

ISSN - 0910 - 4003
CODEN : VIORE 6

Viva Origino

Vol. 38 Supplement

March 2010



**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学会会則

目的

地球上における生命の起原を科学的に解明することと、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。本会は、関係諸分野の英知を集め、互いの連携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1条 本学会は、生命の起原および進化学会 (The Society for the Study of the Origin and Evolution of Life-Japan, SSOEL-Japan) という。
- 第2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発・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3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. その他前条の目的達成のため必要な事業
- 第4条 本学会は前条の事業をおこなうため事務局をおく。
- 第5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。
1. 第5条の2 正会員は、第2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。
 2. 第5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団体で学会が承認したものとする。
- 第6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らを滞納した場合は、会員の資格は消失するものとする。
- 第7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 その他の印刷物の配布を受けることができる。
- 第8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名おくものとする。
- 第9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10条 会長・副会長は委員会が正会員の中から選出する。
- 第11条 会長・副会長・委員・会計監査の任期は2年とする。
- 第12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13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14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15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16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17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18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19条 本学会会則の改正は、会員の2/3以上の出席の総会において2/3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受ける。
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 6,000 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）3,000 円
4. 学会誌 Viva Origino 購読料 年額 6,000 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） 00980-8-3673
7. 年会費の会計年度は4月から翌年3月までとする。

Viva Origino

Vol. 38 Supplement

March 2010

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

JAPAN

第 35 回学術講演会講演要旨集

目 次

◎ 生命の起原および進化学会第 34 回学術講演会案内及び講演会要旨集 櫻沢 繁.....	35(1)
--	----------------

生命の起原および進化学会 第35回学術講演会のご案内

■日 時：2010年3月15日（月）～17日（水）

■場 所：公立はこだて未来大学

〒041-8655 北海道函館市亀田中野町 116 番地 2

大講義室

■懇親会：3月16日（火）18：00 -

■参加費（講演要旨代を含む）：

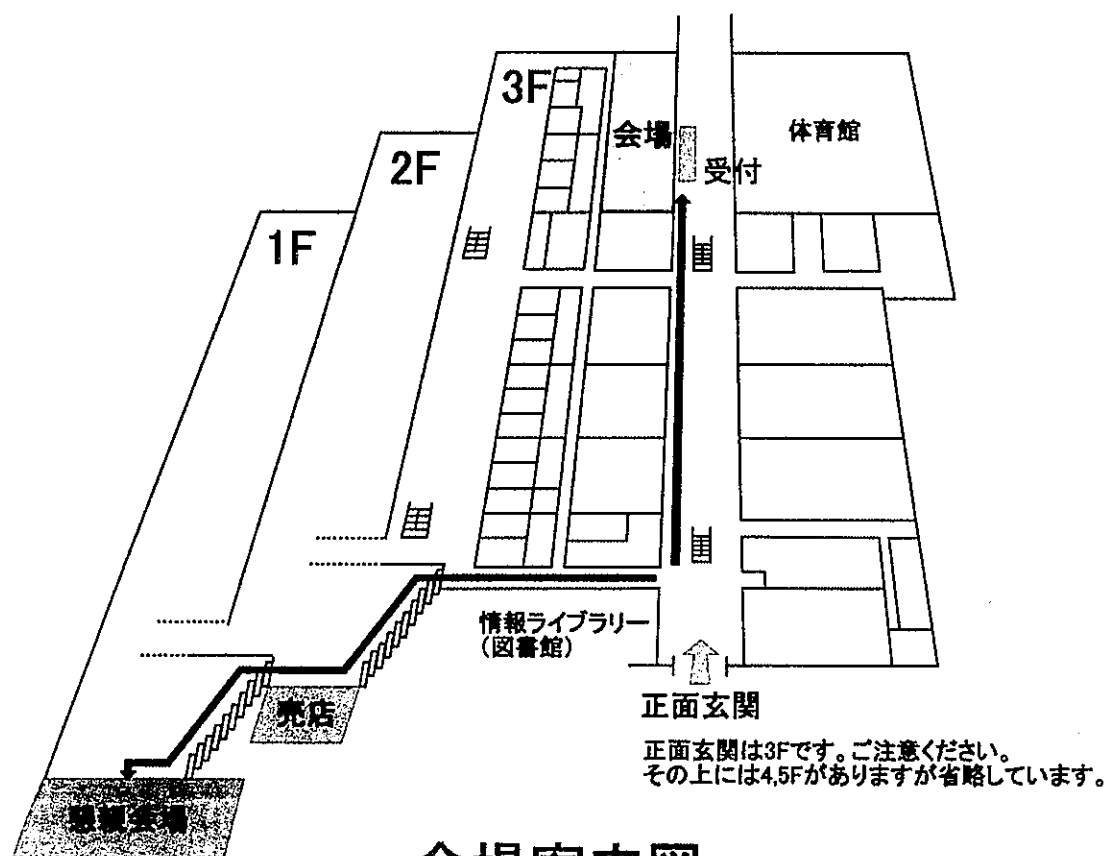
一般会員：4,000 円（非会員：5,000 円）

学生会員：2,000 円（非会員：3,000 円）

懇親会費（4,000 円、ただし学生は2,000 円）

■会場のご案内

正面玄関に入って直進で受付と会場があります。懇親会場は1階の食堂で行います。大学の周辺には食堂やコンビニエンスストア等はありません。（大学内の売店も十分ではありません。）昼食はあらかじめご用意いただくか、食堂（懇親会場）をご利用ください。

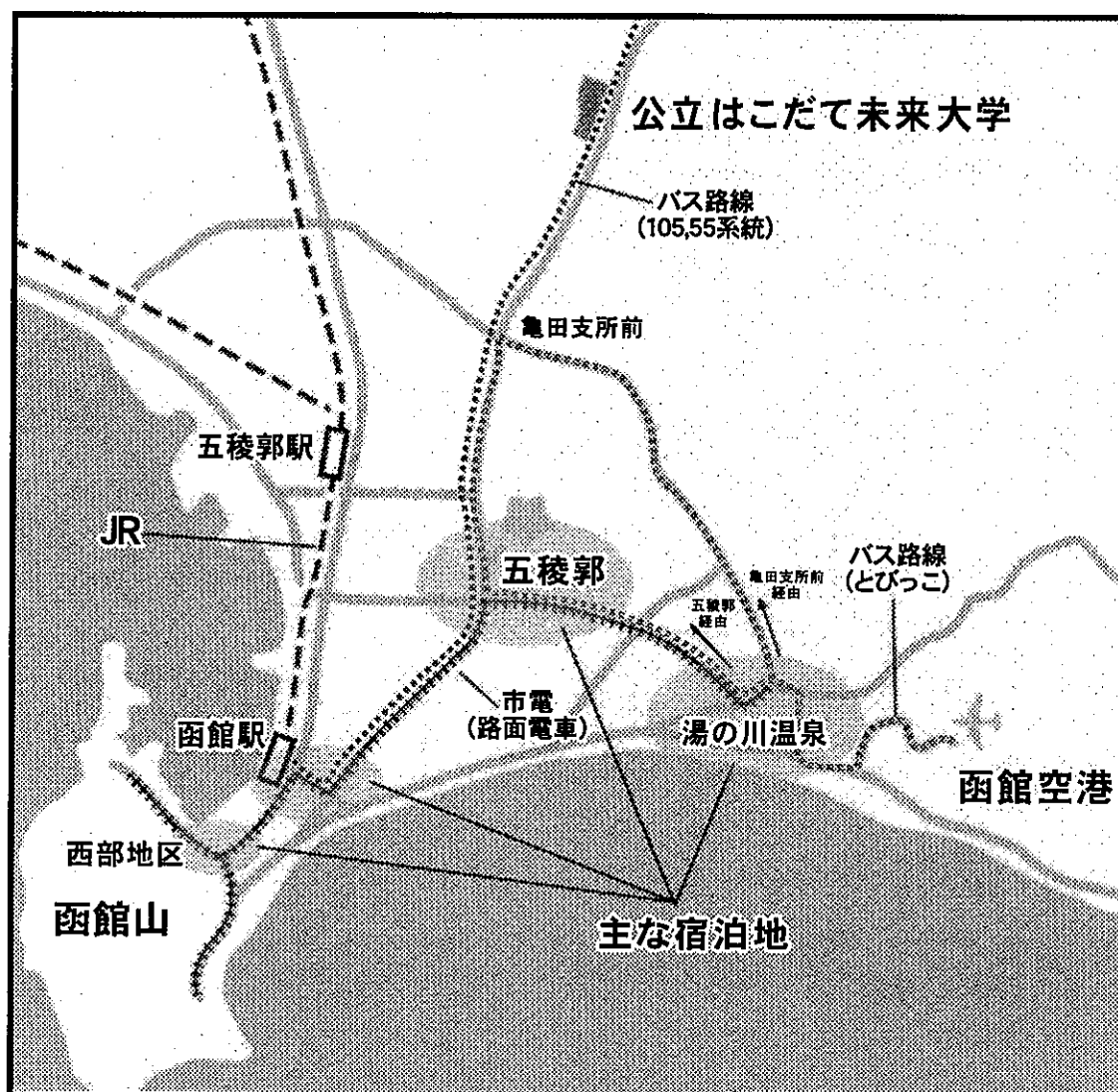


会場案内図

■会場までの交通手段

車での所要時間：函館駅、函館空港から30分程度（タクシーでおよそ3,000円）

五稜郭から20分程度（タクシーでおよそ2,000円）



函館バス（市内主要地点←→公立はこだて未来大学）乗車バス停

乗り場	バス系統	所要時間	バス料金
JR 函館駅前	105 系統	45 分	330 円
五稜郭(行啓通り)	105.55 系統	25 分	320 円
亀田支所前	105.55 系統	12 分	210 円
函館空港	とびっこ(亀田支所経由)+105.55 系統	45 分	310 円
函館空港	とびっこ(五稜郭経由)+105.55 系統	55 分	410 円

※105系統はJR函館駅ー赤川間、55系統は五稜郭(パボッツ前)ー赤川間を運行しております。どちらも大学への路線ですが、お帰りの際に55系統でお帰りの場合は終点が五稜郭の為、JR函館駅前方面へは参りませんのでご注意ください。(別路線へお乗り換えください。)

■発表について：

発表はパワーポイント、または PDF ファイルでお願いいたします。コンピュータをお持ちいただくか、USB メモリ等に保存して発表ファイルをお持ちください。事務局で用意しているパソコン環境については以下のとおりです。

○Windows Vista + MS-Office2007

○Macintosh OSX+MS-Office 2008, Keynote '09

■講演時間について：

一般講演は 20 分、特別講演は 60 分（それぞれ討論時間を含む）です。シンポジウムは発表者により異なりますので、オーガナイザーにお問い合わせの上ご確認ください。

大会委員長：公立はこだて未来大学 准教授 櫻沢 繁

大会事務局：〒041-8655 北海道函館市亀田中野町 116-2

公立はこだて未来大学システム情報科学部複雑系科学科

tel: 0138-34-6335

fax: 0138-34-6301（櫻沢宛を明記願います）

email: ssoel35@origin-life.gr.jp

生命の起原および進化学会第 35 回学術講演会日程表

	3 月 15 日 (月)	3 月 16 日 (火)	3 月 17 日 (水)
9 : 20		一般講演 8-10	シンポジウム 2 S2-1~2-5
10 : 00		休憩	
11 : 00		一般講演 11-14	
	受付		休憩
			総会
12 : 00	昼食・編集委員会	昼食・運営委員会	昼食
13 : 00	ご挨拶		
	一般講演 1-3	一般講演 15-17	一般講演 23-25
14 : 00	休憩	一般講演 18-19	
15 : 00	一般講演 4-7	休憩	
	休憩	一般講演 20-22	
16 : 00	シンポジウム 1 S1-1~1-4	休憩	
17 : 00		特別講演 SL	
		休憩・移動	
18 : 00		懇親会 (20:00 まで)	

生命の起原および進化学会第 35 回学術講演会プログラム

(2010 年 3 月 15 日 ~ 3 月 17 日)

一般講演の講演時間は 20 分です. シンポジウムの講演時間はオーガナイザーに一任しています. なお, ○は演者の方を示しています.

3 月 15 日 (月)

<11:30-受付>

<12:00-13:00 昼食, 編集委員会>

<13:00-13:10 挨拶・連絡>

<13:10-14:10 一般講演 1-3> 座長: 大内将吉

1. シスチンの硫黄 K 殻 XANES スペクトル

○田邊真依子, 泉雄大, 杉木勝彦, 桃木洋平, 中川和道 (神戸大学・大学院・人間発達環境学研究科)

2. 核酸塩基の光吸収スペクトル

○三本晶, 今津亜季子, 泉雄大, 田邊真依子, 中川和道 (神戸大学・大学院・人間発達環境学研究科)

3. アミノ酸の化学進化に有利な光子エネルギーの探索

今津亜季子¹, 泉雄大¹, ○中川和道¹, 内海裕一² (1 神戸大学・大学院・人間発達環境学研究科, 2 兵庫県立大学・高度産業技術研究所)

<14:10-14:20 休憩>

<14:20-15:40 一般講演 4-7> 座長: 田村浩二

4. 模擬星間物質から生成する複雑態アミノ酸前駆体の分析

○元山拓也¹, 谷内俊範¹, 大林由美子¹, 金子竹男¹, 吉田聡², 藪田ひかる³, 三田肇⁴, 小林憲正¹ (1 横浜国大・院・工, 2 放医研, 3 阪大・院・理, 4 福岡工大・工)

5. アミノ酸前駆体の加熱重縮合により生成するポリアミノ酸の解析

○桑原裕典, 三田肇 (福岡工大・生命環境)

6. タンパク質のマイクロ波促進加水分解の際のラセミ化の挙動

田中秀典, 中村博之, 芳本智彦, 吉村武朗, ○大内将吉 (九工大・院・生命情報工)

7. マイクロ波促進化学による生体高分子の加水分解反応

○中村博之, 芳本智彦, 木本征吾, 脇野大輔, 大内将吉 (九工大・院・生命情報工)

<15:40-16:00 休憩>

<16:00-18:00 シンポジウム 1 : 生命の起源と複雑系>

座長 : 櫻沢繁, 松野孝一郎

S1-1. 機能から構造へ : 複雑系と化学進化の模擬実験

○春名太一 (神戸大学, JST さきがけ)

S1-2. 生命とは何か? その起源と進化に迫る

○村瀬雅俊 (京都大学 基礎物理学研究所)

S1-3. 動的階層性を生成する非同期オートマトン, 細胞や群れを例として

○郡司ペギオー幸夫 (神戸大学・理学部・地球惑星科学科)

S1-4. 複雑系を量子論から見直す

○松野孝一郎

3 月 16 日 (火)

<9:20-10:20 一般講演 8-10> 座長 : 藤井紀子

8. 水/超臨界二酸化炭素下におけるアミノ酸合成—初期地球・火星の炭酸泉におけるアミノ酸生成の可能性—

○藤岡宏樹¹, 馬目佳信¹, 二村泰弘², 塩原友雄², 山本健二², 叶谷文秀², 星野昭芳² (1 東京慈恵会医科大学, 2 国立国際医療センター研究所)

9. 円偏光軟 X 線による不斉分解反応の可能性の検討 : 固相アミノ酸の軟 X 線自然円二色性スペクトル測定

○泉雄大¹, 今津亜季子¹, 三本晶¹, 田邊真依子¹, 中川和道¹, 田中真人², 安居院あかね³, 室隆桂之⁴ (1 Kobe Univ., 2 AIST, 3 JAEA, 4 JASRI)

10. 円偏光紫外線および β 線によるアミノ酸の分解とホモキラリティの起源

○島壮一郎¹, 鈴木孝嗣¹, 高橋淳一², 三田肇³, 大林由美子¹, 金子竹男¹, 斉藤威⁴, V. Tsarev⁵, N. Polukhina⁵, V. Ryabov⁵, G. Gusev⁵, 阿達正浩⁶, 保坂将人⁷, 加藤政博⁶, 小林憲正¹ (1 横浜国大, 2 NTT, 3 福岡工大, 4 IAS, 5 Lebedev Phys. Inst., 6 IMS, 7 名大)

<10:20-10:40 休憩>

<10:40-12:00 一般講演 11-14> 座長 : 三田肇

11. トリプトファナーゼによる D-セリンからのトリプトファン合成反応経路

の検討

○尾崎晴香, 島田秋彦 (筑波大学・生命環境科学研究科)

12. アスパラギン残基の異性化がもたらすペプチドの性質の変化

○藤井紀子, 貴田将司, 藤井智彦 (京大・原子炉)

13. ペプチドの立体構造がアスパラギン酸残基のラセミ化反応に及ぼす影響.
分子シミュレーションを用いた検討

○小田彰史^{1,2}, 小林佳奈¹, 高橋央宜¹ (1 東北薬大・薬, 2 阪大・蛋白研)

14. ペプチド・タンパク質中におけるスクシンイミドの生成と加水分解:
量子化学計算からの新知見

○高橋央宜¹, 鶴田萌¹, 松谷佳大¹, 小林佳奈¹, 小田彰史^{1,2} (1 東北薬大・薬,
2 阪大・蛋白研)

<12:00-13:20 昼食, 運営委員会>

<13:20-14:20 一般講演 15-17> 座長: 川村邦男

15. テトラグリシンに結合する RNA とその機能

○小寺彰吾¹, 田村浩二^{1,2} (1 東京理科大学, 2 科学技術振興機構さきがけ)

16. ナノアーキア GlyRS による tRNA^{Gly} の分子認識

○三宅秀明¹, 田村浩二^{1,2} (1 東京理科大学, 2 科学技術振興機構さきがけ)

17. アミノ酸ホモキラリティー選択性の分子基盤

○田村浩二^{1,2} (1 東京理科大学, 2 科学技術振興機構さきがけ)

<14:20-15:00 一般講演 18-19> 座長: 木賀大介

18. 生命の起原に関する GADV 仮説を支持する証拠

○池原健二^{1,2}, 大石正¹, 服部宏³ (1 奈良佐保短期大学, 2 国際高等研究所,
3 アルファ研究所)

