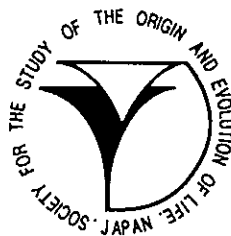


Viva Origino

VOL.28 (No.1)

March 2000

第 25 回 学 術 講 演 会
講 演 要 旨 集



The Society for the Study of the Origin
and Evolution of Life
JAPAN

生命の起原および進化学会 会則

地球上における生命の起原を科学的に解明すること、生物進化の攻究により、生命体の本質を明らかにしようとする。本学会は、関係諸分野の英知を集め、互の連繋によって新しい型の総合科学を確立・発展させることにより、上記の目的達成を期するものである。

第一条 本学会は、生命の起原および進化学会 (Society for the Study of the Origin and Evolution of Life-Japan, SSOEL-Japan) という。

第二条 本学会は、会員の生命の起原および進化の研究の発展と、日本における当該研究の開拓・推進をはかり、関連学(協)会および、多くの人々の当該研究に対する理解を深め、もって学術・文化の発展に寄与するものとする。

第三条 本学会は、前条の目的達成のため次の事業をおこなう。

1. 研究発表会・学術講演会の開催
2. 学会誌等の出版物の刊行
3. 其の他前条の目的達成のため必要な事業

第四条 本学会は前条の事業をおこなうため事務局をおく。

第五条 本学会の会員は、正会員と賛助会員とし、入会手続きは別途定める。

第五条の2 正会員は、第二条に示す研究に従事する個人で、学会が承認したものとする。

第五条の3 賛助会員は、本学会の目的に賛同し、その事業を援助する個人または個体で学会が承認したものとする。

第六条 会員は、別途定められた会費等の費用を前納しなければならない。定められた期間以上これを滞納した場合は、会員の資格は消失するものとする。

第七条 会員は、本学会のおこなう事業に参加し、本学会発刊の学会誌 Viva Origino その他印刷物の配布をうけることができる。

第八条 本学会は、会長1名、副会長1～2名および学会運営委員(以下委員と略す)を若干名、会計監査2名をおくものとする。

第九条 委員および会計監査は、正会員の互選による。選出された委員は学会運営委員会(以下委員会と略す)を構成し、学会運営の任にあたる。

第十条 会長・副会長は委員会が正会員の中から選出する。

第十一条 会長・副会長・委員・会計監査の任期は2年とする。

第十二条 委員会は、学会運営および学会事業をおこなうため、委員長1名、常任委員若干名を選出し、学会運営常任委員会(以下常任委員会と略す)を構成し、その任にあたらせるものとする。

第十三条 会長は学会を代表し、学会運営は委員長が総括の任にあたる。

第十四条 常任委員会は、必要なとき委員会を招集し、本学会に関する諸事項を審議・決定する。

第十五条 常任委員会は、正会員の中から専門委員を委嘱し、本学会に関する諸事項を諮問することができる。

第十六条 委員会において、本学会員として不適当と決議されたものは、会員の資格を消失するものとする。

第十七条 会員の退会届け者および会員資格消失者については、常任委員会は退会手続きをとるものとする。

第十八条 本学会は、年1回定期総会を開き、必要なときは臨時総会を開くものとする。

第十九条 本学会会則の改正は、会員の3/4以上の出席の総会において3/4以上の同意を要する。

学会入会手続きに関する付則

1. 入会申し込み書に必要事項を記入し、常任委員会へ提出のうえ会員資格の承認をうける。
2. 会員としての資格を承認されたものは、すみやかに所定の入会金、会費(1年分)、学会誌購読料(1年分)を事務局へ納入する。
3. 上記費用の納入されたものについて、常任委員会は入会手続きをとり、会員として登録する。
4. 本学会の入会は推薦によりおこない、委員会で承認する。

会費その他に関する付則

1. 入会金(正会員のみ) 1,000円
2. 会費
正会員 年額 5,000円
賛助会員 年額(1口) 10,000円
3. 学生のための入会金・会費
正会員で、大学または大学院あるいはこれに準じる学校に在学する学生は、在学証明書の添付により、次の特典を与えるものとする。
入会金 500円、会費(年額) 2,500円
4. 学会誌 Viva Origino 購読料 年額 5,000円
但し、会員には無料配布とする。
5. 会費その他の費用の納入の猶予期限は1年以内とする。
6. 会費払込振替口座
(加入者名) 生命の起原および進化学会
(口座番号) 大阪 8-3673

Viva Origino

VOL.28 (No.1)

March 2000

The Society for the Study of the Origin
and Evolution of Life
JAPAN

目 次

話 題

- ◎生命の起原・進化学会第25回学術講演会講演要旨集 …………… (1)

- ◎日本天文学会から
「独立行政法人化」に対する反対声明と要請 …………… (55)

- ◎ワークショップ [Life] (2000年9月3-8日、モーデナ市(イタリア)
の案内 (Palyi教授よりのお知らせ)) …………… (57)

第25回学術講演会

期 日 2000年 3月14日 (火) ~ 16日 (木)

会 場 横浜国立大学大学会館ホール
〒240-8501 横浜市保土ヶ谷区常盤台79-1

大会参加費用 参加登録費 一般会員：4,000円 (非会員：5,000円)
(講演要旨代を含む) 学生会員：2,000円 (学生非会員：3,000円)

懇親会参加費 一般：6,000円 (学生：4,000円)

第25回大会委員長 小林 憲正 (横浜国立大学工学部)
電話/Fax 045-339-3938
E-mail kkensei@cms.ynu.ac.jp

第25回「生命の起原・進化学会」学術講演会日程表
(会場の記載のないものは会館4階の「会館ホール」にて開催)

3月14日 (火)

- 9:40- 参加登録
10:20-10:30 大会委員長挨拶 小林憲正
10:30-12:15 A. 化学進化(1) 講演1~7
12:15-13:30 昼食
13:30-15:15 B. 化学進化(2) 講演8~14
15:15-15:30 休憩
15:30-17:15 C. 化学進化(3) 講演15~21
17:30-18:30 編集委員会 会館4階「かもめ」

3月15日 (水)

- 10:00-11:45 D. 分子進化 講演22~28
11:45-13:15 昼食
運営委員会 会館3階「キャラ亭」
13:15-14:45 S1. シンポジウム 「元気のでる起原研究」
14:45-15:00 休憩
15:00-17:00 E. 分子進化・生物進化(1) 講演29~36
17:00-18:00 総会
18:00-20:00 懇親会 会館2階食堂

3月16日 (木)

- 9:45-12:00 F. 分子進化・生物進化(2) 講演37~45
12:00-13:20 昼食
13:20-16:00 S2. 公開シンポジウム 「原始環境からみた生命の起源・進化」

プログラム

2000年3月14日(火)

参加登録 9:40-
大会委員長挨拶 10:20-10:30

A. 化学進化(1)(10:30-12:15)

座長 三田 肇・野田春彦

1. 宇宙線および紫外線による星間塵環境下での生体有機物生成の検証
潮賢太郎, 増田仁美, 金子竹男, ○小林憲正(横浜国大工), 橋本博文(筑波大機能工学), 齊藤威(東大宇宙線研) ----- 1
2. 宇宙ステーション曝露部における無生物的な生体有機物生成の検証実験
○橋本博文(筑波大機能工学), 潮賢太郎, 金子竹男, 小林憲正(横浜国大工), 石川洋二(大林組), 大島泰郎(東京薬科大), 香内 晃(北大低温研), 齊藤 威(東大宇宙線研), 山下雅道(宇宙研), A. Brack (CNRS), L. Colangeli (Capodimonte AO), J. M. Greenberg (Leiden Univ.), G. Homeck (DLR), R. Navarro-Gonzalez (Mexico National Auton. Univ.), F. Raulin (Paris Univ.) ----- 2
3. 陽子線照射による二酸化炭素・一酸化炭素・窒素・水混合気体からの有機物の生成
○大橋暁弘, 山梨洋人, 増田仁美, 金子竹男, 小林憲正(横浜国大工), 齊藤威(東大宇宙線研) ----- 3
4. 火花放電・陽子線照射によって模擬惑星大気中に生じるプラズマの分光診断
○坂上恵一郎, 松井孝典, 杉田精司(東大理), 小林憲正, 潮賢太郎, 大橋暁弘(横浜国大工) ----- 4
5. 模擬大気への紫外線領域放射光照射によるアミノ酸前駆体生成
○高橋淳一, 細川照夫(NTT 通信エネルギー研), 増田仁美, 金子竹男, 小林憲正(横浜国大工), 齊藤 威(東大宇宙線研) ----- 5
6. 光励起水和電離による化学進化
○豊沢豊 ----- 6
7. シアン化アンモニウム溶液の凍結濃縮により得られる複素環化合物
○宮川 伸(横浜国大工), Stanley L. Miller (UCSD) ----- 7

昼食 12:15-13:30

B. 化学進化(2)(13:30-15:15)

座長 川村邦夫・今井栄一

8. 進化フローリアクターでのアラニンの重合とグリシンの触媒作用
尾形嘉昭, ○今井栄一, 本多 元, 羽鳥晋由, 松野孝一郎(長岡技科大生物) ----- 8
9. Construction of a Supercritical Flow-Reactor to Simulate Submarine Hydrothermal Systems
○Md. Nazrul Islam, 金子竹男, 小林憲正(横浜国大工) ----- 9
10. 模擬海底熱水環境下でのAMPの重合
小笠原 宏, ○吉田 歩, 今井栄一, 本多 元, 羽鳥晋由, 松野孝一郎(長岡技科大生物) ----- 10
11. 海底熱水環境下でのリボソームの前生物的生成
佐藤道子, 今井栄一, 本多 元, 羽鳥晋由, ○松野孝一郎(長岡技科大生系) ----- 11

12. 水熱反応の高速追跡法を用いる種々の2',5'-及び3',5'-ジヌクレオシドモノリン酸の加水分解反応速度論
○楓 千佳, 川村邦男(大阪府大工) ----- 12
13. 無触媒下での紫外線照射によるL-アラニン光重合反応
○田中真人, 古結俊行, 中川和道(神戸大総合人間科学), 山田亨, 小貫英雄(電総研) ---- 13
14. シリカ-アミノ酸相互作用の実験的研究-有機無機相互作用のその場観測をめざして-
○中嶋悟, 塩田大, 吉田崇宏(東工大理工), 薬師寺秀樹, 山内芳雄(日本分光) ----- 14

休憩 15:15-15:30

C. 化学進化(3) (15:30-17:15)

座長 中川和道・原田馨

15. Na-モンモリロナイト存在下の加熱実験による尿素-ジカルボン酸からのアミドおよびイミドオリゴマー生成 ----- 15
○寺崎正紀, 下山晃(筑波大化学)
16. モンモリロナイト上でのD,L-アデノシン-5'-リン酸イミダゾリドの効率的重合反応
○浦田秀仁, 青野知永, 応本憲彦, 島本裕子, 小林淑子, 赤木昌夫(大阪薬大) ----- 16
17. グアニン及びシトシンを含むオリゴヌクレオチドの塩基配列依存型重合反応の探索
○岡本 文敬, 川村 邦男(大阪府大工) ----- 17
18. 前生物的RNA複製反応に対するタンパク質状物質の原始酵素機能の探索
○蔵之上和博, 川村邦男(大阪府大工) ----- 18
19. 模擬原始大気実験生成物中の原始エステラーゼの検索
○鶴田友博, 植岡昌治, 高橋朋子, 小林憲正(横浜国大工) ----- 19
20. アミノ酸蒸着膜のVUV吸収スペクトル測定
○古結俊行, 田中真人(神戸大総合人間), 中川和道(神戸大発達) ----- 20
21. 生体分子の非対称性の起源
○斉藤 威(東大宇宙線研), V. ツァーレフ(レベデフ物理学研) ----- 21

編集委員会 17:30-18:30

3月15日(水)

D. 分子進化(10:00-11:45)

座長 平林淳・石神正浩

22. The Attributes of Life Determine Temporal Order in Evolution
○飯田一浩(NEC基礎研・総研大) ----- 22
23. 自触媒的不斉合成: 2. 反応系のデザイン
○山口智彦, 楠見敏則, 雨宮隆, 大森隆夫, 森川善富(物質研) ----- 23
24. 非平衡系に自己組織化されるキラル自動触媒系
○朝倉浩一, 井雲昭仁, 栗原和志, 小山内州一(慶応大理工), Dilip K. Kondepudi
(Wake Forest University) ----- 24
25. レトロ進化
○柳川弘志, 辻融(三菱化学生命研) ----- 25
26. モジュールおよび二次構造単位で入れ換えたバルナーゼ変異体の構造形成と機能
○辻融, 林中亜貴子, 柳川弘志(三菱化学生命研) ----- 26

27.	蛋白質のin vitro selectionにおける対応付け構築のためのピューロマイシンの性質の検討 ○宮本悦子（横浜国大工），根本直人（三菱化学生命研），小林憲正（横浜国大工）， 柳川弘志（三菱化学生命研）	27
28.	ゼロサイズ・エキソンによる長いイントロンの段階的スプライシングと示唆される遺伝子 とタンパク質の進化機構 ○宮本悦子（横浜国大工），J. M. Burnette, G. M. Bomze, A. T. Lopez (CMU), 小林憲正（横浜国大工），柳川弘志（三菱化学生命研）	28
昼食	11:45-13:15	（運営委員会）
S1.	シンポジウム 「元気のでる起原研究」(13:15-14:45) 座長 飯田一浩（NEC基礎研・総研大起源物理研究会） 趣旨説明 飯田一浩（13:15-13:25）	29
S1-1.	RNAワールド仮説を生命の熱水起源説から検証する- 化学進化シナリオの再構築- ○川村邦男（大阪府大工）	30
S1-2.	生命の起源からゲノム機構解析へ- 進化工学の新しい潮流 (13:55-14:25) ○根本直人（ジェンコム）	31
	総合討論(14:25-14:45)	
休憩	14:45-15:00	
E.	分子進化・生物進化（1） 15:00-17:00	
座長	湯浅精二・島田秋彦	
29.	生命紀元物質「糖」，生命情報分子「糖鎖」 ○平林淳（帝京大薬）	33
30.	膜脂質と生命の起源 ○根本直樹，山岸明彦，大島泰郎（東薬大生命）	34
31.	リン酸水素2アンモニウム存在下におけるトリプトファナーゼのトリプトファン合成反応 ○島田秋彦（筑波大応用生物化学）	35
32.	ポリtRNA学説から見た原初代謝系の進化と認知的生命の起源-D-3-phospho-glycerate transportor protein を巡って ○大西耕二，首藤洋，保莉正憲，澤田淳（新潟大理）	36
33.	ポリtRNA構造から見たゲノムの起源と進化 ○澤田淳，首藤洋，保莉正憲，大西耕二（新潟大理物）	37
34.	先カンブリア紀理論的単細胞膜型での細胞サイズの制限 ○横尾広光（杏林大保）	38
35.	始生代後期（約25億年前）の有機質頁岩の炭素・窒素同位体変動と生物活動 ○奈良岡浩（都立大理）	39
36.	ホスファターゼ活性に基づく生命探査法の基礎的検討 ○垣内秀明（横浜国大工），河崎行繁（三菱化学生命研），石川洋二（大林組）， 小林憲正（横浜国大工）	40
総会	17:00-18:00	
懇親会	18:00-20:00	

3月16日(木)

F. 分子進化・生物進化(2) 9:45-12:00

座長 後藤公彦・長谷川典巳

37. 遺伝学的差異の比較, 検討
○西岡太郎, 山本隆史, 大高勝彦, 大矢雅則(東京理科大学) ----- 41
38. 系統樹によるHIVの符号構造の解析
○和田孝元, 足立雅之, 大矢雅則(東京理科大学) ----- 42
39. tRNAの3'末端に存在するCCA構造の役割
田村浩二(理研), ○長谷川典巳(山形大学・宇宙研) ----- 43
40. 古細菌トレオニル-tRNA合成酵素によるtRNA^{Thr}の識別位塩基の認識
石倉和秀, 横澤潤二, 榎原琢哉, 廣嶋康生, 久野敦(山形大学), ○長谷川典巳
(山形大学・宇宙研) ----- 44
41. D-β-Asp特異抗体を用いた水晶体・皮膚中でのD-β-Asp含有タンパク質の分布に関する研究
○藤井紀子, 下岡正志, 広木孝典, 松本さわこ, 赤星光彦(京大・原子炉) ----- 45
42. 希土類元素による酵素作用の失活について
○赤星光彦, 田中愛子, 河合健一, 藤井紀子(京大原子炉) ----- 46
43. 金属イオン存在下における希土類元素の細胞性粘菌への効果
○隅野照家, 高田実弥, 川本圭造, 田中愛子, 河合健一, 赤星光彦(京大原子炉) ----- 47
44. せんたい類における希土類元素の分布
○川本圭造, 高田実弥, 田中愛子, 赤星光彦(京大原子炉) ----- 48
45. ニューラルネットワーク様階層社会形成に基づく認知的生物機械の創成と進化的自己改良
○神辺大樹, 大西耕二(新潟大学) ----- 49

昼食 12:00-13:20

S2. 公開シンポジウム 「原始環境からみた生命の起源・進化」(13:20-16:00)

座長 小林憲正・柳川弘志

趣旨説明 小林憲正(13:20-13:30)

- S2-1. 星間物質と生命起源物質との関連に関する考察(13:30-14:00)
○大石雅寿(国立天文台) ----- 51
- S2-2. 安定同位体地球化学から見た初期地球における生物活動とその進化
- 地球表層環境変化と生物進化との連動-(14:00-14:30)
○掛川 武(東北大学) ----- 52
- S2-3. 地球最古(35億年前)バクテリア化石と生息環境(14:30-15:00)
○磯崎行雄(東大院総合文化) ----- 53
- S2-4. 好熱菌の比較生化学からみた生命の初期進化(15:00-15:30)
○山岸明彦(東薬大生命) ----- 54

総合討論 (15:30-16:00)

一 般 講 演

化学進化 (1 ~ 2 1)

分子進化 (2 2 ~ 2 8)

宇宙線および紫外線による星間塵環境下での生体有機物生成の検証
Verification of Biorganic Formation
in Interstellar Dust Environments by Cosmic-Rays or UV Irradiation

潮賢太郎, 増田仁美, 金子竹男, ○小林憲正(横浜国大工),
橋本博文(筑波大機能工学), 斉藤威(東大宇宙線研)

Kentaro Ushio, Hitomi Masuda, Takeo Kaneko, Kensei Kobayashi
(Department of Chemistry and Biotechnology, Yokohama National University),
Hirofumi Hashimoto(Tsukuba University), Takeshi Saito(ICCR, University of Tokyo)

【緒言】地球上での生命の誕生には生体有機物の起源については地球起源説と地球起源説が唱えられてきた。近年、原始地球大気が従来考えられていたほど還元的ではないと考えられるようになってきたが、このような還元性の弱い大気からは有機化合物は生成しにくい。一方、地球圏外にも様々な有機物が存在することが知られるようになってき、特に彗星、隕石や惑星間塵は地球上に多量の有機物をもたらしたと考えられている。これらの有機物は星間塵アイスマントル中で生成したと推定される。しかし、星間塵環境下で、どのようなエネルギーによりどのような有機物が生成するのか、とりわけ、アミノ酸などの生体有機物は生成可能か、などについては定量的な議論は少ない。われわれは星間塵アイスマントル中に存在すると考えられる物質に種々の放射線や紫外線を照射し、アミノ酸などの有機物生成物の生成に関する定量的議論を行った。

【実験】容積約400mLのPyrex容器にCO (350Torr)、NH₃ またはN₂ (350torr)、H₂O (20torr) を封入し、重水素ランプ(浜松ホトニクスL1835; MgF₂窓付)からの紫外線、60CO線源(東京大学)からのγ線、もしくはvan de Graaff加速器(東京工業大学)からの3 MeV陽子線を照射した。生成物は加水分解後、陽イオン交換HPLC法、GC/MSにより分析した。また、より星間塵環境下に近い、低温、高真空条件下での反応を調べるため、クライオスタット中でHe循環式冷凍機により約10Kに冷却した基板にCO-NH₃またはCO-NH₃-H₂Oの混合気体を吹き付けて凍結し、この氷に重水素ランプからの紫外線を照射した。

【結果・考察】NH₃を含む混合気体に陽子線または紫外線照射した場合、グリシンを始めとして多くのアミノ酸の生成が確認された。グリシンのG値(100eVあたりの生成分子数)は、紫外線で 2×10^{-2} 、γ線および陽子線で 8×10^{-2} なり、紫外線の方が若干低い値ではあったが、宇宙線・紫外線の両者がアミノ酸の生成に有効であることがわかった。しかし、窒素源をN₂にした場合、紫外線ではアミノ酸の生成は確認されなかった。

固体および気体の同一出発原料に陽子線を照射した場合、固体でのアミノ酸のG値は気体でのG値よりも約2桁低いことが報告されている[1]。今回、同様の固体の出発材料への紫外線照射を試みたが、種々の制約から50J程度の照射しかできず、有意量のアミノ酸の検出はできなかった。今後、氷の作成法、照射法などの改善を行い、模擬星間塵アイスマントルの紫外線照射による有機物の生成について調べていく予定である。

今回の結果、および放射光を用いた実験[2]の結果から、紫外線による有機物の無生物生成はその波長に強く依存し、波長の短い光ほど有用であることが示唆された。しかし、地上では光源および窓の制約のため、波長110nm以下の極端紫外光の照射が困難である。宇宙環境では太陽光中の極端紫外光成分を窓材なしで利用できるため、国際宇宙ステーション(ISS)の日本実験モジュール(JEM)曝露部上で「模擬星間塵」への太陽紫外線照射実験を計画中である。

なお、本研究は宇宙開発事業団、(財)日本宇宙フォーラムが推進している「宇宙環境利用に関する地上研究公募」プロジェクトの一環として行ったものである。

[1] 笠松ほか, 地球化学, 31, 181 (1997). [2] 高橋ほか, *Viva Origin*, 28, 7 (2000).

2

宇宙ステーション曝露部における無生物的な生体有機物生成の検証実験

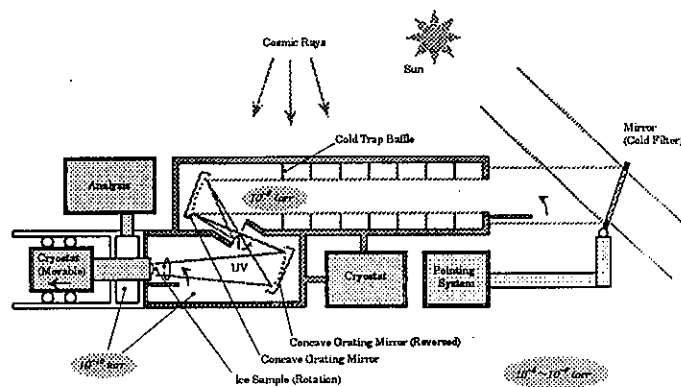
Verification Experiment of Abiotic Formation of Bioorganic Compounds on Exposed Facility of Space Station

○ 橋本博文 (筑波大機能工学)、潮賢太郎、金子竹男、小林憲正 (横浜国大工)、石川洋二 (大林組)、大島泰郎 (東京薬科大)、香内 晃 (北大低温研)、齊藤 威 (東大宇宙線研)、山下雅道 (宇宙研)、A. Brack (CNRS)、L. Colangeli (Capodimonte AO)、J. M. Greenberg (Leiden Univ.)、G. Horneck (DLR)、R. Navarro-Gonzalez (Mexico Nat'l Auton. Univ.)、F. Raulin (Paris Univ.)

○ H. Hashimoto (Tsukuba Univ.)、K. Ushio、T. Kaneko、K. Kobayashi (Yokohama National Univ.)、Y. Ishikawa (Obayashi Corp.)、T. Oshima (Tokyo Univ. of Pharmacy and Life Science)、A. Kouchi (ILTS, Hokkaido Univ.)、T. Saito (ICRR, Tokyo Univ.)、M. Yamashita (ISAS)、A. Brack (CNRS)、L. Colangeli (Capodimonte AO)、J. M. Greenberg (Leiden Univ.)、G. Horneck (DLR)、R. Navarro-Gonzalez (Mexico Nat'l Auton. Univ.)、F. Raulin (Paris Univ.)

模擬宇宙環境下での有機物の合成・分解実験から、星間塵環境下で単純な化合物に宇宙線や紫外線を照射することによりアミノ酸前駆体などの有機物が生成することが示唆された。しかし、この地上での実験条件は紫外線、高エネルギー粒子、高真空、微小重力などの多様な要素が同時にはたらく実際の宇宙空間とは異なり、宇宙空間での有機物の生成を直接的に示すためには宇宙実験が不可欠である。国際宇宙ステーション (ISS) 上の日本実験モジュール (JEM) 曝露部はこのような実験を実施する条件を備えている。そこで、この実験 CEEO (Cosmobiology Experiments in Earth's Orbit) のための生体有機物生成検証装置の概念設計を行い、実験に必要な光学系や冷却系の構成とそれらの仕様及び、JEM へのインターフェイス要求を明らかにした。

CEEО の目的は「宇宙空間での生体有機物の無生物的生成の検証」であり、宇宙環境を利用する主な利点として、太陽からの強い紫外線連続スペクトルと一次宇宙線を容易に利用することができるということである。これを前提にすると、星間塵を模した「氷」を作り、それを太陽紫外線または宇宙放射線に曝露し、生じた有機物の分析を行う、という実験概念が規定される。この概念に基づき実験装置の設計を行うと下図のようになる。このような太陽紫外線照射システム的设计により、実験の要求仕様をほぼ満たすことが確認できた。このシステムを用いた実験装置による圏外生物学実験を地球軌道上の国際宇宙ステーション JEM 曝露部利用実験の候補として提案する。なお、本研究は宇宙開発事業団、(財) 日本宇宙フォーラムが推進している「宇宙環境利用に関する地上研究公募」プロジェクトの一環として行ったものであることを付記する。



Experimental System for CEEO

3

陽子線照射による二酸化炭素・一酸化炭素・窒素・水混合気体からの有機物の生成

Formation of Organic Compounds from Mixtures of Carbon Dioxide, Carbon Monoxide, Nitrogen and Water by Proton Irradiation

○大橋暁弘, 山梨洋人, 増田仁美, 金子竹男, 小林憲正 (横浜国大工), 斉藤威 (東大宇宙線研)
Akihiro Ohashi, Hiroto Yamanashi, Hitomi Masuda, Takeo Kaneko and Kensei Kobayashi
(Department of Chemistry and Biotechnology, Yokohama National University)
Takeshi Saito (ICRR, University of Tokyo)

【緒言】原始地球上での生命の誕生に先駆け、種々の生体有機物が無生物的に生成されたと考えられる。原始地球大気は CO_2 , CO , N_2 , H_2O などからなる弱還元型と考えられているが、その組成は頭かではない。われわれはこれまでに CO , N_2 , H_2O を含む混合気体から高エネルギー粒子線などによりアミノ酸[1]やウラシル[2]が容易に生成することを報告してきた。本実験では種々の組成の CO_2 , CO , N_2 , H_2O の混合気体に陽子線照射し、生成物中の HCN , HCHO , アミノ酸, ウラシルの生成量が気体組成によりどのように変化するかを調べ、実際の原始地球環境下での生体有機物が生成する可能性について考察した。

【実験】Pyrex製の容器に N_2 (140 Torr または350 Torr)及び種々の混合比の CO_2 , CO , および純水 20 mLを封入した。炭素源+窒素は700 Torrに固定した。これらの混合気体に van de Graaff 加速器 (東京工業大学) からの高エネルギー陽子線 (3 MeV, 2 mC) を照射した。生成物は、シアン電極法で全シアン (CN_{total}) を、4-ピリジナルボン酸-ピラゾロン吸光度法により遊離 CN^- (CN_{free}) を、2,4-ジニトロフェニルヒドラジン誘導体化-逆相HPLC法で HCHO ($\text{HCHO}_{\text{free}}$) を定量した。 $\text{CN}_{\text{total}} - \text{HCHO}_{\text{free}} = \text{HOCH}_2\text{CN}$, $\text{HCHO}_{\text{free}} + \text{HOCH}_2\text{CN} = \text{HCHO}_{\text{total}}$ とした。また試料を加水分解後、陽イオン交換HPLC法でアミノ酸を、逆相HPLC法でウラシルを定量した。

【結果と考察】 Fig. 1(a)に N_2 分圧350 Torrの時の、(b)に N_2 分圧140 Torrの場合の種々の有機物の生成量を示す。 $\text{CO} < \text{N}_2$ の場合にはアルデヒドよりもシアンが、逆の場合はシアンよりもアルデヒドが生成しやすいが、シアン+アルデヒドの合計は概ね一酸化炭素分圧に比例することがわかった。アミノ酸の生成量は $\text{CO} < \text{N}_2$ の時、 CO 分圧に比例して増加するが、 $\text{CO} > \text{N}_2$ の場合にはほぼ一定になることが示された。一方、ウラシルの生成量は CO/CO_2 比が下がると急激に減少することが示唆された。

以上の結果より、 CO_2 は有機物の生成反応にあまり関与せず、 CO , N_2 の分圧がアミノ酸等の有機物生成に重要であることが示された。また、アミノ酸の生成量が溶液中のシアンとアルデヒドの比に依らず、 CO , N_2 分圧にのみ依存することは、本系では溶液中でのシアン・アルデヒドの反応によりアミノ酸が生成するのではなく、気相中でアミノ酸前駆体が直接生成するという仮説[3]を支持するものである。今後、想定される原始地球大気組成での実験を行ない、原始地球上での有機物の生成量の推定を行っていく予定である。

[1] Kobayashi et al., *OLEB*, **28**, 155 (1998), [2] Kobayashi and Tsujii, *Chem. Lett.*, **1997**, 903.

