチドである⁽¹¹⁾。

ここで、“アデノシン三リン酸” とは、“アデノシン-5'-三リン酸” (ATP) のことであり、“アデノシン” のリボースの 5' 位のヒドロキシル基に、リン酸が 3 分子連続して結合した化合物のことである。これも不安定なリン酸結合を持つヌクレオチドの 1 つであり、リン酸基などの授受を通じて物質分解のエネルギーの保存と合成に関与する。また、RNA 合成の直接の前駆体の 1 つでもあ

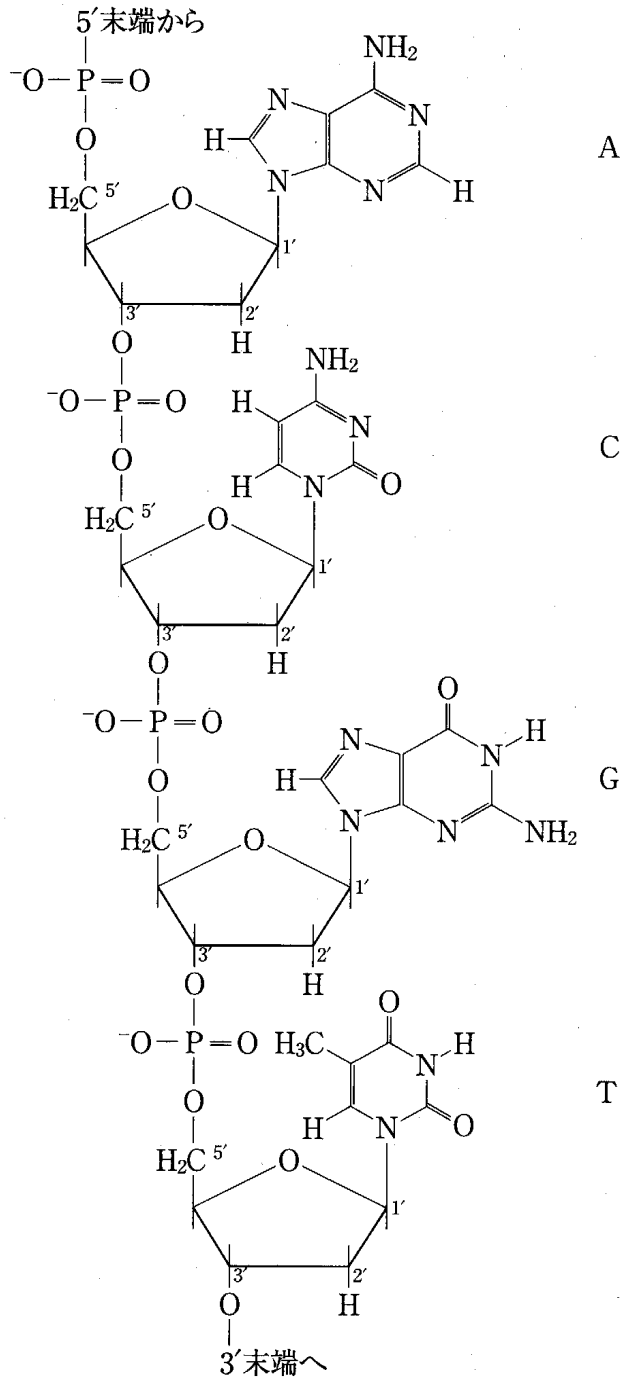
⁽¹¹⁾ 「岩波生物学辞典」(第 4 版) 参照。



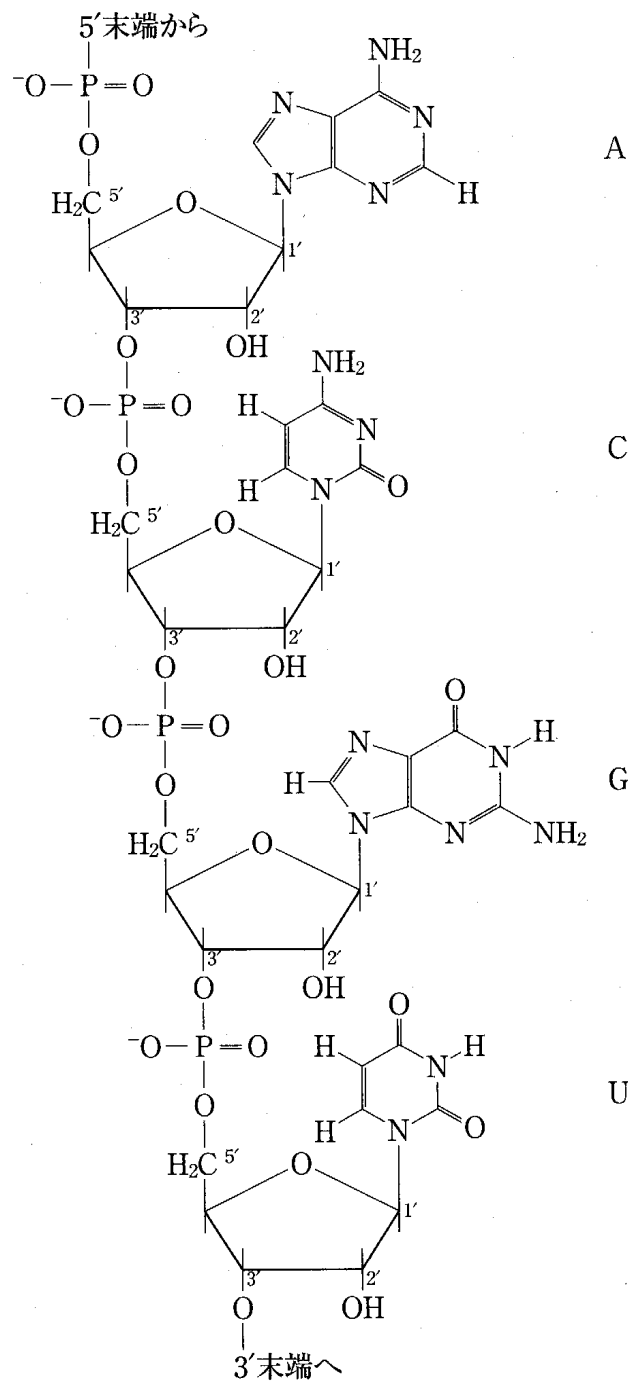
<Fig. 2・2(a)> DNA 塩基の化学構造式
(三浦, 1984より)



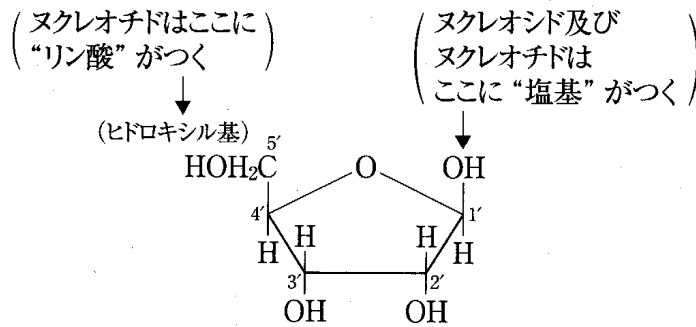
<Fig. 2・2(b)> 塩基対における水素結合 (点線)
(三浦, 1984より)



<Fig. 2・3> DNA の分子構造 (1 鎖)
 (塩基配列は一例)
 (「岩波生物学辞典」より転載)

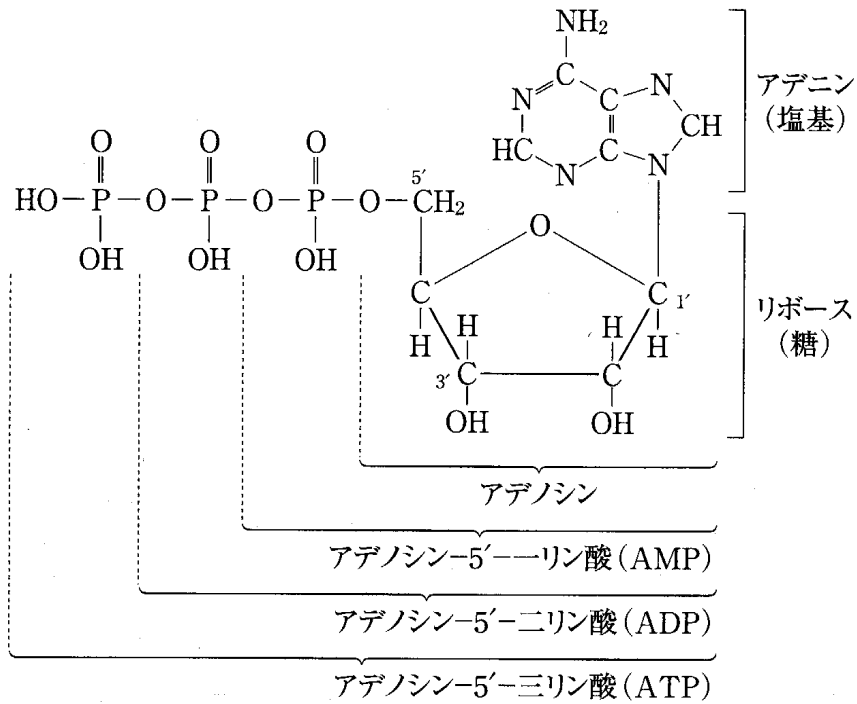


〈Fig. 2・4〉 RNA の分子構造
 (塩基配列は一例)
 (「岩波生物学辞典」より転載)



〈Fig. 2・5〉 リボース (糖) の構造 (RNA の骨格)
(「岩波生物学辞典」を改変)

- 番号は炭素 C を表す。
- デオキシリボース (DNA の場合) は 2' の OH が H に代る。

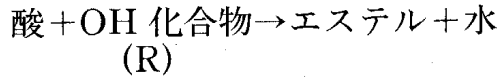


〈Fig. 2・6〉 アデノシン三リン酸とアデノシン
(「岩波生物学辞典」より転載)

る。リン酸基が離れると、通常のリン酸エステルの加水分解に比べて多量のエネルギーを出す酵素でもある。アデノシンおよびアデノシン三リン酸

(ATP) の構造は <Fig. 2・6> のようになっている。

なお“エステル結合”とはOH化合物と酸とが反応して脱水しエステルと呼ばれる物質が生成する反応である。すなわち

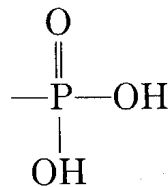


である⁽¹²⁾。

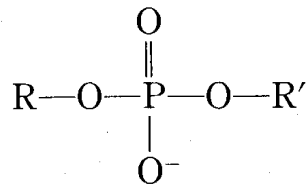
ヌクレオチドのもう1つの構成物である“リン酸”はリンの酵素酸の1つであり、リン酸塩 (phosphate) およびリン酸エステルとして生物に広く分布し、生体内ではリンはほとんどリン酸の形で存在している。

単に“リン酸” (phosphoric acid) というときにはオルトリン酸 H_2PO_4 を指す (Pを2つ持つ $\text{H}_4\text{P}_2\text{O}_7$) はピロリン酸という。

リン酸基 (下図) が他の残基などのOHのHを置換して入ることをリン酸化という。エネルギーを必要とする過程なので、生物的にはATPからのリン酸基転移反応で行なわれることが多く、“代謝”はリン酸化と脱リン酸化によって行なわれることが多い。

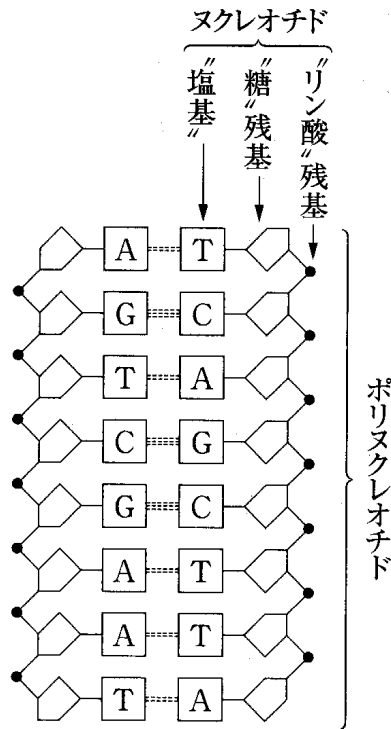


なおオルトリン酸が2つの糖などの水酸基 (R-OH, R'-OH) とエステルを形成することを“リン酸ジエステル結合”といい、その結果の構造は下図のようになる。



この代表的なものが、核酸のヌクレオチド間の結合であり、隣接するヌクレオチドの糖の3'-OHと5'-OHが“リン酸ジエステル結合”によって重合してい

⁽¹²⁾ 「岩波生物学辞典」(第4版) 参照。



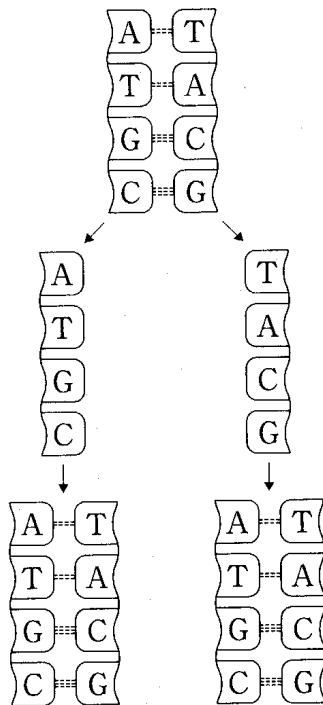
〈Fig. 2・7〉 DNA 分子の構造略図
(J. モノー, 1972を修正)

る⁽¹³⁾。あるいは，“リン酸ジエステル結合”は，アデノシンによるリン酸同志の結合といってもよい (〈Fig. 2・6〉 参照)。

〈Fig. 2・3〉 と 〈Fig. 2・4〉 を比較してみると，DNA の場合は，塩基が T であるのに対し，RNA の場合はそれに対応する塩基が U であること，および，各ヌクレオチドの糖残基の 2' が，DNA の場合は H であるのに対し，RNA の場合は OH であることの 2 点が相違点である。この後者の相違が，DNA と RNA の立体構造の柔軟性の違い (分子の安定性の違いでもある) を与える (後述)。また同 2 図において，反応は 5' 末端から 3' 末端へと進む。

以上で述べた DNA の構造を単純化すると 〈Fig. 2・7〉 のように表わされる。ここで五角形は“糖の残基”を黒い点はそれぞれの鎖を作っている“リン酸残基”を表わしており，A, T, G, C は，破線で示された非共有結合によってペアリングしている (A-T : G-C : T-A : C-G) 塩基を示している。塩

⁽¹³⁾ 「岩波生物学辞典」(第 4 版) 参照。



〈Fig. 2・8〉 DNAの“複製”
(J. モノー, 1972より)

基の配列は何ら制限が無く、またその長さも無制限である。

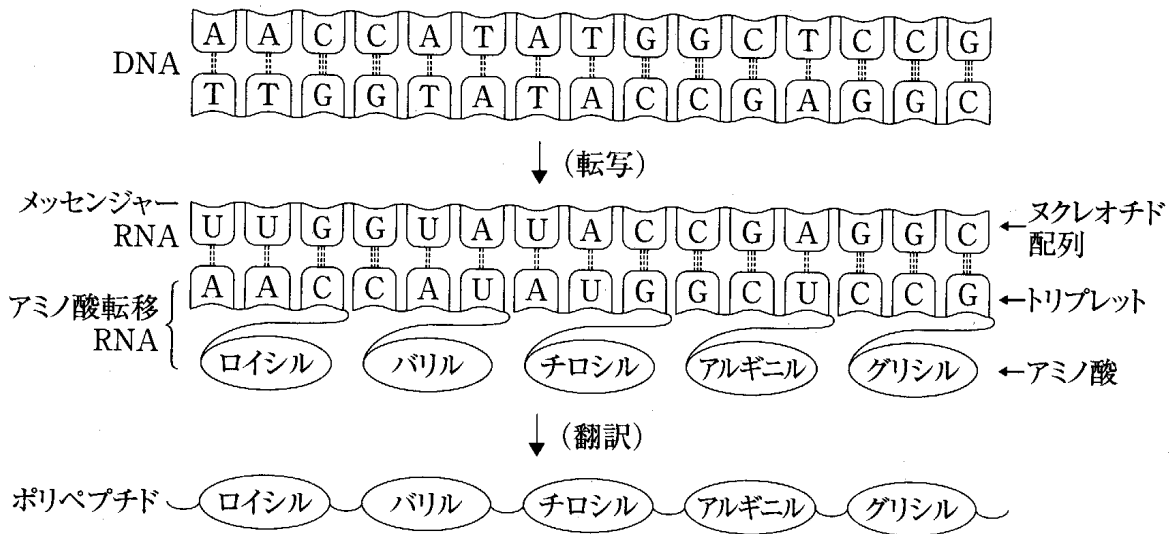
(2) DNAの複製

DNA分子の“複製”は、〈Fig. 2・8〉に示されているように、細胞分裂を介して、まず2つの鎖が分かれて、次いで図に示されているようなやり方で、ヌクレオチドが次々に繋がることにより、2つの相補的な鎖が再び作られる。この過程が次々に進行することでDNAの“複製”が進行する。

このようにして作られた分子同志は、それぞれ元の親の分子の一方の鎖と、それによって決められたヌクレオチドが繋って作られた新しい鎖から成っている。これら親分子と子分子は、互いに同一であり、且つ元の親分子と同じものである。これがDNAの“複製の不変性”のメカニズムである。

(3) DNAがタンパク質を指定するメカニズム～「転写」と「翻訳」

DNAが示す情報が、如何にしてそれに対応するタンパク質の構造（ポリペ



〈Fig. 2・9〉 DNAによるタンパク質指定のメカニズム
(J. モノー, 1972より)

プチド鎖の構造) を指定するかを次に明らかにせねばならない。それは次の順序でなされる。〈Fig. 2・9〉に従って説明する。

(i) まず上で述べたような、相補的な4つの“塩基”で結合した2本のヌクレオチド鎖から成るDNA分子が存在する。その塩基配列は、それ単独では何の情報も示しているのか明らかでない。しかしながら、その配列順序は、ある個体、ある種などに共通し、且つ、個体や種が異なると異なるものである。

(ii) 次に、この2本のペアから構成されているDNA分子の1本の塩基配列が、1本の“メッセンジャーRNA” (mRNA) 鎖の上にそのまま“転写”される。但し、4つのヌクレオチドのうちチミン (T) はウラシル (U) に書き換えられる。

そして、その上で、その“メッセンジャーRNA”鎖 (mRNA) の一部が“リボソーム”という“仕事台”の上に置かれている。

(iii) 上記4つのヌクレオチド (A, U, G, C) からの3つの組み合わせは、具体的な“アミノ酸”の種類を表わす“暗号”となっている。それによって表現されるアミノ酸の種類は、 $4 \times 4 \times 4 = 64$ 個であるはずであるが、いくつかの異なる暗号が同一種類のタンパク質に対応するから、この暗号により表現される実際のアミノ酸の種類は“20個”である。この暗号は、3つのヌクレオチ

I ↓	II →	U	C	A	G	III ↓
U		Phe Phe Leu Leu	Ser Ser Ser Ser	Tyr Tyr ナンセンス ナンセンス	Cys Cys ナンセンス Tyr	U C A G
C		Leu Leu Leu Leu	Pro Pro Pro Pro	His His GluN GluN	Arg Arg Arg Arg	U C A G
A		Ileu Ileu Ileu Met	Thr Thr Thr Thr	AspN AspN Lys Lys	Ser Ser Arg Arg	U C A G
G		Val Val Val Val	Ala Ala Ala Ala	Asp Asp Glu Glu	Gly Gly Gly Gly	U C A G

(この表で、各トリプレットの最初の文字は左の縦の欄に、2番目の文字は上の横欄に、3番目の文字は右の縦欄に示してある。これに対応したアミノ酸残基の名称は略号で示してある。)

〈Fig. 2・10〉 遺伝暗号
(J. モノー, 1972より)

ドの組み合わせでできているので“トリプレット”と呼ばれる。このトリプレット暗号とアミノ酸の種類との対応関係を表にしたものが〈Fig. 2・10〉である(このうち3つのトリプレット, UAA, UAG, UGAは如何なるアミノ酸をも指示しないので「ナンセンス」と書かれている。しかし、それらは、ヌクレオチド配列を読む際の“句読点”のような役割を果している。例えば、これらのあるものは、ポリヌクレオチド鎖の初めの位置や終りの位置を表わしていて“開始コドン”, “終結コドン”などと呼ばれる)。

(iv) 上記“リボソーム”(仕事台)上にあるメッセンジャーRNA (mRNA)の部分の塩基配列と相補的なトリプレットを持った“転移RNA”(tRNA)が、そのトリプレットで指示されるアミノ酸を伴って現われると、その“転移RNA”(tRNA)はメッセンジャーRNA (mRNA)と相補的な

ヌクレオチド（塩基）同志で結合する。この“相補性”は、DNA塩基の“相補性”と同じである。但し、*T*が*U*に変化している。すると、既に“リボソーム”上にあった別のアミノ酸と転移RNA (tRNA) が連れてきたアミノ酸とが酵素による触媒作用を受けて結合し（ペプチド結合）、それを連れてきた転移RNA (tRNA) は切り離されて去ってゆく。tRNAがアミノ酸を伴って来たものを“アミノアシルtRNA”という（後述）。

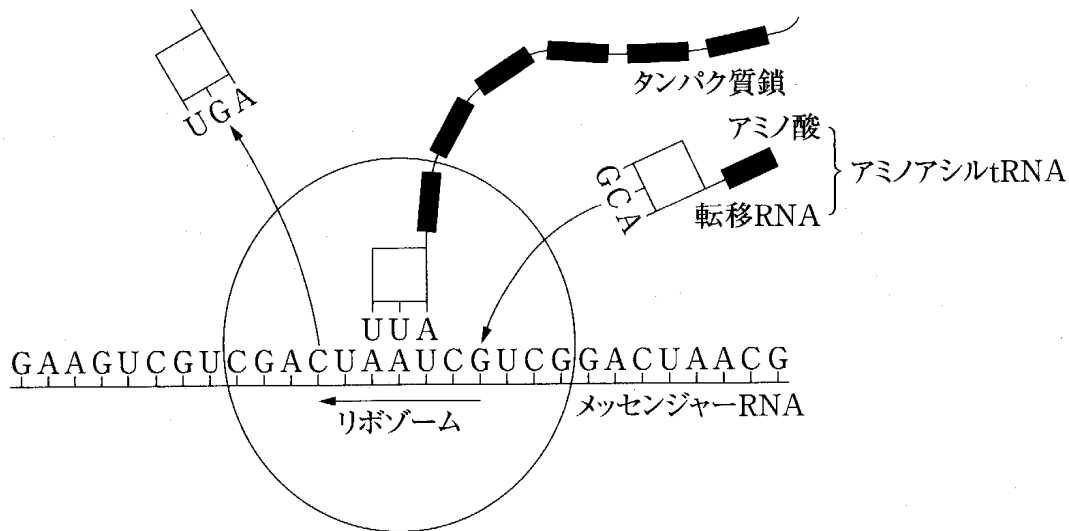
(v) そうすると、リボソームは1コマ、メッセンジャーRNA (mRNA) 上を進み、そこに新たな転移RNA (tRNA) が対応するアミノ酸を伴って入ってくる（アミノアシルtRNA）。その転移RNA (tRNA) のトリプレット配列がリボソーム上のメッセンジャーRNA (mRNA) のトリプレットと相補的であれば、両RNAは結合し、連れてきたアミノ酸をその前に既に他のアミノ酸と結合されて存在していたアミノ酸の鎖の端に“ペプチド結合” (-CO-NH-) させ、転移RNA (tRNA) のみが去ってゆく。すると再びリボソームは1コマメッセンジャーRNA (mRNA) 上を更に進む……。これがトリプレットが“句読点”を表わすに至ると止む。

(vi) 以上のようにしてアミノ酸の鎖であるペプチド分子（タンパク質分子）が形成されてゆく。これで〈Fig. 2・9〉の上段のDNA塩基配列が、mRNAを介して、下段の“タンパク質”（ポリペプチド）を指定する——これを“翻訳”という——メカニズムが明らかとなった。DNA情報が、こうして“転写”→“翻訳”のプロセスを経てタンパク質の種類を決定するのである（〈Fig. 2・10〉, 〈Fig. 2・11〉参照）。

さらに、上のようにアミノ酸が相互に結合したりtRNAやmRNAが転移したりする（あるいはリボソームが転移するといってもよい）エネルギーはGTP（グアノシン三リン酸）という物質から供給される。これは既述したアデノシン三リン酸の塩基部分のアデニンがグアニンに代ったものである。

(4) 「翻訳」のメカニズムの再論⁽¹⁴⁾

前項（(3)）において述べた転写と翻訳のメカニズムのうち、翻訳について本項で詳述しておこう。



〈Fig. 2・11〉 タンパク質の合成過程
(三浦, 1984より転載)

(i) 転移 RNA (tRNA)

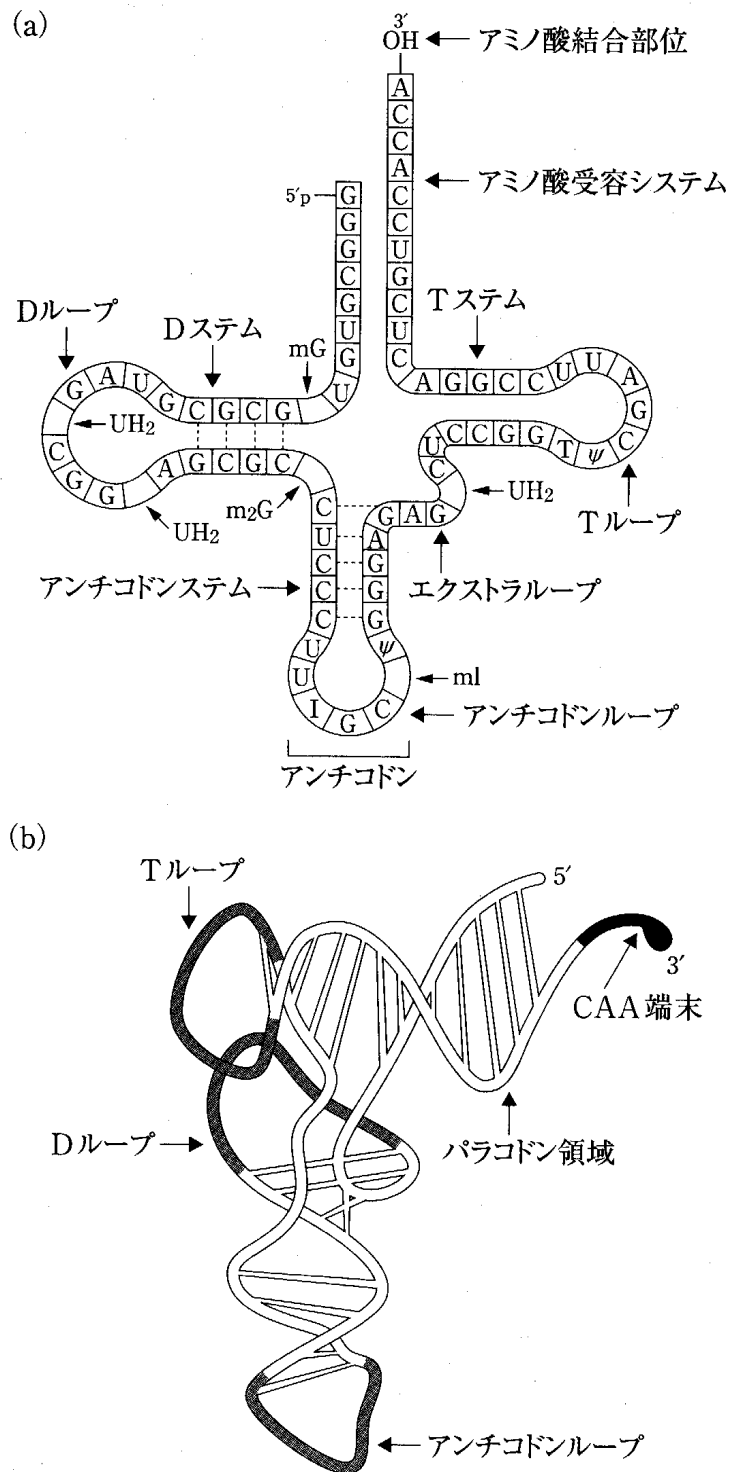
これは、前述の如く、タンパク質合成過程で mRNA 上のコドン（トリプレットに従ったヌクレオチド鎖）をアミノ酸に対応づける役割を持ち、塩基配列としての遺伝情報をリボソーム上でタンパク質のアミノ酸配列に翻訳するのを仲介する RNA である。

tRNA のヌクレオチド配列（一次構造）は分子種によって互いに異なるが、いずれも二次構造として〈Fig. 2・12(a)〉のようなクローバー葉モデルを取り得るような配列であり、それが折りたたまれて〈Fig. 2・12(b)〉のような三次構造をとっている。

tRNA 分子の3'末端は、いずれも $-CCA_{OH}$ であり、各アミノ酸に特異的な“アミノアシル tRNA 合成酵素”によって、各 tRNA 種に対応したアミノ酸が3'末端のアデノシンにエステル結合し、“アミノアシル tRNA”となる。

各 tRNA 分子の三次構造のほぼ中央部には、コドンと相補的な3つのヌクレオチド配列（アンチコドンという）があり、3'末端に、それぞれのアンチコドンと相補的なアミノ酸の仲介をする酵素が特異的であり、その酵素に仲介さ

(14) 本項は「岩波生物学辞典」(第4版)参照。



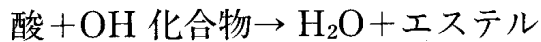
〈Fig. 2・12〉 tRNA の高次構造 (酵母アラニンの例)
 (柳田・古田, 1988より転載)

(a) クローバ葉型 2 次構造

(b) 3 次構造 (立体構造)

れたアミノ酸を特異的なアミノ酸というが、その特異的なアミノ酸を結合した“アミノアシル tRNA”が、リボソーム上で mRNA のコドンと相補的な塩基対合を形成して、次々とコドンのアミノ酸に対応づけてゆくのである。

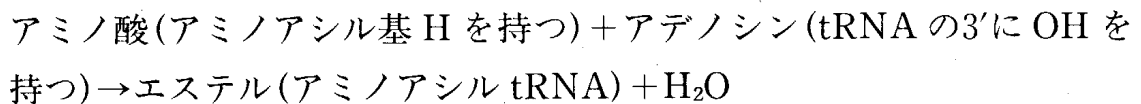
これを式表現してみると次のようになる。エステル結合は次のように表わされるが、すなわち



であるが、これにおいて

“酸”はアンチコドンのセットに指定された特異的な“アミノアシル tRNA 合成酵素”により決められた“アミノ酸”である。また“OH 化合物”とは、tRNA の3'末端にある $-\text{CCA}_{\text{OH}}$ 構造、すなわちそれぞれのヌクレオチドの塩基がシトシン、シトシン、アデニンであるようなヌクレオチド鎖の末尾がアデノシンであり、その3'位が OH になっている構造の分子である。そして、それら2つの間で生ずるエステル結合の結果得られた右辺の“エステル”が“アミノアシル tRNA”である。

以上を別表現すれば、



である。

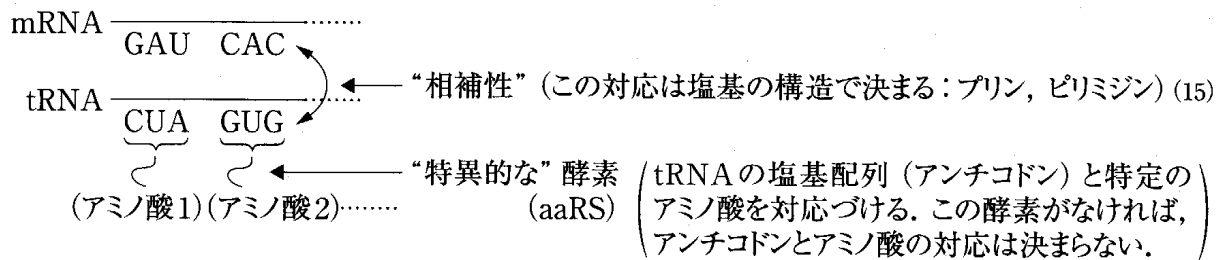
(ii) アミノアシル tRNA

上述のように、tRNA の3'末端 (CCA 末端) に存在するアデノシンの3'-(または2'-)水素基に、対応するアミノ酸のアミノアシル基をエステル結合させて付加したものである。タンパク質合成において、mRNA 上の遺伝暗号を解読してリボソーム上に結合し、さらにペプチド鎖 (の C 末端) にアミノ酸が転移される過程の中間体としての機能を果しているものである。

