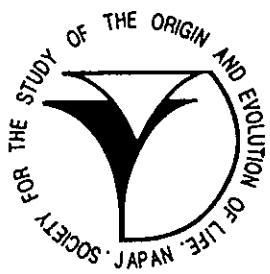


Viva Origino

VOL.34 (No. 1)

March 2006



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、生物進化の研究により、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. 其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。

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。

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 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） 2,500 円
4. 学会誌 *Viva Origino* 購読料 年額 5,000 円。ただし、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

Viva Origino

Vol. 34 (No. 1)

March 2006

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

JAPAN

第 31 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 29 回学術講演会案内及び講演会要旨集 長谷川 典巳	(1)
特 集 ISOLAB '05 プロシーディング	
◎ 生命の起原のタンパク質相互作用ワールド仮説 Peter Andras and Csaba Andras	(40)
◎閉鎖低圧環境におけるカイワレダイコン、ソバ、チンゲンサイの発芽率 樋之口 耕、橋本 博文	(51)

生命の起原および進化学会 第31回学術講演会の案内

日 時： 2006年3月15日(水)～17日(金)

会 場： 山形大学理学部先端科学実験棟 S401

山形市小白川町1-4-12

交通案内：下記の地図をご覧ください

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)

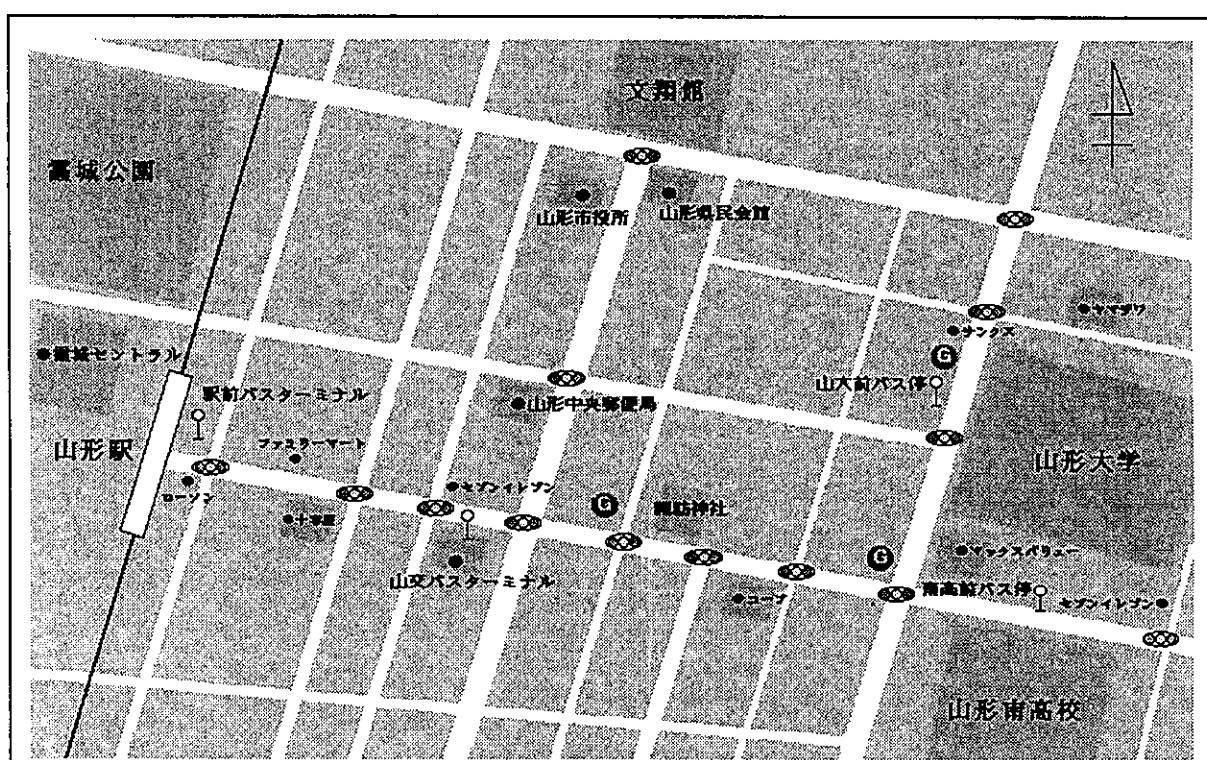
懇親会費： 一般会員： 5,000円 学生会員： 3,000円

大会事務局： 〒990-8560 山形市小白川町1-4-12 山形大学 理学部

長谷川 典巳 TEL: 023-628-4604 FAX: 023-628-4604

E-mail : hasegawa@sci.kj.yamagata-u.ac.jp

JR東日本山形駅からの大学案内図



所要時間： 山形大学理学部（小白川キャンパス）は、JR 山形駅の東方約2Km、徒歩約35分のところにあります。

山形駅東口から「東原経由千歳公園」行きバスで約10分、「山大前」下車、または「山形県庁」行きバスで約7分、「山形南高前」下車、徒歩約5分です。いずれも運行本数が少ないので注意して下さい。

JR 山形駅からタクシーで約5～6分（1000円程）です。タクシーに乗車の場合、山形大学小白川キャンパスとはっきりと指示して下さい。単に山形大学と言った場合、飯田キャンパス（医学部）に運ばれる可能性があるので、注意して下さい。

山形空港から約40分、仙台空港から約85分の山形駅までのバスが運行されています。

生命の起源および進化学会第31回学術講演会 日程表

	3/15(水)	3/16(木)	3/17(金)
9:00	受付 (9:20-)		
10:00		一般講演 15-18	一般講演 22-25
11:00	一般講演 1-6	休憩	休憩
12:00	昼食 編集委員会 (先端科学実験棟 2階S201)	昼食 運営委員会 (先端科学実験棟 2階S201)	昼食 総会 (先端科学実験棟 2階S401)
13:00	特別講演 SL-1	特別講演 SL-2	特別講演 SL-3
14:00	一般講演 7-10	シンポジウム S-1 S-2 S-3	一般講演 29-31
15:00	休憩	休憩	
16:00	一般講演 11-14	シンポジウム S-4 S-5	
17:00			
18:00		懇親会 (大学会館2階生協 食堂)	
19:00			
20:00			

第31回学術講演会プログラム

一般講演の講演時間は討論を含めて20分、シンポジウムの講演は討論を含めて30分です。発表はパワーポイントまたはOHPでお願いします。

3月15日(水)

<9:20-> 受付

<10:00-11:00> 座長: 小林 憲正

1. 化学進化における微量金属イオンの役割

○小林 憲正(横浜国大院工)

2. 模擬星間有機物の高温高圧化での変性

○栗原 広成、堀内 司、Md Nazrul Islam、金子 竹男、小林 憲正(横浜国大院工)

3. 紫外線照射による模擬星間物質からのアミノ酸前駆体生成の検証

○小川 智也、細貝 知弘、佐藤 康之、金子 竹男、小林 憲正(横浜国立大学)

<11:00-12:00> 座長: 松野 孝一郎

4. 陽子線照射により生成した模擬タイタンソーリンの熱分解 GC/MS 分析

○谷内 俊範*、金子 竹男*、高野 淑識**、小林 憲正* (*横浜国大院工、**北大院理)

5. 重粒子線照射によるタンパク質の変成過程の解析

○酒井 貴博、鈴木 宣成、吉岡 絵莉、金子 竹男、小林 憲正(横浜国立大院工)

6. 粒子線照射により模擬星間有機物から生成した複雑有機物と生命の起源

○小林 憲正、鈴木 宣成、谷内 俊範、遠西 寿子、金子 竹男、高野 淑識*、高橋 淳一**、吉田 聰*** (横浜国大院工、*北大院理、**NTT、***放医研)

<12:00-13:00> 昼食、編集委員会(先端科学実験棟2階S201)

<13:00-14:00> 座長: 長谷川 典巳

特別講演 SL-1.

tRNAの形の起原: 現在のtRNAに見られる単純な構造の痕跡

○ 菊池 洋(豊橋技術科学大学・エコロジー工学系)

<14:00-15:20> 座長：川村 邦男

7.アラニンからアラニン2量体への紫外線誘起化学進化

○泉 雄大¹、中川 和道^{1,2} (¹神戸大院総合人間、²神戸大発達科学)

8.77Kでの真空紫外線照射によるグリシン2量体からオリゴペプチドへの化学進化

○松井 貴弘¹、中川 和道^{1,2}、泉 雄大¹、蒲原 真澄¹、横谷 明徳³ (¹神戸大院総合人間科学、²神戸大発達科学、³日本原子力研究開発機構)

9.生体アミノ酸の真空紫外吸収スペクトル (L-メチオニン、L-トリプトファン)

○蒲原 真澄¹、泉 雄大¹、有井 宏幸¹、児玉 洋子¹、古結 俊行¹、中川 和道^{1,2}
(¹神戸大学総合人間科学研究科、²神戸大学発達科学部)

10.熱水環境下における2~5鎖長オリゴアラニンの反応挙動と効果的伸長経路の発見

○川村 邦男、西 輝之、崎山 智文、八尾 俊男 (大阪府立大学大学院・工学研究科)

<15:20-15:30> 休憩

<15:30-16:50> 座長：中川 和道

11.無機スラリーへの紫外線照射によるアミノ酸合成

○加納 誠介 (産業技術総合研究所)

12.ホスファターゼ活性を用いた海底熱水系地下生物圏の探索

○伊藤 有希、月館 孔明、枝澤 野衣、師井 茂倫、高野 淑識*、丸茂 克美**、
浦辺 徹郎***、金子 竹男、小林 憲正 (横浜国大院工、*北大院理、**産総研、
***東大院理)

13.熱水環境下におけるトリカルボン酸の反応と物質代謝

○根本 淳史、今井 栄一、本多 元、松野 孝一郎 (長岡技術科学大学)

14.ガンマ線バーストとパンスペルミア

○横尾 広光 (杏林大・保健)

3月16日(木)

<9:30-10:50> 座長：山岸 明彦

15.アルカリ処理したカオリナイトに対するアミノ酸の吸着挙動について

○橋爪 秀夫 (物質・材料研究機構)

16.高温極限環境からの塩基配列情報の直接獲得

○河原林 裕 (独・産業技術総合研究所)

17.内因性クリプティック機能ペプチドの系統的同定および機能解析

○向井 秀仁、染谷 和也、植木 輝彦（三菱化学生命研、情報ペプチド工学）

18.ガラクトース結合レクチンの糖鎖認識機構と分子進化

○鈴木 龍一郎¹、矢部 力朗^{1,2}、中村 祥子¹、藤本 瑞³、長谷川 典巳⁴、久野 敦¹、平林 淳¹（¹産総研・糖鎖工セ・糖鎖構造解析チーム、²筑波大院・生命環境、³農水省・生物研、⁴山形大・理）

<10:50-11:00> 休憩

<11:00-12:00> 座長：福田 宏太郎

19.*Thermoplasma acidophilum* 由来アクチンの特性解明および真核生物アクチンとの比較検討

○原 太志、山城 寛、根本 直樹、太田 好則¹、安永 卓¹、久永 真市²、山岸 明彦（東京薬科大学、¹九州工業大学、²都立大学）

20.逆転写変異について

○多田 友人（第一病院）

21.IVV 法を用いた相互作用解析からのタンパク質機能単位の探索

○石坂 正道、宮本 悅子、柳川 弘志（慶應大学・院理工）

<12:00-13:00> 昼食、運営委員会（先端科学実験棟2階S201）

<13:00-14:00> 座長：長谷川 典巳

特別講演 SL-2.

細胞内共生は進化の原動力！

○ 原 廉明（山形大学理学部生物学科）

<14:00-16:40> 座長：柳川 弘志、金井 昭夫

シンポジウム：試験管内分子進化工学技術で何ができるか

S-1.HCV NS3 プロテアーゼならびにヘリカーゼを標的とした機能性核酸の開発とその応用

○福田 宏太郎¹、西川 富美子²、様原 琢哉^{1,2}、菊池 邦生³、西川 諭²、長谷川 典巳^{1,3}（¹山形大・理、²産総研・年齢軸、³山形大院・理工）

S-2 .RNA ワールドテクノロジー：強力プロテアーゼを阻害する RNA の創製

○菊池 洋（豊橋技術科学大学・エコロジーエngineering系）

S-3 .超好熱性古細菌由来 RNA 結合蛋白質および標的 RNA の試験管内選択

○金井 昭夫（慶應義塾大学・先端生命科学研究所）

<15:30-15:40> 休憩

S-4 .進化分子工学から生まれたピューロマイシンテクノロジー (IVV 法と C 末端ラベル化法) によるタンパク質間相互作用解析 —そこから学ぶ進化の多様性—

○宮本 悅子、柳川 弘志（慶應義塾大学・理工学研究科）

S-5 .ブロックシャッフリングによる新規タンパク質の創出

○柳川 弘志、鬼丸 美智子、辻 融（慶應大・院理工）

<17:20-19:40> 懇親会（大学会館2階生協食堂）

3月17日（金）

<9:30-10:50> 座長：岡本 幸司

22 .グリシン tRNA アイデンティティーの進化

○岡本 幸司¹、久野 敦²、長谷川 典巳^{1,3}（¹山形大院・理工、²産総研、³山形大・理）

23 .超好熱古細菌 *Aeropyrum pernix* K1 のヒスチジン tRNA アイデンティティーの進化

○永豊 由加里¹、岩城 隼¹、久野 敦²、長谷川 典巳^{1,3}（¹山形大院・理工、²産総研、³山形大・理）

24 .tRNA アイデンティティーからみた古細菌由来トリプトファン-tRNA 合成酵素の分子進化

○土屋 渉¹、久野 敦²、長谷川 典巳^{1,3}（¹山形大院・理工、²産総研、³山形大・理）

25 .生命の起原における[GADV]-アミノ酸の意義

○池原 健二¹、中野 史保子²（¹奈良女大・理・化、²奈良女大・人間文化・化）

<10:50-11:00> 休憩

<11:00-12:00> 座長：木野内 忠稔

26.The Chiral Symmetry Breaking derived from the fifth apical ligand molecule of the square pyramidal tetradentate five coordinated copper complexes

○加藤 隆幸、山崎 幹緒、杉本 邦久（足利工業大学）

27.アスパラギンとポリペプチドのホモキラリティー

○胸組 虎胤（小山高専）

28.水晶体中の D-β-アスパラギン酸含有蛋白質の発現に関する研究

○高田 匠¹、下岡 正志²、木野内 忠稔¹、藤井 紀子¹（¹京都大学・原子炉、²旭テクノグラス）

<12:00-13:00> 昼食、総会（先端科学実験棟2階S401）

<13:00-14:00> 座長：菊池 洋

特別講演 SL-3.

SsrA タグ認識系の進化

○村松 知成（理研 GSC タンパク質構造・機能研究グループ）

<14:00-15:00> 座長：菊池 邦生

29.ミトコンドリア遺伝暗号の推定進化経路

○池原 健二¹、新原 結花²（¹奈良女大・理・化、²奈良女大・人間文化・化）

30.Toll-like receptor 3 の細胞外ドメインと特異的に結合する RNA aptamer の獲得

○渡部 智也¹、松本 美佐子²、瀬谷 司²、西川 諭³、長谷川 典巳¹、福田 宏太郎¹

（¹山形大・理、²北大院・医・病態解析学、³産総研・年齢軸）

31.HCV IRES に結合する RNA アプタマーの試験管内選択とその機能解析

○菊池 邦生^{1,2}、様原 琢哉²、福田 宏太郎³、久野 敦²、西川 諭²、長谷川 典巳^{1,3}

（¹山形大院・理工、²産総研、³山形大・理）

一 般 講 演
(1 - 6)

化学進化における微量金属イオンの役割

Roles of trace metal ions in chemical evolution

小林憲正(横浜国大院工)

Kensei Kobayashi (Yokohama National Univ.)

現在の地球生物は種々の微量金属イオンを必要としている。特に鉄、亜鉛、モリブデンなどは総ての生物にとって必須と考えられている。このことは、生命の誕生に至る化学進化の過程で、これらの微量金属イオンが重要な働きをしたことを示唆する。本講演ではこれまでの研究を紹介し、今後の展望についても述べる。

(1) 金属イオンの海水中濃度と生物必須性

江上は、海水中の金属濃度とその生物への必須性を比較し、よい相関が存在することを指摘した。柳川らは、金属イオン濃度を通常の海水よりも多く含む「修飾海水」を用いて化学進化実験を行い、アミノ酸の生成や、重合（マリグラニュールの生成）などを報告している。

(2) 海底熱水系での化学進化

1970年代末に発見された海底熱水噴出孔において、噴出する熱水中の重金属濃度は通常の海水の数十万倍と高濃度であることがわかった。小林らは、アンモニウムイオンおよび亜鉛、鉄、マンガン、銅などの金属を含む「模擬海底熱水噴出孔海水」をメタンで加圧し、325°Cに加熱することによりアミノ酸が生成することを見いだした。この他、フローリアクター中のアミノ酸の重合や、アミノ酸の生成に、金属イオンが触媒作用を示すことが報告されている。

(3) 生命の誕生に用いられた有機物の起源として、彗星や隕石などの地球外物質からの供給が注目されている。Clarkは、彗星中にコバルト、亜鉛、銅などのイオンが高濃度に含まれることを指摘し、彗星が地球に衝突した後にできる「彗星湖」中の化学進化が重要ではないかと指摘している。これらの金属は、星間塵中でも高いことが考えられる。現在、星間塵環境下での有機物生成における、これらの重金属イオンの役割を調べる実験を計画中である。

(4) 触媒機能の起源と金属イオン

通常、最初の触媒物質としては原始タンパク質や原始 RNA があげられている。しかし、これらを全く前生物的に合成するのは困難である。カルビンは、金属イオンの持つ触媒能に着目した。ペルオキシダーゼ活性は、鉄(II)イオンのみも持つが、ポルフィリンと錯形成すると触媒能は増大し、さらにタンパク質がつながるとカタラーゼという高機能触媒となる。このような観点からの触媒機能分子の無生物合成実験が期待される。

2

模擬星間有機物の高温高圧化での変性

Alteration of simulated interstellar organic compounds in high-temperature and high-pressure environments

○栗原広成、堀内司、Md. Nazrul Islam、金子竹男、小林憲正

(横浜国大院工)

Hironari Kurihara, Tsukasa Horiuchi, Md. Nazrul Islam,

Takeo Kaneko, and Kensei Kobayashi

Department of Chemistry and Biotechnology, Yokohama National
University

緒言：1970 年代末に世界各地の海底から発見された海底熱水噴出孔は、マグマ由来の高熱により化学反応を起こすのに必要なエネルギーが常に供給されること、還元的環境であり有機物創製に非常に有利であること、触媒活性を持つ遷移金属イオンに非常に富むことなどの理由から、化学進化に有利な環境であり、地球における生命の起源の場として注目を浴びている。熱水環境への有機物の供給は、原始海洋中で生成したものの他に、原始地球大気中で生成したもの、彗星などにより地球外から供給されたものなどが考えられる。これまで種々の模擬実験により、原始大気から生成した、もしくは宇宙から供給された有機物は分子量数千の複雑な構造を持ち、加水分解することでアミノ酸や核酸塩基を生成することが示唆されている。

本研究では、海底熱水環境を模した超臨界水フローリアクターを用いて、原始地球において海底熱水系に供給されたと考えられる有機物の変性、安定性を調べた。

実験:Plex 製ガラス容器に、CO, NH₃ を各 350 Torr, CO, N₂ を各 350 Torr, MiliQ 水を 5 mL ずつ封入し、陽子線を照射し試料を生成した。以降この有機物を CAW, CNW と呼ぶ。

海底熱水環境を模擬した超臨界水フローリアクター(SCWFR)に CAW, CNW、そして比較として遊離のアミノ酸、ヒト血清アルブミン(HSA)を流し、25 MPa で加圧しながら、種々の条件(温度 200°C ~ 400°C、反応時間 1~10 分)で反応させた。試料を回収後、酸加水分解(6M HCl, 110°C, 24h)及び AG-50 陽イオン交換樹脂による脱塩分画処理し、島津 LC-10A アミノ酸分析装置によりアミノ酸の同定・定量を行った。また、ゲルろ過クロマトグラフィー(GFC)により分子量の推定も行った。

結果・考察:CAW, CNW は、加水分解によって Gly と Ala が多く検出し、非タンパク質アミノ酸も数種類検出された。それらのアミノ酸は、熱に対して遊離のアミノ酸よりも極めて安定であった。この傾向は HSA でも同様であった。結合型アミノ酸同士で比べると CAW, CNW は高温部で特に安定で HSA よりもアミノ酸の回収率が高かった。CAW, CNW とも加熱温度を上げるにつれ分子量は減少していった。CNW や HSA に Zn²⁺を添加し加熱を行うと、更に各アミノ酸の回収率は増加し、金属イオンが有機物の安定性に寄与することが示された。結合型アミノ酸は、遊離のものよりも高温に対する安定性は高く、熱水環境でも長時間の生存が可能であると推測される。熱水環境で合成された、もしくは外界より侵入した物質が熱により重合・分解を繰り返しより複雑な物質へと化学進化を遂げることは不可能ではない。また、熱水環境に豊富に存在する遷移金属元素もその過程に深く関わっている事が示された。

3

紫外線照射による模擬星間物質からの

アミノ酸前駆体生成の検証

Formation of amino acid precursors from simulated interstellar media by UV irradiation

小川 智也 細貝 知弘 佐藤 康之 金子 竹男 小林 憲正 (横浜国立大学)

Tomoya Ogawa Tomohiro Hosogai Yasuyuki Satoh Takeo Kaneko Kensei Kobayashi
(Yokohama National University)

【緒言】 生命誕生の素材の生成の場としては原始地球大気や分子雲中の星間塵が考えられる。これまで原始大気や星間物質を模擬した混合ガスに様々なエネルギーを与えることによってアミノ酸などの生体関連有機物が無生物的に生成することが実験によって示されている。星間では種々の波長の光が存在し、それらが星間での化学進化を促進したと考えられる。しかし、これまでの研究では主として近紫外線を用いられてきた。一部に真空紫外線 (120-190 nm)を用いた実験はあるが、10-100 nm 付近の真空紫外領域や軟X線領域といった高エネルギーの領域の実験はまだほとんど報告されていない。われわれは種々の波長の光子による化学進化を調べることを計画している。今回はまず模擬星間物質 (CO, N₂, NH₃, H₂O) に重水素ランプからの紫外線を照射し、生成したアミノ酸の分析を HPLC 法、逆相 HPLC 法、MALDI-TOF-MS 法を用いて行った。そして星間での有機物生成における紫外線の役割を考察した。

【実験】 紫外線照射 : Pyrex 製容器に窓剤 (合成石英窓) を取り付け、これに CO 350 Torr, NH₃ (または N₂) 350 Torr, H₂O 5 mL を詰めた。これに、重水素ランプ (浜松ホトニクス L-1835; MgF₂窓付き) を用いて波長領域 160-170 nm 周辺の紫外線を照射した。照射後、生成物を水で回収し、分析に供した。以後、窒素源としてアンモニアをもちいた時の生成物を CAW、窒素を用いたものを CNW とよぶ。

アミノ酸分析 : 各試料を 6 M HCl で 24 時間酸加水分解したものを孔径 0.2 μm のメンブレンフィルターで濾過した後、島津 LC-10A アミノ酸分析システムで同定・定量した。また、AQC 蛍光試薬を用いて誘導体化-逆相 HPLC 法 (TOSOH FS-8020) による分析も行った。

MALDI-TOF-MS 法 : マトリックスとして CHCA と DHBA を用いて Shimadzu / Kratos Model AXIMA-CFR 質量分析計により分析を行い、分子量推定を行った。

【結果・考察】 合成石英を窓材として用いて、117 時間照射した時、CAW から 0.12 μmol のグリシンの生成が検出され、さらに逆相 HPLC 法よりアラニンも確認された。MALDI-TOF-MS 法からも酸加水分解後の試料にグリシン、アラニン由来と思われるピーク (*m/z* = 76, 90) が観測された。酸加水分解の前にはアミノ酸の生成は認められなかった。照射時間をのばすことによりアミノ酸の生成量も増加した。量子収率は、3.6E-4、エネルギー収率 (G 値) は 4.7E-3 であった。また CNW からは痕跡量のグリシンとアラニンしか検出なかった。これは今回照射した波長領域ではエネルギーが低く窒素分子を光分解するのに十分ではなかったためと考えられる。

これらの結果から、一酸化炭素・アンモニア・水からアミノ酸前駆体が生成することがわかった。ただし、エネルギー収率は陽子線などの粒子線照射時よりもかなり低い。最近、窒素分子が星間空間に存在することが確認されたため、星間での有機物生成を考える上で、窒素分子の反応も考慮する必要が生じた。今後、より窒素を解離できるような極端紫外光や X 線の化学進化における役割を調べていく予定である。そのため、高エネルギー加速器研究機構(KEK)の Photon Factory や、兵庫県立大学のニュースバルにて紫外線より高エネルギーの真空紫外線や軟 X 線を中心とした放射光を模擬星間物質に照射する実験を計画中である。

4

陽子線照射により生成した
模擬タイタンソーリンの熱分解GC/MS分析

Pyrolysis GC/MS Analysis of Tholin

Formed from Simulated Titan Atmosphere with Proton Irradiation

谷内俊範*、金子竹男*、高野淑識**、小林憲正*
(*横浜国大院工、**北大院理)

Toshinori Taniuchi (Department of Chemistry and
Biological Science, Yokohama National Univ.)