19. 認知系としての生命の起源と進化の統一理論の構築へ向けて: 汎文化記
号進化学事始め

○大西耕二 (新潟大学・理学部・生物学科)

<15:00-15:20 休憩>

<15:20-16:20 一般講演 20-22> 座長: 池原健二

20. 星間有機物から生命へのシナリオ: 物質進化からみた「たんぽぽ計画」の
意義

○小林憲正¹, 伏見英彦¹, 三田肇², 中川和道³, 藪田ひかる⁴, 高橋淳一⁵, 奥
平恭子⁶, 矢野創⁷, 橋本博文⁷, 山岸明彦⁸ (1 横浜国大・院・工, 2 福岡工大,
3 神戸大, 4 阪大, 5 NTT, 6 会津大, 7 JAXA/ISAS, 8 東薬大)

21. 有機物・微生物の宇宙曝露と宇宙塵・微生物の捕集 『たんぽぽ計画』

PCR 法による捕集微生物の検出方法の検討

○河口優子¹, 杉野朋弘¹, Yinjie Yang¹, 吉村義隆², 辻堯², 小林憲正³, 橋本博文⁴, 田端誠⁴, 山下雅道⁴, 矢野創⁴, 河合秀幸⁵, 三田肇⁶, 奥平恭子⁷, 横堀伸一¹, 山岸明彦¹ (1 東薬大・生命, 2 玉川大・農, 3 横国大・院・工, 4 ISAS/JAXA, 5 千葉大・院・理, 6 福岡工大・工, 7 会津大)

22. 地球周回軌道上での宇宙塵捕集法とその有機物分析法の検討

○伏見英彦¹, 河合純¹, 平子智章¹, 大林由美子¹, 金子竹男¹, 小林憲正¹, 三田肇², 藪田ひかる³, 今井栄一⁴, 奥平恭子⁵, 田端誠⁶, 長谷川直⁶, 河合秀幸⁷, 丸茂克美⁸, 橋本博文⁶, 矢野創⁶, 山下雅道⁶, 横堀伸一⁹, 山岸明彦⁹

(1 横浜国大・院・工, 2 福岡工大・工, 3 阪大・院・理, 4 長岡技科大, 5 会津大, 6 JAXA/ISAS, 7 千葉大・院・理, 8 産総研, 9 東薬大・生命)

<16:20-16:30 休憩>

<16:30-17:30 特別講演> 座長：櫻沢繁

SL 創発への構成論的アプローチ：人工知能の立場から

○中島秀之（公立はこだて未来大学・学長）

<17:30-17:50 移動>

<18:00-20:00 懇親会>

3 月 17 日（水）

<9:20-11:20 シンポジウム 2：海底熱水系と生命の起原>

座長：小林憲正, 今井栄一

Viva Origino
Vol. 38
論文掲載

S2-1. 34～27 億年前の海底熱水活動と微生物活動との関連：海底熱水場は起源の場か進化の場か？

○掛川武（東北大・大学院・理学研究科）

S2-2. 海底熱水噴出孔の熱水環境とアミノ酸の重合

○今井栄一, 本多元（長岡技術科学大学・生物系）

S2-3. Chemical “Revolution” の場としての海底熱水系

○小林憲正¹, 栗原広成¹, 平子智章¹, 大林由美子¹, 金子竹男¹, 高野淑識², 吉村義隆³, 三田肇⁴ (1 横浜国大・院・工, 2 IFREE/JAMSTEC, 3 玉川大・農, 4 福岡工大・工)

S2-4. 熱水分析技術の開発と化学進化研究への展開

○川村邦男（大阪府大・院・工）

S2-5. 太古の海底熱水環境と初期微生物生態系-室内実験によるアプローチ-

○加藤真悟(東京薬科大学・生命科学部)

<11:20-11:30 休憩>

<11:30-12:00 総会>

<12:00-13:20 昼食>

<13:20-14:20 一般講演 23-25> 座長：島田秋彦

23. DNA 損傷部位の測定法 (ラジカル基質を用いた AP site 測定, comet assay の検討)

○高橋裕一¹, 青山正明², 押切剛伸³, 太田伸男⁴, 柴田晋平¹ (1 山形大学・大学院・理工学研究科, 2 山形県産業技術振興機構, 3 山形県立産業技術短大, 4 山形大学・医学部・耳鼻科)

24. 普遍遺伝暗号への統一と遺伝子の水平伝播

小林晃大, ○木賀大介 (東工大・総理・知能システム科学)

25. 古細菌／真正細菌の共通祖先の持っていた蛋白質の復元とその特徴

赤沼哲史, ○横堀伸一, 小林愛美, 山岸明彦 (東薬大・生命)

一般講演

シスチンの硫黄K殻XANESスペクトル XANES Spectra of Sulfur K-edge of Cystine

田邊真依子, 泉雄大, 杉木勝彦, 桃木洋平, 中川和道
(神戸大学大学院 人間発達環境学研究科)

Maiko Tanabe, Yudai Izumi, Katuhiko Sugiki, Yohei Momoki, Kazumichi
Nakagawa (Kobe University)

＜緒言＞ 光やX線による化学反応, 化学進化を定量的に議論するには, 物質の光吸収断面積の実測が必要である. 今回, アミノ酸の中で最も重い元素である硫黄を含むシスチン (Cyt) の硫黄K殻のX線吸収端近傍微細構造XANESスペクトルを透過法により測定した.

＜実験＞ 2枚のカプトン箔 ($15 \times 15 \text{ mm}^2$, 厚さ $7.5 \mu\text{m}$) の間に約6mg のシスチン粉末を挟んで膜厚 $l \approx 15 \mu\text{m}$ の試料を作成した. 厚さをなるべく均一にするため, 粉末にエタノールを加えて練り一様に広げた. 2枚のカプトン箔を直径7 mm の光学窓を開けたSUS基板 (厚み0.05 mm) に挟み300 kgf/cm² の力で3分間加圧し, ペレット状の試料を作成した. XANESスペクトル測定はUVSOR BL1Aで行った. 分光結晶には InSb結晶を用いて $2440 < E(\text{eV}) < 3400$ の光子エネルギー範囲で測定した. 得られた試料の透過光シグナル $I(E)$ とカプトン2枚を透過した光のシグナル $I_0(E)$ を, マルチチャンネルプレートMCPを用いて測定し, Lambert-Beer's Law $I(E) = I_0(E) \exp(-\sigma(E)nl)$ に基づいてXANESスペクトル $\sigma(E)$ を得た. また, ZnS粉末のドレイン電流を測定し光子エネルギーを校正した.

＜結果, 考察＞ 得られたデータの縦軸を絶対値化したスペクトルをFig.1 に示す. この結果をもとに以下の考察を行った.

- (1) シスチンが何個の光子を吸収するかの見積もりが可能になった, 光子エネルギーごとのX線の進入深さの評価が可能になったなど, 光化学反応, 化学進化の定量的な基礎が得られた.

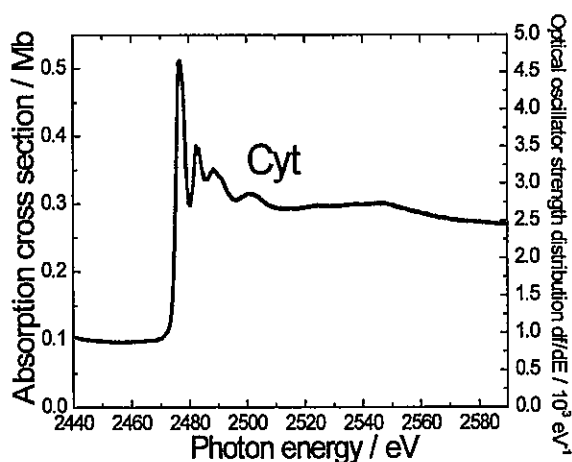


Fig.1 Absorption Spectra of Cystine

- (2) 硫黄を含まないアミノ酸ではこのエネルギーの光子は0.1Mbくらいしか吸収されないのに対し含硫アミノ酸ではこのエネルギーの光子がよく吸収され化学反応・電子放出・発熱などに寄与する. この意味で硫黄原子はこの領域の電磁波の捕捉効率を向上させる「アンテナ原子」としての役割を果たすものと考えられる.

謝辞 本研究は分子科学研究所UVSOR施設利用課題番号21-506によってなされた.

2

核酸塩基の光吸収スペクトル

Optical absorption spectrum of DNA bases

三本晶, 今津亜季子, 泉雄大, 田邊真依子, 中川和道
(神戸大学人間発達環境学研究科)

Aki Mimoto, Akiko Imazu, Yudai Izumi, Maiko Tanabe, Kazumichi Nakagawa
(Grad Schl of Human Devel & Env, Kobe University)

【はじめに】DNA 塩基は、遺伝情報を司る DNA を構成する重要な物質であり、真空紫外領域に大きい吸収を持つにも関わらず、この領域における光吸収スペクトルが十分に研究されているとはいえない。本研究では、光吸収による DNA 損傷の見積りに有用であると思われる DNA 塩基の光吸収スペクトル測定を真空紫外～軟 X 線領域 (3~250 eV) にて行った。

【実験】シトシン、アデニンの固相薄膜 (厚さ約 200~400 nm) を真空蒸着法によりコロジオン薄膜の基板上に蒸着し、試料とした。試料の光吸収スペクトルの測定は、分子科学研究所 UVSOR BL7B において透過法を利用して行った。基板と塩基薄膜の光子エネルギー E における各透過光強度を $I_{\text{coll}}(E)$, $I(E)$ とし、Si フォトダイオードを用いて測定した。

【結果】分子科学研究所 UVSOR で測定した透過光強度 $I_{\text{coll}}(E)$, $I(E)$ を、蓄積リング電流 $M(E)$ で規格化し、Lambert-Beer の式より光学的密度 $O.D.(E)$ を求めた。次に既知濃度の塩基をエタノールや DMSO に溶解し、260 nm 付近の光吸収強度を絶対値で求め、それを用いて蒸着膜の 260 nm 付近の光吸収強度を絶対値較正し、光吸収断面積 $\sigma(E)$ を決定した。

【考察】①振動子強度分布総和則によるスペクトルの検証

振動子強度分布 df/dE は、吸収断面積 σ [cm^2] との間に $\sigma(E)[\text{Mb}] = 1.098 \times 10^2 \cdot df/dE[\text{eV}^{-1}]$ という関係があり、振動子強度分布総和則は、 df/dE の積分値 n_{ex} が遷移に関わる総電子数 n_{el} と一致するという法則である。スペクトルを検証した結果、よい精度で塩基の光吸収スペクトルが測定されていることが立証された。

②計算値との比較

DNA 損傷について、シミュレーションの多くは、Henke により集積された原子吸収係数のデータより算出した吸収断面積を利用しているが、計算値が実験値と一致するのかは示されてこなかった。今回、実験値と計算値との比較により、約 30 eV より高エネルギー側では実験値と計算値がよく一致することを初めて示した。

③光吸収による DNA 損傷の見積もり

DNA 損傷のうち生物にとって最も致命的なダメージが二本鎖切断(DSB)である。DSB は、原子内殻のイオン化により生じるケースが多い。DNA 損傷についてのシミュレーションの一つに、生物物理軌道構造プログラム PARTRAC により算出された、1 Gy かつ 1 Gbp あたり内殻緩和過程発生数の DNA 構成原子に対する入射光子エネルギー依存性がある。発表当日は、本実験で得られた吸収断面積と先行研究から見積もった DNA 損傷との関係に言及する予定である。

3

アミノ酸の化学進化に有効なエネルギーの探索 Search for effective energy in chemical evolution of amino acid

今津亜季子、泉雄大、○中川和道

(神戸大学大学院人間発達学研究科)

内海裕一(兵庫県立大学高度産業技術研究所)

Akiko Imazu, Aki Mimoto, Yudai Izumi, Masafumi Tanaka,

Kazumichi Nakagawa (Kobe University)

Yuichi Utsumi (LASTI)

【 研究の背景 】 宇宙空間における隕石表面での無機物質から生体分子への化学進化を議論する上で、アミノ酸が重要なカギであると考えている。本研究では、固相アラニン(Ala)の化学進化を確かめるため、Ala に X 線を照射した。

【 実験と結果 】 厚さ約 100 μm のペレット状に加工して用いた Ala 固相に NewSUBARU の BL2 において光子エネルギーは 2~12 keV の連続 X 線を照射した。X 線強度はカロリメトリ法で測定し、 $1.4 \times 10^{15} \text{ eV}/(\text{sec} \cdot \text{cm}^2)$ 、光子数 $3.8 \times 10^{11} \text{ photon}/(\text{sec} \cdot \text{cm}^2)$ と見積もった。

照射は真空中で 100 秒から 12000 秒の 32 種類行った。照射後は大気中に取り出し、蒸留水で回収して HPLC 分析を行った結果、生成物として Ala₂ のピークが検出された。Ala₂ の分子数は照射時間に比例して増加した。(Fig.1)

【 考察 】 Ala₂ の生成エネルギー効率を G 値 = 0.017 (Ala₂ 分子生成 / 100eV 吸収) と決定した。光量子効率 ϕ は $\phi_{1-2} = 0.615$ (Ala₂ 分子生成 / 吸収光子) と決定した。先行研究^[1] アラニンへの 172 nm VUV 照射実験では G 値 = 0.018 (Ala₂ 分子生成 / 100eV 吸収)、 $\phi = 1.3 \times 10^{-3}$ (Ala₂ 分子生成 / Ala 分子分解) であり、G 値は X 線と VUV とで非常に近い値となり、 ϕ は VUV に比べて X 線では 470 倍大きくなった。

Ala の二量化が起こるにはカルボキシル基が励起される反応が重要である。本研究で光子エネルギーの平均値は 3642 eV の X 線であるが、X 線ではこの二次電子の働きが大きく寄与するとされ、X 線エネルギーは二次電子エネルギーに分割され、Ala の化学進化の反応を進める上で 7.2 eV (172 eV) の $3642 / 7.2 \approx 500$ 個分に相当する働きをしたものと考えた。すなわち光子エネルギーが大きな X 線がサンプルの深くまで光子が入り込み、内部でエネルギーが小分けにされて次々と Ala のカルボキシル基を励起していくという機構である。小分けにされることでエネルギー的には同じ効率で働くので G 値は等しくなるのである。したがってアミノ酸の化学進化にはどのような光も光子エネルギーの大小に関係なく有効に働くと結論した。

【参考文献】 [1] 泉雄大 平成 21 年度博士論文

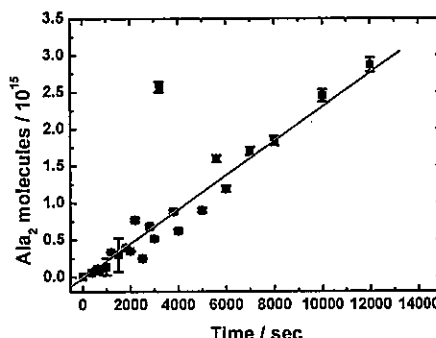


Fig.1 照射時間と Ala₂ の分子数変化(■)

直線は 1 次関数フィッティング

4

模擬星間物質から生成する複雑態アミノ酸前駆体の分析

Analysis of Complex Amino Acid Precursors

Formed from Simulated Interstellar Media

○元山拓也¹、谷内俊範¹、大林由美子¹、金子竹男¹、吉田聡²、藪田ひかる³、三田肇⁴、
小林憲正¹ (¹横浜国大院工・²放医研・³阪大院理・⁴福岡工大工)

T. Motoyama¹, T. Taniuchi¹, Y. Obayashi¹, T. Kaneko¹, S. Yoshida²,

H. Yabuta³, H. Mita⁴, and K. Kobayashi¹.

(¹Yokohama Natl. Univ., ²Natl. Inst. Radiol. Res., ³Osaka Univ., ⁴Fukuoka Inst. Tech.)

[緒言] 生命の起源に先立って、有機化合物の進化(化学進化)が起こったと考えられている。我々はこれまで星間塵環境を模擬したメタノール・アンモニア・水(MeAW)系に、重粒子線を照射することにより、アミノ酸前駆体となる「複雑有機物」が生成することを示してきた。今回は、MeAW系から陽子線や種々の重粒子線によるアミノ酸(前駆体)生成の比較を行った。また、星間塵中に存在する炭素粒子や PAH の役割を調べるため、出発材料にグラファイト・フラーレン・アントラセン・フェナントレンをそれぞれ添加した実験も行った。また、同じく星間塵中に存在すると考えられるホルムアルデヒドを添加した実験(MeAFW系)も行った。

[実験] チタン製容器にメタノール・アンモニア・水(物質質量比 1:1:2,8)の混合溶液(以後 MeAW と呼ぶ) 5.8g を入れ、室温で原子力機構 TIARA のサイクロトロンからの 20 MeV 陽子線を、種々の線量率・線量で照射した。重粒子線照射は、Pyrex 製容器にメタノール・アンモニア・水(物質質量比同上)の混合溶液 50 g を封入し、室温もしくは液体窒素温度で放射線医学研究所 HIMAC からの種々の重粒子線(150 MeV/u He, 290 MeV/u C, 400 MeV/u Ne, 500 MeV/u Ar, 500 MeV/u Fe)を照射した。また、同様な MeAW 混合溶液 50g に前述の炭素または PAH のいずれかを 0.4 g 混合したものに液体窒素温度で炭素線を照射した。照射生成物は酸加水分解後、HPLC 法(島津 LC-10A)でアミノ酸分析した。

[結果] MeAW に陽子線・重粒子線を照射するとアミノ酸前駆体が生成したが、エネルギー収率(G値)は、 $H < He < C < Ne$ と、Ne線までは LET が大きい場合ほど大きくなったのに対し、Ar, Fe では Ne よりも G 値が減少した。熱分解 GC/MS 分析により芳香族分子も生成したが、芳香族炭素の割合は隕石等で報告されている値よりも低かった。

アイスマントル中にも存在するとされる炭素・PAH を混合させて照射を行ったところ、無添加時には見られなかった蛍光が観測された。ホルムアルデヒドを出発材料に加えると、アミノ酸の生成量が増え、アミノ酸組成や、前駆体の分子量分布も大きく変化した。

今後は質量分析法・NMR・XANES 法などを用いて種々の組成の模擬星間物質から生成する有機物の構造特性化の比較や、星間での変性過程の検討を行う予定である。

5

アミノ酸前駆体の加熱重縮合により生成するポリアミノ酸の解析

Analysis of polyamino acids produced from amino acid precursor in thermal polycondensation.