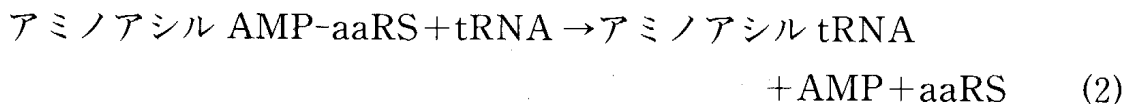
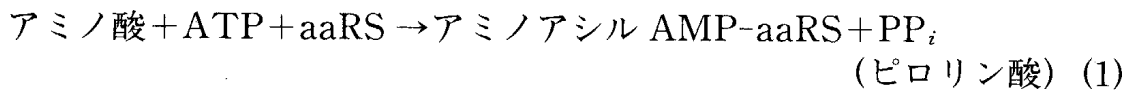
(iii) アミノアシル tRNA 合成酵素 (aaRS と略記する)

これは特定の $\dot{\text{ア}}\dot{\text{ミ}}\dot{\text{ノ}}\dot{\text{酸}}$ を活性化して、 $\dot{\text{対}}\dot{\text{応}}\dot{\text{す}}\dot{\text{る}}\dot{\text{t}}\dot{\text{R}}\dot{\text{N}}\dot{\text{A}}$ に正しく結合する酵素であることは上述のとおりである。 $\dot{\text{1}}\dot{\text{つ}}\dot{\text{の}}\dot{\text{ア}}\dot{\text{ミ}}\dot{\text{ノ}}\dot{\text{酸}}$ と、それに対応する複数の $\dot{\text{(}}\dot{\text{3}}\dot{\times}\dot{\text{n}}\dot{\text{:}}\dot{\text{n}}\dot{=}\dot{\text{重}}\dot{\text{複}}\dot{\text{す}}\dot{\text{る}}\dot{\text{トリ}}\dot{\text{プレ}}\dot{\text{ット}}\dot{\text{の}}\dot{\text{数}}\dot{\text{の}}\dot{\text{)}}\dot{\text{t}}\dot{\text{R}}\dot{\text{N}}\dot{\text{A}}$ のセットに対して、 $\dot{\text{1}}\dot{\text{つ}}$ の特異的な酵素が存在する。これが“アミノアシル tRNA 合成酵素”である。

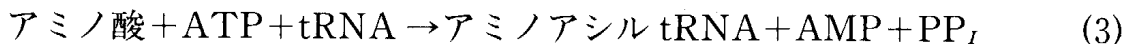
このことを図式化すると次のように表わされる。



そして、上記反応は、実際には、アデノシン三リン酸 (ATP) の助けを借りて次の2段階の反応によって構成されている。



その結果は、(1) + (2) :



(3)式の右辺の“アミノアシル tRNA”は、tRNAの3'末端に、対応する(各アミノ酸に特異的な)アミノアシル tRNA合成酵素 (aaRS) によって仲介された“アミノ酸”を付加したものであり、翻訳過程の中間体である(アミノ酸(アミノアシル基)を連れてリボソームに入ってくる tRNA)。

この中間体が、既にポリペプチド鎖がその上に存在する“リボソーム”上に入ってきて“リボソーム”の酵素活性⁽¹⁶⁾の助けを借りて、そのポリペプチド鎖に連れてきたアミノ酸をペプチド結合してポリペプチド鎖を伸ばし、tRNAは去ってゆく。そこで“リボソーム”は mRNA 上を1コマ進む……。 (或いは、リボソーム上を反対方向に mRNA が1コマ進む。) この繰り返しが、トリプレットが“終止コドン”に達するまで続き、そこで止み、1つのポリペプチド鎖 (“タンパク質”分子) が完成する。

これが“翻訳過程”の詳述 (“リボソーム”の働きについては略述) である。

⁽¹⁵⁾ 但し、プリン、ピリミジン間の1組の組み合わせのみが成立する。もう1組の組み合わせが何故成立しないのかは明らかでない。

以上から、「翻訳」の“一意性”は、

{“塩基の構造”の特異性⁽¹⁷⁾}+{“aaRS”のアミノ酸特異性}

で決まるということが出来る。

§1. 生命の素材の形成⁽¹⁸⁾

生化学的・古生物学的には、地球上の生命は、およそ30数億年前（38億年という説もある）に原始の海で誕生したと考えられる。地球誕生の約10億年後である。この地球内生命起源説は、現在のところ生命起源研究者の大部分の支持を得ている。これに対して、1部の人々は地球外生命起源説を唱えている。例えば、隕石説やパンスペルミア説がある。隕石説は、生命の種が隕石に付着して地球に持ち込まれたとする考えである。一方パンスペルミア説は、地球上の生物は地球上で生れたのではなく、他の天体からの胚種によってもたらされたとする考えである。しかし現在、種々の高エネルギーで充ちている宇宙空間を、何らかの胚種が防御装置なしで、長い年月飛行することは不可能と考えられる。

また、地球上の生命は彗星内で発生したと考える学者もいる（F. Hoyle など）。

地球がおよそ46億年前に形成され、最初の生命が誕生するまでの約10数億年が化学進化の時代、それ以後は生物進化の時代と呼ばれている。柳川・古田（1988）によれば化学進化の過程は、大きく4つの段階に分けられることができる。すなわち、(i)原始大気から、ホルムアルデヒド（糖の原料-後述）、青酸（プリン原料-同左）、シアノアセチレン（ピリミジンの原料-同左）、カーボンサブオキシドなどの活性な始原物質の発生段階、(ii)始原物質からアミ

⁽¹⁶⁾ すべての生物のものについて、現在のリボソームは、“リボソームRNA”（rRNA）と“タンパク質”（リボソームタンパク質）ほぼ半分づつで構成されており、アミノ酸を繋ぎ合わせる“タンパク質合成酵素”である。この機能を実際担っているのは、rRNAからリボソームタンパク質の何れであるかは長年議論的であったが、1991年H. Nollerらの実験結果によって決着した。結果は、「裸にしたrRNAが弱い乍らアミノ酸を繋ぎ合わせる酵素活性を示した」ということである。（石川（2002年）参照。）

⁽¹⁷⁾ 注(15)参照。

⁽¹⁸⁾ この節は主として柳川・古田（1988）に依存している。

ノ酸，核酸塩基，糖などの低分子化合物の生成段階，(iii)それら低分子化合物の重縮合によるタンパク質，核酸，多糖などの高分子の生成段階，(iv)それらの高分子の相互作用による組織化，および触媒作用，複製作用などの機能を持った原始生命体（原始細胞）への発展段階である。

以下本稿では，この化学進化の詳細を辿ることによって，生命の起源に到達したい。

1.1 原始地球上での生命素材の形成

(1) ユーレイ (H. C. Urey) = ミラー (S. L. Miller) の実験

1950年代初めに，ユーレイとミラーは，メタン／アンモニア／水素／水系の，いわゆる還元型大気を放電することによって，アミノ酸や有機酸などの有機物を，無生物的に合成することに成功した。これによって，地球上の生命の素材は原始地球での化学反応の結果生じてくることが，実験的に確かめられた。その結果，多くの研究者によって還元的大気で実験が行なわれ，生命の素材のアミノ酸のみでなく核酸塩基，糖，炭化水素なども作られることが明らかとなった。従って，生命素材の形成には，還元型大気の存在が必要な条件と考えられるようになった。

(2) 熱水噴出口の特徴と生命素材の形成条件

しかしながら最近，酸化型大気説が有力視されるようになってきた。従って，酸化型大気下の還元的場の存在が注目されるようになった。そのような条件を満たすものとして海底の“熱水噴出口”が注目されている。そこで，海底“熱水噴出口”の特徴を改めて考察し，併せて，生命素材形成のための条件として考えられる他のものも挙げておこう。

(i) 還元的環境

地球の大気はその誕生時に原始太陽系星雲ガスを，そのまま大気として取り込んだのではなく，地球に固有のものとして二次的に形成されたといわれる。ドロドロに溶けたマグマの海から脱ガスする場合，脱ガスする大気は水と炭酸ガスが主成分で，その他一酸化炭素，窒素，水素がある。これは酸化型大気で

ある。そのような酸化型大気からは、放電、紫外線などのエネルギーによってアミノ酸などの有機物を作ることはかなり困難である。

しかし、現地地球の大気が全体として酸化的であったとしても、一部に還元的な場が存在すれば、そこでは有機物は合成され得る。そのような場として、海底“熱水噴出口”，宇宙線の侵入しやすい極地，隕石や彗星の落下地点が考えられる。

すなわち、海底熱水噴出口はまず“還元的な環境”である。ちなみに、メタン、水素、硫化水素、アンモニアなどの濃度が囲りの海水よりも異常に高い。さらに、海底熱水噴出口は、化学反応を進めるためのエネルギーすなわち熱エネルギーが非常に多い。そしてさらに鉄、マンガンなどの金属イオンの濃度が高い。

(ii) 豊富なエネルギー

上の2つ目の特徴、すなわちエネルギーが豊富であることは、次のように作用する。すなわち、地殻の裂け目から浸み込んだ海水が、マグマの熱により急激に熱せられ、直ちにそのマグマとの接触面を離れ、冷却されるとクエンチング効果が生ずる。一般に熱反応では、一旦合成された有機分子は熱で分解され易いが、もしそれが急速に冷却（クエンチ）されれば、熱による分解を免れることができる。

また、“宇宙線”も有機物の無生物的合成に有効なエネルギー源と考えられる。宇宙線の主成分は陽子であり、それにヘリウムが続く。柳川・古田による紹介では、小林憲正らがヴァン・デ・グラーフ加速器というものを使って、一酸化炭素／二酸化炭素／窒素／水系の酸化型大気に陽子線照射を行ない、種々のアミノ酸が他のどのエネルギーよりも効率よく合成されることを見出している。

(iii) 微量金属イオンの存在

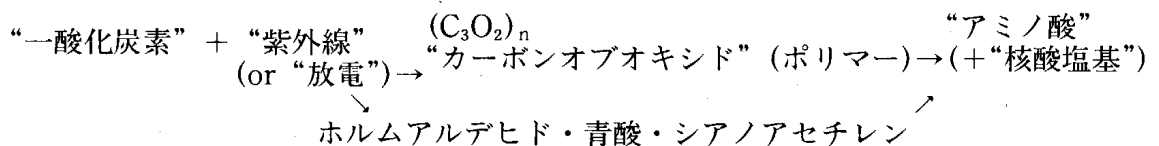
江上不二夫は海水中の微量金属イオンが主体系においては重要な役割を果たしていることを、海水中微量金属イオンと、その生体系における重要度との間に相関関係があることを明らかにした。柳川・古田も、それを実証する実験結果を得ている。

(v) カーボンサブオキシドの役割

生命素材としての始原物質として“カーボンオブオキシド”(O=C=C=C=O)が重要であったと考えられる。これは紫外線的作用によって一酸化炭素から作られる。柳川・古田は、カーボンオブオキシドポリマーとアンモニアを、紫外線照射および加熱下で反応させた結果、グリシンやアラニンなどのアミノ酸が生成することを突き止めた。アミノ酸はカーボンオブオキシドモノマーからは生成せず、ポリマーから生成したことから判断して、一酸化炭素の紫外線照射によって生成し、そのポリマーが原始の海に蓄積して、アミノ酸などの始原物質として働いたことはあり得ることである。

一方、一酸化炭素からは、放電や紫外線などのエネルギーによって、ホルムアルデヒド(“糖”の原料)、青酸⁽¹⁹⁾(“プリン”の原料)、シアノアセチレン(“ピリミジン”の原料)などの始原物質を経由して、アミノ酸や核酸塩基などの生体構成分子が生成することが分っている。ちなみに、現在の生体構成分子は、核酸塩基、糖、およびアミノ酸である。

上記を図式化すると、次のようになる。



1.2 地球外部からの生命素材の供給の可能性

以上では、地球上での生命素材の供給について述べたが、地球外、例えば彗星や隕石から供給された可能性も完全には否定できない。

1986年、地球に接近したハレー彗星に向けて打ち上げられた探査衛星の観測データの解析の結果、彗星の塵の中には、アデニン、プリン、ピリミジンなどの核酸塩基関連化合物と思われる分子も存在していた。

さらに隕石の中にも、アミノ酸、核酸塩基、炭水水素などの有機物が存在している。

⁽¹⁹⁾ 青酸はシアン化水素 HCN の通称である。

§2. 核酸構成分子の供給およびアミノ酸の形成⁽²⁰⁾

2・1 核酸塩基の供給

生命の一方の構成要素である核酸と、もう一方の構成要素であるタンパク質の形成を論じる前に、それぞれの構成分子が如何にして供給されたかを見ねばならない。

(1) 核酸塩基はシアン化水素（プリン原料）、シアノアセチレン（ピリミジンの原料）から作られる

原始大気中の元素と核酸との中間体である“シアン化水素”と“シアノアセチレン”から核酸が如何にして生成するかをまず見よう。

(i) “アデニン”：1960年代、オロー（J. Oro）は、シアン化水素（HCN）のアンモニア水溶液を加熱することにより、アデニンを合成することに成功した。アデニンの分子式 $(\text{CHN})_5$ が、シアン化水素（HCN）の五量体と同じであることから、シアン化水素の熱重合によって生成したものと考えられる。シアン化水素は、原始大気を擬した混合気体の放電実験で容易に構成されるから、原始地球上には多量に存在したと思われる。

〈Fig. 2・13〉に記されたように、実験では次のようになる。

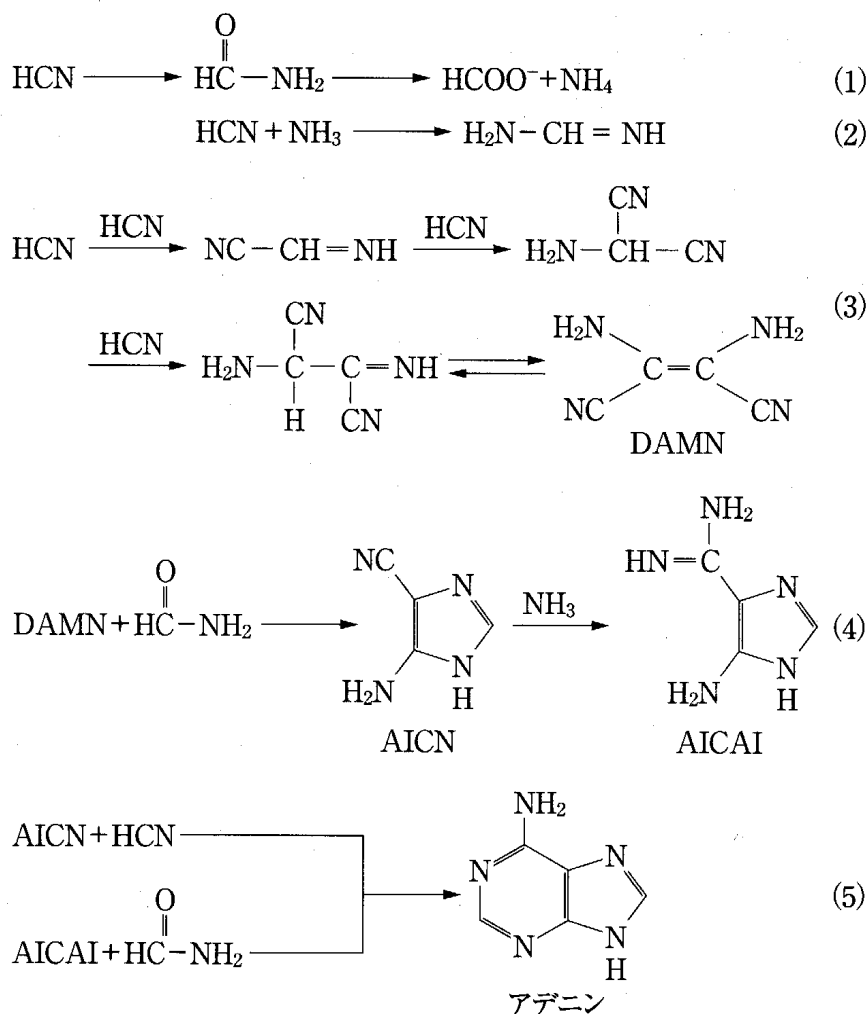
一方で、シアン化水素は、アンモニアと反応するとホルムアミジン

$\left(\begin{array}{c} \text{O} \\ \parallel \\ \text{HC-NH}_2 \end{array} \right)$ になる。他方、シアン化水素は自己縮合して DAMN (= $(\text{HCN})_4$)

を生ずる ((3)式)。DAMN はさらにホルムアミジンと反応し、AICN を生じるかまたは AICAI を生じる ((4)式)。このどちらの化合物も、シアン化水素またはホルムアミジンと反応して、“アデニン”を生ずる ((5)式、〈Fig. 2・13〉参照)。

(ii) “グアニン”：AICN とシアン酸化合物、尿素、シアン化水素のいずれからでも、グアニンが得られる。また、シアン化水素の水溶液に紫外線を照射する

⁽²⁰⁾ 本節は主として柳川・古田（1988）に依存している。



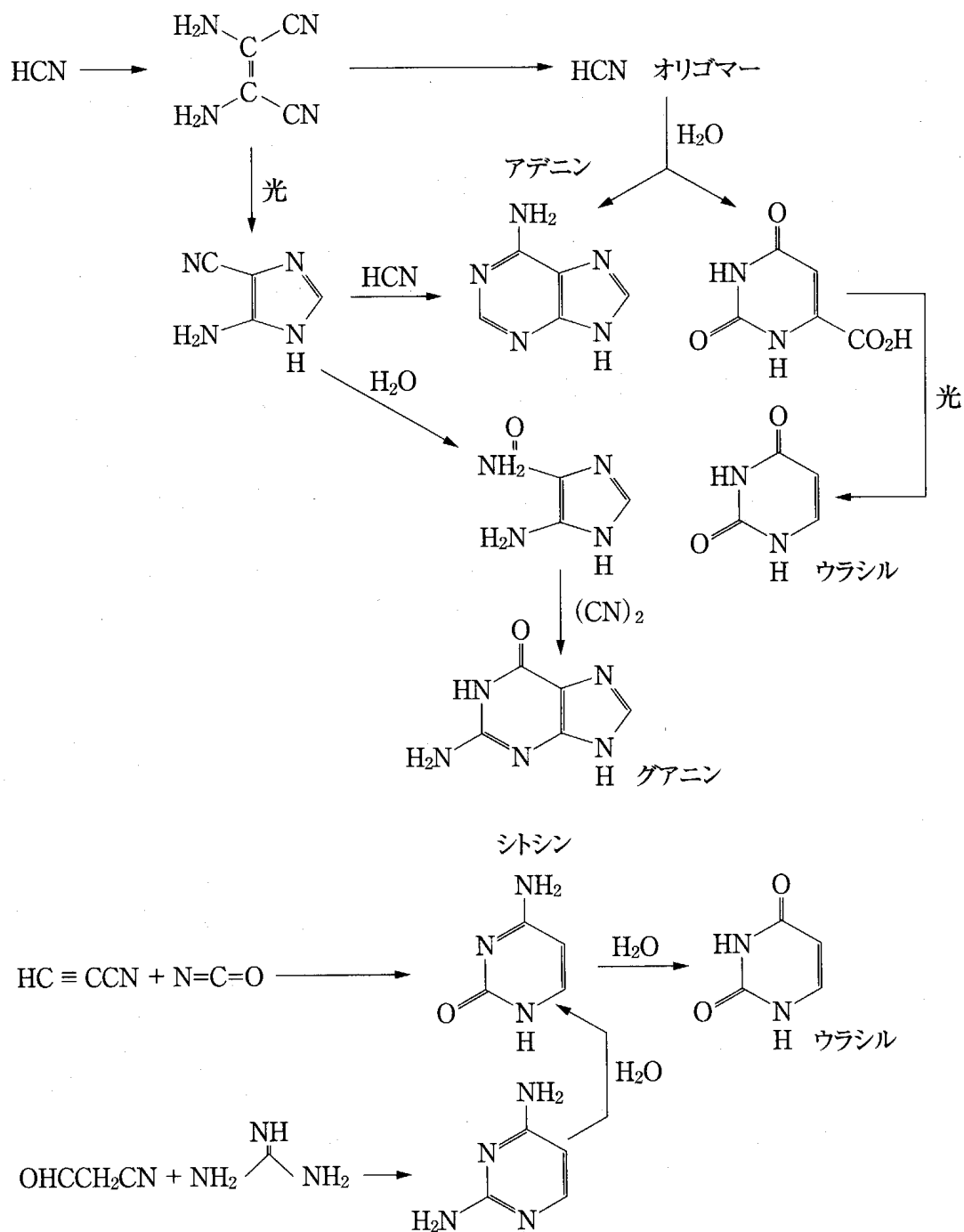
〈Fig. 2・13〉 アデニンの合成経路
(柳田・古田, 1988より)

と、その生成物中にアデニンと共にグアニンが検出される。

シアン化水素を含む水滴や湖が冬に凍り、そこでシアン化水素の四量体 $(\text{HCN})_4$ が合成され、夏になると、強い太陽光の下で光反応が起こり“プリン塩基”が合成される、といったサイクルが存在したことを柳川・古田は想像している。

いずれにしても、シアン化水素が“プリン”の原料であることに間違いはない。多方の“ピリミジン”の原料は、“シアノアセチレン”と考えられる。

(iii) “シトシン”：シアノアセチレンをシアン酸と加熱することによって、シトシンが効率よく得られる。シアノアセチレンはメタンと窒素の混合気体を放電することによって検出される化合物であって、原始地球環境下では、シアン



<Fig. 2・14> 核酸塩基の合成経路
(柳田・古田, 1988より)

化水素につぐ重要な活性分子であったと考えられる。

(iv) “ウラシル”：ウラシルはシトシンの加水分解から得られる。〈Fig. 2・14〉は、核酸塩基の合成経路を示したものである。

(v) “チミン”：これはウラシルの5'位がメチル化したものであるが、ウラシルをホルムアミドとヒドラジンで、メチル化することによって得られる。また、ウラシルを酢酸塩および粘土の存在下で、紫外線を当てた生成物の中にも、チミンの存在が示唆されている。

(2) シアン化水素とシアノアセチレンの宇宙からの供給

以上の塩基の中間体は星間空間、隕石、彗星などに含まれていることが電波望遠鏡を用いた観測から分かっている。すなわち、一酸化炭素、水、アンモニアなどの低分子の他に、シアン化水素アセトニトリル、シアノアセチレンなどのニトロ類、その他メチルおよびエチルアルコール、ギ酸メチルなどが存在していることが確認されている。現在までには、核酸塩基は見つかっていないが、その重要な合成中間体であるシアン化水素や、ピリミジンの前駆体であるシアノアセチレンが存在することがわかっている。

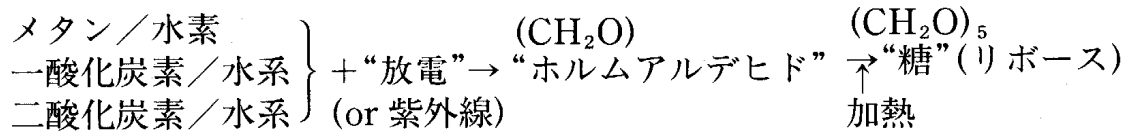
また、1969年、オーストラリアのマーチンソンに落ちた隕石は、直ちに分析が行なわれ、その結果グリシンをはじめ、いくつかのアミノ酸が検出された。また最近、クロマトグラフィー法の開発により、改めてマーチンソン隕石が分析された。その結果、小林らはアデニン、グアニン、シトシン、ウラシル、チミンの核酸塩基のすべてが隕石に含まれていることを発見した。

さらに、1986年のハレー彗星接近の際、探査衛星搭載の機器により、その塵の中の有機物の分析が行なわれ、その中にプリン類、ピリミジン類が存在していることが分かった。

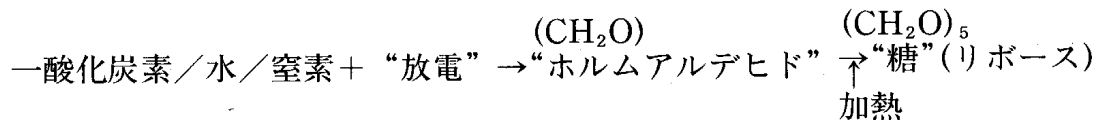
2・2 リボースの作り方

RNA のもう 1 つの骨格成分である“リボース” (分子構造式は 〈Fig. 2・5〉参照、分子式は $(\text{CH}_2\text{O})_5$) はどのようにしてできたのであろうか。リボースなどの“糖”の始原物質は、“ホルムアルデヒド”であったと考えられている。

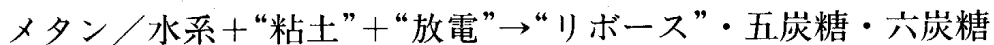
ホルムアルデヒドは原始地球を模した化学実験で、容易に生成することが知られている。例えば、次のような実験過程が得られる。すなわち、



となる。これを“ホルモース反応”と呼ぶ⁽²¹⁾。ホルモース反応は次の形をとることもある。すなわち



あるいは

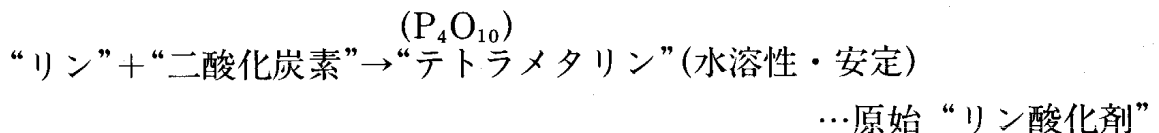


ホルムアルデヒドの元素組成 (CH₂O) は、糖、例えばグルコースの元素組成 (CH₂O)₆と同じであるから、ホルムアルデヒドから原理的に糖の合成が可能である。このことを利用した反応が“ホルモース反応”である。

2.3 リン酸の供給の形

〈Fig. 2.1〉で、核酸の単位となるヌクレオチドは、ヌクレオシドが“リン酸化された”化合物であることを示したが、その原料となる“リン酸”はどのような形で供給されたのであろうか。

まず、高温条件下、“リン”と“二酸化炭素”から合成されるテトラメタリン酸 (P₄O₁₀) という化合物は、水溶性で、かつ安定であることから、“原始のリン酸化剤”であった可能性が示唆されている。すなわち、



である。

また、ホスフィン (PH₃) が、木星や土星大気中に安定に存在していること

⁽²¹⁾ “ホルモース反応”の反応式の詳細は、柳川・古田 (1988) の図6参照。

から、ホスフィン／メタン／窒素／水系の放電実験が行なわれた。生成物中には、アミノ酸の他に、亜リン酸、オルトリン酸（リンPを1つ含む酸）、ピロリン酸（リンPを2つ含む酸）が含まれていた。すなわち、



“ホスフィン”／メタン／窒素／水系＋“放電”

→アミノ酸＋“亜リン酸”＋“オルトリン酸”＋“ピロリン酸”

である。

このような反応系で、直接リン酸化された有機物が生成してくる可能性が大きい。

2・4 アミノ酸の脱水重合による「原始タンパク質」の生成⁽²²⁾

生命体の主要な構成物質である2つの物質、すなわち核酸とタンパク質のうち、核酸の部品の供給の形の可能性については以上で述べたが、もう1つの物質、“タンパク質”は、原始においてはどのようにして形成されたかを考察することは重要である。

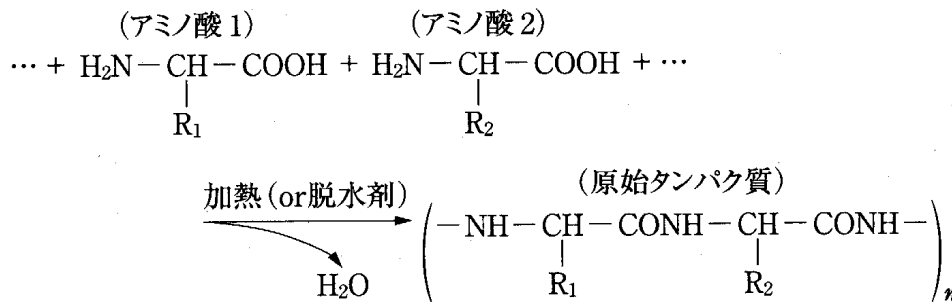
タンパク質、すなわち“ポリペプチド”の生成は、“アミノ酸”の重合という形で行なわれる。

すなわち、アミノ酸同志が脱水重合（ペプチド結合-CO-NH-）して、ポリペプチドが形成される。この反応は、原始地球環境においても加熱あるいは脱水剤（カルボジイミド）の存在により、比較的起こり易かったと考えられる⁽²³⁾。それを図示すると次の〈Fig. 2・15〉のようになる。

このようにして合成された“タンパク質”が、酵素活性を働かせ、前記核酸部品を結合させて、核酸を合成したとする有力な説がある（後述）。

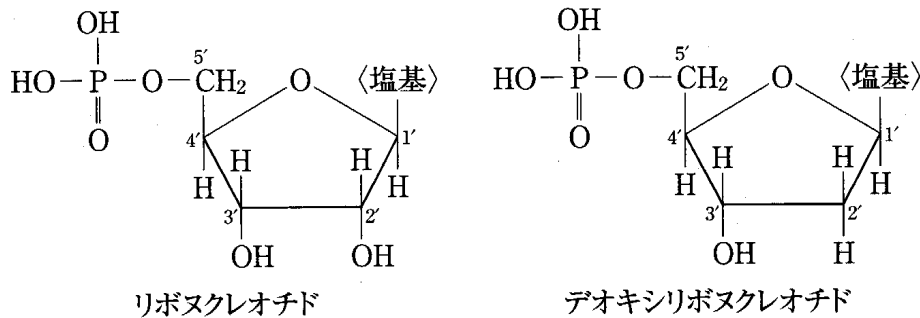
⁽²²⁾ 本項は石川（2002）、第3章参照。

⁽²³⁾ 現在の生物では、ここでリボソームRNA（rRNA）が酵素活性を発揮する。この点は注（16）参照（§0, 0・2, (4)）。加熱による脱水重合は、当時を再現したハワイ活火山での実験結果がある（石川2002）。



〈Fig. 2・15〉 脱水による原始タンパク質の生成
(石川(2000)を改変)

- アミノ酸間の“ペプチド結合”，すなわち脱水による (-CO-NH-) の結合による“ポリペプチド”の生成。
- R₁, R₂はそれぞれ糖残基を表す。



〈Fig. 2・16〉 リボヌクレオチド (RNA 単位分子) とデオキシリボヌクレオチド (DNA 単位分子)

- （ リボヌクレオチドは，2'位の OH が不安定性を示すのに対し，デオキシリボヌクレオチドは，2'位が H であるので安定である。それ故，DNA は RNA に比し安定なのである。

§3. 核酸の形成

3・1 核酸は DNA が先か RNA が先か

核酸が形成されたことは事実であるから (DNA または RNA)，それがどのようにして形成されたかは後廻しにして，まず，DNA が先であったか，それとも RNA が先であったかを考えておきたい。

石川 (2002) によれば，(イ)デオキシリボ核酸がリボ核酸から作られるという事実 (デオキシリボ核酸は DNA の単位分子，リボ核酸は RNA の単位分子 (〈Fig. 2・16〉 参照。))，および(ロ)RNA は，mRNA，tRNA，rRNA 等の多