土星最大の衛星であるタイタンは、窒素を主成分とし、副成分にメタンを含む 1.5 気圧の大気を持ち、また複雑な有機物 (tholin) からなる靄の存在がボイジャーによる観測以来分かっている。昨年、土星探査機カッシーニからタイタンへ投下された小型探査機ホイヘンスによって、地表における氷の水や液体のメタンの存在が示唆された。原始地球に似ていると考えられているこの星は、生命の起源を考える上で重要な情報をもつていて期待され、これまで観測や様々な模擬実験がなされてきた。地表付近での有機物生成には宇宙線による効果が期待できるが、これまでほとんど調べられていない。

本研究では容量約 400 mL の Pyrex 製の容器に、メタン(通常のもの、もしくは ^{13}C ラベルしたメタン(1~5%)、窒素(バランス)の混合気体を 700 Torr 封入し、これに 3 MeV 陽子線(東工大ヴァンデグラフ加速器)を照射した。生成した固相成分を水、ジクロロメタンもしくは THF により回収した。

分子量はゲル浸透クロマトグラフィーにより数百~二千程度と推定され、MALDI-TOFMS では $^{13}\text{CH}_4$ を出発物質として用いると CH_4 を用いたときに 14 刻みだったピークが 15 刻みで観測された。これは $-\text{CH}_2-$ が繋がった構造の存在を示唆している。 ^1H NMR による結果は窒素に隣接したメチル、メチレンもしくはメチンプロトンによるシグナルや複素

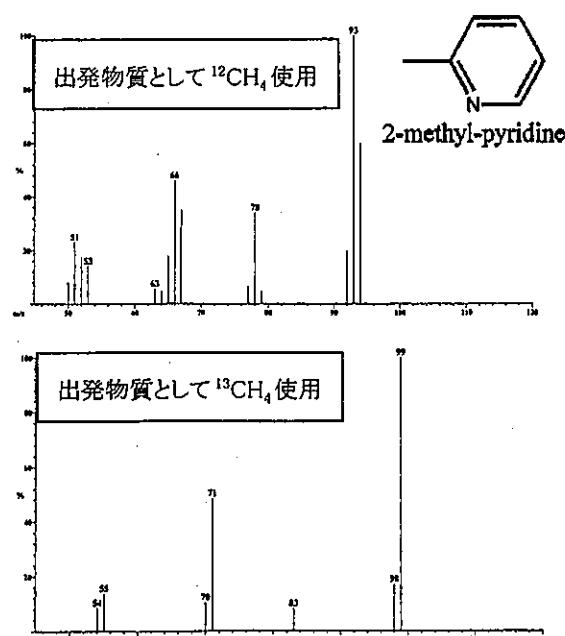


Fig1. Pyrolysis Mass Spectra of 2-methyl-pyridine

formed from Titan tholin

芳香環プロトンによるシグナルが推定された。熱分解 GC/MS の結果、様々な含窒素複素環化合物やニトリルが検出された。また回収された固相成分は 6 M 塩酸中、110°C で 24 時間加水分解を行なった後に HPLC で分析するとグリシン・アラニンなど種々のアミノ酸が検出された。また、ヘプタフルオロブタノールとエチルクロロホルメイトによる誘導体化後に GC/MS (Chirasil-Val カラム使用) で分析すると、アラニンやバリンなどアミノ酸の D/L 比はほぼ 1 で検出された。また ^{13}C -メタンを材料として作られたアミノ酸は、通常のアミノ酸よりも炭素数に応じたマスシフトが観測された。以上の結果は、タイタン上で宇宙線の作用により含窒素複素環化合物やニトリルを含む複雑な有機物 (tholin) が生成し、それは水との相互作用によりアミノ酸を生じうることを示唆している。

5 重粒子線照射によるタンパク質の変成過程の解析

Analysis of the denaturation processes of protein molecules
by heavy ions irradiation

酒井貴博、鈴木宣成、吉岡絵莉、金子竹男、小林憲正

(横浜国立大院工)

Takahiro Sakai, Nobusige Suzuki, Eri Yosioka,
Takeo Kaneko, Kensei Kobayashi
(Yokohama National University)

緒言：宇宙線は、星間での有機物生成に重要な働きをしたと考えられる一方、生成した有機物を変成、分解する作用も有する。また、星間での微生物の移動（パンスペルミア）を考える上で、タンパク質や核酸などの生体高分子の宇宙線に対する安定性を調べる必要がある。銀河宇宙線は、極めて高エネルギーの陽子やヘリウムイオン・炭素イオンなどの重粒子からなる。本研究では、代表的なタンパク質であるヒト血清アルブミン(HSA)をターゲットに用い、その星間での安定性を調べるために、加速器を用いて重粒子線を照射し、変成過程の解析を試みた。

実験：粒子線照射実験には、放射線医学研究所の重粒子加速器 HIMAC (Heavy Ion Medical Accelerator in Chiba)を用いた。HIMAC では He, C, N, O, Ne などの重粒子線が照射できるが、今回は生物照射実験において最もポピュラーである炭素線(290 MeV/u)を用いた。タンパク質としてはヒト血清アルブミン(HSA; 分子量 66,000)を用い、溶媒として pH 4 (HCl 水溶液), 7 (Milli-Q 水), 10 (NAOH 水溶液) の三種類を用いて 100 μ M に調製した。HSA 溶液をアンプル管に入れ、真空ポンプで空気を除いた後に封入した。これに HIMAC のからの炭素線を線量率 1400 Gy/h で最大 8 時間照射した。アンプル管から回収後、MALDI-MS による分子量測定を行った。また、試料に 6 M HCl を加えて 110 °C、24 時間酸加水分解を行い、遠心乾燥後、Milli-Q 水で定容し、アミノ酸分析システム (LC-10A、陽イオン交換 HPLC) を用いてアミノ酸の定量を行った。

結果：pH 10 の場合、MALDI-MS の結果から、1 時間(1400Gy)の重粒子線照射ですでに HSA のタンパク鎖が切断され、元来の分子量に相当する m/z = 66000 のピークが全く観測されなくなり、代わりにより小さい分子量に相当するピークが出現した。さらに照射を続けることにより、ピークは低分子量にシフトし、11200 Gy では m/z = 6900, 14000, 27000 などのピークが増大した。一方、照射生成物を加水分解して得られるアミノ酸は、3200 Gy 照射時でも 70%以上であった。これらの結果は、タンパク質は宇宙線により小さいフラグメントに分裂しやすいが、それを構成するアミノ酸はタンパク質と結合した形では比較的安定であることを示す。さらに種々の分析法を組み合わせ、星間における有機物の変成過程を調べていく予定である。

6

粒子線照射により模擬星間物質から生成した複雑有機物と 生命の起源

Complex organic compounds formed from simulated interstellar media
and their roles in origins of life

小林憲正, 鈴木宣成, 谷内俊範, 遠西寿子, 金子竹男, 高野淑識*, 高橋淳一**吉田
聰***（横浜国大院工・北大院理・NTT**・放医研***）

Kensei Kobayashi, Nobushige Suzuki, Toshinori Taniuchi, Hisako Tonishi,
Takeo Kaneko, Yoshinori Takano*, Jun-ichi Takahashi**, Satoshi Yoshida**
* (Yokohama National Univ., Hokkaido Univ.*), NTT**, NIRS***)

炭素質コンドライトや彗星中に複雑な有機物が存在することが知られている。これらは元来、分子雲中の星間塵アイスマントル中で、宇宙線や紫外線の効果により生じたとする説が提唱されている。その検証のため、模擬星間塵アイスマントルに陽子線もしくは紫外線を照射すると、アミノ酸前駆体が生じることが報告してきた。しかし、照射により生じる有機物の性質はよく調べられていなかった。

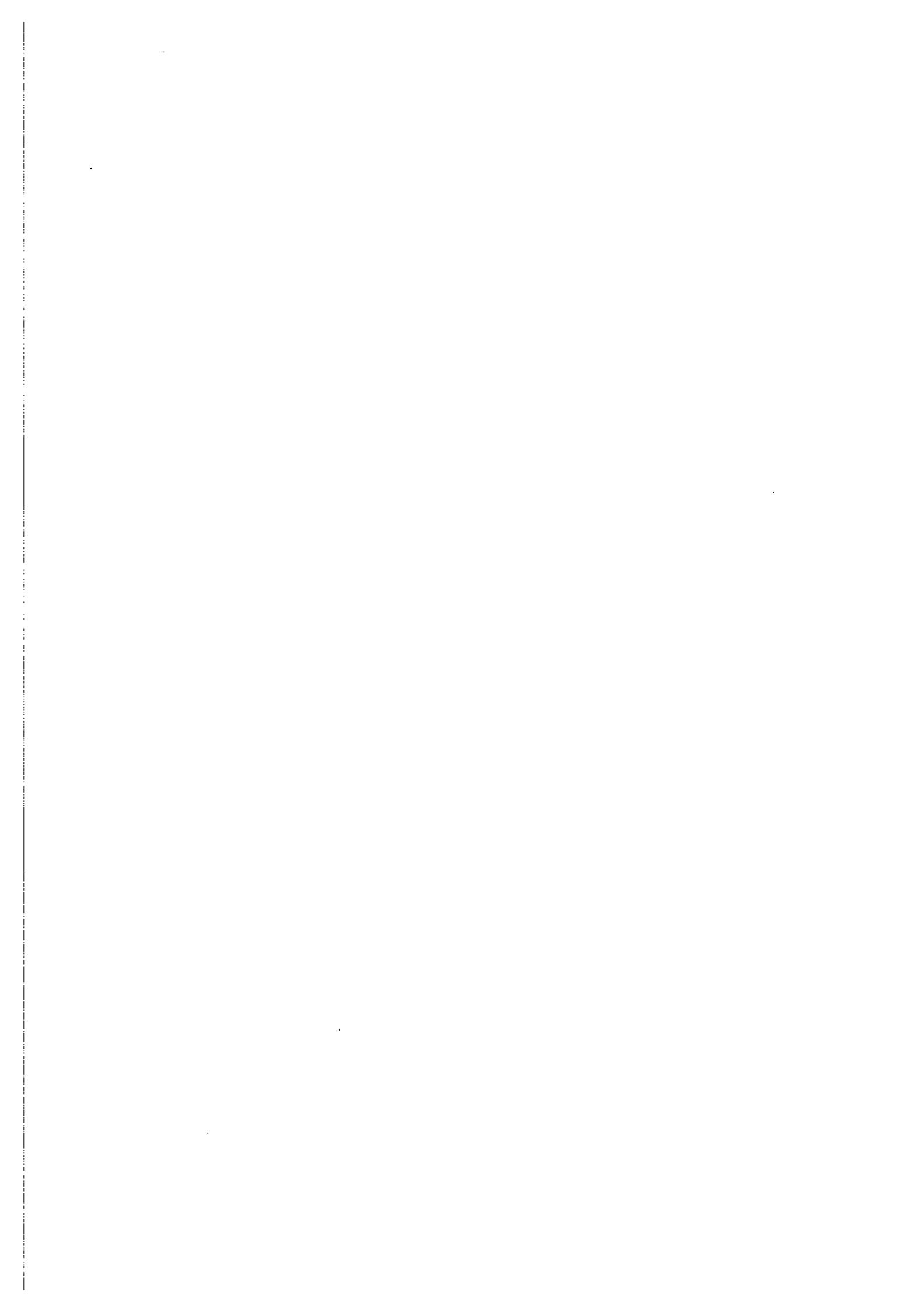
われわれは、星間塵中に検出されている分子、メタノール、アンモニア、水の混合物を室温、もしくは液体窒素中で凍結し。高エネルギー重粒子（炭素）線（290 MeV/u，放医研 HIMAC 使用）を照射し、その生成物のキャラクタリゼーションを行った。

照射生成物の分子量をゲルろ過法で推定すると照射温度にかかわらず 2300 程度となり、また熱分解 GC/MS によりニトリル、芳香族化合物、含窒素芳香族化合物などが検出された。この加水分解によりグリシンなどのアミノ酸が検出された。グリシンのエネルギー収率（G 値）は室温（液体）で 0.014、77 K（固体）で 0.007 でありあった。このことは、分子雲などの低温環境でも宇宙線の作用により高分子量の複雑有機物（アミノ酸前駆体）が高収率で得られることを示唆している。

放射線により生じた高分子量複雑有機物態のアミノ酸（前駆体）は、遊離アミノ酸よりも放射線、熱などに対して安定であることが確かめられた。また、これに円偏光を照射することによりアミノ酸の不斉を発現させることも可能である。

従来、原始大気などから HCN などの活性小分子が生成し、その反応によりアミノ酸などのモノマーが、次いでその重合によりオリゴマーが生成した後、機能が創生される、というような stepwise シナリオが考えられてきた。本結果から、(1)分子雲中の星間塵アイスマントル中で、宇宙線や紫外線の働きにより複雑有機物が生じる、(2) さらに星間空間で紫外線などにより変成を受ける（不斉の発現）、(3) 原始太陽系星雲中で彗星や微惑星に取り込まれる、(4) 原始海洋（熱水系）でさらに変成を受け、生命機能を有する分子系となる、というシナリオを提案する。

特 別 講 演
(SL-1)



SL1

tRNAの形の起原：現在のtRNAに見られる単純な構造の痕跡
Origin of the cloverleaf shape of tRNA: Vestiges of simple hairpin
structures found in modern tRNAs

菊池 洋(豊橋技術科学大学)
Yo Kikuchi (Toyohashi University of Technology)

リボヌクレアーゼP (RNase P) は、tRNA前駆体の5'末端側についている余分な配列を切り落とす酵素である。細菌のRNase Pは、RNAサブユニットが触媒機能を担うリボザイムである。この酵素はtRNAのクローバーリーフ構造および単純なヘアピン構造を認識し作用する。演者らは、RNase Pの基質認識の研究の途上、細菌のRNase Pが真核生物の複数のtRNAを成熟配列の内側で切断してしまうことを発見した。tRNAを作るための酵素が、成熟tRNAを分解してしまうのである。この現象は、これら切断を受けるtRNAが高次構造変化を起こして、クローバーリーフ構造とは異なった単純なヘアピン構造を取ることにより起こる。一例を図1に示す。tRNAのアミノアシルシステムとアンチコドンシステムがほどけて、そのほどけた部分がDシステムとTシステムを延長させるような新たなシステムを構成するのである。図1の右側に示す構造を「ダブルヘアピン」と命名する。実験的に示されたtRNA以外にもダブルヘアピン構造を取れるtRNAはあるのだろうか。演者らは、EMBLなどのtRNA配列データベースからダブルヘアピン構造の可能性を検索したところ、古細菌からヒトのものに至るまでほとんどのtRNAは、ダブルヘアピンを描ける相補的配列をもつことが明らか

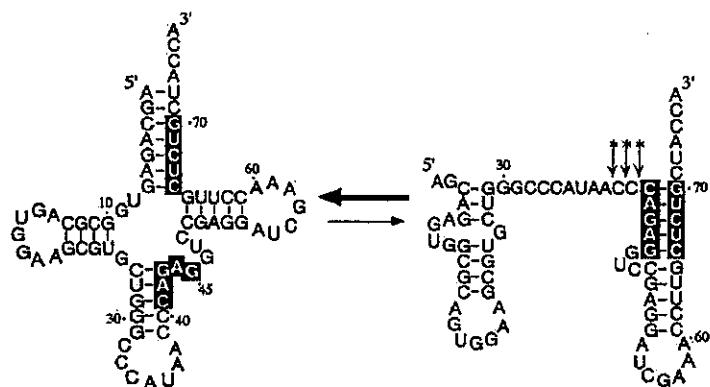


図1. *Drosophila* initiator methionine tRNAの構造変化. 垂直の矢印: RNase Pにより切断される部位

かになった。tRNAのクローバーリーフ構造は偶然にできたにしては複雑すぎる構造であり、以上のことから、演者らは、現在のtRNAは、単純なダブルヘアピン構造から生成したものと考えている。tRNAはタンパク質合成や核酸の複製など生命の最も基本的で重要な機能に関与するため、生物進化の過程で大きな変化ができず、種を越えてその形が保存されている。そのために、現在のtRNAの塩基配列の中にtRNAの形の起源の痕跡が残っていても不思議ではない。この仮説は、アンチコドンの起源、修飾塩基の重要性、イントロンやエキストラループの意味をうまく説明でき、RNAワールドでのtRNAの形の成立を暗示している。本講演で、実験事実と統計的解析から得られたデーターを示し、この仮説について討論したい。

一 般 講 演
(7 - 2 1)

7

アラニンからアラニン2量体への紫外線誘起化学進化

Chemical evolution of alanine to alanine dimer induced by VUV light

泉 雄大¹, 中川 和道^{1,2} (1.神戸大院総合人間, 2.神戸大発達科学)
Yudai Izumi and Kazumichi Nakagawa (Kobe University)

ホモカラリティーを獲得しつつ生命の起源にたどり着くうえで、(1)光学異性体に偏りを与える不斉なエネルギー源が存在し、(2)ホモカラリティーが保存される(=ラセミ化が起こらない)環境の探索が重要である。本研究ではそれを探す第一段階として、隕石・宇宙塵表面を想定し、固相のL-アラニン(L-Ala)に室温で非偏光の真空紫外線を照射し、ラセミ化が起こるかどうか、また化学進化(2量化)が起こるかどうかを調べた。

L-Ala蒸着膜をスライドガラス上に作成し、Xe₂エキシマランプ(中心波長172 nm)を用いて真空紫外線を真空中で照射した(室温)。照射後残った蒸着膜を蒸留水で回収し、HPLC分析を用いて生成物を同定した。

結果の一例をFig.1に示す。L-Alaの分解およびL-Ala 2量体(L-L)の生成が確認された。またわずかながらD-Alaやその他のAla 2量体(L-D, D-L, D-D)も確認された。これらの結果から、室温中で非偏光172 nm光をエネルギー源とした場合にはラセミ化が起こりうることが確かめられた。この結果は、非偏光146 nm光でラセミ化を起こさなかったアスパラギン酸[1]の場合と対照的である。当日は、この点に関して量子効率や脱離分子に着目して議論する予定である。

よりエネルギーの高い光をエネルギー源とした場合には、ラセミ化の速度よりも分解や重合の速度は遥かに大きくなると考えられ、ラセミ化を起こさずに重合させることができるかもしれない。また172 nm光をエネルギー源とした場合でも極低温環境ではラセミ化しない可能性もあり、これらを確かめることが今後の課題である。

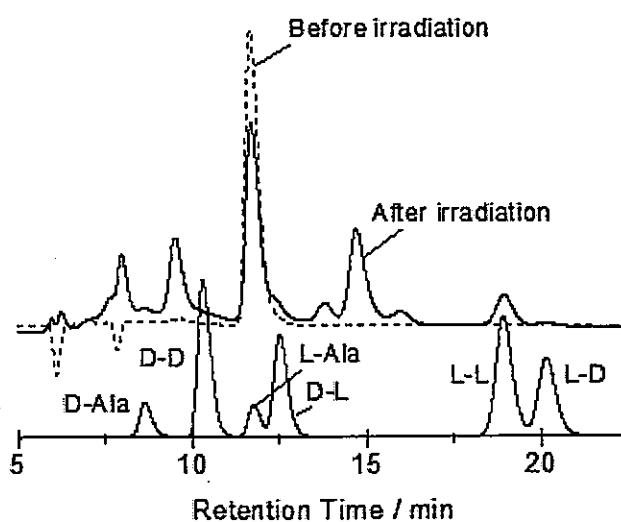


Fig.1 1分照射後のクロマトグラム

Reference

[1] Y. Izumi and K. Nakagawa ISOLAB'05

アブスト集 p.76 (ポスター番号65)

8

77 K での真空紫外線照射による
グリシン 2 量体からオリゴペプチドへの化学進化
Chemical evolution of diglycine to oligopeptide
induced by VUV irradiation at 77 K

松井貴弘¹、中川和道^{1,2}、泉雄大¹、蒲原真澄¹、横谷明徳³

(¹ 神戸大院総合人間科学、² 神戸大発達科学、³ 日本原子力研究開発機構)

Takahiro Matsui¹, Kazumichi Nakagawa^{1,2}, Yudai Izumi¹, Masumi Kamohara¹, Akinari Yokaya³

(¹Graduate School of Cultural Studies and Human Science, Kobe Univ.,

²Faculty of Human Development, Kobe Univ., ³Japan Atomic Energy Agency)

アミノ酸が宇宙環境で真空紫外線照射された場合、どのような反応機構でどのような化学進化を起こすかを定量的に実験することは、宇宙における化学進化仮説を検証する上で重要である。