桑原裕典・三田肇 (福岡工大・生命環境)

Yusuke Kuwahara, Hajime Mita (Fukuoka Institute of Technology)

〔緒言〕生命の起源は未だに人類が解決していない大きな疑問である。現在のタンパク質の生成は DNA の情報に依存しているが、生命が誕生する前の時代では、このような物質の生成は今とは全く違ったものであったはずである。すなわち、アミノ酸が酵素や DNA の働きなしに無生物的に重合することでポリアミノ酸が生成し、その中から触媒活性や構造形成などの機能を持った分子が生成したと考えられる。Fox らはリンゴ酸モノアンモニウム塩を加熱重縮合するとアンヒドロポリアスパラギン酸を生成し、部分加水分解するとポリアスパラギン酸が得られることを報告した (Fox, Harada 1955)。さらに得られたアンヒドロポリアスパラギン酸を希薄塩溶液に加温により溶解し、冷却すると白濁した粒滴が観察され、これを電子顕微鏡で見ると二重膜構造を有していることが示された (Fox, Harada 1959)。これをプロテノイド・ミクロスフィアと命名した。本研究ではこの反応を利用してポリアミノ酸を合成し、ミクロスフィアを形成する。これは自己組織化形態の一種であるため、何らかの分子認識が生じ、特定分子が選択的にミクロスフィア中に取り込まれている可能性がある。そこで、実際に分子選択が生じているか調べるために、質量分析計により容易に解析が可能な分子量の選択性について測定することにした。

〔結果・考察〕生成したポリアミノ酸を LC-MS によって質量分析を行ったところ、2 量体から 11 量体に相当するアスパラギン酸のオリゴマーのシグナルを検出した。2 量体、3 量体が主な生成物であり、4 量体から 11 量体にかけて分子量が大きくなるとシグナルが小さくなる重縮合に特徴的な結果が得られた。次に合成したポリアミノ酸からミクロスフィアを形成し、走査型電子顕微鏡で観察したところ、粒径は $0.5 \sim 1.5 \mu\text{m}$ 程度で、 $1 \mu\text{m}$ のものが大部分だった (Fig. 1)。粒径の大きさが比較的均一なことからミクロスフィアに取り込まれているポリアミノ酸は、ある程度均質な分子から構成されていると考えられる。そこで、ミクロスフィアを含む溶液から遠心分離によりミクロスフィアを回収し、再び LC-MS によって分析したところ、2 量体、3 量体の分子量に相当するシグナルが消え、6 量体から 7 量体のオリゴマーのシグナルが相対的に大きく 11 量体に相当するシグナルも観察された。この結果よりミクロスフィアには分子量の比較的大きなアミノ酸オリゴマーが選択的に取り込まれることが示唆された。

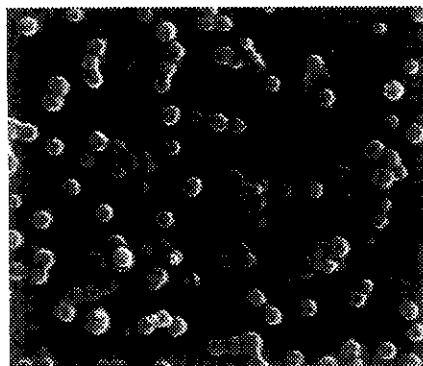


Fig. 1 SEM image of proteinoid microspheres produced in thermal polycondensation. (x 4000)

6

タンパク質のマイクロ波促進加水分解の際のラセミ化の挙動 Racemization study of the amino acids in microwave assisted hydrolysis of protein

田中秀典, 中村博之, 芳本智彦, 吉村武朗, 大内将吉
(九工大院・生命情報工)

Hidenori Tanaka, Hiroyuki Nakamura, Tomohiko Yoshimoto,

Takeo Yoshimura, Shokichi Ohuchi

(Department of Bioscience and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology)

はじめに：アミノ酸分析は、タンパク質のアミノ酸の組成を調べる方法である。この分析法は、タンパク質を加水分解し、遊離してきたアミノ酸を誘導体化し、高速液体クロマトグラフィーによって解析する。アミノ酸分析において、タンパク質を加水分解反応によってアミノ酸へ誘導する際、一般的に6N 塩酸で110℃の高温条件下で、24～72時間という長い時間を必要とする。しかし、生成したアミノ酸が、長時間、高温にさらされるために、熱分解や酸化反応などの副反応を引き起こす。トリプトファンやメチオニンなどは、ほとんど分解されてアミノ酸として、残存せず、アミノ酸分析の根本的な問題となっている。我々は、マイクロ波照射によって加水分解反応を行うことで、10分程度でアミノ酸へ誘導することを見出した。さらに、不安定なアミノ酸の分解を防ぐこともできることがわかった。そこで、この研究では、マイクロ波促進加水分解反応の際の、アミノ酸のラセミ化を検証することを目的とした。一般に、溶液中に存在する遊離したアミノ酸は、それ自身がエノール化により、自発的にラセミ化してしまうことがある。また、酸処理、塩基処理、加熱などの操作はすべてラセミ化を促進することも指摘されている1), 2)。アミノ酸分析の過程を考えると、(1)タンパク質の加水分解中3), (2)遊離してきたアミノ酸、(3)誘導体化中の3つでのラセミ化の可能性があるだろう。マイクロ波照射下では、(1)～(3)のすべてについてラセミ化反応を促進している可能性もある。今回は、遊離してきたアミノ酸のラセミ化に注目し、マイクロ波照射の有無によるアミノ酸のラセミ化への影響を調べることを目的とした。タンパク質の定量を迅速にすることで、後のタンパク質の機能や構造の研究への応用が期待できる。

実験方法：L-アミノ酸1 mg/mlの濃度で調整し、これを10 mlと12N 塩酸10 mlと混合し、油浴とマイクロ波照射の比較実験し、高速液体クロマトグラフィーで分析した。そして、アミノ酸の分解挙動とラセミ化について検討した。

マイクロ波促進化学による生体高分子の加水分解反応 Microwave-Accelerated Hydrolysis Reaction of Biopolymers

中村博之, 芳本智彦, 木本征吾, 脇野大輔, 大内将吉
(九工大院・生命情報工)

Hiroyuki Nakamura, Tomohiko Yoshimoto, Kimoto Seigo,
Daisuke Wakino, Shokichi Ohuchi

(Department of Bioscience and Bioinformatics, Kyushu Institute of Technology)

はじめに：化学進化の研究では、放射線や紫外線、高熱といった高いエネルギー条件下での化学反応がこれまで検証されてきた。一方、マイクロ波は、電磁波としてのエネルギーはそれほど大きいとは言えないものの、この10年ほどで、あらゆる有機化学反応で反応時間の大幅な短縮や収率の向上といった効果が認められてきた。マイクロ波は宇宙空間では偏在しており、化学進化の中で有効なエネルギー源であったとも十分に考えられる。私たちはこれまでに生体分子の化学反応や酵素反応などについてマイクロ波の効果を種々検討してきた。この研究では、タンパク質と多糖の加水分解反応にマイクロ波を照射し検討した。

マイクロ波照射によるでんぷんの加水分解反応：分子量3000程度のでんぷん試料を加水分解反応に用いた。0.1%のでんぷん溶液10 mlに0.6 N塩酸を使い、酸加水分解した。その後、加水分解によって得た還元糖をDNS試薬で定量した。ここで従来の開放系による油浴の方法と、マイクロ波を出力700 W照射した方法とを比較した (Fig. 1)。従来法の油浴加熱に対し、マイクロ波を照射することで反応が迅速に進行した。他に、タンパク質の加水分解反応、さらには、これらの生体高分子を基質とする加水分解酵素に対するマイクロ波の効果を検討した。

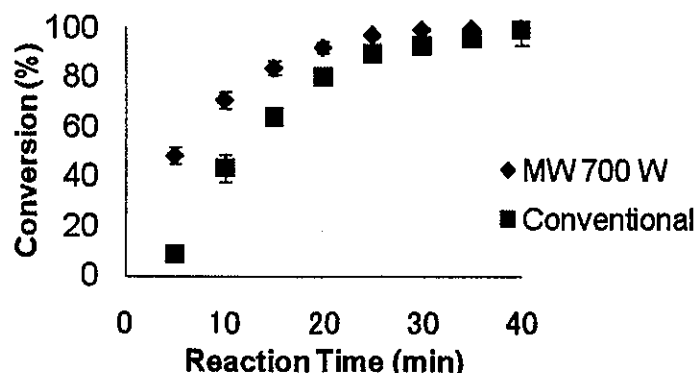


Fig. 1. 比色定量によるでんぷんの加水分解の比較

シンポジウム 1

S1-1

機能から構造へ：複雑系と化学進化の模擬実験

From Function to Structure:

Complex Systems and Experimental Study of Chemical Evolution

春名 太一（神戸大学, JST さきがけ）

Taichi Haruna (Kobe University, PRESTO JST)

「機能から構造へ」をキーワードにして私自身が行っている複雑ネットワーク研究と化学進化の模擬実験研究について議論したい。「機能」とは辞書的には「ある物事に備わっている働き。器官・機械などで、相互に関連し合って全体を構成する個々の各部分が、全体の中で担っている固有の役割」のことである(goo のオンライン国語辞書による)。このような常識的な機能の理解の仕方に対する双対的な見方として、機能を「対象の構造化への制約」と考えることもできる。後者の意味で機能を捉えることは何らかの対象の起源を理解するにあたって有効な戦略となりうる。例えば、生命の起源研究での例を探すと、C. de Duve による原始代謝の合同説がある。この説によれば、原始代謝における基質の供給と生成物の消費という 2 つの機能に適合するように酵素が選択されたという(C. de Duve, 2005. *Singularities*. Cambridge Univ. Press)。原始代謝の機能がその構成要素となる酵素を選択したというのだ。この説の当否はともかく、このような考え方は複雑系研究においても有効である。私自身の複雑ネットワーク研究を例に取ろう。何らかの対象をネットワークとして表現するということはその対象を頂点の集合と矢印の集合として理解することであり、元の対象での頂点に対応する部分にあった機能は捨象されてしまう。そこで、このような機能(例えば、情報処理)を含めたネットワークの記述を作ることができれば、現実の対象から構築されたネットワークに対する理解が深まる可能性があるのではないかと考え、カテゴリ論という数学を用いて現実のネットワークを機能のネットワークへと変換する枠組みを考案した。様々な生物の遺伝子転写制御ネットワークなどにこの変換を適用すると機能のネットワークにおいて共通の大域的構造があることが分かった。この結果と理論的考察を組み合わせ、機能のネットワークの大域的構造に由来する現実のネットワークへの制約の結果として現実のネットワークに見つかるあるタイプの局所構造が説明できるのではないかと仮説へと至った。すなわち、機能的制約の実体化として現実のネットワークの局所構造の起源が考えられるのではないかとことだ。生命の起源研究においても「機能から構造へ」という考え方は実験の設計という水準でも有効ではないだろうか。生命の起源における濃度問題を解決する方法として D. Braun らは海底熱水噴出孔付近の岩石にマイクロなチューブが存在することに注目した。彼らは温度勾配と熱拡散の効果によってマイクロなチューブ内で核酸分子が濃縮されることを数値計算で示した(Baaske et al., 2007. *PNAS* 104 9346)。一方で、現存の細胞は濃度問題を膜構造を有することにより解決している。そこで、温度勾配下のマイクロなチューブの持つ物質濃縮機能と細胞膜を繋ぐ実験としてマイクロなチューブ内に界面活性剤溶液を封入して温度勾配をかけ、濃縮効果によりベシクルを形成させることができるかどうかを確認する実験が考えられる。講演では本実験の経過についても報告したい。

S1-2

生命とは何か？その起源と進化に迫る

村瀬 雅俊

京都大学基礎物理学研究所

チャールズ・ダーウインの進化論では、ランダムな変異と選択という観点が強調されている。このいわゆる確率論的な進化論を再検討し、決定論的な進化論の可能性を追求することが、本講演の目的である。具体的な検討課題としては、異方的な変異発生の原理、エピジェネティックと呼ばれる遺伝子の突然変異を伴わない遺伝子の状態変化の保存機構、定向的進化機構などがあげられる。

特に、進化を理解するために、1つの方法として、学習機構と進化原理の相同性に着目し、その原理の探求を行うことを提案したい。そのなかで、パブロフの条件付け学習や病気発症の機構として知られるキンドリング現象との対比を行いながら、具体的な原理について論考したい。進化を理解するもう1つの方法は、理想生命モデルを探求することである。そのモデルとして、がんを想定することは極めて有効である。最新のがん研究から、今何がわかってきたのか？それによって、我々の進化に関する理解はどのように変容しうるのか？私たちの興味と疑問は尽きることがない。

本講演では、こうした論考を踏まえながら、進化に関する1つの統一理論として自己・非自己循環理論を提唱したい。その理論の妥当性は、当然、その理論が進化原理を踏まえているかどうか、つまり限りない発展・進化が可能かどうかにかかっている。理論を洗練し、より本質に迫るためにも、多くの方々の率直なご意見・ご批判を仰ぎたい。

■M. Murase “*The Dynamics of Cellular Motility*” John Wiley & Sons (1992)

<http://hdl.handle.net/2433/49123>

■村瀬雅俊『歴史としての生命－自己・非自己循環理論の構築－』京都大学学術出版会 (2000)

<http://hdl.handle.net/2433/49765>

■村瀬 雅俊 「こころの老化としての‘分裂病’－創造性と破壊性の起源と進化－」

『講座・生命 Vol. 5』河合出版 230-268 (2001)

<http://hdl.handle.net/2433/48889>

■村瀬 雅俊 「進化ダイナミクスにおける自己・非自己循環原理の探求

－構成的認識の理論と実践－」 国際高等研究所報告書 0820, 241－267 (2008)

<http://hdl.handle.net/2433/49154>

■M. Murase Environmental pollution and health: an interdisciplinary study of the bioeffects of electromagnetic fields, SANSUI: An Environmental Journal for the Global Community. Kyoto University No.3, 1-35 (2008)

<http://hdl.handle.net/2433/49793>

■M. Murase “Endo-exo circulation as a paradigm of life: towards a new synthesis of Eastern philosophy and Western science” In: *What is Life? The Next 100 Years of Yukawa's Dream* (eds. Masatoshi Murase and Ichiro Tsuda), Progress of Theoretical Physics Supplement No.173, 1-10 (2008).

<http://hdl.handle.net/2433/67886>

S1-3

動的階層性を生成する非同期オートマトン、細胞や群れを例として

Asynchronous Automata generating dynamic hierarchy,
illustrating cellular and flock motions.

郡司ペギオ幸夫(神戸大学)

Yukio-Pegio Gunji (Kobe University)

結言:生物システムのモデルを構想するとき、系とその外部環境は分離され、モデルとその起源は分離される。粘菌をはじめとするアメーバのモデルは、チューブに入った化学反応系と想定され、チューブ境界の変化は、化学反応系それ自体に大きな影響を及ぼさないと仮定される。鳥や魚、昆虫の群れのモデルでは、各個体が固定された近傍を有し、近傍内の他個体と相互作用し、以後の運動を決める。このとき、群れ全体の境界や、群れ全体の平均的運動は、個体間相互作用に影響を与えないと仮定される。ボトムアップ型の相互作用と環境・全体を指定するトップダウンの操作が分離され、たかだか両者の交代による循環が考慮されるだけだ。ボトムアップ、トップダウンという二つの観点が共存するなら、両者は明確に分離できず、混在し、局所的相互作用の様式自体の変化や、その変化が全体と辻褃を合わせる現象などがみえるはずだが、2008年以降、ムクドリの群れの画像解析で、これを示す位相近傍や(PNAS, 2008, 105:1232)、スケールフリー相関という現象が見出されつつある(2009, ArXive)。

実験:ここでは階層の二重性を、陽に構想するのではなく、局所的相互作用に非同期性を導入し、その結果全体に普及する局所的相互作用が実装されたオートマトンを提案する。2次元格子空間における格子を原形質と考えるとき、これによって原形質流動を実現するアメーバのモデルが構成され、実際の真性粘菌変形体がつくるネットワークと比較される。格子を個体と考え、局所的運動により大きな変異を与えると、群れのモデルが構成できる。これも生物の群れと比較される。

結果:非同期アメーバモデルは、ネットワーク形成において生物に一般的に認められる活用と探索のジレンマを弱め、或る領域に特化するか他の場所を探索するかに関してうまいバランスを実現し、現実の粘菌のネットワークパターンをうまく再現することがわかる。またモデル上に表現された原形質流動領域は、全体の格子サイズと比例関係を持ち、現実の生物の群れで報告されるスケールフリー相関が実現されていることがわかる。非同期の群れモデルは、ゆらぎによって群れが生成され、ゆらぎがないとき、方向性が揃うことはあっても集団を形成できない。これをコメツキガニの集団形成に言及して議論する。以上のような、局所的相後作用のみで説明できない全体性への言及を示唆するスケールフリー相関や群れの自発的ゆらぎが、階層の共存を結果的に実装する、全体に言及した非同期性からもたらされる可能性を議論する。

S1-4

複雑系を量子論から見直す From a Quantum to Complexity

松野孝一郎
Koichiro Matsuno

複雑な系の典型としての生命、生物の起原とその進化に、言語を用いて肉薄しようとするならば、それに独特な制約が加わる。進化にかかわる化石あるいは実験結果をもたらしながら、その記録の中に直接に姿を現すことのない運動そのものに、脚光を浴びせることが求められる。その運動を直に参照する際に有効となる、最も基本的な述語への有力候補は、量子論によって提供される。量子状態の線形重ね合わせを実装するエンタングルメント（量子絡み）と量子由来の熱機関の二つがその候補である。