くの仕事をこなすという事実を根拠として、RNA が先に作られ、然る後に DNA が作られたと考えられる。また、ジンマー (2001) は、もし、RNA しか無く、DNA も“タンパク質”も無いとしたら、RNA は自分一人でこなさなければならない仕事を全部こなしたと考えている。後述するように、“酵素活性”を持つ“タンパク質”がもし RNA よりも後に発生したとすれば (ジンマーはそう考えている)、遺伝コード伝達をし、触媒作用を働かせるという 2 つの仕事をこなすのは RNA だけである。そこでジンマーも RNA が最初の生命分子の最有力候補であると述べている。

以上を総合すると、DNA が先か RNA が先かという問題は、RNA が先であるという解答が正しいであろう。

それでは、RNA はどのようにして形成されたのであろうか。生命の起源を考えると最大の難問は、“モノヌクレオチド”がどのように重合して“ポリヌクレオチド”，すなわち核酸になったかである (石川 (2002))。それは、原始地球環境に豊富に存在し、有機物を作る助けとなった、“熱”などのさまざまなエネルギーは、有機物が重合するときには、しばしば逆に重合を妨げるばかりか、重合体を分解 (脱重合) させる方向へ作用したと考えられるからである (石川 (2002))。ヌクレオチドの重合が、そのような条件の下で自発的に進行したことは非常に考えにくいといわれている。

3.2 核酸 (RNA) の重合の仕方の 2 説

そこで、RNA の重合のプロセスに関して 2 つの説が存在する。

(1) 1 つは、RNA が偶然に合成され、それが進化した後に、次にタンパク質が出現したとする説である。そのような RNA は独自の酵素活性を持ち、自己自身をもそれにより複製した。ある段階で、それが進化し、アミノ酸同志を結合させる弱いながらの酵素活性をも獲得した。

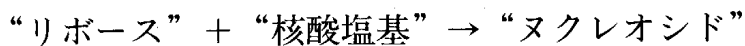
このように、先に RNA が偶然でき、RNA が元来持つ独自の酵素活性によりアミノ酸重合、従ってタンパク質合成を行ない、そのタンパク質のおかげで、自力で行なわれていた RNA 複製が加速されたとする考えが一方にある (ジンマー (2001), 柳川・古田 (1988))。

(2) これに対し石川 (2002) は、原始地球環境下においてアミノ酸の重合、すなわちポリペプチド (タンパク質) の生成は比較的起こりやすかったとし (前項2・4で述べた <Fig. 2・15> のような方法で)、そのポリペプチド (タンパク質) の弱いながらの酵素作用により、核酸 (RNA) が形成されたと考える。

3・3 ヌクレオシド、ヌクレオチドの起源

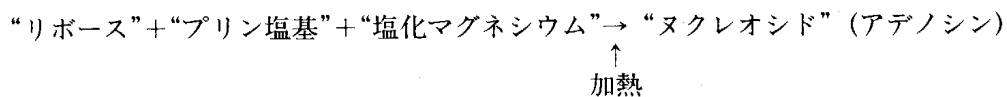
その2説の何れが正しい場合でも、核酸 (RNA) の3つの部品が結合すること、およびその結合したものが伸長して長鎖になることが必要であった。

“リボース”と“核酸塩基”とが結合して“ヌクレオシド”となり、“ヌクレオシド”が“リン酸”と結合して“ヌクレオチド”となることはすでに述べた。すなわち、



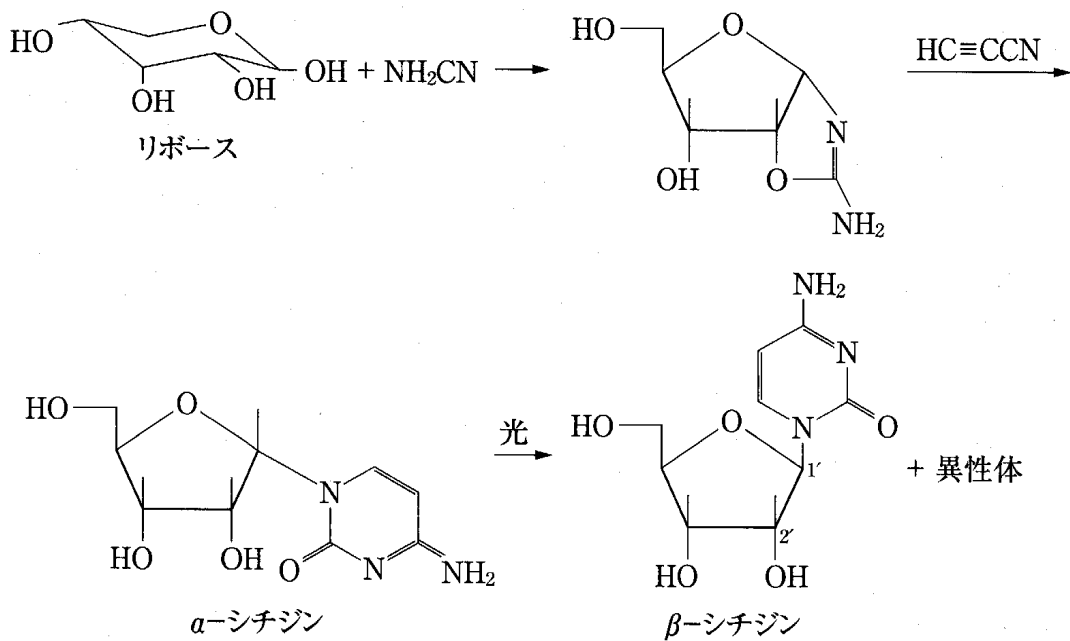
である (<Fig. 2・1> 参照)。

(1) 核酸塩基は、反応力が比較的弱いので、リボースと核酸塩基を直接加熱してもヌクレオシドは得られない。しかし、リボースとプリン塩基 (例えばアデニン) に塩化マグネシウムを混合した水溶液を加熱するとヌクレオシド (アデノシン) が得られる。



この反応では、海水を蒸発させた後に残る塩の混合物がよい触媒になる。従って、ヌクレオシドは原始海岸の干潟や干上がった湖で、前生物的に合成された可能性がある。

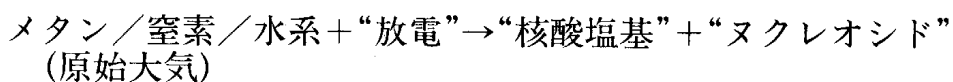
(2) “リボース”と結合した前駆体から核酸塩基を合成する方法でヌクレオシドを作ることにもできる。例えば、“シトシン”と“リボース”の結合体としてのヌクレオシドである“シチジン”は、リボースとシアナミド (アンモニア NH_3 の H がシアンで置換されたもの) の付加体にシアノアセチレンを反応させるだけで得られる。ただしこの場合、非天然型の α -異生体が生ずるので、“光反応”を用いた異生化反応が必要である (<Fig. 2・17> 参照。“異生体”と



〈Fig. 2・17〉 βシチジンの合成

は分子式が同じでも立体構造が異なるものをいう)。

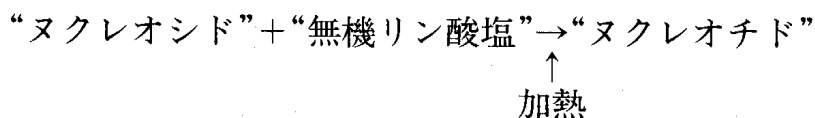
(3) “ヌクレオシド”が原始大気から直接生成することが次の実験で確かめられている。すなわち、メタン/窒素/水系を放電すると、生成物中に核酸塩基が含まれていることが知られている。



小林らの実験では、シチジン、アデノシン、グアノシン、ウリジン、イノシンなどのヌクレオシドが検出された。シチジン ウリジンはいずれも“ピリミジン塩基”であり、得られるヌクレオシドは、全て天然型のβ-異生体である。

(4) これに対し“ヌクレオチド”はどのようにして形成されたであろうか。

“ヌクレオチド”は、“ヌクレオシド”と“無機リン酸塩”を加熱することによって得られる。すなわち、



である。または“ポリリン酸”などの縮合リン酸を使うと、低温でも得ることができる。ただし、種々の異生体(ヌクレオシドの2′-, 3′-, 5′-, 一リン酸)

や、ポリリン酸化されたもの (ADP, ATP など) も同時に得られる (〈Fig. 2・6〉 参照).

3・4 原始 RNA は如何にしてできたか

3・2において、RNA が何らかの偶然でできて、RNA が元来持つ独自の酵素活性によりアミノ酸重合を行い、そのタンパク質のおかげで、自力で行なわれていた複製が加速されたという説と、原始地球環境下においてアミノ酸の重合、すなわちポリペプチド (タンパク質) の生成は比較的起こりやすかったとし、そのポリペプチド (タンパク質) の酵素活性により RNA が形成されたという 2 説があることを述べた。

ここでは、2 説それぞれについて、成立の可能性を探る実験を概観してみたい。

(1) 原始スープ中に先に形成されたと考えられるタンパク質集団が RNA を触媒したという説

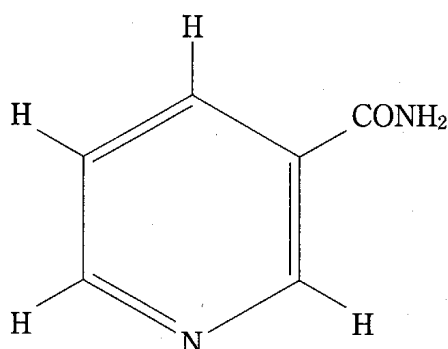
(1)―1

ブラック (A. Brack) らは、前生物的に容易に形成されたと考えられるいくつかのポリペプチドを使って、“ポリアデニル酸”⁽²⁴⁾ の合成を試みている。その結果トリペプチド (Glu-Ser-Glu) が、3'-5'より2'-5'のリン酸ジエステル結合を優先させること、および、アルギニンを含むポリペプチドが“ポリアデニル酸”の加水分解を促進することを見出している。

(1)―2

また、柳川・古田も、液相・固相反応を繰り返す方法 (干潟モデル) で合成されたポリペプチドが、NADH (還元型ニコチンアミドアデニンジヌクレオチド) のカップリングした酸化還元活性などの触媒活性を持っていることを見

⁽²⁴⁾ アデニル酸はアデノシン-リン酸のこと。ADP・ATPの加水分解によって生成される。アデニル酸脱アミノ酵素によって脱アミノされ、イノシン酸になる。3'-アデニル酸と2'-アデニル酸を、アルカリまたは酵素で加水分解すると RNA が生成されるといわれている。(「岩波生物学辞典」(第4版) 参照)



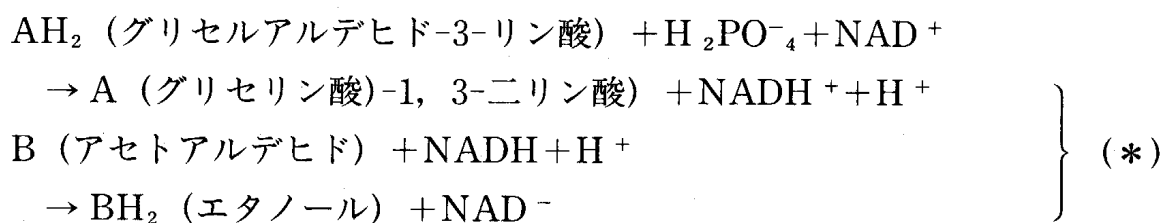
〈Fig. 2・18〉 NAD (ニコチンアミド) の分子構造

- “アミド” は、アンモニア NH₃ またはアミン RNH₂ の水素が金属または RCO で置換されたもの。
- NAD の実際の存在形態は 〈Fig. 2・19〉 のようになる。

出している。

“ニコチンアミド” とは、生体で NAD (ニコチン酸アミドアデニンジヌクレオチド), NADP (ニコチン酸アミドアデニンジヌクレオチドリリン酸) の成分として広く分布しているもので、〈Fig. 2・18〉 のような分子構造をしている。

また、NAD は、補酵素の一種でもあり、各種の脱水素酵素により、基質から水素原子 1 個と電子 1 個を受け取り、還元型となる。この反応の 1 例を示すと次のようになる⁽²⁵⁾。

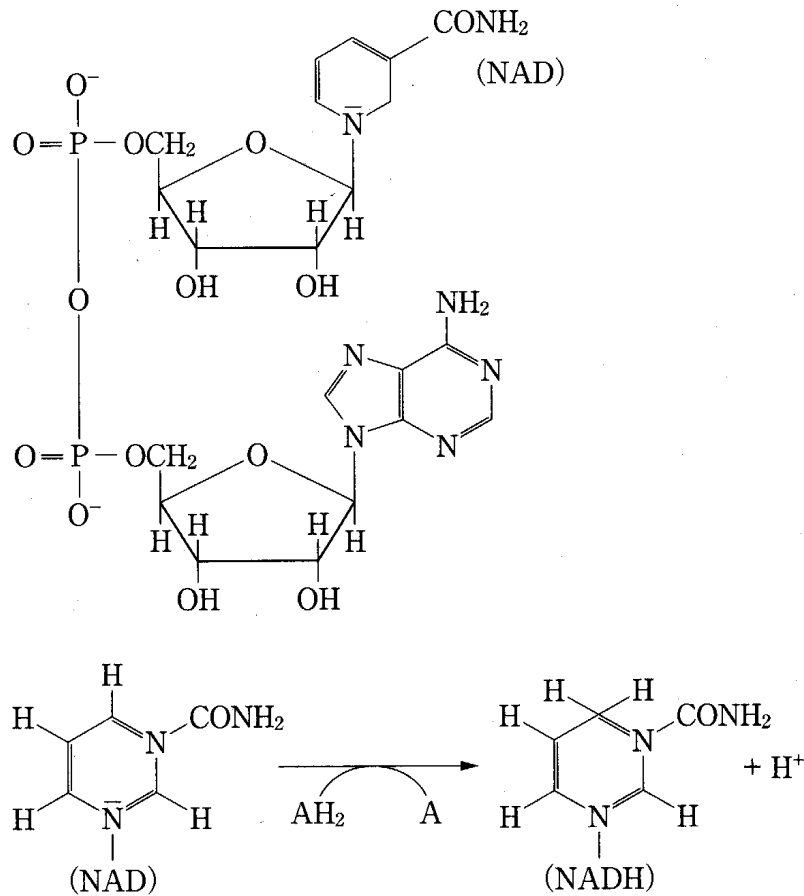


これを構造式で表わすと 〈Fig. 2・19〉 のようになる。

(1) — 3

今後、前生物的に合成されたポリペプチドの中から、RNA 合成を触媒するものが発見されることが期待されると柳川・古田 (1988) は述べている。

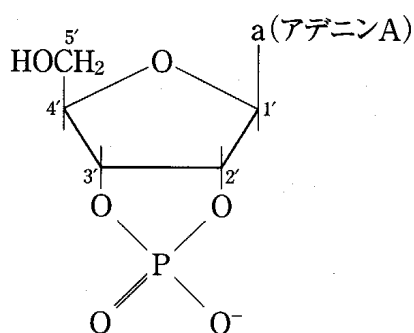
⁽²⁵⁾ 「岩波生物学辞典」(第 4 版) および「岩波理化学辞典」(第 4 版) 参照。



〈Fig. 2・19〉 NAD の構造式と還元化による NADH の生成
 ((*式を参照)

(2) 原始スープ中にモノヌクレオチドが偶然に形成されて既に存在したという前提の下で RNA 合成を行なう場合

この場合、水溶液中で如何に効率よく脱水反応を起こさせ、3'-5'のリン酸ジエステル結合を作らせるかという問題に直面する。反応は加熱や脱水縮合剤を必要とするが、原始地球上では青酸誘導体であるシアナミド (アンモニア NH₃の水素がシアン HCN で置換されたもの)、ジシアンアミド、あるいは無機ポリリン酸などが豊富に存在しており、適当な縮合剤として作用したものと考えられる。熱などのエネルギーに加え、粘土表面へのモノヌクレオチドの吸着による濃縮や、ポリヌクレオチドを鋳型に用いて、モノマー分子を規則的に集合配列させる試みが行なわれている。以下それをやや詳しく述べてみた



〈Fig. 2・20〉 アデノシン2', 3'環状リン酸の構造式
(M. Verlander ら(1973)を改変)

い(26).

(2) -1. 鋳型なしの合成

原始スープの中に存在するモノリボヌクレオチドから、どのようにして長鎖のRNAが合成されていったのであろうか。実験室で、前生物的に、モノヌクレオチドからRNAを合成しようという試みがなされている。

フェランデル (M. S. Verlander) らは、ジアミンの存在下で、“アデノシン2', 3'-環状リン酸”の水溶液を蒸発乾固させた後、五酸化リン存在下で数日間放置させて、6量体までの重合体を合成している。形成された重合体のヌクレオチド間のリン酸結合は、3'-5'結合が、2'-5'結合を少し上まわっていた。

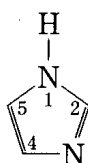
アデノシン2', 3'-環状リン酸の構造は〈Fig. 2・20〉のようになっている。

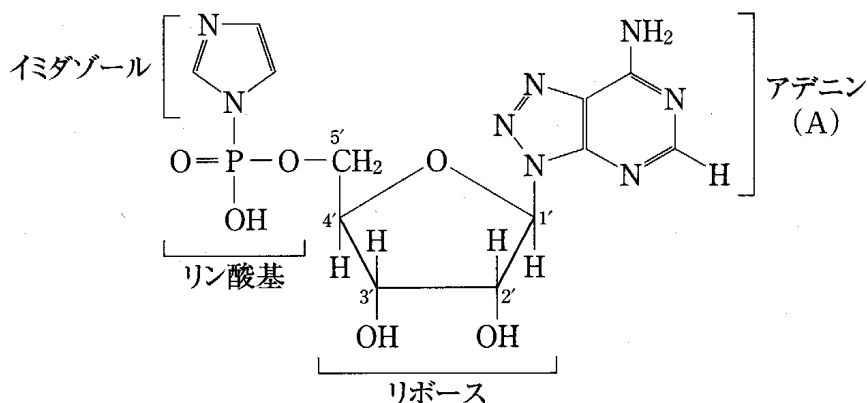
また、沢井宏明は、リン酸基をイミダゾール⁽²⁷⁾で活性化した“アデノシン-5'-ホスホイミダゾリド”を用い、亜鉛イオン存在下で数日間放置させ、4量体までの重合体を得ている。この場合、形成されるヌクレオチド間のリン酸結合は、90%以上が2'-5'結合である。

この場合に使用したヌクレオチドである“アデノシン-5'-ホスホイミダゾリ

⁽²⁶⁾ 柳川・古田 (1988) に主として依存する。

⁽²⁷⁾ イミダゾールの分子構造式は以下のものである。1位の水素が他の原子または分子と置換されて反応する。





〈Fig. 2・21〉 アデノシン-5'-ホスホイミダゾリドの構造式

(リン酸基に付いたイミダゾールが OH になったものがアデノシン)

ド”の構造式は、〈Fig. 2・21〉である。

さらに、ロールマン (R. Lohrmann) らは、“ウリジン-5'-リン酸”と ATP の混合物を、マグネシウムイオンとイミダゾールの存在下で反応させ、ピロリン酸体 (P を 2 つ含む化合物) を得ている。生体内でのこれらピロリン酸結合を持つものとしては、NAD, 補酵素 A などがあるが、原始地球上にもこのような結合を持った化合物が多く蓄積され、化学進化の段階で重要な役割を果たしていた可能性があるとして柳川・古田 (1988) は述べている。

“ウリジン-5'-リン酸”は、“ウリジン-5'-三リン酸”を一般にはいう。ピリミジンヌクレオチドの 1 つである。この分子構造式は〈Fig. 2・22〉である。

(2)-2. 鋳型上での合成

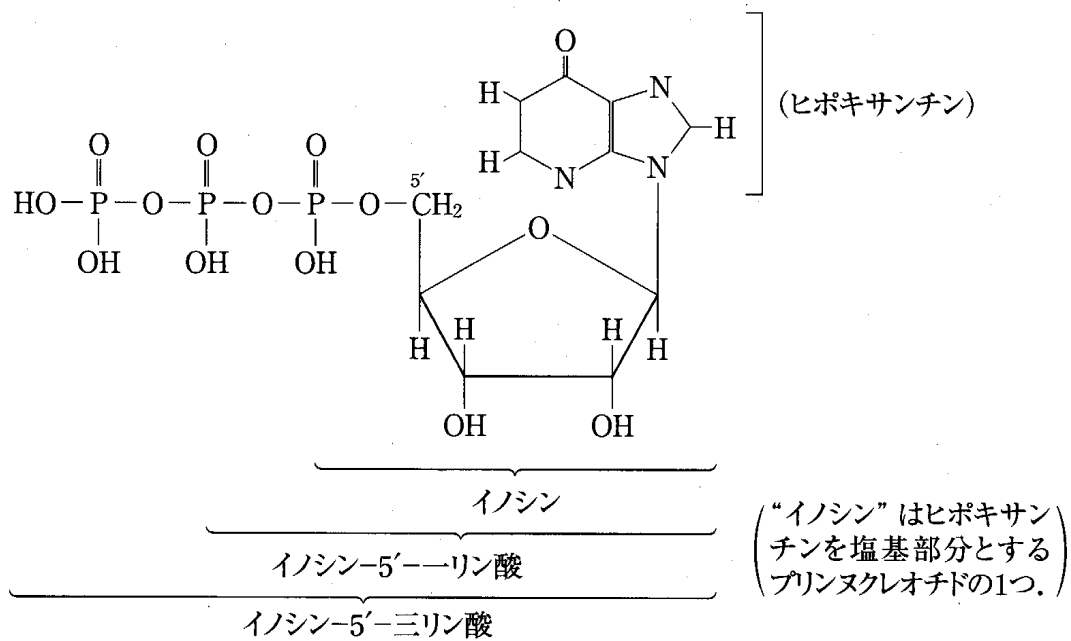
次に、鋳型ポリマー (重合体: すなわちポリヌクレオチド) 上でのモノマー (単量体: すなわちリボヌクレオチド) の重合反応が試みられている。

オーゲルらの研究では、縮合剤を使い、“5'-アデニル酸”のポリウラシル上での重合反応や、“5'-グアニル酸”のポリシトシン上での重合反応を行なっているが、いずれも重合の効率が悪く、且つ形成されるリン酸結合の大部分が 2'-5' 結合である。このように水溶液中で、3'-5' 結合のリン酸ジエステル結合を作ることはむずかしい。

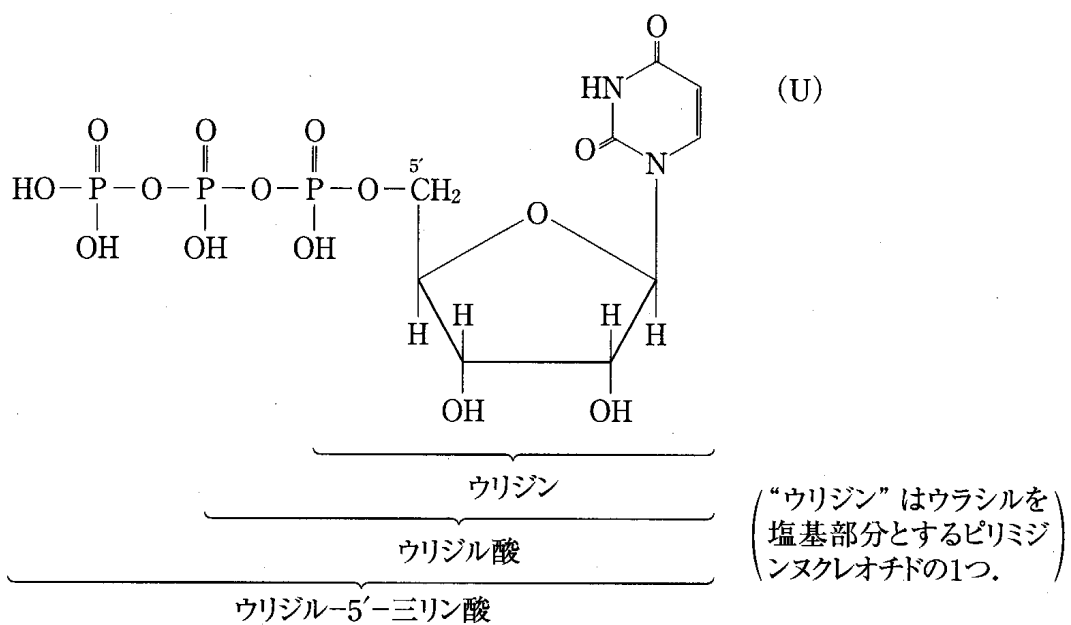
ここで、“アデニル酸”およびグアニル酸とは、それぞれ〈Fig. 2・23(a)〉, 〈Fig. 2・23(b)〉のような構造をしたものである。

さらに、柳川・古田は、前生物的縮合剤である N-シアノイミダゾールを用

(a) イノシン

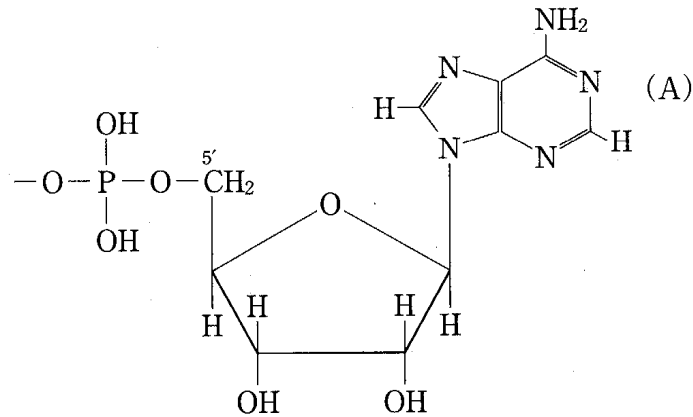


(b) ウリジン

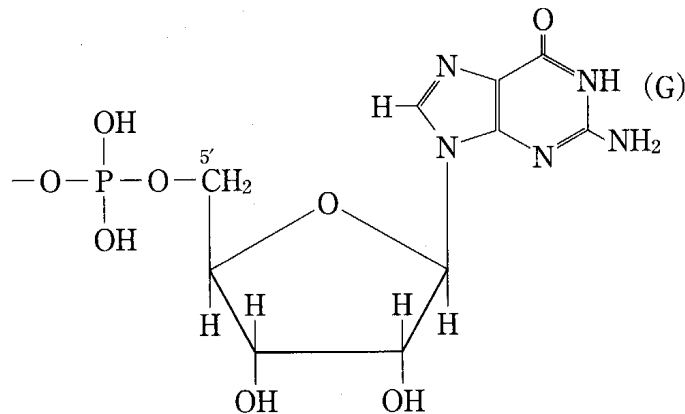


〈Fig. 2・22〉 イノシンとウリジン-5'-三リン酸の構造式

(a) アデニル酸



(b) グアニル酸



〈Fig. 2・23〉 アデニル酸とグアニル酸の分子構造式

(アデニル酸は、アデニンを塩基としたヌクレオチド，グアニル酸は、グアニンを塩基としたヌクレオチド。)

いて、水溶液中イミダゾール存在下，“グアノシン-5'-リン酸”のイミダゾール化を行ったところ，1段階の反応で，収率65%で“グアノシン-5'-ホスホイミダゾリド”体を得た⁽²⁸⁾。

柳川・古田によると，アデノシン-5'-ホスホイミダゾリド，アデノシン，ポリウラシル，食塩，マグネシウムイオン，イミダゾールの混合物を14日間放置すると，3量体までの重合体が生ずる。この場合，2量体のリン酸ジエステル結合の大部分が2'-5'結合であるが，この重合反応には種々の金属イオンが影響

⁽²⁸⁾ グアノシン-5'-ホスホイミダゾリドはアデノシン-5'-ホスホイミダゾリドのアデノシン部分がグアノシンに変わったものである。

を与える。例えば、亜鉛イオン存在下では5量体までの重合体を得られ、形成されるリン酸結合のうち75%が3'-5'結合になる。これは、前生物的な核酸合成における金属イオンの重要性を示唆している（柳川・古田（1988））。

この他にも、ポリシトシンを鋳型にしてのオリゴグアニンの合成反応の研究も行なわれている。その結果、出発原料の大部分が重合し、40量体以上の重合体を得られている。しかし、形成されるリン酸結合の大部分は、2'-5'体であるが、亜鉛イオンを存在させると、30量体以上の重合体を得られ、リン酸結合のほとんどが3'-5'結合になる。従って、亜鉛イオンは、3'-5'リン酸ジエステル結合を形成させる力があると結論できる。

また、井上丹とオーゲルは、イミダゾールの2位にメチル基がついたヌクレオシド-5'-ホスホ-2-メチルイミダゾリドを出発物質に用いると、重合の効率や、3'-5'結合の割合が著しく上昇することを見出している。

最後に、アッシャー（D. A. Usher）らは、“アデニル酸”⁽²⁹⁾の6量体の重合をポリウラシルを鋳型として行ない、12量体や18量体を得た。その際、12量体の中央に2'-5'を1つ含む重合体は、ポリウラシルの非存在下では存在下に比べて加水分解速度が遅い。一方、すべてが3'-5'結合の12量体では、ポリウラシル存在下の方が非存在下に比べて加水分解速度が遅い。つまり、2本鎖の中では、リン酸の3'-5'ジエステル結合はその安定性を増し、2'-5'結合は逆に不安定になる。このことは、化学進化の初期の過程では両方の結合が同時に生成したが、2本鎖構造をとる過程で次第に、2'-5'結合が淘汰されて、最終的には3'-5'結合を持つRNAができ可能性を示唆している（柳川・古田（1988））。

(2)-3. ゲル化を利用したRNA合成

RNAの前生物的合成は、モノヌクレオチドのリン酸部位が活性化された化合物（イミダゾールで活性化されたイミダゾリドなど）や、鋳型としての長鎖ポリヌクレオチドを必要とする。反応効率が悪いと思われる原始の海的环境下では、活性化は100%の効率よりかなり低い。柳川・古田（1988）によると、

⁽²⁹⁾ アデニル酸とはアデノシン-リン酸のことである。ADP, ATPの加水分解によっても生成される。3'-アデニル酸と2'-アデニル酸は、アルカリまたは酵素で加水分解することにより、RNAを生成すると「岩波理化学辞典」（第4版）に書かれている。

活性化が不十分なヌクレオチドを鋳型上に並べ、重合を試みると、形成される結合は、リン酸ジエステル結合よりもピロリン酸結合（2つのリン酸同志が結合したもの）が優先し、長鎖のオリゴヌクレオチドを得ることは難しい。またさらに、鋳型となる長鎖のポリヌクレオチドが最初どのようにして生成したかが問題になる。われわれは、それが“偶然”生成したと仮定し、それを前提にして論じてきたが、改めてその“偶然”の内容が問題になる。

柳川・古田は、この点に関して2通りの実験を試みた。

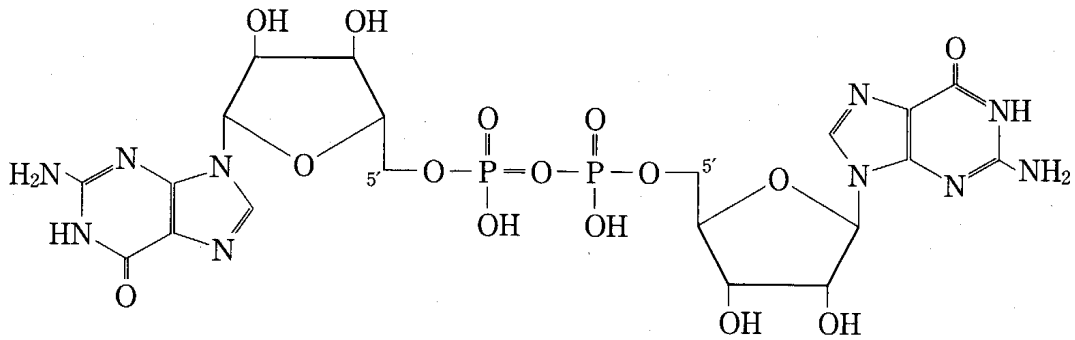
1つは、ヌクレオチド自身で自己集合する系として、ゲル形成能を持つジグアノシンプロホスフェート（GppG）を用いて、自己集合や重合反応を検討するものである。

もう1つは、自己集合能を持つ他の分子の力を借りてモノマー分子を集合させる系として、核酸と脂質を連結させた5'-ホスファチジルヌクレオチドを用い、自己集合や重合反応を検討するものである。

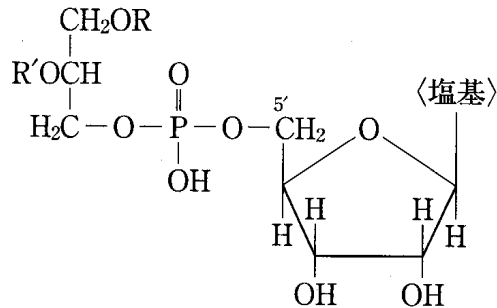
前者の材料物質“ジグアノシンプロホスフェート”（GppG）の構造式と、後者の材料物質“5'-ホスファチジルヌクレオチド”の構造式とは、それぞれ〈Fig. 2・24〉および〈Fig. 2・25〉に示されている。

前者の実験で、柳川・古田は、グアノシン-5'-リン酸と前生物的縮合剤（N-シアノイミダゾール）との反応で容易に合成されるピロリン酸化合物 GppG が、室温、中性条件下で、強いゲルを形成することを発見した。そのゲルを電子顕微鏡で見ると、長いひも状の構造体が見られ（〈Fig. 2・24-1〉の写真1）、画像解析でそのひも状構造体はらせん構造を持っていることがわかる（〈Fig. 2・24-1〉の写真2）。このらせん構造体の分子模型は〈Fig. 2・24-1〉の写真3のようになっている。

柳川・古田によれば、ピロリン酸結合は、リン酸基が活性化された状態と考えられるが、現存する生物での RNA 合成は、ピロリン酸結合を形成して進行している故、GppG からオリゴグアニル酸への変換が期待される一方で、最近、真核生物の染色体 DNA の両末端を構成している、テロメア領域のグアニル酸残基の多い部位で、G/G が分子内対合している特有の構造が明らかにされている故、核酸がワトソン-クリック型の基本的な二重らせん構造以外にも、多



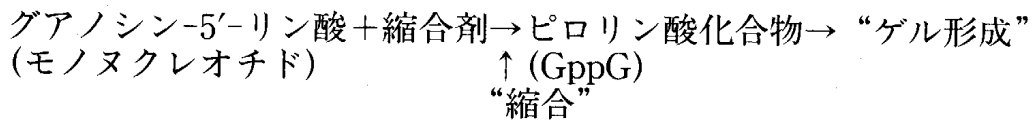
〈Fig. 2・24〉 ジグアノシンプロホスフェート (GppG) の構造式
(柳川・古田(1988)を一部改変)



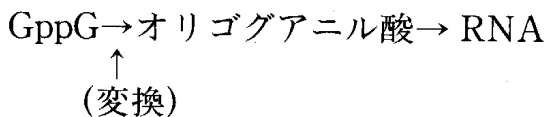
〈Fig. 2・25〉 5'-ホスファチジルヌクレオシドの構造式
(R, R'は長鎖のアシル基, R=R'のものもある.)