[3] Kobayashi et al., *Adv. Space Res.*, **24**, 461 (1999).

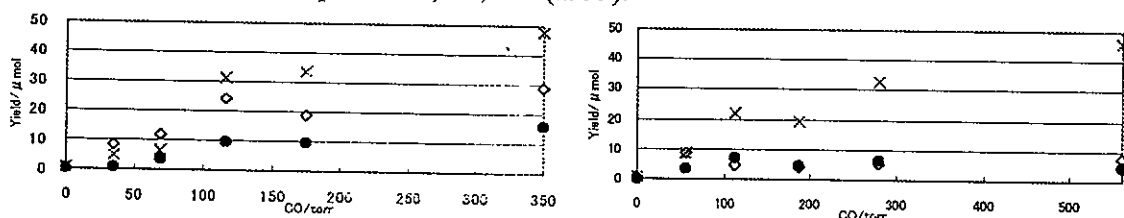


Fig. 1. Yields of products vs. Partial pressure of glycine. (a) $\text{CO} + \text{CO}_2 = 350$ Torr, $\text{N}_2 = 350$ Torr; (b) $\text{CO} + \text{CO}_2 = 560$ Torr, $\text{N}_2 = 140$ Torr. \diamond CN_{total} , \times $\text{HCHO}_{\text{total}}$, \bullet Glycine.

4

火花放電・陽子線照射によって模擬惑星大気中に生じる プラズマの分光診断

Spectroscopic Diagnosis of Plasma Formed in Simulated Planetary Atmospheres by Spark Discharge or Proton Irradiation

○坂上恵一郎, 松井孝典, 杉田精司 (東大理)

小林憲正, 潮賢太郎, 大橋暁弘 (横浜国大工)

Keiichiro Sakagami, Takafumi Matsui and Seiji Sugita

Faculty of Science, University of Tokyo

Kensei Kobayashi, Kentaro Ushio and Akihiro Ohashi

Faculty of Engineering, Yokohama National University

原始地球上でどの様にして無生物的に生命前駆物質が合成されたのかを検証するために、原始地球環境を模擬した条件下で様々な有機物合成実験がなされてきている。例えば原始地球大気を模擬した混合ガス中で火花放電や陽子線照射を行うと種々のアミノ酸が生成されることが確認されている。これまでの研究では出発物質として様々な組成の混合ガスを与え、それに放電などのエネルギーを加えることによって最終的に生成される有機物を確認してきた。しかしどのような過程を経て原始大気から有機物が生成されるにいたるかその反応のプロセスは明らかにされていない。そこで本研究では原始地球上での有機物の生成過程を調べるために、火花放電や陽子線によって生じるプラズマ中の発光種を分光器を用いてその場分光観測した。

出発物質として原始地球型大気を模したCO-N₂-H₂O混合ガス、およびタイタン型大気を模したCH₄-N₂-H₂O混合ガスを用いた。火花放電や陽子線照射によって生じるプラズマ中の発光種、およびエネルギー状態、発光スペクトルの時間変化を調べるため、それぞれの模擬惑星大気について発光分光分析を行った。スペクトルが時間とともに明確に変化していったのはタイタン型大気中で火花放電を行ったときだけであった。火花放電ではどちらのガス組成でもCNラジカルが、陽子線照射ではN₂⁺が発光強度が最も強かった。火花放電と陽子線照射とではたとえ出発物質が同じでも発光種が異なること、また生じるプラズマの内部エネルギー状態も異なることがわかった。

5 陽子線照射による二酸化炭素・一酸化炭素・窒素・水混合気体からの有機物の生成

Formation of Organic Compounds from Mixtures of Carbon Dioxide, Carbon Monoxide, Nitrogen and Water by Proton Irradiation

○大橋暁弘, 山梨洋人, 増田仁美, 金子竹男, 小林憲正 (横浜国大工), 斉藤威(東大宇宙線研)
Akihiro Ohashi, Hiroto Yamanashi, Hitomi Masuda, Takeo Kaneko and Kensei Kobayashi
(Department of Chemistry and Biotechnology, Yokohama National University)
Takeshi Saito (ICRR, University of Tokyo)

【緒言】原始地球上での生命の誕生に先駆け、種々の生体有機物が無生物的に生成されたと考えられる。原始地球大気はCO₂, CO, N₂, H₂Oなどからなる弱還元型と考えられているが、その組成は顕かではない。われわれはこれまでにCO, N₂, H₂Oを含む混合気体から高エネルギー粒子線などによりアミノ酸[1]やウラシル[2]が容易に生成することを報告してきた。本実験では種々の組成のCO₂, CO, N₂, H₂Oの混合気体に陽子線照射し、生成物中のHCN, HCHO, アミノ酸, ウラシルの生成量が気体組成によりどのように変化するかを調べ、実際の原始地球環境下での生体有機物が生成する可能性について考察した。

【実験】Pyrex製の容器にN₂ (140 Torr または350 Torr)及び種々の混合比のCO₂, CO, および純水 20 mLを封入した。炭素源+窒素は700 Torrに固定した。これらの混合気体に van de Graaff加速器 (東京工業大学) からの高エネルギー陽子線(3 MeV, 2 mC)を照射した。生成物は、シアン電極法で全シアン(CN_{total})を、4-ピリジンカルボン酸-ピラゾロン吸光光度法により遊離CN⁻ (CN_{free})を、2,4-ジニトロフェニルヒドラジン誘導体化-逆相HPLC法でHCHO (HCHO_{free})を定量した。CN_{total} - HCHO_{free} = HOCH₂CN, HCHO_{free} + HOCH₂CN = HCHO_{total} とした。また試料を加水分解後、陽イオン交換HPLC法でアミノ酸を、逆相HPLC法でウラシルを定量した。

【結果と考察】 Fig. 1(a)にN₂分圧350 Torrの時の、(b)にN₂分圧140 Torrの場合の種々の有機物の生成量を示す。CO < N₂ の場合にはアルデヒドよりもシアンが、逆の場合はシアンよりもアルデヒドが生成しやすいが、シアン+アルデヒドの合計は概ね一酸化炭素分圧に比例することがわかった。アミノ酸の生成量はCO < N₂ の時、CO分圧に比例して増加するが、CO > N₂ の場合はほぼ一定になることが示された。一方、ウラシルの生成量はCO/CO₂比が下がると急激に減少することが示唆された。

以上の結果より、CO₂は有機物の生成反応にあまり関与せず、CO, N₂の分圧がアミノ酸等の有機物生成に重要であることが示された。また、アミノ酸の生成量が溶液中のシアンとアルデヒドの比に依らず、CO, N₂分圧にのみ依存することは、本系では溶液中でのシアン・アルデヒドの反応によりアミノ酸が生成するのではなく、気相中でアミノ酸前駆体が直接生成するという仮説[3]を支持するものである。今後、想定される原始地球大気組成での実験を行ない、原始地球上での有機物の生成量の推定を行っていく予定である。

[1] Kobayashi et al., *OLEB*, **28**, 155 (1998), [2] Kobayashi and Tsujii, *Chem. Lett.*, **1997**, 903.

[3] Kobayashi et al., *Adv. Space Res.*, **24**, 461 (1999).

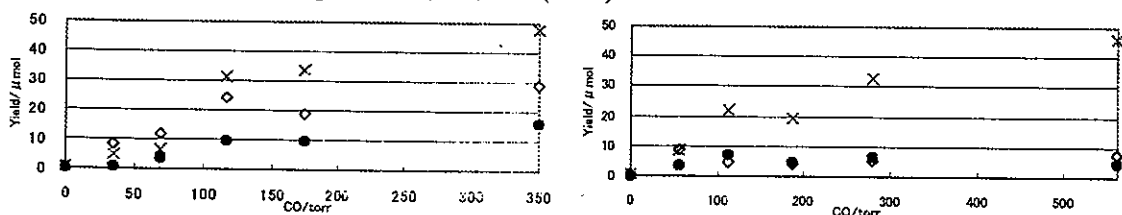


Fig. 1. Yields of products vs. Partial pressure of glycine. (a) CO+CO₂ = 350 Torr, N₂ = 350 Torr; (b) CO+CO₂ = 560 Torr, N₂ = 140 Torr. ◇ CN_{total}, × HCHO_{total}, ● Glycine.

6

光励起水和電離による化学進化 Chemical Evolution through Hydration-Assisted Photoionization of Solute Molecules

豊沢 豊 (杉並区和泉3-42-14)

Yutaka Toyozawa

生体高分子が水圏・大気圏での準安定状態として持つ化学エネルギーが1原子当たり太陽光子の平均的エネルギーと同程度であること、生命活動と生物進化の数十億年に亘る持続性などから、これらの高分子は太陽光照射下の原始スープから virtual molecule を中間状態とする多段光化学反応により創成され、それを通してすべての生命活動と進化とが(直接・間接に)太陽光により駆動されてきたと我々は考える。このシナリオに基づき、各段階での光→化学エネルギー転換が効率的に進むためには、次段階の光吸収まで生き残るのに有利な特に長寿命の励起状態だけが(太陽光の連続スペクトルの中から)選ばれるという厳しい自然選択機構が化学進化の冒頭から働き始めたこと、これが生体高分子の特異な構造の原因であることを前回に報告した。今回はこの光化学反応の推進力として水和効果の果たす重要な役割を指摘し、このシナリオが十分の現実性を持つことを示す。

Miller等の放電による生体低分子の合成実験は、出発点となる非生物分子のイオン化が反応促進に重要であることを示唆する。しかし実験に用いられた数百Vの電圧に比し太陽からの光子エネルギーは高々5 eVと遥かに小さく、8.3 eVに基礎吸収を持つ水を直接イオン化することはできない。一方、原始水溶液中の種々の非生物溶質分子(Mと記す)には太陽光を吸収するものがあり、光励起後は電子の結合エネルギーが小さくなるため、高誘電率を持つ水の強い溶媒和効果によって電子と分子イオン M^+ とに電離する可能性が高い(食塩が水に溶解すると直ちに正負イオンに電離するのは水和エネルギーがイオン結晶の結合エネルギーを上回るためであることを想起しよう)。分子イオン M^+ は隣接水分子の O^2- 部分を近くに引付けるため、次の光子によりOイオンの1電子が励起されてMの空いた分子軌道にもどり、Oイオンが1価になってボンドを切られた H^+ イオンが水和によって電離することが考えられる。すなわち2段光化学反応により化合物 MOH と水和電子、水和プロトンが作られる。更に第3の光子を吸収すれば電子が再びMからOに戻り、 M^+ と OH^- とに水和電離することが可能であろう。以上3段の光化学反応により作られたものは M^+ 、水和電子、 H^+ 、 OH^- であり、前2者が合体してMに戻れば、Mを触媒とする3段光化学反応により水分子が H^+ と OH^- とに電離したことになる。

このように溶質分子、溶媒分子が電離すれば化学反応が容易に進行し種々の生体低分子が作られるであろう事は、Miller等の実験からも容易に想像される。但し太陽光の場合は溶質分子を反応物または触媒とする多段光吸収によって化学反応が進むのであり、中間状態の寿命と地表の太陽光強度を考え併せると、生体低分子ですらその生成に極めて長年月が必要であったと推算される。生体低分子がさらに生体高分子に成長するためには脱水縮合が必要であるが、これも上記に類似の光励起水和と電離効果により、低分子から H^+ や OH^- が分離することで達成されたのではないだろうか。水の特異な誘電的構造が生命の誕生に果たした役割は極めて大きいと思われるが、他にも2、3その例を挙げよう。

7 シアン化アンモニウム溶液の凍結濃縮により得られる複素環化合物

Heterocyclic Compounds Produced in Frozen Ammonium Cyanide Polymerization

宮川 伸 (横浜国立大学工)

Shin MIYAKAWA (Faculty of Engineering, Yokohama National University)

Stanley L. Miller (Dept. of Chem. and Biochem., Univ. of California, San Diego)

RNA の構成分子であるアデニンは、高濃度のシアン化アンモニウム溶液を加熱し、得られた重合物を酸加水分解することにより得られる [1]。シアン化水素重合の場合、その溶液が 0.1 M 未満になると重合物は形成されなくなる [2]。原始海洋中のシアン化水素の濃度は 10^{-5} M 以下であったと考えられているので [3]、もしアデニンがシアン化水素重合により誕生したのなら、低濃度のシアン化水素溶液を濃縮する機構が原始地球上に存在したはずである。

低温下での共融点を利用した濃縮方法は有効であったに違いない。例えば、食塩水を冷却していくと、先に水が氷となり、残りの食塩水の濃度は高くなっていく。シアン化水素溶液の場合、共融温度は -22°C で、共融化合物中のシアン化水素濃度は 75 wt% におよぶ [4]。Sanchez らは 0.01 M のシアン化水素と 0.005 M のアンモニアの溶液を 3 種類用意し、 25°C 、 0°C 、 -22°C にそれぞれ 3 日間保ったところ、 -22°C のサンプルからのみシアン化水素の四量体である diaminomaleonitrile が検出されたと報告している [5]。

共融点を利用した濃縮方法は、化合物が加水分解されにくいという点で、干潟など蒸発を利用した濃縮方法より優れている。シアン化水素溶液の pH 8 における半減期は、 0°C で 7,000 年であるが、 50°C になると 0.5 年と激減する [3]。

本研究では、0.1 M のシアン化アンモニウム溶液を -78°C に 27 年間保った結果得られた重合物中にどのような複素環化合物が存在するか調べ、共融点を利用した濃縮方法の有効性に関して考察した。

[1] J. Oro, *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 2 (1960) 407-412.

[2] J. P. Ferris et al., *J. Mol. Evol.* 11 (1978) 293-311.

[3] R. Stribling and S. L. Miller, *Origins Life* 17 (1987) 261-273.

[4] S. L. Miller and L. E. Orgel, *The Origins of Life on the Earth* (PRENTICE-HALL, INC. New Jersey, 1974).

[5] R. Sanchez, J. Ferris and L. E. Orgel, *Science* 153 (1966) 72-73.

進化フローリアクターでのアラニンの重合とグリシンの触媒作用 Catalytic Capability of glycine in Oligomerization of Alanine in an Evolutionary Flow Reactor

尾形嘉昭, 今井栄一, 本多 元, 羽鳥晋由, 松野孝一郎
(長岡技術科学大学・生物系)

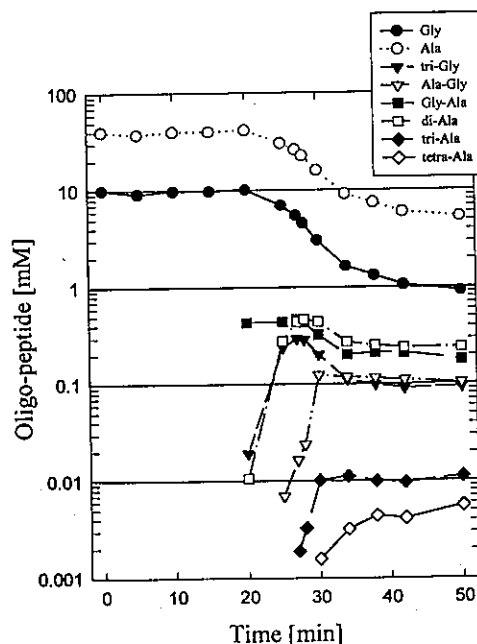
Y. Ogata, E. Imai, H. Honda, K. Hatori, K. Matsuno
(Department of BioEngineering, Nagaoka University of Technology)

海底熱水噴出孔近傍の熱水環境を模倣した進化フローリアクターは開放系で高温環境がノズルを解して低温環境と接し、200~250℃の熱水が 0℃の低温環境下へ噴出され急速に冷却される。

進化フローリアクターにおいてグリシンを出発反応物質とした時に、ジケトピペラジン、グリシン2量体、3量体が生成され、反応の初期段階では反応生成物の生成量が時間の経過に対して指数関数的に増大することを既に確認した。そこでグリシン以外のアミノ酸、ここではL-アラニンを加えた2種類のアミノ酸を出発反応物質として、実験を行った。

グリシン、L-アラニンを出発反応物質としたときの反応生成物は多種に渡り、グリシンやL-アラニンの2量体、3量体の他に、Ala-Gly, Gly-Ala や Gly-Ala-Ala, Ala-Gly-Gly などのオリゴマーが認められた。

L-アラニンの濃度を一定にし、グリシンの添加量を変化させた時、Ala:Glyが4:1のときにL-アラニン4量体の生成量が增大した。また反応の初期段階でL-アラニン2量体、3量体、4量体の生成量が時間経過と共に指数関数的に増大した。このとき、L-アラニン3量体、4量体の生成はL-アラニン2量体の指数関数的増大に遅れて開始された。さらにグリシル L-アラニン、L-アラニルグリシンの生成量の減少時期とも一致した。このことからグリシンはグリシル L-アラニンまたは L-アラニルグリシンの生成を経て、L-アラニン3、4量体の誘導体として機能する可能性が示唆される。



Time course of the reaction yields for the reaction fluid containing 40mM Alanine and 10mM Glycine at pH 2.5.

9

Construction of a Supercritical Water flow Reactor to Simulate the Submarine Hydrothermal System

○Md. Nazrul Islam, Takeo Kaneko, Kensei Kobayashi
Department of Chemistry and Biotechnology, Yokohama National University

Organic compounds can be produced easily in the reducing conditions, but hardly in non-reducing conditions. Nowadays, primitive earth atmosphere is supposed to be non- or only mildly-reducing. Submarine hydrothermal vents (SHVs) preserves, however, reducing environments even in the present oxidizing earth environments. A number of studies have been done to synthesize organic compounds in simulate hydrothermal vent systems, but closed furnaces were used in most of the studies [1]. Actual hydrothermal vents can be considered flow reaction systems, where sea water can be heated over the supercritical point. So we constructed a supercritical water flow reactor to search the possible formation of clues essential for the Origin of life in SHVs.

Construction of experimental set-up is shown in Fig.1. It consists of the following parts. Aqueous solution containing starting materials are pumped into an infrared gold image furnace (IF), where the solution can be heated over the critical temperature within a few seconds. Temperature inside the reaction tube (RT) can be monitored with thermocouples (tc2). Pressure inside the tube is controlled with a back pressure regulator (BPR) independently from the temperature. The heated sample is quenched in a cold bath (CB).

One hundred μL of 10mM glycine solution was heated at 200, 250, 300, 350 and 400°C for 2 min, and then quenched at 0°C. The starting solution was bubbled with either pure N_2 gas or a mixture of 1% H_2 and 99% N_2 : The latter was used to set H_2 fugacity close to the actual SHVs. The recovery ratio of glycine when H_2/N_2 gas mixture was used was higher than that when pure N_2 was used. More glycine was found when the product was acid-hydrolyzed. These results show that red-ox condition in the flow system is important to consider the stability of organic compounds in SHVs, and that condensates of glycine can be formed even when the solution was heated over the supercritical point of water (374°C).

Further studies on abiotic formation and alteration of organic compounds with the present system is in progress.

[1] H. Yanagawa and K. Kobayashi, *Origins Life Evol. Biosphere*, 22, 147 (1992).

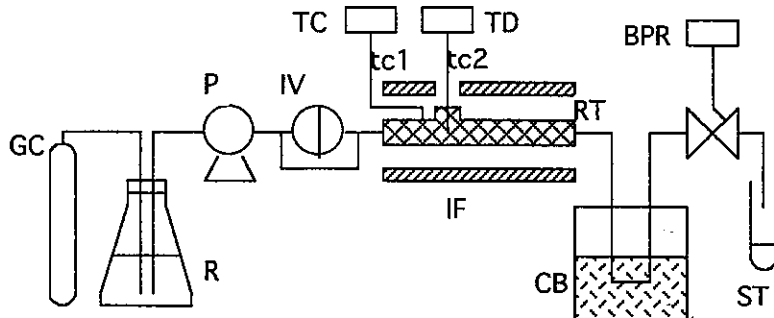


Fig. 1. Supercritical water flow reactor simulating submarine hydrothermal vents.

GC: Gas cylinder, R: carrier reservoir, P: HPLC pump, IV: injection valve, IF: infrared gold image furnace, RT: reaction tube, TC: temperature controller, TD: temperature display, tc1 and 2: thermocouples, BPR: back-pressure regulator, CB: cold bath, ST: sampling tube.

模擬海底熱水環境下でのAMPの重合

Oligomerization of Adenosine Monophosphate in a Simulated Hydrothermal Environment

小笠原宏, 吉田 歩, 今井栄一, 本多 元, 羽鳥晋由, 松野孝一郎
(長岡技術科学大学・生物系)

H. Ogasawara, A. Yoshida, E. Imai, H. Honda, K. Hatori, K. Matsuno
(Department of BioEngineering, Nagaoka University of Technology)

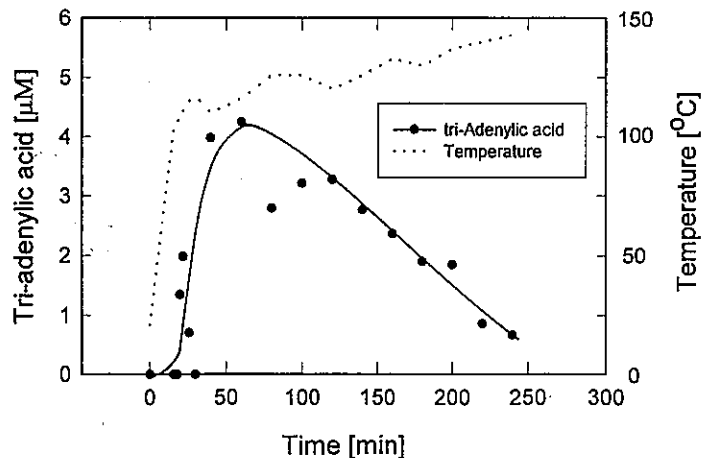
進化フローリアクターは模擬海底熱水環境を実験室に実現した。高温環境と熱水を低温の環境下に噴出させることで得られる急冷を特徴とする。この進化フローリアクターを用いて核酸の重合を試みた。

実験はアミノ酸の重合実験方法を踏襲してはいるものの、高温環境でのAMPの分解を防ぐため、低い温度領域で実験を行った。圧力は24MPa一定とした。出発反応物質として20mM アデニル酸に鉛イオン、亜鉛イオンなどの金属イオンを添加し、110°Cから130°C、pH2.0~3.0の条件で行った。生成物の評価は陰イオン交換カラムによるHPLCで行い、生成物と標準物質の溶出時間を比較し、さらにPhosphodiesterase IおよびNuclease P₁で酵素処理し、3'および5'結合を切断し、対象とするピークが消滅するのを確認した。

反応出発物質としてアデニル酸20mM、ZnCl₂を1mMの濃度とし、ピロニン酸でpHを2.0に調整したものを用いた。

アデニル酸の3量体は運転開始後、およそ30分経過した後に生成が認められた。このときの生成量は最大4μMであった。その後、時間の経過と共に減少した。

アミノ酸の重合に適した温度領域に比べて、核酸の場合は低い温度領域に最適な条件が存在した。原始地球上の熱水環境下においても核酸の重合が進んだ可能性があることを本実験より明らかにした。



Time course of the reaction yields for the reaction fluid containing 20mM AMP and 1mM ZnCl₂ at pH 2.0. Dotted line is the temperature of the high-temperature, high-pressure chamber.

海底熱水環境下でのリポソームの前生物的生成 Prebiotic Synthesis of Liposome in Hydrothermal Environments

佐藤道子, 今井栄一, 本多 元, 羽鳥晋由, 松野孝一郎
(長岡技術科学大学・生物系)

M. Sato, E. Imai, H. Honda, K. Hatori, K. Matsuno
(Department of BioEngineering, Nagaoka University of Technology)

脂質の前生物的生成は細胞前駆体としてのリポソームの出現に対して大きな役割を果す。脂質そのものの出現に至る化学進化経路には未知の部分が多いが、その組成成分より二酸化炭素と水から Fischer-Tropsch 反応を経て生成されてくる道筋が考えられる。その反応の成否を握るのは、二酸化炭素と水から果して蟻酸(HCOOH), 酢酸(CH₃COOH)という最も簡単な脂肪酸が生成されてくるか、である。

われわれは二酸化炭素と水とから蟻酸, 酢酸が果して生成されるかを熱水環境下で試みた。反応リアクターは図1に示す通りである。高温部に酸化銅/酸化亜鉛を配置し、その温度を約 1000°Cに保ったとき、蟻酸, 酢酸の生成が認められた。そのNMRによる同定結果を図2に示す。

蟻酸を出発物質に選ぶとき、炭素数が約30位までの脂肪酸(飽和, 不飽和の両方)の生成が180°Cの熱水環境下で可能であることが McCollon¹⁾等によって既に確認された。これとわれわれのここでの結果とを総合すると、海底熱水環境下で二酸化炭素から出発することにより、脂肪酸とそれからのリポソーム生成の可能性が開けてきた。

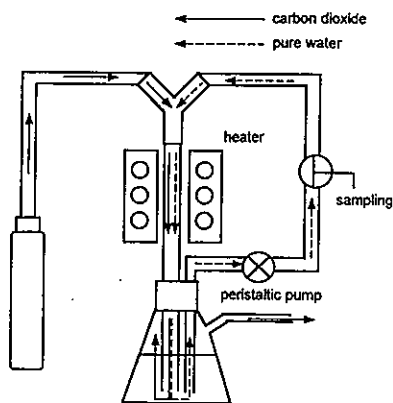


Fig.1 A schematic representation of a flow reactor simulating a hydrothermal environment.