背景 1 量子エンタングルメント

化学進化が可なり進行した後に出現した光合成にあつては、太陽からの光子の捕獲に引き続いて、そのエネルギーを「電子・正孔」対であるエキシトンに可及的速やかに変換し、それを素早く光化学反応中心にまで輸送することが必至になる。この輸送が遅延すればするほど、エネルギー散逸が増加し、光子エネルギーの変換効率が劣化する。しかし、光子獲得を司る細胞内器官クロロフィル内の光アンテナから光化学反応中心までのエネルギー輸送時間は凡そ 0.1ps 以下であつて、その輸送効率は限りなく 100%に近い。この高効率とエネルギーの短時間輸送を可能とするのが量子エンタングルメントである。光アンテナと ATP を生成する光化学反応中心は一体となつて一つのタンパク分子複合体を形成する。その複合体が一つの量子状態を維持することになる。個々のタンパク分子から眺めるならば、この複合体にとっての量子状態とは、隣り合うタンパク分子のそれぞれに固有な量子状態の線形結合、エンタングルメントに相当する。このことによって、エネルギー輸送の短時間化と高効率化がはかられる。ところが、このエンタングルメントを分析的に記述しようとする「ベルの不等式」に抵触する。そこでは、古典論理の三大支柱である同一律、矛盾律、排中律が成立しない「複雑さ」が出現する。

背景 2 量子に基づく熱機関

光化学反応中心での明反応で生成された ATP は二酸化炭素と水とから含水炭素を生成する暗反応の部位に輸送され、ATP のリン酸結合のエネルギーが含水炭素の共有結合のエネルギーに変換される。この暗反応でのエネルギー変換は常温で行われる。エネルギー変換を熱力学の枠内で捉えるならば、そこで可能となる変換には温度差の介在が必須となる。しかし、暗反応を取り巻く環境の温度は常温であつて、温度差は生じていないかに見える。この温度差の有無は、なにを温度計として用いるかによって左右される。気体温度計を参照するかぎり、同じ測定点での環境において、測定温度に差が発生することはない。そこでは温度差を活用するエネルギー変換はあり得ないことになる。一方、黒体放射のスペクトルパターンを参照して温度を読み取る放射温度計を用いるならば、地球表面の測定点から眺める外界の温度は極めて不均質である。周波数を遠赤外に絞るならば、外界の温度は常温として観測されるが、150GHz 付近に絞ると測定される温度は宇宙マイクロ波背景放射に由来する 2.7K となり、さらに周波数をその千分の一の 100MHz ほどに絞り込むならば、地球から眺める星間宇宙は殆ど透明であつて、放射温度計から読み取られるその温度は 1mK ほどにも低下する。しかも、明反応、暗反応を執り行う物体はタンパク分子の複合体であつて、その構成タンパク分子には誘電双極子モーメントが備わっているため、その双極子モーメントの回転運動によって周波数 100MHz ほどの電磁波を放出することができる。暗反応は極低温の星間宇宙に向けて、マイクロ波による放熱を可能とする。そのことにより、常温と 1mK 程度の温度差の間で作動する、極めて効率の高い熱機関になる。

背景 3 量子生物学へ

物質進化に端を発する生物運動の特徴は、エネルギー源（太陽光、あるいは熱水）からのエネルギー取り込みの高速化と、取り込まれたエネルギーの仕事へのエネルギー変換の高効率化にある。いずれも自然選択を成り立たせるための、必須の量子運動過程である。その過程を特徴づけるのはエネルギー、物質の流れを操作する量子の出現である。

一般講演

8

水/超臨界二酸化炭素下におけるアミノ酸合成 —初期地球・火星の炭酸泉におけるアミノ酸生成の可能性—

Amino Acid Synthesis in Carbonate Spring System

藤岡宏樹、馬目佳信（東京慈恵会医科大学）

二村泰弘、塩原友雄、山本健二、叶谷文秀、星野昭芳

（国立国際医療センター研究所）

Kouki Fujioka, Yoshinobu Manome (Jikei University School of Medicine)

Yasuhiro Futamura, Tomoo Shiohara, Fumihide Kanaya, Akiyoshi Hoshino,

Kenji Yamamoto (International Medical Center of Japan)

緒言:

化学進化説の大家であるミラー博士は、初期地球の大気を想定して、メタン、アンモニア、水素、及び水からなる還元状態気体の中で高圧放電を行ない、アミノ酸を含む有機物ができることを確認している。

しかしながら、近年の研究では、初期地球の大気は、ミラー博士の想定と異なり、現在の火星と同様、二酸化炭素が主成分であった可能性があるとの報告もある。このため、アミノ酸が合成された経緯は、未だ明らかではない。

謎を解決する糸口として、我々は、初期地球の大気を構成していたとされる二酸化炭素と、地球に多く存在する水に着目した。二酸化炭素は、31.1°C、7.38 MPa という比較的緩和な条件の三重点を持ち、それ以上の温度・圧力では超臨界状態で存在する。我々は、超臨界二酸化炭素と水が存在する場合、超臨界水より緩和な条件でも、アミノ酸が合成されるのではないかと仮定し、一つのアミノ酸生成条件を設定した。

それは、地殻中での高圧状態の炭酸泉を模倣することである。

本研究では、水(温水)と超臨界二酸化炭素との混合反応場で、簡単な化合物からアミノ酸が合成されるかどうかを検討した。

方法:

炭素源として、ケト酸(ピルビン酸、またはグリオキシ酸)を用い、窒素源として、ヒドロキシルアミン・塩酸塩を用いた。液体二酸化炭素と水の混合比は 10: 1 とし、反応条件を 60 °C、7.4 MPa 以上(超臨界二酸化炭素+水)とし、アミノ酸分析を行なった。

結果:

同条件において、ピルビン酸の反応からはアラニンとグリシンに相当するピークが検出された。また、グリオキシ酸の反応からは、グリシンとアスパラギン酸のピークが検出された。アミノ酸収率は、グリシンが最も高く、最高で約 3%であった。

参考文献:

Fujioka, K. et al., *Int. J. Mol. Sci.* (2009) 10, 2722-2732(Special Issue: Origin of Life)

9

円偏光軟X線による不斉分解反応の可能性の検討:

固相アミノ酸の軟X線自然円二色性スペクトル測定

Possibility of asymmetric photolysis of solid amino acids induced by circularly polarized soft X-ray: Soft X-ray natural circular dichroism spectroscopy

○泉 雄大¹, 今津亜季子¹, 三本 晶¹, 田邊真依子¹, 中川和道¹,
田中真人², 安居院あかね³, 室 隆桂之⁴Y. Izumi¹, A. Imazu¹, A. Mimoto¹, M. Tanabe¹, K. Nakagawa¹, M. Tanaka², A. Agui³, T. Muro⁴

(1: Kobe Univ., 2: AIST, 3: JAEA, 4: JASRI)

生体分子ホモカイラリティー獲得のきっかけが、宇宙での円偏光をエネルギー源とした不斉反応であるとする仮説が知られている。円偏光の発生機構がシンクロトン放射であるならば、円偏光紫外線に加え、円偏光軟X線も存在するはずである。そこで、本研究では、不斉反応の前提となる自然円二色性(NCD)スペクトルを測定し、その結果を基に円偏光軟X線照射による不斉分解反応の可能性について検討を行ったので報告する。

NCDスペクトル測定は、L体およびD体のアラニン(Ala)、アスパラギン酸(Asp)、セリン(Ser)の蒸着膜を試料としてSPring-8 BL25SUにおいて行った。

Fig. 1 に Ala, Asp の NCD スペクトルを示す。532.8 eV に D-Ala は正、L-Ala は負の NCD を示した。NCD は左円偏光に対する吸収断面積と右円偏光に対する吸収断面積の差で定義されるため、D-Ala は右円偏光よりも左円偏光を吸収しやすく、逆に L-Ala は左円偏光を吸収しにくいことを示す。したがって、ラセミ体の Ala に 532.8 eV の左円偏光を照射すれば、D-Ala は L-Ala よりも多く分解されるため、L-Ala 過剰が観測されることが予測された。同様に、Asp の場合では、ラセミ体の Asp への 532.2 eV の左円偏光照射では L-Asp 過剰、533.3 eV では D-Asp 過剰が予測された。

当日は、Ala, Asp, Ser の NCD スペクトルの比較や NCD スペクトルから予測した観測される過剰率の比較などに関して議論する予定である。

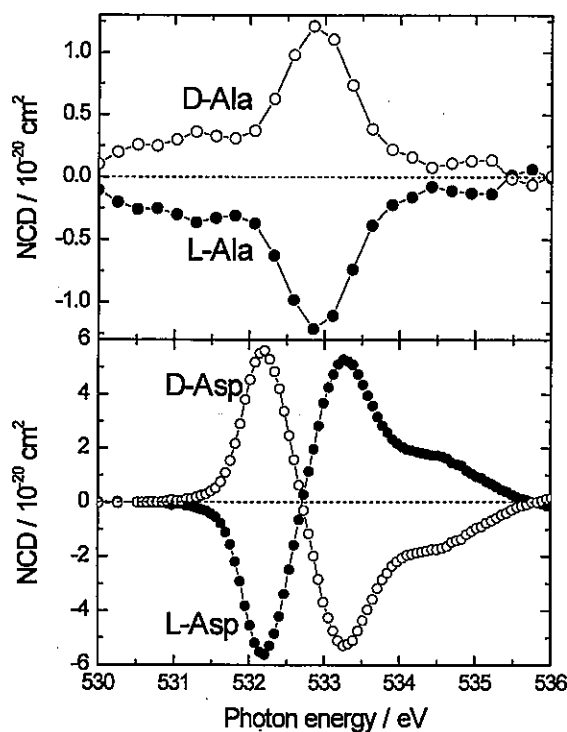


Fig. 1 NCD spectra of Ala and Asp

円偏光紫外線および β 線によるアミノ酸の分解とホモキラリティの起源 Decomposition of Amino Acids by Circularly Polarized UV and β -rays and Their Relevance to Origins of Homochirality

島壯一郎¹, 鈴木孝嗣¹, 高橋淳一², 三田肇³, 大林由美子¹, 金子竹男¹, 斉藤威⁴,
V. Tsarev⁵, N. Polukhina⁵, V. Ryabov⁵, G. Gusev⁵, 阿達正浩⁶, 保坂将人⁷, 加藤政博⁶,
小林憲正¹

(¹横浜国大・²NTT・³福岡工大・⁴IAS・⁵Lebedev Phys. Inst.・⁶IMS・⁷名大)

S. Shima¹, T. Suzuki¹, J. Takahashi², H. Mita³, Y. Obayashi¹, T. Kaneko¹, T. Saito⁴, V.
Tsarev⁵, N. Polukhina⁵, V. Ryabov⁵, G. Gusev⁵, M. Adachi⁶, M. Hosaka⁷, M. Kato⁶, and
K. Kobayashi¹ (¹Yokohama Natl. Univ., ²NTT, ³Fukuoka Inst. Tech., ⁴IAS, ⁵Lebedev
Phys. Inst., ⁶IMS, ⁷Nagoya Univ.)

【緒言】 地球生物を構成するアミノ酸はL体、糖はD体からなる。この光学異性体の偏り、ホモキラリティの起源として、円偏光紫外線や偏極電子による不斉分解や不斉合成が考えられる。隕石中のアミノ酸のL体過剰の検出や、星間での円偏光の観測などから、宇宙空間で不斉分解・不斉合成された有機物が隕石などにより地球に輸送されたという仮説が有力視されている。本研究ではアミノ酸やアミノ酸錯体に紫外線領域の円偏光や β 線を照射し、アミノ酸の不斉分解の検証を行った。アミノ酸はヒスチジン(His)隕石中とイソバリン(Ival)、およびその銅錯体を主に対象とした。

【実験】 アミノ酸分析: アミノ酸の定量は、島津 LC-10A アミノ酸分析システムで行った。DL-アミノ酸分析は、(i) o-フタルアルデヒドおよびN-アセチル-L-Cysを用いたプレカラム誘導体化-逆相 HPLC 法、(ii) Sumichiral OA-5000を用いた分離、(iii) AQC 誘導体化後、Daisel Chiralpak QN-AXによる分離、の3種の方法を組み合わせて行った。

円偏光照射実験: 石英セルに 10 mM His (pH 3, 7, 11)、5 mM $[\text{Cu}(\text{His})_2]^{2+}$ (pH 3, 7, 11)、10 mM Ival (pH 3, 7, 11) の各水溶液を入れ、分子科学研究所の UVSOR II の自由電子レーザーで左または右円偏光を照射した。

β 線照射実験: $[\text{Cu}(\text{His})_2]^{2+}$ 、 $[\text{Cu}(\text{Ival})_2]^{2+}$ 、Ival の水溶液を Pyrex 容器に各 3 mL 入れ、真空封管後、ロシア Snezhinsk において ^{90}Sr - ^{90}Y 線源 (50 Ci) からの β 線照射 (2.5×10^5 Gy) を行った。

【結果・考察】 円偏光照射実験: His のアルカリ性水溶液に左円偏光を照射した時および His 銅錯体のアルカリ性水溶液に左右円偏光を照射した時を除き、有意のエナンチオ過剰は検出されなかった。エナンチオ過剰のみでその他の条件ではD体とL体の残存率の大きな変化は見られなかった。今回結果を得たのは共にアルカリ性水溶液であったことから、以前行った Ala、Ival、His の中性水溶液への照射実験で、不斉分解が観測されなかったことから水溶液の場合は pH が不斉分解の重要な要因となる可能性が考えられる。

β 線照射実験: β 線照射後、 $[\text{Cu}(\text{His})_2]^{2+}$ では5.0%のD体過剰、Ival 銅錯体では10.0%、Ival 水溶液では3.5%のL体過剰が観測された。

今回、アミノ酸の薄膜・水溶液への円偏光照射・ β 線照射において、照射前に存在しなかった円二色性吸収が観測された。アミノ酸のエナンチオ過剰の発現については、種々の方法で確認していく予定である。また、エナンチオ過剰増幅機構も検討する予定である。

11

トリプトファナーゼによる D-セリンからのトリプトファン合成反応経路の検討

A pathway of tryptophanase-catalyzed tryptophan synthesis from D-serine

○尾崎晴香・島田秋彦（筑波大学生命環境科学研究科）

○Haruka Ozaki and Akihiko Shimada（Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba）

【緒言】地球上の生命はその構成分子が L-アミノ酸または D-糖に統一された構造を持つ。L-分子とD-分子は物理化学的には同等であるが、高度に組織化された生のレベルになると二つの性質は全く異なってくる。アミノ酸のうちなぜ D-体を排除して、L-体を生物が選択したのかは大きな謎だが、この疑問に答えるためには単量体と高分子ポリペプチドの間を結ぶ新しい法則が必要である。酵素タンパク質を構成するアミノ酸は L-アミノ酸でホモキアラルな分子をせんたくするためには、酵素の立体選択性は極めて厳格なもので、容易に変化するものではないと考えられている。その中でも、トリプトファナーゼは特に厳格な立体特異性をもつ酵素として知られており、L-体のアミノ酸しか活性を有しない。しかし、本酵素はリン酸アンモニウムにより立体選択性が変化することが報告されてきた。本研究では、リン酸アンモニウム存在下においてトリプトファナーゼの立体選択性を変化させ D-セリンからトリプトファンの合成を行い、その反応経路を検討した。

【実験】高濃度リン酸アンモニウム(0~70%)の存在下でトリプトファナーゼを用いて D-セリンからのトリプトファンの合成反応を行った。この反応は D-セリンの α -deamination によりピルビン酸を生成した後、ピルビン酸がインドールと結合して L-トリプトファンが合成されるのではないかと予想した。それで、この可能性を調べるために、ピルビン酸存在下では L-乳酸脱水素酵素によって NADH が NAD⁺ に酸化される反応を利用して、NADH の現象量を分光学的に測定することにより、トリプトファンの合成反応中に生成されるピルビン酸を定量した。また、p-ジメチルアミノシンナムアルデヒド (DEAG) によりピルビン酸を直接呈色させる方法でもピルビン酸の定量を試みた。

【結果】D-セリンからの L-トリプトファン合成にリン酸アンモニウムは必要不可欠であり、しかもこのトリプトファン合成反応は温度依存性であった。一方、L-セリンからの L-トリプトファン合成反応は、リン酸アンモニウムは阻害的に作用し酵素活性を低下させた。D-セリンからの L-トリプトファン合成の反応経路を調べるために、ピルビン酸の検出を試みているが現在のところはっきりとしたことは言えず検討しているところである。

12

アスパラギン残基の異性化がもたらすペプチドの性質の変化 Influence of L- β -, D- α -, and D- β -Asp isomers of one Asp residue in a peptide on the properties of the peptide

藤井紀子、貴田将司、藤井智彦(京大・原子炉)

Noriko Fujii, Masashi Kida and Norihiko Fujii

(Research Reactor Institute, Kyoto University)

【目的】タンパク質を構成しているアミノ酸は従来、L型のみであると考えられてきたが最近、種々の加齢組織のタンパク質中にD-アミノ酸が蓄積していることが報告されている。我々はこれまで、主に老人性白内障の水晶体から得た α A-crystallin、眼の結膜や網膜の不溶性タンパク質や紫外線曝露の皮膚タンパク質中にD-アスパラギン酸(D-Asp)が多量に存在することを報告して来た。D-Aspが見いだされているタンパク質はいずれも不溶性タンパク質であったことから、D-Aspの生成が引き金となり、タンパク質の構造異常→不溶化→相互作用変化→機能低下→疾患へと誘導されるのではないかと考えられた。そこで本研究では α A-crystallinの70-88番目に相当するペプチド(α AC 70-88)を化学合成し、このうちAsp76を4つの異性体(L α , L β , D α , D β)に置換したペプチドを4種類合成し、Aspの異性化が α AC 70-88の性質にどのような影響を与えるかを検討した。

【方法】Asp76を4つの異性体(L α , L β , D α , D β)に置換したペプチド α AC 70-88はFmoc-solid-phase-synthesis法で合成した。サンプルの精製度合いは質量分析によって確認した。これらペプチドの疎水性度は逆相クロマトグラフィー(RP-HPLC)で、ペプチドの2次構造はCDによって測定した。次に、これらペプチドがインシュリンの凝集に与える影響をみるために、基質となるインシュリンにチオフラビンTを加え、各ペプチド異性体存在下で37℃でインキュベートし、Wallac 1420 ARVO マルチラベルカウンター(Ex=450nm, Em=485nm)で蛍光を測定した。

【結果】 α AC 70-88の4種類の異性体ペプチドはそれぞれ、疎水性度が異なり通常の0.1% TFA存在下のRP-HPLC上ではAsp76が正常のL α である α AC 70-88が最も疎水性度が高く、D α が親水性度が高かった。また、Asp76がL α の α AC 70-88は25℃で β -sheet構造を取っており、60℃、30分加温しても β -sheet構造を維持しているにもかかわらずAsp76をL β , D α , D β に置換したペプチド α AC 70-88は25℃ですべてランダムコイルであった。また、 α AC 70-88($^{76}\text{Asp} = \text{L}\alpha$)は今までの報告どおりインシュリンの凝集を促進していたのに対して、他の3種の異性体 α AC 70-88($^{76}\text{D} = \text{L}\beta, \text{D}\alpha, \text{D}\beta$)を用いるとインシュリンの凝集は抑制されていた。

【結論】本研究で行った19残基からなるペプチドのモデル実験では1残基のAspの異性化のみでそのペプチドの種々の性質が変化するということが明確になった。

ペプチドの立体構造がアスパラギン酸残基のラセミ化反応に及ぼす影響。

分子シミュレーションを用いた検討

Dependencies of racemizations of aspartyl residues on peptide structures.