彩な構造をとり得ることが示唆され、化学進化の段階では GppG のゲルに見られるような、G/G 結合対も重要な役割を担っていた可能性がある。

以上を式化すれば次のようになる。



(モノヌクレオチドの“リン酸基”が活性化されていて“縮合”し“ゲル化”する.)



後者の実験で、柳川・古田は、リン脂質とヌクレオシドを連結させた複合体、5'-ホスファチジルヌクレオシドを合成し、その水溶液中での自己集合を調べた結果、核酸-脂質複合体が RNA に類似した直線状や環状のらせん構造体を

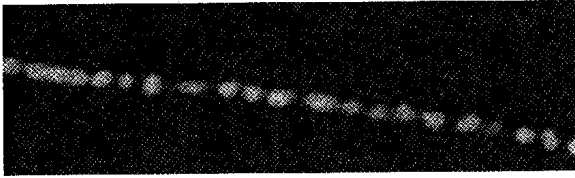


写真2 GppGゲルの電子顕微鏡写真の画像解析

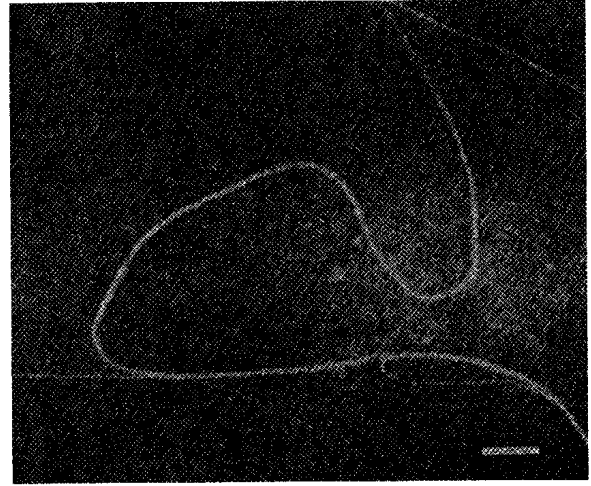


写真1 GppGのゲルの電子顕微鏡写真

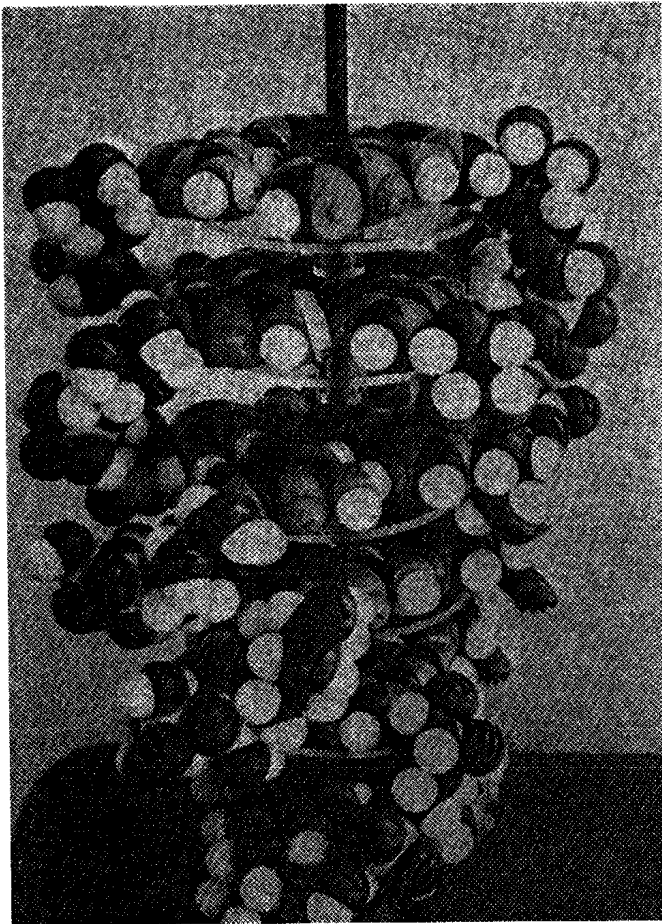
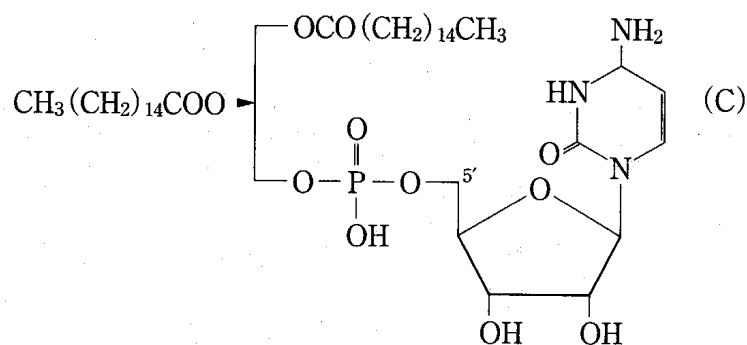
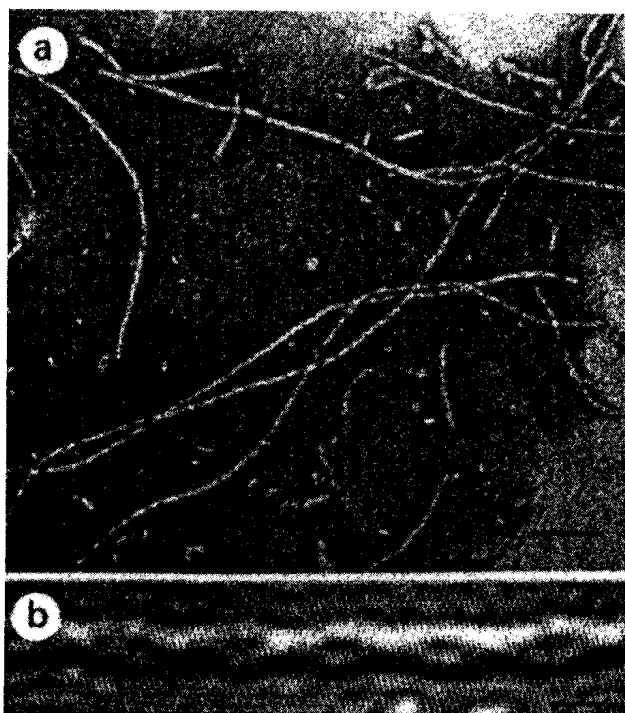


写真3 GppGから形成されるらせん構造体の分子模型

<Fig. 2・24-1> GppG ゲルの構造写真
(柳川・古田(1988)より)



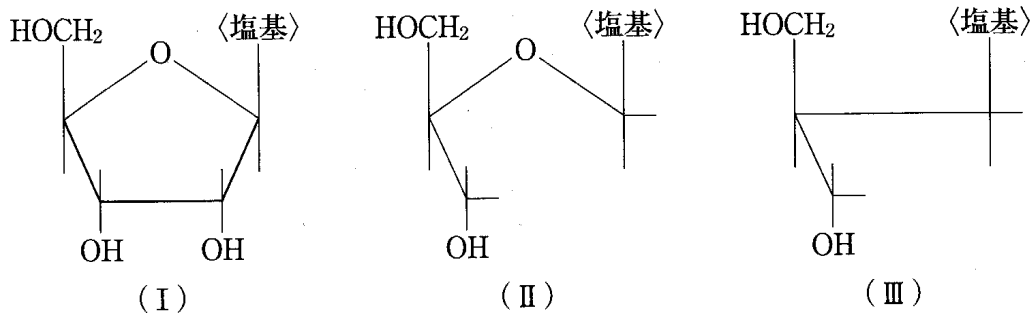
(イ)5'-ホスファチジルシチジンの構造式



(ロ)5'-ホスファチジルシチジンから形成された直線状のらせん構造体の電子顕微鏡写真(a)とその解析画像(b)

〈Fig. 2・26〉 5'-ホスファチジルシチジンの構造
(柳田・古田(1988)より)

形成することを見出した。例えば，“5'-ホスファチジルシチジン” (〈Fig. 2・26〉 参照) は、塩化カリウム存在下で、直線状のらせん構造体を形成する。より高い塩濃度条件下では、環状のらせん構造体を形成する。右巻きの二重らせん構造である。シチジン以外のヌクレオシドの複合体でも、同様ならせん構造体を作られる。ただし、構造体の形成には、塩基間水素結合、スタッキング (互いに重なり合う力)、疎水結合が必要である。



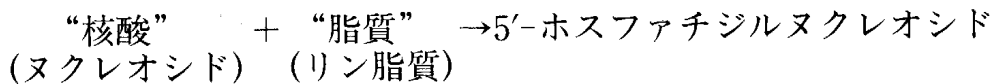
<Fig. 2・27> 非環状ヌクレオシドの構造式
(柳田・古田(1988)より)

- (I) ヌクレオシド
- (II) 非環状ヌクレオシド (グリセロールから誘導)
- (III) ヌクレオシド類似体 (アクロレインから誘導)

これらの結果は、低分子のヌクレオチドの中に、分子個有の性質としてらせん性が存在していることを示している。

5'-ホスファチジルヌクレオシドから形成されたひも状の構造体のような、非共有結合で並んだモノヌクレオチド誘導体が、原始RNAとして作用できたかどうかは今のところ不明だが、スタッキングなどを利用して補酵素(NADPなど)をとり込み、“触媒作用”を行なうことができたのかもしれないと柳川・古田は推測している。また同時に、“鑄型”として作用し、モノヌクレオチドの重合を促進させたことも考えられると彼らは言っている。

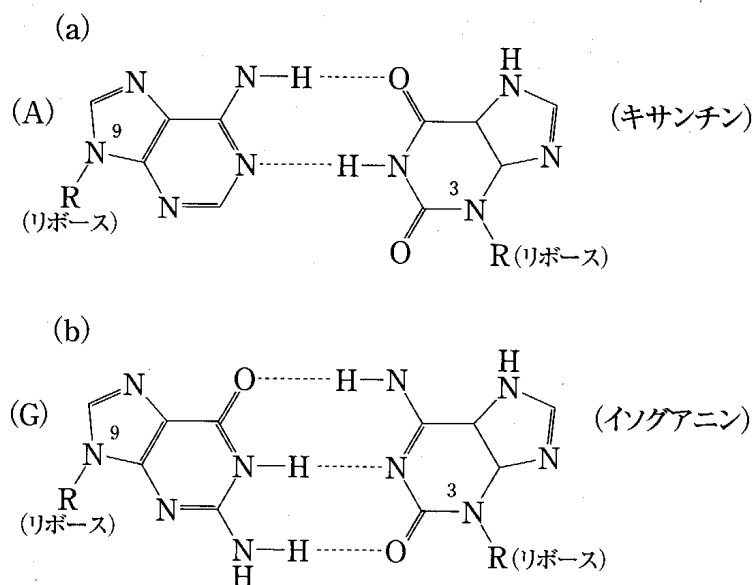
以上を式化すると次のようになる。



5'-ホスファチジルヌクレオシド → RNA に似た直線状・らせん状構造体
 ↑
 水溶液中で“自己集合”(非共有結合) → $\left\{ \begin{array}{l} \text{“補酵素”をとり込み} \\ \text{“触媒作用”(NADP)} \\ \text{“鑄型”としてモノヌクレ} \\ \text{オチドの“重合”を促進} \end{array} \right.$

(3) 原始RNAのかたち(前駆体RNA)

上記のいずれの方法でモノヌクレオチドが形成されたにせよ、原始地球上にモノリボヌクレオチドが十分に存在していたかどうかについては疑問もある。そこで、オーゲルらは、ポリシトシンを“鑄型”に用いた、“リボース”を開



〈Fig. 2・28〉 プリン-プリン塩基間の水素結合
(柳川・古田(1988)を一部改変)

(a)は、N9アデニン(左)と N3サキサチン(右)間
(b)は、N9グアニン(左)と N3イソグニアン(右)間
“水素結合”は“非共有結合”の1つで、反応する原子同志が同一電子軌道を共有しない反応で、エネルギーとしては、反応に酵素などによる活性化エネルギーを要しない、反応前と反応後のポテンシャル・エネルギーの差のみによる反応。

環させた非開環のヌクレオチド類似体が、RNAの起源物質であったとの想定の下に、それらを用いた重合反応を検討している。〈Fig. 2・27〉に示したように、グリセロール、ホルムアルデヒド、塩基とから合成されるIIの化合物や、放電実験の生成物であるアクロレインとホルムアルデヒド、および塩基を原料とするIIIの2リン酸誘導体が浮かび上がってきている。IIの2リン酸誘導体をイミダゾリド体に変換して、それをポリシトシン上で重合させると、ピロリン酸結合で繋がったオリゴマーが生成する。これらIIの化合物や、IIIの2リン酸誘導体がRNA前駆体として注目されている(柳川・古田(1988))。

一方、“塩基部分”に着目したRNA前駆体も議論されている。

A, G, C, Uの現在使用されている塩基の代りに、アデニン、グアニン、キサンチン、イソグアニンのプリン塩基のみで塩基対を考えるもので、〈Fig. 2・28〉のようなワトソン-クリック型の塩基対が可能になる。

これはRNAの“鋳型”合成の時、ポリシトシン（ポリ(C)）やポリウラシル（ポリ(U)）などのピリミジン塩基を持つポリマーを鋳型とした場合には、プリンヌクレオチドは重合するが、逆にポリアデニン（ポリ(A)）やポリグアニン（ポリ(G)）などのプリン塩基を持つポリマーを鋳型にした場合にはピリミジンヌクレオチドは重合しない、という実験結果に立ったものである。これは、ピリミジンヌクレオチドの互いに重なり合う“スタッキング”の力が、プリンヌクレオチドのスタッキングの力に比べて弱いため、安定な2本鎖構造を形成できないことによる。

この際、N3位結合のプリン類を考えることで、UやCと同じ電子配置の塩基対形成が可能になるのが特徴である。N3型のヌクレオチドも、その生成の容易さから考えると、N9型と同じ程度の割合で、原始スープ中に存在していたと柳川・古田は推測している。

相補的塩基間の“水素結合”は、それをさまざまに配列することで、情報量を飛躍的に増大させることができる。配列の方法としては、(イ)通常モノヌクレオチドの3'-5'位間のリン酸ジエステル結合によるポリマー化があるが、そのほかに、(ロ)前述した脂質の疎水相互作用を利用した“非共有結合”による配列も考えられる。さらに、より一般的には“イオン結合”がある。

(4) 核酸の鎖長伸長のモデル（“鋳型”合成で伸長するモデル）

核酸の鎖長伸長のモデルの1つとして、次のようなモデルが考えられる（柳川・古田（1988））。

すなわち、(i)モノヌクレオチドが最初生成し、それが数個繋ってオリゴヌクレオチドとなる。(ii)次に、それを“鋳型”として相補的なオリゴヌクレオチドが合成され、(iii)それが鋳型上をスライドして末端が少しづつ伸長し、やや長鎖のオリゴヌクレオチドになる。(iv)その部分を“鋳型”としてまた新しい鎖が伸び、次第に長くなってゆく。(v)ある程度長鎖のポリヌクレオチドができたときに、一時的に温度が上昇すると、核酸の2本鎖はほどけて1本鎖になり、それが“鋳型”となってその上でまたモノヌクレオチドの重合がおこる。以上が核酸の鎖長伸長が鋳型合成で行なわれる場合の1つのモデルである。

このモデルに従うか否かは別として、ある長さのある配列のヌクレオチドが、

相補的な2重鎖を作りながら，“鑄型”合成で鎖を伸ばしてゆく場合，2重鎖構造の安定性が高すぎても低すぎても，その効率は低下する．それ故，A，G，C，Uの4塩基が適当に組合わさった鎖長伸長および最適な配列が出現したのかも知れないと柳川・古田は推測している．

次に，現在実験室で，どのくらいの長さのオリゴヌクレオチドまでが合成できるであろうか．オーゲルらによる，グアノシン-5'-ホスホイミダゾリドを出発物質に用いた重合では，最高60鎖長のオリゴグアニル酸が，また臭化シアン，シアノイミダゾールを用いたオリゴアデニル酸の重合では48鎖長のオリゴアデニル酸が得られる．これらの長さは，現在最も原始的なRNAと考えられているtRNAの73~93鎖長に近い長さである．それ故，現在のtRNAくらいの長さの原始RNAが，全く酵素（タンパク質）の助けなしに前生物的縮合剤により合成された可能性が高い．

さらにまた，100鎖長よりやや短いtRNAと，1000鎖長よりやや短いrRNAとの間には，鎖長の大きな違いにも拘らず，いくつかの類似点がある．

(イ) 1つは，二次構造においてステムとループ構造をとることである．

(ロ) もう1つは，これらのRNAの塩基配列の類似性を調べてみると，9鎖長の繰り返し単位が見られることである．つまり，tRNAとrRNAは共通の短いオリゴRNAを祖先とし，自己複製と重複により進化してきた痕跡があると柳川・古田は述べている．

§4. 生命の起源 (2)

4.1 RNA依存RNAポリメラーゼ (RNAレプリカーゼ)

現在のウイルスは，ゲノムとしてDNAではなくRNAを持つものが多い．それらは，“RNAレプリカーゼ” (RNA依存RNAポリメラーゼ) によって自らのRNAゲノムの複製を行なっている．それらは，一度RNAが作られると，次にそれが鑄型となって，レプリカーゼによる複製が繰り返されてゆく (レプリカーゼとは複製酵素のことである)．

生命誕生の頃には，弱いながらも触媒活性を持つ原始ポリペプチド (原始タンパク質) の助けによってRNAができ，次にそれが鑄型となって，レプリカ

一ゼによる複製が繰り返されたものとも考えることもできる（これは、前節の末尾において既に述べた）。あるいは、前節で述べた他のさまざまな方法で最初の RNA ができて、それが鋳型となり、レプリカーゼによる複製が繰り返されたとも考えることもできる。

すなわちリボヌクレオチドの重合を促したのは微弱な酵素活性を持つ原始ポリペプチドであったかもしれない。またはその他の方法であったかもしれない。しかし、一度 RNA が生まれた後は、しばらくの間主役をつとめたのは RNA そのものであったと、現在多くの研究者は考えている（石川（2003））。地球上に一時期存在したと思われる、このような環境は「RNA ワールド」と呼ばれる。現在のような本格的な酵素活性を持つタンパク質が作られるようになったのは、RNA の働きを通じてタンパク質が作られるようになってからだと考えられる。

RNA が“酵素”として働ける根拠は、その柔軟な構造にある。その柔軟な構造は、RNA を構成しているリボース（糖）の2'位のCにOH基が結合していることに由来している。DNAは、ここにHが結合しているために柔軟性を欠き、逆に安定性を持っている。RNAは、このOH基のために、塩基配列の違いに応じてさまざまな立体構造をとることができる。例えば、tRNAはクローバ葉の2次構造を持っているが、実際にはクローバ葉が更に折りたたまれ、自らが運ぶアミノ酸の種類に応じて、それぞれに特異的な立体構造を持っている（石川（2003））、（〈Fig. 2・12〉参照）。立体構造には独特の形状をした溝や窪みがあるので、反応にあずかる基質がそれらに結合することができる。タンパク質がこのような立体構造をとると同様に、RNAもこのような構造をとることができるので、酵素としての資格を持っている。

RNA ワールドでは遺伝情報を持った（あるいは鋳型となる）RNA 分子が自らの独自の酵素活性によって複製され、また、その複製ミスによって多様化し進化を遂げたものと思われる。そのような環境が地球上に存在したことの“傍証”とされるのは、現在でも酵素反応に重要な働きをする低分子物質の中に“リボヌクレオチド”が非常に多いという事実である。例えば、ATP の他にも NAD, NADP, FAD, FMN, CoA といった重要な補酵素の全ては“リ

ボヌクレオチド”である (ATP については <Fig. 2・6>, NAD, NADP については <Fig. 2・18>, <Fig. 2・19> を参照).

4・2 RNA の情報伝達機能とレプリカーゼの酵素活性との系による RNA の複製説

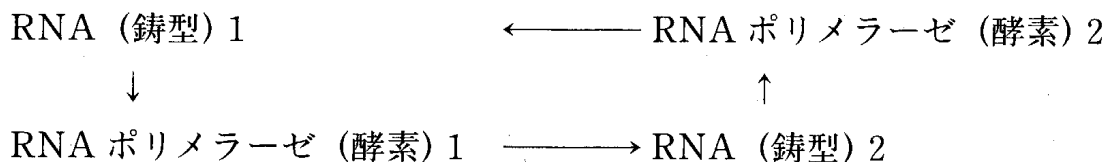
アイゲン (M. Eigen) らは、自己を複製するためには、“鋳型”から情報を受け取るとともに、情報を与える機能も必要とするとし、次のような“RNA 鋳型”とレプリカーゼ (複製酵素) との系を考え、その系の内部での自己循環によって RNA が自己複製されるモデルを考えた。

アイゲンは、このような系による二重のフィードバックのサイクルを「ハイパーサイクル」と名付けた。ハイパーサイクルの基本的な考え方は次のようである。

すなわち、RNA1が酵素1を作る。この酵素1がRNA2の複製を触媒する。このRNA2は酵素2を作り、RNA1の複製を触媒する。従って、RNA1はその複製に酵素2を必要とし、RNA2は酵素1を必要とする。それ故、原料のRNAモノマー (モノヌクレオチド) が十分存在すれば、RNA1もRNA2も互いに排除せず、協力し合って共存できる。

ここで、RNAが酵素 (レプリカーゼ) を作るのは、RNA独自の酵素活性 (弱いながらの) であり、酵素がRNAを作るのは、その本来の機能によると解することができる。

以上を図式化すると次のようになる。



アイゲンらは、このハイパーサイクルモデルにより RNA の自然淘汰の機構を研究しているが、このモデルが自然淘汰の説明をするよいモデルになり得るかどうかは、目下詳しい解析中である。

4.3 RNA 独自の酵素活性

1970年代の後半、アイゲンは、RNA レプリカーゼの助けがあれば、鋳型となる RNA が存在しなくてもヌクレオチドの重合が起こり得ることを実験的に示した。すなわち、一度 RNA が作られると、次にそれが鋳型となって、レプリカーゼによる複製が繰り返されてゆく。一度 RNA が生まれた後は、しばらくの間“主役”をつとめたのは RNA そのものであったであろうというのが通説であることは既に述べた。

また、1960年代に、クリック(F. Crick)とウーズ(C. Woese)らが、生命の起源の頃には、“触媒”としても“遺伝物質”としても機能できる分子が存在するという仮説を提示し、かつ、その候補として RNA を挙げた(石川(2003))。

これらの仮説または実験結果は、“鋳型”としての RNA が独自に“酵素活性”を持ち、従って、文字通り「自己複製」をする能力を持つ分子であることを表現したものである。すなわち、RNA は、自身、文字通り「RNA レプリカーゼ」そのものである。

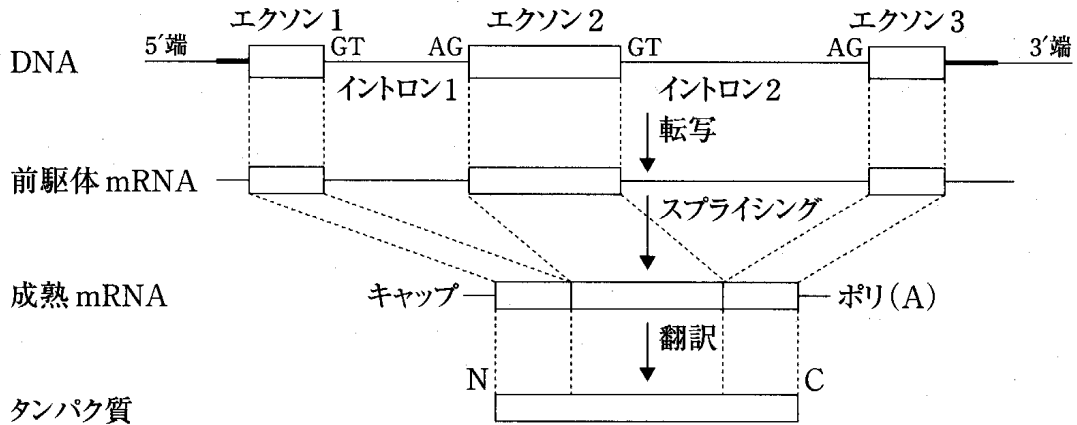
この独自の酵素活性のメカニズムは、既述の RNA のとる“立体構造”以外には、今のところ明らかではないが、その存在自体は、多くの研究者によって認められている。そして、それがしばらくの間「RNA ワールド」を形成したことは事実であろう。

§5. RNA 触媒 (リボザイム)

5.1 セルフスプライシングする RNA の発見

(1) 1977年に、シャープ (P. A. Sharp) らと、ゴールドスプリングハーバー研究所グループによって、現在の高等生物の遺伝子が、タンパク質をコードする DNA のヌクレオチド配列 (エクソン) とタンパク質をコードしないヌクレオチド配列 (イントロン) で分断されていることが発見された。

イントロンの部分は RNA 前駆体に転写された後切り落とされ、エクソン部分同志が繋ぎ合わされる。この切断、連結過程を“スプライシング”という。この模様を図示したものが <Fig. 2・29> である。



〈Fig. 2・29〉 mRNAのセルフスプライシング
(柳田・古田(1988)より)

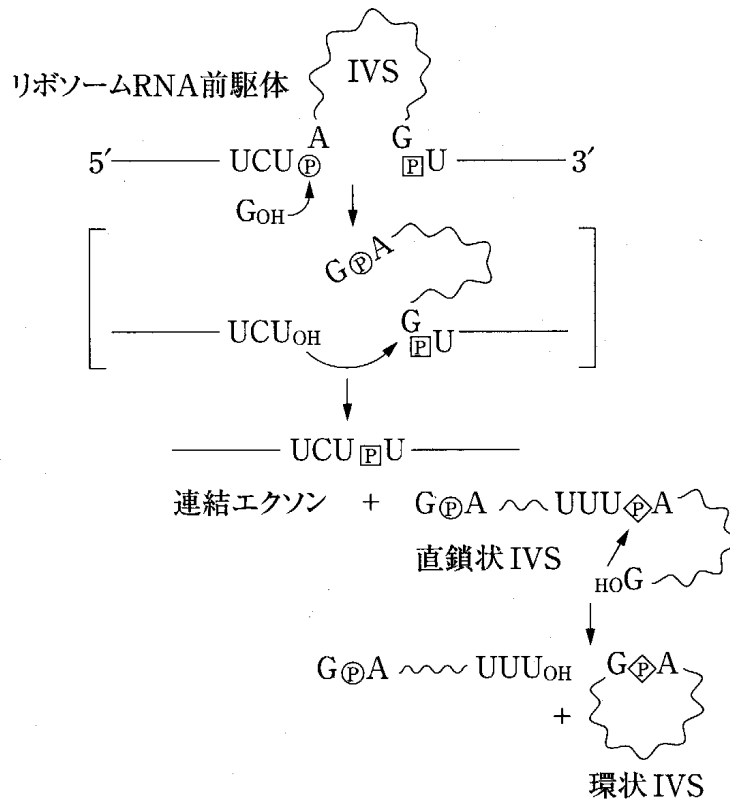
(2) 1981年、チェック (T. R. Cech) らは、原生動物の一種であるテトラヒメナのリボソーム RNA (rRNA) の研究過程で、グアノシン(G)を含んだ溶液中では、前駆体 rRNA 中のイントロンが、タンパク質 (現在生物の酵素) の存在なしに切り出され、残りのエクソンの両端が結合 (スプライス) されることを発見した (Cech & Bass (1986) 参照)。

これらの一連の反応は、“リン酸ジエステル結合”の数を変化させない、リン酸ジエステル結合の交換反応 (化合物の原子または原子団が同種の原子または原子団によって置換される反応) により起こっている。

〈Fig. 2・30〉に示すように、まず第一段階として、グアノシン3'水酸基が、イントロン切断部位の“リン酸ジエステル結合”の5'末端を攻撃する (すなわち OH 基が P を攻撃して P を奪い取ってしまう)。そして残ったエクソンの3'末端に (川下に) 水酸基 OH を残して、イントロン-エクソン間の切断と、グアノシン残基の3'末端への付加が起こる。

第二段階では、上流側のエクソンの3'末端の水酸基 OH が、まだ繋がっているもう一方のイントロン-エクソン間 (3'スプライス部位) の“リン酸ジエステル結合”を攻撃して (OH が P を奪い取って) 鎖の切断を起こす。結果として、414鎖長のイントロンが切り出されると同時に、残りのエクソン間の再結合が起こるといふ形をとる。

第三段階として、切り出されたイントロンは、3'末端 (下流) グアノシンの



〈Fig. 2・30〉 テトラヒメナのリボソーム RNA 前駆体のセルフスプライシング。
 IVS (イントロン)
 (柳田・古田(1988)より)

3'水酸基 (OH) が5'末端 (川上) 近くの“リン酸ジエステル結合”を攻撃し、15鎖長または19鎖長のオリゴマーを放出して残りは環化する。(この環化した分子はL-15IVS, L-19IVSと呼ばれる。これらは、15あるいは19ヌクレオチドが欠失したイントロンという意味である。IVSはイントロンを表す。