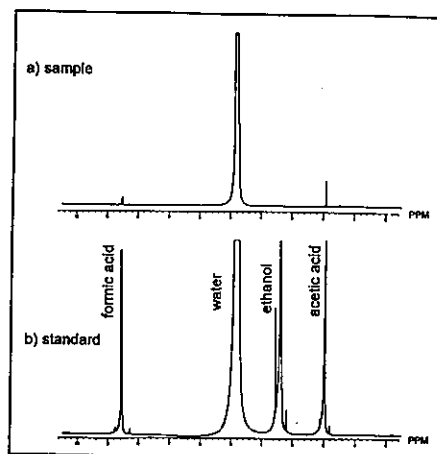


Fig. 2 ¹H NMR spectrum of the products (sample), in which standards of formic acid, water ethanol and acetic acid are also demonstrated.

1) McCollom, T. M., et al, Origins Life Evol. Biosphere 29, 153-166(1999).

水熱反応の高速追跡法を用いる種々の 2',5'-及び3',5'-ジヌクレオシドモノリン酸の加水分解反応速度論

Kinetics of hydrolysis of 2',5'- and 3',5'- dinucleoside monophosphate using a monitoring method for hydrothermal reactions

楓 千佳・川村 邦男 (大阪府立大学・工学部)

KAEDE Chika and KAWAMURA Kunio (Osaka Prefecture University)

1. 緒言 RNAは触媒機能と情報保持機能の両方をもつので、原始地球上において最初に遺伝情報を担った物質であると考えられている。また一方で、生命が誕生した環境は、高温の原始海水中であると考えられている。この二つの仮説が両方成り立っているかどうかを検討するためには、RNAの化学進化に関する反応について高温下で調べなくてはならない。当研究グループでは、流通式反応器を用いて水熱反応の速度を測定するための新しい方法を開発した¹⁾。本研究では、この方法を用いて 175~240 °Cの温度範囲において2',5'-及び3',5'-ジヌクレオシドモノリン酸(N²pN, N³pN)の加水分解反応を速度論的に研究した。

2. 実験 上記の方法を用いて、N²pNあるいはN³pNの加水分解反応を行った。反応は、0.2 mM NpN, 0.1 M NaCl, 0.05 M MgCl₂, 0.05 M イミダゾール (pH= 8), を含む溶液を調整し、温度は175~240 °Cで行った。生成物はHPLCで分析した。

3. 結果及び考察 反応生成物を分析した結果、NpNが分解し2'-ヌクレオシドモノリン酸(2'-NMP), 3'-NMP, 2',3'-cyclic NMP (N>p), およびヌクレオシドが生成することを確認した。また、N²pNとN³pNの間の相互転換も認められた。NpNの減少速度からこの反応の見かけの1次速度定数(k_{obs})を決定した。175~240 °Cでのk_{obs}は塩基によって異なり、例えば225°Cでは U²pU > G²pG > A²pA及びA³pA > U³pUの順に減少した。また、同じ塩基を持つNpNを比較すると、A³pAはA²pAよりk_{obs}が2~9倍大きく、U³pUはU²pUより3~4.5倍小さかった。アレニウスプロットから活性化エネルギーを計算した結果、74~121 kJ mol⁻¹であり、塩基がA及びUの場合はN²pNの方がN³pNよりも大きいことを知った。また高温ではk_{obs}の塩基及び結合の種類による差は小さくなった。これらの反応曲線からNpNの加水分解反応の機構は次のように考えられる。第1段階としてNpNはN>pとヌクレオシドに分解し、次にN>pから3'-NMPと2'-NMPが生成する。さらにこれらのリン酸基が脱離してヌクレオシドとなる。この機構はより低温で明らかにされたRNAの加水分解反応メカニズムと同様である。このモデルに基づいて反応曲線をSIMFIT²⁾で解析し、各段階の速度定数を決定した。その結果、NpNの加水分解反応の速度定数は相互転換反応の速度定数の5~10倍大きく、k_{obs}に対する寄与は主としてNpNからN>pとヌクレオシドが生成する過程によるものだと考えられる。

以上の結果に基づいて、高温水中でのRNAの化学進化について考察した。第1に、RNAワールドが高温下で成立するためには、RNAの自発的な生成速度がここに示した分解速度よりも大きくなければならなかったと考えられる。あるいは、RNAの分解を抑制する化学的メカニズムが必要だったであろう。また、ApAでは3',5'-結合の方が分解されやすいので、3',5'-結合を持つRNAが現在の生物で選ばれた理由を結合の安定性と直接結びつけることは難しい。

本研究は住友財団1998年度研究助成の支援を受けました。ここに謝意を表します。

(1) K. Kawamura, *Chem. Lett.*, **1999**, 125.

(2) A. Terfort, G. von Kiedrowski, *Angew. Chem. Int. Ed. Engl.*, **32**, 654 (1992).

無触媒下での紫外線照射によるL-アラニンの光重合反応

Photodimerization of L-alanine by UV irradiation without catalyst

田中真人、古結俊行、中川和道、山田享*、小貫英雄*(神戸大総合人間科学、電総研*)

Masahito Tanaka, Toshiyuki Koketsu, Kazumichi Nakagawa, Toru Yamada* and Hideo Onuki*

(Graduate School of Cultural Studies and Human Science, Kobe Univ., Electrotechnical Laboratory*)

[目的] アミノ酸がペプチド重合しタンパク質へと化学進化する過程は光によっていかなる条件で起きるのかを検証するために、電子技術総合研究所の電子蓄積リング NIJI-II に設置されている円偏光アンジュレーターを用いてL-アラニンの光重合、光分解反応を調べたので報告する。

[実験] 化学進化の舞台として、アミノ酸の固相系（真空状態、窒素雰囲気状態）と水溶液系（塩酸性 pH1~2、中性 pH5~6）を用意した。前者は原始地球の干潟で固化したアミノ酸や、彗星、隕石表面に凝固したアミノ酸の状態をモデル化し、後者は原始地球の強い酸性の海をモデル化したものである。照射波長は真空中の固相系では 50nm、170nm、203nm とし、その他の状態では 203nm(酸性水溶液では 208nm)とした。固相サンプルは真空蒸着法により作成した。膜厚および濃度は光学密度が 1 になるように調整した。真空中照射では左右円偏光と直線偏光を切り替えて照射を行い、その反応効率の差の測定を試みた。その他の状態では左円偏光のみを照射した。照射後サンプルを回収し、高速液体クロマトグラフィーで分析を行った(Fig.1)。

[結果、考察] その結果、L-アラニンペプチド 2 量体のピークが固相系（真空状態、窒素雰囲気状態）で光量に依存して検出された。生成量子効率 Φ (=生成分子数/吸収光子数) は 203nm 光照射の場合、真空中で約 5.0×10^{-5} 、窒素雰囲気中で約 1.4×10^{-5} (Fig.2) であった。真空中と窒素雰囲気では副生成物である水分子の引き抜き能力に差があるために、生成量子効率に違いがあらわれたと考えられる

50nm、170nm 光照射では $\Phi \approx 10^{-3}$ と決定した。50nm、170nm 光と 203nm 光照射では、生成物の生成量子効率が約数十倍異なる結果を得た。この詳細な原因は検討中である。左右円偏光と直線偏光による反応効率の違いは観測されなかった。水溶液系への照射では酸性、中性ともにL-アラニン二量体は検出されなかった。また、固相、水溶液共通して生成される照射生成物としてプロピオン酸が検出された。

アミノ酸光ペプチド重合の研究としては過去に脱水縮合剤を添加したアミノ酸水溶液への紫外線照射による重合反応などが報告されている。これと比較して、無触媒下では紫外線照射で固相のみに重合がおきたという今回の結果はアミノ酸の化学進化の研究に対して重要な知見を与えるものである。

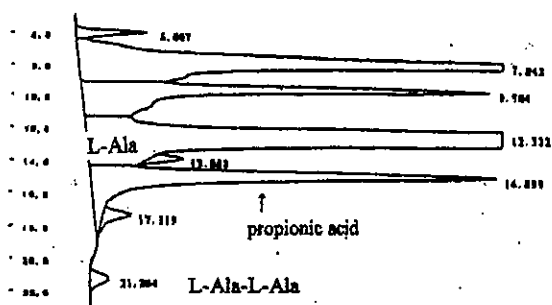


Fig.1 HPLC chromatogram of solid sample after 203nm irradiation

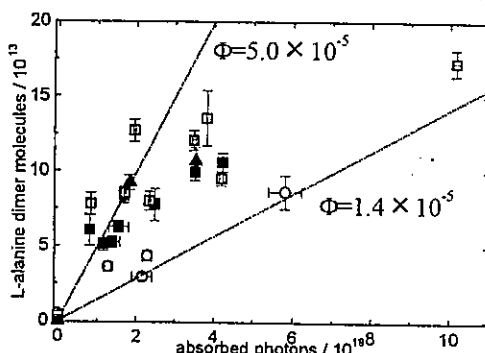


Fig.2 Correlation of L-alanine dimers after 203nm irradiation and absorbed photons by L-alanine ; ■LCPL □RCPL ▲LPL(in vacuum), ○LCPL in N₂ atmosphere

シリカ-アミノ酸相互作用の実験的研究
—有機無機相互作用のその場観測をめざして—

Experimental studies on silica-amino acids interactions

- Toward in-situ observation of organic-inorganic interactions -

中嶋 悟・塩田大・吉田崇宏 (東工大理工)・薬師寺秀樹・山内芳雄 (日本分光)

Satoru NAKASHIMA, Dai SHIOTA, Takahiro YOSHIDA (Interactive Research Center of Science, Tokyo Inst. of Technol.),
Hideki YAKUSHIJI and Yoshio YAMAUCHI (JASCO corp.)

はじめに:

地球原始生命の初期化学進化において、有機原材料分子が生体高分子まで重合する過程については、主に熱水循環系でのオリゴマー合成や、粘土鉱物を触媒とする反応などが検討されてきた。ここでは地球の水圏に存在する無機物の粘土以外の代表として、シリカおよび鉄鉱物を考え、シリカや鉄鉱物表面での有機分子の重合反応により生体高分子が生成する可能性を実験的に検討する。

実験方法:

まず、シリカゲル存在下でのアミノ酸の熱水条件での変化を調べるため、D-, L-Threonine (0.1mol/l を40ml) とシリカゲル250mgをテフロン製反応容器に入れ、160±4℃で約10日間加熱した。シリカゲルをいれないアミノ酸のみの溶液も同様に加熱した。反応容器を冷却後、上澄み溶液をろ過し、紫外・可視分光計、液体クロマトグラフ、LC-MSで溶液内生成物を分析した。固体の残渣は、KBr錠剤として赤外分光計で分析した。また溶液に浮いていた膜状物質は顕微赤外分光計で分析した。

実験結果:

10日間加熱後の溶液には、シリカゲルの有無、D-, L-アミノ酸の違いにかかわらず、いずれも膜状物質が浮いていたので、回収して顕微赤外分析したところ、O-H, C-H, C=O等の吸収帯が見られ、主にポリエステル様物質と推定された。アミドによる吸収の存在可能性もあるが、まだ確定的ではない。シリカゲル存在下での膜状生成物には、Si-OとO-Hの吸収帯が明瞭で、シリカ-有機複合体と考えられる。

加熱後の溶液は、すべて褐色に変色しており、pHは9.3程度に増加しており、紫外・可視分光では、272nmに吸収ピーク、214nmに吸収の肩があったが、シリカゲルの有無による差はなかった。これらは不飽和炭化水素鎖 (C=Oも含む) によると推定された。この水溶液の液体クロマトグラフ分析では、もとのスレオニンはなくなり、主にグリシンが検出されたが、その他の少量のやや高分子生成物はまだ同定できていない。また、反応容器内に付着している物質をアセトンで抽出した溶液を液体クロマトグラフ分析してみたが、ポリエステル様物質が存在すると推定された。

以上の結果から、今回の実験では、シリカゲルの有無による有機生成物の差は明瞭には認められなかった。しかし、OH基を持つアミノ酸の加熱により膜状ポリマーが生成することが確認できた。

今後の実験:

現在、鉱物表面での有機分子の吸着・変化過程についてその場観測するため、減衰全反射赤外加熱その場観測装置 (加熱ATR) を試作している。200℃、50気圧程度までの条件で、ガス雰囲気制御可能な反応セルを用いて、ATR結晶上の薄膜状鉱物に、アミノ酸などがどのように吸着し変化していくかを調べていきたい。鉱物としては、シリカとFeSを用いる予定である。鉱物の状態、水のpHや組成、炭酸ガス分圧などを変化させながら生成物質を分析し、有機高分子の生成に適した条件を探索し、鉱物表面での有機分子の重合による生体高分子の生成の可能性を実験的に検証したい。

Na-モンモリロナイト存在下の加熱実験による尿素-ジカルボン酸からのアミドおよびイミドオリゴマー生成

Formation of amide and imide oligomers from mixtures of urea and dicarboxylic acids by heating experiments in the presence of Na-montmorillonite.

寺崎 正紀・下山 晃 (筑波大化)

Masanori Terasaki, Akira Shimoyama

(Department of Chemistry, University of Tsukuba)

【序論】生命体の出現には複製や代謝機能をもつ高分子体の生成が不可欠であり、原始地球上では核酸（ポリヌクレオチド）やタンパク質（ポリペプチド）がそのような高分子として選択された。しかし、機能性高分子としては核酸やタンパク質以外にも種々の生体高分子となり得る化合物が化学進化の過程で生成されたと考えられる。本研究では、化学進化のシミュレーション実験として原始地球上に存在していた粘土鉱物を触媒として用い、尿素とジカルボン酸の加熱実験を行った。生成したアミドおよびイミドオリゴマーとそれらの反応における粘土鉱物の役割を調べた。

【実験】尿素（0.1 mmol）、ジカルボン酸（C₂~C₄ およびリンゴ酸のいずれかを 0.1 mmol）を Na-モンモリロナイト（50 mg）存在下、Ar 置換した封管中で、尿素の融点よりやや上の 140 °C で 0 h ~ 48 h 間加熱した。生成物は 0.01 M 塩酸で抽出し 0.45 μm フィルターで濾過後、抽出成分について LC-MS を用いてモノマーとオリゴマーの分析を行った。また加熱後の粘土試料は X 線回折により、粘土層間と生成物との関係を調べた。

【結果と考察】尿素-シュウ酸（C₂）系では、4 量体までのイミドオリゴマー、環状 2 量体のパラバン酸ならびにその前駆体を検出した。尿素-マロン酸（C₃）系では、4 量体までのイミドオリゴマー、メラミン、アミドならびにヒドラジン化合物を検出した。尿素-コハク酸（C₄）系では直鎖 2 量体、環状イミドとその前駆体を検出した。尿素-リンゴ酸（C₄）系では、8 量体までのオリゴマーを検出し、これらは直鎖ペプチド型と環状イミド型から構成されるオリゴマーであることが判明した。検出した生成物の中で粘土存在下において比較的収率の高かったイミドオリゴマー、環状 2 量体のパラバン酸、メラミンについて加熱 12 時間後の収量を Table 1 に示す。これらの化合物の生成機構において、粘土鉱物が層間においては有機物との水素結合による触媒効果があるものと考えられる。また、層外のエッジ部分では共有結合により有機物のラジカル形成を促進する役割があるものと考えられる。これらの結果より、尿素-ジカルボン酸系の加熱実験において核酸やタンパク質ではない高分子体生成の可能性と原始地球上における粘土鉱物の役割について考察を行った。

Table 1 Amounts of oligomers from mixtures of urea and dicarboxylic acids by 12 h heating experiments.

Urea-Oxalic acid (C ₂) Heating Exp.	Amounts / mg				Urea-Malonic acid (C ₃) Heating Exp.	Amounts / mg			
	2mer	3mer	4mer	Parabanic acid		2mer	3mer	4mer	Melamine
No Clay	0.28	0.02	n.d.	n.d.	No Clay	0.10	n.d.	n.d.	n.d.
Clay	0.48	0.19	0.02	0.20	Clay	0.23	0.21	0.15	0.06

16

モンモリロナイト上での D,L-アデノシン 5'-リン酸
イミダゾリドの効率的重合反応
Efficient Oligomerization of D,L-Adenosine 5'-Phosphor-
imidazolide on Na⁺-Montmorillonite

浦田秀仁、青野知永、応本憲彦、島本裕子、小林淑子、赤木昌夫
(大阪薬科大学)

Hidehito Urata, Chie Aono, Norihiko Ohmoto, Yuko Shimamoto, Yoshiko Kobayashi, Masao Akagi
(Osaka University of Pharmaceutical Sciences)

【はじめに】近年、RNA に種々の触媒活性が次々と見出され、RNA が生命の前駆物質として考えられるようになったが、原始地球上での RNA の化学進化過程には多くの問題が残されている。その一つが生体分子のホモキラリティーの確立にも密接に関係している Enantiomeric Cross Inhibition の問題で、Orgel らは polyU や polyC を鋳型に用いて adenosine 5'-phosphorimidazolide (ImpA) や guanosine 5'-phosphorimidazolide (ImpG) がそれぞれ効率よく重合することを見出したが、非天然型のキラリティーを持つ L-ImpG やラセミ体の D,L-ImpG の場合は polyC を鋳型とする反応で重合効率が大きく低下することを報告している。しかし、原始地球上で生成したヌクレオシド或いはヌクレオチドはラセミ体であったと考えられ、このような系では触媒機能を持つ長鎖 RNA の出現は期待できない。そこで、不斉場を持たない粘土鉱物を触媒として用いて D,L-ImpA の重合反応を調べた。

【実験】Na⁺-モンモリロナイトは Volclay SPV-200 (American Colloid Co.) を用い、滴定法により調整した。L-アデノシンは L-アラビノースより合成し、Ogilvie らの方法により L-5'-AMP とした。D-および L-ImpA はそれぞれ対応する 5'-AMP より Joyce らの方法に従って合成した。重合反応は ImpA を含む溶液 (14 mM ImpA, 0.2 M NaCl, 75 mM MgCl₂, 0.1 M Hepes, pH 8.0) 1 mL に 50 mg の Na⁺-モンモリロナイトを加え、室温で 7 日間行った。生成物の分析は、反応液を遠心分離し、上澄みを陰イオン交換カラム (DNA-NPR, TOSOH) を用いた高速液体クロマトグラフィーにより行った。

【結果】D-ImpA を用いた反応では、Ferris らが報告しているように 10 mer 程度までの重合物が得られ、L-ImpA の場合も同様の効率で重合が起こった。一方、D,L-ImpA では幾分重合効率の低下が認められたが、8~9 mer 程度までの重合物が得られた。また、クロマトグラムの詳細な比較から、D-ImpA と L-ImpA では同一の生成物がほぼ同量生成していたが、D,L-ImpA での生成物はより複雑で、D-体や L-体単独での反応では認められないピークが存在していた。これらはジアステレオメリックな生成物と考えられ、D-ImpA と L-ImpA 間での重合が起こっていることを示唆している。

以上のことからラセミ体モノヌクレオチドでも粘土鉱物の触媒によって効率良く重合することが分かった。このような系で生成するヘテロキラルな RNA はホモキラルな RNA に比べ、構造的に、さらには機能的にも多様性に富むと考えられ、この多様な RNA 群から L 型ヌクレオチドが淘汰されていった可能性を考えるべきかもしれない。

グアニン及びシトシンを含むオリゴヌクレオチドの
塩基配列依存型重合反応の探索

Search for the Sequence Dependence of the Condensation
Reaction of Oligonucleotides Containing Guanine and Cytosine Bases

岡本文敬、川村邦男 (大阪府立大学・工学部)

OKAMOTO Fumitaka, KAWAMURA Kunio

(Osaka Prefecture University)

【緒言】RNAは地球上で最初に遺伝情報を担った物質であると考えられている。この仮説が正しければ、RNAは原始地球環境下で自発的に生成したはずである。このモデルとしてワトソン-クリック型塩基対にもとづく鑄型指示反応について種々の研究が行われてきた。この鑄型指示反応は、鑄型ポリヌクレオチドとモノマーヌクレオチドの組み合わせによって反応効率が異なることが知られている。したがってRNAの生成速度が反応において塩基の種類だけでなく塩基配列に依存するならば、特定の塩基配列を持つRNAだけが選択的に生成した可能性がある。本研究では、塩基配列の違いによって重合速度が異なる可能性を持ち得るモデルとして、3種の塩基配列を持つオリゴヌクレオチド6量体 (oligo-6) を用いる重合反応について検討した。

【実験】反応は、 1.0×10^{-4} M oligo-6, 縮合剤として 0.4 M 水溶性カルボジイミド (EDC) および、0.2 M NaCl, 0.075 M $MgCl_2$, 0.1 M イミダゾール (pH = 8.0) を含む溶液を調製し、0℃で行った。生成物は陰イオン交換 HPLC で分析した。

【結果および考察】3種類の oligo-6 (5'-pGGGCCrC-3', 5'-pGCGCGrC-3', 5'-pGCCCGrG-3', 順に oligo-6-1, oligo-6-2, oligo-6-3 とする) について反応を追跡した結果、いずれの場合も原料が減少し新たに生成物に相当するピークが2つ出現した。oligo-6-1の例を Fig. 1 に示す。このときイミダゾールあるいは EDC のどちらか一方が存在しない場合には、反応は進行しなかった。また、EDC は7日間存在量に変化がないことを確認した。oligo-6-1 の反応について、生成物に相当する市販の12量体 (oligo-12) の HPLC の保持時間と比較したところ、保持時間の長い生成物 (#2) と一致した。さらに、生成物を RNase T₂ を用いて加水分解したときいずれの場合においても生成物 (#1, #2) のピークが減少した。以上のことから生成物のうち #2 のピークは 2'-5' 結合と 3'-5' 結合を含む12量体であると考えられる。この12量体の生成量は、oligo-6-3 を原料としたとき最大であり、これは oligo-6-3 では自分自身を鑄型として伸長したためであると推定した。一方、生成物 #1 も RNase T₂ によって加水分解されるので環状の6量体である可能性を持つ。

本研究は住友財団 1998 年度研究助成の支援を受けました。ここに謝意を表します。

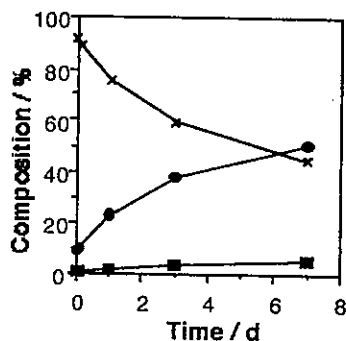


Fig.1 Reaction curves for the condensation reaction of oligo-6-1.
[Imidazole] = 0.1 M, [NaCl] = 0.2 M,
[$MgCl_2$] = 0.075 M, [EDC] = 0.4 M,
[oligo-6-1] = 1.0×10^{-4} M, pH = 8.0, 0℃
X: oligo-6-1, ●: product#1, ■: product#2

前生物的RNA複製反応に対するタンパク質状物質の 原始酵素機能の探索

Search for the Enzymatic Functions of Protein-like Molecules
for the Prebiotic Model of RNA Replication

蔵之上和博・川村邦男 (大阪府立大学・工学部)

KURANOUE Kazuhiro and KAWAMURA Kunio (Osaka Prefecture University)

【序論】 RNAは生命が誕生した化学進化過程において中心的な役割を果たしたと考えられている (RNAワールド仮説)。しかし、それが原始地球環境でどのように生成し化学進化したのかについては明らかではない。一方、現存の生物中でのRNAの代謝過程を考慮するとRNAがタンパク質と共に化学進化した可能性が充分考えられるが、そのようなモデル反応について研究した例はほとんど見あたらない。本研究では、ポリシチジル酸 (poly(C)) を鋳型とするオリゴグアニル酸 (Oligo(G)) の生成反応について、アミノ酸及びタンパク質状物質の原始酵素機能について探索した。

【実験】 Oligo(G)の生成反応は、0.025 M poly(C), 0.015 M グアノシン5'-一リン酸-2-メチルイミダゾリド (2-MeImpG), 1.0 M NaCl, 0.2 M MgCl₂, 0.1 M HEPES (pH = 8.0), 25℃の条件下で行い、生成物はHPLCで分析した。この反応に0.01 Mのアミノ酸あるいは0.01 M ~ 0.3 Mのタンパク質状物質を加えた。タンパク質状物質はマリグラヌール (Mari) [1], およびプロテインノイド (Prot) [2] の調製法に準じて種々のアミノ酸組成で合成した。

【結果と考察】 タンパク質状物質を加えない場合、3日間の反応で約20量体までのOligo(G)が生成する。アミノ酸としてHis又はTyr以外を添加してもOligo(G)の生成反応に対する影響は見られなかったが、タンパク質状物質を高濃度加えるとOligo(G)の生成量は減少した。また、Hisを加えた場合にはOligo(G)の生成量が減少し、0.05 MのHis存在下ではOligo(G)は生成しなかった。このときの2-MeImpGの残存量を分析した結果、His存在下で2-MeImpGの加水分解反応が促進されたことがわかった。さらに、タンパク質状物質中にHisが含まれている場合にも2-MeImpGの加水分解反応が促進された。この結果は、ヌクレオチドがイミダゾール基によって加水分解されやすい現象と類似している。一方、Mariを加えた場合にはOligo(G)の生成量は減少しただけであったが、Protを加えた場合にはG⁵ppGの生成量が最大で約20倍増加した。また、このときのクロマトグラムパターンからピロリン酸結合を持つOligo(G)が多く生成したと考えられた。以上、今回の結果でOligo(G)の生成を促進するものは見つけられなかったが、Hisを含むタンパク質状物質がRNAの加水分解反応を促進することを見いだした。これより、化学進化過程において、タンパク質状物質がオリゴヌクレオチド生成反応を促進する機能を持つことは容易でなかった可能性が示唆される。

本研究は住友財団1998年度研究助成の支援を受けました。ここに謝意を表します。

[1] H. Yanagawa, K. Kojima, *J. Biochem.*, 97, 1521-1524 (1985).

[2] S. W. Fox, K. Harada, *J. Am. Chem. Soc.*, 82, 3745-3751 (1960).