A molecular simulation study.

小田 彰史^{1,2}、小林 佳奈¹、高橋 央宜¹ (¹東北薬大薬、²阪大蛋白研)

Akifumi Oda^{1,2}, Kana Kobayashi¹, Ohgi Takahashi¹ (¹Tohoku Pharm Univ, ²Osaka Univ)

【序】生体内に存在するタンパク質はほとんど L-アミノ酸から構成されている。しかしこれらのアミノ酸残基のうちいくつかは非酵素的な反応によって D-体へと反転することが知られている。我々はこれまでにアミノ酸の立体反転機構について量子化学計算を用いて検討を行っており、アスパラギン酸残基の立体反転において溶媒である水分子の助けによって活性化障壁が下がることを突き止めている。ここで求められた活性化障壁はαクリスタリン等におけるアスパラギン酸残基の反転を説明しうる程度に低いものであった。しかし一方でアスパラギン酸残基の立体反転がほとんど見られないようなタンパク質・ペプチドもあり、立体反転を妨げるような要因が存在しているのではないかと考えられる。この要因は生体分子のホモキラリティの維持に寄与している可能性があることから、本研究では非酵素的に起こるラセミ化反応を制御する要因について、ペプチドの立体構造に注目して検討を行った。

数残基程度からなるペプチドについては、通常タンパク質のように確固たる立体構造を取らない。そのため溶液中では様々な配座をとっているが、どのような配座をとる確率が高いかは、ペプチドの一次構造に依存する。すなわち短いペプチドは単一の立体構造をとることはないものの、ペプチドの配列に応じて異なった“配座集団”が存在することになる。そこで本研究では計算機シミュレーションを用いて、3 種類のペプチドそれぞれの配座集団を算出し、構造上どのような差異があるか評価した。

【計算】シミュレーションに使用したペプチドは、エラスチンから一部の配列を切り出した 3 種類のモデルペプチドである。これらのペプチドそれぞれに含まれているアスパラギン酸残基のラセミ化反応における活性化障壁は、既に実験的に知られている[1]。これらのペプチドに対して分子シミュレーションを行い、配座集団を得た。分子シミュレーション手法としてはレプリカ交換分子動力学法を用いた。また、ペプチドを取り巻く溶媒水を扱うための手法として一般化ボルン法を使用した。シミュレーションはタイムステップ 2 fs で 100 ns まで実行し、配座は 1 ps ごとに出力した。得られた配座集団に対して極性表面積(溶媒に露出した酸素原子および窒素原子の作る表面の面積)を計算し、ペプチドの疎水性の指標とした。シミュレーションには AMBER10 を使用し、極性表面積の計算には DMS を用いた。

【結果】それぞれのペプチドに対して配座集団が得られ、原子間距離や疎水性について検討を行った。アスパラギン酸がスクシンイミドへと変化する際に重要となるカルボキシル基と窒素原子との距離などにペプチド配列による差異が存在した。詳細は当日発表する。

[1] K. Kuge, N. Fujii, Y. Miura, S. Tajima, T. Saito, Amino Acids, 27, 193-197 (2004).

14 ペプチド・タンパク質中におけるスクシンイミドの生成と加水分解: 量子化学計算からの新知見

Formation and Hydrolysis of Succinimide Derivatives in Peptides and Proteins:
New Insights from Quantum Chemical Calculations

高橋央宜¹, 鶴田萌¹, 松谷佳大¹, 小林佳奈¹, 小田彰史^{1, 2}
(¹東北薬大薬, ²阪大蛋白研)

Ohgi Takahashi¹, Moe Tsuruta¹, Yoshihiro Matsuya¹, Kana Kobayashi¹, Akifumi Oda^{1,2}
(¹Tohoku Pharmaceutical University, ²Osaka University)

【緒言】 タンパク質を構成する個々のアミノ酸残基の化学的特性を明らかにすることは、物質および生命の進化の観点からも意義があると思われる。アスパラギン酸 (Asp) 残基は、 β -アスパラギン酸 (β -Asp) 残基への異性化およびラセミ化を起こしやすく、このことが、加齢および加齢性疾患と関係していることが知られている。Asp 残基のこれらの反応は、脱水を伴う分子内環化により生成する 5 員環スクシンイミド中間体を経由して起こると考えられている。スクシンイミド中間体が加水分解すると、Asp または β -Asp 残基が生成する。L-Asp 残基を含むヘキサペプチドを用いた実験では、この環化と加水分解の活性化エネルギーが、いずれも約 22 kcal mol⁻¹ と求められている [1]。一方、モデル化合物を用いた量子化学計算も行われているが、計算された活性化障壁は、いずれも実験による活性化エネルギーよりもかなり高い。計算では、5 員環 gem-ジオールを経由する 2 段階機構において、水 1 分子の触媒的関与による活性化障壁の大きな低下も示されている。しかし、実験結果との対応は依然として良くない。本研究では、Asp 残基を含むペプチド・タンパク質の部分構造に相当するモデル分子を用い、水 1~3 分子を配置して、量子化学計算により反応機構の検討を行った。

【計算】 密度汎関数法 (DFT) により、エネルギー極小構造および遷移状態を求めた。汎関数には B3LYP, 基底関数には 6-31+G**を用いた。プログラムには Spartan'08 を用いた。

【結果と考察】 gem-ジオールの生成について、ペプチド結合の互変異性化を伴う新しい反応経路を見出した。また、水分子の数を増やすことにより、全体的に活性化障壁の低下が見られ、実験との一致が改善された。今回得られた特に重要な知見は、次の 3 つである。1) Asp 残基の C 末端側のペプチド結合は、イミノール体への互変異性化を比較的起こしやすいと考えられる。これは、側鎖のカルボキシル基が、プロトンリレーに関与できるためである。2) スクシンイミドの前駆体である gem-ジオールは、イミノール体を経由して生成する可能性が高い。同様に、スクシンイミド中間体の加水分解においても、初めに生成した gem-ジオールが、イミノール体を経由して Asp または β -Asp 残基を与えると考えられる。3) gem-ジオールの脱水、およびその逆反応であるスクシンイミドへの水の付加においては、水 3 分子によるアシストが重要であると考えられる。

[1] T. Geiger and S. Clarke, *J. Biol. Chem.* **262**, 785 (1987).

15

テトラグリシンに結合するRNAとその機能

Tetraglycine-binding RNA and its function

小寺彰吾¹、田村浩二^{1,2} (¹東京理科大学、²科学技術振興機構さきがけ)

Shogo Koder¹ and Koji Tamura^{1,2}

(¹Tokyo University of Science, ²PRESTO, JST)

原始地球の歴史上において、現在の生命形態以前に、「RNA ワールド」と呼ばれる生命形態が存在していたという考えが現在の生命進化における大きな潮流となっている。しかし、この仮説には克服すべき大きな問題点がある。それは RNA 自体がとても不安定な物質であるということである。過酷な原始地球の環境で、RNA が単体で存在できたのかという問題は、「RNA ワールド」の存在の可能性を議論する上で、避けては通れない点である。

我々はこの問題に「RNA と原始ペプチドの相互作用」という観点から取り組んでいる。原始地球上には Glycine などの簡単なアミノ酸が多く存在した可能性が高く、さらには現在の RNA 結合性を持つタンパク質の中に N 末端側に Glycine が多く含まれた配列を持つものが存在することが明らかになっている。従って、原始地球上で Glycine からなるペプチド (Oligoglycine) と相互作用することによって RNA の安定性が獲得されてきた可能性が考えられる。こうした Oligoglycine と RNA との相互作用を基にして RNA ワールドが成熟し、やがては遺伝暗号の誕生につながったのではないかと考えている。

このような可能性を実験的に検証するために、まず、30 ヌクレオチドのランダムな配列を有する RNA (N30) から *in vitro* selection 法を用いて Tetraglycine に結合する RNA アプタマーを選択した。Tetraglycine は、松野らの熱水噴出口を模した環境での Glycine の重合実験においても、主要な生成物である (Imai *et al.*, (1999) *Science*, **283**, 831)。そして、それらの RNA アプタマーの塩基配列を明らかにし、配列比較や二次構造予測を行うことによって Tetraglycine-binding RNA 特有の配列の存在形態に関して考察を行った。さらに、選択した Tetraglycine-binding RNA と Tetraglycine の相互作用状態をゲルシフトアッセイや QCM 装置を用いて解析した。その結果、Selection11 回目後の RNA と Tetraglycine との結合の可能性を得ることが出来た。また、多くの RNA アプタマーが A rich の配列を持ち、さらにその A rich の部分が安定なループ構造を取ることが示唆された。これにより、Tetraglycine-binding RNA は A rich ループ構造を持つとともに、この A rich ループ構造が「RNA ワールド」の存在を議論する上で、重要なポイントになると考えられる。

16 ナノアーキアGlyRSによるtRNA^{Gly}の分子認識

Molecular recognition of tRNA^{Gly} by *N. equitans* GlyRS

三宅秀明¹、田村浩二^{1,2} (¹東京理科大学、²科学技術振興機構 さきがけ)
Hideaki Miyake¹ and Koji Tamura^{1,2}
(¹Tokyo University of Science, ²PRESTO, JST)

アミノアシル tRNA 合成酵素(aaRS)は、特定の配列を有する tRNA に特定のアミノ酸を間違えることなく付加する酵素である。また、tRNA は、セントラルドグマにおいて、核酸からアミノ酸への移行を担う分子である。このことから、生命系の核酸とアミノ酸の対応において、aaRS による tRNA の認識機構が大きな役割を果たしていると考えられる。そこで、本研究では、生命起源に関わっている「遺伝暗号の成立」、すなわち「核酸とアミノ酸の規則的な対応の成立」を、そこに深く関わったと考えられる、tRNA のアミノアシル化における aaRS による特異的な認識機構を調べることで、明らかにしようと試みた。

我々は、既知の生物において、最小のゲノムサイズを持つ古細菌であり、共通祖先から最初期に分岐したとされるナノアーキア(*Nanoarchaeum equitans*)の系を用い、生命で使用されている 20 種のアミノ酸の中で、最も単純な構造を持ち、生命の起源のステージにおいて豊富に存在したとされる Glycine の系に注目し、Glycyl-tRNA synthetase (GlyRS)による tRNA^{Gly}の認識機構の解明を試みた。

実際の手順としては、*N. equitans* GlyRS を大腸菌において発現させ、Ni-NTA アガロースカラムを用いて精製した後、回収した *N. equitans* GlyRS と、*N. equitans* の tRNA^{Gly} と同じ配列を有する RNA transcript、および、その塩基置換体を用いて、アミノアシル化反応を行った。^[14C]Gly によってアミノアシル化反応の進行を検出し、tRNA^{Gly} 上の *N. equitans* GlyRS による認識に重要な配列の決定を行うことによって、ナノアーキア特有の分子認識機構を明らかにし、遺伝暗号の起源との関わりを考察している。

その結果、tRNA^{Gly} 上のディスクリミネーター(A73)、アクセプターステムに存在する各塩基対(G1-C72、C2-G71、G3-C70)、アンチコドン2文字目(C35)、3文字目(C36)が、*N. equitans* GlyRSによる認識、あるいは、アミノアシル化において重要な配列となっていることが分かった。また、これらの認識の度合いが、他の生物のGlyRSと違っていることも明らかになった。

17

アミノ酸ホモキラリティー選択性の分子基盤

Molecular basis for homochiral-selection of amino acids

田村浩二^{1,2} (¹東京理科大学、²科学技術振興機構 さきがけ)Koji Tamura^{1,2}(¹Tokyo University of Science, ²PRESTO, JST)

天然のタンパク質はL型のアミノ酸から構成されているが、このアミノ酸のホモキラリティーの起源に関しては諸説ある。筆者は、現在の生物系において、アミノ酸とRNAが最初に出会うステップであるtRNAのアミノアシル化に注目し、モデル実験を行うことによって、RNA WorldからProtein Worldへ進化する過程で、この反応がアミノ酸のホモキラリティーを決めた可能性について指摘してきた。現在の生物系においては、tRNAのアミノアシル化は、アミノアシルtRNA合成酵素(aaRS)によって触媒されている。この反応では、まず、アミノ酸が「アミノアシルAMP」という形に活性化され、この活性化アミノ酸がtRNAに転移されることによって反応が完結する。筆者は、アミノアシルAMPが原始地球環境で生成されうるという事実に着目し、アミノアシルAMPをミミックした「アミノアシル-リン酸-オリゴヌクレオチド」を用い、tRNAの原始形態である「RNAミニヘリックス」のL-アミノ酸選択的なアミノアシル化を示した。

このモデル反応系において、アミノアシル化反応は、ミニヘリックスの3'-Oがアミノアシルリン酸結合上のカルボニル炭素を求核攻撃することによって始まる。求核試薬(Nu)によるカルボニル炭素の攻撃は、Nu-C=Oのなす角が約105° になるような制約のもとで起こり、その角度はBürgi-Dunitz angleとして知られている。L-アミノ酸の選択性が現れるのは、アミノ酸の側鎖とミニヘリックスの立体障害のためであるが、これを解明する過程で、アミノ酸の側鎖とオリゴヌクレオチドの塩基との立体配置に関係する、RNAの糖のパッキングの違いが明らかになった。アミノ酸のホモキラリティーが決定される過程では、単結合を介して結合したアミノ酸が非常に微妙なメカニズムに依存して認識されていることが分かった。

Tamura, K. and Schimmel, P. (2004) *Science* **305**, 1253.

Tamura, K. and Schimmel, P. R. (2006) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **103**, 13750–13752.

Tamura, K. (2008) *Biosystems* **92**, 91–98.

Tamura, K. (2009) *J. Biosci.* **34**, 991–994.

Tamura, K. (2010) *J. Cosmol.* **5**, in press.

18

生命の起原に関する GADV 仮説を支持する証拠

Evidence for Supporting GADV Hypothesis on the Origin of Life

池原 健二^{1, 2}、大石 正¹、服部 宏³

(¹ 奈良佐保短大、² 国際高等研、³ アルファ研究室)

Kenji Ikehara^{1, 2}, Tadashi Oishi¹, Hiroshi Hattori³

(¹ Narasaho College, ² Nntl. Inst. Adv. Stud., ³ Alfa-Inst.)