チェックは、自分自身に作用するこのようなRNA触媒を、“リボザイム”と命名した。

“環状構造を経てセルフスプライシングするリボザイム”はグループIのイントロンと呼ばれる。環状を形成することによって19ヌクレオチドのオリゴマーが欠失したグループIのイントロンがL-19IVSである。

リボザイムの二次構造は複雑で、遠く離れた領域間の相互作用が存在し、より複雑な三次元の“折りたたみ構造”をとることができる。そして、RNAのポリヌクレオチド鎖の“折りたたみの三次元構造”が、スプライシングの活性

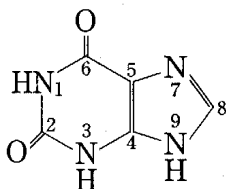
発現に必要であることがチェックらによって明らかにされている。ちなみに、グアノシンとイントロンの間には5本の“水素結合”が予想されている。また、リボース部分の2'や3'の水酸基OHがなかったら、活性が消失することから、リボース部分の存在は必要である。さらに、塩基部分では官能基（ここではカルボニル基 $>C=O$ のこと）がないプリン塩基や、官能基をもつプリン塩基でも、2位のアミノ基が水酸基に変換されたキサンチンでは活性が全くないことから、シトシン(C)と“水素結合”する部分が存在することが必要であることがわかる(Cech, 1987)⁽³⁰⁾。

(3) チェックが言う“リボザイム”は、自分自身の切断・連結を触媒する酵素という意味での“自己触媒”であった。しかしながら、最初のセルフスプライシングで結合されたエクソンの組合わせを再製するためには、その最初のスプライシングで、イントロンが残らねばならない。すなわち、スプライシングは、エクソンと併せてイントロンをその都度残した“前駆体”を再製せねばならない。しかしながら、チェックはそのようなことは言っていない。これでは複製の“反復”は生じない。

そではなくて、チェックの“リボザイム”は、セルフスプライシングで切り出されたイントロン自身が酵素活性を持ち、他の反応に対して触媒になることを明らかにしているのである(Zaug, A. J. & Cech, T. R. 1986, および Been, M. D. & Cech, T. R., 1988)。

これを明らかにするために、ザウグらの実験(実験I)とビーンらの実験(実験II)とを、両者を対比しながら説明したい。

⁽³⁰⁾ キサンチンはプリン塩基の一種。構造式は以下のとおりである。なお、“水素結合”は、これらの理由からだ、ウラシル(U)でもよいと筆者には思われるが、シトシン(C)に限られる理由は、筆者には今のところ不明である。従って、次に述べる〈実験〉でも、プライマーにウラシル5量体を使い、且つ、5'末端に、それに相補的なアデニン(A)のガイド配列を持つイントロンをリボザイムに使うことは出来ないであろうか。



⁽³¹⁾ “プライマー”は、重合の出発点となるヌクレオチド鎖。

⁽³²⁾ “基質”は、酵素に特異的に反応される物質。

両実験とも、イントロン、酵素、プライマー⁽³¹⁾ および基質⁽³²⁾ とからなる系で構成されている。すなわち、

〈実験 I〉は

{ イントロン (L-19IVS) : “リボザイム”
酵素 : イントロンの3'の G_{OH}部分
プライマー : シチジル酸5量体 C₅ (=CCCCC)
基質 : プライマー自身 (C₅)

のように表わされる系である。

酵素活性はイントロン (L-19IVS) に含まれており、基質は C₅ である。そして C₅ はプライマーにもなっている。反応過程を図示すると 〈Fig. 2・31-A〉のようになっている。

すなわち、イントロンが、GGAGGG のガイド配列の部分 (イントロンの5'末端の部分) に、相補的な塩基配列を持つプライマー (この場合 C₅) を持ってくる。この C₅ が上記ガイド配列と水素結合し、イントロンの3'末端に存在する酵素部分 (グアノシン G_{OH}) に末端のシチジル酸 (pC) が1個吸い寄せられて結合する。そして C が1個減った C₄ は離れてゆく。

C₄ の代わりに、シチジル酸5量体 (C₅) が新たにガイド配列に水素結合し、イントロンの3'末端に形成されたシチジルとグアノシン間の“ジエステル結合”を攻撃すると、シチジル酸6量体 (C₆) ができる。

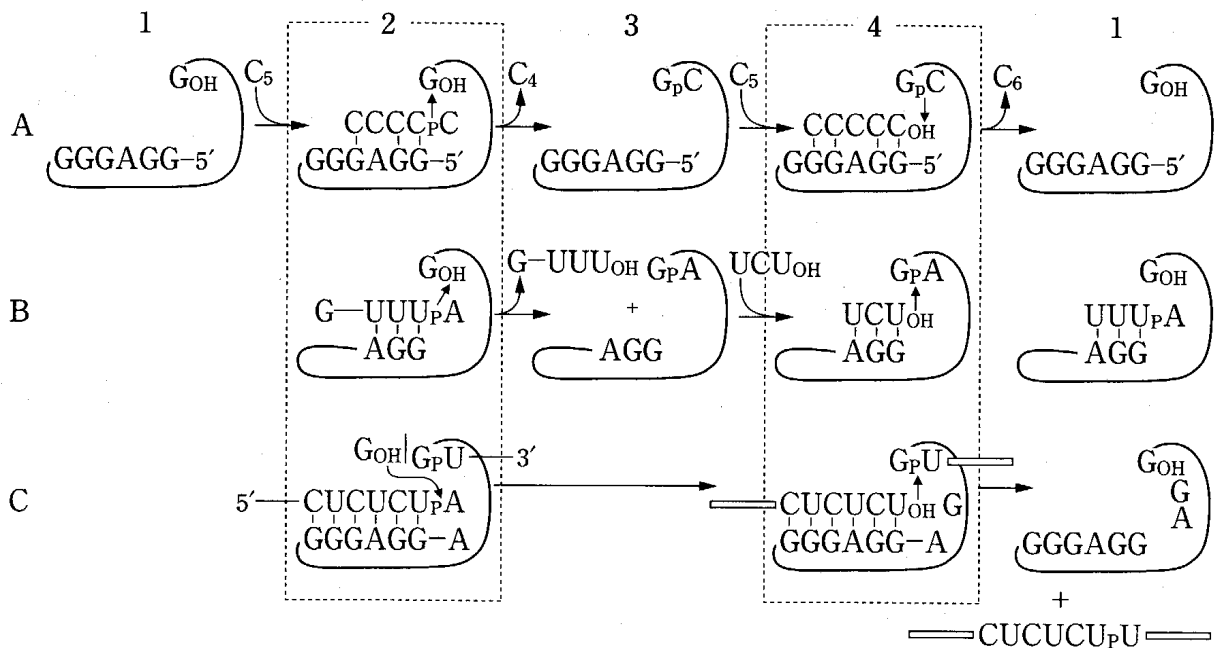
さらにこれが基質となって鎖が延長する。このようにシチジル酸5量体 (C₅) を出発物質に用いた場合、最高10量体まで伸びる。

このような“重合反応”は、水酸基 OH がリン酸ジエステル結合を攻撃する反応として起っている。その結果は、pC と OH とが交換されることである。

ウリジル酸 (塩基としてウラシルを持つ核酸) の6量体を基質に用いた場合には、僅かに7量体が検出できるだけである。またアデニンおよびグアニンはプリン塩基であるから、オリゴアデニル酸やオリゴグアニル酸は基質とならない。

また、L-19IVS は、リン酸基転移反応 (〈Fig. 2・31-B〉) や、RNA 制限酵素活性 (〈Fig. 2・31-C〉) も持っている。

次に〈実験 II〉は



〈Fig. 2・31〉 リボザイムによって触媒される種々の反応. A (重合反応), B (リン酸基転移反応), C (制限酵素反応).

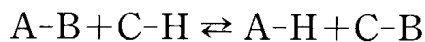
〜〈実験 I の場合〉

(Zaug & Cech(1986) より)

- イントロン (L-21S_{ca} I RNA) : “リボザイム”
- 酵素: 転移酵素 (トランスフェラーゼ; イントロンに含まれる)
- プライマー: シチジル酸 5 量体 C₅ (=CCCCC)
- 基質: グアニル-3', 5'-ヌクレオチド (GpN)

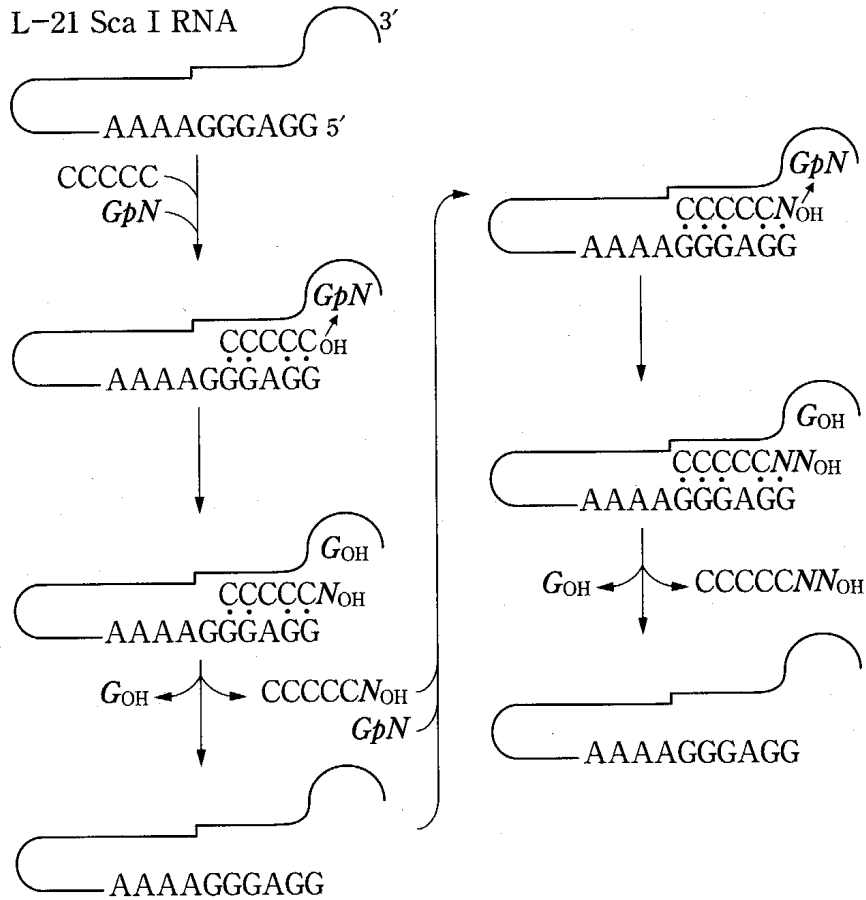
で表わされる系で行われる. 基質に含まれる N はヌクレオチド (A, G, C, U) である.

①: 酵素活性はイントロン (L-21S_{ca} I RNA) に含まれる “転移酵素” (ヌクレオチジルトランスフェラーゼ) である. “転移酵素” とは, 化合物 A から C への基の転移反応を触媒する酵素のことで, 基の転移反応とは,



のように, 1つの化合物 A から基 B が他の化合物 C に転移する形で行なわれる反応のことである. これをこの実験にあてはめると次のようになるであろう.

(リボザイム-酵素) + (基質-プライマー)



〈Fig. 2・32〉 リボザイムによって触媒される RNA の重合反応
 ～〈実験IIの場合〉
 (Been & Cech(1988)より)

→(リボザイム-プライマー) + (基質-酵素)

すなわち、この実験の第一段階を図式的に説明すると

- ・後者が前者に含まれている (同一物である)。
- ・併存している。
- (イントロン-ヌクレオチジルトランスフェラーゼ) + (GPN-C₅)

- ・イントロンの5'と C₅がイントロンを

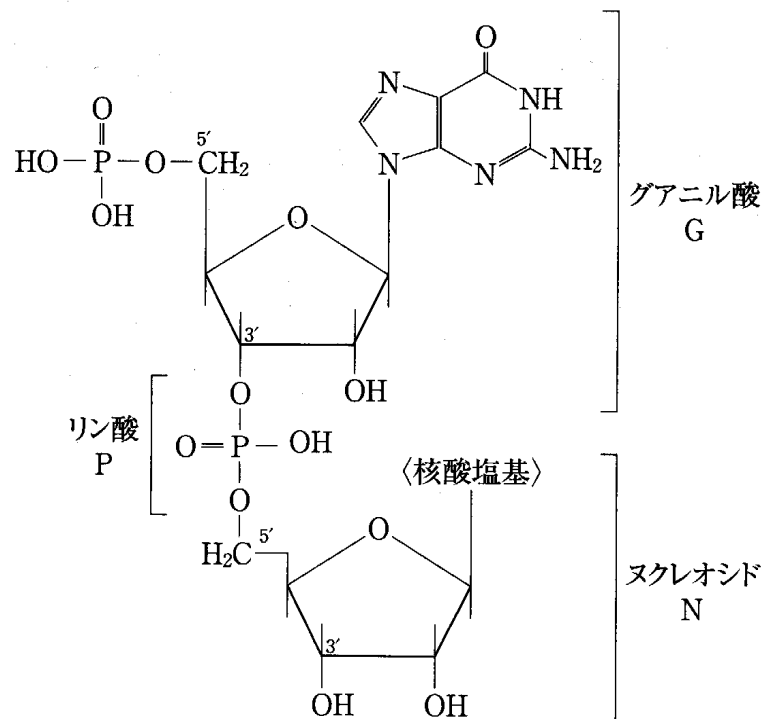
- “鑄型”として水素結合する。
- ・前者が後者に吸い寄せられ結合する。

→(イントロン-C₅) + (GpN-ヌクレオチジルトランスフェラーゼ)

↑

(5'末端 GGAGGG)

となる。



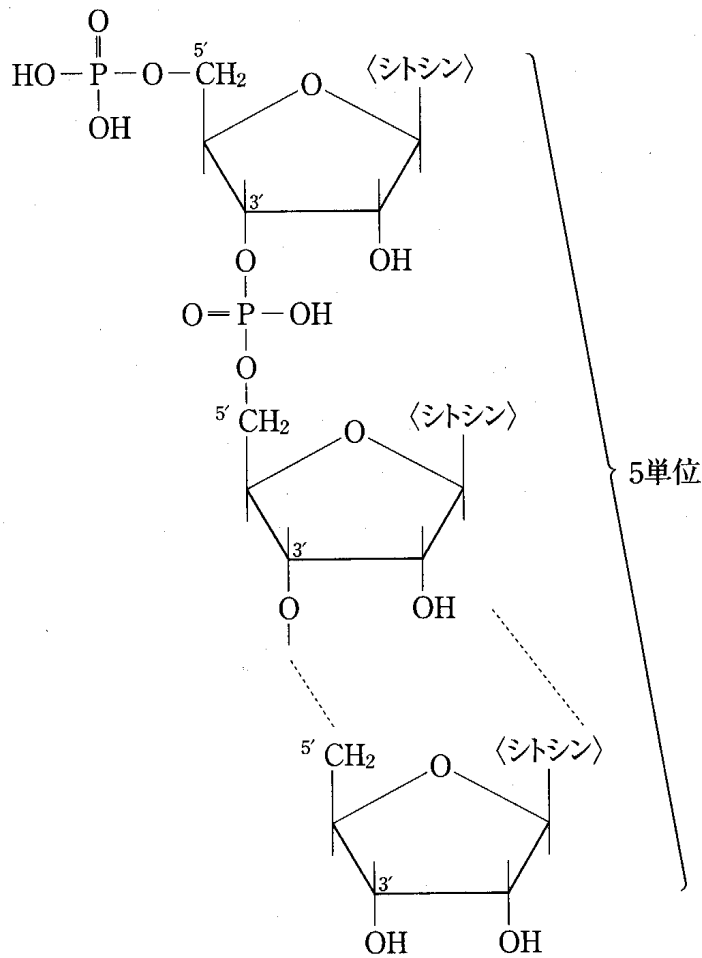
〈Fig. 2・33〉 グアニル3', 5'ヌクレオチド (GpN) の分子構造式

- ②：次に、基質 GpN の pN と、プライマー C₅の水酸基 OH が転移酵素の作用（転移エステル反応⁽³³⁾）で交換される。すなわち、プライマー C₅の3'末端に N_{OH}が付き鎖長が伸長する。つまり C₅は CCCCCN_{OH}となる。
- ③：伸長したプライマー CCCCCN_{OH}と、基質から pN がとれてフリーになったもの G_{OH}がイントロンを離れる。その結果、イントロンは元の形に戻る。
- ④：再度基質 GpN が供給され、同じことが繰り返されて、プライマーの鎖長伸長が進み、CCCCCN_{OH}となる。
- ⑤：以上が繰り返された結果、上のようにプライマーとしてシチジル酸5量体 C₅を用いた場合には、シチジンやウリジンがプライマーに付加し、10～11個の鎖長のオリゴヌクレオチドが生成する。また、GpC を基質にしたときは、少量ではあるが、最高20鎖長のオリゴシチジル酸も生成する。

以上のメカニズムを図示したものが 〈Fig. 2・32〉 である。

なお、基質であるグアニル-3', 5'-ヌクレオチド (GpN) の分子構造は

⁽³³⁾ エステル反応とは、酸+OH 化合物→エステル+H₂O、となって水がとれてエステルが出来る反応のこと。



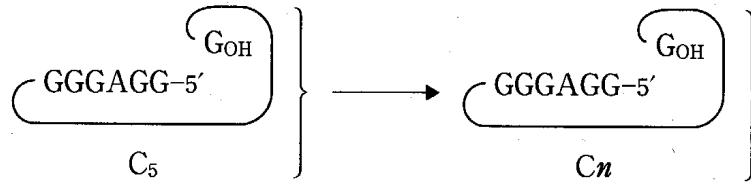
〈Fig. 2・34〉 シチジル酸 5 量体 (C₅) の構造式

(5 単位目の 3' に付加した OH と 〈Fig. 2・33〉 の pN とが、転位酵素によって)
交換される。

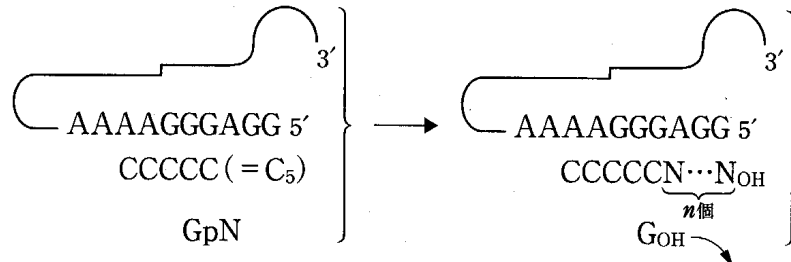
〈Fig. 2・33〉 で表わされ、また、プライマーであるシチジル酸 5 量体 (C₅) の分子構造式は 〈Fig. 2・34〉 のようである。

(4) 基質が GpN である 〈実験 II〉 (ビーンらの実験) の場合は、基質をイントロン中の酵素が一旦引き取って、然る後に基質の中の pN を、転移酵素により、プライマーの水酸基 OH と交換して、プライマーに付加するのに対し、基質がプライマーと同一 (C₅) である 〈実験 I〉 (ザウグらの実験) の場合は、プライマー C₅ の pC を、イントロン中の G_{OH} が奪っておいて、その pC を、新たに系に参入してきた C₅ に付加する形をとる。基質とプライマーが同一であるからそのようになるのである。

〈実験 I〉 (Zaug & Cech)



〈実験 II〉 (Been & Cech)



〈Fig. 2・35〉 2つの実験の出発点と終結点

ここでは、シチジル酸5量体 C_5 をプライマーと兼用している訳だが、これだとシチジル酸多量体 C_n を再生できるにすぎない。ビーンらの実験のように、基質に GpN ($N=A, G, C, U$) を用いると、ヌクレオチド N に応じて、全てのヌクレオチドの多量体 (A_n, G_n, C_n, U_n) のいずれも複製できる。また、基質の中の N を次々変えれば、それに応じて A, G, C, U のどのような配列のヌクレオチド鎖も作れる。ビーンらの場合のリボザイムの酵素活性は、 C に対してのみではなく、全ての N に対して特異性を持つからである。ここが、ザウグらの実験とビーンらの実験との違いである。

両実験の出発点と終結点とを直結して図示すれば 〈Fig. 2・35〉 のようになる。

すなわち、〈実験 I〉 では、出発点でイントロン (リボザイム) が鋳型 (template) と酵素を伴ってプライマー C_5 と共に存在し、終結点で同じイントロン (リボザイム) とプライマー C_n が併存する。〈実験 II〉 では、出発点でイントロン (リボザイム) が鋳型と酵素を伴って存在し、それにプライマー C_5 と基質 GpN が併存している。そして終結点では、同じイントロン (リボザイム) が存在し、それにプライマー $CCCCCN_n$ (N_n は NN の n 個の重合体) が

残される。

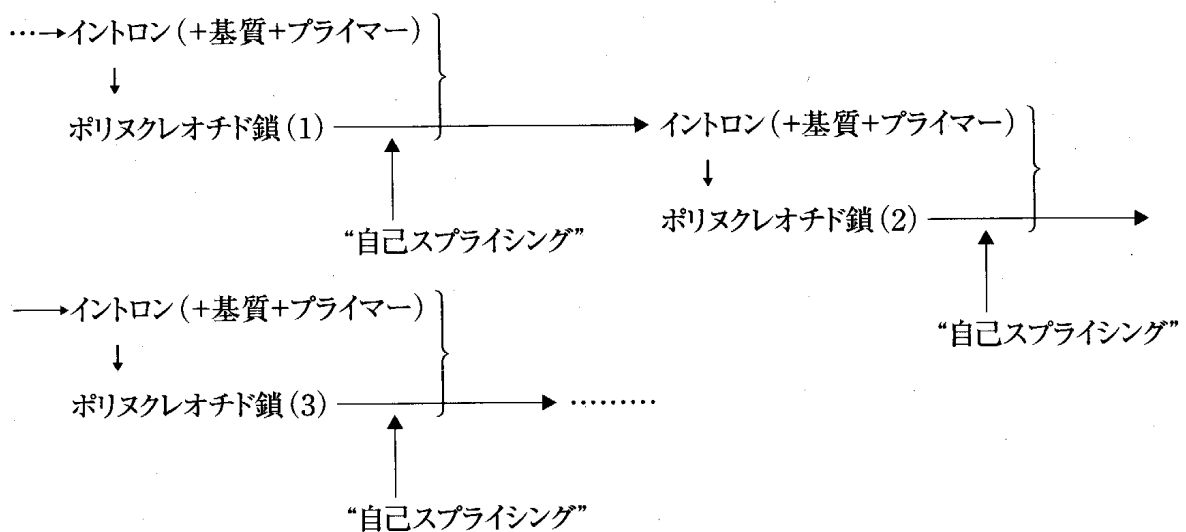
すなわち、セルフスプライシングで切り出されたイントロンは、自らは鋳型 (template) となりながら、次々と他のポリヌクレオチド重合を産出してゆくのであって、自らは、繰り返し他のヌクレオチド反応の触媒となる RNA であるのである。これが“RNA レプリカーゼ”であるためには、産出されたポリヌクレオチド鎖自身がセルフスプライシングすることによってイントロンを産み出すリボザイムでなくてはならない。

§6. 最初の自発性を持った分子は「RNA レプリカーゼ」

6.1 生命の起源 (3)

ところで、上のようにしてイントロンがポリヌクレオチド鎖を作ることがわかったが、そのイントロンは、そもそもそのようにして作られたポリヌクレオチド鎖が自分自身の持つ触媒能力によって、自己スプライシングして自ら作ったものであるという事実を考慮すれば、上記の2つの実験の出発点になるイントロン (リボザイム) もまたそのような過程を経て作られたものであることが重要となってくる。

そこで、〈Fig. 2・32〉をそのような観点から書き直してみると 〈Fig. 2・36〉



〈Fig. 2・36〉 イントロンが前のステップのイントロンの産物であることを考慮して書き直したリボザイムに触媒される RNA の重合反応の連鎖

のようになる。

すなわち、最初原子ポリペプチドの弱いながらの酵素活性によって作られた核酸が出発点となって、それが原始環境の下で重合してポリヌクレオチド鎖ができ、それがセルフスプライシングをして、自分が自分で切り出されて最初のイントロンとなったと想像される（既述——石川（2002））。

そのイントロンが、自己が持つ酵素活性（自分の「意志」）で拾った基質（GpN）と自己の持つ“鋳型” GGGAGG と共に、既にできていた他のポリヌクレオチド鎖（プライマー）と協力して新たなポリヌクレオチド鎖(1)を作る。次に、そのポリヌクレオチド鎖(1)が自己スプライシングして新たなイントロンとなる。そのイントロンが、自分の「意志」で（自己の持つ酵素活性で）拾った基質と自己の“鋳型”と共に、既に存在したプライマーと協力してポリヌクレオチド鎖(2)を作る。そのポリヌクレオチド鎖(2)が再度自己スプライシングをしてイントロンとなる……。

ここでさらに間を省略して

→ポリヌクレオチド鎖(1)→ポリヌクレオチド鎖(2)→ポリヌクレオチド鎖(3)→…

と書けば、これらの矢印は、全て“自己の意志”（自己の持つ酵素活性）で繋がっているから、これらのポリヌクレオチド鎖は全て“同一の自己”である。従って、ポリヌクレオチド鎖（またはそれから“自発的に”作られるイントロン）は、自分自身を自分自身で産生する「RNA 触媒」（リボザイム）であると同時に、言葉の真の意味での「RNA レプリカーゼ」（RNA を自己複製する酵素の意）であるといえる⁽³⁴⁾。

従って、最初に“自発性”を持った分子は「RNA レプリカーゼ」（＝リボザイム）であるといつてよい。逆に言えば、上のようにしてできた「RNA レ

⁽³⁴⁾ 柳川・古田（1988）には、「テトラヒメナの rRNA のセルフスプライシングするイントロンは RNA レプリカーゼの分子化石かも知れない。この RNA 分子は、ポリ(C)ポリメラーゼに非常に容易に変換できる。このことは、イントロンそれ自身、初期の RNA レプリカーゼの直接の子孫であることを示唆している。」と書かれている。

「プリカーゼ」が最初に出現した時点が分子の“自発性”の発生時点であると言える。

このことは、分子（という粒子）の“確率性”が、その粒子の「階層上げ」（マクロ化）に従って“純化”してゆくステップの「ある段階」がこの時点であることを示している。なぜならば、“物理的粒子”は、「階層上げ」運動に（マクロ化に）従い⁽³⁵⁾、かつ、「階層上げ」の進行に伴ってそれは“確率性”を純化させてゆくことが、前章（I章）において論証されていること、および、粒子の“確率化”は、その粒子の“自発性”の発生と言い換えることができるからである。

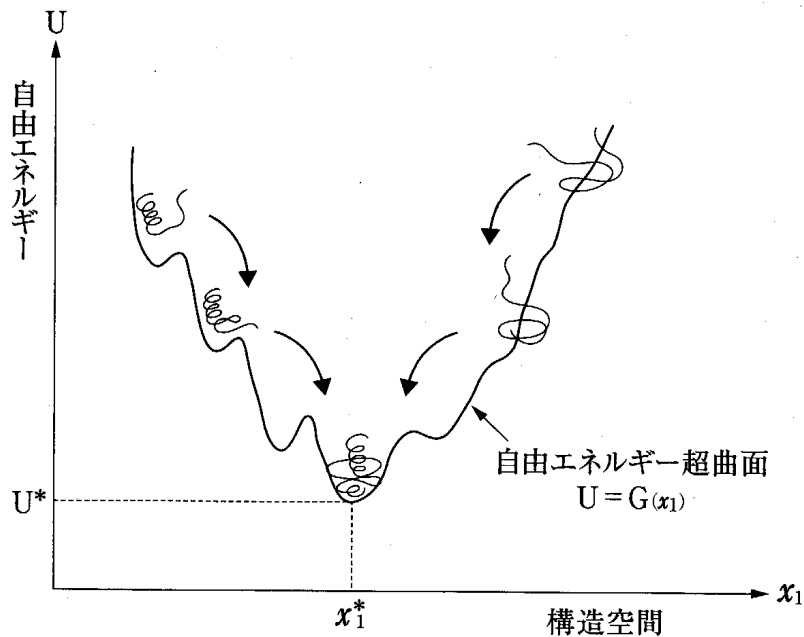
6.2 アンフィンゼン・ドグマはRNA分子にも適用できる

前項までの議論において、RNAレプリカーゼ、従ってRNA分子（ポリヌクレオチドまたはオリゴヌクレオチド）を“物理的粒子”として扱ってきた。しかしながら、ポリペプチドやオリゴペプチドは、不定形の高分子である。従って、これを“物理的粒子”として扱うことが適切であるかどうか問題である。

しかしながら、これに関しては、「アンフィンゼン・ドグマ」と呼ばれる原理がこれを正当化する。「アンフィンゼン・ドグマ」は、元来タンパク質分子に関して述べられた原理であるが、同じ高分子であるRNA分子にも当てはまると考えられる。これは次のような原理（→法則）である。

すなわち、不定形の高分子鎖に関しては、“自由エネルギー”（物質や場が持つ総エネルギーから運動エネルギーを引いた内部エネルギーなど）と“構造空間”との間に一対一の相関があり、それが“自由エネルギー超曲面”を形成する。この“超曲面”を制約条件とした、「自由エネルギー最小則」により、高分子の“高次（空間）構造”と高分子の“自由エネルギー”とが同時に決まるというものである。（C. B. Anfinsen (1973)参照）

⁽³⁵⁾ これは「熱力学 第2法則」（i. e. 「エントロピー増大則」）から導かれる。（Fig. 1-11）。⁽³⁶⁾ “構造空間”は“空間構造”と対応づけられると考えられる。



〈Fig. 2.37〉 自由エネルギー最小則 (アンフィンゼン・ドグマ)
(杉本(2002)を改変)

(われわれの場合は、自由エネルギーは、ポリヌクレオチドを構成する原子の間の相互作用の総和。ヌクレオチド分子同志の分子内相互作用と水やイオンなど、まわりの環境との分子間相互作用の2つが具体的内容。)

上の“自由エネルギー”は一種の“状態量”であるから (岩波「理化学辞典」(第4版))、この原理は、高分子の“空間構造”と“状態量”を結びつける原理である。あるいは、“状態量”を“空間構造”⁽³⁶⁾に変換するものということもできる。

杉本 (2002) の永山國昭の説明によれば (一部改変)、「自由エネルギー最小則」の意味をRNAのとり得る構造に沿って図解したのが〈Fig. 2.37〉である。1つの可能な構造に1つの自由エネルギーが対応し、その自由エネルギー超曲面上を、谷底に向かってRNA分子が自動的に降下し、一番低い自由エネルギーに落ちつく。これは不定形の高分子鎖 (ランダム鎖) が、時間と共に構造という秩序を獲得していく自立的過程のように見えるが、物理的には、“相転移”の一種と考えられ、従って、RNA分子の構造形成は熱力学原理の利用である。

上の記述を形式的に表現すると次のようになる。

自由エネルギー U の独立変数を x_1, x_2 とし, x_1 を“構造変数”, x_2 をその他の変数とすると,

$$U=f(x_1, x_2) \quad (2.1)$$

が成立している. x_2 をパラメーターとし, x_1 を内生変数として x_1 で U を“最小化”すると

$$U=\psi(x_2), x_1=g(x_2) \quad (2.2)$$

なる解が得られる.

解は何れもパラメーター x_2 で表わされる. この x_2 を媒介として (2.2) から x_2 を消去して U と x_1 との“関係”が導かれる. これが“自由エネルギー超曲面”である. $x_2=a_1$ のとき“相1”であり, $x_2=a_2$ のとき“相2”, …etc. である. その“超曲面”を $U=G(x_1)$ とすれば

$$\underset{x_1}{\text{Min.}} U=G(x_1) \quad (2.3)$$

の解 (x_1^*, U^*) が“最小自由エネルギー構造”を与える.

上の“超曲面”上を, RNA 分子が, 高い“相”から低い“相”に向って転げ落ちてゆくのが“相転移”であり, 最終的に最も低い“相”に落ち着き, “空間構造”と“自由エネルギー”とが同時に決まるのである (x_1^*, U^*) .