本研究では、 SiO_2 基板上に作成したグリシン 2 量体蒸着膜に、超高真空(10^{-8} Pa 程度)中で、温度を 293 K および 77 K に設定し、146 nm 真空紫外線を照射した。照射中の脱離分子測定を四重極質量分析計 QMS で、照射後の生成物の同定・定量を高速液体クロマトグラフィー HPLC を用いて行った。

HPLC 分析から、293 K でも 77 K でもグリシン 2 量体が 3 量体、4 量体へと化学進化を起こすことがわかった。光生成・分解量子効率を Table 1 に示す。Table 1 より Gly の生成量子効率が 293 K より 77 K の方が高く、 $(\text{Gly})_3$ がその逆であることは、77 K 照射ではペプチド結合の $\pi \rightarrow \pi^*$ 遷移のエネルギーが分子内に広がらないことや、2 段階反応が起こりにくいことを示唆している。また、293 K 照射ではアミノ基を持たない小さな分子が、77 K 照射ではアミノ基を末端に持つ疎水性の高い分子が生成したことがわかった。

光照射およびサンプルの昇温による脱離分子の時間変化から 293 K では脱炭酸、脱アミノ、脱水反応が起こることがわかったが、77 K では脱炭酸、脱水反応は起こるが脱アミノ反応は起きないことがわかった。

脱離分子の時間変化および HPLC の測定結果から、293 K 照射では生成したラジカルが周辺の分子を攻撃して小さな分子を生成すると考えた。77 K では分子の運動が制限されるため、 COO^- 基の励起を起こしても COO^- のみが切断されたアミノ基を持つ非常に長い分子や、ペプチド結合の切断のみが起こり、それ以上の反応が起きなかつたのだと考えた。

Table 1 $(\text{Gly})_2$ 蒸着膜への 146 nm 真空紫外線照射による光生成・分解量子効率

	146 nm, 293 K	146 nm, 77 K
$(\text{Gly})_2$ 分解	$(1.5 \pm 0.09) \times 10^{-2}$	$(1.3 \pm 0.23) \times 10^{-2}$
Gly 生成	$(2.5 \pm 0.47) \times 10^{-4}$	$(1.4 \pm 0.17) \times 10^{-3}$
$(\text{Gly})_3$ 生成	$(7.5 \pm 0.80) \times 10^{-5}$	7.3×10^{-6}
$(\text{Gly})_4$ 生成	$(6.7 \pm 0.39) \times 10^{-5}$	$(4.1 \pm 0.07) \times 10^{-5}$
dkp 生成	$(1.7 \pm 0.09) \times 10^{-4}$	$(1.4 \pm 0.09) \times 10^{-4}$

9

生体アミノ酸の真空紫外吸収スペクトル(L-メチオニン,L-トリプトファン)
Vacuum ultraviolet absorption spectra of amino acid films (L-Met,L-Trp).蒲原真澄¹, 泉雄大¹, 有井宏幸¹, 児玉洋子¹, 古結俊行¹, 中川和道^{1,2}¹神戸大学総合人間科学研究科 ²神戸大学発達科学部Masumi Kamohara¹, Yudai Izumi¹, Hiroyuki Arai¹, Yoko Kodama¹,
Toshiyuki Koketsu¹, Kazumichi Nakagawa^{1,2}Graduate School of Cultural Studies and Human Science, Kobe Univ.¹Faculty of Human Development, Kobe Univ.²

宇宙空間での化学進化に繋がるアミノ酸の反応を模索する上で、どの波長の光がアミノ酸のどの部分に吸収されるかは重要な問題である。そこで、ここまで測定してきた10数種のアミノ酸の真空紫外吸収スペクトルを解析し、これを構成する部分（アミノ基、カルボキシル基、側鎖など）の吸収の和がアミノ酸全体をどの程度近似的に分解できるかを検討した。

Fig. 1に、L-Trp, CH₃, ベンゼン, 酢酸, インドール, NH₃のスペクトルを示す。ここからL-Trpとこれを構成する部分の吸収を比較すると、特徴的なピークについてその帰属が大まかに説明できる。290 nm帯はインドールの6+5員環に、220 nm帯は6員環に、150 nm付近は酢酸に、120 nm付近はアンモニアとメタンに対応するものと推論した。

また、GlyとCH₄の吸収断面積の和をとるとL-Alaのσにほぼ一致する(Fig. 2)ことがわかった。アルカンの吸収断面積が結合数(荷電子数)にほぼ比例すること^[1]からも、吸収強度が部分のσの和で表せるという点でこの結果は非常に興味深い。

吸収断面積から振動子強度分布を計算し、30 eVまでの振動子強度の総和と荷電子数を比較すると、70%に過ぎないことがわかった。この原因は、最外殻電子由来の吸収を全て測定できていないためと考えられるので、さらに高エネルギー領域(極紫外)について測定することが必要である。

今後は、光照射により特定の電子状態を励起することによって、特定の反応を意図的に起こすことが出来るかどうかを検討していきたい。

文献 [1] 児玉洋子ほか, 第43回放射線化学討論会(2000), 8-Y-02

[2] K. Kameta et al., LB-RESEARCH LB-CONTENTS (2003), Group I, Volume17, SubvolumeC, 4001–4059

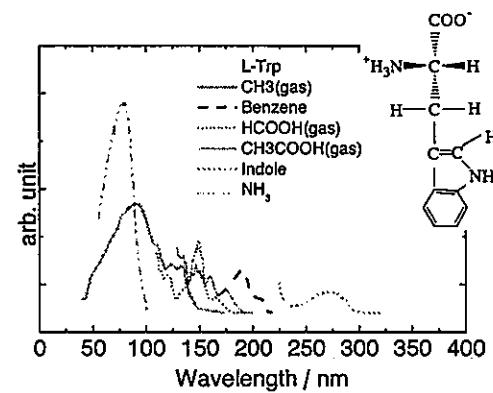
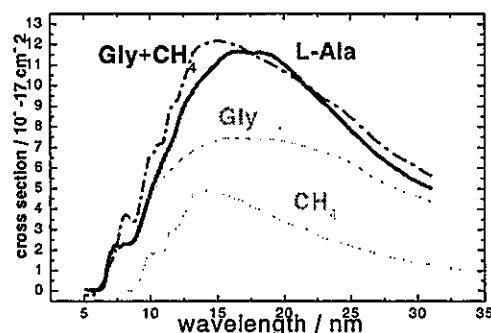


Fig.1 L-Trp 吸収スペクトル

Fig. 2 L-Ala と Gly, CH₄ 吸収断面積

10

熱水環境下における2～5鎖長オリゴアラニンの
反応挙動と効果的伸長経路の発見

Reaction behavior of 2-mer – 5-mer oligoalanine under hydrothermal environments and discovery of a pathway for the efficient elongation

○川村邦男, 西輝之, 崎山智文, 八尾俊男

(大阪府立大学大学院・工学研究科)

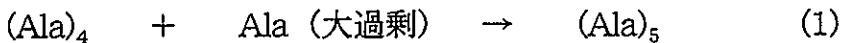
KAWAMURA Kunio, NISHI Teruyuki, SAKIYAMA Tomofumi, YAO Toshio
(Osaka Prefecture University)

kawamura@chem.osakafu-u.ac.jp

緒言：生命は深海底熱水噴出孔のような超高温の海中で誕生したと考えられている。深海底の熱水噴出孔を模した実験ではアミノ酸が重合してオリゴペプチドが生成するがその効率はあまり高くない[1]。熱水起原説が正しいのであればもっと効率の高いオリゴペプチドの生成反応経路があったはずである。我々は熱水環境下でミリ秒レベルの反応を追跡する方法を開発し、核酸やアミノ酸の反応挙動を研究してきた[2]。その結果、アミノ酸は熱水中でラセミ化するとともに多量のジケトピペラジン(DKP)を生成することを知った。DKPの生成反応はオリゴペプチドの伸長にとって阻害過程であるので、もし鎖長の長いオリゴペプチドから伸長反応を始めれば、効率は高まるかも知れない。そこで2から5鎖長のオリゴアラニンの反応挙動を調べた結果、4鎖長のオリゴアラニンからの伸長反応はモノマーからの重合と比べて100倍程度の効率で進行することを発見した[3]。

実験：0.1 M NaCl, 0.05 M MgCl₂, および1 mM の(Ala)₂, (Ala)₃, (Ala)₄あるいは(Ala)₅と0.1 M のAla(pH=7.0)を含む溶液を調製し反応を0.29~137 s間追跡した。生成物は、CROWNPACK CR(+)カラム(ダイセル化学工業)またはCAPCELLPAK C18カラム(資生堂)を用いる2種類のHPLC法、およびMALDI-MASSで分析した。

結果および考察：オリゴアラニン単独の反応では、加熱時間とともにオリゴアラニンが減少しDKPが生成した。(Ala)₃では(Ala)₂よりもDKPの生成速度が大きかった。従って、(Ala)₃では分子内直接環化によってDKPが生成したと推定される。また、(Ala)₄や(Ala)₅からのDKPの生成は(Ala)₂や(Ala)₃と比べて数倍遅かった。また驚くべきことに、(Ala)₄からは微量の(Ala)₅が生成したことが、2種類のHPLC分析法で確認された。さらに、(Ala)₅よりも長い保持時間にピークが見られたので単離してMALDI-MASSで分析した結果、(Ala)₆であることが分かった。(Ala)₄の反応過程ではDKPの生成が遅いこととAlaが認められたことから、(Ala)₄内のペプチド結合が解裂してAlaを生成し、これが(Ala)₄と反応してDKPが生成したものと推定される。従って、もし式(1)のような反応系を設定すればより効率的にオリゴアラニンが生成すると考えられる。



実際0.1~0.2 MのAlaを添加して同様の反応を行った結果、伸長反応が最大10%以上の効率で進むことが分かった。モノマーがオリゴマーに対して過剰に存在するこのような条件は原始地球上でもあり得たであろう。またこの反応は合成過程で有機溶媒を用いない新しいオリゴペプチド合成法としての可能性を持っている。

[1] E. Imai, H. Honda, K. Hatori, A. Brack, K. Matsuno, *Science*, **283**, 831-833 (1999).[2] K. Kawamura, *Bull. Chem. Soc. Jpn.*, **73**, 1805-1811 (2000).[3] K. Kawamura, T. Nishi, T. Sakiyama, *J. Am. Chem. Soc.*, **127**, 522-523 (2005).

11

無機スラリーへの紫外線照射によるアミノ酸の合成

Synthesis of amino acids from inorganic slurry with UV light irradiation

加納 誠介（産業技術総合研究所）

Seisuke Kano (Nat'l Inst of AIST)

緒言：有機物を生成する方法の多くは、原材料に有機物を使用するか、生物などの組織を転用する方法、もしくは生物の作用によって生成する方法である。アミノ酸など工業的にも有用な有機物の場合、これを無機化合物から合成する方法が検討され始めている。これは、これまでにない化学合成法を提案するという意義があるばかりでなく、生命の起原など原始地球上での化学合成のシミュレーションを行う上でも重要な知見を得る方法であると考えられる。

本研究では原始地球のモデルとして、原始海として窒素イオンを含む酸性溶液を考え、原始地球陸に相当するものとして、熱水鉱床でも生成される磷酸カルシウム類のハイドロキシアパタイト(HAp)を仮定した。また、原始大気としてはメタンガスを想定し、原始太陽からは多くの紫外線が照射されていたと仮定した。

実験：総容量1Lの0.2N硝酸HAp懸濁液(過飽和度1.2、初期残存HAp量 5.8g)を4つ口フラスコに入れ、攪拌しながらメタンガスをバーリングした。これに400W紫外線ランプ光(有効ランプ長=15cm)を60cm離れた場所から照射した。フラスコ内の懸濁液温度は50°C程度に保ちながら1ヶ月間放置した。実験終了後の懸濁液をサンプリングし、粒子成分や硝酸成分を除去するなどの前処理によりアミノ酸を抽出した。これに対してまずニンヒドリン反応を確認し、詳細をアミノ酸分析器(日立L-8500型)により分析した。

結果：アミノ酸分析の結果、Fig. 1に示すように数種のアミノ酸(Asp, Thr, Ser, Glu, Gly, Ala, Val, Ile, Leu, およびTyr)が検出された。比較のため実施した紫外線を照射しない場合の懸濁液からも、数種のアミノ酸が検出された。これらのことから、HApは初期の段階では触媒として機能し、アミノ酸が生成されたからはアミノ酸の吸着剤として、主に紫外線等からの保護材として機能していたと考えている。しかしアミノ酸生成メカニズムやHApの機能など、いまだ不明な点は多く、今後合成条件の幅を広げ検討していく計画である。

結論：硝酸とハイドロキシアパタイトおよびメタンガスを原始地球のモデルとし、これに紫外線を照射した系から数種類のアミノ酸を合成することに成功した。

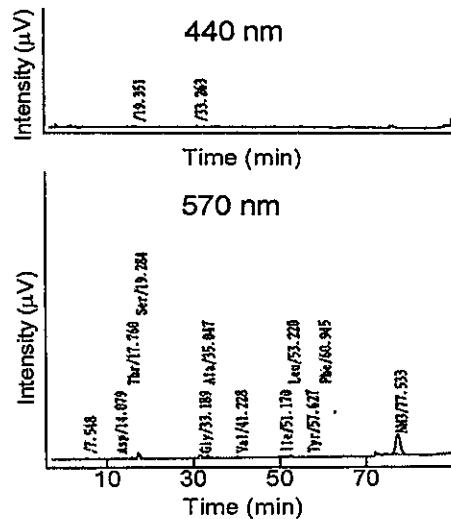


Fig. 1 Chromatogram of HAp/nitric acid suspension.

12

ホスファターゼ活性を用いた海底熱水系地下生物圏の探索 Search of submarine hydrothermal sub-vent biosphere by using phosphatase activity

伊藤有希, 月館孔明, 枝澤野衣, 師井茂倫, 高野淑識*, 丸茂克美**, 浦辺徹郎***
金子竹男, 小林憲正 (横浜国大院工・北大院理*・産総研**・東大院理***)
Yuki Ito, Tadaaki Tukidate, Yae Edazawa, Arimichi, Yoshinori Takano*,
Katsumi Marumo**, Tetsuro Urabe***, Takeo Kaneko and Kensei Kobayashi
(Yokohama National Univ., Hokkaido Univ.*, AIST**, Univ. Tokyo***)

地下に広大な微生物生物圏の存在が知られるようになった。一方、海底熱水系は生命の誕生の場として注目されている。以上のことから、海底熱水系地下の生物圏は、生命の起源・進化・分布というアストロバイオロジーの視点から極めて興味深いものである。われわれは、水曜海山および南部マリアナ深海熱水系のコア試料・チムニー試料中のホスファターゼ活性を測定し、その地下生物圏について考察を行った。

試料は、水曜海山および南部マリアナ海底熱水系から 2002–4 年に採取したコア試料およびチムニー試料を用いた。粉碎した岩石試料は、基質溶液 (25 mM リン酸 p-ニトロフェノール) と混合し、37°Cでインキュベートした後、反応を停止させ、410 nm の吸光度変化を測定し、活性値を求めた。また、Tris 緩衝液 (pH 9.0) により試料から抽出した溶液を用いて活性分子種のキャラクタリゼーションを行った。この場合、活性は 4-メチルウンベリフェリルリン酸を基質とする蛍光光度法により測定した。

水曜海山では、コア試料の下部に活性ピークが存在した。一方、南部マリアナでは、コア試料の表層でのみ活性が検出された。チムニー試料では、熱水と直接接触していた内側の試料よりも外側のものに高い活性が検出された。

チムニーからの抽出液中のホスファターゼ活性から、(1)分子量 10 万程度である、(2)キレート剤の EDTA により阻害される、(3)好熱菌酵素の阻害剤である Levamisole により阻害される、(4)活性分子種の熱安定性や活性の温度依存性が好熱菌由来の酵素に類似する、などの知見が得られた。これは、チムニー中のホスファターゼ活性が、好熱菌由来の金属酵素に由来することを強く示唆する。

以上の知見、およびアミノ酸などの分析結果を合わせると、水曜海山熱水系地下や南部マリアナチムニー内に微生物活動が存在することを示す。また、ホスファターゼ活性測定は、地球外も含めた、新奇生物圏の探索に有用であることが示唆された。

本研究の一部はアーキアンパーク計画の一環として行われた。関係者各位に感謝する。

13

熱水環境下におけるトリカルボン酸の反応と物質代謝 Prebiotic Carboxylation and Possible Ignition of Primitive Metabolism in Submarine Hydrothermal Environments.

根本淳史、今井栄一、本多元、松野孝一郎

(長岡技術科学大学)

A. Nemoto, E. Imai, H. Honda, and K. Matsuno

(Nagaoka University of Technology)

化学進化の場として熱水と冷水が接触している環境が、化学進化において化学反応における物質選択能の出現、ヌクレオチドのリン酸化、そして高濃度アミノ酸のラセミ化による偏り、などに対して有用であることが報告されている。

本研究では、化学進化の段階において物質間で前生物的な反応ネットワークが可能であると考え、熱水環境を実現した反応系における物質間の反応ネットワークを見出すことを目的として実験を行った。

実験は、現存する生物にとって基本的な代謝経路の1つであると考えられているTCAサイクルに着目し、これらの物質を用いて実験的検証を行った。

その結果、(1) TCAサイクル構

成物質である α -ケトグルタル酸、コハク酸、フマル酸の混合溶液を180°Cで反応させた時、同じくTCAサイクルを構成物質であるリンゴ酸が合成され反応180分後には約0.16mM生成されていること、(2) TCAサイクル構成物質7種類すべてとピルビン酸の混合溶液を120°Cで反応させると、クエン酸の濃度が増加すること、しかしピルビン酸や α -ケトグルタル酸など一種類を取り除いた溶液を反応出発に用いるとクエン酸の濃度の増加は抑制されることを明らかにした。

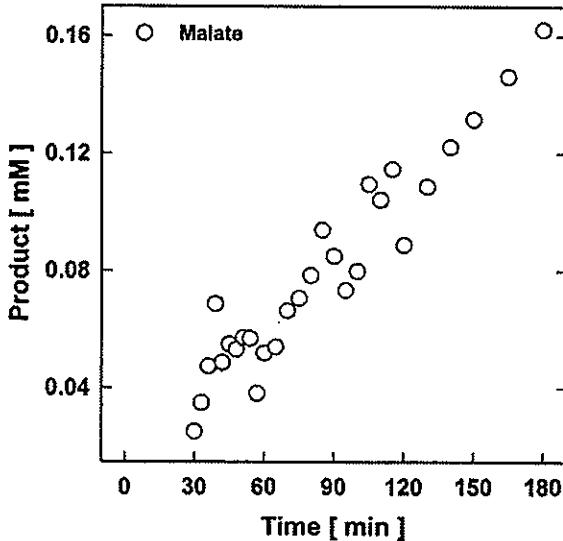


Figure. Time development of the amount of the reaction product from α -ketoglutarate, succinate and fumarate.

以上の結果は、酵素が出現する以前の化学進化の段階において、海底熱水噴出孔近傍の環境下でTCAサイクルを構成する物質が合成されていたこと、TCAサイクルを構成する物質を用いた現存するTCAサイクルの一部もしくは類似した反応ネットワークが酵素を伴わないで実現されていたことを示唆するものである。

14 ガンマ線バーストとパンスペルミア
○横尾 広光（杏林大・保健）

15

アルカリ処理したカオリナイトに対するアミノ酸の吸着挙動について

Adsorption of amino acids by kaolinite treated with alkaline solution

橋爪秀夫 (物質・材料研究機構)

Hideo Hashizume (National Institute for Materials Science)

緒言：粘土鉱物は有機物と親和性があり、生体有機物を吸着することにより有機物を濃縮し、触媒作用によって生体有機物の高分子化に寄与した可能性があることから、生命的の起原に何らかの影響を与えたと言われている。粘土鉱物に10種類のアミノ酸の吸着を試みた。粘土鉱物にはカオリナイトを用いた。カオリナイトの結晶構造には右左があり、また、カオリナイトの端面には不齊な場が存在する可能性があることから光学分割の可能性があると言われている。今回はアルカリ溶液で処理したカオリナイトにグリシンとアラニン、バリン、ロイシン、イソロイシン、プロリン、セリン、アスパラギン酸、グルタミン酸、フェニルアラニンを吸着し、吸着量の比較や光学分割の可能性を調べた。

実験：用いたカオリナイトはアメリカジョージア産のものである。10、100 mmol/lの水酸化ナトリウム溶液80 mlに4gのカオリナイトを加え、17時間攪拌した後、100 mmol/lの塩酸で中和し、遠心分離を行い、固液を分離した。固体は脱イオン水で3回洗浄し、60 °Cで乾燥した。5 mmol/lのアミノ酸のラセミ体溶液7 mlと100mgの処理したカオリナイトをガラス容器に加え、65時間攪拌した後、pHを測定し、遠心分離で固液を分離した。上澄み液と出発溶液を全有機炭素計で分析し、両者の濃度差から吸着量を見積もった。また、円二色性検出器付き高速液体クロマトグラム(HPLC-CD)を用いて、上澄み液中のDあるいはL体の濃度の違い調べた。

結果：Fig. 1に10と100 mmol/lの水酸化ナトリウム溶液で処理したカオリナイトによるアミノ酸の吸着、及び水酸化ナトリウム処理していない場合の結果を示した。グリシンやバリン、グルタミン酸を除いて、高濃度の水酸化ナトリウムで処理したカオリナイトを用いたほうが吸着量は多くなる傾向が見られる。水酸化ナトリウムで処理したことにより、カオリナイト表面が溶解などしたことにより、吸着サイトが増えたと予想される。また、光学分割の可能性については、上澄み液をHPLC-CDで分析した結果、D-あるいはL-アミノ酸の選択的な吸着はほとんど見られなかった。上澄み液中のD体とL体の濃度の差が非常に小さいためと思われる。

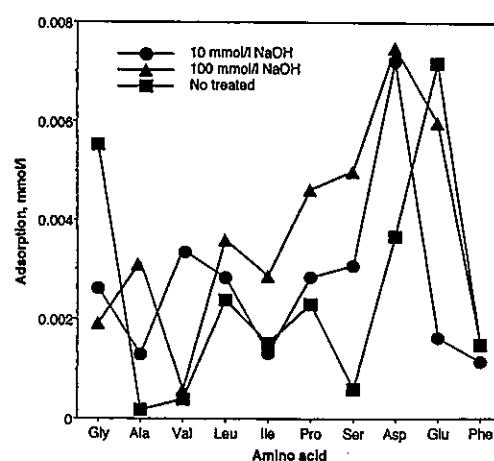


Fig. 1 Adsorption of 10 amino acids by kaolinite untreated and treated with 10 mmol/l and 100 mmol/l NaOH.