模擬原始大気実験生成物中の原始エステラーゼの検索

Search for "Proto-esterases" from Simulated primitive Atmospheres by Radiation

○ 鶴田友博、植岡昌治、高橋朋子、小林憲正 (横国大工)

T. Tsuruda, S. Ueoka, T. Takahashi, K. Kobayashi

Department of Chemistry and Biotechnology, Yokohama National University

【緒言】 模擬原始地球大気(CO, N₂, H₂O)に高エネルギー陽子線(宇宙線主成分)を照射することにより、加水分解後アミノ酸を生じる分子(アミノ酸前駆体)や核酸塩基が生成する。従来、化学進化の過程でアミノ酸・核酸塩基等が縮重合し、原始タンパク質・原始RNA等の原始触媒が無生物的に生成したと考えられてきた。しかし、原始地球環境下でのRNAやタンパク質の生成はきわめて困難である。われわれは模擬原始環境下で生成する分子の中に原始触媒として働くものがないかを検索している。本研究では、模擬原始大気に陽子線を照射することにより生成する有機物中に、エステル加水分解能(エステラーゼ活性)を有する分子の存在を検索し、そのような分子のキャラクタリゼーションを行うことを目的とした。

【実験】 容量400mLのガラス容器に原始地球大気を模したCO, N₂各350 Torr, H₂O 20 mLを封入し東京工業大学のVan de Graaff加速器により高エネルギー陽子線(3MeV)を2mC照射した。

エステラーゼ活性測定は、二酢酸フルオレセイン(FDA)を基質として用い、生成するフルオレセインの蛍光強度変化を蛍光検出器を用いて測定した。単位はU(30℃で1分間に1μmolの基質を変換する量=1U)を用いた。活性を有する分子のキャラクタリゼーションのため、陽子線照射生成物を濃縮後、陽イオン交換HPLC(東ソーSP-5PW, 7.5 mm x 75 mm; 15mM リン酸緩衝液(pH3.5); 1.0 mL/min)で分画した。0-8minは併せてA画分とし、8-28 minを2分ごとに分画してB1-B10画分とした。更にA画分は逆相HPLC(Develosil RPAQUEOUS, 4.6 mm x 250 mm; 5mM リン酸緩衝液(pH3.5); 0.5 mL/min)を用いて0-36minを2分ごとに分画(A1-A18)した。以上の、A1-A18およびB1-B10画分のエステラーゼ活性を測定した。また、同様に分画した試料中の全有機炭素(TOC)の測定を行った。また、生成物は部分加水分解(1M塩酸で110℃、30-120min加熱)を行うと活性値が増加することがわかっている[1]。そこで、生成物を部分加水分解後、同様に分画し、各画分ごとのエステラーゼ活性の変化を調べた。

【結果と考察】 B7画分には、イミダゾールが含まれ、その比活性(各画分の活性値を各画分のTOCで割ったもの)は32.9mU/g-Cで全画分中最大であった。A1-18画分中の活性および比活性をFig. 1に示す。この中で最大の比活性を持つ画分はA14画分(26-28 min)で、17.5mU/g-Cであった。これは逆相カラムで強く保持されるため、比較的疎水性の化合物であることが示唆される。また、A4(6-8min)は比活性は11.7mU/g-CとB7やA14画分よりは劣るも、そのTOCは全画分中最大の2.37mg-Cであった。この画分は多種類の分子の混合物と考えられるため、さらに分離を行えば、より比活性の高い画分が得られることが期待される。

30分の部分加水分解した場合、A4画分の比活性は30.2mU/g-Cに増加した。しかし120分の部分加水分解によりA4の比活性は減少し、代わってA5, A8の比活性が増大した。

このことは照射生成物が水中で徐々に変化し、種々の触媒活性種が生じることを示す。照射生成物を加水分解して自分自身を生じるような、自己触媒分子の存在の可能性も考えられるため、今後、そのような分子を検索していく予定である。

[1] 高橋ほか, *Viva Origina* 27, 9 (1999).

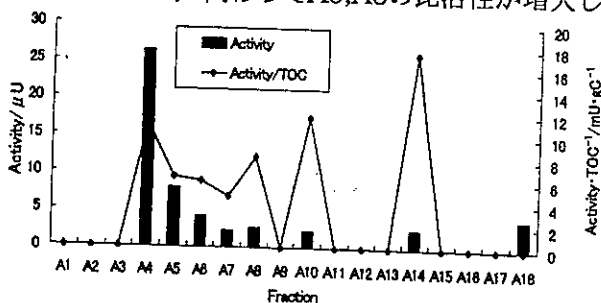


Fig. 1. A1-18画分中のエステラーゼ活性

The absorption spectra of amino acid in the VUV region.

古結俊行・田中真人・蛭名邦禎*・中川和道* (神戸大院総合人間・神戸大発達*)
 Toshiyuki Koketsu, Masahito Tanaka, Kuniyoshi Ebina*, Kazumichi Nakagawa*
 (Graduate school of cultural studies and human science, Kobe Univ.・Faculty of
 Human Development, Kobe Univ.*)

化学進化の研究において、紫外線がアミノ酸とどのような相互作用をおこすかを調べることは重要な課題である。よって、我々はアミノ酸の最も基本的な光物性のひとつである、紫外～真空紫外域における光吸収スペクトルの研究を行っている。

105nm より長波長領域でのアミノ酸の光吸収スペクトルは、いくつかの報告がある[1]。しかし、105nm より短波長領域については、田中ら[1]がフェニルアラニンとアスパラギン酸について初めて報告した。田中ら[2]は、アミノ酸をサリチル酸ナトリウム上に蒸着し、透過光強度としてサリチル酸ナトリウムの発光強度を測定する方法(SS法)を開発し、アミノ酸の光吸収スペクトルを40nm～250nmの領域で測定した。

今回は、ステンレスメッシュ上に作成したコロジオン膜にアミノ酸を蒸着し、その透過光強度を測定する方法によってアミノ酸の光吸収スペクトルを40nm～250nmの領域で測定した。光源はUVSOR BL7Bの直入射分光器からの単色光を用いた。アミノ酸サンプルには、L-フェニルアラニン、L-アラニン、グリシンを用いた。得られた光吸収スペクトルをFig.1に示す。

今回得られたL-フェニルアラニンの光吸収スペクトルとSS法で得られたスペクトル[2]を比較したところ、SS法のスペクトルでは190nm付近と70nm付近でピークが削られていることが分かった(Fig.2)。アラニンについても70nm付近で同様の現象が見られた。これは、SS法ではサリチル酸ナトリウムとアミノ酸の距離が近いために、アミノ酸の発光を検出してしまったことが原因であると考えている。フェニルアラニンの場合、190nm付近ではベンゼン環の発光があると考えられるが、70nm付近でのアミノ酸の発光起源の追求は今後の興味深い課題である。

文献：[1] T.Inagaki, Biopolymers, 12, 1353-1362 (1972)

[2] 田中真人ほか, 第12回放射光学会年会(1999) 8-P-12

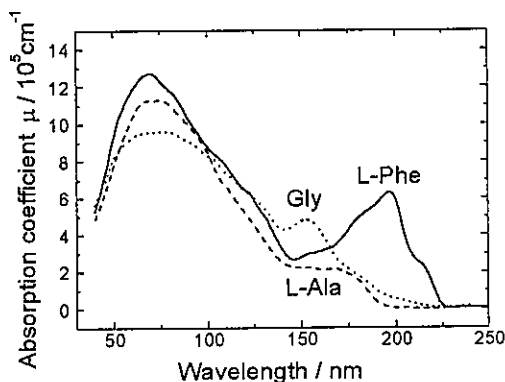


Fig.1 : Absorption spectra of L-Phenylalanine, L-Alanine and Glycine.

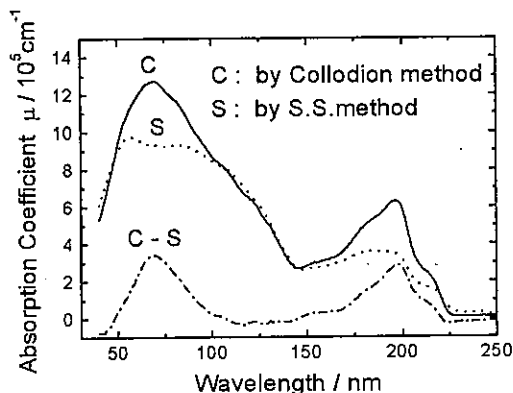


Fig.2 : Absorption spectra of L-Phenylalanine by Collodion method and by S.S.method.

Supernova Explosion as Homochiral Influence

齊藤 威 (東大 宇宙線研究所)

ヴラディミール ツアレフ (レヴェデフ物理学研究所)

Takeshi SAITO and Vladimir TSAREV

Institute for Cosmic Ray Research, University of Tokyo

Levedev Physical Institute, Russian Academy Science

生体構成分子の非対称性の起源に関するの諸仮説を整理する場合、偶然説と必然説に分類することが常で、分類の内容も定番となっている。しかし、従来のすべての説は、科学的用語と論理を駆使した仮説であっても、自然界でのリアリティに欠けていたり、その過程が成り立つために「偶然」が必要であったり、仮説が成立するための特殊な条件を前提としており、地球外からの偶然説と大差のない「偶然説」の変種にすぎない。例えば、中性子星からの偏光紫外線や γ 線の寄与説などは、中性子星の一方の極向きが、偶然にも原始太陽雲の位置と一致することが必要であり、やはり「偶然説」というべきである。最近の「宇宙チリによる散乱光」説も左右両極の円偏光のうち偶然にも一方の極性という「偶然説」である。

ここで、唯一の必然説として超新星の爆発と原始太陽雲との相互作用を考える。太陽質量程度の原始雲は自重力で収縮することは困難なので、近く(50光年以下と考えられている)で超新星が爆発し、その衝撃波が原始雲を効率良く圧縮することが不可欠である。太陽の存在を信じる限り、衝撃波と原始雲との衝突は不可避な事象であり、地球の形成、化学進化の過程で絶対的に起こった事件である。

一般的な超新星の爆発では、エネルギーの99%(約 10^{46} ジュール)がニュートリノによって放出される。放出される物質(ハドロン)は、太陽質量の数倍で、中性子、水素やヘリウムのガス、その他の原子核で、原始雲と衝突し原始星を生成し、さらに拡散し最後には宇宙空間のガスや塵となる。約 10^{58} 個のニュートリノ(ν_e, ν_μ, ν_τ とその反粒子)は原始雲を構成する分子や塵の電子と相互作用する。中性子は1000秒程度で陽子と電子と反電子ニュートリノに β 崩壊する。中性子は超重核の合成に寄与するが、これらの原子核は β 崩壊する。これらの電子は偏極しており非対称性分子を生成する。放射性原子核、例えば ^{26}Al は72万年で崩壊し偏極した陽電子を放出する。この陽電子も非対称性分子を生成する。これらの偏極粒子と超新星から距離Rにある原始雲の分子との相互作用は精密に(精度を明確にして)計算することができる。原始太陽雲の大きさを3-30光年、密度を 10^4 atoms/cm³、分子の組成比を 10^{-3} とすると、上述の偏極粒子と原始雲分子との全相互作用数は 10^{54+3} 個となる。L型とD型との不斉分解の差(理論値)は 10^{9-11} 分の1であるので、十分な非対称分子の生成が期待される。非対称性な塵をも生成される。亜鉛やコバルトなどの金属を核にした有機金属(塵)が非対称構造となり、原始的触媒として、非対称分子の増殖や脱水重合に寄与することが可能となる。

Kazuhiro Iida (Physics in the Origins of Life Group, the Graduate University for Advanced Studies. iida@frl.cl.nec.co.jp)

Reconstruction is a strong method that can reveal the origins of life. However, reconstruction experiments are hard to design because the causality between the products of the experiments and life is uncertain. This problem can be attenuated by the analysis of the attributes of life.

Consider that if attribute B is included in A ($A \supset B$), then A must be observed in advance of, or simultaneously with, B . This fact suggests that we can determine the temporal order of prebiotic events according to their attributes. Let us call this order, inclusion order. Using this inclusion order, we can trace the paths from materials to life (Fig. 1.), provided that the necessary attributes to life are collected and are precisely put in this order. Although the paths depend on the attribute data and on who puts them in order, a common path will be found if the attributes are clearly formulated. We are therefore collecting the physical attributes of present life and formulating them.

The paths of the inclusion order ascertain the sequence of prebiotic events; they also help us design experiments. The design strategy is simple: To observe a special attribute B , if $A_i \supset B$, ($i=1,2,\dots$), we just make a system associated with more general attributes, A 's. For example, to reproduce an attribute 'Autocatalytic,' which is formulated as $[\partial(dX_i/dt)/\partial X_i] > 0$ for at least one element X_i], we choose a system associated with the three attributes in which 'Autocatalytic' is included: (1) 'Production & annihilation,' $[\sigma_k > 0 \quad \eta_k > 0, \quad dX_k/dt = \sigma_k - \eta_k, \text{ for any element } X_k]$, (2) 'Catalytic,' $[\partial(dX_i/dt)/\partial X_j \neq 0 \text{ for some combination of elements } X_i \text{ and } X_j]$, and (3) 'Survival race,' $[\partial(dX_i/dt)/\partial X_i < 0 \text{ for any combination of } X_i \text{ and } X_j \text{ (} i \neq j \text{)}]$. We performed a rigorous computer simulation that revealed this strategy works well. In this simulation, sets of 10 to 20,000 different reactions of 4 to 50 ideal chemicals were randomly generated, and 50 sets of the reactions were selected according to the above three conditions. These sets were evaluated by a flow-reactor model, and we found all 50 became 'Autocatalytic'; that is, at least one species grows exponentially (Fig. 2.). We are implementing the model on a real flow reactor to verify this result. Ref. : Iida, K. (1999a) *VivaOrigino* 27:52, (1999b) *BioSystems* 50:61-69.

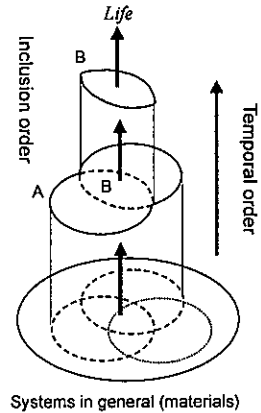


Fig. 1. Inclusion order & temporal order
A, B: Systems associated with attributes A , B .

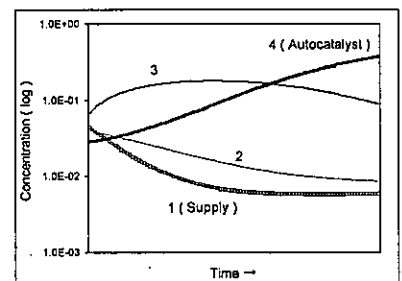


Fig. 2. Autocatalyst obtained in a flow-reactor model

山口智彦・楠見敏則・雨宮 隆・大森隆夫・森川善富
(物質工学工業技術研究所)

Tomohiko Yamaguchi, Toshinori Kusumi, Takashi Amemiya, Takao Ohmori
and Yoshitomi Morikawa

(National Institute of Materials and Chemical Research)

生体分子のホモキラリティの由来を説明する仮説の一つに、自触媒反応がかかわる不斉増殖、すなわち自触媒的不斉合成反応がある。自触媒反応は典型的な非線形化学反応で、大きく2次の自触媒反応と3次の自触媒反応に分類できる。

3次の自触媒反応では、Belousov-Zhabotinsky 反応 (BZ 反応) のように反応中間体の濃度が自励発振する可能性がある[1]。自励発振する系では時空間的な情報伝達により大域的なパターン形成が起こることが知られている。また一般に、自励発振条件の近傍にある系では、閾値以上のゆらぎに対し一過的な興奮性を示す[2]。

ゆらぎの効果は2次の自触媒反応でも顕著に現れる。Kondepudi と Nelson は相互抑制が起こる2次の自触媒反応系にゆらぎが適切に寄与する系を考え、 10^{-17} の初期濃度差が増幅されて最終的にはホモキラルな系に至る可能性を指摘した[3]。このような2次の自触媒系はまだ実験的には検証されていないものの、Soai らが報告した2級アルコールの自触媒的不斉合成反応[4]はこれに最も近い系のように思われる。

【文献】

- [1] K. Iwamoto and M. Seno, *J. Chem. Phys.* **76**(1982) 2347.
- [2] T. Amemiya *et al.*, *J. Phys. Chem. A* **102**(1998)4537.
- [3] D. K. kondepudi and G.W. Nelson, *Nature* **314**(1985)438.
- [4] K. Soai *et al.*, *Nature* **378** (1995) 767.

非平衡系に自己組織化されるキラル自動触媒系
Far-From-Equilibrium Self-Organization of Chirally Autocatalytic Reaction System

朝倉浩一・井雲昭仁・栗原和志・小山内州一（慶応大理工）

Dilip K. Kondepudi（ウェイクフォレスト大化学科）

Kouichi Asakura, Akihito Ikumo, Kazuyuki Kurihara, Shuichi Osanai (Department of Applied Chemistry, Faculty of Science & Technology, Keio University)

Dilip K. Kondepudi (Department of Chemistry, Wake Forest University)

界面活性剤水溶液中のミセル、あるいは飽和溶液中の結晶といった孤立系に形成される Self-assembly と呼ばれる構造と、開放系においてゆらぎの自動触媒的成長により出現する チューリングパターンのような Self-organization と呼ばれる構造は、共に現在、日本語では自己組織化と訳され、同様なものと扱われているきらいがある。両者の決定的な差異は、前者は熱力学的に安定な平衡状態であるのに対し、後者は平衡から離れた定常状態であることで、Self-organization である生命は、その寿命という定常状態期間を全うすると、その構成成分は熱力学第二法則に従って離散し安定状態へと戻っていく¹⁾。

化学反応でアミノ酸あるいは糖質を合成すると、L体とD体は等しく合成されて来るといいう有機化学の常識が有る。しかし、Kondepudi 及び Nelson のモデルが計算的に予想するように²⁾、反応系を開放系とし、そこでキラル自動触媒及び相互阻害反応が進行すると、両異性体が等しく存在する状態は不安定化し、地球上の生命に実現されているような、一方の異性体で独占された状態が定常化される可能性もある³⁾。

これまでに、不斉コバルト錯体の合成反応において、キラル自動触媒系による一方の異性体の優先的生成が、ランダムに起こることが見出されてきた^{4),5)}。また、自動触媒系が機能するには過飽和度があるしきい値を越えることが必要であることが認められた⁶⁾。シミュレーションの結果は、過飽和溶液中で形成される会合度10以上の一方の異性体のみで形成されたクラスターが、自身の構成成分と同じ異性体の生成反応の触媒として機能したことを予想させた。

しかしながら、実際の実験における反応の進行は、この自動触媒性を加味した動力学モデルでのシミュレーションの結果よりもさらに迅速なものであった。また、反応の進行状況は試行毎にランダムにばらついた。このような現象は、自動触媒反応速度が拡散速度を上回り、システム内の濃度ゆらぎ、あるいは温度ゆらぎが成長し、反応系が平衡状態から遠く離れる際に観察されるものである⁷⁾。本反応系に観察されたランダムな収率と光学純度のばらつきは、局所的に生じた臨界的高過飽和度がキラル自動触媒的に成長したために生じたと考えられた。

1) 山口智彦, 物質工学工業技術研究所報告, 5, 151-164 (1997).

2) Kondepudi, D. K., Nelson, G. W., *Nature*, 314, 438-441 (1985).

3) Kondepudi, D. K., Prigogine, I., *Encyclopedia of Applied Physics*, 21, 311-337 (1997).

4) Asakura, K., Kobayashi, K., Mizusawa, Y., Ozawa, T., Osanai, S., Yoshikawa, S., *Physica D*, 84, 72-78 (1995).

5) Asakura, K., Kondepudi, D. K., Martin, R., *Chirality*, 10, 343-348 (1998).

6) Asakura, K., Ikumo, A., Kurihara, K., Osanai, S., Kondepudi, D. K., *J. Phys. Chem. A*, in press.

7) Epstein, I. R., *Nature*, 374, 321-326 (1985).

レトロ進化
Retroevolution

柳川弘志、辻 融 (三菱化学生命研)

Hiroshi Yanagawa and Toru Tsuji (Mitsubishi Kasei Inst. Life Sci.)

進化分子工学は、ダーウィン進化の原理を核酸やタンパク質などの生体高分子に適用し、人工の生体高分子を創出するバイオテクノロジーである。現在までに、酵素活性や安定性が改良されたタンパク質がつくられている。しかし、進化分子工学は工学としての有用性にとどまらず、40億年の分子進化の過程を実験室内で模倣できる可能性を秘めている。タンパク質進化の軌跡を追うために我々が考案した戦略を述べる。

我々は、天然のタンパク質から抽出したペプチド鎖を単位領域とした組み合わせによる新しいタンパク質の進化分子工学を提案したい。この方法は、現存のタンパク質を単位領域（モジュール、二次構造単位、原始配列、機能モチーフ、構造モチーフなど）のビルディングブロック（部品）に分解し、これらを組み合わせながら新しいタンパク質をつくる試みである。現在のタンパク質がどのようなものから進化してきたかを考えるとき、そのタンパク質の前駆体は何であったか、またその前の前駆体は何であったかを推測し、タンパク質の一番始まりの単位（部品）にまで遡り(retro)、その部品から進化の中間状態を経て、再び新しいタンパク質を創出させる実験進化をレトロ進化(Retroevolution)と名付けた(1)。レトロ進化では、ビルディングブロックの組み合わせ（シャッフリング）により大きな変異を誘起させ、進化的中間状態のタンパク質集団をつくり、さらに点突然変異を導入して微調整し、所望のタンパク質を選択する。レトロ進化は有用なタンパク質を創製するばかりでなく、タンパク質の分子進化を実験室内で再現させ、帰納的に検証することもできる。これまで、進化の過程はブラックボックスで、その過程を直接見ることが出来なかった。レトロ進化では、進化の途中のタンパク質の構造や機能を手にとって見ることが可能になる。

天然の球状タンパク質はリポソームで生合成されたのち、それぞれのアミノ酸配列に応じた固有の構造に折り畳まれ（フォールディング）、立体構造になって初めて機能を発揮する。安定した壊れにくい立体構造になるためには、できるだけ小さく折り畳まれることが必要である。まず我々は、レトロ進化に用いる部品の候補として、「モジュール」と「二次構造単位」に注目した。モジュールは10~40個のアミノ酸からなる連続したポリペプチドで、球状タンパク質の内部でコンパクトな構造を形成しており、独立性の高い構造単位であると考えられている。一方、二次構造単位は10~40個のアミノ酸からなる連続したポリペプチドであるが、こちらは伸びた構造を形成しており、異なる二次構造単位間で相互作用している領域である。つまり、「コンパクトな領域と伸びた領域のどちらが球状タンパク質のビルディングブロックとして適当か」というわけである。

1. 辻 融、柳川弘志. 科学 Vol. 69, No. 11, 928-936 (1999)

モジュールおよび二次構造単位で入れ換えた
バルナーゼ変異体の構造形成と機能

Foldability and function of barnase mutants
obtained by permutation with modules or secondary structure units
辻融、林中亜貴子、柳川弘志 (三菱化学生命研)

Toru Tsuji, Akiko Hayashinaka, Hiroshi Yanagawa (Mitsubishi Kasei Inst. Life Sci.)

我々は、タンパク質の広大な配列空間を探索するために、モジュールや二次構造単位など、単位領域の組み合わせによる新規タンパク質の構築法（レトロ進化）を提案した(1)。最初の試みとして、RNA分解酵素であるバルナーゼの6個のモジュール(M1-M6)と6個の二次構造単位(S1-S6)のうち内部の4個の領域を入れ換えた、モジュール変異体と二次構造単位変異体を46種構築し、それらの構造形成やRNase活性を調べた。その主な結果を紹介する。

S3とS5を入れ換えて構築したS2543は、二次構造と三次構造を形成し、協同的な様式でフォールドすることが分かった(2)。この変異体は弱いRNA分解活性をもっていた(3)。S2543は低温では結晶となる反面、室温付近では繊維状となった。

S4523はRNase活性をもっていたが、二次構造、三次構造の形成は認められなかった。ところが、野生型バルナーゼの阻害剤であるGMPを添加したところ、二次構造と三次構造の形成が誘導された(3)。これは、Ligand induced conformational changeあるいはInduced foldingとよばれる現象であり、酵素ではなく、遺伝子発現の調節に関与しているタンパク質群に見られる現象である。GMPはこの変異体の活性も阻害した。

S2354は大腸菌内で大量発現しない唯一の変異体である。野生型バルナーゼも同様の条件では大量発現しない。これは、過剰のRNase活性が大腸菌の生育を阻害するためである。このことから、S2354は強いRNase活性をもっているかも知れないと考えた。そうであれば、この変異体はフォールドしている可能性がある。そこで、野生型バルナーゼの活性中心に相当するHis102をAlaに変異させたところ(S2354H102A)、大量に発現し構造解析が可能となった。解析の結果、この変異体には二次構造、三次構造の形成が認められた。また、天然の球状タンパク質のように、尿素濃度の増加に伴い協同的に変性した。さらに興味深いことに、この変異体はHis102を失っているために単独では活性が非常に弱い。活性のない他の変異体と相互作用することにより、明確なRNase活性を示した。

本学会ではこれらの実験結果が示唆するところを議論し、広大な配列空間を探索する新しいタンパク質の進化分子工学展望を述べたい。

1. 辻融、柳川弘志. 科学 Vol. 69, No. 11, 928-936 (1999).
2. T. Tsuji et al., J. Mol. Biol. 286, 1581-1596 (1999).
3. T. Tsuji et al., FEBS Lett. 453, 145-150 (1999)

蛋白質の *in vitro* selection における対応付け分子構築
のためのピューロマイシンの性質の検討

Specific binding of puromycin for construction of a genotype-phenotype
assignment molecule on *in vitro* selection of proteins

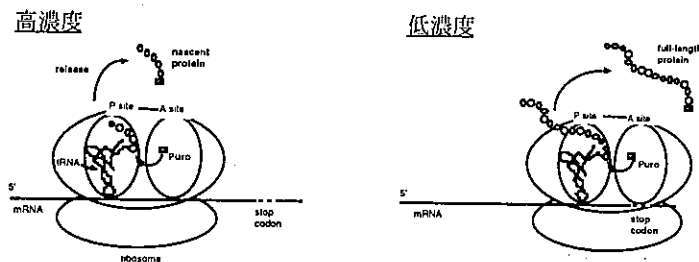
○宮本悦子^{1,2}, 根本直人³, 小林憲正¹, 柳川弘志²

(¹横浜国大・工、²三菱化学生命研、³ジェンコム)

Etsuko Miyamoto-Sato^{1,2}, Naoto Nemoto³, Kensei Kobayashi¹, and Hiroshi Yanagawa²

(¹Yokohama National Univ., ²Mitsubishi Kasei Inst. Life Sci., ³Gencom)

1990年代に入り、RNAの試験管内進化実験 (*in vitro* selection) がRNAワールドの検証および工学的応用を目的として発展してきた。その技術を土台として、蛋白質の *in vitro* selection は、RNPワールドの検証および蛋白質の進化の仕組みの解明とその工学的応用を目的として発展してきている。蛋白質の *in vitro* selection 系では、mRNA (遺伝子型) と蛋白質 (表現型) の対応付けが一つの課題であり、我々は、無細胞翻訳系のリボソーム上で遺伝子型と表現型をリンカーを介して連結するウイルス型対応付け分子を構築した(1,2)。今回、この対応付け分子に用いるリンカーのピューロマイシンおよびピューロマイシン誘導体の性質について、大腸菌の無細胞翻訳系において濃度変化による蛋白質合成の阻害効果を調べ、蛋白質の合成を阻害しない低濃度で、全長蛋白質と連結できることを、カルボキシペプチターゼ・アッセイ法を開発して検証した。ピューロマイシンは、従来、高濃度で蛋白合成阻害剤として未成熟蛋白質と結合することが知られているが、今回、低濃度で全長蛋白質と終止コドンで特異的に結合できる性質を明らかにした(3)。



このピューロマイシンの性質は、対応付け分子の構築において有用であるだけでなく(1,2)、今後の対応付け分子のポストゲノム解析の応用として期待される未知の cDNA ライブラリーの蛋白質機能解析において、これまでの終止コドンを削除したライブラリーでなく、終止コドンを持つ cDNA のようなライブラリーにも応用できる可能性が示唆された。また、全長蛋白質のピューロマイシンによるラベル化を用いて、蛋白質-蛋白質相互作用やポストゲノムの蛋白質機能ネットワーク解析への応用が期待できる(4)。

- 1) N. Nemoto, E. Miyamoto-Sato, Y. Hushimi and H. Yanagawa. (1997) *FEBS Lett.*, 414: 405-408
- 2) E. Miyamoto-Sato, N. Nemoto, K. Kobayashi, and H. Yanagawa (1997) *Viva Origino* 25: 35
- 3) E. Miyamoto-Sato, N. Nemoto, K. Kobayashi, and H. Yanagawa (2000) *Nucleic Acids Res.*, *in press*
- 4) N. Nemoto, E. Miyamoto-Sato and H. Yanagawa. (1999) *FEBS Lett.*, 462: 43-46

ゼロサイズ・エキソンによる長いイントロンの段階的 スプライシングと示唆される遺伝子と蛋白質の進化機構

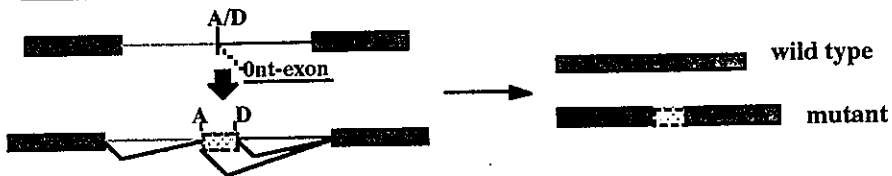
Stepwise removal of a large intron mediated by a zero-nucleotide exon
and its implication of genes and proteins evolution

○宮本悦子^{1,2}, J. M. Burnette³, H. M. Bomze³, A. J. Lopez³, 小林憲正¹, 柳川弘志²
(¹横浜国大・工、²三菱化学生命研、³カーネギー・メロン大)

Etsuko Miyamoto-Sato^{1,2}, J. M. Burnette³, H. M. Bomze³, A. J. Lopez³, Kensei Kobayashi¹, and Hiroshi Yanagawa²
(¹Yokohama National Univ., ²Mitsubishi Kasei Inst. Life Sci., ³Carnegie Mellon Univ.)