現時点では RNA が遺伝的機能と触媒機能を同時に持ち得ることを主な根拠として、生命は RNA の自己複製によって形成された RNA ワールドから生まれたとの RNA ワールド仮説が生命の起原を説明するための主な考えとなっている。しかし、この仮説はヌクレオチドや RNA を無生物的に生成することが困難であり、遺伝システムの形成過程を説明することが困難であるなど多くの問題を抱えている。

それに対して、私たちはランダムにアミノ酸を重合しても、水溶性で球状のタンパク質を高い確率で形成できる特異なアミノ酸組成(タンパク質の0次構造)を基礎に、GC-NSF(a)新規遺伝子生成仮説や遺伝暗号の起原に関する GNC-SNS 原始遺伝暗号仮説、さらに、生命はタンパク質の擬似複製によって形成された[GADV](Gly, Ala, Asp, Val)-タンパク質ワールドから生まれたという生命の起原に関する GADV 仮説¹⁾を提案している。

一方、私たちの提唱する GNC-SNS 原始遺伝暗号仮説が正しければ、原始地球上に陸地が現れたと考えられる 40 億年前以降の岩石内を年代順に分析すると、最も初期の頃の岩石には GNC 原初遺伝暗号がコードする GADV の 4 種のアミノ酸が含まれ、さらに後の岩石の中には SNS 原始遺伝暗号がコードする 10 種のアミノ酸が含むものが存在すると推定される。そこで、GADV 仮説を証明するための一つの証拠として、これまでに原始地球上の岩石内のアミノ酸を分析した文献を再調査し、私たちの予測するような結果が報告されているかどうかを調べた。

その結果、確かに初期の岩石には GADV アミノ酸および Glu [E]が多く含まれる岩石の存在すること、また、GADVE に加えて、SNS がコードする Leu [L] や Pro [P]を含む岩石の存在することも分かった。また、Gulik の報告²⁾によるミラー型の実験や隕石中のアミノ酸の分析結果やヌクレオチド代謝に関する酵素の活性中心アミノ酸の分析結果のいずれもが私たちの提案する GADV 仮説を支持していることが分かった。

1) 「GADV 仮説 一生命起源を問い直す」池原 健二, 京都大学学術出版会 (2006)

2) P. van der Gulik, *et al.*, *J. Theor. Biol.*, 261, 531-539 (2009)

●生命は個体内外からの情報を認知的に最終受信・処理し、次世代個体や体外の別個体等に対して最終情報を出力する情報 network 系を備えた自己改良型学習認知機械である。何故なら情報は情報の最終受信・認知者としての生物個体にとっての何らかの価値 (Darwin 適応度?) であり、生命の存在により初めて生じる価値である。故に情報認知能は生命の属性であり、生命は「ミニマム認知系」として起源した。生物は自己酷似子孫情報の出力の目的を持った情報機械で、機械作動効率は Darwin 適応度に反映されるが故に、部品間の情報伝達は情報のもつ「意味」の正確かつ一意的な伝達性を高めるように淘汰圧が働き、重要意味情報の抽象記号化が進行する。記号はソシュール(1916)記号学が指摘するように、同種社会集団の文化の中で成熟する「文化記号」であり、記号の本来の生成要因とは異なる「集団の文化的コンセンサス」によって維持されるが故、記号(signifian)と記号の意味対象(signifié)の対応関係は記号使用者集団にとって「恣意的 arbitrary」なものとして受け止められるという著しい特徴をもつ。●生物記号も又、従前の「記号学 semiotics」の対象としての「記号(=文化記号)」の範疇に属するか否かを検討した。その結果、生物分子記号をも含む生物記号一般は生物同種集団または同種内亜集団のもつ体内又は集団内の(分子)機械装置等の創成・改良(汎)文化における(汎)文化記号として、ソシュールの記号創成過程(semiogenesis)を経て、signifian1 と signifié の対応が、本来の因果関係とは異なるような、分子機械道具などの(汎)文化産物等によって(汎)文化的に維持され、その対応関係が恣意的にしか見えないまでに抽象化された成熟記号であると結論した。●その典型例は tRNA の anticodon とアミノ酸(aa) の特異的対応関係であり、本来的には Shimizu ら(1982,1985)の C4N 説や Ohnishi (*Genome Informatics*16:94-103,2005; 13:71-81,2002)の tRNA-viroid 説等が示唆する鍵・鍵穴的な立体化学的因果関係によって成立した初期記号に於いては、onomatope (擬声語や擬態語)に於けるように signifian と signifié の対応関係が記号使用者によって、「本来の因果関係」として直接的に認識される。(即ち aa の特異立体構造を、個体が aa 認識用体内 tRNA 分子道具の鍵穴構造によって直接的に認識する。)現生生物では、aa と anticodon の対応関係は本来の鍵・鍵穴的な因果関係に依存せず、体内蛋白合成精密分子機械文化の「文化産物である aminoacyl-tRNA synthetase」によって、「文化的に」維持されている。従って体内情報認知系にとっては、本来の鍵・鍵穴的因果関係と無関係な、恣意的対応関係となっており、ヒトの営む「分子生物学という科学的認識行動」にとっても、「遺伝暗号表」は恣意的に見えて、その因果関係が説明できない。これは正にソシュールの条件を完全に満足する典型的な成熟文化記号の証しである。説明不能に見える事が証しである。●神経系の情報伝達分子、ミツバチダンス、フェロモン分子記号、ホルモン分子記号等でも分子等が本来もつ機能と異なる機能に意味変換する事によって、同種個体集団の文化(体内機械文化産物、集団内文化産物)の文化記号として成熟している。遺伝暗号もまた、同種集団の共有する体内汎文化記号と言える。文化人類学では人類起源後の数百万年の文化を中心に扱ってきた為、「文化」や「文化記号」を「遺伝しないもの」と定義するのが一般的である。しかし、生命創成以来の生物の認知的営みの中で創成・進化を繰り返してきた生命記号一般を扱えるように記号学を一般化するには、「文化のうちの集団にとって有利な部分」は遺伝的に固定されて遺伝的記号や本能記号系へと進化する事を認めざるを得ない。初期の動物記号学が論じた高等動物の記号も本能記号系を含む。「文化」のそのような再定義、又は「汎文化」としての「広義の文化」の定義などにより、汎文化記号進化学又は一般記号進化学の立場から進化学を認知科学として研究できる。能動進化の必然性も生命そのものが認知的主体であるが故に自明となる。●「L 型 aa/D 型リボース系の選択が核酸起源以前の認知的生命の認知的行為によって能動的に選択されたという仮説」を検証する方法を論じ、生命起源学における Miller 的物質主義の限界の克服の在り方を議論する。4 種塩基や 20 種 aa の選択も生命の認知的過程で生じたであろう。

Significance of the TANPOPO Mission from the Point of View of
Chemical Evolution

○ 小林憲正¹、伏見英彦¹、三田肇²、中川和道³、藪田ひかる⁴、高橋淳一⁵、奥平恭子⁶、
矢野創⁷、橋本博文⁷、山岸明彦⁸

(¹横浜国大院工・²福岡工大・³神戸大・⁴阪大・⁵NTT・⁶会津大・⁷JAXA/ISAS・⁸東薬大)

K. Kobayashi¹, H. Fushimi¹, H. Mita², K. Nakagawa³, H. Yabuta⁴, J. Takahashi⁵, K. Okudaira⁶,
H. Yano⁷, H. Hashimoto⁷ and A. Yamagishi⁸ (¹Yokohama Natl. Univ., ²Fukuoka Inst. Tech.,
³Kobe Univ., ⁴Osaka Univ., ⁵NTT, ⁶Aizu Univ., ⁷JAXA/ISAS, ⁸Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)

隕石や彗星中にアミノ酸前駆体を含む多様な有機物が存在することから、地球生命の誕生に必要とされる有機物が地球外から供給された可能性が示唆されている。隕石中の一部のアミノ酸にL体のエナンチオ過剰がみられたことも、生命の起源への地球外有機物の寄与の可能性を示す。隕石・彗星中の有機物の安定同位体比から、これらが太陽系生成前の極めて低温の環境で生成したと考えられる。Greenbergは、分子雲中の水・一酸化炭素・メタノール・アンモニアなどの星間物質が星間塵の表面で氷を形成し、これに宇宙線等が作用して有機物が生成し、これが彗星有機物の素材になったとする仮説を提案した。この仮説に基づいた実験が日米欧で行われ、アミノ酸前駆体などが生成することが報告されている。

地球外有機物の地球への伝搬を考える上で問題となるのが、どのような有機物が、どのようにして地球に運ばれたかである。後者に関しては、隕石や彗星中の有機物が衝突時の衝撃により分解されやすいのに対し、より微細な宇宙塵ならば安全に有機物を地球に届けられ、かつ、宇宙塵の方が、隕石や彗星よりも多くの「有機炭素」を供給したと考えられることから宇宙塵が主要な有機物キャリアーと考えられる。しかし、宇宙塵は隕石や彗星から生じた後、地球軌道周辺で太陽以外線等に直接曝露されている。宇宙塵は成層圏や南極氷中など地球生物圏内で回収・分析されているものの、有機物に関しては不明な点が多い。隕石・彗星・宇宙塵中の有機物(特に生命関連有機物)の相互比較とそれらの進化シナリオの構築、生命機能創生との関連の解明が望まれている。

「たんぽぽ計画」では国際宇宙ステーションのJEM曝露部で、宇宙塵の採取や、有機物や微生物の曝露を予定している。有機物関連実験としては、採取した宇宙塵中のアミノ酸分析・複雑有機物の解析、アミノ酸薄膜・アミノ酸を含む模擬宇宙塵・模擬星間複雑有機物・隕石粉末などの曝露前後のアミノ酸量や複雑有機物の解析を行う。以上の結果から、星間で生成した有機物から隕石・彗星を経て、宇宙塵に取り込まれた有機物と地球上での生命の起源・不斉の起源との関係について議論を行う予定である。

河口優子¹、杉野朋弘¹、Yinjie Yang¹、吉村義隆²、辻亮²、小林憲正³、橋本博文⁴、田端誠⁴、山下雅道⁴、矢野創⁴、河合秀幸⁵、三田肇⁶、奥平恭子⁷、横堀伸一¹、山岸明彦¹(¹東葉大・生命、²玉川大・農、³横国大・院工、⁴ISAS/JAXA、⁵千葉大・院理、⁶福岡工大・工、⁷会津大)Yuko Kawaguchi¹, Tomohiro Sugino¹, Yinjie Yang¹, Yoshitaka Yoshimura², Takashi Tsuji², Kensei Kobayashi³, Hirofumi Hashimoto⁴, Makoto Tabata⁴, Masamichi Yamashita⁴, Hajime Yano⁴, Hideyuki Kawai⁵, Hajime Mita⁶, Kyoko Okudaira⁷, Shin-ichi Yokobori¹, Akihiko Yamagishi¹, and TANPOPO WG (1Sch. Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci., 2Fac. Agri., Tamagawa Univ., Grad. 3Sch. Eng., Yokohama Natl. Univ., 4ISAS/JAXA, 5Fac. Sci., Chiba Univ., 6Fukuoka Inst. Tech., 7Univ. Aizu)

様々な極限環境(高温、高圧、高・低pH等)に生息する生物がおり、生命の起源や初期の進化を理解する鍵として、それらが研究されている。私たちは極限環境のひとつである成層圏やそれ以上の高層大気圏で、どのような生物が存在するのかを明らかにするために、高度20 kmでの大気を採集し、細菌を単離した。そのうち2株は、高い紫外線耐性を示す*Deinococcus radiodurans*と同等、あるいはそれ以上の紫外線耐性を示す新種であった[1]。生物圏の広がりを知るためには、より高々度での微生物採集が必要である。一方、生命の起源を考える上で、地球外に生命の起源を求める「パンスペルミア仮説(胚種広布説, panspermia)[2][3]」が古くから議論されてきた。

これらのことを踏まえ、我々のグループは、国際宇宙ステーション(ISS)上で、微生物や生命の材料になりうる有機化合物が天体間で移動可能かを検証するために、微小隕石の検出をして解析ことを提案している。そこでは、ISSの曝露部で超低密度エアロゲルを宇宙環境へ一定期間曝露し、微小隕石やその他の微粒子を捕集することを計画している。エアロゲルの回収後、捕集した粒子やトラックに関して、微生物学的、有機化学的さらに鉱物学的に検討する。

地球周回ISS軌道は強力な紫外線や放射線が降り注ぐ過酷な環境であり、微生物が長期曝露後に蘇生するには、粘土鉱物などの微粒子塊などの内部で微生物が保護されている必要があると考えられる。そこで捕集した微生物を微粒子とともに単離し、DNA特異的な蛍光染色を行い、微生物を検出する。さらにPCR解析を行い、その遺伝子の配列を決定することで存在する微生物がどのようなものなのかを明らかにしたい。本発表では、上記の様な微粒子塊を模した微生物と粘土鉱物の混合サンプルから、蛍光染色とPCR解析を用いた微生物の検出方法について地上模擬実験を行なったので、その現状を報告する。

[1] Y. Yang. et al (2009)., Int J Syst Evol Microbiol, 59, 1862 -1866 [2] S. Arrhenius (1908), Worlds in the Making-the Evolution of the Universe. Harper and Brothers Publishers. [3] F. C rick (1981), Life Itself. Simon & Schuster.

Studies on Analytical method of organic matter in Cosmic Dusts Captured in Earth Orbit

伏見英彦¹, 河合純¹, 平子智章¹, 大林由美子¹, 金子竹男¹, 小林憲正¹, 三田肇²,
 藪田ひかる³, 今井栄一⁴, 奥平恭子⁵, 田端誠⁶, 長谷川直⁶, 河合秀幸⁷,
 丸茂克美⁸, 橋本博文⁶, 矢野創⁶, 山下雅道⁶, 横堀伸一⁹, 山岸明彦⁹
 (¹ 横浜国大院工, ² 福岡工大工, ³ 阪大院理, ⁴ 長岡技科大, ⁵ 会津大, ⁶ JAXA/ISAS,
⁷ 千葉大院理, ⁸ 産総研, ⁹ 東薬大生命)

Hidehiko Fushimi¹, Jyun Kawai¹, Tomonori Hirako¹, Yumiko Obayashi¹,
 Takeo Kaneko¹, Kensei Kobayashi¹, Hajime Mita², Hikaru Yabuta³, Eiichi Imai⁴,
 Kyoko Okudaira⁵, Makoto Tabata⁶, Sunao Hasegawa⁶, Hideyuki Kawai⁷,
 Katsumi Marumo⁸, Hirofumi Hashimoto⁶, Tsukuru Yano⁶, Masamichi
 Yamashita⁶,
 Shinichi Yokobori⁹, Akihiko Yamagishi⁹

緒言: 地球には様々な物質が降り注いでいる。特に大きさが 1mm よりも大きな物質を隕石と呼び、1mm 以下の物質を宇宙塵と呼ぶ。隕石や彗星などには様々な有機物が存在する事が知られている。その中でも μm サイズの宇宙塵では衝突時の衝撃は無視でき、ほとんど分解を受けずに地上に有機物が届けられたはずである。宇宙塵は地球上での汚染の影響を考えると宇宙空間での直接捕獲が望まれる。そこで我々は低密度エアロゲル(AG)を用いた国際宇宙ステーション (ISS) 高度でのダスト捕獲及び有機物暴露実験を計画している。本研究では、その準備として宇宙空間での暴露実験を想定し、HIMAC での重粒子線照射によるアミノ酸の安定性測定を行った。またダスト捕集材であるエアロゲルをターゲットとし、JAXA/ISAS の 2 段式軽ガス銃を用いてアミノ酸試料の衝突実験を行い、ISS 軌道上でのダスト捕集予備実験として評価を行った。

実験: アスパラギン酸(Asp)、グリシン(Gly)、 α -アミノイソ酪酸(AIB)、イソバリン(Ival)、ロイシン(Leu)、チロシン(Tyr)、フェニルアラニン(Phe)、ヒスチジン(His)の 8 種のアミノ酸の各 1mM 水溶液を Pyrex 製試験管に真空封管し、放医研 HIMAC からの C(290 MeV/u)、Ne(400 MeV/u)、Ar(500 MeV/u)線の照射を行った。照射試料は IE-HPLC 法(島津 LC-10A アミノ酸分析計)でアミノ酸分析を行った。ダストを模擬視点で解析した、粘土鉱物(ルーセントタイト)を混合した試料への重粒子線照射も行い、安定性への粘土鉱物の寄与も検討した。

ガス銃による衝突実験試料はルーセントタイトに AIB、Ival を染み込ませた(アミノ酸含量約 100 pmol)。AG からの有機物抽出には HF 分解法を用いた。5M HF 水溶液-0.1M HCl 混合水溶液 5ml を試料に加え、テフロン製密閉容器中 100 °C にて 24 時間加熱分解を行った。その後、HF-HCl 溶液を窒素雰囲気下で蒸発させ乾燥し、Milli-Q 水 6 mL を加え、陽イオン交換樹脂 AG50W-X8 により脱塩後、IE-HPLC 法(島津 LC-10A アミノ酸分析計)でアミノ酸分析を行った。更により高感度分析が可能である OPA/NAC、AQC プレカラム誘導体化法を用いた RP-HPLC 法(TOSOH-8020)によるアミノ酸分析も行った。

結果: 重粒子線照射実験の結果、遊離アミノ酸の溶液状態においては Phe などの構造の複雑なアミノ酸ほど回収率が減少する傾向が見られた。また粘土鉱物を混合したサンプルでは混合しないものと比較すると、わずかではあるがアミノ酸回収率の減少が抑えられる傾向がある。これは粘土マトリクスによる分子固定効果等の影響等であると考えられる。今後 γ 線照射実験なども行い、比較する予定である。

衝突実験に先立ち、AG のブランク測定を行った。グリシン(Gly, 8 nmol/g)など幾つかのタンパク質アミノ酸が検出されたため、地上でのコンタミの影響が少ないと考えられる AIB、Ival を分析ターゲットとした。Murchison 隕石に含まれるアミノ酸量から考えると AIB に関しては 40 μm ϕ のダスト中に Gly と同じ約 6 fmol が含まれると考えられるため、AIB、Ival の fmol オーダーでの検出法が必要であることがわかった。ガス銃実験の結果についても報告する予定である。

特別講演

SL

創発への構成論的アプローチ:人工知能の立場から

A Synthesiological Approach to Emergence – from the Viewpoint of Artificial Intelligence

中島秀之(公立はこだて未来大学)

Hideyuki Nakashima (Future University Hakodate)

動機：人工知能で主たる研究の対象としている人間は、説明（分析）的には多層のシステムである。すなわち人間の振舞いを理解するには、分子(DNA 等)、細胞（神経系等）、臓器（脳等）、個体、社会などの説明階層のすべてを理解する必要がある。これらの層は下位層に還元することは不可能である。しかし、これらは説明上の層としては存在するが、実在するのは人間という1個の個体であり、これとは別に神経系や社会が存在するわけではない。

このような多層システムを工学的に設計し実装することは至難と言わねばならない。一般的には「創発」を期待することになる。典型的な例はセル・オートマトン(CA)に見られ、初期値を変えて実験し、面白いパターンが現れるのを人間が見守る。

現在までの研究においては新しい現象を見張るのは人間であり、システムがそのようなものを自動的に同定することはなかった。しかしながら、実際の進化の過程ではこのような創発が、しかも多層に亘って起こったと考えられる。実例があるのだから、工学的にも再現できるはずである。創発の自動化を試みたい。要点は、創発した性質が下位層の状態を強化し固定化するようなフィードバックを持てば良いのである。

本発表では人間が多層システムであることを論じ、それらの層の関係について議論する。その後下位の層から上位層を創発させる方法論のアイデアを示す。ここでは進化的方法論が使われるが、それが唯一の可能性であることについても論じる。

創発実験システムの概要：任意の整数値を持つ2次元 CA を考える。この整数値は CA 規則をコード化したものとみなす。すなわち、CA の各セルは自分自身に記述されている規則に従って次の状態に遷移する。状態が変化すれば規則もそれに従って変化する。また、随時ランダムなノイズを与えてセルの値を変化させることにする（進化計算）。

最初は細胞膜のような構造を進化させたい。なんらかの閉構造が創発したら、規則のランダムな変化を減らすことによってその領域を固定する。そうして、領域内（つまり細胞膜に囲まれた細胞）が外部と違う環境（セルの状態）を保てるようにする。これで2層目が創発したことになる。後は基本的に同じプロセスを繰り返せば良いのではないかと考えている。即ち、誕生した細胞が1つのセルのように働き、それらが集まって上の層の細胞膜を創るのである。そうすればもう一層上の組織ができる。人間の体の場合、これは細胞ではなく、筋肉や骨格といった機能別内蔵器官となるのだが、そこまでシミュレートする計算資源は今のところないと思う。とりあえずは原理的な創発が示せば十分と考えている。

シンポジウム 2

S2-1

34～27億年前の海底熱水活動と微生物活動との関連：海底熱水場は起源の場か進化の場か？

Relationship between Archean submarine hydrothermal and microbial activities: importance to origin or evolution of life?