16

高温極限環境からの塩基配列情報の直接獲得

Direct discovery of the nucleotide sequence information from
the thermal-environments

河原林 裕(独・産業技術総合研究所)

Yutaka Kawarabayasi

(National Institute of Advance Industrial Science and Technology)

緒言:現在、単離・培養されている微生物の情報から各生物の系統関係や起源に近い生命の存在等が推定されている。しかし、現在単離・培養出来ている微生物は地球上に存在する全微生物のほんの1%程度に過ぎないと書かれている。そこで、現在単離・培養が困難な微生物から塩基配列の形で情報を獲得することを試みた。

実験:伊豆小笠原に存在する海底高温環境である水曜海山から噴出している熱水、及び九州別府並びに霧島地区に存在する天然温泉から採取した沈殿物より得られたDNAを用いて、ショットガンライブラリーの構築を行った。幾つかのクローンの塩基配列を解読し、見出された遺伝子の情報から存在している微生物の系統情報を得ることを試みた。また、得られた遺伝子情報が確かに未知微生物由来である事を確認する為に、大腸菌での発現を試みた。

結果:水曜海山及び別府温泉のサンプルから構築したライブラリー中のクローンの末端塩基配列を解読し既存の塩基配列データベースと比較解析したところ、全ての塩基配列がデータベースに登録されていない新規な配列であることが判った。つまり、大多数のクローンは、これまでに単離・培養されていない微生物由来の塩基配列を含んでいる事が判明した。そこで、無作為に選択したクローンの挿入断片全長の塩基配列を決定していったところ、幾つかのクローンから全生物の生命維持に必須なアミノアシルtRNA合成酵素の全長をコードする遺伝子が見出ってきた。それらの遺伝子の配列を用いた系統関係の解析から、別府温泉にはユーリアーキオータ内の各種古細菌が分離する以前に独立した事が推定される新規な古細菌の存在が見出された。その他、新規真正細菌も別府温泉及び水曜海山から見出してきた。全長が見出された遺伝子を大腸菌での発現ベクターに組み込んで、発現を試みたところ、大部分の遺伝子から蛋白質の生産が確認されたことから、塩基配列として得られた遺伝子情報は、確かに未知微生物由来だと思われる。本研究から、今後も環境から単離・培養が困難な微生物の塩基配列情報を獲得していく事は、生命の進化や起源を知る上で貴重な情報を獲得する有力な手段であることが示された。

17

内因性クリプティック機能ペプチドの系統的同定および機能解析

Identification of endogenous functional cryptic peptides and
investigation of their physiological roles

向井秀仁、染谷和也、植木暢彦

(三菱化学生命研・情報ペプチド工学)

Hidehito Mukai, Kazuya Someya, and Nobuhiko Ueki

(Lab. of Peptide Biosignal Engineer., Mitsubishi Kagaku Inst. of Life Sci.)

ヒトゲノム配列が明らかになった現在、タンパク質の機能解析が大きな研究テーマとなっている。タンパク質が切断されて生じるペプチドは、我々のからだにおいて、構成する細胞・組織間の情報の受け渡しに最も重要な役割を果たしている因子群の一つであり、タンパク質同様、その機能が明らかにされることが待たれている。生体内で機能しているペプチドは、まず前駆体タンパク質として生合成されるが、この状態では機能を持たないものがほとんどであり、タンパク質分解酵素により切断され、初めて機能を持つ成熟体となる。このため生体内機能ペプチドを同定するためには、現在プロテオーム解析で頻用される発現クローニング法などの分子生物学的手法を適用することが難しく、従って現在でも生体から生物活性を指標に精製し化学構造を解析して同定しているのが現状である。我々も生体防御系において中心的な役割を果たしている好中球の機能を調節する生理活性ペプチドを同定するため、ブタ心臓より好中球の活性化を指標に機能ペプチドの精製を行った結果、COSP-1 および fCyt b を同定するに至った。さらに、これらはミトコンドリアタンパク質由来のペプチドであり、ミトコンドリアタンパク質より切断されて初めて好中球刺激活性を持つことが明らかになった。さらに、好中球を活性化するペプチド性因子が多数存在することも示されたことから、このようなタンパク質の配列に隠された機能ペプチドを「クリプティック機能ペプチド」(functional cryptic peptide) と命名した。本発表では、様々な種における遺伝子およびタンパク質配列の相同性に着目し、ヒト遺伝子およびタンパク質配列から機能ペプチドを予測、それらを化学合成して予測した生体機能を持つことを確認することによって、効率的に生理活性ペプチドを同定するという、我々の開発した手法を紹介するとともに、同定した機能ペプチドの進化的な意義についても考察する。

参考文献：

- [1] Mukai, H., Hokari, Y., Seki, T., Nakano, H., Takao, T., Shimonishi, Y., Nishi, Y., and Munekata, E. (2001) *Peptides: The Wave of the Future*, 2001, 1014-1015.
- [2] Mukai, H., Matsuo, Y., Kamijo, R., and Wakamatsu, K. (2004) *Peptide Revolution: Genomics, Proteomics & Therapeutics*, 2003, 553-555.

18

ガラクトース結合レクチンの糖鎖認識機構と分子進化

Sugar recognition mechanism and molecular evolution of galactose-binding lectins

鈴木 龍一郎¹、矢部 力朗^{1, 2}、中村 祥子¹、藤本 瑞³、長谷川 典巳⁴、久野 敦¹、平林 淳¹

(¹産総研・糖鎖工学セ、²筑波大院・生命環境、³農水省・生物研、⁴山形大・理)

Ryuichiro Suzuki¹, Rikio Yabe^{1, 2}, Sachiko Nakamura¹, Zui Fujimoto³, Tsunemi Hasegawa⁴, Atsushi Kuno¹ and Jun Hirabayashi¹ (¹National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, ²University of Tsukuba, ³National Institute of Agrobiological Sciences, ⁴Yamagata University)

レクチンとは、生体内に存在する糖鎖を特異的に認識・結合するタンパク質の総称であり、調べられた限り全ての生物種で見いだされている。なかでも高等生物において認識糖として採択されているガラクトースを認識するレクチンは、その存在が最も多く確認されている。ガラクトースは一般に、糖鎖の非還元末端側に提示されることが多く、特徴的な4-アキシャル水酸基を持ついわば識別子である。生物の進化に伴いガラクトースはまた、末端修飾系糖であるフコースやシアル酸の修飾を受けるが、これは新しい機能を獲得するために終端付加の原理に基づいて進化してきたと考えられている。つまり、これらの糖で修飾されたガラクトースを認識するレクチンは、祖先型レクチンが生物進化上ガラクトースへの修飾と協調して進化した結果、多様な結合能を獲得したと我々は考えている。この理論を支持する例としては、ガラクトース結合レクチンであるガレクチン群やR型レクチン群が挙げられるが、推測の域を超えない。以上の背景から本研究は、ガラクトース認識レクチンを出発タンパク質として分子進化工学的手法により自然界の進化を模倣することで、上記進化理論を証明することにした。

我々は分子進化工学的手法として、改良型リボソームディスプレイ、"RARE"(Ribosome display by Assisting Rare codon cluster Edge)法を用いることにした。目的遺伝子、リンカーおよびレアコドン領域を含むDNAを試験管内で転写・翻訳しmRNA-リボソーム-タンパク質複合体を形成する。この三者複合体から親和性を獲得した複合体を選択し、mRNAの回収・再増幅を繰り返すことで環境に適したタンパク質を効率よく選別・濃縮できる。この手法の特徴は、目的遺伝子の3'末端側にレアコドンクラスターを導入して安定化することで、糖鎖-レクチン間のような弱い相互作用にも適用可能な点である。出発タンパク質としてミミズ由来レクチンEW29(EW29Ch)およびガレクチン-3の糖認識ドメイン(Gal-3CT)を用い、EW29ChおよびGal-3CTをコードする遺伝子中にランダム変異を導入した変異体プールを作製した。ガラクトースへの修飾基を有するリガンドを用いて選択サイクルを実践したところ、これら各ファミリーにおいて本手法が利用可能であることが明らかとなった。本手法によって選択された変異体の糖結合特異性を、フロンタルアフィニティクロマトグラフィー(FAC)を用いて詳細に解析した結果、修飾基への親和性を向上させるかたちで糖結合特異性が改変されたことが確認できた。現在、X線結晶解析により改変レクチン群の構造機能相関を明らかにしている段階である。

参考文献 平林淳「糖鎖の成り立ちから糖の起源を推理する」Viva Origino 29 119–133. (2001).

19

Thermoplasma acidophilum 由来アクチンの特性解明
および真核生物アクチンとの比較検討

**Analysis of Archaeal Actin from *Thermoplasma acidophilum*
and comparison with eukaryotic actin**

○ 原太志、山城寛、根本直樹、太田好則 1)、安永卓生 1)、久永真市 2)、山岸明彦

○ F. Hara, K. Yamashiro, N. Nemoto, Y. Ohta,
T. Yasunaga, S. Hisanaga, A. Yamagishi

東京薬科大学、1 九州工業大学、2 都立大学

緒言：真核生物の主要な細胞骨格タンパク質としてアクチンが知られている。アクチンは様々な機能を持つが最も重要なものとして細胞形態の維持が挙げられる。このアクチンの細菌における相同タンパク質として MreB が報告されている。MreB は桿菌や螺旋菌で見つかっており、アクチンと同様に細胞形態に関わる機能をもつと考えられている。今回の実験は、古細菌におけるアクチン様タンパク質の重合特性や纖維構造を明らかにし、真核生物アクチンと比較検討することを目的としている。

実験：われわれは、細胞壁を欠いた好熱好酸性の古細菌である *Thermoplasma acidophilum* 由来のアクチン様タンパク質 TaMreB が纖維状に重合することを透過電顕により明らかにした。また光散乱法を用いて TaMreB の重合における二価カチオン要求性およびヌクレオチド要求性を測定した。

結果：得られた纖維構造を解析すると TaMreB 繊維を構成する単位構造は、 $5.5 \text{ nm} \times 5.5 \text{ nm}$ である事がわかった。これは真核生物のアクチン纖維にみられるものと近い値である。また TaMreB では、アクチンと同様に二価カチオンにより重合が促進されることが明らかになった。一方、細菌由来の MreB では、アクチンと異なり、二価カチオンにより重合が阻害されることが知られている。次いで重合に必須であるヌクレオチドの特異性を調べたところ、TaMreB はこれら 3 種のアクチン相同タンパク質の中で最も低いヌクレオチド特異性を持つという結果が得られた。

以上の結果から TaMreB はアクチンの起源となったタンパク質が持っていた特性をより多く残していると考えられる。

20

逆転写変異について Reverse transcriptic mutation

多田友人 (第一病院)

Tomohito Tada

(Daiichi Hospital)

緒言：近年、非レトロウイルスであるC型肝炎ウイルス (HCV) 感染による自己免疫現象が認知され、発症機序に興味が持たれている。また、全身性エリテマトーデス (SLE) のdsDNA抗体は、2本鎖DNAに対して特異的に、多量の抗体が出現するが、機序はまだ解明されていない。人以外の動物種における発癌機序の主体はレトロウイルスのRT活性がひきがねとなるが、人にはレトロウイルスの感染は少なく、その理由は解明されてない。以上の点を、仮説にて検討し報告します。

仮説概念：慢性感染中のRNAウイルスにおいて、RNA依存RNAポリメラーゼ (RdRp) の遺伝子に部分変異により、逆転写酵素 (RT) 過程の部分的またはすべての酵素活性をもつ変異株が出現すると考える。RNA依存DNAポリメラーゼ (RdDp) のみの活性が認められるときを不完全型と分類し、DNA抗原の産生の結果として自己免疫機序が誘発される。次に、完全なRT活性が認められる時には、レトロウイルスと同様な癌化機序が発生すると考える。自己免疫型：(1a) RdRp → RdDp (SLE: R2dR2p → R2dD2p) (1b) RT → RdDp 癌化型：(2) RdRp → RT

仮説検証：1) 宿主細胞にはRNAポリメラーゼ活性はまれにしかなく、RNAウイルスは、その増殖のために2種類の酵素を発展させた。RT及びRdRpである。そのアミノ酸配列を比較検討した報告では、両酵素ともよく似ており、進化でもおおきく変化していない。機能部分のアミノ酸の数はさほど多くなく、さらにNTP、d NTPの識別は、糖鎖のOH基の有無のみである。2) RTの機能は、1本鎖RNAウイルスから、2本鎖DNAのプロウイルスを作成、プロウイルスが宿主DNAに組み込まれる。そのプロセスは、RNA-dependent DNA polymerase、RNAase H activities 及びDNA-dependent DNA polymerase の3プロセスによる。3) HCVによる自己免疫現象は、(1a) の機序によると思われる。4) SLEのdsDNA抗体は、人に感染するRNAウイルスのほとんどは1本鎖であるが、2本鎖ウイルスであるレオ科ウイルスは、仮説から考えると、SLEの発症原因ウイルスとして理想的なウイルスである。dsDNA+ウイルス関連蛋白が産生され、細胞壊死により流血中にはらまかれ、dsDNA抗体や免疫複合体が形成される。5) SLE疾患モデル動物にレトロウイルスの感染が見られたり、HIVやHTLV-1感染症に見られるSLE様の症候は、(1b) の機序、RdDp作用のみと考える。6) 人は、動物よりも長生きする。(2) による癌化の可能性を検討する必要があると思われる。以上に対して、特に、HCV-RdRpが、RdDp活性を持つように変化させることが、可能であるのか、御意見をいただければ、幸いです。

21

IVV 法を用いた相互作用解析からのタンパク質機能単位の探索

Search for functional units of proteins by the analysis of protein-protein interactions using IVV

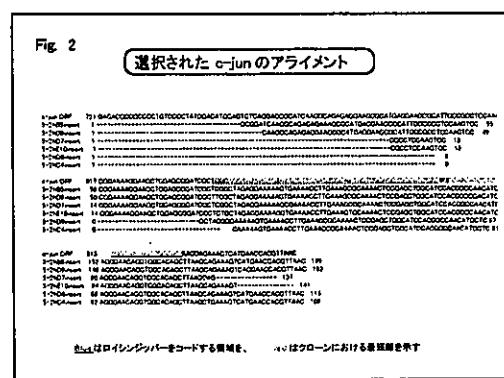
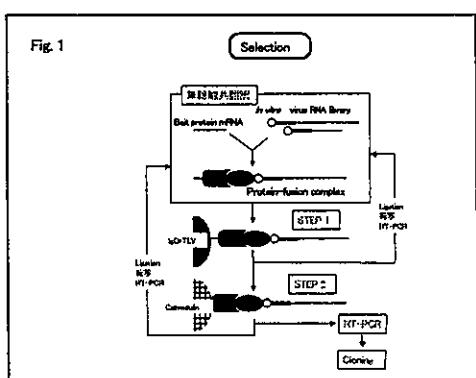
○石坂正道、宮本悦子、柳川弘志（慶應大学・院理工）

Masamichi Ishizaka, Etsuko Miyamoto-Sato, Hiroshi Yanagawa
(Keio Univ., Grad. Sch. Sci. & Tech.)

タンパク質はドメインシャッフリングにより進化した側面があることから見ても、タンパク質を機能領域単位で理解することは重要である。IVVによるタンパク質間相互作用解析は領域探査を同時に行うため、進化的な側面からも有用な手段であるといえる。

実験方法: IVV用RNAライブラリーを、polyA+ RNAを用いて、cDNA合成、転写によるmRNAs変換後、スペーサー結合により準備した。ベイトタンパク質用mRNAを、c-FOSのb-Zip領域とタグ配列を結合したmRNAをPCRとin vitro転写により準備した。セレクションは、RNAライブラリーとベイトタンパク質mRNAをwheat germ由来のin vitro translation系を用いて共発現させた後、Ig Gビーズによる選択、カルモジュリンビーズによる選択を行い、ベイトタンパク質-IVV分子複合体を回収した(Fig. 1)。セレクションを数ラウンド行い、ベイト結合IVV分子を濃縮した後、濃縮した個々のIVV分子の配列をクローニングにより決定、ベイトとの結合確認およびアライメント解析を行った。

結果: c-FOSをベイトとしたセレクションにより、相互作用することが知られているc-JUNを含む幾つものタンパク質を検出した。検出したc-JUNをコードするクローナン用いたアライメントを行うとロイシンジッパーモチーフが検出できた(Fig. 2)。これはロイシンジッパーを持つ領域が独立した単位となってタンパク質間の結合という機能を担っていることを示唆している。



特 別 講 演
(SL-2)

SL2

細胞内共生は進化の原動力

Endosymbiosis acts as the Motive Force for Biological Evolution

原 慶 明(山形大学)

Yoshiaki HARA (Yamagata University)

真核細胞が原核細胞による細胞内共生を起源とする「共生説」は核の起源が未だ客観的に説明できていない以外、広く受け入れられている。しかも、成立した真核生物（化石の証拠でおよそ15億年と見積もられる）が爆発的に多様化し、細胞内共生が生物進化に深く関与し、その原動力として働いたことも多くの説明を要しない。しかし、このように多様化した真核生物が全く系統の異なる真核細胞の共生体を取り込み、再び細胞内共生したこと、その細胞内共生後、両者の間で形態的、生理的、遺伝的な再編・統合が起こり、新たな系統を誕生させ、進化の原動力として寄与したことはあまり知られていない。これは地道な微細構造学的知見の蓄積や分子系統解析法の急速な進展により、特に植物や藻類、すなわち真核光合成生物の世界で明らかにされてきた経緯がある。演者の専門分野である植物系棟分類学の視点から、この進化キメラ細胞とも呼べる真核－真細生物間の細胞内共生(evolutionary chimaera)がどのような研究を背景として明らかにされ、真核光合成生物(植物界=Plantae はもちろん藻類=Algae はもはや自然集団としての呼称にはなり得ない)の進化や成り立ちの解明に関与したか概説し、それを基盤として、我々はこれから生物の世界(Domain Living Things)をどのように理解すればよいのか、最近の見解を例示し、言及したい。

現在の「植物=真核光合成生物」の分類体系で認識されている高次分類群(門=phylum のレベル)がどのような光合成生物を細胞内共生によって取り込み、光合成器官の色素体を獲得したかを簡単に示しておきたい。1次共生の生物は色素体の起源が原核生物のシアノバクテリアで、紅色植物、緑色植物・灰色植物が相当する。2次共生の生物は色素体の起源が紅色植物のクリプト植物・不等毛植物・ハプト植物・真眼点植物と緑色植物が起源のユーグレナ植物・クロララクニオン植物に識別できる。3次共生の渦鞭毛植物は2次共生のクリプト植物や不等毛植物を起源とするが、細胞内共生後の再編・統合にいくつかの異なる段階が認められている。

いずれの植物門レベルで認識できる分類群は核ゲノムに基づく系統分析でそれらの単系統性が支持され、しかも色素体の微細構造学的特徴も共通していることが判かる。しかし、それら分類群間で強い系統類縁を示す関係ではなく、むしろ他の原生生物(Protista)との近縁性が浮かび上がってくる。その理由は分類群毎に異なり、そこに細胞内共生のいたずらが見えてくる。それらのいくつかを紹介し、絡んだ進化の糸をほぐしてみたい。

最後に、その結果、「植物」をどのように位置づけたらよいのか、代表的な2つの分類体系とその根拠、さらに昨年国際生物学賞を受賞したCavalier-Smithの考えに基づいて、最近公表され、今後広く採用されることが予想される真核生物の世界(Empire Eukarya)の6界説(実際には分類階級としてKingdomではなくCladeを用いている)を解説する。

シンポジウム
(S 1 - S 5)

S1

HCV NS3 プロテアーゼならびにヘリカーゼを標的とした機能性核酸の開発とその応用

Isolation and characterization of functional RNAs specific for HCV NS3 protease and helicase

○福田宏太郎¹、西川富美子²、模原琢哉^{1,2}、菊池邦生¹、西川諭²、長谷川典己¹

(¹山形大・理、²産総研・年齢軸)

Kotaro Fukuda¹, Fumiko Nishikawa², Takuya Umehara^{1,2}, Kunio Kikuchi¹, Satoshi Nishikawa², Tsunemi Hasegawa¹ (¹Yamagata Univ., Fac. Sci., ²AIST, ADRC)

【研究背景と目的】 C型肝炎ウイルス (HCV) は非A非B型肝炎の病原体で、慢性肝炎の主要原因である RNA ウィルスである。現在までのところ、C型肝炎の治療にはインターフェロンが主に用いられている。しかしながら、より有効な治療薬が存在していないため、その開発が急務とされている。HCV の非構造蛋白質である NS3 は、N 末端側約 1/3 のプロテアーゼドメイン、C 末端側約 2/3 のヘリカーゼドメインから成り、それぞれの活性は HCV の増殖に必須である。そこで HCV の NS3 プロテアーゼならびにヘリカーゼを標的とした新規機能性核酸を *in vitro selection* 法によって獲得し、それらの阻害剤としての応用を試みたので報告する。

【NS3のプロテアーゼドメインに対するRNAアプタマー】 抗 HCV 阻害剤を開発するために、NS3 のプロテアーゼドメイン (Δ NS3) に特異的に結合する RNA アプタマー (G9 アプタマー; G9-I, G9-II, G9-III) を *in vitro selection* 法によって獲得した。*In vitro* の解析結果、G9 アプタマーが Δ NS3 のプロテアーゼ活性を顕著に阻害すること、そしてこの機能にはループ構造を形成すると推定される共通配列が必要であることが判明した。

【NS3のプロテアーゼとヘリカーゼの両活性を阻害するRNA】 NS3 が有するヘリカーゼ活性を抑制するため、 Δ NEO-III (プロテアーゼアプタマーの最小機能構造) の 3'末端に (U)14 配列を付加した NEO-III-14U を新たに作製した。NEO-III-14U が G9-I や Δ NEO-III と同等に、Full-NS3 のプロテアーゼ活性を阻害することを明らかにした。さらに NEO-III-14U は、Full-NS3 のヘリカーゼ活性も阻害することが判明した。

【HCV NS3ヘリカーゼに対するRNAアプタマー】 HCV NS3 ヘリカーゼドメインを標的とし、*in vitro selection*を行った。得られたほとんどのアプタマーが *in vitro* のヘリカーゼ assay 系において阻害効果を示し、1 当量で 50%以上の強いヘリカーゼ活性阻害効果を示すものも見られた。クローン間で保存されている配列も存在し、全体の構造的特徴を検討しながら様々な変異体を作製し、活性領域の同定を行った。その結果、5'側に突出した一本鎖構造と保存配列からなるステムループ構造を持つものがヘリカーゼ活性に対する阻害活性が高かった。

【RNAアプタマーの培養細胞への応用】 RNA アプタマーの培養細胞への応用を考え、HDV リボザイムと NS3 アプタマーのキメラ体 (HA) を作製した。次に CTE 付加型 HDV-NS3 アプタマー (HAC; 1 ユニット) を CAG プロモーターの下流に導入し、発現ベクターの構築を行った。さらに、HAC のコピー数を上げるために、ユニット数 (n; 1-4) を増加したものを構築し、培養細胞に導入した。その結果、NS3 のプロテアーゼ活性阻害が観察された。

S2

RNAワールドテクノロジー：
強力プロテアーゼを阻害するRNAの創製
RNA World Technology:

Artificial RNA inhibitors against a highly active protease

菊池 洋 (豊橋技術科学大学)