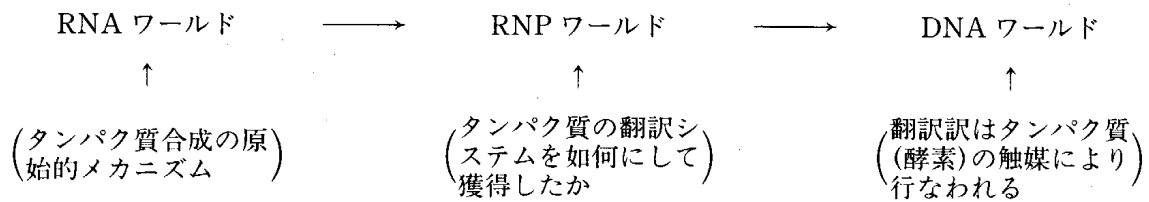
このように, 不定形の高分子である RNA 分子 (RNA レプリカーゼ) が, 一定の構造という“秩序”を獲得する. 故に, RNA 分子 (RNA レプリカーゼ) を物理的“粒子” (或いは“質点”) として扱うことが許されると考えられる.

§7. その後の“自律性”を持った進化

7.1 RNA ワールド中の進化から RNP ワールド中の進化へ

(1) 現在の生物の生体の反応は, すべて“タンパク質”酵素によって行なわれている. われわれは, 前節において, RNA の自律的発生までを見た. しかし, 現在の生物の生体反応のメカニズムである「セントラルドグマ」においては, DNA 情報が RNA に転写されて mRNA となり, それが自己スプライシングによって成熟 RNA となる. その成熟 RNA が“翻訳”されて“タンパク

質”形成に至る。従って、生体反応のすべてを担当する“タンパク質”へと RNA が“翻訳”されるメカニズムが現在のメカニズムであり、その“翻訳”に相当するメカニズムが、RNA ワールド→RNP ワールド (RNA とタンパク質が協力する世界) →DNA ワールド (現在) のそれぞれでどのようなものであったかが、従ってその進化が問題となる。すなわち



と図式化されるそれぞれが明らかにされねばならない。

これらの進化は、われわれの文脈からいえば、すべて“自律的進化”(自発的)として説明されねばならない。

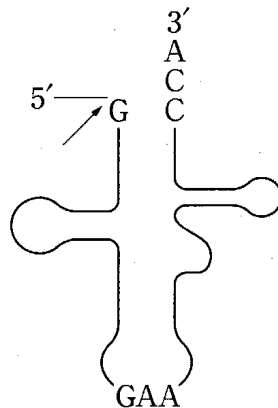
まず、RNA ワールドにおける“自律的進化”とはどのようなものであったかを考察せねばならない。

(2) 前節において、RNA レプリカーゼ従って RNA 分子が自己複製するメカニズムを明らかにしたが、その RNA 分子、従って RNA レプリカーゼは次のような性質を持っていた。

1つは、RNA ワールドで、RNA 分子が効率よく複製されるためには、RNA 分子は、レプリカーゼの“活性部”が親和性を示すような3'末端を持つことが必要であるが、これはレプリカーゼを5'→3'方向に複製するように位置を定めるのに役立つ。

もう1つは、RNA ワールドで、ゲノム RNA は、レプリカーゼの“基質”としてレプリカーゼ分子(酵素)を認識したり、“プライマー”として複製の開始点を仕分けする特別な3'末端を持っていた。この3'末端部は、「現在の」ウイルスに見られる“3'末端 tRNA 様構造”である。この構造の配列と機能は、30億年の進化の間保存されてきた。その後、異った機能を持つ RNA 触媒が発生し、それらの各々は、共通のレプリカーゼで複製されるように、共通の tRNA の末端様構造を持つに至った。

その結果、「現在の tRNA (成熟) の構造」は次のようになった。



〈Fig. 2・38〉 リボヌクレアーゼPによるtRNA前駆体のスプライシングとtRNAの構造
(矢印が切断部位を示す。柳川・古田(1988)より)

まず、3'末端に“CCA構造”を持ち、5'末端にGを残す位置で、リボヌクレアーゼP (tRNAを切断する酵素の一種)により切断(スプライシング)される。中間にアンチコドン(GAAなどのヌクレオチド配列)を含む。

なお、リボヌクレアーゼPのRNA成分によるtRNA前駆体のこのような“正しい位置”(石川2002の表現)でのスプライシングは、1983年アルトマン(Altman)らにより発見されたものである(〈Fig. 2・38〉参照)。

(3) ところで、バクテリア・植物の一本鎖のRNAウイルスは、3'末端に“tRNA様構造”を持つ。また、ウイルスRNAは、“CCA付加酵素”のような、tRNAの“代謝系”の酵素の“基質”になり得る。「“代謝系”の酵素」とは、細胞の構築単位(アミノ酸、ヌクレオチドなど)の合成・確保をする酵素のことである。ちなみに、tRNAのCCA末端にアミノ酸を付加する“アミノアシル-tRNAシンテターゼ”は、ウイルスのRNAを特異的にアミノアシル化できる。

従って、“アミノアシル-tRNAシンテターゼ”に対して、“アミノ酸”と“RNA”の両方が“基質”となり得る。そして、また、RNAの活性部位の塩基配列に特異的なアミノ酸のみを、“アミノアシル-tRNAシンテターゼ”が攻撃・付加するのである。付加されたアミノ酸は、“プライマー”として存在する既存のペプチド鎖に引き取られて“タンパク質”を形成する。

従って、リボザイムがタンパク質合成するシステムを「モデル化」すれば、

“tRNAの代謝系の酵素”（例えばアミノアシル-tRNA シンテターゼ）が“リボザイム”であり、RNA分子（ヌクレオチド鎖）と特異的なアミノ酸とが“基質”であり、ポリ or オリゴヌクレオチドが“プライマー”であるということになる。図式化すれば

〈タンパク質を合成するリボザイム〉

{	リボザイム：「tRNAの“代謝系”の酵素」	(自己の i.e. tRNA の CCA 末端に“アミノ酸” 及び“RNA分子”を付加する能力を持つ： アミノアシル-tRNA シンテターゼ)
	(酵素+鋳型) (tRNAのイントロン的一种)	
{	基質：RNA分子+“特異的”アミノ酸 (前者の活性部位に特異的なもの)	
{	プライマー：ポリ or オリゴペプチド+ポリ or オリゴヌクレオチド (RNA分子)	

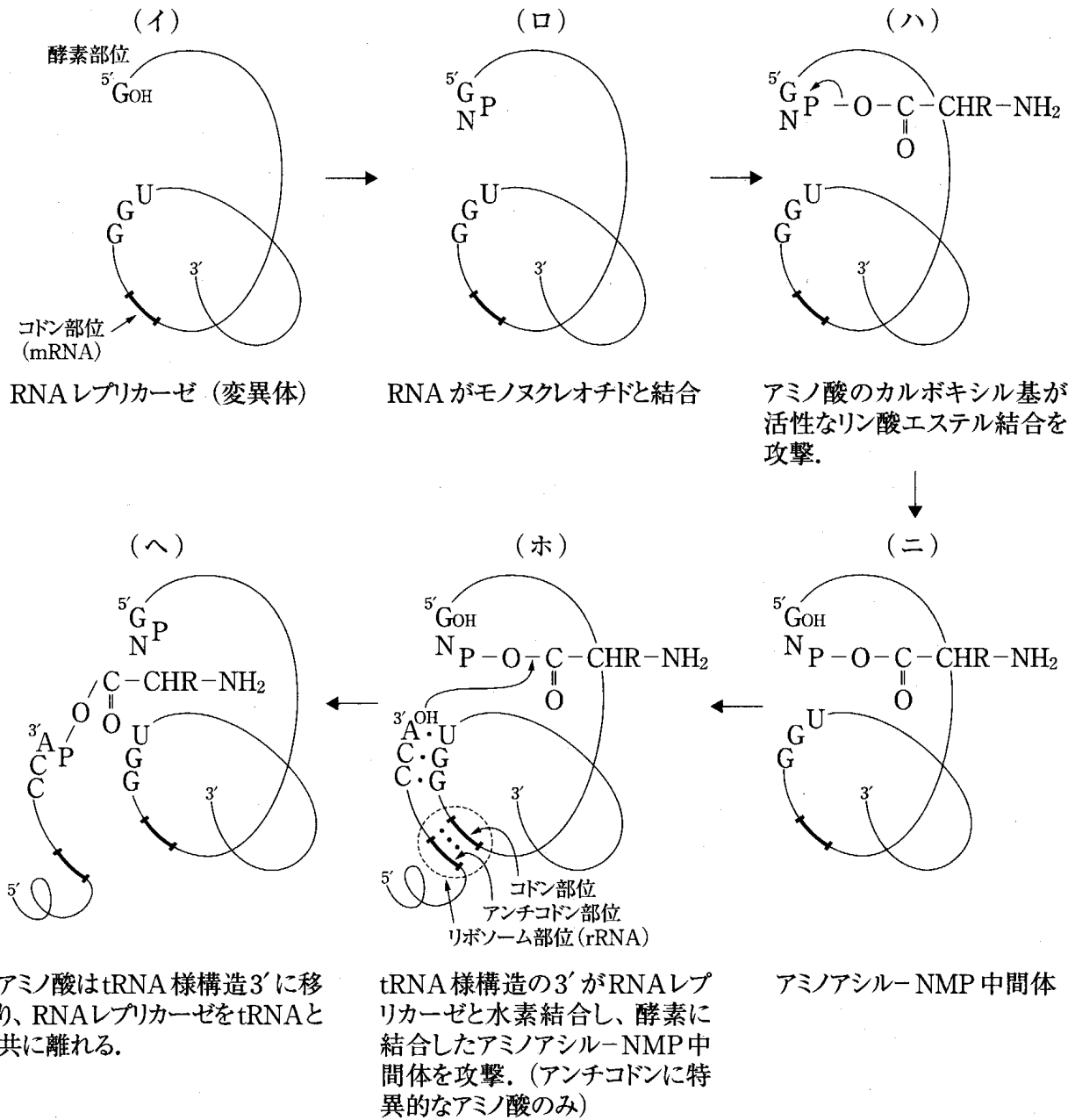
ということになる。従って，“リボザイム”は、タンパク質合成のための「*m* RNA+tRNA+rRNA」の働きをすることになる。

(4) RNAワールドから現在の生物で営まれているタンパク質中心のDNAワールドに進化するためには、RNAとタンパク質が協力しあうRNP（リボヌクレオプロテイン）ワールドを通過する必要があった。現存の生物では，“翻訳”の過程は全てタンパク質酵素の触媒作用によって行なわれている。そこで、RNAワールド中の進化からRNPワールド中の進化へと進む過程で、どのようにしてタンパク質への翻訳過程が形成されていったかが重要となる。これまでの考察において、そのあるステップまでのメカニズムが明らかにされたが、それをある程度イメージ化して述べたものが次の説明である。

(5) “RNAレプリカーゼ”（リボザイム）は、ある段階で、3'末端 tRNA 様構造（CCA構造）を欠いた“変異”RNAレプリカーゼに変化した。

ワイナーとメイゼルスは、3'末端 tRNA 様構造を欠いた“RNAレプリカーゼ変異体”は、tRNAシンテターゼとして機能したかも知れないと考えた。“RNAレプリカーゼ変異体”は、その活性部位のGGU配列に、CCA配列を持つ3'末端 tRNA 様構造を繋ぎ止めることができる。

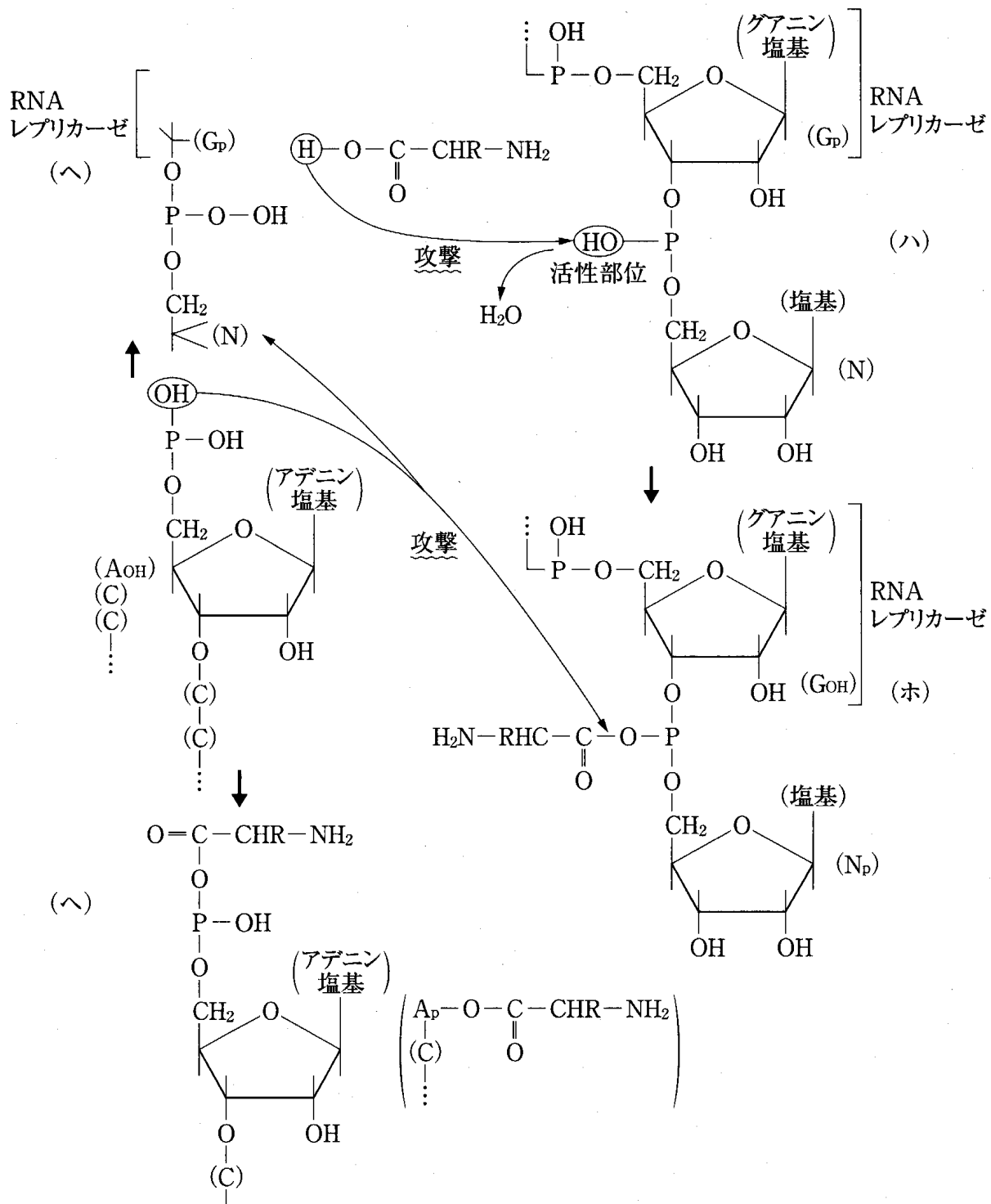
ホー（C. K. Ho）は、原始 tRNA のイントロンはスプライスされるとき、RNA触媒型（鋳型+酵素）の“アミノアシル-tRNAシンテターゼ”として働いたと考えている。もし、分子内のRNA触媒（鋳型+酵素）によってRNAが合成されたとすれば、酵素レベルと基質レベルは一致する（柳川・古



〈Fig. 2・39-1〉 「RNAレプリカーゼ変異体」によるアミノアシル-tRNAの合成 (アミノアシル-tRNAシンターゼとしての機能)

田 (1988)). tRNAのスプライシングとアミノアシル化反応を同時に行なう原始生命は (すなわち、前記モデル化で定式化したようにリボザイムがアミノアシル-tRNAシンターゼであるようなものは)、両者の反応に関与するタンパク質を作り出したのかもしれない (柳川・古田 (1988)).

(6) “翻訳”の最初の段階は、柳川・古田 (1988) の説明を多少改変して述べ



〈Fig. 2・39-2〉 前図の「攻撃」部位の化学構造式

れば <Fig. 2・39-1> および <Fig. 2・39-2> のようになる。

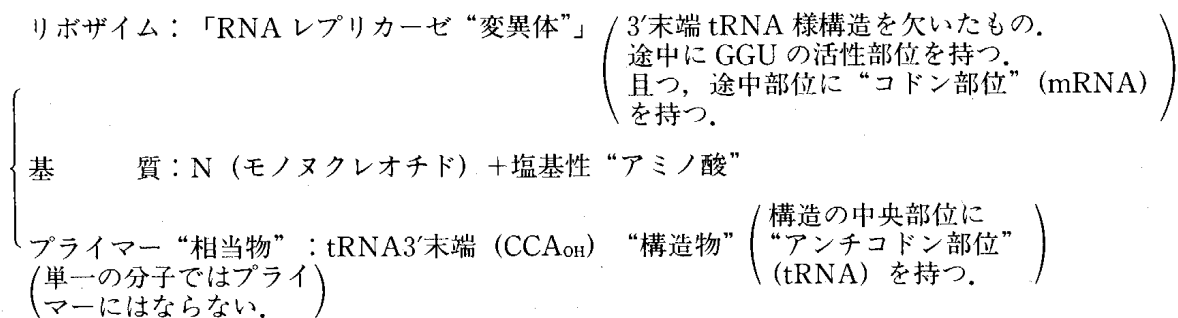
最初は，“変異” RNA レプリカーゼにモノヌクレオチド N を共有結合で正確に付けることである。

次に，“変異” RNA レプリカーゼとモノヌクレオチドとの間の活性化結合は，アミノ酸のカルボキシル基の攻撃によって分解され，新たにアミノアシル-NMP が生成する。この反応は活性部位でのみ起こる。レプリカーゼは，活性部位に“特異的”な親和性を持つアミノ酸を活性化する。レプリカーゼの活性部位は，後に“コドン”と呼ばれる塩基配列部位に相当する。レプリカーゼは，この“コドン”に“特異的”なアミノ酸を活性化するのである。

活性化されたアミノ酸は，次に，tRNA 様構造の3'末端 CCA へ転移する。これでアミノアシル化反応が完結する。CCA 受容体はゲノム RNA 分子の末端か，あるいはリボヌクレアーゼ P の消化によって遊離したゲノムの末端である。これは今日の tRNA のアミノアシル化反応と本質的に同じである。

(7) つまり，3'末端 tRNA 様構造を欠いた“変異 RNA レプリカーゼ”は，その代りに，tRNA 様構造 (CCA) を持った構造体を，相補的な GGU 部分に水素結合で固定し，アミノ酸を誘引して，その構造体に引き渡すのである。このアミノ酸を付加された構造体がアミノアシル-tRNA である。

以上を図式化すると



RNA レプリカーゼ変異体の“コドン部位” (mRNA) と tRNA 3'末端様構造物の“アンチコドン部位”とが“リボソーム相当部位” (rRNA) で会合して，そのコドン-アンチコドンに“特異的”なアミノ酸の活性部位を攻撃して tRNA がそのアミノ酸を奪いとるのである。

こうして，“tRNA のスプライシング”と“アミノアシル化反応”を同時に

行なう原始生命体は、両者の反応に関与する“タンパク質”を作り出したのかも知れないと柳川・古田（1988）は述べている。

(8) このようにして作り出された“タンパク質”とリボザイムが協力しあって自己複製を行ったものとして挙げられるのが $Q\beta$ レプリカーゼと $Q\beta$ ウイルスから成る“RNAレプリカーゼ”である。 $Q\beta$ のRNAウイルスは、遺伝子としてRNAを持っている。このRNAは、ウイルスのタンパク質合成のmRNAとして働き、宿主細胞の中で、“RNAレプリカーゼ”と呼べる酵素の作用で複製される。レプリカーゼは、宿主細胞にウイルスが感染したときのみ作られる。この $Q\beta$ レプリカーゼは、“基質”としての“リボヌクレオチド-5'-三リン酸”からのRNAの重合反応を触媒する。 $Q\beta$ レプリカーゼは鋳型としてRNAを必要とする。すなわち $Q\beta$ レプリカーゼは、RNA依存のRNAポリメラーゼである（Biebricher, C. K., Eigen, M. & Luce, R. (1986)および、Hill, D. & Blumenthal, T. (1983)参照）。

この“ $Q\beta$ レプリカーゼ”は、宿主からの“タンパク質”（延長因子 T_u , T_s , リボソームタンパク質 S_1 ）と $Q\beta$ ファージでコードされる“RNAポリメラーゼ”（鋳型+酵素）とから構成されている。延長因子のタンパク質 T_u , T_s はRNAゲノムの3'末端tRNA構造に酵素を結合させる役目を果している。一方 $Q\beta$ ファージでコードされるRNAの3'末端配列の二次構造は、CCA構造（代謝系酵素）を持っている。そして、固定した個所に末端CCA配列を保持することにより、アミノ酸の重合の開始を促す。

すなわちここでは、RNAレプリカーゼ自体が、自分で作ったすでに出来上がった“タンパク質”を使いながら、RNA自体とアミノ酸の重合を行なっているのである。これはまさに、“タンパク質”とRNAが協力し合って複製を行なうという“進化”であるが、その“進化”は“自発的に”生じた“進化”だということができる。

(9) 以上のように、RNAが自分に必要な“タンパク質”を、自分で作り出す装置を作り出したときから進化は一段と加速され、現在の生命体に向ったと考えられる。そのためには、“遺伝コード”の決定という問題を解決せねばならなかったはずである。すなわち、3つの塩基の組合わせ（トリプレット）か

ら成る tRNA と、アミノ酸の種類との自発的対応関係が明らかにされねばならない。

DNA またはそれから転写されたヌクレオチド配列とタンパク質のアミノ酸配列の対応関係は“遺伝コード”と呼ばれる。4種類の塩基でトリプレットの配列は64種類作れる。そしてアミノ酸は20種類である。64のトリプレットと20のアミノ酸はどのように対応しているのだろうか。

ニーレンバーグ (M. Nirenberg) らにより、1966年までに前掲の〈Fig. 2・10〉のような遺伝コード表が完成された。

そしてこのコード表は、下等生物のバクテリアから高等生物のヒトに至るまで共通であることが確認された。

(10) この「遺伝コードの起源」については、2つの仮説が存在する。1つは、“立体化学説”，もう1つは“偶然凍結説”であるが後者は現在否定されているので前者の“立体化学説”について述べておく (柳川・古田 (1988))。

清水幹夫は、“C4N モデル”を提出している。これは、tRNA の3'末端の4番目にある識別塩基と呼ばれるアミノ酸に特異的な塩基が、アンチコドンの3塩基と結合して“4塩基複合体”(C4N)を作るとき、その上に特異的な穴が形成され、対応するアミノ酸と鍵と鍵穴の関係で結合するという考えである。この説によって、なぜ20種類のアミノ酸が選ばれたのか、なぜL型のアミノ酸⁽³⁷⁾が選ばれたのかをうまく説明できるという。しかし、柳川・古田によれば、識別塩基を置換してもアミノ酸の選択性には影響しないとも言われているので、識別塩基の役割の解明と、“C4N モデル”の更なる実験的証拠が待たれる。

(11) tRNA は、立体的にクローバ葉型構造をとっている (前掲〈Fig. 2・12〉-(a)参照)。これまで、このヌクレオチドの並び方に基づく立体構造に、アミノ酸を選択する第2の遺伝コードがあるのではないかと考えられてきたが、アミノ酸を tRNA につけるアミノアシル-tRNA シンターゼに書き込まれた第2の遺伝コードは考えられなかった。

⁽³⁷⁾ L型アミノ酸とは、タンパク質が大小のポリペプチド鎖ができているとき、その小さい方をいう。

ところが、シンメル (P. Schimmel) らは、このような遺伝コードが働く機構を発見した (Hou, Y.-M. & Schimmel, P. (1988) 参照). それによると、アラニンに対応する tRNA のアミノ酸受容ステム部分の、対合を作っている 3 番目の G と 70 番目の U を、他の塩基に置換すると、アラニンが結合しなくなってしまう。また、システインやフェニルアラニンに対応する、tRNA の 3 番目の C と 70 番目の G をそれぞれ G と U に置換すると、アラニンが結合できるようになる。このことは、アミノ酸受容ステムのヘリックス構造⁽³⁸⁾の部分を G と U のような対合に変えると、アミノ酸受容ステムの部分の構造が変化し、アラニル-tRNA シンテターゼ (アミノアシル-tRNA シンテターゼの一種) が認識できるようになったことを意味している。このように、tRNA の塩基配列を変えると結合するアミノ酸が変化することは分っていたが、また、最近、宮崎辰雄・横山茂之が、大腸菌のイソロイシンに対応する tRNA のアンチコドンの 1 字目の修飾塩基を変えると、メチオニンが結合できるようになることを見い出している。

これらの結果は、アンチコドンの 1 字目の塩基構造や、アミノ酸受容ステム部分の構造が、コドンの認識にとって重要であることを示唆する。

デ・デュヴ (C. de Duve) は、アミノアシル-tRNA シンテターゼによって認識される tRNA のアミノ酸受容ステム部分を、“パラゴドン”と呼ぶことを提唱している (<Fig. 2・12>-(b) 参照). (de Duve, C. (1988) 参照) “パラゴドン”は“アンチコドン”よりも決定論的である (柳川・古田の表現). 原始 tRNA は、RNA レプリカーゼを介さずに、アミノ酸と直接相互作用してそれを運搬できる、短鎖のオリゴヌクレオチドであったと考えられる。自発的進化の過程で、tRNA の主骨格は変わったけれども、その相互作用の構造的性質だけは“パラゴドン”に残っているのかもしれない。一方、“アンチコドン”は tRNA がさらに自発的に進化する過程で表われたのであろう (柳川・古田 (1988), 一部改変)。

⁽³⁸⁾ ヘリックス構造とは、同じ残基が繰返し結合して作られる鎖状高分子の場合に、各結合の角度が同一ならば、高分子はらせん形になる。これをヘリックス構造という。(岩波「理化学辞典」(第4版))

7・2 DNAワールドへ～「セントラル・ドグマ」の成立

(1) 現在の「セントラル・ドグマ」に到達するためには、遺伝情報がDNAからRNAに伝達されるメカニズムが成立することが必要である。

レトロウイルスと呼ばれるRNAウイルスの一種は、RNAを“鋳型”にしてDNAを合成する。この過程は“逆転写”と呼ばれ、“逆転写酵素”の触媒作用で行なわれる。“逆転写酵素”はレトロウイルスから発見されたが(1970年テミン, ボルチモアによる), レトロウイルス以外にも, 自然界に広く存在していることがわかってきた。

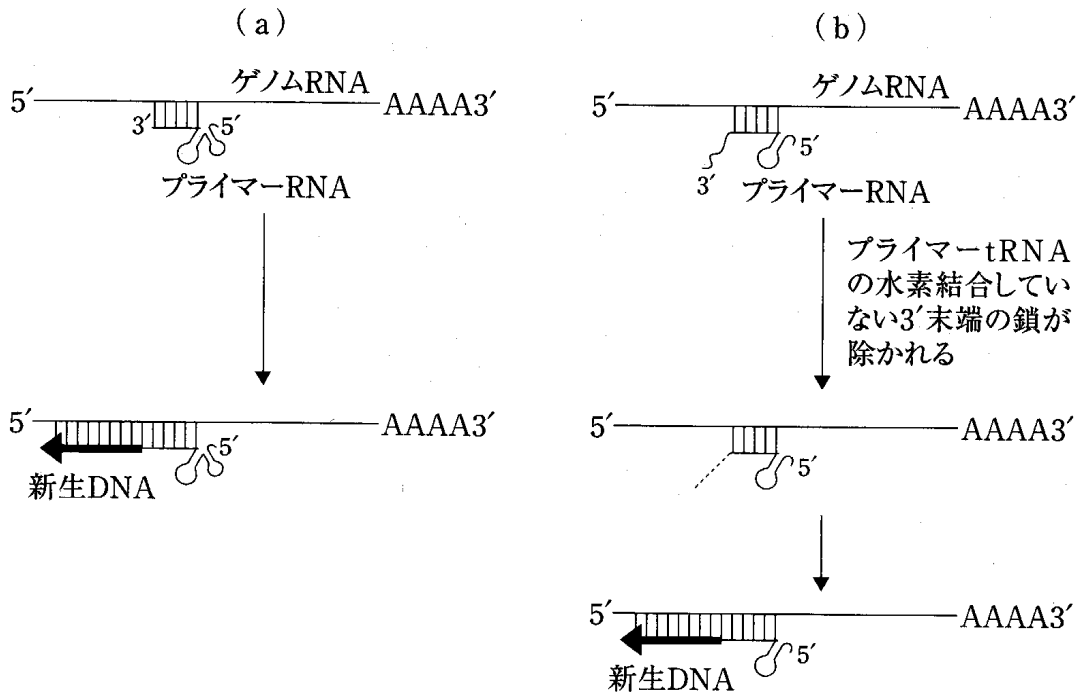
レトロウイルスは, 鳥, マウス, 猫, 猿, 牛などの白血病ウイルスや, ヒトのエイズウイルス(AIDS, 後天性免疫不全症候群)を引き起こすウイルスが含まれる。しかし, これ以外にも, B型肝炎ウイルス, ショウジョウバエや酵母のトランスポゾン(動く遺伝子), ミトコンドリアのDNAにも“逆転写酵素”が発見されている。

以上それぞれの酵素には, 互いに高いアミノ酸配列の相同性が見られる。すなわち, “逆転写酵素”は“タンパク質酵素”であり, そのタンパク質に共通性がある。

ところで, “タンパク質”は, RNAの“自発的”生成物である。その酵素活性により起こる“逆転写”は“自発的”現象である。

ゲノムRNAの逆転写酵素によるRNAからのDNAの合成は, 次のように行なわれる (<Fig. 2・40>-(a)参照)。

5'末端から100-200ヌクレオチドあたりに, 18ヌクレオチドのプライマーが結合する部位がある。そこにtRNAの3'末端が結合してプライマーとなり, その3'末端にデオキシヌクレオチドが付加してゆき, 重合が進行する (<Fig. 2・40>-(a))。DNAが5'末端まで合成されると, “逆転写酵素”の持っているリボヌクレアーゼHの作用(RNAとDNAの二重鎖から, RNA鎖のみを切断する)によって, RNA部分が分解される。1本鎖になったDNAは3'側のRNAと対合を作り, ゲノムRNAを鋳型として3'側からマイナス鎖のDNAが作られる。プラス鎖のDNAは, ゲノムRNAの切断された3'末端をプライ



〈Fig. 2・40〉 逆転写開始のメカニズム
(菊池(1987)より)