掛川 武（東北大・大学院理学研究科）

Takeshi Kakegawa (Tohoku Univ)

34～27 億年前の地層にはかつての海底熱水活動の痕跡が硫化物鉱床として残されている。オーストラリアのサルファースプリング（32 億年前）で見られた硫化物鉱床直上には、有機炭素濃集帯が見られ、更に微生物が作った特異的な鉱物組織も認められた。カナダのラングミア（27 億年前）ではコマチアイト溶岩の上に硫化物鉱床が形成され、そこにはメタン生成菌の活動痕跡が見られた。これら硫化物鉱床の上部に見られる有機炭素層の存在は、太古代の海底熱水系が微生物の重要な生息場であったことを示す。またこうした地域で見られた有機炭素は Mo や Cu など濃集していることも見いだされた。これらは、生体必須金属元素であり、エネルギー的な面だけでなく元素供給的な面でも微生物活動が海底熱水活動に依存していた可能性が存在する。

27 億年よりも前の時代では、大陸風化があまり期待できない。その結果、生物活動にとって欠かせない生体必須元素(Mo, P, B など)の海洋への供給源が海底熱水活動に限られる。しかし現在のブラックスモーカーを噴出するような酸性熱水活動は P などを放出するのではなく、海洋地殻へ取り除いてしまう。その一方で、ロストシティーに見られる炭酸に富んだ熱水系は P や B を海洋地殻から放出できる。このことは、27 億年よりも前のロストシティー型の海底熱水活動域が生体必須元素供給源として機能していた可能性を示す。

しかし、海底熱水系で放出されるエネルギー総量は全地球が持つエネルギー総量に比べほんのわずかで、大きなバイオマスを形成するのには不十分である。生命起源に結びつけるためにはバイオマス以上の前生物的有機分子を用意する必要がある。海底熱水活動は、微量元素供給源としては機能したかもしれないが、前生物的有機物の合成場としての役割を果たせなかったと考える。

S2-2

海底熱水噴出孔の熱水環境とアミノ酸の重合

Prebiotic Oligomerization of Amino acids under Hydrothermal Environments.

今井栄一, 本多 元 (長岡技術科学大学・生物系)

Eiichi Imai, Hajime Honda (Nagaoka University of Technology)

生命は、単純な有機化合物がより複雑な化合物へと変化し、やがて自己複製機能や代謝機能を持った系が自然発生的に出現した、とする化学進化が提唱されてきた。アミノ酸のような低分子化合物が重合して高分子化合物へと変化する過程では、化学反応を駆動するエネルギー源が重要な要因となる。そのエネルギー形態として原始地球上において容易なものとして熱エネルギーが挙げられる。原始海洋中の熱エネルギーの供給源の一つとして海底熱水噴出孔が考えられる。海底熱水噴出孔から噴き出してくる熱水には還元ガスの濃度が通常の海水に比べて高く、多種の金属が大量に溶け込んでいる。熱エネルギーの供給と相まって、化学反応が進行しやすい環境が熱水噴出孔近傍において実現されている。

2500 m の深海の海底熱水噴出孔近傍の熱水環境を実現するため、30 MPa の圧力で 250 °C の熱水が冷水中に噴き出す装置を造った。反応容器内では実際の海底熱水噴出孔同様、熱水と冷水との界面に大きな温度勾配が存在する。この装置を使ってグリシンオリゴマーの生成を確認したが、冷水中に噴き出す熱水の流速、pH、金属イオンの有無など、いろいろな実験条件が反応生成物の種類や生成量に反映される。熱水が噴き出す際の流速を変えることは、熱水と冷水の界面に生じる温度勾配が変わり、熱水の冷却速度の変化として現れる。グリシンのみを出発反応溶液としたとき、流速の違いはグリシンオリゴマーの生成速度に違いが生じた。また 5 種類のアミノ酸溶液ではさらに複雑な挙動を示した。

海底熱水噴出孔近傍の熱水環境は非平衡状態が持続しており、そこで生起する化学反応は分子選択能を有すると考えられる。アミノ酸が既に海洋中に存在していることを前提とした実験系であるが、海底熱水噴出孔の多様な熱水環境に依存したアミノ酸オリゴマーが形成される可能性があることを模擬実験結果は示している。しかし、前生物的化学進化の反応の場として海底熱水噴出孔を考えたとき、熱水と冷水が混じり合う反応場とその周辺環境まで広げる必要がある。生成されたアミノ酸オリゴマーのさらなる伸長や濃度の増大を考えると、アミノ酸熱重合物が形成するミクロスフィアに見られる膜様構造物や粘土鉱物表面の吸着、触媒効果との関連も考慮したい。

Sumbarine Hydrothermal Systems as sites for Chemical “Revolution”

○ 小林憲正¹、栗原広成¹、平子智章¹、大林由美子¹、金子竹男¹、
高野淑識²、吉村義隆³、三田肇⁴

(¹横浜国大院工・²IFREE/JAMSTEC・³玉川大農・⁴福岡工大工)

K. Kobayashi¹, H. Kurihara¹, T. Hirako¹, Y. Obayashi, T. Kaneko¹,
Y. Takano², Y. Yoshimura³, H. Mita⁴

(¹Yokohama Natl. Univ., ²IFREE/JAMSTEC, ³Tamagawa Univ., ⁴Fukuoka Inst. Tech.,)

生命の起源に至る過程は、化学進化(Chemical Evolution = CE)とよばれ、一般には小さい分子からより大きい分子への段階的な「進化」が想定されている。しかし、土星の衛星タイタンや、隕石や彗星中にみられる複雑有機物の存在およびその地上模擬実験の結果は、放射線等の作用により一酸化炭素やメタンのような小分子から分子量数千の複雑有機物が一挙に生成する可能性を示す。このような過程を仮にChemical Revolution (CR)と呼ぶとすると、第1のCRの場は、分子雲中や惑星大気中ということになる。星間で生成した複雑有機物が隕石母天体中などで変成(CE)を受けた後、原始海洋に届けられたと考えられるが、この有機物は複雑であってもまだ生命とは隔たりがあり、生命の誕生までにはさらなる大きな変化が必要である。

今日、生命が誕生した原始海洋は、海底熱水系のような高温高压環境であるという説が多く支持を得ている。海底熱水系での反応を模擬するため、オートクレーブ(AC)や、フローリアクター(FR)を用いた実験が報告されてきた。われわれは、模擬原始大気(CO/N₂/H₂O混合気体)への陽子線照射生成物(CNW)をFRで加圧加熱し、生成物を電子顕微鏡や蛍光顕微鏡で観察した。

CNWは親水性の高い高分子であるが、その水溶液をFRで25 MPa, 200-300℃で2分間加熱した後、孔径0.2 μmのNucleopore filterでろ過し、SEM観察したところ、加熱前には見られなかった、数μmサイズの構造体が多数見られた。CNW水溶液を乾固させたものをTEMで観察した場合はサブμmサイズの小構造体が見られるが、FRで25 MPa, 300℃で2分間処理したCNW水溶液を乾固させた場合は、加熱前のものが多数融合したようなμmサイズのものに変化した。

以上の結果は、原始海洋に溶け込んだ有機物が、海底熱水系のような高温高压環境下で短時間のうちに大きな構造変化を起こすことを示す。生命の特質である、細胞状構造が海底熱水系で短時間のうちに生成した可能性が示唆された。つまり、海底熱水系は、分子雲中につづく、第2のChemical Revolutionの場の候補と考えられる。

S2-4

熱水分析技術の開発と化学進化研究への展開

Development of hydrothermal technology and its application to
prebiotic chemistry

川村邦男(大阪府大・院・工)

KAWAMURA Kunio

(Osaka Prefecture University)

【緒言】リボザイムの発見によってRNAワールド仮説が提唱された。一方で、生命は超高温の海中で誕生したとする熱水起源説が1980年代から議論されてきた。ここで、①RNA分子は熱安定性が低い、②高温下ではRNA分子は3次構造をとれないので情報保持や酵素機能を発現するのは難しいなどと推定されることから、RNAワールド仮説は熱水起源説と矛盾するように見える。しかし、私がこの点に着目した1995年にはそれを検証する十分なデータも方法論もなかった。そこで我々は熱水分析技術の開発しつつ、RNAワールド仮説を生命の熱水起源説から検証する研究を世界に先駆け行ってきた。今回はこれらの成果をまとめる。

【熱水フローリアクターとその場観測装置】古典的には、高温高圧水溶液反応の解析にはオートクレーブに試料溶液を仕込み反応後に取り出して分析しなければならない。一方、我々は細管を加熱しそこに試料を導入して短時間だけ高温反応を行う手法を開発した。溶融シリカキャピラリーを用いることでミリ秒レベル・400℃・30MPaのリアルタイム追跡を可能にし、溶融シリカキャピラリーの一部を光学窓として光吸収スペクトルをその場観測することに成功した。

【RNAとタンパク質の化学進化】本装置を用いてRNAの熱安定性を系統的に研究した。その結果、RNAのリン酸ジエステル結合は200℃以上では数秒から数10秒で解裂し、アミノ酸は250℃以上でラセミ化が進むことを明らかにした。さらに、これらの研究過程で4鎖長のオリゴアラニンが約10%の効率で伸長することと、グルタミン酸とアスパラギン酸を主原料とすると約20鎖長のペプチドが速やかに生成するなどの新たなペプチド生成経路を発見した。

【生体分子の相互作用】紫外可視吸光スペクトルのその場観測によって、核酸やタンパク質と有機分子との相互作用を調べた。その結果、高温下では疎水性相互作用・ π - π スタッキング・水素結合は低下する一方で、高温下でもある程度残ることが分かった。現在、高温下の生体分子において静電相互作用が重要な役割を果たし得るという仮説をたて検討している。

【展望】熱水フローリアクター技術を自ら開発することによって熱水中での化学進化を実験的に明らかにする糸口を見いだしつつある。現在、熱水フローリアクター装置の実用化を企業とともに進めており化学進化研究にさらに貢献できるものと期待している。

特許3378936. *J. Am. Chem. Soc.*, 127, 522-523, 2005. *Naturwissenschaften*, 95, 449-454, 2008.

S2-5

太古の海底熱水環境と初期微生物生態系-室内実験によるアプローチ- Experimental approach for early microbial ecosystems in ancient deep-sea hydrothermal environments

加藤真悟

(東薬大・生命)

Shingo Kato

(Sch. Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)

1970年代後半に海底熱水噴出孔が発見されて以来、さまざまな海域において熱水噴出孔が見つかった。海底熱水環境に生育する微生物には、熱水中の還元型物 (H_2 , H_2S , Fe^{2+} , CH_4 など) と、酸素以外の酸化物質 (CO_2 , S , SO_4^{2-} , Fe^{3+}) との酸化還元反応から生育に必要なエネルギーを獲得し、かつ、生体物質のもととなる炭素を CO_2 から作り出すことができる微生物、すなわち、嫌気性化学合成独立栄養性微生物が存在する。また、全生物の進化系統樹の根元に位置する種の多くは (超) 好熱性嫌気性化学合成独立栄養性微生物であり、しばしば海底熱水環境から分離される。これらのことから、現在の海底熱水環境の微生物生態系 (の一部) は、光合成生物が誕生する前の初期生態系のアナログであると考えられている。しかしながら、現在の海底熱水系には、地質学的多様性に依存した、熱水の地球物理化学的多様性があることを忘れてはならない。この熱水多様性は、そこに生育する種の遺伝的多様性、代謝機能的多様性、そして、生態系の多様性を生み出す要因となり得る。

本講演ではまず、現在の海底熱水系の多様性と、そこに存在する微生物生態系の多様性をレビューする。次いで、微生物生態系も含めた海底熱水系を再現するための実験的アプローチを紹介する。平成20年度科学研究費補助金新学術領域「海底下の大河:地球規模の海洋地殻中の移流と生物地球化学作用」(通称、大河計画) が採択された。我々はこの大河計画の中で、多様な海底熱水系を再現し、そこに存在する微生物生態系も同時に再現するための培養装置を開発した。現在までに分離されている種は、地球上に存在する微生物全体の1%以下であると予想されている。海底熱水環境からも多様な未培養微生物の存在がDNA解析によって示されており、その多くが分子系統樹の根元に位置する。研究目的のひとつは、開発した培養装置を用いて、現存する全生物の最も根元に位置する微生物を分離培養することである。室内実験の最大の利点は、様々な環境条件を自在にコントロールすることができ、究極的には、太古の海底熱水系も再現できるはずである。大河計画は、「地球科学」を網羅する様々な分野の研究者で構成されている。大河計画における現場観測と室内実験の融合によって、初期微生物生態系の存在様式に対して制約を与えることができると期待される。

一般講演

DNA 損傷部位の測定法（ラジカル基質を用いた AP site 測定、comet assay）の検討

The examination of the techniques of measuring DNA damages
(the measurement of AP sites by radical substrate
and comet assay)

高橋裕一¹、青山正明²、押切剛伸³、太田伸男⁴、柴田晋平¹

¹山形大学大学院理工学研究科、²山形県産業技術振興機構、

³山形県立産業技術短大、⁴山形大学医学部耳鼻科

Yuichi Takahashi¹, Masaaki Aoyama², Yoshinobu Oshikiri³,

Nobuo Oota⁴, Shinpei Shibata¹

(¹Graduate School of Science and Engineering, Yamagata University, ²Yamagata
Promotional Organization for Industrial Technology, ³Yamagata College of Industry
& Technology, ⁴Dept. of ENT School of Medicine, Yamagata University)

(諸言)

地球上の生命は小惑星や彗星などがもたらしたアミノ酸などの素材から地球上で誕生したと考えられているが生命そのものが宇宙から運ばれてきた可能性も否定できない。地球上の生物を宇宙環境へ曝露し生存できるかどうかを探る計画として“たんぽぽ計画”が進行中である。我々は地球生命が宇宙空間で紫外線や宇宙線などに曝露された場合の遺伝子損傷の程度と遺伝子修復や生存・増殖との関係を調べることで、地球生命が他の天体まで生きてたどりつくことができるかどうかという課題に対する基礎データの一つを得ることができないかと考えている。

(実験方法および結果)

遺伝子損傷の程度を知る方法は種々知られているが、我々は①AP site 数の測定と②コメットアッセイについて検討している。①は DNA の purine や pyrimidine 塩基の欠損部位 (apurinic/apyrimidinic (AP) site) を定量するものである。測定には欠損部位と特異的に反応する ARP (aldehyde reactive probe) を用いる。Biotin-avidin 系を用い欠損部位に酵素を導入しその酵素活性から AP site 数を求める。この方法はキット化されている。酵素活性の測定には発色基質が用いられているが、我々はラジカル基質に代えることで感度を上げることに成功した。これによりごく微量の試料しか入手できない場合や DNA 量が少ない微生物試料への応用が期待される。②は個々の細胞が受けたダメージの程度を調べる方法である。対象とする細胞の膜を溶解しアガロース内で電気泳動することで DNA の断片化の程度を評価できる。我々はこれまでヒトの材料を扱ってきたので、まずは血液由来のリンパ球で方法を確立することにした。市販キットがこの目的に使用できることを確認した後に、紫外線照射した *Deinococcus* 等へ応用していく計画である。

24

普遍遺伝暗号への統一と遺伝子の水平伝播

Standardization of genetic code and horizontal gene transfer

小林晃大 ○木賀大介

(東工大・総理・知能システム科学)

Akio Kobayashi, Daisue Kiga (Tokyo tech)

遺伝物質である核酸上の塩基配列を生理活性物質であるタンパク質のアミノ酸配列へと翻訳するための遺伝暗号は、研究の初期において大腸菌からヒトまで共通であったため、普遍遺伝暗号と呼ばれるようになった。この普遍遺伝暗号では 20 種類のアミノ酸が使われており、その後、一部の細胞内寄生生物やミトコンドリアなどにおいて、20 種類のアミノ酸の配置が変更された非標準遺伝暗号が発見されたものの、ごく最近まで、この 20 という数字には普遍性があると考えられてきた。

しかし、近年になって、20 種類のアミノ酸を使用するという条件から逸脱した遺伝暗号が構築できることが、生体高分子を適切に組み合わせる合成生物学のアプローチによって示されるようになってきた。例えば、普遍遺伝暗号に新たな生体高分子を添加することで、同時に 21 種類のアミノ酸を使用することができる拡張遺伝暗号が開発されている。一方、ごく最近になって、私たちは、19 種類のアミノ酸しか使用しない単純化遺伝暗号表を開発した。本発表では、この単純化遺伝暗号を使用することでも、普遍遺伝暗号や拡張遺伝暗号と同様に、生理活性を持つタンパク質を生産できることを報告する。

20 種類という数から逸脱した遺伝暗号が存在できるにも関わらず、ほぼ全ての生物においてこの制約条件が守られていることの原因として、遺伝暗号が与えるタンパク質の進化能や、偶然凍結といった観点などからの議論がなされてきた。後者の観点については、普遍遺伝暗号を使用する生物のみが生き残るプロセスを考慮する必要がある。その候補である遺伝子の水平伝播は、他種生物が創出した新規遺伝子を活用して進化競争に生き残るための有効な手段である。しかし異なる遺伝暗号を持つ生物間では、水平伝播が成立しない。上述した私たちの研究でも、普遍遺伝暗号による翻訳では活性を持つタンパク質を生産できない一方、単純化遺伝暗号による翻訳では活性を持つタンパク質が生産できるような遺伝子を見出すことができた。このことは、各アミノ酸を指定するコドンの配置だけでなく、アミノ酸の数そのものが遺伝子の水平伝播の障壁となることを示した例となる。

赤沼哲史、横堀伸一、小林愛美、山岸明彦
(東薬大・生命)

Satoshi Akanuma, Shin-ichi Yokobori, Ami Kobayashi, & Akihiko Yamagishi
(Sch. Life Sci., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.)