1977年、真核生物のゲノムDNAは分断された構造を持ち、転写後、スプライシングによってmRNAとなることが明らかにされた。ゲノムDNAのmRNAに対応する塩基配列をもつ領域はエキソン、その他の領域はイントロンと名付けられた。多くの真核生物が長いイントロンを持つが、長いイントロンのスプライシング機構はまだ明らかにされていない。今回、長いイントロンを持つショウジョウバエの *Ubx* 遺伝子を用いて、そのRNAを抽出し、スプライシングの中間体をアダプターを用いたRT-PCR およびクローニングにより解析し、*Ubx* 遺伝子の3番目のイントロン (IVS3) が少なくとも2つの段階でスプライシングされることを見出し、この段階的スプライシングに用いられた部位は、3'と5'スプライス部位が重複した配列を持つ“ゼロサイズ・エキソン”であることを明らかにした(1,2)。

エキソン誕生・選択進化=元本保証型進化



1991年、原始スプライス・サイト説の“ゼロサイズ・イントロン”がイントロン挿入部位として提案された。今回見出された“ゼロサイズ・エキソン”がイントロンにあれば、そこへの配列の挿入や、まわりの配列の突然変異によって、イントロンの中にエキソンが誕生する可能性があり、選択的スプライシングによって、野生型の元本を保証して変異体を生産し選択できる“元本保証型進化（エキソン誕生・選択進化）”によって有利な進化戦略を取れることを示唆している。この進化機構は、遺伝子や蛋白質の進化の仕組みを考える上で大変興味深い。この機構をヒントにすれば、進化分子工学の一つの課題である蛋白質の進化のための mRNA ライブラリー構築に応用できる可能性がある。

- 1) E. Miyamoto-Sato, J. M. Burnette, H. M. Bomze, and A. J. Lopez. "Evidence for a ratchetting mechanism to remove large intron in *Ultrabithorax* RNAs" RNA '98 Meeting, Madison (1998)
- 2) E. Miyamoto-Sato, J. M. Burnette, H. M. Bomze, and A. J. Lopez. "Stepwise removal of a large intron mediated by a zero-nucleotide exon" 第72回生化学会年会、横浜 (1999)

シンポジウム S 1

元気の出る起源研究

コンピーナー

飯田 一浩
(総合研究大学院大学起源物理研究会)

飯田一浩（総研大起源物理研究会）、川村邦男（大阪府立大学）、根本直人（ジェンコム）

生命の起源に興味を持つ人は多いが、研究を始める人は少ない。就職に困る、産業に発展しにくい研究だと思われるからだろう。学生なら、「この不景気に生命の起源でもないだろう」と論じられるかもしれない。このシンポジウムでは、起源研究にどんなリスクがあるかを分析し、本当に元気をだせない領域なのか検証する。これから研究を始めたい人の参考になれば幸いである。

バブル期は国を上げて基礎研究に力を入れようということで、基礎研究に投資する企業が相次いだ。しかしバブルの崩壊とともに、企業の業績は急激に悪化、科学技術振興費もチャレンジングな研究に充分投資できていない。基礎研究に打ち込んだ人は、屋根に上って梯子を外されたような格好である。若い人たちも安定志向となり、冒険的な研究を敬遠しがちと言われる。まして、生命の起源は特に根元的な研究対象である。興味はあるものの、学会があるのかどうかも知らない上に研究仲間も少なそうである。若い研究者が教授に相談してみても、「起源の研究なんて退官前にやる仕事だ」と言って取り合ってもらえない。新進の研究者が参加しにくい状況であることは確かである。

しかし海外に目をやると、その生命の起源研究が産業と結びついて活況を呈している。ヒトゲノムプロジェクトが終わりに近づきポストゲノム研究に注目が集まっているが、その中には進化分子工学などの形で起源研究の成果が徐々に開花している。進化研究の成果で儲けるベンチャー企業も現れた（根本が紹介する）。海外に迎合する必要はないが、何故、そのような活況となったのか、彼我の戦略の差について考えてみる必要がある。彼らの研究は時代の要求にマッチしているように見える。では、必ずしもマッチしていない研究分野では、研究費・人材不足などの理由で研究を諦めなければならないのだろうか？研究費が不足していることを逆手にとれば、市販の装置では得られない新しい情報を得る方法を、自ら開拓する努力もできるはずである（川村が説明する）。やりようはあるのだ。

こうした話題は単なる精神論と言われるかもしれないが、緻密な研究戦略を立てるといふ視点で、起源研究をとりまく現状を分析する。やりたい研究はあるが躊躇している人、次に何をやれば良いかわからない人、始めたくても欧米に水をあけられたと思う人。このシンポジウムに参加して元気を倍増されることを期待したい。

S1-1

RNAワールド仮説を生命の熱水起原説から検証する
—化学進化シナリオの再構築—
An Inspection of the RNA World Hypothesis from
the Viewpoint of Hydrothermal Origin of Life
- Reconstruction of the Scenario of Chemical Evolution -

川村邦男 (大阪府立大学・工学部)
KAWAMURA Kunio (Osaka Prefecture University)

1. はじめに : RNAは地球上において最初の遺伝情報を担った物質であると考えられている。このRNAワールド仮説は、RNAの自発的な生成・複製過程の研究や *in vitro* selection による種々のリボザイムの探索研究などによって支持されてきた。一方で、生命が誕生した環境として深海底熱水噴出孔のような熱水の重要性が高まっている。例えば、熱水噴出孔を模した実験によってアミノ酸が熱重合する反応が見いだされた。また生物の系統の解析から、現存する生物の最後の共通の祖先が好熱性細菌の特徴を持っていたことが指摘されている。ところがRNAはこのような熱水環境ではすみやかに加水分解されるので、情報保持機能や酵素機能を発現するのは一見して困難であると考えられる。このような背景から著者らは、化学進化から遺伝情報の起原に至るシナリオを構築するために、RNAワールド仮説を生命の熱水起原説の視点からここ数年間研究してきた。特にこの研究の過程で、流通式反応器を用いてミリ秒レベルの時間範囲で反応速度を測定する新しい方法の開発に成功した [1]。本シンポジウムでは、この新しいアプローチ法による最近の成果を紹介し、その知見にもとづいてRNAの化学進化過程の再構築を試みる。

2. マイクロチューブ反応器を用いる水熱反応の高速追跡法 : 高温水中でのRNAの加水分解反応は、数秒間あるいはより短時間で完結する比較的速い反応である。従ってこの種の反応を、オートクレーブや封管などのバッチ型の反応器を用いて正確に追跡することはできなかった。そこで、流通式の反応器を用いて315°Cまでの温度範囲で3ミリ秒から数10秒間で起こる過程を追跡できる方法を開発した。この方法は、高温水中でおこる反応を最も短い時間範囲で追跡できる点で世界最高性能を持つ。

3. 化学進化シナリオの再構築 : 本法を用いて、5'-ATP、種々のジヌクレオシドモノリン酸 (N^3pN , N^2pN) [2]、およびオリゴヌクレオチドの加水分解速度を測定しこれらの反応機構を速度論的に解析した結果 [3]、RNAの熱不安定性を定量的に示すことができた。この結果をふまえると、RNAが最初の遺伝情報伝達物質として適当であったかどうかを吟味するためには、主に2通りの仮説について考察しなければならない。①RNAワールドは熱水環境では成立せず最初の生命は低温で誕生した。②RNAワールドを熱水環境で成立し得るような化学的な仕組みが存在し生命は高温で誕生した。以上の仮説に基づき化学進化シナリオについて議論する。

本研究は住友財団1998年度研究助成の支援をうけました。ここに謝意を表します。

[1] 川村邦男, 日本化学会誌, 1998, 255, および K. Kawamura, Chem. Lett., 1999, 125.

[2] 楓千佳, 川村邦男, ISSOL'99, Abstract P3.11.

[3] K. Kawamura, Nucl. Acids Symp. Ser., 42, 289 (1999).

S1-2

生命の起源から遺伝子機能解析へ —進化工学の新しい潮流—

From the Origin of Life to Gene Function Analysis

—The New Movement of Evolutionary Molecular Engineering—

根本直人 ((株) ジェンコム)

Naoto Nemoto (GenCom Co.)

1950年代のDNA構造の発見に始まる分子生物学の成立は、従来の生物学による生気論的な生命観に対し、物理学の立場からの機械論的生命観の始まりを告げるものであった。この流れはSpiegelmanらの研究に見られるように分子進化機構にも深い洞察を与え、ドイツのEigenや日本の伏見らによる物理科学的な進化研究に受け継がれた。彼らは、遺伝子工学技術の発展に伴い「進化工学」という新しいバイオテクノロジーを予見したが、90年代初頭にアメリカを中心に現実のものとなった。

「In vitro selection (evolution)」「SELEX」という新機能RNAを試験管内で取得する方法が確立されると、すぐにこれを利用した医薬品の開発等を目指したベンチャー企業が立ち上がった。また一方では、コンビナトリアルケミストリーといった有機合成の立場からの進化工学的取り組みも始まり、「Molecular diversity」をKeywordとして進化工学は大きな流れを形成した。興味深いことに、その中から最初に遺伝子機能解析に先鞭をつけ、今や大きなトレンドにもなっているDNAチップを作ったFordorらのAffymetrixが誕生した。これは進化工学の要素技術である「対応付け」技術の応用である。また、FordorのいたAffymaxというベンチャーからは、Stemmerが「変異導入」技術である「DNA shuffling」という手法を開発して「Molecular Breeding」を掲げ、Maxygenを立ち上げた。彼らは蛍光性タンパク質であるGFPの蛍光強度を45倍もあげることに成功し、次々と分子改良を進めている。現在も、新しい対応付け技術を使った遺伝子機能解析、新規タンパク質探索ベンチャーが次々と立ち上がっており、ポストゲノム解析の主流となりつつある。

本来最も基礎科学的な生命の起原の研究に始まる進化工学が、基礎的であるがゆえにその応用への展開が様々な形で可能となっている。ここに基礎と応用が密接に結びついた科学の典型があるようにも見える。ビジネスに直結した研究をしながら、生命の起原や進化も考える。10年ほど前までは考えられなかったことが、今や不可能ではなく、むしろ必要とされる時代を我々は迎えている。

一 般 講 演

分子進化・生物進化
(29~45)

解糖系を見ればグルコースやフルクトースが生物にとって共通の代謝物質であることが理解できる。糖を生命の物質・エネルギー代謝の中心に位置づけることに何ら異論はないだろう。糖の起源を探ることはアミノ酸や核酸の研究と同等以上に重要なはずであるが、「限られたアルドヘキソースの使用」「リボースの前生物的合成」「D-糖の選択」など糖の起源に関する謎は多い。

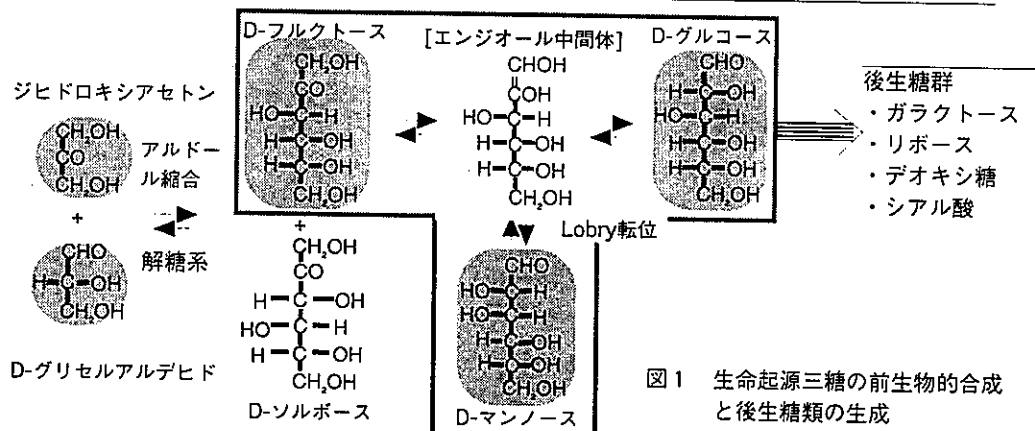
一方、糖が複数繋がった糖鎖は核酸・タンパク質と比べて少ないユニット数で最大の多様性をもちうる生体高分子であるが、その研究は大きく立ち遅れている。しかし近年、糖鎖が生命情報を担う第三の生体情報高分子であるとの期待が高まり、「糖鎖暗号の解読」というスローガンも聞かれる。しかし、糖鎖研究には「複雑な立体異性」「多遺伝子-多糖鎖の原理に基づく合成」、「配列決定原理の欠如」など、依然大きな問題が立ちふさがる。ここでは、先ず、生命起源物質としての「糖」の属性・特徴を核酸、タンパク質と比較したのち、今後生命科学を理解する上で鍵となるとされる「糖鎖」について、両者が生命進化の過程で密接に関連しあって来たことを、すでに報告した糖の起源に関する仮説*を交えて議論する。

表1 糖に対する一般的認識

- ・「糖」で一般に連想すること
 ダイエット、カロリー、甘さ、虫歯、べたつき、粘液、解糖系、グルコース、光合成、デンプン
- ・栄養貯蔵源としての「糖」
 α グルカン：デンプン・グリコーゲン (Glc α 1-4Glc) $_n$ 、デキストラン (Glc α 1-6Glc) $_n$
- ・生体構成要素としての「糖」
 β グルカン：セルロース (Glc β 1-4Glc) $_n$ 、キチン・ヘプチドグリカン (GlcNAc β 1-4GlcNAc) $_n$
- ・細胞表面抗原としての「糖」
 ABO式血液型抗原、T癌抗原、フォルスマン異好性抗原 (Gal α 1-3GalNAc β 1-3Gal α 1-4Gal β 1-4Glc)

表2 糖を特徴づける7つの性質

- 1 組成が簡素：炭水化物=C+H₂O=(CH₂O)、フォルモース反応： $n(\text{HCHO}) \rightarrow (\text{HCHO})_n$
- 2 最少の構成糖数で最大の異性体：ヘキサマー、 1×10^3 (Kaine, 1995)
- 3 sp²に基づく反応性：アルデヒド、ケト基の還元性、ケト-エノール互変異性、種々の転化反応
- 4 親水性（水素結合）と疎水性の両面性
- 5 水との密接な関係：トリジマイト構造に適合
- 6 ポリオールの多彩な修飾：-NH₂, -NHAc, -OAc, -SO₃⁻, -PO₄²⁻
- 7 エネルギー・ハードウェア（構築要素）・ソフトウェア（情報分子：識別）



* "On the origin of elementary hexoses" Hirabayashi, J. (1996) *Quart. Rev. Biol.* 71, 365-380

約40億年前に地球上に最初の生命体が誕生した。その生命体は、何らかの膜に包まれて、外界から隔離されていたはずである。なぜなら、原始地球での化学進化で合成された生体構成成分で満たされたスープは、それ自体生命と呼ぶことはできないからである。従って、生命は膜とともに進化してきたと言える。現在、地球上の生物は、原核生物の真正細菌と古細菌、そして真核生物の三つの Domain に分けられている。真核生物は、古細菌が宿主となり、後のミトコンドリア、葉緑体となった真正細菌が共生することで誕生したと考えられている。真正細菌と古細菌の成立については、謎に包まれたままであるが、生体構成成分の類似性から、元は単一起源であったと想像される。しかしながら、細胞膜に注目すると、真正細菌は脂肪酸のエステル脂質で構成される膜脂質を持つものに対して、古細菌は、イソプレノイドのエーテル脂質であり、構造が全く異なっている。また、脂質骨格のグリセロリン酸の立体異性も異なる。これらの違いは、脂質合成系の酵素の違いに起因しているということが明らかになりつつある。これは真正細菌と古細菌の分離が、膜脂質と関係しているとも考えられ、興味深い。我々は今回、真核生物の膜脂質に注目した。真核生物は、真正細菌型の膜を持っているが、先に述べた共生説を支持するならば、宿主の古細菌型の膜のはずである。従って、真核生物は、どこかの段階で古細菌型の膜から、真正細菌型の膜に切り替えをしたはずである。現在もオルガネラは独自のゲノムを持つが、そのサイズは非常に小さく、必要な酵素の大半を核ゲノムに頼っていることから、共生体から宿主へゲノムの移動が起こったと考えられている。膜脂質の合成系酵素もオルガネラゲノム中には見られないことから、これらも移動したと考えられる。すると、原始真核生物の核ゲノムには、元々の古細菌型脂質合成酵素と、移動してきた真正細菌型膜脂質合成酵素とが、同時に存在した時期があり、これら酵素の間で、競争関係が起こったのではないか。現在見られるように、真核生物の膜脂質が真正細菌型になったのは、両膜脂質合成酵素の活性の差によるものと考えられる。

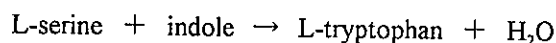
31

アンモニウムイオン存在下におけるトリプトファナーゼのトリプトファン合成反応
 Tryptophan synthesis by tryptophanase in the existence of diammonium
 hydrogenphosphate

島田秋彦, *中村以正 (筑波大応用生物化学系, *相模女子大食物学科)

Akihiko Shimada and *Isei Nakamura [Institute of Applied Biochemistry, University of Tsukuba,
 *Department of Food and Nutrition, Sagami Woman's University]

本研究はトリプトファンのL体の特異性をもつトリプトファナーゼを用いて、酵素の立体特異性の機構について検討している。この酵素は極めて厳格な立体選択性を有するが、高濃度のリン酸水素2アンモニウム存在下ではその能力が低下しD-トリプトファンにも活性を示すようになる。そのためD-トリプトファンはインドール、ピルビン酸およびアンモニアに分解する。この結果は、立体選択性の機構は酵素自身だけでなくその周囲の環境によってサポートされていることを示している。今まで、トリプトファンを分解する反応について研究してきたが、生命の起原における chiral homogeneity の問題を考える上で、アミノ酸の合成反応に対する酵素の立体特異性の研究はより重要である。本研究ではトリプトファナーゼによるトリプトファン合成反応について検討した。トリプトファナーゼはトリプトファンを分解する酵素として広く知られているが、逆に下式のようにL-セリンからL-トリプトファンを合成することもできる。



この反応は、セリンのL体の特異的でD体にはまったく反応しない。トリプトファンの分解反応ではリン酸水素2アンモニウムによってD-トリプトファンを活性にすることができたことから、これに準じてリン酸水素2アンモニウム存在下でD-セリンがトリプトファナーゼに活性になるかどうか調べた。反応条件は次の通りである。200 $\mu\text{g/ml}$ インドール, 50 $\mu\text{g/ml}$ ピリドキサーール 5'-リン酸, 500 $\mu\text{g/ml}$ D-セリン, トリプトファナーゼを含む Britton-Robinson 広域緩衝液 (pH 7.8) に 0.3M リン酸水素2アンモニウムを加えた。反応は37 $^{\circ}\text{C}$ で4時間行った。反応終了後、反応溶液中のトリプトファンはHPLC用光学分割カラム:クラウンパックCR (+)で分析した。その結果、L-トリプトファンが合成されていることがわかった。このことから合成反応でもまたリン酸水素2アンモニウムによってセリンのD体が活性になることが示された。しかしながら、合成されたトリプトファンはL体だけでD体は検知されなかった。なぜD-トリプトファンが合成されないのかその原因は現在のところ不明であるが興味深い問題ではある。今後は本反応について詳しく検討しそれを明らかにしたい。

○首藤洋, 澤田淳, 保莉正憲, 大西耕二 (新潟大, 理, 生物, ohnishi@sc.niigata-u.ac.jp)

Shutou, H., Sawada, A., Hokari, S., Ohnishi, K. (Dept. Biol., Fac. Sci., Niigata Univ., Niigata, 950-2181)

(1) Poly-tRNA モデルに基づく原始mRNAと遺伝暗号の起源学説は、*B. subtilis* の *trnD*-operon や *rrnB*-operon に含まれるtRNA遺伝子クラスターにおけるtRNAアミノ酸特異性の並びに対応する16-amino acid-peptide (*trnD*-peptide) や21-aa-peptide (*rrnB*-peptide) が、最も原初の蛋白合成によるpeptideの一次構造を反映していることを予測し、それと相同なアミノ酸配列が少なからぬ house-keeping 遺伝子のコードする蛋白質に保存されていることを示した。

(2) このことは、これらのtRNA遺伝子クラスターが、全ての現存生物の共通先祖においてすでに存在していたことを強く予測させるものであり、その予測が真でなければ、論理矛盾が生じる。これらのtRNA遺伝子クラスターと明白に相同な遺伝子クラスターは、*Staphylococcus aureus* に典型的に見られるように、グラム陽性菌に広く分布しているが、グラム陰性菌では知られていない。

(3) そこで、グラム陰性菌である大腸菌において、相同な遺伝子クラスターが何らかの形で残存している可能性を検討した。*B. subtilis* の2つのオペロンは、

trnD operon: (5) 16SrRNA-23SrRNA-5SrRNA-[NSEVMDFTYWHQGCLL] (3')

rrnB operon: (5) 16SrRNA-23SrRNA-5SrRNA-[VTKLGLRPAMISMDFMGINSE] (3')

の構造を持つ。ここに、[...] はtRNA遺伝子クラスターであり、アミノ酸特異性の配列順を示す。*E. coli* の5S rRNA 遺伝子の下流を検索したところ、*E. coli* *rrnB* operon の5S rRNA 遺伝子の下流に

tRNA^{Asn}様の塩基配列が見られ、さらにドットマトリックス方で詳細に検討したところ、BS *trnD* operon の5S rRNA-[NSEMDF] に相同な領域が存在し、[NSEMDF]は、偽tRNA遺伝子クラスターとして存在することが判明した。また、3つのtRNAを含む[GCL]なるtRNA遺伝子クラスターが別に存在し、並列した結果から、BS *trnD*型tRNA遺伝子クラスターの痕跡である可能性が高いといえる。

(4) small subunit (SS) rRNA と *B. subtilis* *trnD*-poly-tRNA との比較では、tRNA^{Gly}-tRNA^{Cys}-tRNA^{Leu} 域を含む領域と *B. subtilis* 16S rRNA (bases 171-428) が相同であるのみならず、*S. cerevisiae* の18S rRNA (1798 bases) と、*str* operon のS9, S12, S7, EF-Tu をコードするDNA領域との相同可能性についても検討した。

(5) これらを総合すると、ゲノムの起源と進化が、(i) 短いRNA複製子としてのリボザイムの起源、(ii) peptide結合形成リボザイムとしての共通祖先型原始tRNAの誕生、(iii) [MDF], [NSE], [IS] などの di- ~ tri-tRNA による dipeptide, tri-peptide 等の合成と利用、(iv) *trnD*型peptide (NSEVMDFTYWHQGCLL) などの合成装置としての *trnD*型(などの)poly-tRNA構造の起源、(v) (原始(poly)tRNAの分業体としての)原始mRNA構造の起源、(vi) 原始蛋白合成の場としてのrRNAの起源 (poly-tRNA構造に由来)、(vii) 現存型蛋白合成装置の起源。

(6) したがって、初期ゲノムは、(i) *trnD*型(等の)poly-tRNA構造をもつミニマルDNAゲノムまたはミニマルRNAゲノムとして起源し、(ii) rRNAの出現によって、(rRNA-cluster)-[tRNA-cluster] 型ゲノムで暫く原初型蛋白合成を行ったのち、(iii) (anticodonの並びと相補的配列を獲得したtRNA分業体としての)mRNAが分化して、蛋白質遺伝子を含むゲノムが誕生したと結論できる。

(7) DNA がどの段階で起源したかの手がかりを探るため、eubacteria (*E. coli*)の逆転写酵素(RT)の起源を解析したところ、*trnD*-peptide との相同領域が見つかり、*E. coli* glycyl-tRNA synthetase alpha subunit との明白な相同関係がみられるとともに、BS *trnD*-poly-tRNA の、少なくとも5つのtRNAを含むpoly-tRNA域と相同であることが判明した。しかし、RTの起源がDNAの起源の在り方に関わっているか否かは分からない。最初のRTの担った役割として、(i) DNAゲノムの構築、(ii) Spliced RNA をDNA gene としてDNA genomに取り込むことによる、ゲノムDNAの肥大化の防止、等が考えられる。後者の立場は、Gö. M. によるeubacteriaにおけるintron喪失説に合致するものである。多くのeubacteriaでは、RTはほぼ全てのintronを除去し、その主要な役目を終えたことによってゲノムから失われたのかもしれない。

○首藤洋, 澤田淳, 保苅正憲, 大西耕二 (新潟大, 理, 生物, ohnishi@sc.niigata-u.ac.jp)

Shutou, H., Sawada, A., Hokari, S., Ohnishi, K. (Dept. Biol., Fac. Sci., Niigata Univ., Niigata, 950-2181)

(1) Poly-tRNA モデルに基づく原始mRNAと遺伝暗号の起源学説は、*B. subtilis* の *trnD*-operonや *trnB*-operonに含まれるtRNA遺伝子クラスターにおけるtRNAアミノ酸特異性の並びに対応する16-amino acid-peptide (*trnD*-peptide)や21-aa-peptide (*trnB*-peptide)が、最も原初の蛋白合成によるpeptideの一次構造を反映していることを予測し、それと相同なアミノ酸配列が少なからぬ house-keeping 遺伝子のコードする蛋白質に保存されていることを示した。

(2) このことは、これらのtRNA遺伝子クラスターが、全ての現存生物の共通先祖においてすでに存在していたことを強く予測させるものであり、その予測が真でなければ、論理矛盾が生じる。これらのtRNA遺伝子クラスターと明白に相同な遺伝子クラスターは、*Staphylococcus aureus* に典型的に見られるように、グラム陽性菌に広く分布しているが、グラム陰性菌では知られていない。

(3) そこで、グラム陰性菌である大腸菌において、相同な遺伝子クラスターが何らかの形で残存している可能性を検討した。*B. subtilis* の2つのオペロンは、

trnD operon: (5') 16SrRNA-23SrRNA-5SrRNA-[NSEVMDFTYWHQGCLL] (3')

trnB operon: (5') 16SrRNA-23SrRNA-5SrRNA-[VTKLGLRPAMISMDFMGINSE] (3')