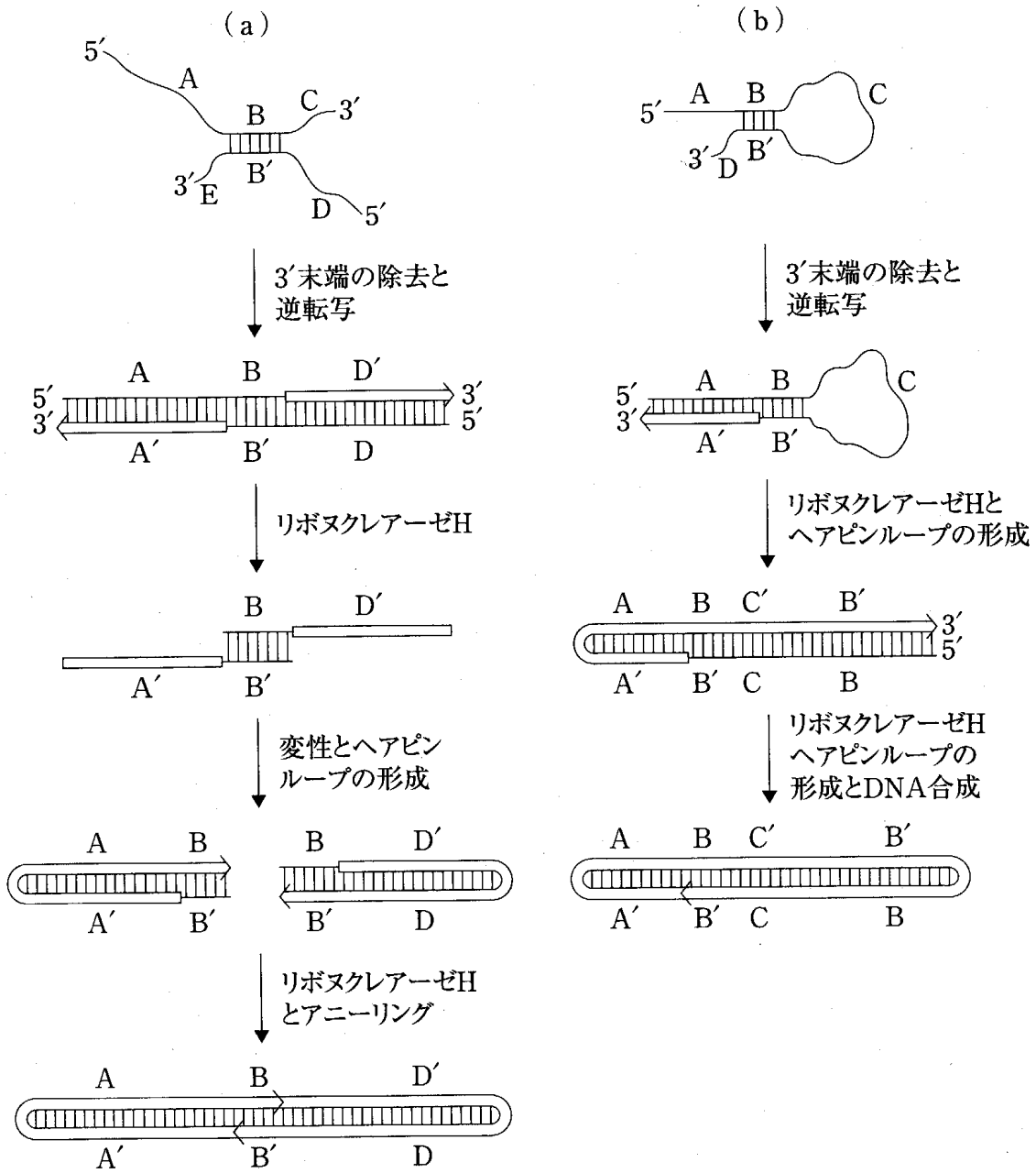
マーに、合成された1本鎖DNAを鋳型に用いて合成される。

菊池洋は、ショウジョウバエの中にあるレトロウイルス様粒子では、tRNAの3'末端でなく、5'末端に近い中程の15ヌクレオチド配列が、RNAゲノムの特定の部位と水素結合し、プライマーとなることを発見した(〈Fig. 2・40〉-(b)参照)。(菊池洋(1987)参照)そして、ゲノムRNAと相補鎖を作れない3'末端部は“3'→5'エキソリボヌクレアーゼ”⁽³⁹⁾により除去される。“逆転写酵素”はこのエキソリボヌクレアーゼ活性を自分自身で持っている。

〈Fig. 2・40〉-(b)の「菊池モデル」では、プライマーのtRNA 3'末端部は、エキソリボヌクレアーゼにより切り揃えられるので、最初から揃う必要がなく、tRNAと相補鎖を作ることさえ出来れば、如何なる場所からもDNA合成が開始できる長所がある。

菊池はまた、逆転写酵素によって、RNAからDNAが生成するモデルとし

⁽³⁹⁾ エキソヌクレアーゼとは、核酸分解酵素のうち、分子鎖の末端からリン酸ジエステル結合を順次加水分解してモノヌクレオチドを生ずる作用様式を持つ酵素。途中から作用するエンドヌクレアーゼと対する。



逆転写酵素によってRNAからDNAが生成する過程のモデル。直線はRNA、白抜き部分はDNA鎖を表す。A-A', B-B'などは、それぞれ相補的領域を示す。分子間(a), または分子内(b)に一部相補的配列をもつRNA鎖がDNAに変換する過程を示す。

〈Fig. 2・41〉 逆転写酵素によりRNAからDNAが生成するモデル (菊池(1987)より)

て、〈Fig. 2・41〉に示すようなメカニズムを考えている。

すなわち、RNAが分子間あるいは分子内で部分的な対合を作り、対合を作っていない3'末端は、逆転写酵素の“リボヌクレアーゼH”により切断され、連結部が繋がって直線上の2本鎖DNAが出来上がる。

(2) 生命は最初のRNAワールドから、タンパク質の合成系を獲得することによって、RNPワールドへ進化した。さらに、RNAより構造的に安定なDNAを作り出すことによって、「セントラルドグマ」を確立し、現在のDNAワールドを構築したと考えられる。“逆転写”はRNAからDNAへの移行期の遺伝子伝達メカニズムであったに違いない。“逆転写酵素”は、進化の過程を解明する鍵を握っていることは間違いない(柳川・古田(1988))。

現在の生物では、これとは逆方向の、DNAからRNAへ、スプライシングが行なわれ乍ら、遺伝子の伝達、即ち“転写”が行なわれている。“逆転写”が(自己)スプライシングを伴う“転写”に変換された過程が、ここでの“進化”である。

そして、DNAからRNAの“転写”の“酵素”も、RNAからDNAへの“逆転写”も、何れもRNAが“自発的に”作った“タンパク質”である。従って、“逆転写酵素”(タンパク質)が、“転写”の“酵素”(タンパク質)又はセルフ・スプライシングへと変換したメカニズムの“自発性の”解明が“進化”の“自発性”を解明する鍵である。即ち、“逆転写酵素”の“リボヌクレアーゼH”の作用である、DNA-RNAの2本鎖のうちのRNAのみを切断する作用から、“転写酵素”の、或いは“セルフ・スプライシング”の、DNAのみを切断する作用への変換の“自発性”の解明が鍵である。

今のところ、RNAより構造的に安定なDNAを作り出して、“遺伝情報”の安全な保存の方向への“進化”が促されたことが“自発的”であったと“推測”するほかはない。“遺伝情報の安全な保存”が、「分子進化中立説」と「ダーウィンの自然淘汰説」との両立のメカニズムと整合的であるのであろう。そしてそれが、これまで繰返してきたような、単なる“自発性”ではなく、正確に言えば、われわれの理論が主張するように、「不完全な」“自発性”(「不完全な」“確率性”)と、残存した“因果性”の混在状態でありながら、それが次第

に「完全な」「自発性」の方向に進んでゆく（“確率性”が“純化”されてゆく）動学プロセスの1コマであるということであろう。そして、“進化”のすべてのプロセスが、そのようなプロセスの1コマに対応しているのである。

〈第II章の参考文献〉

Zimmer, C., 「Evolution; The Triumph of an Idea」, (2001)

杉本大一郎, 「複雑システム科学」, 2002年, 放送大学教育振興会

柳川弘志・古田弘幸, 「RNAワールド——生命の起源を説く鍵」, 1988年, 海鳴社

Cech, T. & Bass, B. L. (1986), 'Biological catalysis by RNA, Ann. Rev. Biochem., 55

Cech, T. R. (1987), 'The chemistry of self-splicing RNA and RNA enzymes, Science, 236

Zaug, A. J. & Cech, T. R. (1986), 'The intervening sequence RNA of Tetrahymena is an enzyme, Science, 231

Been, M. D. & Cech, T. R. (1988), 'RNA as an RNA polymerase: Net elongation of an RNA primer catalyzed by the Tetrahymena ribozyme, Science, 239

Biebricher, C. K., Eigen, M. & Luce, R. (1986), 'Template-free RNA synthesis by Q β replicase, Nature, 321

Hill, D. & Blumenthal, T. (1983), 'Does Q β replicase synthesize RNA in the absence of template?, Nature, 301

清水幹夫, 「宇宙の生命」, 1985年, 共立出版

de Duve, C. (1988), 'The second genetic code, Nature, 333

「岩波生物学辞典」(第4版), 1996年

「岩波理化学辞典」(第4版), 1989年

菊池洋, 「現細胞から生命の起源を探る」, 科学, 第57巻2号, 1987年

III. 生命モデル (仮説)

§1. モデルの形成：連立漸化式モデルの構成

これまでの考察に基づいて、本節では「生命とは何か」を規定する生命の動学に関する理論モデル (仮説) を記したい。本節のモデルは、筆者の前著池田 (2003) に基づき、かつ要約したものである。

1.1 仮定

モデルを構成するための仮定は次の4つである。

仮定(1) 生命の条件

これまでの考察から、生命の成立するための第1条件は、ある分子 (または粒子) が「自発性を持つ」ことである。換言すれば、分子 (或いは粒子) が「確率性を持つ」ことでもある。これをさらに言い換えれば、分子 (あるいは粒子) が何らかの「目的関数を持つ」ことである。これには複数の目的関数から成る「目的関数系を持つ」ことが十分条件となる。

仮定(2) 目的の「二元性」： “自己中心的目的”・ “場所中心的目的”

生命系を構成する「目的」は2種類に分類される。1つは自己中心的目的 (“自己中心的自己” に対応する目的) であり、もう1つは場所中心的目的 (“場所中心的自己” に対応する目的) である⁽⁴⁰⁾。前者は、個々の生命単位が利己的に持つ目的であり、後者は、当該生命単位が置かれている社会・自然的環境の目的である。これは、その社会・自然的環境自身を1個の“生命体”と見做し (“生態系” を1個の“生命体”と見做し)、その持つ目的をいうのである。従って、自己中心的自己 \tilde{V}_t のとき、これと合わせて、場所中心的自己 V_{t+1} が観察者の“視野”に“参入”してくるのである。従って、目的の充足度を何らかの方法で数量化できるとすれば⁽⁴¹⁾、場所中心的自己の目的充足度

⁽⁴⁰⁾ 「自己中心的自己」及び「場所中心的自己」なる語は、清水博「生命知としての場の論理」((1996) 中央公論社) による。

⁽⁴¹⁾ 数量化の具体的方法の一案が池田 (2003) に述べられている。

(これを時間を含めて V_t で表わす) は、自己中心的自己の目的充足度 (\tilde{V}_t で表わす) の何らかの関数と書いてよい。すなわち、1 個体の目的充足度 \tilde{V}_t によって、社会・自然環境 (生態系) の目的充足度 V_{t+1} が規定される。その規定関係を

$$V_{t+1} = F(\tilde{V}_t) \quad (3.1)$$

と表わす。

仮定(3) 目的充足度の“並列性”

ある個体の目的充足度 \tilde{V}_t を仮に 1 とすると、それと異なる個体間でそれをいくつ足しても 1 である、という超算術的な性質が“生命体の本質”である (すなわち、 $1+1+\dots+1=1$)。因みに、“人格”は足し合わせることが出来ない。それと同じ性質が生き物の“本質”なのである。

仮定(3') “参入”と“散逸”(粗視化)～「階層上げ」動学

生命の観察者の“一定の視野”にある自己中心的目的充足度が \tilde{V}_t であるところに、視野外から他の目的充足度の“参入”が起こる。それらを単純に足し合わせたものが、 \tilde{V}_t と合わせて V_{t+1} になると、それらは一瞬“視野”からはみ出すが、次の瞬間直ちに“粗視化”が起こって、それらは“視野”内に納まって大きさ 1 となる。そのとき、“視野”内の系は、はみ出した大きさだけ進む。すなわち次の瞬間、“参入目的充足度”は大きさ“ゼロ”となる。これが“粗視化”を“散逸”と呼ぶ所為である。

すなわち、“参入”プラス“粗視化”(散逸)のプロセスは、系の“動学化”のプロセスでもある。“粗視化”と“動学化”は対応している。このプロセスで系の“階層”が 1 階上ったのであるから、これは“階層上げ”のプロセスともいえる。故に、このプロセスは次の様に表現される。

$$V_{t+1} = \tilde{V}_{t+1} \quad (3.2)$$

仮定(4) 目的の 2 つの構成要素：“個体保存”と“種保存”

一般に、生物の目的は、“個体保存”と“種保存”との“均衡”にあるとい

(42) これは、下記“自己言及”性から出てくる。現在の自己が将来の自己を規定するのが F であり、これはゲノム RNA 又は DNA、或いは“進化”のある段階以後は、これに加えて意識が該当する。

われる。そのうち，“個体保存”の目的からは“目的関数値”（充足度）の最大化が出てくる（主体均衡）。これに対し“種保存”の目的からは，“目的関数系” F の形の維持がでてくる。これら両者が合わさって“均衡”となる。 F の形が不変の範囲が「自己」である⁽⁴²⁾。

1.2 モデルの構成と動学

(1) 以上の仮定の下で「生命モデル」を構成し改めて形式的に表現すると次のような“漸化式系”になる。

$$\begin{cases} V_{t+1} = F(\tilde{V}_t) : \text{「参入」} & (3.1) \\ V_{t+1} = \tilde{V}_{t+1} : \text{「粗視化」} & (3.2) \end{cases}$$

両式から V_{t+1} を消去すると次式が得られる。

$$\tilde{V}_{t+1} = F(\tilde{V}_t) \quad (3.3)$$

これは“自己言及”の関係である。“現在の自己”が“将来の自己”を規定(F)する。

これを書き直して

$$\tilde{V}(t+1) = F(\tilde{V}(t)) \quad (3.3')$$

ここで $1 \rightarrow \Delta t$ と置くと(3.3')は

$$\tilde{V}(t+\Delta t) = F(\tilde{V}(t)) \quad (3.3'')$$

(3.3'')を使って、次の計算が成り立つ。

$$\begin{aligned} \frac{\tilde{V}(t+2\Delta t) - \tilde{V}(t)}{\Delta t} &= \frac{F(\tilde{V}(t+\Delta t)) - F(\tilde{V}(t-\Delta t))}{\Delta t} \\ &= \frac{\{F(\tilde{V}(t+\Delta t)) - F(\tilde{V}(t))\} + \{F(\tilde{V}(t)) - F(\tilde{V}(t-\Delta t))\}}{\Delta t} \\ &\rightarrow 2F'(\tilde{V}(t)) \quad (\Delta t \rightarrow 0) \end{aligned}$$

同様に、 n を任意の有限の自然数（但し $n \geq 2$ ）とすると

$$\frac{\tilde{V}(t+n\Delta t) - \tilde{V}(t)}{\Delta t} \rightarrow nF'(\tilde{V}(t)) \quad (\Delta t \rightarrow 0)$$

が成り立つ。但し、 $1 \rightarrow 0$ とすることと $n \rightarrow 0$ とすることが等価であるとする推論が許される（即ち、時間単位のとり方が無差別）とすればである。このとき、「 $\Delta t \rightarrow 0$ 」 \Leftrightarrow 「 $n\Delta t \rightarrow 0$ 」であるから、

$$\tilde{V}(t) = nF'(\tilde{V}(t))$$

i. e. $F'(\tilde{V}(T)) = \frac{1}{n} \tilde{V}'(t)$ ($n \geq 2$ の有限の自然数) (3.4)

(3.4) を積分すると,

$$\begin{aligned} F(\tilde{V}(t)) &= \int_{\tilde{V}(t)} F'(\tilde{V}(t)) d\tilde{V}(t) \\ &= \frac{1}{n} \tilde{V}(t) + C \end{aligned} \quad (3.5)$$

定数 C は初期条件: $\tilde{V}(t) = 0$ で与えられる $C = F(0)$ である.

(3.5) の左辺は, (3.1) 式より V_{t+1} であるから, 「参入」を与える “場所中心的目的” 曲線の方程式は

$$V_{t+1} = \frac{1}{n} \tilde{V}_t + C \quad (3.6)$$

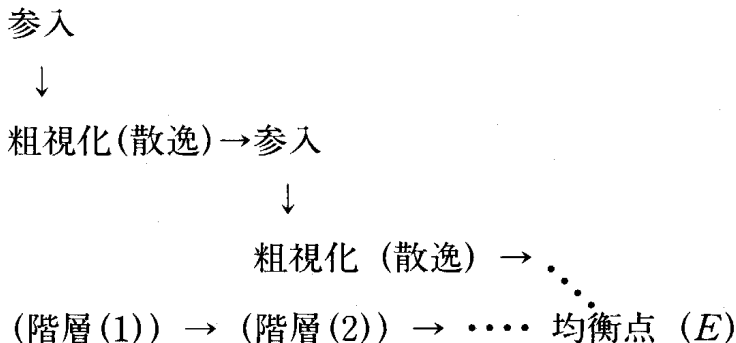
となる.

従って, 漸化式系 (3.1), (3.2) は, 改めて書くと

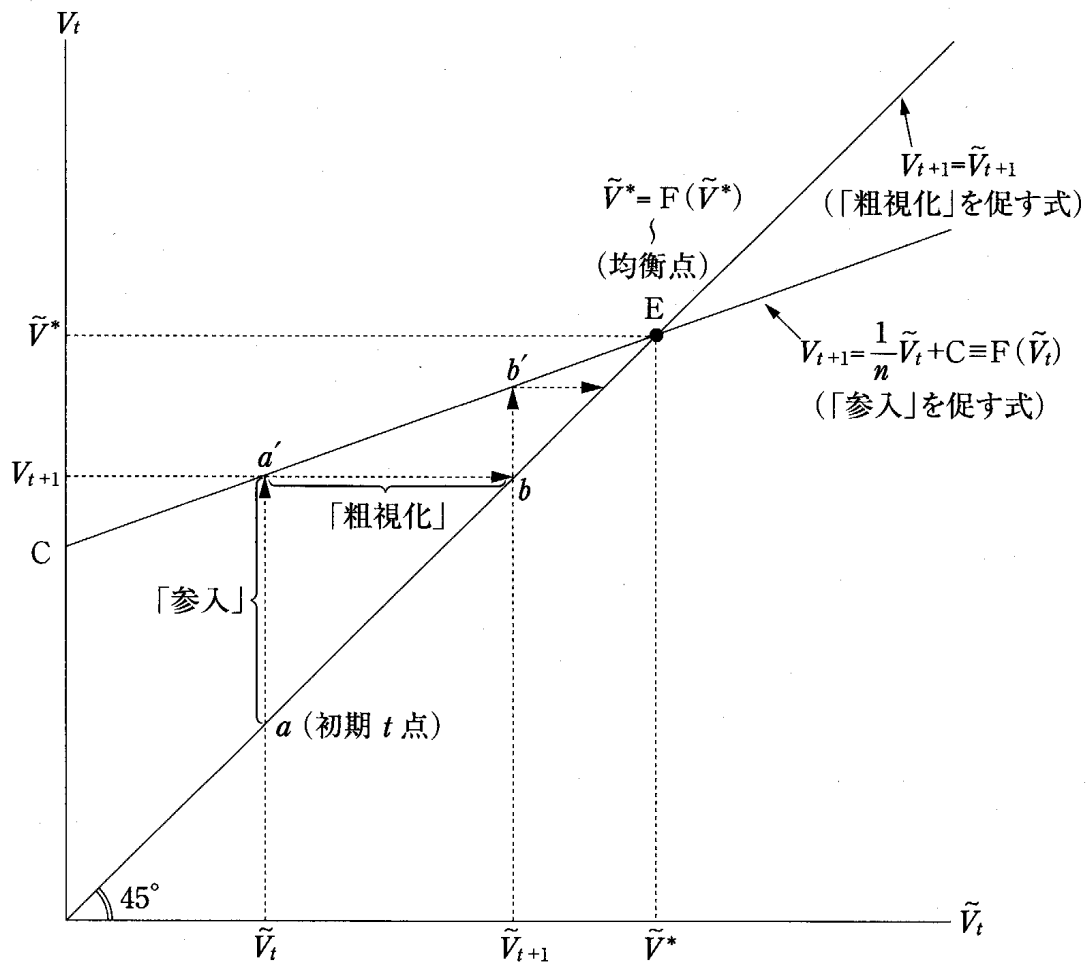
$$\begin{cases} V_{t+1} = \frac{1}{n} \tilde{V}_t + C & (n: 2 \text{以上の有限の自然数}) & (3.1') \\ V_{t+1} = \tilde{V}_{t+1} & & (3.2') \end{cases}$$

となる (C は $\tilde{V}_t = 0$ のときの V_{t+1} の値である). これ及び, これが表わす動学を図示すると <Fig. 3.1> のようになる. これは「参入」と「粗視化」の組合わせによる “階層上げ” の動学を表わしている. 収斂点 E が 2 直線の交点で与えられる⁽⁴³⁾.

すなわち, 目的充足度から成る系が



⁽⁴³⁾ (3.1') が勾配 1 より小かつ正であるので安定な “階層上げ” 動学が成立する.

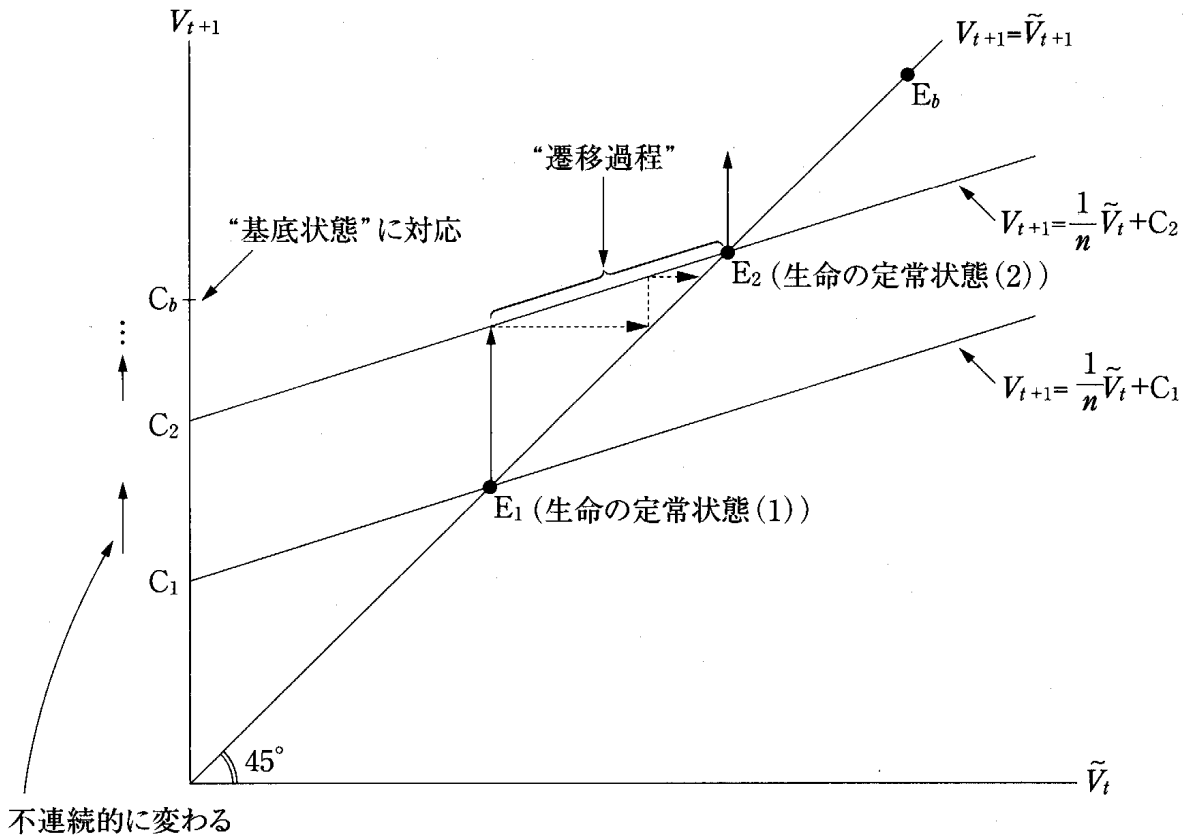


- a : 初期点 (時刻 t), 自己中心的目的充足度 \tilde{V}_t .
- aa' : 社会 (環境) からの目的充足度の「参入」.
(一瞬 ($n\Delta t = 1$) “視野” からはみ出す.)
- $a'b$: 次の“瞬間”自己中心的目的充足度が増加した大きさを表す.
同時に「参入」 aa' が「粗視化」されて“ゼロ”となり,
一定の“視野”内にすべてが納まる. ~ 1 階“階層”が上る.
- b : 第2階層の出発点 (時刻 $t+1$), 自己中心的目的充足度 \tilde{V}_{t+1}
- \vdots

<Fig. 3・1> 「生命モデル」(漸化式系)の“階層上げ合”動学

のような運動を行なうことが「生命」である。

(2) なお (3・1) 式で与えられる場所中心的目的 V_{t+1} の式中の C は, $F(0)$ すなわち $\tilde{V}_t = 0$ のときの V_{t+1} であるから, “視野”内に未だ既存の目的充足度 \tilde{V}_t が全く無く, 初めて社会 (環境) から“参入”してきたものが全てであるとき



($C_1 \rightarrow C_2 \rightarrow \dots \rightarrow C_b \iff E_1 \rightarrow E_2 \rightarrow \dots \rightarrow E_b$ が定常状態の移動)

〈Fig. 3・2〉 生命の“定常状態”の不連続的移動 (“自己”の交代の過程)

の“視野内”の目的充足度を表わす。これは、シュレーディンガー方程式で表わされる“粒子”の“定常状態”（原子の“軌道”に相当）に対応して、跳び跳びの値をとりながら突然上の値に跳び移る。そして最も高いCの値をとる“定常状態”，すなわち最も位置エネルギーの低い“基底状態”に落ちて止まる。“定常状態”から別の“定常状態”への移行のプロセスが“遷移過程”に対応する。かくして、直線(3・1)は、均衡点に系が収斂する状態かそれ以前に、突然、不連続的に上方にシフトする。

$F(0) (=C)$ の跳び跳びの変化は、系の“自発性”の(確率性の)跳び跳びの変化であるから、シュレーディンガー方程式に直せば、“確率分布”の“平均値”の跳び跳びの変化に対応する。

$F(0)$ の跳び跳びの変化は、例えば、それまで“DNA (又は“RNA”)”が F の形を規定していた状態から、“脳”の発生により F の形が不連続的に変化

した状態に対応する。以上の様子を図示したものが〈Fig. 3・2〉である。

(3) “階層上げ”は、換言すれば、“マクロ化”である。“視野”にすでにあるものと新たに“参入”してきたものを“粗視化”という形で括って元の大きさ（“視野”の大きさ）に納めるのであるから、“階層上げ”（マクロ化）によって個々の要素はそのサイズを小さくする。すなわち、階層上げの進行は、“視野”内にある対象の“抽象度”を上げると同時に、各個体の“確率性”を上げる。

例えば、細胞→器官→個体→家族→コミュニティー→民族→種……というように、観察者の“視野”内にある対象が、“階層上げ”と共にマクロ化し、抽象的になってゆくのである。同時に「自発性」（確率性）を増してゆくのである。

このような“マクロ化”運動をする現象を「生命」というのである。それは、この抽象化の過程を通じて、“自己言及”の形 F が不変に留まる限りに於てである。そして、 F の形が不変である“階層上げ”運動の範囲が1つの「自己」である。

§2. 「生命モデル」とシュレーディンガー方程式との等価性

本節では、前節で述べた「生命系モデル」が、「シュレーディンガー方程式」と等価であることを証明することによって、「シュレーディンガー方程式」が持つ“階層上げ運動”に伴って“確率性”が純化するという性質を「生命系モデル」も持つことを示したい(注*).

即ち、「生命系モデル」:

$$\begin{cases} V(t+\Delta t) = F(\tilde{V}(t)) \\ V(t+\Delta t) = \tilde{V}(t+\Delta t) \end{cases} \quad (0)$$

が、「シュレーディンガー方程式」:

$$i\hbar \frac{\partial}{\partial t} \psi = -\frac{\hbar^2}{2m} \cdot \frac{d^2}{dx^2} \psi \quad (i = \sqrt{-1}) \quad (0) - 1$$

と等価であることを証明する。

(i) 先ず、(0)の上の式を書き直すと

(注*) 本節の式番号は、他節と統一せず、本節独自に付す。

$$\tilde{V}(t) = F(\tilde{V}(t - \Delta t))$$

これと、(0)から得られる $\tilde{V}(t + \Delta t) = F(\tilde{V}(t))$ とから次式が得られる。

$$\tilde{V}(t + \Delta t) - \tilde{V}(t) = F(\tilde{V}(t)) - F(\tilde{V}(t - \Delta t))$$

$$\therefore \frac{\tilde{V}(t + \Delta t) - \tilde{V}(t)}{\Delta t} = \frac{F(\tilde{V}(t)) - F(\tilde{V}(t - \Delta t))}{\tilde{V}(t) - \tilde{V}(t - \Delta t)} \cdot \frac{\tilde{V}(t) - \tilde{V}(t - \Delta t)}{\Delta t}$$

$$\text{i. e. } \frac{d\tilde{V}(t)}{dt} = \frac{F(\tilde{V}(t)) - F(\tilde{V}(t - \Delta t))}{\tilde{V}(t) - \tilde{V}(t - \Delta t)} \cdot \frac{d\tilde{V}(t) - \Delta t}{dt}$$

$$\begin{aligned} \text{i. e. } \frac{d\tilde{V}(t)}{dt} &/ (F(\tilde{V}(t)) - F(\tilde{V}(t - \Delta t))) \\ &= \frac{d\tilde{V}(t - \Delta t)}{dt} / (\tilde{V}(t) - \tilde{V}(t - \Delta t)) \equiv \varepsilon(\text{const.}) \end{aligned} \quad (0')$$

一方、(0')を使って、次式が成立する。

$$\begin{aligned} F(\tilde{V}(t + \Delta t)) - F(\tilde{V}(t)) &= \frac{1}{\varepsilon} \cdot \frac{d\tilde{V}(t + \Delta t)}{dt} \\ &= \frac{1}{\varepsilon} \left. \frac{d\tilde{V}}{dt} \right|_{t=t+\Delta t} \\ &= \frac{1}{\varepsilon} \left(\left. \frac{d\tilde{V}}{dt} \right|_{t=t} + \left. \frac{d^2\tilde{V}}{dt^2} \right|_{t=t} \cdot \Delta t + \text{微小項} \right) \end{aligned} \quad (1)$$

(ii) 他方、(0') から

$$\begin{aligned} \tilde{V}(t) - \tilde{V}(t - \Delta t) &= \frac{1}{\varepsilon} \cdot \left. \frac{d\tilde{V}}{dt} \right|_{t=t-\Delta t} \\ \therefore \tilde{V}(t + \Delta t) - \tilde{V}(t) &= \frac{1}{\varepsilon} \cdot \left. \frac{d\tilde{V}}{dt} \right|_{t=t} \end{aligned} \quad (2)$$

(iii) 生命体にとって、時間 t と自己組織要素 x とは独立ではない。その関係を“因果性”と呼び、

$$t = \varphi^{-1}(x) \rightarrow x = \varphi(t) \quad (3)$$

と置くと、(3)はモデル(0)に含めるべきものである。

関数(3)が滑らかな連続な単調関数なら、

$$\Delta x = \varphi(t) \Delta t \quad \text{i. e. } \Delta t = \Delta x / \varphi'(t) \quad (4)$$

から、 $\varphi'(t) = \frac{\Delta x}{\Delta t}$ かつ $(\varphi^{-1}(x))' = \frac{\Delta t}{\Delta x}$ であるから、

$$\varphi'(t) (\varphi^{-1}(x))' = 1 \quad (4')$$

(1), (4)から,

$$\begin{aligned}
 & F(\tilde{V}(t+\Delta t)) - F(\tilde{V}(t)) \\
 &= \frac{1}{\varepsilon} \left(\left. \frac{d\tilde{V}}{dt} \right|_{t=t} + \left. \frac{d^2\tilde{V}}{dt^2} \right|_{t=t} \cdot \frac{1}{\varphi'(t)} \cdot \Delta x + \text{微小項} \right) \quad (5)
 \end{aligned}$$

一方(2)から,

$$\begin{aligned}
 & (F(\tilde{V}(t+\Delta t)) - F(\tilde{V}(t))) - (\tilde{V}(t+\Delta t) - \tilde{V}(t)) \\
 & \cong \frac{1}{\varepsilon} \left. \frac{d^2\tilde{V}}{dt^2} \right|_{t=t} \cdot \frac{1}{\varphi'(t)} \cdot \Delta x \quad (6)
 \end{aligned}$$