Yo Kikuchi (Toyohashi University of Technology)

生命の起原をRNAとする「RNAワールド仮説」は広く知られている。RNAが進化の末に現在に続くDNA-タンパク質ワールドを作ったと考えられている。これが真実ならば、RNAは、現細胞で見られる機能以外の機能もかつて持っていた可能性がある。すなわち現在の生物界には残っていないが、RNAワールド時代にあったであろうRNA機能の多様性の中には、現代の我々の想像をはるかに超える機能を持つRNAが存在したと考えてもおかしくはない。そのような考え方から、RNAの潜在能力を引き出す方法が考えられている。ランダム配列のRNA集団の中から機能性RNAを引き出す「RNAアプタマー創製法」もそのような方法の一つである。ここでは、演者らが行った枯草菌のタンパク質分解酵素サチライシン（ズブチリシン）に結合能をもつRNAアプタマーの創製を紹介したい。サチライシンは、工業的にも広く利用されている非常に高活性な微生物菌体外酵素である。核酸との相互作用はないものと思われる。このような高い活性をもつ酵素を阻害するRNAアプタマーを作ることができるであろうか？そのような単純な疑問から演者らは、サチライシンに対するRNAアプタマーの創製を試み、特異性の高いRNA型阻害剤の創製に成功した。このことは、天然に存在しないサチライシン-RNA間の特異的相互作用を創製したことになり、将来的にはより高度な酵素の機能変換素子としてのアプタマーの開発が期待できる。このように自然界にはなかったRNAの機能の開発技術を「RNAワールドテクノロジー」と呼んだらどうだろうか。今回得られたアプタマーは、我々の想像をはるかに超える機能と言うほどではないが、微生物プロテアーゼに対する初めてのRNA型阻害剤であり、サチライシンの安定化剤、プロテアーゼ活性の分子スイッチとして機能できるものと期待される。このような、単純なアプタマーの利用についても討論したい。

S3

超好熱性古細菌由来RNA結合蛋白質および 標的RNAの試験管内選択

In vitro selections of RNA-binding proteins and their target RNAs
in a hyperthermophilic archaeon, *Pyrococcus furiosus*

金井 昭夫 (慶應義塾大学 先端生命科学研究所)
Akio Kanai (Institute for Advanced Biosciences, Keio University)

緒言：私たちの研究室では超好熱性古細菌 *Pyrococcus furiosus* を用いて、ポストゲノム時代を考えた RNA 研究を行なっているが、この主たる理由は以下の通りである。 (a) 本古細菌はゲノムサイズが約 2,000 kb しかなく、そこから想定される蛋白質は 2,000 種程度のこと（もちろん全塩基配列が決定されている）、(b) 超好熱性古細菌であるから、由来する数多くの蛋白質が単離、精製した後にも耐熱性を示し、極めて生化学的な解析に適すること、(c) 超好熱性の古細菌は進化的に、かなり生命の起源に近いと想像されており、しかも遺伝子の制御系は真核細胞生物のそれを、よりシンプルにしたものであると考えられること、さらに(d) RNA ワールド仮説を考えにいれると、極めて原始的な菌で RNA の代謝を研究すれば、遺伝子制御の根幹に関わるような発見が出来る可能性があるからである。つまり、この古細菌のゲノムを何らかの指標でスクリーニングし、RNA 代謝に関わるような因子を網羅的に探索するべきだと考えたのである。

方法と結果：上記古細菌由来の蛋白質ライブラリを作成し、そこに見出される活性を指標に対応する遺伝子を試験管内でより分けるというシステムを構築した(1)。すなわち、古細菌由来の遺伝子を大腸菌の発現系を用いて産生し、組換え体蛋白質のプールとした後、同古細菌由来の蛋白質が耐熱性を有することを利用して、熱処理(85°C 15分間)を行うことで、大腸菌由来の活性を失くし、バックグラウンドの低いアッセイ系を構築した。本システムでは、相同意ではなく活性で網羅的に蛋白質を分類していくために、新規のものが見つかりやすい。また、これまで他の機能を有すると分類されていたものの中に、新しい特質（例えば RNA と相互作用するなど）を付け加えることが可能になった。特定の配列や構造を有した RNA との結合などを指標に、これまで、FAU-1 と命名した RNA のステム-ループ結合蛋白質(1)や古細菌のチミジン合成酵素(2)などが RNA 結合性を有することを見出している。一部の蛋白質においては、ランダムな配列を有した RNA プールより、標的となる RNA 配列の選択実験を行なっており、RNA のもつ 2 次（高次）構造とその結合蛋白質をシステムティックに同定していく研究の重要性について議論したい。

参考文献：

- 1) Kanai A. et al. : *Biochem J* 372, 253-261, 2003
- 2) Kanai A. et al. : *Biochem J* 393, 373-379, 2006

S4

進化分子工学から生まれた
ピューロマイシンテクノロジー(IVV法とC末端ラベル化法)
によるタンパク質相互作用解析 -そこから学ぶ進化の多様性-

Puromycin technology

originated from evolutionary molecular engineering
for analyses of protein interactions

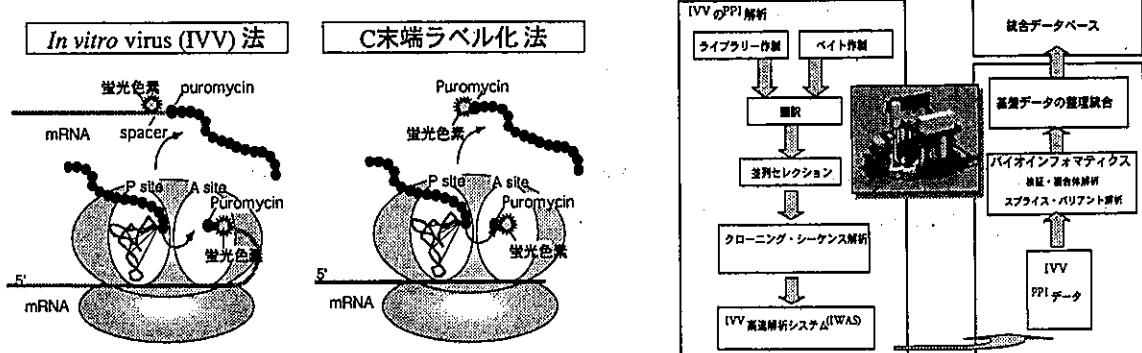
宮本悦子、柳川弘志

Etsuko Miyamoto-Sato & Hiroshi Yanagawa

慶應義塾大学理工学研究科

Keio University, Graduate School of Science & Technology

1980年代に入り、Cechらはリボザイムを発見し、従来の生命の起源論に対しRNAが最初の生命体であったとする新しい視点を提供し、RNAワールド仮説を生み出した。1990年代に入り、RNAワールド仮説の検証を目的としてJoyceやSzostakらは、RNAの進化分子工学として試験管内進化系(*in vitro* selection系)を構築し、様々な機能を持ったRNA(人工リボザイム)を創出した。その技術を土台として、蛋白質の進化分子工学として試験管内進化系(*in vitro* selection系)が、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、我々の研究も含めて発展してきた。進化分子工学とは、分子レベルのダーウィン進化を利用し、目的の蛋白質を得ようとするものである。進化分子工学において、mRNA(遺伝子型)と蛋白質(表現型)の対応付けをいかに実現するかが大きな課題であった。我々は、ピューロマイシンが低濃度では特異的に全長蛋白質と連結できることを見出した。この性質を利用し、無細胞翻訳系のリボソーム上でピューロマイシンをリンカーとして、遺伝子型と表現型を連結することで解決し、*in vitro* virus(IVV)を構築した。ピューロマイシンのこの性質はまた、蛋白質のC末端ラベル化を可能とし、これら2つの技術を総称してピューロマイシンテクノロジーと呼ぶ。近年ゲノム解読が進み、ゲノム解読後(ポストゲノム)のプロテオーム研究で、進化分子工学のみならず、大規模ゲノムネットワーク解析を通して、生物進化の多様性を探索するためのツールとしての新しい展開の可能性について述べる。



S5

ブロックシャッフリングによる新規タンパク質の創出

Creation of novel proteins by block shuffling

○柳川 弘志、鬼丸 美智子、辻 融（慶應大・院理工）

Hiroshi Yanagawa, Michiko Onimaru, Toru Tsuji (Keio Univ., Sch. Sci. & Tech.)

我々は、ブロックシャッフリングによる新規タンパク質の創出に取り組んでいる。ブロックとは二次構造、モジュール、機能モチーフなど、球状タンパク質の構造や機能の単位と考えられているペプチドである。進化を経て選択されてきた天然のタンパク質のアミノ酸配列の文脈の中で構造や機能の単位となったブロックを、新たに組み合わせたポリペプチドでも天然のタンパク質がとり得る複雑なエネルギー地形を形成し、構造の多様性および機能、特に相互作用する対象分子の多様性をもち得るのではないかと考え、以下の実験を行った。

ヒト・エストロゲン受容体のリガンド結合ドメイン (hER α LBD)を二次構造とエキソンの境界で10個のブロックに分割した。RM(Random Multi-Recombinant)-PCR法¹⁾を用い、人工の選択的スプライシングDNAライブラリーを構築つつ、点突然変異も同時に導入した。このライブラリーをもとに、*in vitro virus*(IVV)²⁾ライブラリーを構築し、本来のリガンドであるエストロゲンとは構造が似ていないGTPに結合能をもつポリペプチドの取得を目指した。小麦胚芽抽出無細胞翻訳系により表現型であるタンパク質と遺伝子型の対応付けをし、タンパク質のC末端に付加したHisタグにより、無細胞翻訳反応液からIVVライブラリーを精製した。GTP固定化樹脂を用いてアフィニティクロマトグラフィーを行い、GTPに結合能をもつIVVを選択した。結合、洗浄後にフリーのGTPで溶出回収された分子数を遺伝子型であるmRNA/DNA部分を利用してreal-time PCR法により見積もり、クロマトグラムを作成した。溶出画分をPCRにより増幅し次のラウンドのDNAライブラリーとし、3ラウンドの選択実験を行った。

選択された数個のクローンについて個々の回収率を求めたところ10%程度の回収率を示す3種のクローンを得た。これらのクローンはmRNA/DNAの部分のみでは回収率が1%以下であり、タンパク質部分がGTPへの結合に必須であることが確認された。そこで3種のクローンを大腸菌で発現、精製し、GTPに対する親和性を測定したところ、いずれのタンパク質もGTPに対して数百nMオーダーのKd値を示し、かつ高い結合特異性を示すことがわかった。GTP結合タンパク質の選択、発現、精製と性質について報告する。

1. Tsuji, T., Onimaru, M., & Yanagawa, H. (2001) Nucleic Acids Res., 29, e97

2. Miyamoto-Sato, E., et al. (2003) Nucleic Acids Res., 31, e78

一 般 講 演
(2 2 - 2 8)

グリシン tRNA アイデンティティーの進化 Evolution of glycine tRNA identity

○岡本 幸司¹、久野 敦²、長谷川 典巳^{1,3}

(¹山形大院・理工、²産総研、³山形大・理)

Koji Okamoto¹, Atsushi Kuno² and Tsunemi Hasegawa^{1,3}

(¹Grad. Sch. Sci. Tech., Yamagata Univ., ²Natl. Inst. Adv. Ind. Sci. Tech., ³Fac. Sci., Yamagata Univ.)

(緒言)

グリシル-tRNA合成酵素(GlyRS)によるグリシン tRNA の認識機構(グリシン tRNA アイデンティティー)は、真正細菌では大腸菌や *Thermus thermophilus*、真核生物では酵母、ヒトなどの系でその全体像がほぼ明らかにされている。それらの報告から、両生物界のグリシン tRNA アイデンティティーを比較すると、グリシン tRNA のアンチコドンの 2 文字目(C35)、3 文字目(C36)および識別位塩基(真正細菌は U73、真核生物は A73)がともに GlyRS による強い認識部位であることは共通であるが、アクセプターステムに関しては、真正細菌の GlyRS は 1 番目(G1-C72)と 2 番目(C2-G71)の塩基対、一方、真核生物では、2 番目(C2-G71)と 3 番目(G3-C70)の塩基対が認識部位となっており、両生物間で大きく異なっている。しかし、第 3 の生物といわれる古細菌のグリシン tRNA アイデンティティーは全く解明されていない。そこで我々は、1999 年に全ゲノム配列が明らかにされた超好熱好気性古細菌 *Aeropyrum pernix* K1 を研究対象とし、*A. pernix* 系でグリシン tRNA アイデンティティーを解明し、真正細菌または真核生物のグリシン tRNA アイデンティティーと比較することで、その分子認識機構の進化を明らかにすることを目的に研究を行うことにした。

(実験法)

実験に用いた GlyRS は、N 末端にヒスチジンタグを融合させた発現ベクター pET30/GlyRS を大腸菌 BL21(DE3)株へ形質転換し、大量発現させた後、Ni-NTA カラムでアフィニティー精製した。各変異体グリシン tRNA (アンチコドン、識別位塩基およびアクセプターステムに変異を導入した)は T7RNA ポリメラーゼによる試験管内転写反応によって作製した。これら変異体グリシン tRNA と GlyRS および [¹⁴C]-グリシンを用いてグリシン受容活性を測定した。

(結果および考察)

A. pernix のGlyRSは、グリシンtRNAのC35とC36をともに強く認識しており、アクセプターステムについては、C2-G71およびG3-C70塩基対を認識部位としていたが、A73を殆ど認識していなかった。以上の結果から、*A. pernix* のグリシンtRNAアイデンティティーは、アントコドンに関しては他の生物界と同様であるが、アクセプターステムの認識機構を見ると真核生物タイプであると考えられる。しかし、驚くべきは、生物界および生物種を問わず、GlyRSが識別位塩基を強く認識しているのが通常と考えられていたが、*A. pernix* の系ではGlyRSが識別位塩基を認識していない点である。つまり、*A. pernix* のグリシンtRNAアイデンティティーは、他の生物種と比べデータミナントが1塩基少なく、その分子認識機構がやや真核生物寄りで且つ進化の流れの根本にあるのではないかと推測できる。

23

超好熱古細菌 *Aeropyrum pernix* K1 の
ヒスチジンtRNAアイデンティティーの進化
Evolution of histidine tRNA identity of
hyperthermophilic archaeon, *Aeropyrum pernix* K1

○永豊 由加里¹、岩城 隼¹、久野 敦²、長谷川 典巳^{1,3}

(¹山形大院・理工、²産総研、³山形大・理)

○Yukari Nagatoyo, Jun Iwaki, Atsushi Kuno and Tsunemi Hasegawa

¹Grad. Sch. Sci. Tech., ²Natl. Inst. Adv. Ind. Sci. Tech., ³Fac. Sci., Yamagata Univ.

タンパク質生合成の過程において、DNA の持つ遺伝情報が mRNA に転写され、アダプター分子である tRNA を媒介して遺伝情報どおりのアミノ酸配列を持つタンパク質の合成を行うことは、生物にとって極めて重要である。アミノアシル-tRNA 合成酵素(ARS)は、対応するアミノ酸種 tRNA とアミノ酸のみを厳密に認識し、アミノアシル化反応を触媒することで遺伝情報にもとづくアミノ酸をタンパク質へ導入することができる。生体内における、このような ARS による tRNA の正確な認識と識別の分子機構は tRNA アイデンティティーとよばれている。tRNA アイデンティティーは、真正細菌である大腸菌ではほぼ解明されており、真核生物でもある程度の研究が進んでいるが、古細菌の報告例は少ない。そこで我々は、九州トカラ列島小宝島の浅海硫氣孔から発見され、1999 年に日本のプロジェクトチームによって全ゲノム配列が解明された超好熱古細菌 *Aeropyrum pernix* K1 のヒスチジル-tRNA 合成酵素によるヒスチジン tRNA の認識と識別の分子機構の解明を行った。ヒスチジン tRNA は他のアミノ酸種 tRNA と比べ、5'末端側に 1 塩基余分に G 残基(-1G)が存在している。-1G は、真正細菌では遺伝子にコードされているのに対し、真核生物では遺伝子にコードされておらず、tRNA^{His} guanylyltransferase(Thg1)が-1G を付加する。ほとんどの古細菌においては、真正細菌と同様に-1G がコードされているが、ユーリアーキオータ界に属する *Methanopyrus kandleri* では、-1G は遺伝子にコードされておらず、真核生物の場合と同様に Thg1 ホモログが-1G を付加すると考えられている。これまでに大腸菌や酵母では、この特徴的な-1G が HisRS により強く認識されていることが報告されている。真正細菌の場合と同様に *A. pernix* のヒスチジン tRNA にも-1G が遺伝子にコードされており、この-1G がアミノアシル化活性にどのように影響するかを調べた。その結果、-1G tRNA^{His} では高い活性が得られたのに対し、△-1G tRNA^{His} では活性が著しく低下した。これらの結果から、他の多くの生物と同様に、*A. pernix* のヒスチジン tRNA にも-1G が存在しており、大腸菌や酵母と同様に-1G が重要な認識部位であることがわかった。また、識別位塩基、-1G、アンチコドン部分に点変異を導入し、ヒスチジル化反応を行ったところ、識別位塩基の認識は弱く、また、-1A や-1C でも高い活性が得られることから、-1位の塩基の存在が重要であると考えられる。アンチコドンは全く認識に関与しておらず大腸菌の認識に近いこともわかった。これらの結果から、古細菌 *A. pernix* のヒスチジン tRNA 認識は真正細菌の認識に類似していることが示唆された。

24

tRNA アイデンティティーからみた古細菌由来
トリプトファン-tRNA 合成酵素の分子進化
Molecular evolution of archaeal tryptophanyl-tRNA synthetase
as seen by tRNA identity

○土屋 渉¹、久野 敦²、長谷川 典巳^{1,3}

(¹山形大院・理工、²産総研、³山形大・理)

Wataru Tsuchiya¹, Atsushi Kuno² and Tsunemi Hasegawa^{1,3}

(¹Grad. Sch. Sci. Tech., Yamagata Univ., ²Natl. Inst. Adv. Ind. Sci. Tech., ³Fac. Sci., Yamagata Univ.)

<序論> タンパク質生合成過程において、アミノアシル-tRNA 合成酵素 (ARS) は対応する tRNA とアミノ酸を特異的に認識し、厳密なアミノアシル化反応を行う基本的な役割を担っている。そのため、ARS と tRNA は生命誕生初期から存在する分子と考えられ、その認識機構を解明することは分子進化の過程を知る手がかりとなりうると考えられる。現在までに古細菌についての tRNA 認識機構の解明についての報告は極めて少ないが、大腸菌においてはほぼ解明されている。トリプトファンの系については、アンチコドン CCA、識別位塩基 G73 およびアクセプターステム末端の 3 塩基対 A1-U72、G2-C71、G3-C70 が識別に関与していると報告されている。しかしながら、古細菌および真核生物のアクセプターステム末端の塩基対は大腸菌に代表される真正細菌のものとは異なる塩基対 G1-C72 であり、しかも、真核生物に属する *Saccharomyces cerevisiae* ではこの末端塩基対および識別位塩基は認識されず、アンチコドン 1 文字目 C34、2 文字目 C35 のみを識別しているという真正細菌とは大きく異なる結果の報告がなされている。そのため、古細菌のトリプトファン tRNA の認識機構を解明することは、三大生物界の分子進化を考える上で大変興味深い。よって、この ARS によるトリプトファン tRNA の分子認識を解明することを目的に、すでに日本で全ゲノム配列が解明された超好熱古細菌 *Aeropyrum pernix* K1 由来のトリプトファン-tRNA 合成酵素 (TrpRSAP) によるトリプトファン tRNA の認識機構の解明について研究をおこなった。

<結果および考察> 大腸菌では認識に関わっているとされるアクセプターステムに種々の変異を導入し、トリプトファン受容活性を比較した結果、識別位塩基 A73、アクセプターステム末端の 1 番目 G1-C72、2 番目 G2-C71 の塩基対が認識されているという結果が得られた。また、通常はモノリン酸である 5'末端のリン酸基をトリリン酸化および脱リン酸化するだけでトリプトファン受容能が著しく低下するといった非常に興味深い現象がみられ、この 5'末端のリン酸基が TrpRSAP との相互作用に大きく関わっていることを示唆するものであると考えられる。アンチコドンの認識についても同様に、tRNA に変異を導入しトリプトファン受容活性を比較した結果、C34、C35 は厳密に認識されているが、A36 の認識については弱いことが明らかとなった。以上の結果から、塩基が大きく変化しているにも関わらず、TrpRSAP によるトリプトファン tRNA の認識部位は、真正細菌の場合とかなり類似していることを明らかにした。しかし、アクセプターステム末端付近と A36 の認識が比較的弱いという真核生物の特徴をも有しており、*A. pernix* の tRNA 認識機構は真正細菌と真核生物の中間の性質を持っていると考えられ、古細菌の tRNA と ARS の分子進化を考える上で大変興味深い。

25

生命の起原における [GADV]-アミノ酸の意義 Significance of [GADV]-amino acids on the origin of life

池原健二¹、中野史保子² (¹奈良女大・理・化、²奈良女大・人間文化・化)

K. Ikehara¹, S. Nakano² (¹Dept. Chem., ²Chem., Human Cult., Nara Women's Univ.)

[序論] 私達はこれまで遺伝子や遺伝暗号、タンパク質など生命の基本システムに関する起原と進化についての考察を発表するとともに、独自の生命の起原に関する[GADV]-タンパク質ワールド仮説についても提唱してきた(1-2)。この考え方方が正しいとすると、最も初期のタンパク質は遺伝子不在下で擬似複製によって増幅された4種のアミノ酸からなる[GADV]-タンパク質で、生命はこの[GADV]-タンパク質の働きに基づいて生み出されたということになる。今回は生命の起原に際して、なぜ、グリシン[G]、アラニン[A]、アスパラギン酸[D]、バリン[V]という4種のアミノ酸がなぜ生命の起原に至る過程で有効に機能できたのかを理論的に考察したので報告する。

[解析方法] アミノ酸の4つの性質(疎水性/親水性、 α -ヘリックス、 β -シート、 β -ターン形成能)を表す因子については、Stryer の “Biochemistry” に記載されている数値を使用した。また、4つの性質を座標軸とする4次元空間に個々のアミノ酸が持つそれらの数値をプロットし、各アミノ酸間の4次元空間内での距離を求めた。

[結果と考察] 天然の20種のアミノ酸の4次元空間での距離をすべての組み合わせで求めた結果を用いて、遺伝暗号表のG, C, A, Uで始まる遺伝暗号がコードするアミノ酸毎に示すグラフや図を作成したところ、Gで始まる遺伝暗号によってコードされるアミノ酸間の距離が他の段のアミノ酸の平均的な距離に比べて相対的に遠く離れていることが分かった。このことは Gで始まる遺伝暗号によってコードされる[GADV]-アミノ酸をランダムに選択し、結合させることによって形成されるタンパク質だからこそ、高い確率で際立った疎水的領域と親水的領域を形成できることや α -ヘリックスなどの二次構造を安定に形成できることなどタンパク質の構造形成の観点から見ても、[GADV]-アミノ酸は好都合にできていることが分かった。これらの結果も、生命が[GADV]-タンパク質を基礎として生まれたという私達の[GADV]-タンパク質ワールド仮説を支持していると考えができる。

- (1) Ikehara, K. Possible steps to the emergence of Life: The [GADV]-protein world hypothesis. *Chem. Record*, 5, 107-118 (2005).
- (2) Oba, T., Fukushima, J., Maruyama, M., Kurushima, R. and Ikehara, K. Catalytic activities of [GADV]-peptides. *Orig. Life Evol. Biosph.*, 35, 447-460 (2005).