の構造を持つ。ここに、[...] はtRNA遺伝子クラスターであり、アミノ酸特異性の配列順を示す。*E. coli* の5S rRNA 遺伝子の下流を検索したところ、*E. coli trnB* operon の5S rRNA 遺伝子の下流に

tRNA^{Asn}様の塩基配列が見られ、さらにドットマトリックス方で詳細に検討したところ、BS *trnD* operon の 5S rRNA-[NSEMDF] に相同な領域が存在し、[NSEMDF]は、偽tRNA遺伝子クラスターとして存在することが判明した。また、3つのtRNAを含む[GCL]なるtRNA遺伝子クラスターが別に存在し、並列した結果から、BS *trnD*型tRNA遺伝子クラスターの痕跡である可能性が高いといえる。

(4) *E. nidulans* (= *Aspergillus nidulans*) のミトコンドリアには、*urfA-RN-urfB-ATPase6-ssrRNA-Y-urfC-CytochromeOxydase3-KGGDSW[SP]-1srRNA-TEVMMMLAFLQM-urfD-H-urfE-urfF* の遺伝子群(二重下線はtRNAまたはrRNA遺伝子)の中に2つのtRNA遺伝子クラスター ([KGGDSW[SP], [TEVMMFLQM])をもち、*1srRNA-[TEVMMMLAFLQM]* はBS *trnD*と共通部分 [EVM]を含む。多くの生物種の mitochondria genome では、このようなtRNA遺伝子クラスターはもはや保存されていない。

(5) small subunit (SS) rRNA と *B. subtilis trnD*-poly-tRNA との比較では、tRNA^{Gly}-tRNA^{Cys}-tRNA^{Leu} 域と *B. subtilis* 16S rRNA (bases 171-428) が相同であるのみならず、*S. cerevisiae* の18S rRNAの全域 (1798 bases)が、*str* operon のS9, S12, S7, EF-Tu をコードするDNA領域と相同であると考えられる。

(6) これらを総合すると、ゲノムの起源と進化が、(i) 短いRNA複製子としてのリボザイムの起源、(ii) peptide結合形成リボザイムとしての共通祖先型原始tRNAの誕生、(iii) [MDF], [NSE], [IS] などの di- ~ tri-tRNA による dipeptide, tri-peptide 等の合成と利用、(iv) *trnD*型peptide (NSEVMDFTYWHQGCLL)などの合成装置としての *trnD*型(などの)poly-tRNA構造の起源、(v) (原始(poly)tRNAの分業体としての)原始mRNA構造の起源、(vi) 原始蛋白合成の場としてのrRNAの起源 (poly-tRNA構造に由来)、(vii) 現存型蛋白合成装置の起源。

(6) したがって、初期ゲノムは、(i) *trnD*型(等の)poly-tRNA構造をもつミニマルDNAゲノムまたはミニマルRNAゲノムとして起源し、(ii) rRNAの出現によって、(rRNA-cluster)-[tRNA-cluster] 型ゲノムで暫く原初型蛋白合成を行ったのち、(iii) (anticodonの並びと相補的配列を獲得したtRNA分業体としての) mRNAが分化して、蛋白質遺伝子を含むゲノムが誕生したと結論できる。

(7) DNA がどの段階で起源したかの手がかりを探るため、eubacteria (*E. coli*)の逆転写酵素(RT)の起源を解析したところ、*trnD*-peptideとの相同領域が見つかり、*E. coli* glycyl-tRNA synthetase alpha subunitとの明白な相同関係がみられるとともに、BS *trnD*-poly-tRNA の、少なくとも5つのtRNAを含むpoly-tRNA域と相同であることが判明した。しかし、RTの起源がDNAの起源の在り方に関わっているか否かは分らない。最初のRTの担った役割として、(i) DNAゲノムの構築、(ii) Spliced RNA をDNA gene としてDNA genom に取り込むことによる、ゲノムDNAの肥大化の防止、等が考えられる。後者の立場は、Go, M. によるeubacteriaにおけるintron 喪失説に合致するものである。多くのeubacteriaでは、RTはほぼ全てのintron を除去し、その主要な役目を終えたことによってゲノムから

横尾広光 (杏林大学保健学部)

Hiromitsu Yokoo

Fax:0426-91-1094

(School of Health Sciences, Kyorin University)

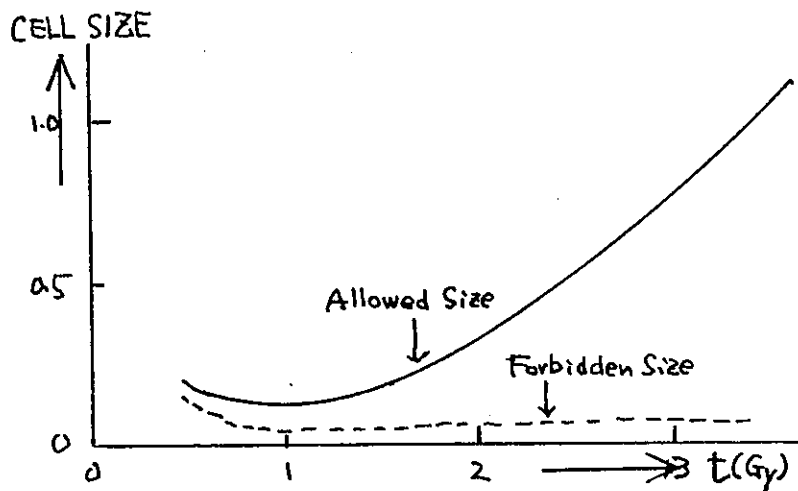
単細胞生物の理論的モデルのふるまいを吟味すると、微妙なつりあいによって、許容される細胞サイズと排除されるサイズがあることがわかる。それらの直径は、放射線環境の強度と、生物学的放射線耐性の生化学的パラメータであらわされる。

この細胞モデルでは、細胞全体の被照射放射線全量が許容上限を超えないように細胞サイズがきまるとして、宇宙線等による外部照射とカリウム40による内部照射の和が一定に保たれると仮定(1)し、半定量的解析的に吟味した。放射線が細胞内物質の化学的作用を通じてDNAを攻撃すると考えた。紫外線の効果は取り入れてない。

理論的モデルによって、巨視的なカンブリア微化石データから、細胞内部での微視的過程での諸数値を引き出せる。

単細胞時代の先カンブリア紀には、細胞内物質中のカリウム40(崩壊時定数18,2億年)が強烈に内部照射していて(2)、現在の弱放射線環境下での多細胞系とは異なっていた。

この細胞モデルが不安定をおこす条件と、最初に可能になる条件とは特に興味深い。



[1] 横尾広光、杏林大学研究報告 15 71-81, 1997 (生命の起源・進化学会、長岡、1997)

[2] H, Yokoo, *ibid*, 16 55-58, 1999 (SETI 国際会議、Sydney, Jan. 1998)

始生代後期(約 25 億年前)の有機質頁岩の炭素・窒素同位体変動と生物活動
Carbon and nitrogen isotopic compositions of the late Archean shales (~2.5 Ga):
Implications for biological activity and the Earth's surface environments

奈良岡 浩(東京都立大学理学部)

Hiroshi NARAOKA (Dept. Chem., Tokyo Metropolitan Univ.)

【はじめに】地球は約 46 億年、生物活動によって大気中に O_2 が蓄積されるなど他の地球型惑星とは大きく異なった進化をしてきた。今までの研究で地球表層環境進化における生物活動の役割は非常に大きいという共通認識はあるが、生物活動の多様性(進化)と環境変化の時期およびその大きさがどのように結びついているかは解明されていない。例えば、分子進化学からは生物の共通祖先は約 20 億年前に分岐したとされているし(1)、地球化学からは大気中の O_2 の大きな蓄積は約 22 億年前というのが通説である(2)。ところが有機炭素の同位体研究から約 28 億年前にすでにメタン代謝細菌(O_2 が必要)の存在が示唆されているし(3)、最近では 27 億年前の堆積岩から真核生物のバイオマーカー(ステラン)の存在が報告された(4)。これらの結果は始生代後期にはすでに真核生物を含めた多様な生物が存在し、地球表層で現在と同じような元素サイクルが動いていた可能性を示す。本研究では約 25 億年前有機質頁岩ポーリングコア試料(西オーストラリア・ハマースレイ地域 Mount McRae Shale)を用いて炭素・窒素・イオウなどの安定同位体組成から当時の海洋での生物活動を推論し、無機化学元素の分析結果も合わせて地球表層環境を考察した。

【結果と考察】約 25m のコアの 24 試料について約 10wt% までの有機炭素量が含まれており、約 0.15 wt% までの窒素量と強い正の相関($r^2=0.76$)を示す。また全有機炭素同位体比は -37 to -35 ‰ (vs. PDB) の間で 2 回変動した(Fig. 1)。これらの同位体比変動は海洋表層における光合成と深層におけるメタン代謝細菌の混合の寄与で説明される。より同位体的に軽い時期には海洋深層が還元になった可能性があり、硫化物の存在状態およびそのイオウ同位体などの研究からも硫酸還元細菌の活動が盛んになったと考えられる。また、窒素同位体比は全層を通じて -3 から +2 ‰ (vs. Air) の範囲にあり、起源としてシアノバクテリアによる海洋表層における窒素固定が考えられる。この層においてシアノバクテリアのバイオマーカー(2-メチルホパン)が報告された(5)ことと矛盾しない。今回の結果は当時の海洋でシアノバクテリアによる光合成により酸素が大気中に放出され、海洋も酸化還元状態がダイナミックに変動しており、大気中にすでに遊離酸素が存在していたことを示す。試料中の有機炭素と Mo の含有量が正の相関($r^2=0.80$)を示していることも当時の陸上で遊離酸素存在下で Mo が風化を受けた後、移動濃集していることを示唆する。

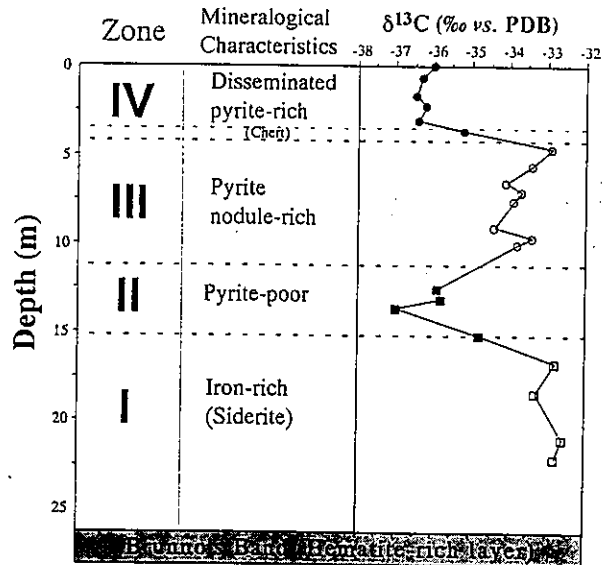


Fig. 1. $\delta^{13}C$ excursion of kerogen in Mt. McRae Shale (~2.5 Ga)

References (1) Doolittle et al., *Science* 271, 470 (1996). (2) Kasting, *Science* 259, 920 (1993). (3) Hayes, In *Early Life on Earth* (ed. Bengtson) p. 220, Columbia Univ. Press (1994). (4) Brocks et al. *Science* 285, 1033 (1999). (5) Summons et al. *Nature* 400, 554 (1999).

ホスファターゼ活性に基づく生命探査法の基礎的検討

Fundamental Studies on Life Detection Method on the Basis of Phosphatase Activities

垣内秀明, 河崎行繁¹, 石川洋二², 小林憲正(横浜国立大学工学部, 三菱化学生命科学研究所^{*}, 大林組^{**})Hideaki Kakiuchi¹, Yukishige Kawasaki^{*}, Yoji Ishikawa^{**} and Kensei Kobayashi(Yokohama National University, Mitsubishi Kasei Institute of Life Science^{*}, Obayashi Corp.^{**})

緒言 地球および地球圏外における生物圏の広がりを知るためには土壤中の微生物の検出法やその生態を調べる方法が不可欠である。通常の微生物の検出には、その増殖能をもととする培養法(平板法)が用いられるが、この方法では地球の土壤中の微生物のごく一部しか検出できない。地球型生物にとってリンは必須であり、その代謝を司るホスファターゼは必須な酵素であると考えられる。本研究では、土壤中のリン循環を司る土壤中の酸およびアルカリホスファターゼ活性に着目し、これらの酵素活性が環境中の微生物活動の指標となりうるかどうかを検討した。

実験 土壌試料として、北海道陸別で採取した土壌コア試料(深さ 0-300cm)を用いた。各深さ毎に分画した試料に対して生菌数密度、アルカリホスファターゼ活性(ALP)、酸性ホスファターゼ活性(ACP)を測定した。ALP および ACP 測定はリン酸 *p*-ニトロフェニルを基質として、次のようにして行った。土壌試料 250 mg に 25mM リン酸 *p*-ニトロフェニル 0.25 mL, 修飾ユニバーサル緩衝液(pH 11 または 6.5) 溶液 1 mL, トルエン 0.05 mL を加え、さらに水を加えて 25mL に定容した。これを 37°C で 1 時間の反応後、CaCl₂-NaOH を加えて反応を停止し、吸収波長 410nm の吸光度の変化を測定した。オルトリン酸濃度は、モリブデンブルー吸光度法を用いた。生菌数は顕微蛍光法[1]により求めた。その他、試料中のアミノ酸濃度、全有機炭素量(TOC)を測定した。

結果と考察 ALP 活性は、深さ 0-5 cm の表土(凍土)が最も高く(1.5 nmol min⁻¹ g⁻¹)、深さ 75cm まで深さとともに大きく減少し、それ以深では 0.1 nmol min⁻¹ g⁻¹ 未満となった。ACP 活性も、ALP 活性とほぼ同じレベルの活性値、および同様なプロファイルを示した。Table 1 にホスファターゼ活性と他のパラメータとの相関係数を示す。ホスファターゼ活性(ALP, ACP) は生菌数密度、TOC、全アミノ酸などと強い正の相関を有することがわかった。一方、オルトリン酸濃度、D-アミノ酸の割合、非蛋白アミノ酸の割合などは負の相関が見られた。これらの結果は、ホスファターゼ活性がアミノ酸濃度などと共に土壤中の微生物活動の指標となりうることを示唆するものである。

これらの結果より、ホスファターゼ活性が生物活動の指標に適用できる可能性が示唆された。今後、蛍光法を用いたより高感度な活性測定法を開発し、微生物密度の低い極限環境試料の酵素活性の測定を試みる予定である。

Table. 1 陸別コアサンプルにおける生菌密度等の各パラメータの相関

	Cell Density	ALP	ACP	TAA	TOC	Pi	D/L	NPA	ΔALP
Cell Density	1	0.95	0.81	0.98	0.97	-0.67	-0.59	-0.56	0.60
ALP	0.95	1	0.92	1.00	1.00	-0.85	-0.76	-0.70	0.65
ACP	0.81	0.92	1	0.92	-0.85	-0.94	-0.90	-0.60	0.55
TAA	0.98	1.00	0.92	1	-0.88	-0.85	-0.72	-0.84	0.58
TOC	0.97	1.00	0.94	1.00	1	-0.88	-0.76	-0.66	0.58
Pi	-0.67	-0.85	-0.94	-0.85	-0.88	1	0.95	0.88	-0.63
D/L	-0.59	-0.76	-0.90	-0.72	-0.76	0.95	1	0.96	-0.60
NPA	-0.56	-0.70	-0.84	-0.66	-0.69	0.88	0.96	1	-0.61
ΔALP	0.60	0.65	0.55	0.58	0.58	-0.63	-0.60	-0.61	1

Cell Density: 生菌数、ALP: アルカリホスファターゼ活性、ACP: 酸性ホスファターゼ活性、TAA: 全アミノ酸量、Pi: オルトリン酸濃度、D/L: 全アミノ酸中のアミノ酸の D/L 比、NPA: 非タンパクアミノ酸、ΔALP: アルカリホスファターゼ活性と 80°C 加熱分解後のアルカリホスファターゼ活性の差

Comparison and Examination of Genetic Measure

西岡 太郎, 山木 隆史, 大高 勝彦, 大矢 雅則 (東京理科大学情報科学科)
Taro Nishioka, Takashi Yamaki, Katsuhiko Otaka and Masanori Ohya
(Department of Information Science, Science University of Tokyo)

遺伝子を配列として解析する際, 数量化することが重要になってくる。また, 系統関係を調べる際にも数量化, つまり測度が必要である。

我々は, 遺伝子を情報伝達物質として情報理論における, エントロピーをと相互エントロピーを用いて遺伝子の変化の尺度としてエントロピー進化率を定めた。

本研究では, エントロピー進化率, 木村の距離, 置換率, 置換率にアライメントをする際の重みを考慮した重み付き置換率を用いて, 遺伝子配列を数量化し, それらの有用性について検討する。

今回の解析に用いる遺伝子配列は, HIV-1 に感染した患者の遺伝子配列を用い, その中でも特に変異の激しい env 領域に含まれる V3 領域を対象にしている。V3 領域は HIV-1 の性状等を決定する領域として知られており, ウイルス学的にも注目されている領域である。

解析として, 上記の4つの測度を用いて遺伝子配列の時間的推移を数量化し, AIDS の臨床症状との関連性について調べる。それぞれの測度を用いて系統樹を作成し, どのような系統関係を示すかを調べるという2つの観点から解析する。

結果として, 遺伝子配列の時間的推移の解析では, 初期状態から AIDS 発症に向けて次第に遺伝学的差異が大きくなっていき, AIDS 発症後は差異は小さくなっていくという推移が, どの測度でもほぼ同様な結果を得ることができる。

系統関係を調べると重み付き置換率を用いて系統樹を作成すると HIV-1 の性状を決定する上で重要とされるアミノ酸の組み合わせによって系統が分類でき, また, エントロピー進化率を用いて系統樹を作成すると AIDS の臨床症状によって分類することができる。

和田 孝元, 足立 誠之, 大矢 雅則 (東京理科大学情報科学科)

Takamoto Wada, Masayuki Adachi and Masanori Ohya

(Department of Information Sciences, Science University of Tokyo)

遺伝子の塩基3つの組であるコドンがアミノ酸1つを指定する過程で第3塩基が変化しても指定するアミノ酸が変化しない場合が多い。従ってコドンの第3塩基は、通信において情報を伝送する際、誤りを訂正するための冗長部分に類似していると考えられる。つまり、これらを符号理論に当てはめると、コドンの第1、第2塩基は遺伝情報を表し、第3塩基は誤り訂正符号における冗長部分であると考えられる。

このような観点から HIV の gp120 タンパク質の V3 領域を対象に AIDS の発病前後における符号構造について調べた。HIV は変異の高いウイルスであることが知られており、そのため、治療が難しいとされている。そのような HIV の中で gp120 という糖タンパク質は、エンベロップに属する変化が特に激しい5個所の高度可変領域を持っている。その5ヶ所のうち V3 領域が重要であると言われておりこの部位は、ループを形成する約35個のアミノ酸からなり、液性免疫、細胞性免疫両方のエピトープを含んでいる。AIDS が進行した患者は、細胞宿主域が拡大したり、細胞傷害性が強くなっており、これを決定しているのがこの V3 領域であり、V3 領域での変化は AIDS 発症に深く起因していると考えられている。

今回の解析では、AIDS を発症したと報告されている患者と、そうでない患者の V3 領域部分をデータとして用い、データに符号構造を持たせ、情報理論の基礎概念であるエントロピーをベースとした遺伝的差異を表すエントロピー進化率をもとに、系統樹を作成することにより、患者ごとの符号構造の変化と病状との関係を見いだすことが主な目的である。

Structure of Universal CCA Sequence of tRNA and Evolution of Aminoacyl-tRNA Synthetases

Koji Tamura¹⁾ and Tsunemi Hasegawa^{2),3)}

¹⁾Biophysical Chemistry Laboratory, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)

²⁾Department of Material and Biological Chemistry, Faculty of Science, Yamagata University

³⁾Institute of Space and Astronautical Science

In the processes involved in the translation of genetic information, tRNAs play crucial roles. Among these processes, aminoacylation is the first step in which tRNAs participate. The 3'-terminal three nucleotides are universal CCA sequence among all tRNAs, and aminoacylation is performed uniquely at the 2'- or 3'-OH of the ribose of the terminal adenosine residue by each aminoacyl-tRNA synthetase (aaRS). The CCA end is clearly not responsible for discrimination by noncognate aaRSs. However, these three terminal nucleotides are located in the vicinity of the active site of the aaRS and the elucidation of the influence of the nucleotides in the CCA sequence on the efficiency of aminoacylation should give us clues toward understanding aminoacylation and its evolution.

To study the role of the terminal trinucleotide in the aminoacylation process, base substitutions were introduced into 10 kinds of *Escherichia coli* tRNA transcripts, and the effects on the aminoacylation activities with the cognate aaRSs were investigated. In tRNAs belonging to the class I aaRSs, decreased aminoacylation activities resulted from the substitution of A76 with pyrimidine, whereas in tRNAs belonging to the class II aaRSs, decreased aminoacylation activities resulted from the substitution with guanine. The results suggest that the 3'-terminal adenine base of tRNA is very much related with the early evolutionary aspect of aaRSs. Aminoacylation on proto-tRNA might have started through the direct and hydrophobic (or stacking) interaction between the large and hydrophobic amino acid residue (categorized in class I aaRSs) of aminoacyl-AMP and the 3'-terminal adenine. Shorter distance between the adenine and the 2'-OH position than the 3'-OH position, and the bulkiness and hydrophobicity of amino acid can be an important reason why class I aaRSs select the 2'-OH position in aminoacylation. In contrast, in the case of small amino acids (categorized in class II aaRSs) which were not able to use the interaction, protein enzyme might have participated into aminoacylation reaction at early stage. The active-site folds of aaRSs belonging to each class reflect the history of evolution: evolved nucleotide-binding fold (Rossmann fold of class I aaRSs) and primitive fold found also in the family of adenylate-forming enzymes (class II aaRSs).

古細菌トレオニル-tRNA合成酵素による tRNA^{Thr}の識別位塩基認識

Recognition of Discriminator Base of tRNA^{Thr} by
Archaeobacteria Threonyl-tRNA Synthetase

石倉 和秀¹⁾, 横澤 潤二¹⁾, 榎原 琢哉¹⁾, 廣嶋 康生¹⁾, 久野 敦¹⁾, 長谷川 典巳^{1), 2)}
(1) 山形大学・理、2) 宇宙研・共通基礎研究系)

Kazuhide Ishikura¹⁾, Junji Yokozawa¹⁾, Takuya Umehara¹⁾, Yasuo Hiroshima¹⁾,
Atsushi Kuno¹⁾ and Tsunemi Hasegawa^{1), 2)}

(¹⁾Department of Material and Biological Chemistry, Faculty of Science,
Yamagata University, ²⁾Institute of Space and Astronautical Science)

古細菌の一種である *Methanococcus jannaschii* の全ゲノム配列が1996年に明らかにされて以来、6種類の古細菌の全ゲノム配列が決定された。従来の生化学的研究を含めて、古細菌を第三の生物界として分類する考えが主流となってきている。

タンパク質合成の過程において、コドンの情報が対応するアミノ酸に正しく翻訳されることは、生体の正常な維持のためにはきわめて重要である。この遺伝暗号とアミノ酸を結びつけているアダプター分子としての機能を担っているのが tRNA であり、アミノアシル-tRNA合成酵素 (ARS) は、アミノ酸を活性化し、tRNA への結合を触媒している。ARS による tRNA の分子認識と識別機構、つまり tRNA アイデンティティーの研究は、大腸菌の系で解明度の違いはあるものの、全てのアミノ酸種 tRNA について明らかにされている。しかしながら、古細菌の tRNA アイデンティティーは、最近ロイシンの系で初めて明らかにされた以外は未解明である。我々は古細菌の系で、ARS による tRNA の分子認識と識別のメカニズムを解明することで、古細菌の進化系統上の位置を明らかにすることを目的に研究を進めている。

好塩古細菌である *Haloferax volcanii* (*H. volcanii*) および最近全ゲノム配列が明らかにされた超好熱古細菌である *Aeropyrum pernix* (*A. pernix*) を用いて、これら細胞から ARS および tRNA 画分を分離し、¹⁴C-アミノ酸を用いて異種生物間のアミノアシル化反応を行った。*H. volcanii* と大腸菌由来トレオニルRS (ThrRS) を用いて各生物種由来 tRNA^{Thr} のアミノアシル化反応を検討した結果、大腸菌 ThrRS は古細菌 tRNA^{Thr} をトレオニル化した。*H. volcanii* 由来 ThrRS は大腸菌 tRNA^{Thr} をトレオニル化できなかったが、*A. pernix* tRNA^{Thr} をトレオニル化した。大腸菌 tRNA^{Thr} のアイデンティティー部位は、アンチコドンの2文字目、3文字目、アクセプターステムのG1-C72、C2-G71とされており、いわゆる認識部位A73は、トレオニン tRNA のアイデンティティーに関わっていないことが明らかにされている。大腸菌では、tRNA^{Thr} が ARS に識別位塩基を認識されない唯一の tRNA である。*H. volcanii* および *A. pernix* の tRNA^{Thr} の構造を比較すると、アンチコドンおよびアクセプターステムのG1-C72、C2-G71は大腸菌と共通であるが、識別位塩基については大腸菌ではA73、古細菌ではU73となっており、このU73の存在が古細菌 ThrRS による認識に重要であると結論された。

D-β-Asp 特異抗体を用いた水晶体・皮膚中での D-β-Asp
含有タンパク質の分布

Localization of D-β-aspartate-containing protein in human eye lens and skin using a
specific antibody against D-β-aspartate-containing peptide

○藤井紀子、下岡正志*、多島新吾**、赤星光彦

(京大原子炉、旭テクノグラス*、防衛医大皮膚科**)

Noriko Fujii, Tadashi Shimooka*, Shingo Tajima** and Mitsuhiko Akaboshi

(Res. Reactor Inst., Kyoto Univ., Life Science Center, Asahi Techno Glass Corp.*,

Department of Dermatology, National Defense Medical College)

【目的】我々は現在までにヒトの水晶体から得た αA-クリスタリンの Asp-151 残基が部位特異的な反転と異性化 (D-β-Asp 化) を生じ、それが老化と共に増加する事を報告してきた。本研究では αA-クリスタリンの Asp-151 残基周辺と同一配列の D-β-Asp 含有ペプチドを合成し、これに対する特異的な抗体を調製し、この抗体によってヒト水晶体とヒト皮膚中での D-β-Asp 含有タンパク質の局在を明らかにしたので報告する。

【方法】抗原としてヒト αA-クリスタリンの 149-153 残基に相当する Gly-Leu-D-β-Asp-Ala-Thr ペプチドの 3 回繰り返しペプチド Gly-Leu-D-β-Asp-Ala-Thr-Gly-Leu-D-β-Asp-Ala-Thr-Gly-Leu-D-β-Asp-Ala-Thr (以後 peptide 3R と呼ぶ) を合成し、これに対する抗体を調製し、精製した。また、この抗体が D-β-Asp 含有ペプチドにのみ反応することを確かめる目的で Ile-Gln-Thr-Gly-Leu-Asp-Ala-Thr-His-Ala-Glu-Arg のペプチド中で Asp 残基をそれぞれ、L-α-Asp, D-α-Asp, L-β-Asp, D-β-Asp で置き換えた 4 種類のエピマーのペプチドを合成した。老化したヒト αA-クリスタリン、若いヒト αA-クリスタリン、成牛、コウシ αA-クリスタリンは従来の方法で精製した。