ここで t 時点と $t+\Delta t$ 時点との“参入”の差を $\Delta\mathcal{V}$ と書けば,

$$\underbrace{(F(\tilde{V}(t+\Delta t)) - \tilde{V}(t+\Delta t))}_{\text{時点 } t+\Delta t \text{ の “参入”}} - \underbrace{(F(\tilde{V}(t)) - \tilde{V}(t))}_{\text{時点 } t \text{ の “参入”}} \equiv \Delta\mathcal{V} \quad (6')$$

(6) を(6)に代入すれば,

$$\Delta\mathcal{V} \cong \frac{1}{\varepsilon} \cdot \left. \frac{d^2\tilde{V}}{dt^2} \right|_{t=t} \cdot \frac{1}{\varphi'(t)} \cdot \Delta x \quad (5')$$

(iv) 粗視化:

$$\langle \tilde{V}(t+\Delta t) | V(t+\Delta t) \rangle = \int d\tau \tilde{V}^*(t+\Delta t) V(t+\Delta t)$$

(0)の下式より

$$\begin{aligned}
 &= \int d\tau \tilde{V}^*(t+\Delta t) \tilde{V}(t+\Delta t) \\
 & \quad \text{(確率密度)}
 \end{aligned}$$

即ち, t 時点で Δt かかって“参入”したものが瞬時に“粗視化”されて $\tilde{V}(t+\Delta t)$ になった“確率密度”が右辺である。故に,次式が成立する。

$$\int d\tau \tilde{V}^*(t+\Delta t) \tilde{V}(t+\Delta t) \cong -\Delta\mathcal{V} \cdot \Delta t \quad (7)$$

何となれば, $-\Delta\mathcal{V} \cdot \Delta t \equiv \int (-\Delta\mathcal{V}) dt$ (i. e. $\Delta t \equiv \int dt$)であり,又,“参入”→“粗視化”($-\Delta\mathcal{V} \cdot \Delta t$)が進むほど,“確率化”が進み,“確率化”が進むほど,“確率密度”は大きくなり,限度値1に近づくから,(7)の右辺は“確率化”の大きさを表わす(“確率密度”に比例する)ので,“確率密度”である左辺に等しいと置いてよいからである。

(4) より $dx = \varphi'(t) dt \equiv d\tau$ を使い、且つ、(7) を t で微分すると、

$$\Delta x \cdot \tilde{V}^*(t + \Delta t) \tilde{V}(t + \Delta t) \cong -\Delta \mathcal{V} \quad (8)$$

(5) を (8) に代入すると、

$$\tilde{V}^*(t + \Delta t) \tilde{V}(t + \Delta t) = -\frac{1}{\varepsilon} \cdot \frac{d^2 \tilde{V}}{dt^2} \cdot \frac{1}{\varphi'(t)} \Big|_{t=t} \quad (9)$$

或いは

$$\left| \tilde{V}(t + \Delta t) \right|^2 = -\frac{1}{\varepsilon} \cdot \frac{d^2 \tilde{V}}{dt^2} \cdot \frac{1}{\varphi'(t)} \quad (9')$$

(v) (3) で導入した“因果性”を表わす式から、

$$\begin{cases} \tilde{V} = \tilde{V}(t) \\ t = \varphi^{-1}(x) \rightarrow \Delta t = (\varphi^{-1}(x))' \Delta x \end{cases}$$

から、

$$\begin{aligned} \frac{d\tilde{V}}{dt} &= \frac{1}{(\varphi^{-1}(x))'} \cdot \frac{d\tilde{V}}{dx} \\ \frac{d^2 \tilde{V}}{dt^2} &= \frac{d^2 \tilde{V}}{dx^2} \cdot \frac{1}{[(\varphi^{-1}(x))']^2} \end{aligned}$$

∴ (9') より

$$\left| \tilde{V}(t + \Delta t) \right|^2 = -\frac{1}{\varepsilon} \cdot \frac{1}{\varphi'(t)} \cdot \frac{1}{[(\varphi^{-1}(x))']^2} \cdot \frac{d^2 \tilde{V}(t)}{dx^2} \quad (10)$$

(4') を使って

$$= -\frac{1}{\varepsilon} \cdot \frac{1}{(\varphi^{-1}(x))'} \cdot \frac{d^2}{dx^2} \tilde{V}(t) \quad (11)$$

(vi) ここで、“演算子”を導入する。即ち

$$\left| \tilde{V}(t + \Delta t) \right|^2 = |F(\tilde{V}(t))|^2 \equiv |F(\cdot)|^2 \tilde{V}(t) \quad (\dagger)$$

なる“演算子” $|F(\cdot)|^2$ を導入して (11) を書き直せば、

$$\left| F(\cdot) \right|^2 \tilde{V}(x(t)) = -\frac{1}{\varepsilon \cdot (\varphi^{-1}(x))'} \cdot \frac{d^2}{dx^2} \tilde{V}(x(t)) \quad (11')$$

さらにここで、 $\tilde{V}(x(t))$ の変数 x と t を仮に分離して

$$\tilde{V}(x(t)) \equiv \tilde{V}(x, t) \equiv u(x) \cdot w(t) \quad (\dagger\dagger)$$

と置けば (連続関数 (3) の存在にも拘らず)、(11') は

$$\left|F(\cdot)\right|^2 u(x) w(t) = -\frac{1}{\varepsilon \cdot (\varphi^{-1}(x))'} \cdot \frac{d^2}{dx^2} u(x) w(t)$$

から

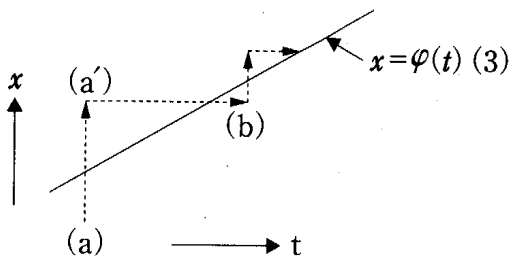
$$\left|F(\cdot)\right|^2 w(t) / w(t) = -\frac{1}{\varepsilon \cdot (\varphi^{-1}(x))'} \cdot \frac{d^2}{dx^2} u(x) / u(x) = a \text{ (定数)} \quad (11'')$$

すなわち

$$\begin{cases} |F(\cdot)|^2 w(t) = a w(t) & (12) \\ -\frac{1}{\varepsilon} \cdot \frac{1}{(\varphi^{-1}(x))'} \cdot \frac{d^2}{dx^2} u(x) = a u(x) & (13) \end{cases}$$

と表わされる。

(††)の意味は次のとおりである。〈Fig. 3・1〉に於て、 aa' の移動は Δt 時間を要するが、 $V(t)$ が不変であるから x 不変、 $a'b$ の移動は時間不変だが、 $\tilde{V}(t) \rightarrow \tilde{V}(t+1)$ の変化があるから x が Δx 変化する。すなわち、下図の縦の変化が $u(x)$



で表わされ、横の変化が $w(t)$ で表わされる。そして、両者を合わせた“ジグザグ”の変化を連続曲線で近似したものが(3)である。

(vii) ここで、次の2つの演算子の“定義”をする。すなわち

$$\begin{cases} |\Delta F(\cdot)|^2 \equiv i\hbar \frac{\partial}{\partial t} (i = \sqrt{-1}) : \text{(定義1)} & (14) \\ -\frac{1}{\varepsilon} \cdot \frac{1}{(\varphi^{-1}(x))'} \cdot \frac{d^2}{dx^2} \equiv \left(-i\hbar \frac{\partial}{\partial x}\right)^2 / 2m : \text{(定義2)} \end{cases}$$

$$= -\frac{\hbar^2}{2m} \cdot \frac{d^2}{dx^2} \quad (14')$$

(14)を(12)に代入すると、

$$i\hbar \frac{\partial}{\partial t} w(t) = a w(t) \quad (12')$$

$$\therefore \frac{\partial w(t)}{\partial t} / w(t) = -i \cdot \frac{a}{\hbar}$$

これを解くと

$$\log w(t) = -iat / \hbar + \bar{C}$$

$$\therefore w(t) = \bar{C} e^{-iat/\hbar} \quad (15)$$

(15)から

$$\begin{aligned} w(t)^* w(t) &= \bar{C}^2 e^{-iat/\hbar} \cdot e^{-iat/\hbar} \\ &= \bar{C}^2 \end{aligned}$$

ここで $w(t)$ を“規格化”すれば $\bar{C}=1$ となるから、これを(15)に代入して、次の(波動関数)-1が得られる。

$$\begin{aligned} \tilde{V}(x, t) &= u(x) w(t) = u(x) e^{-iat/\hbar} \quad (16) \\ &\quad (i = \sqrt{-1}) \end{aligned}$$

一方、(14')からは次の関係が出てくる。

$$-\frac{1}{\varepsilon} \cdot \frac{1}{(\varphi^{-1}(x))'} = -\frac{\hbar^2}{2m}$$

$$\text{i. e. } (\varphi^{-1}(x))' = 2m / \varepsilon \hbar^2$$

$$\therefore t = \varphi^{-1}(x) = \frac{2m}{\varepsilon \hbar^2} \int dx = \frac{2m}{\varepsilon \hbar^2} (x + \bar{C})$$

$$\text{i. e. } x = \frac{\varepsilon \hbar^2}{2m} t - \bar{C} \quad (14'-1)$$

その上で、(14')を(13)に代入すると、

$$\left(-i\hbar \frac{\partial}{\partial x}\right)^2 u(x) = a u(x) \quad (13')$$

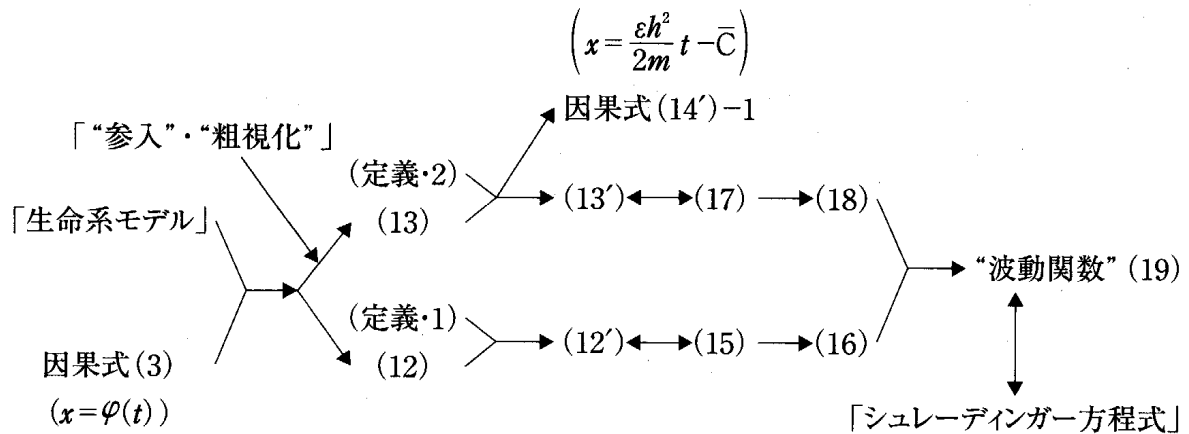
これを解くと、

$$u(x) = \bar{C} e^{ipx/\hbar} \quad (\text{但し, } p: \text{運動量}) \quad (17)$$

(17) から

$$u^*(x) u(x) = \bar{C}^2$$

となるから、 $u(x)$ を“規格化”することによって $\bar{C}=1$ とすることができる。従って、(17)より次の(波動関数)-2、が得られる。



〈Fig. 3・3〉 「生命系モデル」と「シュレーディンガー方程式の等価性の“証明”の概略図

$$\tilde{V}(x, t) = w(t) u(x) = w(t) e^{ipx/\hbar} \tag{18}$$

(波動関数) -1. と (波動関数) -2. とを合わせて，結局，次の“波動関数”が得られた (但し， a はエネルギーと解すれば E と置き換えられる.)

$$\tilde{V}(x, t) = u(x) w(t) = e^{i(xp - Et)/\hbar} \tag{19}$$

$(i = \sqrt{-1})$

そして，“波動関数” (19)は，シュレーディンガー方程式(0) -1. と等価であるから，「生命系モデル」(0)と，(定義1)，(定義2)の系は，「シュレーディンガー方程式」(0) -1. と，“因果式” (3)が(14'-1)であることを条件に，等価であることが証明された。

(viii) 以上の“証明”のアウト・ラインを簡略に図式化すると〈Fig. 3・3〉のようになる。

(ix) 以上の証明において，最初に「生命系モデル」と連立させて，因果式(3) $x = \varphi(t)$ を置いた。その結果，証明の過程において，その具体的な形

(解)として(14'-1)すなわち $x = \frac{\epsilon \hbar^2}{2m} t - \bar{C}$ を得た。すなわち，われわれの

解 $V(x(t))$ は，シュレーディンガー方程式の波動関数 $\psi(x, t)$ とは矛盾するかのように見える。しかしそうではないことを以下で説明しておきたい。

(1) Schrödinger 方程式によって「時間変化」を記述される波動関数 $\psi(x, t)$ は，“独立変数として”， x と t とを含んでいるが，これは次のように解釈で

きる。すなわち、「 $x \leftrightarrow t$ の独立性」は、「 x と t の“因果関係” $x = \varphi(t)$ と、測定における“時間の量子化”とのセット」と等価である。故に、われわれの「生命モデル」(漸化式モデル)と、 x と t の“因果関係式” $x = \varphi(t)$ とのセットと、「Schrödinger系」の「因果式の跳び跳び測定」解釈とは等価である。その因果性が、“階層上げ”が進むに伴って、薄れてゆき、“確率性”が強まり“純化”されてゆくのである。

(2) これをもう少し具体的に、別の側面から説明すると次のようになる。最も初期の“因果性”は、自由粒子の“因果性”(または、それに力 $U(x)$ が働いたそれ)で、“慣性の法則”すなわち Schrödinger 方程式の解 $\psi(x, t) = e^{i(Px - Et)/\hbar}$ と確率密度 $|\psi(x, t)|^2 = 1$ とに従って、どこまでも一様に動く粒子の $t \rightarrow x$ の関係である。これを $x = \varphi(t)$ と表わした。これが“因果性”の最も強い状態である。

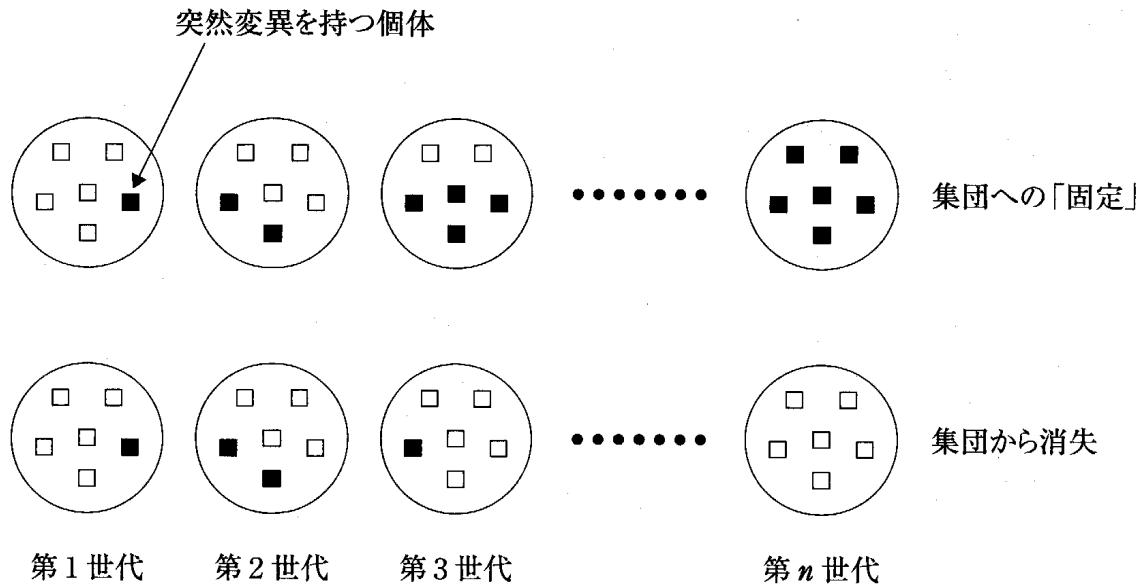
“階層が上る”につれて、 $|\psi(x, t)|^2 = 1$ から $\int |\psi(x, t)|^2 dt = 1$ へと移行してゆく。それにつれて、 $x = \varphi(t)$ の表わす“因果性”が稀薄になってゆく。すなわち、 $x \leftrightarrow t$ の“独立性”が強まってゆくのである。

すなわち、(14'-1)式において、 $\varepsilon/2$ 不変、 m の単位上昇(すなわち値が1次のオーダーで下る)、また、 \hbar の単位上昇(erg·sec \rightarrow J·sec \rightarrow KJ·min)で、数値が下る。 \hbar^2 は2次のオーダーで小さくなるので、 t の係数は1次のオーダーで小さくなってゆく。すなわち $x \leftrightarrow t$ の“独立性”が強まってゆき $x = \varphi(t)$ の関数関係が稀薄になってゆくのである。

(3) 換言すると、Schrödinger 方程式と「生命系モデル」とが共に持つ、“階層上げ”という動学の過程で、 $\tilde{V} = \tilde{V}(x(t))$ から $\tilde{V} = \tilde{V}(x, t)$ へと移行してゆく現象が存在するのである。

§3. ダーウィンの進化論と分子進化中立説との両立の証明

われわれの「理論仮説」とその背後にある Schrödinger 方程式を満たす波動関数の確率性の純化とから、進化学上の未解決の大問題である、ダーウィンの「自然淘汰説」(自然選択説)と木村資生の「分子進化中立説」との同時説



〈Fig. 3・4〉 突然変異の集団への「固定」

四角が個体，円が集団を表す。黒色個体は突然変異個体

明を試みたい。

3・1 突然変異と進化

遺伝の仕組みを分子レベルから理解できるようになってから，“突然変異”の実体が理解できるようになった。“突然変異”はDNAの上起きた変化だが，そのDNA上の変化が“進化”の素材となる。

生物の体には無数の細胞があり，その1つ1つにDNAがある。細胞中のDNAは，生涯にわたって突然変異を受けるが，それらが全て進化の素材になるわけではない。進化の素材になるためには，その変化が遺伝しなければならない。細胞には2種類あって，遺伝に係わる生殖細胞と，その他の体細胞とがある。従って，生殖細胞に起きた突然変異が進化の素材になることになる。

それでは遺伝的变化である“突然変異”と“進化”とはどう違うのであろうか。

“突然変異”は個々の個体に現われるが，多くの場合，それはすぐに消えてしまう。しかしまれに突然変異を持った個体は次第に仲間を増やし，ついには，種全体に広まることがある。この時点で種内の各個体が以前に持っていた遺伝

的性質が種という集団全体で変異体で置き換わってしまう。これが“進化”である。

多くの場合，“突然変異”は個体の生存にとって有害なので、その個体は子孫を残せる年齢に達する前に死亡するから、突然変異によって生じたDNAの変化も次の世代に受け継がれることがない。

しかし、稀には幸運な“変異”もある。最初は1個体に出現した“変異”が、次々にその変異を持つ子孫を増やし、ついにはその種を形成する全集団に広まることがある。この場合、集団はこれまで保有していたDNAを別の変異を受けたDNAで置き換えたことになる。このことを変異が集団に「固定」という（〈Fig. 3・4〉参照）。

この場合、種のDNAが全体として変化した訳で、この変化はDNAに刻み込まれ、種が絶滅しない限り、その後長い進化の歴史を通じて痕跡として残る。

3・2 ダーウィンの「自然淘汰説」（自然選択説）と木村資生の「分子進化中立説」

ダーウィンは、膨大な資料を駆使して生物の進化を科学的に立証し、進化がどのようなメカニズムで起こるかを説明する「自然淘汰説」（自然選択説）を確立した。それは次のようなものである。

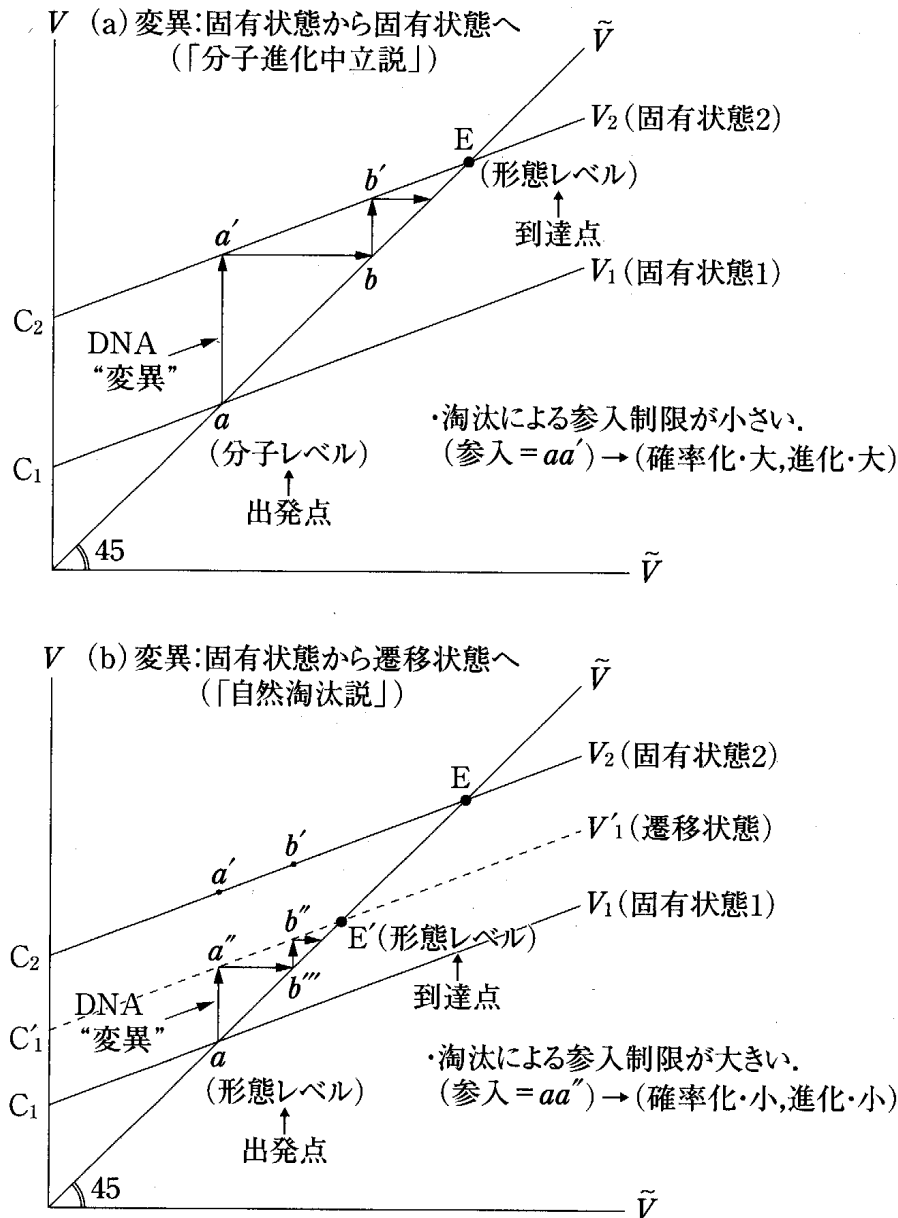
“変異”にはいろいろな種類があるが、それに伴い“生存にとっての有利さの程度”もまちまちである。生存にとって有利な変異を持った個体は、生存競争に勝ち残り、より多くの子孫を残し、世代を経るに従って、そのような“変異”を持った個体の数が増えてゆく。一方生存に少しでも不利な“変異”を持つ個体は集団中から消滅してゆく。これがダーウィン以来の「自然淘汰説」であり、形態レベルでの進化を合理的に説明する唯一の学説であることは現在でもかわらない。

これに対し、1968年、国立遺伝学研究所名誉教授の木村資生博士は「分子進化の中立説」を提唱した。これは次のことを主張する。

すなわち、「中立説」では、分子の進化に寄与する大部分の“変異”は、自然淘汰に有利でもなく、不利でもない、“中立な変異”であって、そうした

“変異”が偶然に集団に「固定」した結果，“進化”が起こると考える。この考えは、淘汰に有利な変異が集団に固定するというダーウィン流の「自然淘汰説」（自然選択説）と全く対立する考え方であると思われてきた。

「自然淘汰説」と「中立説」との違いは，“突然変異”が集団に「固定」してゆくときのメカニズムの違いである。「自然淘汰説」では、生存に少しでも有



<Fig. 3・5> “変異”が固有状態間である場合と遷移状態に移る場合との任意性(確率性)の差異及び進化の程度の差異:「両説」の比較

((b)の $a \rightarrow a'' \rightarrow a''' \dots \rightarrow E'$ の制約を避けるために(a)の $a \rightarrow a' \rightarrow b \dots \rightarrow E$ の制約に従う)。

利な、子孫を多く残せる“変異”が選択され、集団に広まってゆくと考える。一方、「中立説」では、生存にとって不利な“変異”は、自然淘汰によって集団から除去されるという点では、「自然淘汰説」と同じだが、それ以外の“変異”は、すなわち“分子の進化”に寄与する“変異”は、偶然に集団に「固定」する、と考える。

「中立説」は、自然淘汰による、分子の進化を全面的に否定している訳ではない。「中立説」は分子の進化に寄与する“変異”のうち、“中立的変異”の方が“淘汰に有利な変異”より、数において圧倒的に多い、ということを主張しているのである。

3・3 「両説」のわれわれの理論による“同時説明”

両説を、われわれの「生命モデル」(〈Fig. 3・1〉)に適用すると〈Fig. 3・5〉で説明されるようになる。

(i) 生命単位の目的充足度が同図の((a)図、(b)図のいずれにおいても) a 点から出発するものとする、DNAの“突然変異”が生じた場合、両説の淘汰の差異によって決まる目的充足度の“参入”(観測者の“視野”への)が、 a' ((a)図の場合)か a'' ((b)図の場合)への移行の差異で表わされる。

“参入”の大きさは、“参入”を促す曲線 V の関数形 F によって決まる。 F は、同図に示されているように、 C および n (同線の傾斜を与える——「時間単位」の“有限性”からくる)によって決まる。“参入の大きさ”が“粗視化”によって点(ゼロ)に変化する規模の大きさが“確率性”(自発性)の程度を与える。故に、逆にいえば、 F で“確率化”の不完全さ、すなわち残存する“因果性”が決まる。“参入”が大きい程“確率化”が大きく、“因果性”が小さい。逆に、“参入”が小さい程“因果性”は大きくなる。従って、〈Fig. 3・5〉の(b)図の $C_1 \rightarrow C'_1$ の変化で表わされる“変異”より、(a)図の $C_1 \rightarrow C_2$ の“変異”の方が、“確率性”(任意性)が大きくなり、残る“因果性”が小さい。

C_1 および C_2 は、それぞれ、DNAのセットが安定して存在している状態であるから、Schrödinger 方程式の“固有状態”(定常状態)に対応する。これに対し、 C'_1 は同方程式の“遷移状態”に対応する。両状態共、“確率化”の不完

全性，すなわち“因果性”が残るが，“固有状態”に残る確率性の“不完全さ”は，なお残る“時間の量子化”の（discrete化の）“不充分さ”から（ $n \neq \infty$ ）くる．そして，同じ“変異”でも，“確率性”に不充分さが残ることが更なる“参入”を招き，一層の“確率性”の“純化”を促し，“進化”を進める（ E 点の \bar{V} の増大）原動力となる．

この理論に基づいて、「両説」を比較すると次のようになる．

(ii) 「自然淘汰説」では，自然淘汰によって，観察者の一定の“視野”への“生命単位の目的充足度”の“参入”が制限される．自然選択だけであつたら，生存に適さないか中立のものは全て淘汰されるから，“参入”が大きく制限され，“参入”サイズは小さくなる．その結果，“確率化”（任意性）は小さくなり，“因果性”が大きく残る．従って，“自然選択”は強い“因果性”と見做される．〈Fig. 3・5〉で言うと，(b)図の $a \rightarrow a' \rightarrow b'' \rightarrow \dots \rightarrow E'$ の動学に相当し，対応する“DNA 変異”は， $C_1 \rightarrow C'_1$ である．

(iii) これに対し「中立説」は， F によって“参入”が制限される点（因果性が残る点）は同じだが，“参入”の制限が弱いため，“確率性”（任意性）が大きい．従って，「淘汰説」と比べれば，「中立説」では，強い“因果性”を避けるために弱い“因果性”に従うのである．〈Fig. 3・5〉で言えば(a)図の $a \rightarrow a' \rightarrow b \rightarrow \dots \rightarrow E$ の動学に従う．シュレーディンガー方程式でいえば，“確率性”（自発性）を妨げる原因となる「異なるエネルギー・レベルの混在」を避けるために，“確率性”（自発性）を抑制するのである．強い“因果性”を避けるために，弱い“因果性”に従うと言ってよい．

結果としての到達点（ E 点）では，“生命単位の目的充足度” \bar{V} は，「中立説」の方が「淘汰説」より大きくなる．すなわち，前者の方が“進化”の程度が大きい．

(iv) 「両説」共，参入 \rightarrow 粗視化（確率化） \rightarrow 参入 $\rightarrow \dots \rightarrow E$ の「階層上げ」動学に従って進化点（ E ）に収斂する点は同じだが，相違点は，①「淘汰説」の方が“参入”が大きく制約される点，及び，その結果，“進化”の到達点がより低い点である．

相違点の第2は，②「中立説」の階層上げの出発点は“分子レベル”（ミク

ロ)であるのに対し、「選択説」の場合は、“形態レベル”(マクロ)の進化の階層上げであって、すなわち、 $C_1 \rightarrow C'_1$ の“分子レベル(DNAレベル)の変異”に対応した“形態”の変異であり、“進化”の到達点 E' は、「分子進化」の場合の E より低位であるが、他方、「中立説」の分子進化の到達点 E は、分子レベルでの“変異”が階層上げを、形態レベルの場合より多数回行なった結果の到達点であるから、形態レベルで見ればマクロに達していると考えることが可能である。

すなわち、 E と E' は“形態レベル”は同一、“進化のレベル”(固体の自発性の程度)は、前者 E (「中立説」)の方が大きいと言えるかもしれない。

結論として、③“同一の形態レベルの進化”に対し、固体の獲得した“自発性”の程度は、「中立説」でみた方が大きくなっている、と言えるかもしれない。しかしいずれも「階層上げ」に従って進化する結果、“自発性”の程度がともに進化する点、および、いずれも“形態レベル”の進化をする点から、“進化の程度”の差を別にすれば、「両説」共同である。

④そして、“進化の程度の差”は、「両説」の“参入の程度の差”に由来しているのである。“程度の差”を除けば、「両説」とも同じ“原理”に従う。

(v) ここで次のことを付言しておきたい。すなわちシュレーディンガー方程式を構成する互いにエネルギーが大きく異なる複数の波動(粒子=分子)同志は「生命体」を構成せず、従来通り“物理現象”を演ずるが、エネルギーレベルが同じもの同志が発生すると「生命体」を構成し始める。「生命体」としての粒子(塊)は、粗視化(階層上げ)を繰り返すうちに、やがて、“脳”を持つようになるが、そのうちの、背後にあるシュレーディンガー方程式において、互いにエネルギーが同じもの同志だけが“心理現象”を発現し始める。そして、それ以外のものは、従来どおり、単なる“生命現象”を演じ続ける。(エネルギー・レベルが同じもの同志は、“固有状態”間の移動を生じるもの同志である。)

こうして、“生命現象”が発生しても、“物理現象”が併存し、また、“心理現象”が発生しても、単なる“生命現象”が“物理現象”と共に併存し続けるのである。(未完)

〈第三章の参考文献〉

池田宗彰, 「生きた系の理論 (経済学序説) ——生命とは何か」, 2003年, 御茶の水書房

清水博, 「生命知としての場の論理」, 1996年, 中央公論社

木村資生, 「分子進化の中立性」, 1986年, 紀伊国屋書店

宮田隆, 「分子進化学への招待」, 1994年, 講談社