26

The Chiral Symmetry Breaking derived from the fifth apical
ligand molecule of the square pyramidal tetradeятate
five coordinated copper complexes

Takayuki kato,^{†*} Mikio Yamasaki,^{††} and Kunihisa Sugimoto^{††}

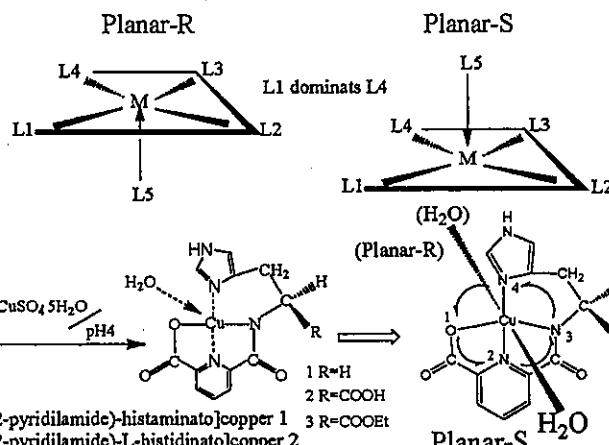
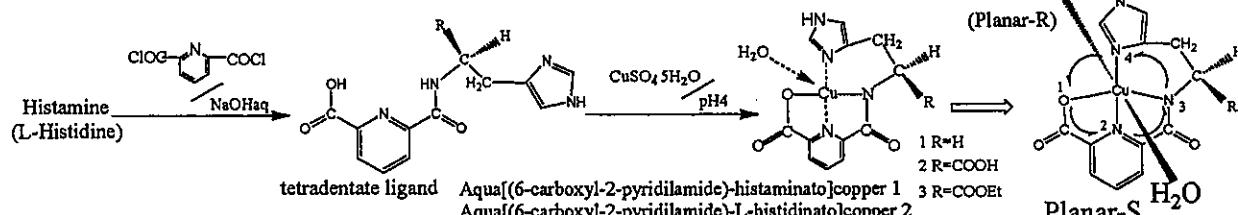
[†]School of Engineering, Ashikaga Institute of Technology, 268-1 Omae Ashikaga, Tochigi,
326-8558, Japan (e-mail:tkato@ashitech.ac.jp)

^{††}Single Crystal Structural Analysis Group Application Laboratories.
Rigaku Corporation, 3-9-12 Matubara-cho, Akisima, Tokyo, 196-8666, Japan

1. Presentation

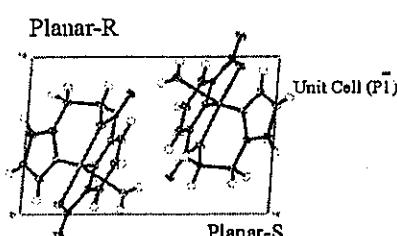
In the context of a study on a distant origin of the homochirality in the biosphere, we have focused on the Chiral Symmetry Breaking of asymmetric metal complex compound in solvent. We report here the alternative chirality of a basal plane generated by the fifth ligand molecule of the square pyramidal tetradeятate five coordinated copper complexes, which is named Planar-R and Planar-S chirality in this stage. The results are attributed to the Chiral Symmetry Breaking in aqueous solvent.

2. Synthesis



3. Results

3.1 X-Ray Crystal analysis of 1 3.2 Specific rotations of 1,2 and the corresponding complexes

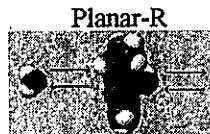


	pH 7	pH 2
Hist : 1	-1240 (after mutarotation)	0
L-COOH : 2	-350 (after mutarotation)	-41
D-COOH	-750 (after mutarotation)	+41
DL-COOH	-560 (after mutarotation)	0
L-COOEt : 3	+2000* (no mutarotation)	---
DL-COOEt	0* (no mutarotation)	---
color of solution	blue	color less

HORIBA SEPA-200 [c]D C 0.220 H₂O+MeOH, *EtOH(trace H₂O) solution

4. Conclusions

- The fifth apical water molecule is interchangeable to the opposite side ligand molecule in aqueous solution.
- The continuous one way irradiation of Polarimeter not like the alternate irradiations of CD apparatus is an origin of the chirality and mutarotation.
- The distribution between the planar-R and S-molecules shifts toward the either side of them under the polarized very weak irradiation.
- The Chiral Symmetry Breaking was started by the chance of the polarized irradiation in this system.



27

アスパラギンとポリペプチドのホモキラリティー Asparagine and Homochirality of Polypeptides

胸組 虎胤 (小山高専)

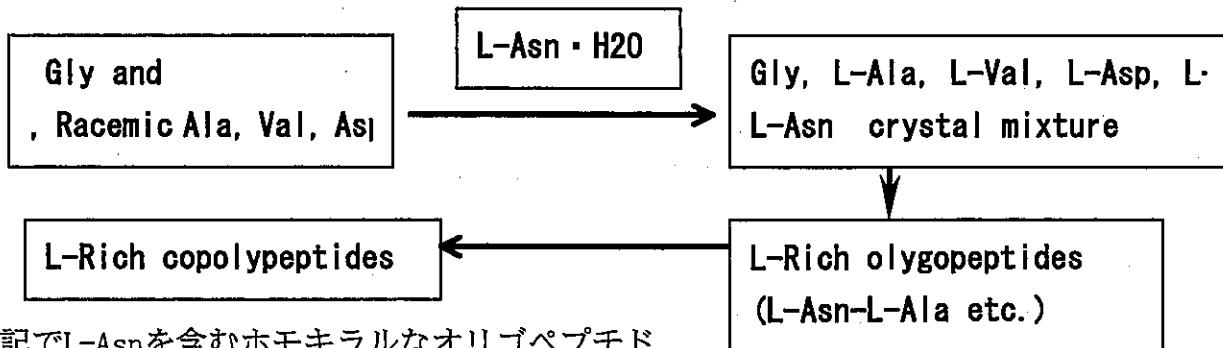
Toratane Munegumi

(Oyama National College of Technology)

緒言：タンパク質を構成するポリペプチドの化学進化的な生成経路および、そのホモキラリティーの起源については様々な議論がなされてきたが、その考え方は大きく三つに分けることができる[1]。1つは単量体であるアミノ酸等の段階でのホモキラリティー濃縮に重点を置くもの、2つ目はアミノ酸等の縮合時の立体特異性に重点を置くもの、3つ目はオリゴマ一段階でのジアステレオマーの分別である[1]。しかし、これらどれ1つをとっても単独でホモキラリティーの起源を説明できない。これらの考え方を総合的に捕らえたモデルが必要であるかも知れない。最近、アスパラギンを用いたアミノ酸の光学分割に関する興味深い論文が発表された[2]。アスパラギンは水溶液中で加熱することでポリペプチドを生成する数少ないアミノ酸の1つであり、前記論文はポリペプチドのホモキラリティーの起源を説明できる重要な結果を含んでいる。

本研究では、アスパラギンを核としてポリペプチドのホモキラリティーが発展する仮説について考察した。

結果および考察：L-Asn が L-Ala, L-Val, L-Asp 等の同じ立体配置のアミノ酸と一緒に結晶化したとすると、例えば次のようなホモキラルペプチドの生成経路が考えられる。



上記で L-Asn を含むホモキラルなオリゴペプチド

の生成が可能ならば、ホモキラルなポリペプチド生成は容易であろう。

References

- [1] Chirality, 15, S108–115 (2003).
- [2] Chem. Commun., 2146–2147 (2004).

28

水晶体中のD-β-アスパラギン酸含有蛋白質の発現に関する研究

The Research About D-β-Asp Containing Protein in Lens

高田 匠¹、下岡 正志²、木野内 忠稔¹、藤井 紀子¹

(¹京都大学・原子炉、²旭テクノグラス)

Takumi Takata¹, Tadashi Shimo-Oka², Tadatoshi Kinouchi¹, Noriko Fujii¹

(¹Research Reactor Institute, Kyoto Univ, ²Life Science Cent, Asahi Tech Glass Corp)

[序論] 生命の発生以前の原始地球上では、アミノ酸などの生命を構成する基本的な有機物は化学合成と同様にラセミ混合物として生成されていたと考えられている。その後、アミノ酸にはL体のホモキラリティーが確立し、生命が誕生したと考えられている。従って、我々の体を構成する蛋白質は、厳密にL-アミノ酸のみで構成されており、その片手構造は生命活動を維持している限り変化することはないと考えられてきた。ところが、近年、生体内の様々な部位にてD-アミノ酸が発見され、老化と深く関わっている事が明らかになってきた。L-アミノ酸のみから成る蛋白質中にD-アミノ酸が生成する事により、蛋白高次構造に悪影響が生じ、それが不溶化や機能低下を招き、疾患を引き起こすと考えられている。我々は、特に老化に伴い、生体内蛋白質中のD-β-アスパラギン酸(D-β-Asp)の増加が見られる事に着目し、これをスクリーニングする手法の開発に取り組み、水晶体中のD-β-Asp含有蛋白質を網羅的に検索した。

[実験] 微量のD-β-Asp含有蛋白質を検索するために、D-β-Aspを特異的に認識する抗体、及び二次元電気泳動法、MALDI-TOF-MSによるプロテオミクス解析を組み合わせたスクリーニング手法を開発した。これを用いて、ウサギ由来水晶体上皮由来培養細胞、及びアスパラギン酸ラセミ化に要する活性化エネルギー量での赤外線曝露後ウサギ水晶体中のD-β-Asp含有蛋白質の網羅的解析を行った。

[結果・考察] ウサギ水晶体上皮由来培養細胞(N/N1003A)中に、ラミン、エノラーゼ、αB-クリスタリンほか、計10種類のD-β-Asp含有蛋白質を発見した。赤外線曝露後ウサギ水晶体可溶性画分中においては、外見的には混濁の見られない水晶体中にも、D-β-Asp含有水晶体構成蛋白質中が検出された。これらの結果は、D-β-Aspが、様々な蛋白質中で普遍的に存在していることを示唆している。既に報告されている水晶体中、皮膚中のD-β-Asp量が加齢に伴い増加する事も考慮すると、この普遍的に存在しているD-β-Asp含有蛋白質を、さらに高感度に検出、定量できうる系を作成すれば、老化や、疾患マーカーとして用いる事も可能ではないかと考えている。D-アミノ酸は進化の過程で、一度は不要であるとみなされたものの、加齢組織中におけるその存在意義は非常に興味深いものがある。

特 別 講 演
(SL-3)

SL3

SsrA タグ認識系の進化 Recognition of SsrA tag

村松知成(理研 GSC タンパク質構造・機能研究グループ)
Tomonari Muramatsu (RIKEN Genomic Science Center, Protein Research Group)

遺伝情報の翻訳過程は、リボソーム上で mRNA 上の塩基配列を tRNA が読み取ってアミノ酸を順次連結していく反応で、コード領域の最後に存在する終止コドンはポリペプチド鎖終結因子により認識される。もし、用いられる mRNA が終止コドンをもたない不完全長のものであった場合 (RNA ポリメラーゼによる転写反応が途中終了するなど) には、リボソームが mRNA の末端に到達しても、ポリペプチド鎖終結因子による終止コドンの読み取りがおこなわれず、それに続くリボソームのリサイクリングも正常に行われないことになるはずである。原核生物では、これを解決するために tmRNA(10Sa RNA)と呼ばれる 360 ヌクレオチド程度の RNA が用いられる。この RNA は、まず、3' 末端にアラニンを結合した状態で、mRNA の途切れたりボソーム A 部位に入り、アラニル tRNA として働く。その後、この RNA に存在する 10 残基程度のペプチド (SsrA タグ) をコードする領域が mRNA の失われた 3' 側の代わりにメッセージとして機能するが、この最後には終止コドンが存在するために通常の翻訳終結反応が行われ、リボソームのリサイクリングも正常に行われるようになるのである。このようにして合成されたタンパク質においては、全て C 末端に 10 残基程度の共通のアミノ酸配列 (SsrA タグ)を持つ部分が存在することになるが、これが細胞内での分解シグナルとなる。大腸菌では、SspB がこれを認識結合し、ATP 依存性プロテアーゼ複合体 ClpXP に引渡し、分解させる。これらがどのような複合体を形成しているのかは、構造生物学的にも大変興味深い。

これを調べるために、高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 のタンパク質を用いることを計画した。ところが、最近発表されたこの生物の全ゲノム配列中には SspB をコードする ORF は存在しなかった。*ssrA* はこれまでに全ゲノム配列を解析されたすべての原核生物でみいだされていることから、不完全長 mRNA によるリボソームの停止状態を解除し、リボソームのリサイクリングを行わせるメカニズムは広く存在するにもかかわらず、このシステムで合成されたタンパク質の分解システムは普遍的ではないことを示している。そこで、高度好熱菌における SsrA タグ認識システムを解明するために、SsrA タグペプチドを固定した樹脂でカラムを作成し、高度好熱菌の抽出液を通したところ、1 種類のタンパク質のみが特異的に結合し、Lon プロテアーゼのホモログと同定された。この生物には *lon*(関連)遺伝子は 2 種類存在する (*lonA1*, *lonA2*) が、今回同定されたものは、大腸菌の *lon* 遺伝子 (1 種類のみ存在) のオルトログのほうではない。このことから、高度好熱菌には SsrA タグ認識タンパク質 SspB は存在しない代わりに、*lon* 遺伝子が重複し、2 番目のもの (*lonA2*) が SsrA タグを認識するように変化したのではないかと考えられる。高度好熱菌の 2 種類の Lon プロテアーゼを発現・精製したところ、*lonA1* には大腸菌 *lon* 同様の特異性をもつプロテアーゼ活性がみいだされたが、*lonA2* には、現在のところ、プロテアーゼ活性がみいだされていない。今後は、高度好熱菌において、SsrA タグが付加されたタンパク質の分解経路の全容の解明を試みたい。

一 般 講 演
(2 9 - 3 1)

29

ミトコンドリア遺伝暗号の推定進化経路 Possible evolutionary pathway of mitochondrial genetic codes

池原健二¹、新原結花² (¹奈良女大・理・化、²奈良女大・人間文化・化)

K. Ikehara¹, Y. Niihara² (¹Dept. Chem., ²Chem., Human Cult., Nara Women's Univ.)

[序論] 地球上の生物は一部の例外を除いて同じ遺伝暗号を使用している。そのため、これを普遍遺伝暗号と呼ぶことが多い。また、私達はこれまで遺伝子や遺伝暗号の起原に関する考察に基づいて、独自のGNC-SNS 原始遺伝暗号仮説を提唱してきた(1)。一方、ミトコンドリアはこの普遍遺伝暗号と異なる非普遍遺伝暗号をかなりの頻度で使用していることも知られている。このミトコンドリアで使用されている非普遍遺伝暗号の形成過程については、普遍遺伝暗号を起原とし、コドンの非指定とコドンの再捕獲によって説明する大澤の考えが良く知られている(2)。今回は私達の主張する GNC-SNS 原始遺伝暗号仮説の立場から、ミトコンドリアの非普遍遺伝暗号の進化経路を推定した結果を報告する。

[解析方法] ミトコンドリアの非普遍遺伝暗号やミトコンドリアのゲノムサイズやそのGC含量などについては、必要に応じて NCBI データベース内の Entrez Genome から取り出して使用した。

[結果と考察] ミトコンドリアで見られる多くの非普遍遺伝暗号の進化経路を私達の主張する GNC-SNS 原始遺伝暗号仮説にしたがって推定すると、大澤の結論とは異なり、C で始まる非普遍遺伝暗号を除くすべての非普遍遺伝暗号について一度のコドン捕獲によって進化経路を作り上げることが分かった。また、これらの推定進化経路は、ミトコンドリアのゲノムサイズによって大きく二つに分類できること、ミトコンドリア DNA の GC 含量との関連でかなり上手く説明できることなども分かった。また、C で始まるミトコンドリアの非普遍遺伝暗号はミトコンドリアの中でも AT 含量の極端に高いゲノムで見られることから考えて、これらのについては大澤らが予測しているように、遺伝暗号の非指定とその再捕獲によって説明する必要のあることが分かった。さらに、ミトコンドリアで見られる非普遍遺伝暗号の出現頻度が、U で始まる遺伝暗号、A で始まる遺伝暗号、C で始まる遺伝暗号の順に少なくなつており、かつ、G で始まる遺伝暗号には非普遍遺伝暗号が知られていないことも、私達の主張する GNC-SNS 原始遺伝暗号仮説と矛盾しない。以上のように、ミトコンドリアに見られる非普遍遺伝暗号の分布やゲノムサイズ、GC 含量のいずれもが私達の主張する GNC-SNS 原始遺伝暗号仮説を支持していると考えることができる。

- (1) Ikehara, K., Omori, Y., Arai, R. and Hirose, A. A Novel Theory on the Origin of the Genetic Code: A GNC-SNS hypothesis. *J. Mol. Evol.*, 54, 530–538 (2002).
(2) 大澤省三「遺伝暗号の起源と進化」(渡辺、上田、大濱訳、共立出版、1997 年).

30

Toll-like receptor 3 の細胞外ドメインと特異的に結合する RNA aptamer の獲得

Isolation of RNA Aptamers Specific to Human Toll-Like Receptor 3 Ectodomain

渡部智也¹、松本美佐子²、瀬谷司²、西川諭³、長谷川典巳¹、福田宏太郎¹

(¹山形大・理、²北大院・医・病態解析学、³産総研・年齢軸)

Tomoya Watanabe¹, Misako Matsumoto², Tsukasa Seya², Satoshi Nishikawa³, Tsunemi Hasegawa¹, Kotaro Fukuda¹

(¹Yamagata Univ., Fac. Sci., ²Hokkaido Univ., Grad. School of Med., Dept. Microbiol. Immunol., ³AIST, ADRC)

序論 Toll-like receptor (TLR) は病原体構成物質を認識し、病原体の侵入に抵抗するための反応を引き起こすことから、初期防御系に携わるタンパク質として非常に重要な役割を果たしている。現在ヒトにおいて、10種類の TLR ファミリーが報告されている。その中で、TLR3 はウィルス由来の二本鎖 RNA を認識し、I 型インターフェロンの放出や樹状細胞の成熟化などを引き起こす。よって、TLR3 はウィルスに対する初期免疫応答、および獲得免疫応答に貢献している。近年、細胞系を用いた TLR3 による二本鎖 RNA の認識およびその後の応答に関する研究が数多く報告されているが、詳細な認識機構の解明には至っていない。そこで我々は、ヒト TLR3 細胞外ドメイン (TLR3-ECD) を用いて *in vitro* における生化学的解析を行うことで、その解明を目指している。TLR3 が poly (I:C) を認識して効率的に応答を引き起こすことに注目し、他にも特異的に認識される二本鎖 RNA の配列や構造が存在するのではないかと考えた。そこで、*in vitro selection* によってヒト TLR3-ECD と特異的に結合する RNA aptamer の獲得を行うことにした。TLR3-ECD に対する RNA aptamer は、分子認識機構の解明に留まらず、自然免疫応答を制御する新規 RNA としても期待される。

実験および結果 バキュロウイルス発現系によって獲得した TLR3-ECD と、40 塩基のランダム領域を持った全長 70 塩基の RNA プールを用い、中性条件下 (pH 7.6) で *in vitro selection* を行った。セレクションを 10 サイクル行った後、TLR3-ECD に対する各ジェネレーション RNA プールの結合能を、filter binding assay によって解析し、結合の収束を確認した。最も結合能が高かったジェネレーション 7 の PCR 断片を pGEM-T Easy vector に組み込み、合計 64 個の塩基配列を解析した。その結果、Family- I と- II の配列がそれぞれ全体の約 20%を占めていることが明らかになった。2つの Family の二次構造をコンピュータープログラムによって解析したが、その構造に相同意見は見られなかった。Family- I 、 - II の解離定数 (K_d) はともに 3 nM 付近であることから、TLR3-ECD に対する結合能は高いものと考えられる。

31

HCV IRES に結合する RNA アプタマーの試験管内選択とその機能解析 *In vitro selection and characterization of RNA aptamers against HCV IRES*

菊池 邦生^{1,2}, 梶原 琢哉^{2,3}, 福田 宏太郎^{2,3}, 久野 敦^{2,3}, 西川 諭², 長谷川 典巳³(¹山形大院・理工, ²産総研, ³山形大・理)

Kunio Kikuchi, Takuya Umebara, Kotaro Fukuda, Atsushi Kuno, Tsunemi Hasegawa and Satoshi Nishikawa (¹Graduate school of science and technology, Yamagata university, ²Faculty of science, Yamagata university, ³AIST)

Hepatitis C virus (HCV) は感染すると、肝硬変を経て肝臓がんに至る重篤な病原ウイルスである。9.5 kb の一本鎖プラス鎖 RNA をゲノムにもつ。HCV ゲノムの翻訳は 5'非翻訳領域に存在する Internal ribosome entry site (IRES) が 40S リボソームサブユニットおよび翻訳開始因子 eIF3 に認識されることで開始され、cap 非依存的である。合成された一本の未成熟なポリペプチドは、プロセシングを受けることで成熟したタンパク質が生成される。この約 350 塩基の IRES は 4 つのドメインからなり、複雑なシステムループ構造をもつ。変異の激しい HCV ゲノムにおいて亜種間でよく保存されている例外的な領域であるため、創薬のターゲット部位ともなっている。我々はこの IRES に対して試験管内選択法 (*in vitro selection, SELEX*) を行い、特異的に結合する RNA アプタマーの選択を行った。その結果、得られた配列の結合する IRES の領域はドメイン II およびドメイン IIId のアピカルループに収束した。これらの領域はいずれも IRES の機能に重要な部位であった。さらにアプタマーのなかで、IRES 活性を阻害するアプタマーを見いだした。このアプタマーは IRES に対してループ・ループ相互作用によって結合していた。結合および阻害には、配列のみならず、その 2 次構造が重要であることが分かった。

THE PROTEIN INTERACTION WORLD HYPOTHESIS OF THE ORIGINS OF LIFE

Peter Andras^{1*} and Csaba Andras²

¹School of Computing Science, University of Newcastle,
Newcastle upon Tyne, NE1 7RU, UK

²Department of Technology and Natural Sciences,
Sapientia – Hungarian University of Transylvania,
Miercurea Ciuc, Romania

(Received 16 December 2005 Accepted 26 December 2005)

(Abstract)

We present in this paper the protein interaction world hypothesis about the origins of life. According to this hypothesis life originated as a self-reproducing and expanding set of molecular interactions, and living cells are such sets of molecular interactions. We emphasize that according to our hypothesis the reproduction of molecular interactions is the critical aspect of such systems, while other origins of life hypotheses put the emphasis on the reproduction of molecules. We present molecular interaction systems in general, with examples presented in cellular context. We discuss the evolution of life forms according to our theory, and we show that RNA and DNA molecules can be seen as generators of molecular interactions that serve as memories of other such interactions in the context of cells viewed as molecular interaction systems.