【結果と考察】 peptide 3R に対する抗体は上記の 4 種類のエピマーの内、D-β-Asp 含有ペプチドのみを認識し、他の L-α-Asp, D-α-Asp, L-β-Asp 含有ペプチドとは全く反応しなかった。また、この抗体は老化したヒト αA-クリスタリン、若いヒト αA-クリスタリン、成牛 αA-クリスタリンと反応したが、コウシ αA-クリスタリンとは反応しなかった。これは老人の αA-クリスタリン中に多量に存在する D-β-Asp-151 残基を強く認識していること、若いヒト αA-クリスタリンでも微量であるが D-β-Asp-151 残基が含まれているのでこれを検出したと思われる。また、ウシの αA-クリスタリンに対する結果は、D-β-Asp-151 残基は、成牛の αA-クリスタリンには含まれるが、コウシには含まれないと言う従来 of 生化学的実験の結果と一致した。以上のことから、我々が調製した peptide 3R に対する抗体は微量な D-β-Asp 含有タンパク質をも検出できる特異抗体であることが明らかとなった。次いでこの抗体を用いてヒト水晶体組織中での免疫染色を行ったところ、D-β-Asp 含有タンパク質は老化した水晶体のコアに多く存在していることが明らかとなった。水晶体は代謝がないので水晶体中の老化タンパク質は水晶体のコアに蓄積されている事が知られている。本研究の結果は老化タンパク質は D-β-Asp 含有 αA-クリスタリンに富むという従来 of 生化学的実験の結果を強く支持した。

また、本抗体によってヒトの皮膚の免疫染色を行ったところ、やはり老化と共に血管内皮、エラスチン繊維が強く染色されていることから、酸化ストレスとの関係が示唆された。以上の結果から本抗体を用いることにより、水晶体だけでなく他の老化組織にも広く応用できることが示唆された。

希土類元素と蛋白質との結合：結合による酵素活性の抑制

Suppression of enzyme activities by rare earth elements

赤星光彦・田中愛子・河合建一・川本圭造・藤井紀子（京大・原子力）

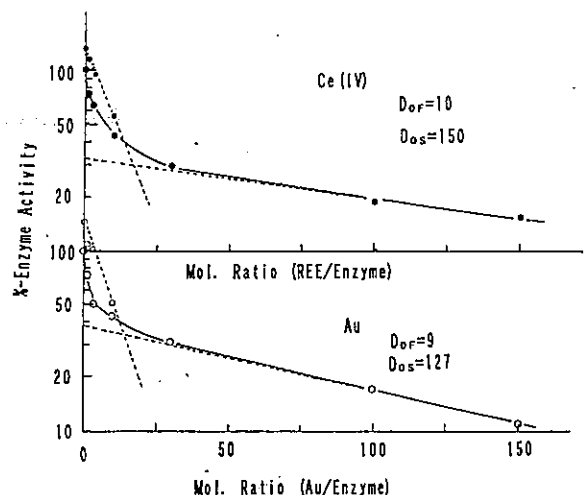
Mitsuhiko Akaboshi, Yoshiko Tanaka, Kenichi Kawai, Keizo Kawamoto and Noriko Fujii (Res. Reactor Inst. Kyoto University)

「緒言」我々は、Ce(IV)を始めとする希土類元素がモノリン酸エステルに対する強い切断作用を示すことを見出した。希土類元素に見られたこの高い触媒的なリン酸エステル切断作用は、原始の海における各種リン酸エステル化合物と核酸の生成を阻害することによって、生命の起源に対して抑制的に作用した筈である。しかしながら、我々はこの作用が蛋白質の存在によって抑制され、かつこれら元素が蛋白質と強く結合するところから、原始地球において蛋白質が先にあったと提唱した。本研究では、希土類元素と蛋白質との結合の本質を調べる一環として、アルカリホスファターゼやリゾチーム等の酵素類を希土類元素で処理した後の酵素作用の失活を調べ、処理に用いた希土類元素量と失活との関係を化学量論的に明らかにする。

「実験」リン酸エステル切断作用は *p*-nitrophenyl phosphate (*p*-NPP) を基質として用いるアルカリホスファターゼ活性測定用キット(Kirkegaard & Perry Laboratories Inc.)を利用して測定した。リゾチーム活性の測定は *Micrococcus Lysodeikticus* 粉末懸濁液の酵素処理後の濁度の測定により行った。両酵素に対し分子比にして0~15000倍となる希土類元素または白金族元素を加え、37℃において0~3時間の pre-incubation を施した後、活性を測定した。

「結果」各種濃度の REE または白金族元素で前処理された酵素溶液では著しい酵素作用の抑制が観察される。これら元素は酵素と結合することによってその作用を阻害するものと考えられる。抑制作用は処理元素濃度に対して指数関数的に生起することが確かめられたので、放射線生物学で常用される D_0 (平均致死濃度) 手法を応用し、抑制作用に対する動的解析を試みる。図は Ce(IV) および Au によるアルカリホスファターゼに対する抑制作用を示す。指数関数的に減衰する活性曲線は両者とも、二成分からなることが明らかである。すなわち、Ce(IV) および Au による抑制は異なる二種類の抑制機構によって表現される。片対数

グラフ上、二本の直線成分に分けられた曲線の D_0 (平均致死濃度) を求めると、感受性の高い方は金属と酵素の分子比が9~10:1となる濃度で、また低い方は127~150:1となる濃度となり両金属で類似した値を得た。すなわち、この濃度で処理された酵素上で引き起こされた結合等の事象が酵素を失活せしめることが判った。化学進化における本現象の意義を類推する。



○隅野照家、高田実弥、川本圭造、田中愛子、河合建一、赤星光彦

京大原子炉実験所

Teruie Sumino, Jitsuya Takada, Keizou Kawamoto, Yoshiko Tanaka, Kennichi Kawai and Mitsuhiro Akaboshi (Research Reactor Institute Kyoto University)

【はじめに】

希土類元素が細胞内においてCaイオンが拮抗的に作用することが報告されている。我々は細胞性粘菌のアメーバを使用し、カルシウムによる分化とカルシウムに代わるランタンの分化に及ぼす効果について検討した。細胞性粘菌は単純な単細胞微生物であり、そのアメーバは孢子細胞と柄細胞とに分化することから多細胞生物の発生、分化に関する研究のモデル材料として使われてきた。希土類元素の役割及びそのCaイオンとの比較について実験的説明をはかる。

【材料と方法】

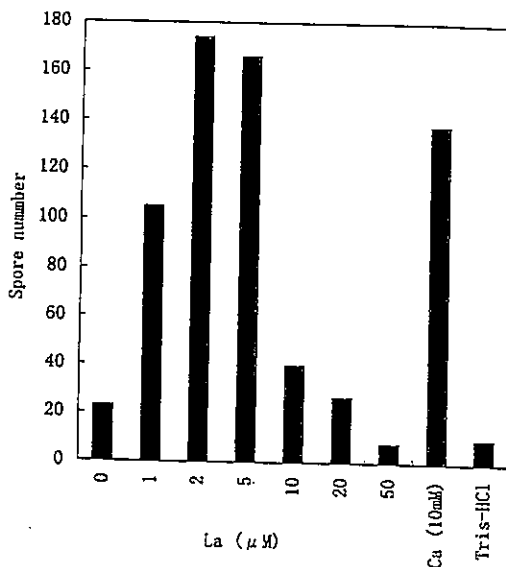
細胞性粘菌Strain AX-2の孢子細胞をHL-5の培養液中で発芽させたものを使用した。増殖期のアメーバをプラスチックペトリ皿に付着させ、浮遊したアメーバを除き、トリス塩酸溶液(1mM, pH 6.5)で洗浄した後、一定時間飢餓状態にし、ランタン添加および無添加のアメーバの懸濁液とし、50mlの三角フラスコでshaking cultureをした。アメーバ、孢子細胞は血球計算盤で数えた。

【結果と考察】

ナトリウムおよびカリウム存在下でカルシウムの代わりにきわめて低濃度の塩化ランタンを投与されたアメーバは“孢子細胞”と“柄細胞”をつくった。

この“孢子細胞”はHL-5の培養液中で発芽し正常に分化した。カルシウム含有の標準液でも孢子細胞は作られるが、おなじ数の孢子細胞をつくるのに塩化ランタンはカルシウム含有の標準液に比較して、濃度比で、数千分の一であった。カルシウムおよび塩化ランタンを投与せず、ナトリウムとカリウムの存在だけでも、孢子細胞はわずかに検出できるが、これらすべての金属イオンを無添加にしたトリス塩酸溶液だけでは孢子細胞は検出できなかった。

なお、今後La以外の希土類元素でも同様な作用が有るのかを調べ、細胞性粘菌のような単純な微生物をとらえて細胞の進化と希土類元素との関連を調べたいと考えている。

Fig.1 The effects of REE on *D. discoideum*.

種々の蘚苔類における希土類元素の分布

Distribution patterns of rare earth element in different *Bryophytes*

○川本圭造、高田実弥、田中愛子、隅野照家、赤星光彦(京大・原子炉)
Keizo Kawamoto, Jitsuya Takada, Yoshiko Tanaka, Teruie Sumino and
Mitsuhiko Akaboshi (Research Reactor Insutitute, Kyoto Univ.)

【はじめに】緑藻起源説にしたがえば、蘚苔類(コケ植物)は水中生物の緑藻類から進化したもので、陸上に進出した最初の植物群ということになる。そのためコケ植物は陸生植物の中で最も下等な植物群であり、陸上植物の形質を持ちつつ水生生物の形質も残しているという興味ある生物である。この下等な植物中の無機元素の分析を通して、生育環境からの元素集積度や各元素間の相関および希土類元素分布パターンの変動などについて検討を行い、コケ植物の特性を調べる。

【実験】試料：大台ヶ原をはじめ各地で採取したコケ植物は、水道水下で付着物を洗浄した後仮根と茎葉部に切断し、茎葉部を純水で再度洗浄後乾燥して秤量、放射化分析と ICP-MS 分析に供した。土壌等試料は、コケ植物の仮根周辺から採取し粉砕・乾燥して分析に用いた。分析条件：放射化分析では、各試料を短寿命核種用と中長寿命核種用に秤量し、それぞれ原子炉(KUR)で中性子照射して核種測定を行った。ICP-MS 分析では、全試料をマイクロウェーブ溶解装置を用い超高純度の酸に溶解・調製した後、Yokogawa HP-4500 を使って分析した。

【結果と討論】INAA と ICP-MS 両法により定量できた元素は、希土類元素を含めおよそ 45 元素であった。コケ植物中希土類元素濃度と土壌中濃度の比から得られた希土類元素分布パターンを図 1 に示す。いずれの濃度比も 1 以下で、土壌濃度より高濃度に希土類元素を蓄積するコケ植物は見出されなかった。分布パターンは、①土壌濃度を反映した平坦なパターン、②Eu の濃度比がその他の希土類元素の比よりも高いパターン、③全希土類は高い濃度比を示すが Ce のみが低いパターン、④中希土類から重希土類に高い値を示すパターンに分類できる。第 2 パターンにおいて最も Eu 濃度比の高いホウオウゴケ(那智)について、その土壌中の Eu 濃度を調べると、他の土壌に比較し低い値を示していた。すなわちホウオウゴケは Eu を能動的に摂取あるいは蓄積したことが分かる。

第 1 のパターンを除く 3 つのパターン中、それぞれの特徴を最も顕著に示す試料について希土類以外の元素との相関を調べると、コケ植物中の Al か Fe, または Zn などの遷移元素に高い含有量が見られた。このことから希土類元素の高い濃度比とそのコケ植物中特定の遷移元素の高い摂取・蓄積との関連性が伺える。この関連性に着目して、分析したコケ植物中の各希土類元素濃度と上記遷移元素や Ca の濃度を、散布図を用いてそれぞれの相関について検討した。

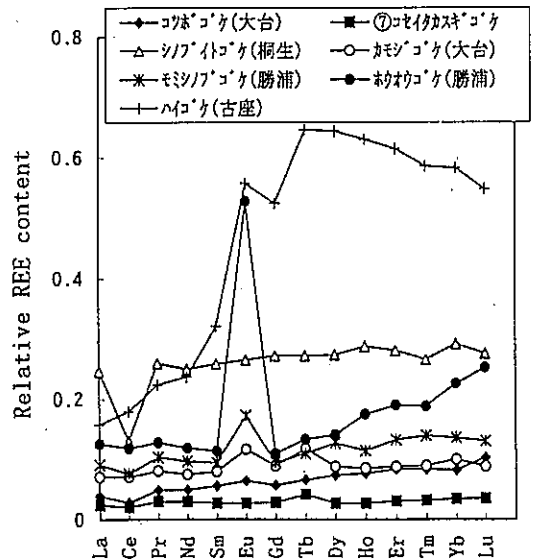


Fig. 1. REE patterns in different organisms (soil normalized).

ニューラルネットワーク様階層社会形成に基づく
認知的生物機械の創成と進化的自己改良

Genesis and Evolutionary Self-Improvement of Cognitive Biomachines
based on Neural-Network-like Hierarchical Sociogenesis

○神辺 大樹、大西 耕二(新潟大学理学部生物学教室; ohnishi@sc.niigata-u.ac.jp)
Daiji Kanbe, Koji Ohnishi (Dept. of Biol., Fac. of Sci., Niigata Univ., Niigata, 950-2181)

【序】 現存生物は精巧な機械である。生物機械がどのようにして作られたかは Descartes 以来の未解決問題であり、Dawkins や Maynard-Smith の新しい問いかけでもある。一方、脳の認知・学習能力において、ニューラルネットワーク(NN)がその論理基盤を構築しているとする研究が多くの成果を挙げた。生物機械の起源に関する答を探るため、我々は生物の様々なレベルに見られる階層的な社会構造と超個性性に注目し、その起源と進化のあり方を、学習NN(LNN)構造の構築と自己改良システムの進化の視点からモデル化して、階層的利他行動社会や階層的協力社会が生物機械に進化する際の一般論理法則の発見を試みた(1)。ⅢⅢ【モデル化】 階層的生物社会が機械(society machine, Ohnishi, 1990)に進化した例として、真社会性のミツバチ社会(=超個体)、多細胞動物個体、遺伝装置の三例についてモデル化して、LNNとして機能し得る条件を満たすか否かを検討した。ⅢⅢ【モデル1】 ミツバチ社会や動物個体は、不妊のworker (W)(又は worker unicell-animal = 体細胞系2倍体細胞)が妊性をもつqueen (Q)(又は queen unicell-animal = 生殖系2倍体細胞)に利他行動することによって、WのDNA情報がQによって次世代へ出力される。これらの社会はHamilton (1964)の血縁淘汰で進化した近縁社会で、QとWの遺伝子共有率は $r = 3/4$ (ミツバチ), or 1 (動物個体)であるから、階層的利他行動ネットワークによって、QはWのDNA情報の r だけを出力して、次世代のWとQが形成される。これは、WのDNAの r がQを経て出力されたことと論理的にequivalentであり、DNA情報のニューラルネットワーク(NN)的DNA-flowとfeedbackを構築する。QとWへの分化のきっかけは、前世代による現世代への操作(創設雌による娘への行動的、化学物質的操作による卵巣成熟等の抑制、初期発生におけるmaternal mRNAによる体細胞系と生殖細胞系の分化の決定)で与えられる。FeedbackされたDNAは前世代Qで生じた突然変異を含み、現世代のLNNの結合強度(connection weight)を部分変更し、そのLNNによってLNN機械が機能してQが出力する。世代毎のこのくり返しにより、生物自身の内蔵する教師情報に近い出力を行うLNN機械として生物機械が毎代改良されて精密機械となる。すなわち、適応的突然変異を、生物機械が自己選択(self-selection)して進化することによって能動的進化が実現するモデルとなっている。このLNNは認知機械としての機能を持ち、入力層であるWは環境や自己システムからの情報を入力し、LNNで(認知的に)処理して、QのDNAを最終出力として次世代に出力する機械である。よってこのLNNは認知機械であり、ミツバチダンス記号系、(ホルモンや神経伝達物質などの)分子記号系(2)等の、その社会独自の記号文化に依存して進化した。ⅢⅢ【モデル2】 遺伝装置(=蛋白質合成・DNA複製機械)はtRNA-ribo-organism (tRNA-RO) の分業協力社会である(1)。tRNA-ROのlife-cycleはtRNA-phaseとtDNA-phaseより成る。この社会は細胞内環境で起源した新たな複製系生命体であるROとしてのQ-like (QL) 個体であるtRNAと、その分業個体(W-like (WL) 個体)としてtRNA-ROから進化したmRNA-RO, rRNA-RO, M1-RNA-RO等からなり、それぞれDNA/RNA-phaseを持つ。WLはQLに対して従属的に協力行動し、QLのpeptide合成リボザイム機能を助けるが、QLとWLは近縁ではなく、血縁淘汰は機能しない。モデル1に似たLNNを構築するが、WLのDNA情報の次世代への出力は、QLのDNA情報の最終出力が、QLのみの複製ではなく、ゲノム全体の複製として、WLのDNAをも同時複製することによって達成され、結果的にモデル1と本質的に同じLNN機能をもつ。この階層社会は、遺伝記号系文化(mRNA分業個体)の創成に成功したことによって極めて効率的LNNとして機能し、その記号系に基く精密蛋白質機械文明を発達させて今日の細胞内高度文明を築いて、細胞や多細胞個体などの上位個体の繁栄を実現した。ⅢⅢ【シミュレーション】 簡単なシミュレーションによって、2階層、1~2 queensのLNNのBack propagation methodによる学習例を解析し、隠れユニットの存否等を論じた。ⅢⅢ【結論】 階層的利他(または協力)行動社会が、自己学習ニューラルネットワークとしての自己設計、自己改良の機能を持ち、世代毎の改良の結果として精密生物機械に進化したとの結論を得た。記号系の創出がこの機械化過程の効率化を保証している可能性が指摘された。これらの結論は生物学の現知見との矛盾を含まず、生物機械の起源に関するいくつかの難題(なぜ細胞内に遺伝記号系文化があるか、生物の能動的進化等)をreasonableに説明できるものである。ⅢⅢ【文献】 (1) Ohnishi, K. Kanbe, D.: *Proc. 5th Int. Symp. on Artificial Life & Robotics*, pp. 572-575, 2000. (2) 川出由己: *生物科学*, 50: 108-120, 150-162, 1998.

公開シンポジウム S 2

原始環境からみた生命の起源・進化

コンピーナー

小林 憲正
(横浜国立大学工学部)

S2-1

星間物質と生命起源物質との関連に関する考察

Discussion on the Relation between Interstellar Matter and Molecules for Origin of Life

大石雅寿 (国立天文台)

Masatoshi OHISHI [National Astronomical Observatory of Japan]

生命の起源に関する説として、生命起源物質が宇宙からやってきたとする考え方があると聞く。彗星から有機物質が検出されているのは事実であるし、水は彗星を構成する物質の中で最大の割合を占める。電波天文学の発展により、高精度で宇宙に存在する物質——星間物質——の存在量を測定できるようになった。本講演では、最先端の観測結果に基づき、現状で星間物質と生命起源物質の間に強い関連があるかどうかを考察したい。

これまでに発見された星間分子は 115 種類を数える。この中には、地球上でも安定に存在する H_2 、 NH_3 といった単純な分子、アルコール、アルデヒド、ケトンなどの有機分子のみならず、地球上ではその反応性の高さのために長時間存在し得ないラジカル、分子イオンが多い。また、炭素の第 4 の存在形態として認識された、直線炭素鎖分子——やはり地上ではより安定な形態に変化しやすい——が非常に多量に存在する。これらの分子が存在する星間分子雲は、密度が 10^3 — 10^8 cm^{-3} 、温度が 10—100 K という条件下で存在している。これまでに発見された星間分子の中で、生命の起源との関連で着目すべき分子は以下の通りであろう。

HCN 、 NH_3 、 H_2CO 、 NH_2CH_3 、 NH_2CHO 、 NH_2CN 、 $HCOOH$ 、 CH_3COOH

HCN 、 NH_3 、 H_2CO は有名な Strecker 反応で最も簡単なアミノ酸であるグリシンの前駆体——アミノアセトニトリル——を生成する原料である。 HCN 、 NH_3 、 H_2CO は星間分子としては大量に存在する分子であり、また、水も星間分子雲中には多量に存在することが知られている。このため、星間分子雲中にグリシンが存在するであろうと期待する人があるのは当然のことである。

このため、電波天文学の黎明期からアメリカやヨーロッパの天文学者がグリシン探しを続けている。最近では 1994 年にイリノイ大学の Snyder 氏が、「グリシンの周波数と一致するところに、信号を検出した。」と発表し、新聞では「宇宙でアミノ酸発見」として報道された。しかし、この信号は、別の分子—— C_2H_5CN ——のものであることが明らかになり、新聞報道は勇み足であった。

講演では、上記について解説し、宇宙における生命起源物質の生成可能性について、最新の観測データとの比較をしながら考察する。

S2-2 安定同位体地球化学から見た初期地球における生物活動とその進化 —地球表層環境変化と生物進化との連動—

Biological activities and evolution of life during early stage of the
Earth history: constraints from the stable isotope records

掛川 武 (東北大学大学院理学研究科)

Takeshi Kakegawa (Graduate School of Science, Tohoku University)

地球上で初期生命体から高等生命体への進化が起こったのが、先カンブリア紀と
言う時代である。先カンブリア紀堆積岩の軽元素安定同位体組成などの化学データを解読
する事により、生物進化の起こった時代の地球表層環境を知る事が可能で、それらの情報
は生物進化の要因を考察する上で欠かせない。先カンブリア紀、特に Archean (> 25
億年)には、有機物や黄鉄鉱に富んだ堆積岩が卓越する。Nd-YAG レーザー (ビーム径、
約 100 μm) を用いて、オーストラリア、カナダ、南アフリカから採集された Archean
堆積物中黄鉄鉱の硫黄同位体微少領域分析 (約 200 分析) を行った。その結果、微少領
域において不均質な硫黄同位体組成が検出され、硫酸還元菌の活動の結果、黄鉄鉱が形成
された事が示された。それと同時に 34 億年以前から、海洋は硫酸イオンに富んでいた事
(現在の 1/3 以上) が明らかにされた。Archean の地層からは FeCO_3 を主体とする縞
状鉄鉱層が、しばしば見出される。 FeCO_3 は pH が中性~アルカリ性の領域で安定であ
るため、Archean の海洋は、火山ガスなどで化学組成がコントロールされる酸性火山湖
とは異なり、pH や溶在塩などに関して、現在の海洋に近いものであったと推察される。

炭素同位体 (有機物および炭酸塩) や硫黄同位体 (黄鉄鉱および硫酸塩) 組成は
先カンブリア紀の 27 億年、22 億年、6 億年などの時代に特異的組成を示す。27 億年
前の有機物の多くは、非常に軽い炭素同位体組成 (< -40 ‰) を持ち、海洋中で嫌氣的メ
タン生成菌と好氣的メタン酸化菌が共に活動していたと解釈されている。27 億年の堆積
岩中にも硫黄同位体組成の不均質な黄鉄鉱が頻繁に見られ、硫酸還元菌も同一海洋 (堆積
物) で、メタン生成、メタン酸化菌と共存していた可能性を示唆する。この事は、好氣的
生物を含めた生物の多様化が 27 億年以前に行われていた事を示す。

22 億年、6 億年の時代に共通した地質現象は温暖的環境で生成される蒸発岩や
寒冷的環境下で形成された氷河堆積物、海底熱水活動の産物である縞状鉄鉱層などが、短
い時間間隙の中に存在する事である。これら地質現象と炭素や硫黄同位体の変化は連動し、
両時代の生物活動様式が、地球表層環境変化に左右されていた事を示す。先カンブリア紀
の極端で極限的な環境変化の終焉が動物などの進化を可能にしたと考えられる。

S2-3 地球最古（35億年前）バクテリア化石と生息環境 -太古代中央海嶺の深海熱水活動域-

Earth's oldest (3.5Ga) fossil bacteria and their habitat:
Archean deep-sea hydrothermal area in mid-oceanic ridge

磯崎行雄（東大・総合）・上野雄一郎・丸山茂徳（東工大・理）

Yukio Isozaki (Univ. Tokyo), Yuichiro Ueno, Shigenori Maruyama (Tokyo Inst. Tech.)

西オーストラリア、ピルバラ地塊東部のノースポール地域には太古代前期（約35億年前）の緑色岩帯が広がり、海底噴火を特徴づける厚い玄武岩質枕状溶岩（緑色岩類）と随伴する少量の堆積岩類が産する。地球最古生命（バクテリア）化石は、その中の層状チャートから発見された（Awramik et al., 1983; Schopf et al., 1995）。演者らは1994年夏以来、本地域において詳細なマッピングと化石母岩の産状の検討を行った。さらに総量にして約10トンを超える岩石試料を採取し、それらの組織の鏡下観察、化学組成（主要、微量、希土類元素）の分析や年代測定、また変成作用の解析などを行った。その結果、従来の解釈と大きく矛盾する多くの新知見が得られた。特に、最古生命化石を産する層状チャートが、太古代の海洋の中央海嶺で強い熱水活動の影響のもとで堆積した地層であることが判明したことが重要である。なぜなら、本地域から産した化石の生息環境について、従来は安定した大陸縁辺の浅い海、それも波打ち際に近くという、全く異なる古環境が想定されていたからである。

深海熱水環境を示す具体的な証拠として、1) 緑色岩および随伴する含化石層状チャート中に陸域由来の粗粒陸源碎屑物が欠如すること、2) 層状チャートが枕状溶岩の直上に堆積した関係、3) 枕状溶岩を切る多数の正断層群、4) 断層面に沿う多数の微晶質シリカ脈の貫入、5) シリカ岩脈から上位の層状チャートへの移化関係、6) 数世代におよぶシリカ岩脈の貫入と層状チャートの堆積、7) シリカ/パライト脈に貫かれた緑色岩の強い熱水変質などが挙げられる。

これらの新しい観察事実は、最古の化石バクテリアを含むチャートの堆積が、陸域から遠い海底で玄武岩マグマ活動の場でおきたことを示す。さらに重要なのは、チャートの堆積途中に何世代もの正断層が間欠的に活動したことである。正断層は地殻をなす岩石に水平の引っ張り応力が加わると形成されるので、チャートはつねに展張応力下で間欠的に正断層が活動していた変動場で堆積したと判断される。展張応力が加わり、玄武岩質の海底火山活動がある条件をみたま場として、安定大陸縁辺の浅海を想定することは極めて難しく、現世との比較で最も無理なく考えられるのは中央海嶺の軸部である。パライトの産出、変質作用、チャートの化学組成は、いずれも熱水の関与を示唆しており、海嶺という解釈に調和的である。

以上のことから次のような結論が導かれる。1) 本地域の緑色岩および層状チャートの多くは太古代海洋中の中央海嶺付近で噴出・堆積した。2) 層状チャートは海嶺軸部の熱水活動によって岩脈から噴出したシリカが急速に堆積したものであり、顕生代の遠洋深海起源の層状チャートとは全く異なる熱水起源チャートである。3) このチャートから産する地球最古バクテリア化石は太古代の中央海嶺軸部の熱水活動域に生息していた化学合成細菌の仲間とみなされる。特に最後の結論は、従来の光合成能を持つシアノバクテリアとみなす解釈と大きく異なり、逆に全く独立に進められた現世バクテリアの分子系統樹の研究結果と一致している点で重要である。最近、シリカ岩脈中からもバクテリア化石が発見され、海嶺起源とする解釈をさらに指示する証拠が追加されつつある。またそれらの化石バクテリア自体の炭素同位体比は-40パーミルに及ぶ極めて低い値をとり、それらが独立栄養型の化学細菌であった可能性が指摘される。

Ueno, Y., Isozaki, Y., Yurimoto, H. and Maruyama, S.: The Earth's oldest (3.5Ga) fossil bacteria from western Australia and their carbon isotopic signature. *EPSL* (in review).