小サブユニットrRNA 遺伝子を用いたWoese が提案した全生物の系統樹によれば、全生物は共通の祖先からArchaea とBacteria に分岐し、その後Archaea の枝からEukarya が分岐したと考えられる。その系統樹ではArchaeaとBacteriaの進化初期に他の系統から分岐した系統に（超）好熱菌が多いことから、全生物の最後の共通祖先は超好熱菌であったという仮説が唱えられている。しかし、この仮説には反対者も多く、全生物の共通祖先が超好熱菌か否か、現在も論争が続いている。

我々は、これまで幾つかの蛋白質の全生物の共通の祖先配列を推定し、その配列を現存する蛋白質に導入した祖先変異型蛋白質を作製し、その耐熱性を調べて来た。超好熱菌や高度好熱菌の蛋白質に祖先型変異を導入すると、50-80%の頻度で蛋白質の耐熱性が上昇した。この結果は全生物の共通の祖先が超好熱菌であるという仮説を支持する。また、ヌクレオシド二リン酸キナーゼを材料としてArchaeaとBacteria の各々の共通祖先の全配列の推定を行い、それらの遺伝子の全合成と蛋白質の発現精製を行った。精製された両祖先型蛋白質は非常に高い耐熱性を示し、100 度まで活性を保持していた。この結果は全生物の共通の祖先だけでなく、Archaeaの共通祖先は超好熱性であった可能性、またBacteria の共通祖先は好熱性であった可能性、の各々を示唆した。

学会誌 Viva Origino 投稿規定

Viva Origino は 2001 年より電子ジャーナルとして刊行します。それに伴い、投稿規定が下記のように改正されました。

I. 論文の種類

使用言語は英語または日本語とする。

投稿は、以下の区分 1～3 のいずれかに分類する。

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) 研究に対するプリシプルなアイデア、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. 英文原稿作成の手引き

- VII. 本文は Microsoft Word (Windows, Macintosh Versions) を標準使用とする。ただし、Microsoft Word が不可の場合のみ、text file を受け付ける。本文は single space で作成し、フォントは Times or Times New Roman の 10 ポイントを標準使用とする。
- VIII. 論文冒頭にはタイトル (全てを大文字とする)、著者名、所属機関、所在地、郵便番号をこの順で明記する。代表著者は所属機関の名称、所在地、郵便番号、FAX 番号、E-mail address を付記する。
- IX. タイトル、著者名に続けて、キーワード (10 語まで)、ランニングタイトル、要旨 (300 語以下) を付記する。
- X. 論文は緒論、方法、結果、討論、謝辞、引用文献の順に構成する。
- XI. 引用文献は引用順に、本文中に通し番号で [1], [2]..... のように表示し、本文末尾に引用文献表を付して次のように記す。
 1. Kawamura, K., Kameyama, N. and Matsumoto, O. Kinetics of hydrolysis of ribonuclease polymers, in aqueous solution at elevated temperatures, Viva Origino 27, 107-118 (1999)
 2. Bock, G. R. and Goode Ed., Evolution of hydrothermal ecosystems on Earth, Ciba foundation symposium; pp. 202, John Wiley & Sons Ltd., England, 1996
6. ファイルの保存形式については、Word で作成した本文の文末に図表 (次項で詳説) を挿入し保存する。
- VII. 図表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、本文の後に付記する。
 - b) 図の番号、表題、説明は図の下に、表の番号、表題、説明は表の上、又は下に記し、本文を読まなくても、図表のみで独立して意味が分かるように記す。
 - c) 図および写真は GIF, JPEG 形式で保存、表は Excel 98 を標準仕様とする。
- VIII. 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。

- IX. 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。
- X. 標準使用とされているアプリケーションの使用が困難な場合には、個別、柔軟な対応が可能である。

II. 和文原稿作成の手引き

1. 本文は Microsoft Word (Windows 又は Macintosh Versions) を使用。どうしても Microsoft Word が不可の場合のみ、テキストファイルを受け付ける。フォントは Windows user は MS 明朝、Macintosh user は平成明朝 10 ポイントを使用する。
2. 和文原稿の場合には初めに英文要旨をつける。(和文要旨は不要。) 英文要旨冒頭には、タイトル (大文字とする)、著者名、所属機関、所在地、郵便番号を明記する。代表著者は所属機関の名称、所在地、郵便番号、FAX 番号、E-mail address を付記する。タイトル、著者名に続けて、キーワード (10 語まで)、ランニングタイトル、要旨 (300 語以下) を付記する。英文要旨のフォントは Times or Times New Roman の 10 ポイントを使用する。
3. 論文は緒論、方法、結果、討論、謝辞、引用文献の順に構成する。
4. 引用文献は引用順に、本文中に通し番号で [1], [2]..... のように表示し、本文末尾に引用文献表を付して次のように記す。
 1. Kawamura, K., Kameyama, N. and Matsumoto, O. Kinetics of hydrolysis of ribonuclease polymers, in aqueous solution at elevated temperatures, Viva Origino 27, 107-118 (1999)
 2. Bock, G. R. and Goode Ed., Evolution of hydrothermal ecosystems on Earth, Ciba foundation symposium; pp. 202, John Wiley & Sons Ltd., England, 1996
5. ファイルの保存形式については、Word で作成した本文の文末に図表 (次項で詳説) を挿入し保存する。
- XII. 図表は英語で作成する。
 - 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) 図の番号、表題、説明は図の下に、表の番号、表題、説明は表の上、又は下に記し、本文を読まなくても、図表のみで独立して意味が分かるように記す。
 - c) 図および写真は GIF, JPEG 形式で保存、表は Excel 98 を標準仕様とする。
- XIII. 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。
- XIV. 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。
- XV. 標準使用とされているアプリケーションの

使用が困難な場合には、個別、柔軟な対応が可能である。

Ⅲ. 論文の提出と受理

1. 原稿は E-mail で、添付書類により、下記の Viva Origino 編集委員長宛に提出する。その際に、必要事項を入力した投稿規定添付ファイル（別紙または学会ホームページからダウンロード可能）も一緒に送付すること。ただし、E-mail で送付不可能な場合は原稿原本、コピー1部、外部記憶装置に保存した原稿のファイルを下記に郵送する。

〒599-8531 大阪府堺市学園町 1-1
大阪府立大学大学院工学研究科物質・化学系専攻応用化学分野 川村 邦男
TEL : 072-254-9284 (直通),
FAX : 072-254-9910 (学科共通)
E-mail: kawamura@chem.osakafu-u.ac.jp

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、再提出が著しく遅れる場合には、再提出日を受理日とすることが

ある。

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原則として認めない。

Ⅵ. 掲載経費の負担

なし。

XI. 別刷

著者は、校正時に同封した申込用紙により別刷を有料で申し込むことができる。

学会ホームページ : <http://www.origin-life.gr.jp/>

投稿規定添付書類

表中に必要事項をご記入の上、投稿の際にいっしょにお送りください。

タイトル (日本語)	
タイトル (英語)	
著者名 (漢字 or カタカナ or 英字)	
著者名 (英語)	
所属 (日本語)	
所属 (英語)	
E-mail address	
TEL	
FAX	
論文作成に使用した OS とそのバージョン	
本文作成に使用したアプリケーション名	
図表作成に使用したアプリケーション名とそのバージョン	
画像作成に使用したアプリケーション名	
図表の形式 (ex. JPG, GIF, TIFF)	

生命の起原および進化学会
入会金および年会費クレジットカード支払フォーム

カードの種類 ☐ VISA

カード番号 (16 桁)

--	--	--	--

カード有効年月 (MM/YYYY)

		/				
--	--	---	--	--	--	--

カード名義人 _____

支払金額 年度から 年度までの会費として
¥ _____ 支払います

署名 (自署) _____

署名の日付 _____

連絡のための email あるいは電話番号 _____

- * 現在の取り扱いカードは、VISA カードのみです。
- * 2006 年 (平成 18 年) より正会員の年会費が 6,000 円になりました。
- * セキュリティ確保のため、FAX の送信は月曜日～金曜日午前 9 時～午後 5 時の間にお願いいたします。
- * お送りいただいた個人情報は厳重に管理し、目的以外には使用いたしません。

生命の起原および進化学会事務局

〒590-0494 大阪府泉南郡熊取町朝代西 2

京都大学原子炉実験所 放射線生命科学研究部門 藤井 紀子、江藤 浩子

tel&fax 072-451-2630

生命の起原および進化学会-

<2008、2009 年度役員>

会 長 山岸 明彦
副 会 長

[運営委員会]

委 員 長：山岸 明彦 (東京薬科大学生命科学部 yamagish@ls.toyaku.ac.jp)
会計責任者：島田 秋彦 (筑波大学生命環境科学研究科持続環境学専攻 ashimada@kankyo.envr.tsukuba.ac.jp)
事務責任者：藤井 紀子 (京都大学原子炉実験所放射線生命科学研究部門 nfujii@ri.kyoto-u.ac.jp)
編集責任者：川村 邦男 (大阪府立大学大学院工学研究科物質系専攻応用化学分 kawamura@chem.osakafu-u.ac.jp)
委 員：池原 健二 今井 栄一 大西 耕二 川村 邦男 後藤 公彦
島田 秋彦 中川 和道 長谷川典巳 藤井 紀子 三田 肇
会 計 監 査：高橋 淳一、櫻沢 繁

学会事務局

〒590-0494 大阪府泉南郡熊取町朝代西 2 京都大学原子炉実験所
Tel : 072-451-2496, Fax : 072-451-2630 E-mail: nfujii@ri.kyoto-u.ac.jp
責任者 藤井 紀子

経理局

〒305-8572 つくば市天王台 1-1-1 筑波大学生命環境科学研究科持続環境学専攻
Tel : 029-853-4367 E-mail : ashimada@kankyo.envr.tsukuba.ac.jp
責任者 島田 秋彦

編集局

〒599-8531 大阪府堺市学園町 1-1 大阪府立大学大学院工学研究科物質系専攻応用化学分野
Tel : 072-254-9284, Fax : 072-254-9910 E-mail: kawamura@chem.osakafu-u.ac.jp
責任者 川村 邦男

編集委員：浦田 秀仁 大西 耕二 木賀 大介 後藤 公彦 小林 憲正 島田 秋彦
橋爪 秀夫 長谷川典巳 原田 和雄 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://www.origin-life.gr.jp/>

2010 年 3 月 1 日 印 刷

2010 年 3 月 1 日 発 行

編集者

Viva Origino
印刷物

〒599-8531 大阪府堺市学園町 1-1 大阪府立大学大学院工学研究科物質系専攻
応用化学分野内

生命の起原および進化学会編集局 責任者 川村 邦男

Web 版
Viva Origino
編集局

〒590-0494 大阪府泉南郡熊取町朝代西 2 丁目 京都大学原子炉実験所内

生命の起原および進化学会事務局 責任者 藤井 紀子 江藤 浩子

URL <http://www.origin-life.gr.jp/>

発行者

〒192-0392 東京都八王子市堀之内 1432-1

生命の起原および進化学会運営局 責任者 山岸 明彦

印刷所

〒596-0821 大阪府岸和田市小松里 2557 番地

(株) 泉文社 TEL 072-444-9761 FAX 072-445-8900 Email: senbun@agate.plala.or.jp

<Symposium>

- Haruna T.: From Function to Structure: Complex Systems and Experimental Study of Chemical Evolution (S1-1)
- Murase M.: What is Life? Towards its origin and evolution (S1-2)
- Gunji Y.-P.: Asynchronous Automata generating dynamic hierarchy, illustrating cellular and flock motions (S1-3)
- Matsuno K.: From a Quantum to Complexity (S1-4)
- Kakegawa T.: Relationship between Archean submarine hydrothermal and microbial activities: importance to origin or evolution of life? (S2-1)
- Imai E., Honda H.: Prebiotic Oligomerization of Amino acids under Hydrothermal Environments (S2-2)
- Kobayashi K., Kurihara H., Hirako T., Obayashi Y., Kaneko T., Takano Y., Yoshimura Y., Mita H.: Submarine Hydrothermal Systems as sites for Chemical "Revolution" (S2-3)
- Kawamura K.: Development of hydrothermal technology and its application to prebiotic chemistry (S2-4)
- Kato S.: Experimental approach for early microbial ecosystems in ancient deep-sea hydrothermal environments (S2-5)

<Special Lecture>

- Nakashima H.: A Synthesiological Approach to Emergence – from the Viewpoint of Artificial Intelligence (SL)

Ozaki H., Shimada A.: A pathway of tryptophanase-catalyzed tryptophan synthesis from D-serine	(11)
Fujii N., Kida M., Fujii N.: Influence of L- β -, D- α -, and D- β -Asp isomers of one Asp residue in a peptide on the properties of the peptide	(12)
Oda A., Kobayashi K., Takahashi O.: Dependencies of racemizations of aspartyl residues on peptide structures. A molecular simulation study.	(13)
Takahashi O., Tsuruta M., Matsuya Y., Kobayashi K., Oda A.: Formation and Hydrolysis of Succinimide Derivatives in Peptides and Proteins: New Insights from Quantum Chemical Calculations	(14)
Kodera S., Tamura K.: Tetraglycine-binding RNA and its function	(15)
Miyake H., Tamura K.: Molecular recognition of tRNA ^{Gly} by <i>N. equitans</i> GlyRS . . .	(16)
Tamura K.: Molecular basis for homochiral-selection of amino acids	(17)
Ikehara K., Oishi T., Hattori H.: Evidence for Supporting GADV Hypothesis on the Origin of Life	(18)
Ohnishi K.: Towards a Unified Theory on the Origin and Evolution of Life: A Beginning of Evolutionary theory of pan-Cultural Semiogenesis	(19)
Kobayashi K., Fushimi H., Mita H., Nakagawa K., Yabuta H., Takahashi J., Okudaira K., Yano H., Hashimoto H., Yamagishi A.: Scenario from Interstellar Organics to Life: Significance of the TANPOPO Mission from the Point of View of Chemical Evolution	(20)
Kawaguchi Y., Sugino T., Yang Y., Yoshimura Y., Tsuji T., Kobayashi K., Hashimoto H., Tabata M., Yamashita M., Yano H., Kawai H., Mita H., Okudaira K., Yokobori S., Yamagishi A.: Microbes capture experiment on ISS proposed in "Tanpopo" mission: Investigation of detection condition of captured microbes with PCR	(21)
Fushimi H., Kawai J., Hirako T., Obayashi Y., Kaneko T., Kobayashi K., Mita H., Yabuta H., Imai E., Okudaira K., Tabata M., Hasegawa S., Kawai H., Marumo K., Hashimoto H., Yano T., Yamashita M., Yokobori S., Yamagishi A.: Studies on Analytical method of organic matter in Cosmic Dusts Captured in Earth Orbit	(22)
Takahashi Y., Aoyama M., Oshikiri Y., Oota N., Shibata S.: The examination of the techniques of measuring DNA damages (the measurement of AP sites by radical substrate and comet assay)	(23)
Kobayashi A., Kiga D.: Standardization of genetic code and horizontal gene transfer	(24)
Akanuma S., Yokobori S., Kobayashi A., Yamagishi A.: Reconstruction and characterization of proteins of bacterial and archaeal common ancestors	(25)

The 35th Annual Meeting of the SSOEL-Japan

(Future University Hakodate: March 15-17)

Contents

<General Contributions>

- Tanabe M., Izumi Y., Sugiki K., Momoki Y., Nakagawa K.: XANES Spectra of Sulfur K-edge of Cystine (1)
- Mimoto A., Imazu A., Izumi Y., Tanabe M., Nakagawa K.: Optical absorption spectrum of DNA bases (2)
- Imazu A., Izumi Y., Nakagawa K., Utsumi Y.: Search for effective energy in chemical evolution of amino acid (3)
- Motoyama T., Taniuchi T., Obayashi Y., Kaneko T., Yoshida S., Yabuta H., Mita H., Kobayashi K.: Analysis of Complex Amino Acid Precursors Formed from Simulated Interstellar Media (4)
- Kuwahara Y., Mita H.: Analysis of polyamino acids produced from amino acid precursor in thermal polycondensation (5)
- Tanaka H., Nakamura H., Yoshimoto T., Yoshimura T., Ohuchi S.: Racemization study of the amino acids in microwave assisted hydrolysis of protein (6)
- Nakamura H., Yoshimoto T., Seigo K., Wakino D., Ohuchi S.: Microwave-Accelerated Hydrolysis Reaction of Biopolymers (7)
- Fujioka K., Manome Y., Futamura Y., Shiohara T., Kanaya F., Hoshino A., Yamamoto K.: Amino Acid Synthesis in Carbonate Spring System (8)
- Izumi Y., Imazu A., Mimoto A., Tanabe M., Nakagawa K., Tanaka M., Agui A., Muro T.: Possibility of asymmetric photolysis of solid amino acids induced by circularly polarized soft X-ray: Soft X-ray natural circular dichroism spectroscopy (9)
- Shima S., Suzuki T., Takahashi J., Mita H., Obayashi Y., Kaneko T., Saito T., Tsarev V., Polkhina N., Ryabov V., Gusev G., Adachi M., Hosaka M., Kato M., Kobayashi K.: Decomposition of Amino Acids by Circularly Polarized UV and β -rays and Their Relevance to Origins of Homochirality (10)

Viva Origino Vol. 38 Supplement

March 2010

Contents

© The 35 th annual meeting of the SSOEL – JAPAN (Abstracts)	
Shigeru Sakurazawa	(1)