Keywords: abstract communication system, molecular interaction system, origins of life, protein interaction, systems theory

1. Introduction

The question about the origins of life is still unanswered [1-3]. The most accepted theory proposes that life started in the form of RNA molecules (RNA – world) [2,4,5]. The most significant alternative theory suggests that life started with protein molecules (protein – world) [6,7]. Recently we described a further alternative the protein interaction world hypothesis (PIW – hypothesis) [8], according to which life may have started as an interaction system of proteins. The most significant difference between the protein – world hypothesis and the PIW – hypothesis being that the emphasis in the latter is on the reproduction of interactions, and not on the reproduction of molecules.

There is evidence suggesting that the synthesis of nucleic acids and sugars is possible in the prebiotic environment [4,9,10]. These molecules could have combined to form nucleobases and RNA molecules according to the RNA – world hypothesis [2,4], however the formation of nucleobases with sufficient yield in abiotic environments is questionable [11]. The ability of RNA molecules to catalyze chemical reactions may have led to self-replicating sets of RNA molecules, but again the low reliability of precise copying of RNA molecules may mean that such replicating sets of RNA molecules are not feasible [12].

Experimental evidence shows that proteins (peptides) can form in abiotic environments using proteroids [13] or thioesters [7]. According to the protein – world hypothesis such proteins may form self-reproducing sets of molecules [6,14-16]. The main problem of this hypothesis is that generally proteins lack the ability to replicate themselves (however note the replication ability of GADV-proteins [14]), so it remains unclear how protein-based life could store information about what to replicate. A promising variant of the protein – world hypothesis suggests that proteins and RNA might

have co-evolved, the latter helping the reproduction of the former [6].

In this paper we present our alternative PIW – hypothesis [8], which emphasizes the importance of reproduction of molecular interactions. We revise to some extent our earlier view that suggested that life could have started with proteins only, and we suggest here that life could have started as a reproducing set of molecular interactions, which involved mostly protein and RNA molecules (moving closer to the position Lacey et al [6]). We apply the methodology of abstract communication systems theory to analyse the problem of emergence of life.

The paper is structured as follows: Section 2 describes molecular interaction systems according to the theory of abstract communication systems; in Section 3 we describe our interpretation of origins of life according to the PIW – hypothesis; in Section 4 we discuss implications of our theory; finally in Section 5 we close the paper with conclusions.

2. Molecular interaction systems

In this section we describe molecular interaction systems in the context of living cells. We follow the conceptualisation of abstract communication systems introduced in Andras and Andras [8].

Molecular interaction systems are considered as abstract communication systems. Such systems are built of communications generated by communication units. We consider molecules as communication units and their interactions as communications between these units. In our view the interaction system itself is made of these interactions, and excludes the molecules that generate these interactions as communication units. In cells, most molecular interactions involve proteins, and we view cells as mostly protein-based molecular interaction systems.

Molecular interactions depend on earlier interactions between molecules. A set of molecular

interactions that happened in a cell determine the range of further molecular interactions that may happen in the immediate or even later future. Similarly, in order for a molecular interaction to happen a set of earlier interactions should happen before. In other words, interactions between molecules generate a new set of molecules (possibly modified variants of the original molecules), and further possible interactions are those which are possible between the new molecules. Similarly, for an interaction between molecules to happen, the required molecules need to be present in the right conformation required for the interaction, which means that previous molecular interactions should have generated these required molecules. Such regularities that express the likelihood of interactions to happen following a set of earlier interactions are the continuation rules of molecular interaction systems. Regularities that express the fact that the realisation of an interaction depends on a set of necessary earlier interactions are the referencing rules of these systems. Referencing rules determine the set of interactions which are referenced by a current interaction, while continuation rules determine the range of interactions that may reference a set of earlier interactions.

A system of molecular interactions is a set of such interactions, which inter-reference frequently between themselves, and reference relatively rarely interactions outside of the system. Note that circular referencing of interactions is possible, as one interaction may be required for a second (i.e. it is referenced by the second one), and the second one may be followed by a reproduction of the first interaction (i.e. the second is referenced by the first). All other molecular interactions that are outside of the system (i.e. outside of the cluster of frequently inter-referencing interactions) constitute the environment of the system. The boundary of the system is defined in terms of the relatively sharp

change in the frequency of inter-referencing between interactions. In case of cells molecules within the cell interact frequently with each other, generating an inter-referencing set of molecular interactions, which depend relatively rarely directly on molecular interactions that happen outside of the cell (e.g. execution of a signalling pathway needs the triggering possibly by an external molecule, which interacts with a receptor molecule, but most of molecular interactions involved in the pathway happen within the cell, and these interactions reference mostly other molecular interactions that happened within the cell). The boundary of the cell viewed as a molecular interaction system is materialized as the cell membrane or cell wall.

If a system of molecular interactions is not able to reproduce itself (i.e. to produce the set of interactions constituting the system again and again) it cannot be observed – most likely disappears before it is observed. Observable molecular interaction systems are those which reproduce. In addition those systems which reproduce and expand (i.e. produce themselves in increasing quantity) are more likely to be observable than others that reproduce but do not expand. Systems compete with each other for molecular interactions in the sense of trying the integration of molecular interactions into the system, according to the referencing and continuation rules of the system. Systems which reproduce and expand faster than others may outcompete those which are slow in reproduction and expansion, and may drive the latter extinct. Cells are molecular interaction systems, which reproduce and expand. Those cells which are more successful in integration of molecular interactions into the system of the cell may drive to extinction other cells which are less successful in these terms (e.g. antibiotic resistant and non-resistant bacteria in the presence of antibiotics).

Memories in molecular interaction systems are such interactions that facilitate the reproduction of

themselves and also of a set of interactions that led to the original production of the memory interaction. For example, if the interactions A + B, C + D, E + F lead to the production of the interaction X + Y, and the interaction X + Y may lead to the reproduction of the interaction X + Y or to the reproduction of the set of interactions A + B, C + D, E + F then the interaction X + Y is a memory interaction in the context of the system which includes all these interactions. Memory interactions are critical for molecular interaction systems with high reproduction and expansion ability. Although in principle interaction systems may emerge without memory interactions and also based purely on memory interactions, the ability for reproduction and expansion of such systems would be very much inferior of systems, which involve both memory and non-memory interactions linked together by memories. In the context of cells we may consider the interactions of RNA molecules with themselves or other RNA molecules as memories of interactions between proteins (i.e. chains of amino acids). In particular, interactions of mRNA and tRNA molecules are memories of interactions between single amino acids and a chain of amino acids, such that the sequence of facilitated interactions leads to the production of a protein (the encoded by the mRNA). At the same time interactions of segments of DNA molecules may be viewed as memories of RNA interactions. For example the activation of a DNA segment is achieved by molecular interactions in which participate other DNA segments (promoter sites). The activation may lead to a sequence of molecular interactions which generate a premature mRNA molecule. During maturation this molecule interacts with other RNA molecules and generates further RNA molecules (e.g. siRNA, microRNA), which participate in further RNA interactions. In this way the interactions of the DNA segment facilitate

the reproduction of interactions between RNA molecules.

Structures of molecular interaction systems are expressed additional constraints on interactions. Interactions conforming to constrained continuation and referencing rules follow the structures of the system. Such structures may materialize in context of cells as intra-cellular structural components (organelles), e.g. Golgi apparatus or ribosomes. Molecules participating in interactions that are part of structures are restricted in terms of their possible interactions with other molecules. Satisfying these additional constraints maintains the structures of the system. Having structures the system reduces the uncertainties of system rules, which in an environment where these structures are appropriate (i.e. it is possible to reproduce them sufficiently easily) implies increased ability of the system to reproduce and expand itself. In this way structures induce a simplification of the system (i.e. less variable rules) and at the same time contribute to the expansion of the system. Structures make the system specialized to fit a range of environment, increasing its reproduction and expansion ability in these environments. At the same a major change of the environment may render structures inappropriate, leading to a decrease in the system's ability to reproduce and expand. Structures also reflect constraints imposed by the environment onto the molecular interaction system. Environments with fewer constraints imply fewer emerging structures in systems.

Structures may lead to the emergence of inner subsystems of systems. Subsystems are clusters of molecular interactions, which satisfy the rules of the system, also satisfy a set of coherent structural constraints as well, and in addition constitute a set of frequently inter-referencing interactions surrounded by a referencing density boundary within the system. For example, molecular interactions of mitochondria

might be seen as a subsystem in the context of the cell's system. Mitochondrial interactions constitute a cluster of frequently inter-referencing interactions, which satisfy additional constraints to those of the cell, and surrounded by a boundary in terms of inter-referencing frequency. This boundary materializes in the form of the outer membrane of the mitochondria.

Molecular interaction systems may develop a special subsystem, which references memory interactions and generates new memories by processing other memories. This subsystem of the molecular interaction system is the information subsystem, which processes information about the system (i.e. memories of earlier interactions, which can be seen as information about the past of the system). Having an information subsystem increases the system's ability to reproduce and expand. This is because it increases the system's adaptation ability in sense of selection of appropriate mixes of system rules to be applied to generate / recruit new interactions in response to changes in the system's environment. In cell systems the subsystem of RNA and DNA interactions can be considered as the information subsystem. These interactions generate adaptively new RNA molecules (able to produce new memories), which engage in molecular interactions producing the right mix of proteins that is required for the reproduction and expansion of the cell in its changing environment. The interactions of RNA molecules and DNA segments constitute a subsystem of frequently inter-referencing interactions, surrounded by a density boundary in terms of frequency of inter-referencing. In more complex eukaryotic organisms (we consider complexity in terms of range of possible organismal behaviours) the core of the information subsystem constitutes a more segregated subsystem, the nucleus, the boundary of the subsystem being materialized as the nuclear membrane.

The information subsystem defines the identity of the system. The production of memories is controlled by the information subsystem, and memories determine (through facilitation) the molecular interactions that compose the system. In case of cells, their identity is defined by the interactions of their DNA and RNA molecules. Defining the identity of the cell also implies the definition of what is not considered to be part of the cell. Interactions that are not part of the cell's system are eliminated from the cell. For example, toxins or misfolded proteins may be neutralized or pumped out from the cell through interactions with other molecules.

Identity violations may take the form of faulty interactions (i.e. interactions which do not fit the interaction lexicon of the cell's system – e.g. interactions of a prion), error situations (i.e. when interactions obey the rule of the system, but their expected continuation interactions do not happen – e.g. halting growth because of lack of nutrients) or system failures (i.e. when the system experiences major shrinking – e.g. presence of toxins that cannot be eliminated from the cell). All these cases may indicate that the system does not match its environment sufficiently in order to reproduce and expand. In response to identity violations the molecular interaction system responds by adaptive change of its identity. Memories of the past of the system are processed and new memories are generated, redefining the identity of the system, with the aim of increasing the system's ability to reproduce and expand. In cells this means the adaptive change of the active parts of the DNA leading to changes in the range of active RNA molecules and proteins present in the cell. For example, bacteria may adapt to changing nutrient environments by switching on or off the production of proteins.

Molecular interaction systems compete with each other for molecular interactions that can be

incorporated into the system such that they satisfy the system's referencing and continuation rules (in other words, such that they fit the identity of the system). System interactions are essentially about defining what is the system and what is not (i.e. what should be incorporated and what should be expelled). This also means that in a complementary sense they describe their environment (i.e. what is not the system). The ability of a system to reproduce and expand depends on how well it fits its environment. Systems with specialist subsystems are likely to outperform in terms of reproduction and expansion systems with less specialist structures. Systems having extensive information subsystem are also likely to outcompete systems with less developed information subsystems. At the same time being environmentally well adapted may also mean disadvantage in case of a major change in the environment. Specialist structures may become disadvantages in a changed environment. Highly developed information subsystem may help dealing with a wide range of environments, but at the same time may mean expensive overhead costs after a major environmental change, reducing the chances for reproduction and expansion of the system.

The complexity of molecular interaction systems can be evaluated in terms of their fit to their environment, which is in principle infinitely complex. Having structures, the system fits better its environments, implying that the simplification of the rules of the system imposed by the structures leads to a more complex system, which fits to a greater extent its environment than a less structured system. In the same way having an information subsystem means more elaborated identity and larger number of constraints on system-compatible molecular interactions. Again the simplification of rules leads to more complex systems that fit better their environment. Generally, more complex systems are likely to outcompete their less complex competitors

in relatively stable environments. At the same time less complex systems are likely to suffer less in the case of major environmental changes, and following such events may gain advantage in the competition against more complex systems adapted to the wrong (the previous) environment.

3. The protein interaction world hypothesis

We consider living cells as systems of molecular interactions. In this sense, life started as a self-reproducing and quantitatively expanding molecular interaction system. The competition of such systems led to molecular interaction systems of extant cells.

To answer the question about the origins of life we need to find relatively simple molecular interaction systems that have the ability of self-reproduction and expansion. We note that Kauffman [17] and Segre and Lancet [3] proposed to some extent similar lines of reasoning about searching for the origins of life in terms of molecular interaction systems. Our discussion of protein interaction systems indicates that in principle it may be possible to build self-reproducing and expanding molecular interaction systems without having memories or from molecular interactions that all act also as memories. However in both cases the expected ability of the system to reproduce and expand would be very moderate. This suggests that molecular interaction systems able to start early life could have emerged as systems of molecular interactions supported by a core of memory interactions.

According to the protein interaction world (PIW) hypothesis life started as a molecular interaction system involving mostly interactions of proteins (peptides) with other proteins and possibly other molecules, and supported by molecular interactions of RNA molecules, which served as memory interactions for molecular interactions of proteins. It is important to emphasize that living cells are seen as systems of molecular interactions. The actual

molecules are not considered as part of the system, but only as communication units, which generate interactions that constitute the system. This means that the reproduction of all molecules within the system is not required according to our hypothesis, and only the reproduction of interactions between molecules is required. In principle the molecules may be produced outside of the narrower context of the system. Only interactions of molecules are incorporated into the system according to the rules of the system, when these molecules are available to produce these interactions.

We believe that life originated in hydrothermal volcanic marine environments. Experimental evidence shows that amino acids can form tight clusters called proteinoids at high temperatures [6], which may lead to the formation of peptides [18]. An alternative way of building peptides is by the transformation of thioesters [7,19], a chemical pathway that works efficiently in abiotic conditions. Experimental simulations of marine hydrothermal vents have shown that amino acids may form short peptides in such conditions [15]. Recently, Leman et al [13] have shown that peptides may form with high yield in volcanic marine environments in the presence of carbonyl sulphide, a common volcanic gas. Genetic analysis evidence also suggest that early life emerged in high temperature environment rich in sulphur [20], which implies the plausibility of the above mentioned ways to the synthesis of early peptides. Interactions between peptides may catalyse the synthesis of fatty acids, lipids, sugars and nucleic acids, some of which are expected to be present in early abiotic environments [21]. Pores and micro-tunnels in the submarine surface may have created the appropriately dry micro-environments and sufficiently high concentrations of organic molecules such that self-reproducing molecular interaction systems could have emerged.

In peptide-rich environments of volcanic hydrothermal vents proto-cells could have emerged as molecular interaction systems, which rely on the production of required proteins (communication units) elsewhere in their larger environment, and reproduce themselves by recruiting molecular interactions that fit their regularities. In case of such proto-cells the boundary of the system could be enforced by their environment in form of physical separation of pores and micro-tunnels. Out of the possible early forms of self-reproducing protein interaction systems those could become dominant and fastest expanding, which relied on the combination of protein interactions and memories of such interactions in form of interactions of RNA-like molecules.

Among proto-cells those are most likely to expand, which can expand by recreating their boundary easily. Reproducing fatty membranes forming a lining of walls of pores and micro-tunnels might have led to the production of membranes of proto-cells, making them able to recreate and enforce their own system boundary. The emergence of such systems of molecular interactions could constitute the first step towards modern cells.

Our discussion of molecular interaction system shows that those systems are likely to succeed in more constrained environment, which develop appropriate structures and subsystems. This means that as early life-forms conquered more hostile environmental niches, outside of the supportive environments of hydrothermal vents, environmental constraints induced structural constraints on proto-cells forcing them to develop structures and related subsystems. The same environmental constraints and variations could have also induced the emergence of the information subsystem in proto-cells, which materialized in the form of increasing number of RNA interactions supported by the emergence of the incorporation of DNA molecule interactions as

memories of RNA interactions. Cells with structures, subsystems and in particular with information subsystem could have easily driven to extinction possible earlier more primitive forms of life.

According to our hypothesis more complex life forms developed by applying further simplifications to their rules by further structures and growing information subsystem. These cells gained in complexity and reproduction and expansion ability in their environment. This leads to the emergence of eukaryotic cells with well separated nucleus enclosing the core of their information subsystem. Eukaryotic cells are able to build complex multicellular organisms increasing further their ability to reproduce and expand. In a similar manner, an increasing regulatory component of the DNA (e.g. reaching up to 95% of the total DNA in some complex organisms) led to further increase in environmental fitness and complexity of these organisms.

Summarizing our hypothesis, life emerged as a self-reproducing and expanding set of molecular interactions in hydrothermal volcanic marine environments. The key players of these interactions were proteins (peptides) and RNA-like molecules, which generated interactions representing memories of protein interactions. In our view the critical aspect of living system is the reproduction of molecular interactions and not necessarily the local reproduction of molecules. Starting from pores of rocks enclosing reproducing sets of interactions, life evolved by building independently lipid membranes, creating early forms of cellular membranes. Conquering less friendly environments led to the emergence of structures and expansion of the information subsystem of proto-cells. Cells with cellular organelles (structures) and DNA-based RNA interaction system emerged as dominant life forms. Such cells developed further by applying further simplifications to their rules through structures and

developing information subsystem and gaining in complexity and ability to reproduce and expand in their environment.

4. Discussion

4.1. Evolution of the amino acid dictionary

It has been discovered recently [22] that amino acid replacement likelihoods are not symmetrical during phylogenetic evolution. The data shows that sulphur containing amino acids are increasing in their frequency, while ‘old’ amino acids (i.e. those which could have been present in early abiotic environments) are decreasing in their frequency, which is in agreement with the commonly accepted view is that life started with a few amino acids and newer ones were added to the amino acid library of organisms during evolution [22].

Considering that there are in total 22 amino acids used in living organisms [23] and that 2 out of these are rarely used (seleno-cystein and pyrolysine), in our view, the asymmetric replacement likelihoods of amino acids indicate a simplification of the amino acid dictionary that is still going on. Considering that plants and bacteria produce a wide range of amino acids which are not used as genetically encoded components of proteins [24], it is possible that at the beginning of life there was a much wider lexicon of amino acids that was allowed to be used as memorised components of early proteins. The possibility of encoding more than 22 amino acids by the usual triplets of nucleobases constituting codons, the possibility of using four nucleobase codons [25], and the fact that the smallest tRNA sets of mitochondria contain 22 tRNAs, while larger sets might contain more than 60 tRNAs, all suggest that in principle it could have been possible the use of a larger amino acid lexicon by earlier life forms. Our systems theoretical discussion of molecular interaction systems indicates that such systems could

have gained in their ability to reproduce and expand by simplifications of their rules, which in turn led to more complex behaviour and better match to their environment. This suggests that it is possible that indeed the asymmetric replacement likelihoods reflect an ongoing process of simplification of the amino acid lexicon.

Our theory also suggests an explanation of the fact that sulphur containing amino acids are gaining in terms of frequency through the asymmetric replacements. In our view such changes should reflect a better fit to the environment. Considering the sulphur rich environment of early life forms it is likely that in order to increase their fitness to their environment they needed to increase the frequency of sulphur containing amino acids in their proteins. Possibly this early process of preference for sulphur containing amino acids continues today in the cells of extant life forms.

A way to test the validity of our interpretation would be to analyse amino acid replacement likelihoods in the context of thermophile unicellular organisms, which live in a particularly sulphur rich environment. Our expectation is that in these organisms we should see an even more imbalanced replacement likelihood assignment, which would favour even more the replacement of non-sulphur containing amino acids with sulphur containing amino acids.

4.2. RNA interactions

Our hypothesis about the origins of life suggests that in order for the information subsystem to develop an increase in the amount of RNA interactions was necessary. Such interactions would constitute memory processing interactions, generating new RNA molecules able to facilitate new protein interactions through their interactions with other molecules.

The relatively recent finding that non-coding RNA molecules are plentiful [26], and that microRNAs and siRNAs play an important role in regulating the maturation and translation of mRNA molecules [27], indicate that indeed there is a major role played by RNA interactions in living cells. Other recent results [28] show that it is possible to restore mutated DNA by relying of RNAs and their interactions, indicating again the importance of RNA interactions and also the link between RNA interactions and their DNA memories.

According to our theory these results fit the expectation that underlying the system of protein interactions there is extensive system of RNA interactions. Our theory also suggests that the system of RNA interactions should be more extensive in more complex organisms, and should be less developed in more primitive organisms. The theory also predicts that more extensive RNA interaction system should correlate with the presence of larger amount of regulatory DNA segments. Furthermore, considering that RNA interactions express constraints on protein interactions, we expect that primary response to changing environmental conditions should happen in terms of changing patterns of RNA interactions, which leads to adaptive changes in terms of protein interactions.

5. Conclusions and remarks

We presented in this paper the protein interaction world (PIW) hypothesis of the origins of life. According to this hypothesis life emerged as a set of molecular interactions able to reproduce and quantitatively expand themselves. Our hypothesis is similar to some extent to variants of the protein – world hypothesis; however the main emphasis in our hypothesis is on the reproduction of molecular interactions and not on the reproduction of molecules.

We discussed how life might have emerged and developed according to the PIW hypothesis. We

pointed out that the role of RNA molecules according to our hypothesis is to produce molecular interactions that act as memories of protein interactions in the sense of facilitating the reproduction of such interactions. In a similar manner, we suggested that DNA molecules generate molecular interactions that are memories of RNA interactions. We described the system of RNA and DNA interactions as the information subsystem of the cell considered as a molecular interaction system.

We did not discuss the energetic feasibility of our hypothesis. We considered that the conceptual simplicity of our hypothesis (i.e. everything is formulated in terms of sets of inter-referencing interactions, memories and constraints on referencing and continuation rules) makes our hypothesis interesting and appealing. We are aware that energetic considerations imply significant practical restrictions on origins-of-life hypotheses, but we are also aware that unusual or extreme conditions may help in overcoming otherwise impassable energetic barriers. Such special conditions might have been present in the environment of early life (e.g. high temperature, high sulphur content, semi-dry environment). The energetic feasibility analysis of our theory is part of our future work plans.