S2-4

好熱菌の比較生化学からみた生命の初期進化

Early evolution of Life implied from comparative biochemical analysis

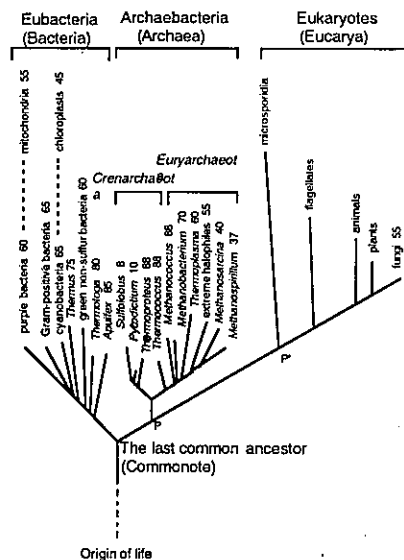
○山岸明彦 (東京薬科大学、生命科学部)

Akihiko Yamagishi (Tokyo Univ. Pharm. Life Sci., School of Life Sci.)

SS rRNA 遺伝子(リボソーム小型サブユニットの 16S あるいは 18S rRNA 遺伝子)は全ての生物が持ち、全ての生物で生存に必要なタンパク質合成という全く同じ機能を果たしている。こうした理由から、SS rRNA 遺伝子の塩基配列が多くの生物(とりわけ微生物)において解析され、生物の分類同定や進化系統解析の標準的方法の一つとなっている。SS rRNA 遺伝子の解析からだけでは系統樹の根をつけることができないが、双子の酵素(過去の遺伝子重複によって生まれた一組の相同遺伝子)を用いる方法によって京大の宮田らによって決定された根の位置が受け入れられている。Woese らによって、これらの二つの方法を組み合わせて作製された全生物種を含む系統樹が広く受け入れられている(図)。

その系統樹によれば、全生物の共通の祖先はおそらく一種類であって、それがあるとき 2 種の生物(真正細菌の祖先と、その他)に別れた。その一方は更に適応放散して現在の真正細菌の各種となり、もう一方の種はその更に 2 つ(古細菌の祖先と真核生物の祖先)に分岐した。

系統樹の根本近くで分岐する生物種は祖先型の古い性質を残した生物である可能性が高い。系統樹の根本付近から分岐している種の多くが超好熱菌であることから、何人かの研究者によって、生物の祖先は好熱菌あるいは超好熱菌に由来しているという主張がされている。また同様に、系統樹をもとに生物の様々な生化学的性質を重ね合わせることから、過去の生物とりわけ共通の祖先の性質を推定することができるのでは無いかと考えている。一方、特定の生物として共通の祖先を考えることに反対の考え方もある。Woese はこのころの生物は遺伝型と表現型の対応がこのころはまだはっきりしていない progenote と呼ぶべき段階であったとしている。現時点ではそれをはっきりと判定する結果は提出されていない。



国立大学・大学共同利用機関の独立行政法人化 問題に関する日本天文学会および日本学術会議 天文学研究連絡委員会の共同声明

1999年10月8日に開催された日本天文学会秋季年会での総会において、天文学の研究・教育に大きな影響を与える上記問題について、日本天文学会として日本学術会議天文学研究連絡委員会との連名で声明を出すことが合意されました。

総会での議論を踏まえて、日本学術会議天文学研究連絡委員会および日本天文学会理事会で検討した結果、以下の声明をそれぞれの代表者名で発表いたします。

国立大学・大学共同利用機関の独立行政法人化の動きに懸念を表明する声明

1999年11月

日本天文学会理事長：尾崎洋二

日本学術会議天文学研究連絡委員会委員長：池内 了

去る9月20日、文部省は国立大学および大学共同利用機関（以下、国立大学と略す）の独立行政法人化に向けて、特例措置等を検討する際の基本的な方向を整理することを表明しました。このまま推移すれば、来年4月には国立大学の独立行政法人化の方策が打ち出され、2003年には設置形態の大幅な変更がなされることが予想されます。現在進められようとしている国立大学の独立行政法人化の流れは、効率優先の考えがその根本にあり、天文学をはじめとする基礎科学や人類の文化に多大な貢献をしている学問が、切り捨てられてしまうのではないかと危惧を、私たちは抱いています。現在の国立大学のシステムにもさまざまな問題があり、国際化の時代に即した柔軟な体制への変革が必要であることは、研究者の間でも意見の一致を見えています。しかしながら、日本の天文学の研究・教育・普及活動に当たっている者として、効率優先の考えに基づく現在の独立行政法人化の動きには強い懸念を表明します。

国立大学の行政法人化の検討を、大学における研究・教育の効率性を過度に重視した観点から行うならば、天文学のような、長時間の地道な観測や長い期間をかけたデータの

集積が不可欠な分野は生き残れないでしょう。現に、独立行政法人の通則法では、所轄大臣から3-5年の中期目標が示され、それに応じて大学が中期計画を立て、その結果が評価機関で評価され、資源（予算や人員）配分に反映される、となっています。天文学は、独立行政法人に課せられるこのような効率性という枠には収まりきれない学問です。

宇宙はどのようにして生まれたのか、宇宙の果てはどうなっているのか、地球はどのようにやってきたのか、誰もがこのような疑問をもったことでしょう。つまり宇宙に関する疑問は、人類が太古の昔より共通して持ちつづけてきた疑問であり、人々の精神世界の充実にとって欠かすことができない疑問なのです。いわば天文学は、人間を人間たらしめる重要な文化の一つと言えるでしょう。効率性とは相容れないのです。しかし、現在推進されている独立行政法人化の流れでは、このような効率性とはなじまない分野から切り捨てられる可能性が非常に高いことを強く危惧しています。

近年、国民の広い支持を得て、日本の天文学研究者は野辺山電波望遠鏡や「すばる」望遠鏡を建設し、一連の天文衛星を打ち上げました。そしてこれらの最先端の装置を用いた観測により日本の天文学研究者は世界的な成果を数多く挙げてきました。その背景には、国立大学および大学共同利用機関という国が設置した研究・教育機関が中心となって天文学の推進を図ってきたことがあります。日本の多くの国民が天文学に注目していることは、毎年10万人以上もの見学者が野辺山電波望遠鏡を訪れることや「すばる」望遠鏡によるテレビ番組が高い視聴率を示していることからもうかがい知れます。国民の宇宙をもっと知りたいという要求に応え、21世紀の天文学研究をいっそう発展させるためにも、研究者の自主性と長期的展望にもとづく教育・研究体制の構築を行なうことが重要であると考えます。

X- Sender: palyi@mail.unimo.it

Mime-Version: 1.0

Date: Wed, 23 Feb 2000 14:34:15 +0100

To: akaboshi@HL.rri.kyoto-u.ac.jp

From: palyi <palyi@unimo.it>

Subject: Workshop on Life

X- Attachments: C:\WIN95\Desktop\Documenti\w life\depliant\leaflet1.doc;

Dear Professor Akaboshi,
we are organizing in September 2000 a Workshop on Life, dealing with the most fundamental aspects of life phenomena. I send you as attached file the first Circular.

It would be a great honour to the Workshop if you could accept to join the International Scientific Committee. Please be so kind to let me know your decision this respect. It is expected, that the members of this committee receive during the summer, for a critical lecture, the summary of the material to be presented at the Workshop. If you could participate the meeting, we would be grateful if you could chair one of the sessions.

As a recognition of the exceptional contributions of Japanese scientists to the research on the origins of life we decided, that to members of the Japan Society on the Study of the Origin of Life, a special discount will be offered. We would be very grateful if you could kindly communicate this to the Society, perhaps in the form of a notice in the Viva Origino.

With the best regards, sincerely,

Gyula Palyi

Prof.Dr.Gyula PALYI
Co- Chairman of the Workshop on Life
Department of Chemistry
University of Modena and reggio Emilia
Via Campi, 183
I- 41100 MODENA, Italy

 leaflet1.doc

General information, Topics

The Workshop on Life (September 3-8, 2000, Modena) will be organised as one of the preliminary meetings before the Millennial World Meeting of University Professors (planned for September 8-10, 2000, Rome). It is expected that to those participants who would like to attend both meetings an organised transport facility will be offered from Modena to Roma.

The Workshop on Life will be organised as a chain of Round Table discussions on the present state-of-art of the most fundamental questions of life:

Definition of life

Origin(s) of life

Legal, moral and philosophical problems connected with life

A collection of Abstracts and a summary of the preliminary opinions on these problems shall be sent to those participants before July 20, 2000 who registered (and paid the fee) before this date. The organisers hope that this will facilitate the discussions.

We would be very grateful if you could take the time to answer us, summarizing your own opinion on the definition of life (be it one sentence or several pages*). We should ask your permission for the publication partly or entirely your definition, but this will always be done with reference at your name (adding, if you wish, your working place) or at any of your earlier publications indicated in your answer.

Invited lecturers of the Round Table Discussion will be selected on the basis of this "brain storming" by correspondence.

First Circular

Workshop on Life

September 3-8, 2000

Modena, Italy

As part of the satellite meetings before the Millennial World Meeting of University Professors

September 8-10, 2000

Rome, Italy

Web site: <http://www.unimo.it/onlife>

☆ 学会誌 Viva Origino 投稿規定

I. 論文の種類

投稿は、以下の区分1~3のいずれかに分類する(III-4参照)。

1. Review: 解説または総説。
2. Article: オリジナルな研究結果の報告。
3. News and Views:
 - a) 研究報告, 解説, 総説に対するコメント。
 - b) 研究に対するプリンシプル, アイデア, 意見。
 - c) 国内外の関係学会報告。
 - d) 教育・研究体制に関する意見。
 - e) その他。

II. 論文の体裁

1. 使用言語は日本語または英語とする。
2. Review および Article については、本文が英文の場合は和文要旨を、また本文が和文の場合は英文の要旨を添える。
3. 著者名の下に所属機関の名称・所在地・郵便番号を付記する。
4. 引用文献は、引用順に肩つきの通し番号で表示し、本文末尾に引用文献表を付してまとめる。雑誌の省略表示は、Chemical Abstract 等に採用されている標準表示の様式に従う。
5. 図表および写真は下記の基準によって準備する。
 - a) 図および写真には Fig. 1, Fig. 2 等, また表には Table 1, Table 2 等の通し番号をつける。
 - b) 原図は黒インクで明確に墨入れし、そのまま写真製版できる仕上がりとする。写真はプリントした陽画とする。
6. 単位と記号は、国際的に慣用されているものを用いる。単位は CGS (MKS) 系または SI 系を原則とし、両者を混用しない。
7. 術語および略語は、IUPAC-IUB の勧告を基準とする。化合物名等で英語表記がよいと判断されるものは、英語表示とする。その他は一般に関係学会誌等で使用されているものにならう。
8. 和・英文とも原稿作成にあたっては、それぞれの手引きを参照のこと。

III. 論文の提出と受理

1. 原稿原本のほかにコピー1部を添えて Viva Origino 編集委員会事務局(以下、事務局という)に提出する。
2. 投稿受理日は、原稿が事務局に到着した日とする。ただしレフェリーの指摘による訂正などで、再提出

がいちじるしく遅れる場合には、再提出日を受理日とすることができる。

3. 採否は、事務局が依頼したレフェリーの審査を経て決定する。
4. 投稿区分はレフェリーの意見を参照の上、事務局が承諾を得て決定する。

IV. 投稿の資格

1. 著者は、生命の起原および進化学会の会員であるか、あるいは会員の紹介を経ることが望ましい。
2. 会員以外の著者に原稿を依頼することができる。

V. 校正

校正は、事務局が形式の統一等に関して校正した後、著者の責任において行う。校正段階での新たな変更等は、技術的な理由から原則として認めない。

VI. 掲載経費の負担

製版・トレース等、別途の費用が必要な場合の実費は、著者が負担する。

VII. 別刷

著者は、校正に同封した申込用紙により別刷を有料で申込むことができる。

☆ 写真製版英文原稿作成の手引き

英文原稿は原寸大の写真製版(和文要旨を除く)とするので、以下の規定による。

1. タイプの文字は elite 12ピッチ、シングル・スペースとし、鮮明に印字する。
2. 厚手のタイプ用紙を用い、横14cm×縦21cmの枠内に収める。
3. 第1ページに表題、著者名、所属機関等を、この順序に記す。
 - ア) 表題は大文字とし、9行目から始める。
 - イ) 表題のあと、4行あけて著者名を記す。
 - ウ) 著者名のあと、1行あけて著者の所属と所在地(郵便番号付記)を英文で記す。
 - エ) 所在地のあと、4行あけて ABSTRACT を記す。
 - オ) 1行あけて KEY WORDS (10語以内)を記す。
4. 原寸大の図表は所定の位置に貼る。縮尺を要する図表は別紙に記し、本文には相当する空白を設け、空白中央に図表番号を鉛筆で指示する。
5. 見出しは、区切りの大きいものから順に下記ア)~ウ)の通りとする。各見出しのゴチ指定、改行等については、既刊の実例にならう。
 - ア) ORIGIN OF LIFE . . .のごとく、全部大文字

とし、左端から記す。見出しの上を2行あけ、下を1行あける。

イ) Origin of life . . .のごとく、最初の1文字のみ大文字とする。見出しの上を1行あけ、下を1行あける。

ウ) 文節の最初に記し、文頭を下げない(インデントなし)。Origin of life.のごとくアンダーラインを引き、ピリオドを打ち、行を変えずに文章を続ける。

6. 各ページとも、タイプ枠外の右上隅に第一著者名とページを鉛筆で記す。この記入は整理のためであり、印刷されない。

7. 別に和文要旨を添える。要旨冒頭に和文表題、著者名、所属機関、その所在地(郵便番号を付記)を、この順序に記す。要旨本文の長さはなるべく400字以内とする。

☆ 写真製版和文原稿作成の手引き

和文原稿も英文原稿同様直接写真製版が可能な原稿をワープロを用いて作成することが望ましい。

1. 文字は24ドット以上の明朝体とする。
2. 厚手の用紙を用い、横17cm×縦25cmの枠内に1行40文字、40行を印字する。すべての文字および、図、表、写真は80%に縮小されて印刷される。

3. 第1ページに、表題、著者名、所属機関とその所在地(郵便番号付記)をこの順に記す。

ア) 表題は4倍角文字とし、4行目から始める。文字の大きさが変えられない場合はそのまま(全角)の文字を使う。

イ) 表題のあと、4行あけて、著者名を記す。

ウ) 著者名のあと1行あけて、著者名、所属とその所在地(郵便番号付記)を記す。

エ) 所在地のあと、4行あけて、本文を記す。

4. 見出しは、区切りの大きいものから順に下記ア)～ウ)の通りとする。

ア) 1, 2, 3, . . .

イ) 1-1, 1-2, . . ., 2-1, 2-2, . . .

ウ) a), b), c), . . .

各見出しのゴチ指定、改行等は既刊の実例にならう。

5. 図、表、写真は所定の位置に貼る。図、表、写真の番号、表題、説明は和文原稿の場合にも英文で記すことが望ましく、そのまま写真製版出来るよう図、写真の下、表の上および下に記す。

6. 和文原稿の場合には英文要旨をつける。

英文要旨冒頭には、表題、著者名、所属機関、その所在地(郵便番号付記)をこの順で記す。続いて、4行あけた後、ABSTRACT, KEY WORDS (10語以内)を記す。

7. 英文要旨は英文原稿作成の手引きを参考にして記す。

8. 英文要旨は表題から KEY WORDS まで含めて1頁以内に納める。

☆ 和文原稿作成の手引き

1. 原稿は400字詰め原稿用紙に横書きで記す。ワープロを使用の場合は、25字×16行とする。

2. 第1ページに和文表題、著者名、所属機関、その所在地(郵便番号を付記)を、この順序に記す。第2ページには英文要旨を記す。第3ページ以下に本文を記す。

3. 見出しは、区切りの大きいものから順に下記ア)～ウ)の通りとする。各見出しのゴチ指定、改行等は、既刊の実例にならう。

ア) 1, 2, 3, . . .

イ) 1-1, 1-2, . . ., 2-1, 2-2, . . .

ウ) a), b), c), . . .

4. 図、写真および表は別紙とし、原稿中にはそれぞれの挿入箇所を指定する。

5. 和文原稿の場合にも、図、写真および表の表題および説明は英文で記すことが望ましい。

6. 英文要旨冒頭には、表題、著者名、所属機関、その所在地(郵便番号を付記)を、この順序で記す。

7. 英文要旨の後に KEY WORDS (10語以内)を記す。(日本語でのキーワードは不必要。)

生命の起原および進化学会

〈1998、1999年度役員〉

名譽会長 野田 春彦
会長 原田 馨
副会長 長野 敬、中村 運、大島 泰郎

〔運営委員会〕

委員長：柳川 弘志 会計責任者：松野孝一郎 編集責任者：赤星 光彦
委員：石神正浩、大西耕二、小林憲正、佐藤七郎、沢井宏明、島田秋彦、
長谷川政美、伏見 譲、藤井紀子、胸組虎胤、山中健正、湯浅精二

会計監査 佐藤 七郎、山中 健生

学会本部事務局 〒194-8511 町田市南大谷11号

三菱化学生命化学研究所内

Tel：0427-24-6293, Fax：0427-24-6317

E-mail：hyana@libra.ls.m-kagaku.co.jp

責任者 柳川 弘志

経理部事務局 〒940-2137 長岡市上富岡町

長岡技術科学大学生物系

Tel：0258-46-6000 (Ex.4518), Fax：0258-47-9420

E-mail：kmatsuno@vos.nagaokaut.ac.jp

責任者 松野孝一郎

編集事務局 〒590-0494 大阪府泉南郡熊取町野田1010

京都大学原子炉実験所

Tel：0724-51-2491, Fax：0724-51-2630

E-mail：akaboshi@HL.rri.kyoto-u.ac.jp

責任者 赤星 光彦

編集顧問 秋山 雅彦 石神 正浩 大島 泰郎 下山 晃

長野 敬 柳川 弘志 山中 健生 湯浅 精二

編集委員 大西 耕二 川村 邦男 川本 圭造 後藤 公彦

小林 憲正 島田 秋彦 長田 洋子 長谷川典巳

原田 和雄 藤井 紀子 本多 元 三田 肇

胸組 虎胤

Special Reporter Rafael Navarro-Gonzalez (National University of Mexico)

学会ホームページ：<http://www2.prf.or.jp/ssael/>

Viva Origino 28巻1号

2000年3月1日 印刷

2000年3月13日 発行

編集者	〒590-0494 大阪府泉南郡熊取町野田1010 京都大学原子炉実験所内
	生命の起原および進化学会編集部
発行者 及び 出版者	〒194-8511 町田市南大谷11号 三菱化学生命化学研究所内
	生命の起原および進化学会事務局
	責任者 柳川 弘志
印刷所	〒594-0083 大阪府和泉市池上町460-33
	和泉出版印刷㈱ TEL0725-45-2360 FAX0725-45-6398

Ishikura, K., Yokozawa, J., Umehara, T., Hiroshima, Y., Kuno, A. and Hasegawa, T.: Recognition of discriminator base of tRNA^{Thr} by archaeobacteria threonyl-RNA synthetase.

Fujii, N., Shimooka, T., Tajima, S. and Akaboshi, M.: Localization of D-β-aspartate-containing protein in human eye lens and skin using a specific antibody against D-β-aspartate-containing peptide.

Akaboshi, M., Tanaka, Y., Kawai, K., Kawamoto, K. and Fujii, N.: Suppression of enzyme activities by rare earth elements.

Sumino, T., Takada, J., Kawamoto, K., Tanaka, Y., Kawai, K. and Akaboshi, M.: The effect of rare earth element on *Dictyostelium discoideum* under the presence of metal ions.

Kawamoto, K., Takada, J., Tanaka, Y., Sumino, T. and Akaboshi, M.: Distribution patterns of rare earth element in different *Bryophytes*.

Kanbe, D. and Ohnishi, K.: Genesis and evolutionary self-improvement of cognitive biomachines based on neural-network-like hierarchical sociogenesis.

Ohishi, M.: Discussion on the relation between interstellar matter and molecules for origin of life.

Kakegawa, T.: Biological activities and evolution of life during early stage of the Earth history: Constraints from the stable isotope records.

Isozaki, Y., Ueno, Y. and Maruyama, S.: Earth's oldest (3.5 Ga) fossil bacteria and their habitat: Archaean deep-sea hydrothermal area in mid-oceanic ridge.

Yamagishi, A.: Early evolution of life implied from comparative biochemical analysis.

- Miyamoto-Sato, E., Naoto, N., Kobayashi, K. and Yanagawa, H.: Specific bonding of puromycin for construction of a genotype-phenotype assignment molecule on *in vitro* selection of proteins.
- Miyamoto-Sato, E., Burnette, J. M., Bomze, H. M., Lopez, A. J., Kobayashi, K. and Yanagawa, H.: Stepwise removal of a large intron mediated by a zero-nucleotide exon and its implication of genes and proteins evolution.
- Iida, K.: Bright future of the origins of life study.
- Kawamura, K.: An inspection of the RNA world hypothesis from the viewpoint of hydrothermal origin of life - Reconstruction of the scenario of chemical evolution.
- Nemoto, N.: From the origin of life to gene function analysis - The new movement of evolutionary molecular engineering-.
- Hirabayashi, J.: Origin-of-life materials "sacchrides" and bio-informative materials "glycans".
- Nemoto, N., Yamagishi, A. and Oshima, T.: Membrane lipid and origin of life.
- Shimada, A. and Nakamura, I.: Tryptophan synthesis by tryptophanase in the existence of diammonium hydrogenphosphate.
- Ohnishi, K., Shutou, H. and Hokari, S.: Evolution of primitive metabolic system and the origin of cognitive lives, as viewed from the poly-tRNA theory.
- Shutou, H., Sawada, A., Hokari, S. and Ohnishi, K.: Origin and evolution of genome, as viewed from the poly-tRNA theory.
- Yokoo, H.: Cell size of theoretical uni-cellular model on precambrian microfossils.
- Naraoka, H.: Carbon and nitrogen isotopic compositions of the late archean shales (~2.5 Ga): Implications for biological activity and the Earth's surface environments.
- Kakiuchi, H., Kawasaki, Y., Ishikawa, Y. and Kobayashi, K.: Fundamental studies on life detection method on the basis of phosphatase activities.
- Nishioka, T., Yamaki, T., Otaka, K. And Ohya, M.: Comparison and examination of genetic measure.
- Wada, T., Adachi, M. And Ohya, M.: Discussion about coding structure of HIV by using phylogenetic tree.
- Tamura, K. and Hasegawa T.: Structure of universal CCA sequence of tRNA and evolution of aminoacyl-tRNA synthetases.

Kaede, C. and Kawamura, K.: Kinetics of hydrolysis of 2',5'- and 3', 5'-dinucleoside monophosphate using a monitoring method for hydrothermal reactions.

Tanaka, M., Koketsu, T., Nakagawa, K., Yamada, T. And Onuki, H.: Photodimerization of L-alanine by UV irradiation without catalyst.

Nakashima, S., Shiota, D., Yoshida, T., Yakushiji, H. and Yamauchi, Y.: Experimental studies on silica-amino acids interactions - Toward in-situ observation of organic-inorganic interactions-.

Terasaki, M. and Shimoyama, A.: Formation of amide and imide oligomers from mixtures of urea and dicarboxylic acids by heating experiments in the presence of Na-montmorillonite.

Urata, H., Aono, C., Ohmoto, N., Shimamoto, Y., Kobayashi, Y. and Akagi, M.: Efficient oligomerization of D, L-adenosine 5'-phosphorimidazolide on Na-montmorillonite.

Okamoto, F. and Kawamura, K.: Search for the sequence dependence of the condensation reaction of oligonucleotides containing guanine and cytosine bases.

Kuranoue, K. and Kawamura, K.: Search for the enzymatic functions of protein-like molecules for the prebiotic model of RNA replication.

Tsuruda, T., Ueoka, S., Takahashi, T. and Kobayashi, K.: Search for "proto-esterases" from simulated primitive atmospheres by radiation.

Koketsu, T., Tanaka, M., Ebina, K. and Nakagawa, K.: The absorption spectra of amino acid in the VUV region.

Saito, T. and Tsarev, V.: Supernova explosion as homochiral influence.

Iida, K.: The attributes of life determine temporal order in evolution.

Yamaguchi, T., Kusumi, T., Amemiya, T., Ohmori, T. and Morikawa, Y.: Asymmetric autocatalytic reactions: 2. Design of reaction systems.

Asakura, K., Ikumo, A., Kurihara, K. Osanai and Kondepudi, D. K.: Far-from-equilibrium self-organization of chirally autocatalytic reaction system.

Yanagawa, H. and Tsuji, T.: Retroevolution.

Tsuji, T., Hayashinaka, A. and Yanagawa, H.: Foldability and function of barnase mutants obtained by permutation with modules or secondary structure units.

*The 25th annual meeting of the SSOEL-JAPAN
at
University Hall, Yokohama National University
Yokohama, Kanagawa
March 14-16, 2000*

Ushio, K., Masuda, H., Kaneko, T., Kobayashi, K., Hashimoto, H. and Saito, T.: Verification of bioorganic formation of in interstellar dust environments by cosmic-rays or UV irradiation.

Hashimoto, H., Ushio, K., Kaneko, T., Kobayashi, K., Ishikawa, Y., Oshima, T., Kouchi, A., Saito, T., Yamashita, M., Brack, A., Colangeli, L., Greenberg, J. M., Horneck, G., Navarro-Gonzalez, R. and Raulin, F.: Verification experiment of abiotic formation of bioorganic compounds on exposed facility of space station.

Ohashi, A., Hiroto, Y., Masuda, H., Kaneko, T., Kobayashi, K. and Saito, T.: Formation of organic compounds from mixtures of carbon dioxide, carbon monoxide, nitrogen and water by proton irradiation.

Sakagami, K., Matsui, T., Sugita, S., Kobayashi, K., Ushio, K. and Ohashi, A.: Spectroscopic diagnosis of plasma formed in simulated planetary atmospheres by spark discharge or proton irradiation.

Takahashi, J., Hosokawa, T., Masuda, H., Kaneko, T., Kobayashi, K. And Saito, T.: Amino-acid precursor synthesis in simulated atmospheres by UV-region synchrotron radiation.

Toyozawa, Y.: Chemical evolution through hydration-assisted photoionization of solute molecules.-

Miyakawa, S. and Miller, S. L.: Heterocyclic compounds produced in frozen ammonium cyanide polymerization.

Ogata, Y., Imai, E., Honda, H., Hatori, K. and Matsuno, K.: Catalytic capability of glycine in oligomerization of alanine in an evolutionary flow reactor.

Islam, Md. N., Kaneko, T., Kobayashi, K.: Construction of a supercritical water flow-reactor to simulate submarine hydrothermal systems.

Ogasawara, H., Yoshida, A., Imai, E., Honda, H., Hatori, K. and Matsuno, K.: Oligomerization of adenosine monophosphate in a simulated hydrothermal environment.

Sato, M., Imai, E., Honda, H., Hatori, K. and Matsuno, K.: Prebiotic synthesis of liposome in hydrothermal environments.

Contents

NEWS and VIEWS

- ◎ The 25th annual meeting of the SSOEL-JAPAN (Abstracts) (1)
- ◎ A statement and demand from Astronomical Society of JAPAN (55)
- ◎ Guide to the Workshop on Life (Sept. 3-8, 2000 (Modena, Italy)) (57)