A critical aspect of any hypothesis is that it should be able to lead to testable predictions, which can be checked leading to validation or invalidation of the hypothesis. In case of the PIW hypothesis such potentially testable predictions are: (1) organisms living in high sulphur content environment should have an increased frequency of sulphur containing nucleobases and amino acids in their RNAs and proteins, respectively, than the average frequency of such nucleobases and proteins in organisms; (2) the range and amount of RNA interactions should be higher in more complex organisms than in less complex organisms (where complexity is measured in terms of range of distinct behaviours); (3) similar

behavioural complexity of two species, such that one has more developed RNA interaction system, should imply that this one has a more constrained set of protein interactions (i.e. possibly fewer expressed proteins or fewer basic types of interactions, which are organised into more complex spatio-temporal patterns of interactions).

References

1. Ganti, T. Biogenesis itself. *Journal of Theoretical Biology*, **187**, 583-593 (1997).
2. Joyce, G.F. Booting up life, *Nature*, **420**, 278-279 (2002).
3. Segre D. and Lancet, D. Composing life, *EMBO Reports*, **1**, 217-222 (2000).
4. Joyce G.F. RNA evolution and the origins of life, *Nature*, **338**, 217-224 (1989).
5. Zubay, G. and Schechter, A. Current status of the RNA – only world, *CHEMTRACTS – Biochemistry and Molecular Biology*, **13**, 829-836 (2000).
6. Lacey, J.C., Cook, G.W., and Mullins, D.W. Concepts related to the origin of coded protein synthesis, *CHEMTRACTS – Biochemistry and Molecular Biology*, **12**, 398-418 (1999).
7. DeDuve C. RNA without protein or protein without RNA ? In: *What is Life ? The Next Fifty Years*, Murphy, MP, O'Neill, LAJ (eds.), Cambridge University Press, Cambridge, UK, pp.79-82 (1993).
8. Andras, P. and Andras C.D. Protein interaction world – an alternative hypothesis about the origins of life, *Medical Hypotheses*, **64**, 678-688 (2005).
9. Glavin, D.P. and Bada, J.L. Isolation of purines and pyrimidines from the Murchison meteorite using sublimation, *35th Lunar and Planetary Science Conference*, paper 1022 (2004).

10. Robertson, M.P. and Miller, S.L. An efficient prebiotic synthesis of cytosine and uracil, *Nature*, **375**, 772-774 (1995).
11. Dworkin, J.P., Lazcano A., and Miller, S.L. The roads to and from the RNA world, *Journal of Theoretical Biology*, **222**, 127-134 (2003).
12. Maynard-Smith, J. and Szathmary, E. *The Major Transitions in Evolution*, Oxford, Oxford University Press (1997).
13. Leman, L., Orgel, L., and Ghadiri, M.R. Carbonyl sulphide mediated prebiotic formation of peptides, *Science*, **306**, 283-286 (2004).
14. Ikehara, K. Possible steps to the emergence of life: the [GADV]-protein world hypothesis, *The Chemical Record*, **5**, 107-118 (2005).
15. Imai, E., Honda, H., Hatori, K., Brack, A., and Matsuno, K. Elongation of oligopeptides in a simulated submarine hydrothermal system, *Science*, **283**, 831-833 (1999).
16. Kawamura K., Kuranoue K., and Nagahama M. Prebiotic inhibitory activity of protein-like molecules to the template-directed formation of oligoguanylate from guanosine 5'-monophosphate 2-methylimidazolide on a polycytidylic acid template, *Bulletin of the Chemical Society of Japan*, **77**, 1367-1375 (2004).
17. Kauffman, S.A. 'What is life ?': was Schrodinger right ? In: *What is Life ? The Next Fifty Years*, Murphy, MP, O'Neill, LAJ (eds.), Cambridge University Press, Cambridge, UK, pp.83-114 (1993).
18. Francis, B.R. A hypothesis that ribosomal protein synthesis evolved from couple protein and nucleic acid synthesis, *CHEMTRACTS – Biochemistry and Molecular Biology*, **13**, 153-191 (2000).
19. Deamer, D.W. and Chakrabarti, A. The first living organisms: In the light or in the dark, *CHEMTRACTS – Biochemistry and Molecular Biology*, **12**, 453-467 (1999).
20. Koonin, E.V. Comparative genomics, minimal gene sets and the last universal common ancestor, *Nature Reviews Microbiology*, **1**, 127-136 (2003).
21. Miller, S.L. and Orgel, L.E. *The Origins of Life on the Earth*. Englewood Cliffs, NJ, Prentice Hall (1974).
22. Jordan, I.K., Kondrashov, F.A., Adzhubei, I.A., Wolf, Y.I., Koonin, E.V., Kondrashov, A.S., and Sunayev, S. A universal trend of amino acid gain and loss in protein evolution, *Nature*, **433**, 633-638 (2005).
23. Cobucci-Ponzano, B., Rossi, M., and Moracci, M. Recoding in Archaea, *Molecular Microbiology*, **55**, 339-348 (2005).
24. Singh, B.K. (ed) (1999). *Plant Amino Acids*. New York, Marcel Dekker (1999).
25. Magliery, T.J., Anderson, J.C., and Schultz, P.G. Expanding the genetic code: Selection of efficient suppressors of four-base codons and identification of "shifty" four-base codons with a library approach in *Escherichia coli*, *Journal of Molecular Biology*, **307**, 755-769 (2001).
26. Barciszewski J. and Erdmann V.A. *Noncoding RNAs : molecular biology and molecular medicine*, New York, Kluwer Academic / Plenum Publishers (2003).
27. Denli, A.M., Tops, B.B.J., Plasterk, R.H.A., Ketting, R.F., and Hannon, G.J. Processing of primary microRNAs by the Microprocessor complex, *Nature*, **432**, 231-234 (2004).
28. Lolle, S.J., Victor, J.L., Young, J.M., and Pruitt, R.E. Genome-wide non-mendelian inheritance of extra-genomic information in *Arabidopsis*, *Nature*, **434**, 505-509 (2005).

GERMINATION RATE OF WHITE RADISH, BUCKWHEAT AND QING-GENG-CAI UNDER LOW PRESSURE IN CLOSED ENVIRONMENT

Tsutomu Hinokuchi and Hirofumi Hashimoto

Graduate School of Systems and Information Engineering, University of Tsukuba,
Tsukuba, Ibaraki 305-8573, Japan
Phone&Fax: +81-29-853-6192
E-mail: hhashi@kz.tsukuba.ac.jp

(Received 31 October 2005 Accepted 18 November 2005)

(Abstract)

In order to investigate influence of low pressure on a germination of a plant, the germination rates of white radish, buckwheat and qing-geng-cai were measured under low pressure in pure oxygen. The results of germination experiments show that the germination rate of buckwheat is the highest in three species of plant at 4kPa. The tolerance of buckwheat to the low pressure environment is the highest in this stage. Germination rates of buckwheat were also investigated at different temperature. As a result, the germination rate at 20°C was higher than that at 25°C.

(Key words)

Germination, White radish, Buckwheat, Qing-geng-cai, Low pressure, Closed environment, Temperature

Introduction

In future space development, space agriculture is necessary for food supply. In the space agriculture, as plants will be cultivated in a low pressured dome, the plant cultivation technique under low pressure is very important.

In the previous experiments, the germination rates of white radish were investigated under low pressure, low oxygen partial pressure and low pressure in pure oxygen [1, 2, 3]. The result of these experiments showed that the germination rate was affected by oxygen partial pressure. From this fact, it was possible to lower total pressure by using only the pure oxygen in the stage of germination. Furthermore, the germination rates of buckwheat and qing-geng-cai were also investigated in pure oxygen for the comparison. Consequently, though the tendency of germination rate of white radish was similar to that of qing-geng-cai, it was different from that of buckwheat.

In this study, the comparison of germination rate of buckwheat at different temperature is conducted.

The comparison between germination rates under low pressure in pure oxygen

The germination rates of white radish, buckwheat and quin-geng-cai were measured under low pressure in pure oxygen. The experiment equipment is shown in Fig.1. Six stainless vessels with pressure gage and window made of acrylic resin employed for this experiment. The paper with water was laid on the dish, and one hundred seeds were sown there. The dish was put in the cultivation vessel, and inside of the vessel was decompressed by vacuum pump and injected oxygen. Control sample under the atmosphere was prepared to compare the results. Table 1 shows the condition of this experiment.

Figure 2 shows the result of the experiment under low pressure in pure oxygen. As shown in Fig. 2, the tendency to germination rate of qing-geng-cai is similar to that of white radish. In the cases of buckwheat, the tendency is different from those of white radish and qing-geng-cai. The germination rate

of buckwheat at 4kPa is 66%. This germination rate is the highest in three species of plant. The tolerance of buckwheat to the low pressure environment is the highest in this stage.

Figure 3 (a) and (b) show the behavior after germination of buckwheat at 4kPa in pure oxygen and qing-geng-cai at 4kPa, respectively. From these pictures, it is clear that there is a difference of the tolerance to the low pressure environment.

Table 1. Conditions of the germination esperiment in pure oxygen

Pressure (kPa)	20, 10, 8, 6, 4
Period (days)	7
Culture medium	Paper and water
Number of samples	100 seeds each vessel

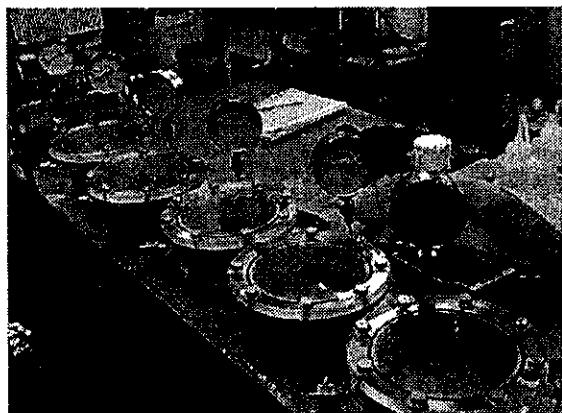


Figure 1. Picture of the experiment equipment. The cultivation vessel made of stainless with pressure gage and window for observation.

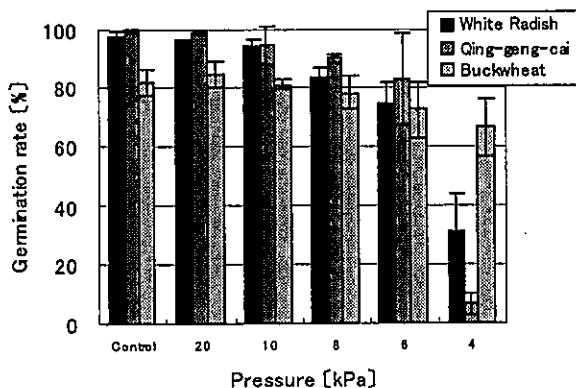


Figure 2. The germination rate of white radish, qing-geng-cai, buckwheat in pure oxygen.

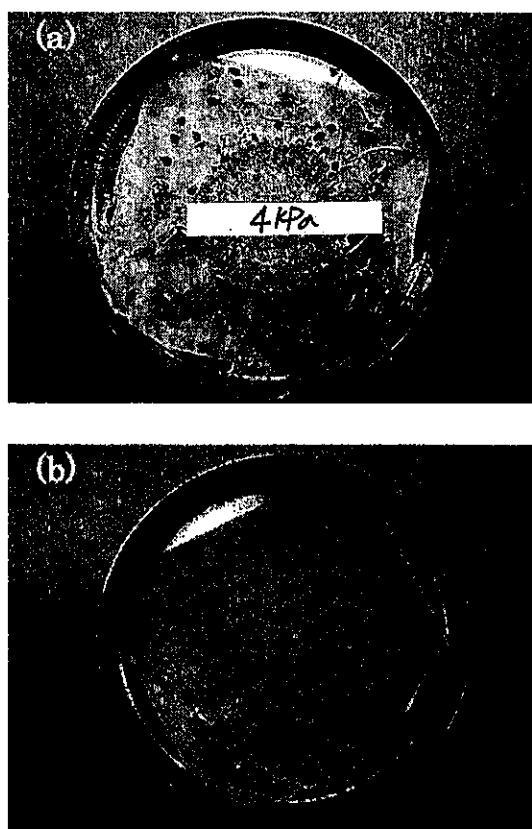


Figure 3. The comparison of behavior after germination.
(a) Buckwheat at 4kPa. (b) Qing-geng-cai at 4kPa.

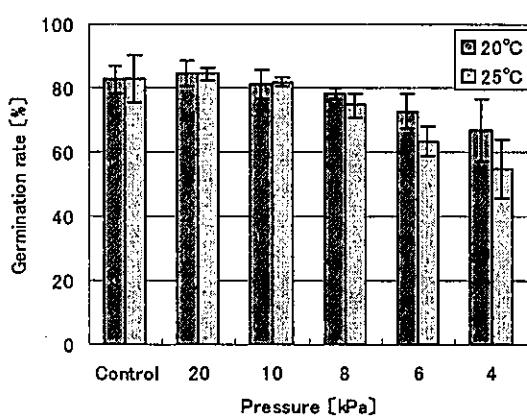


Figure 4. The germination rate of buckwheat at 20°C and 25°C.

The comparison of germination rate of buckwheat at different temperature

The germination rate of buckwheat was investigated under low pressure in pure oxygen at 20°C and 25°C. The other experimental conditions were the same as those in the case of the pure oxygen experiment.

Figure 4 shows the result of the germination rate at 20°C and 25°C. As shown in Fig. 4, in the pressure of over 8kPa, the germination rates at 20°C are almost same as those at 25°C. In the pressure of 6kPa or less, the germination rate at 20°C is different from that at 25°C. The germination rate at 4kPa is 67% at 20°C, which is higher than that at 25°C.

Conclusion

The germination rates of white radish, buckwheat and qing-geng-cai were measured under low pressure in pure oxygen. The tolerance of buckwheat to the low pressure environment is the highest in this stage. Germination rates of buckwheat were also investigated at different temperature. As a result, the germination rate at 20°C was higher than that at 25°C.

References

1. Hinokuchi, T., Oshima, S., Hashimoto, H. Germination Experiments under Low Pressure in Closed Environment, Space Utiliz. Res., **20**, 132-135 (2004).
2. Hinokuchi, T., Akiba, M., Hashimoto, H. Germination Rate of White radish and Buckwheat under Low Pressure in Closed Environment, Space Utiliz. Res., **21**, 315-318 (2005).
3. Hinokuchi, T., Oshima, S., Hashimoto, H. Germination of White radish, Buckwheat, Qing-geng-cai under Low Pressure in Closed Environment, Biol. Sci. Space, **18**(3), 154-155 (2004).

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も刊行されています。(http://www.origin-life.gr.jp) 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) 研究に対するプリンシプルなアイデア、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

1. 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。
2. 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。
3. 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。

4. 論文は緒論、方法、結果、討論、謝辞、引用文献の順に構成する。
5. 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, J. A. Ed., *Evolution of hydrothermal ecosystems on Earth (and Mars?)*, Ciba foundation symposium 202; pp. 334, John Wiley & Sons Ltd., Chichester, 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。
7. 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, Table2 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。
8. 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。
9. 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。
 10. 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, J. A. Ed., *Evolution of hydrothermal ecosystems on Earth (and Mars?)*, Ciba foundation symposium 202; pp. 334, John Wiley & Sons Ltd., Chichester, 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。
 6. 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, Table2 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数、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。
 7. 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。
 8. 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。
9. 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、3.5 インチのフロッピーディスクと共に下記に郵送する。

〒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
川村 邦男
Tel: 072-254-9284
Fax: 072-254-9910
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。

VII. 別刷

著者は、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。

論文名	
著者名	
所属	
E-mail address	
TEL	
FAX	
論文作成に使用した OS とそのバージョン	例 Windows 98 for Mac
本文作成に使用したアプリケーション名	例 マイクロソフトワード 9 8
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	例 図1 マイクロソフトワード 9 8
	表1 マイクロソフトエクセル 9 8
画像作成に使用したアプリケーション名	例 図3 フォトショップ 5.0
図表の save 形式	jpg または gif

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 MASTER

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 カードと MASTER 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 0724-51-2630

生命の起原および進化学会

<2004、2005年度役員>

名 誉 会 長 野田 春彦
会 長 小林 憲正
副 会 長

[運営委員会]

委 員 長：小林 憲正（横浜国立大学大学院工学研究院 kkensei@ynu.ac.jp）
会計責任者：島田 秋彦（筑波大学生命環境科学研究所生物機能科学専攻 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@HL.rri.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：大西 耕二 浦田 秀仁 池原 健二 山岸 明彦 長谷川 典巳 三田 肇
会計監査：後藤 公彦 長谷川 典巳

学会事務局

〒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
Tel : 0724-51-2496, Fax : 0724-51-2630 E-mail: nfujii@HL.rri.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所生物機能科学専攻
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)

2006年3月10日 印刷

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

2006年3月10日 発行

編集者	〒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
	〒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	〒240-8501 横浜市保土ヶ谷区常盤台79-1 生命の起原および進化学会運営局 責任者 小林 憲正
印刷所	〒596-0821 大阪府岸和田市小松里2557番地 (株) 泉文社 TEL 0724-44-9761 FAX 0724-45-8900 Email: senbun@agata.plala.or.jp

- Kanai A. : *In vitro* selections of RNA-binding proteins and their target
RNAs in a hyperthermophilic archaeon, *Pyrococcus furiosus*(26)
- Miyamoto-Sato E. and Yanagawa H. : Puromycin technology originated
from evolutionary molecular engineering for analyses of protein
interactions(27)
- Yanagawa H., Onimaru M., Tsuji T. : Creation of novel proteins by block
Shuffling(28)

<General Contributions>

- Okamoto K., Kuno A. and Hasegawa T. : Evolution of glycine tRNA identity(29)
- Nagatoyo Y., Iwaki J., Kuno A. and Hasegawa T. : Evolution of histidine tRNA
identity of hyperthermophilic archaeon, *Aeropyrum pernix* K1(30)
- Tsuchiya W., Kuno A. and Hasegawa T. : Molecular evolution of archaeal
tryptophanyl-tRNA synthetase as seen by tRNA identity(31)
- Ikehara K. and Nakano S. : Significance of [GADV]-amino acids on the origin
of life(32)
- Kato T., Yamasaki M. and Sugimoto K. : The Chiral Symmetry Breaking derived
from the fifth apical ligand molecule of the square pyramidal tetradentate
five coordinated copper complexes(33)
- Munegumi T. : Asparagine and Homochirality of Polypeptides(34)
- Takata T., Shimo-Oka T., Kinouchi T., Fujii N. : The Research About D- β -Asp
Containing Protein in Lens(35)

<Special Lecture>

- Muramatsu T. : Recognition of SsrA tag(36)

<General Contributions>

- Ikehara K. and Niihara Y. : Possible evolutionary pathway of mitochondrial
genetic codes(37)
- Watanabe T., Matsumoto M., Seya T., Nishikawa S., Hasegawa T., Fukuda K. :
Isolation of RNA Aptamers Specific to Human Toll-Like Receptor 3
Ectodomain(38)
- Kikuchi K., Umehara T., Fukuda K., Kuno A., Hasegawa T. and Nishikawa S.:
In vitro selection and characterization of RNA aptamers against HCV IRES(39)

- Kawamura K., Nishi T., Sakiyama T., Yao T. : Reaction behavior of 2-mer
 – 5-mer oligoalanine under hydrothermal environments and discovery of a
 pathway for the efficient elongation(11)
- Kano S. : Synthesis of amino acids from inorganic slurry with UV light irradiation (12)
- Ito Y., Tukidate T., Edazawa Y., Arimichi M., Takano Y., Marumo K.,
 Urabe T., Kaneko T. and Kobayashi K. : Search of submarine hydrothermal
 sub-vent biosphere by using phosphatase activity(13)
- Nemoto A., Imai E., Honda H. and Matsuno K. : Prebiotic Carboxylation and
 Possible Ignition of Primitive Metabolism in Submarine Hydrothermal
 Environments.(14)
- Hiromitsu Yokoo:(15)
- Hashizume H. : Adsorption of amino acids by kaolinite treated with
 alkaline solution(16)
- Kawarabayasi Y. : Direct discovery of the nucleotide sequence information
 from the thermal-environments(17)
- Mukai H., Someya K. and Ueki N. : Identification of endogenous functional
 cryptic peptides and investigation of their physiological roles(18)
- Suzuki R., Yabe R., Nakamura S., Fujimoto Z., Hasegawa T., Kuno A. and
 Hirabayashi J. : Sugar recognition mechanism and molecular evolution of
 galactose-binding lectins(19)
- Hara F., Yamashiro K., Nemoto N., Ohta Y., Yasunaga T., Hisanaga S.,
 Yamagishi A. : Analysis of Archaeal Actin from *Thermoplasma*
acidophilum and comparison with eukaryotic actin(20)
- Tada T. : Reverse transcriptic mutation(21)
- Masamichi Ishizaka, Etsuko Miyamoto-Sato, Hiroshi Yanagawa : Search for
 functional units of proteins by the analysis of protein-protein interactions
 using IVV(22)

<Special Lecture>

- HARA Y. : Endosymbiosis acts as the Motive Force for Biological Evolution(23)

<Symposium>

- Fukuda K., Nishikawa F., Umehara T., Kikuchi K., Nishikawa S., Hasegawa T. :
 Isolation and characterization of functional RNAs specific for HCV(24)
- Kikuchi Y. : RNA World Technology: Artificial RNA inhibitors against a highly
 active protease(25)

The 31th Annual Meeting of the SSOEL-Japan

(Yamagata University: March 15-16, 2006)

Contents

<General Contributions>

- Kobayashi K. : Roles of trace metal ions in chemical evolution(1)
Kurihara H., Horiuchi T., Islám Md. Nazrul, Kaneko T. and Kobayashi K. :
Alteration of simulated interstellar organic compounds in high-temperatureand
high- pressure environments(2)
Ogawa T., Hosogai T., Satoh Y., Kaneko T., Kobayashi k. :
Formation of amino acid precursors from simulated interstellar media by UV
irradiation(3)
Taniuchi T. : Pyrolysis GC/MS Analysis of Tholin Formed from Simulated
Titan Atmosphere with Proton Irradiation(4)
Sakai T., Suzuki N., Yosioka E., Kaneko T., Kobayasi K. : Analysis of the
denaturation processes of protein molecules by heavy ions irradiation(5)
Kobayashi K., Suzuki N., Taniuchi T., Tonishi H., Kaneko T., Takano Y.,
Takahashi J., Yoshida S. : Complex organic compounds formed from
simulated interstellar media and their roles in origins of life(6)

<Special Lecture>

- Kikuchi Y. : Origin of the cloverleaf shape of tRNA: Vestiges of simple
hairpin structures found in modern tRNAs(7)

<General Contributions>

- Izumi Y. and Nakagawa K. : Chemical evolution of alanine to alanine dimer
induced by VUV light(8)
Matsui T., Nakagawa K., Izumi Y., Kamohara M., Yokaya A. : Chemical
evolution of diglycine to oligopeptide induced by VUV ir radiation at 77 K(9)
Kamohara M., Izumi Y., Arii H., Kodama Y., Koketsu T., Nakagawa K. :
Vacuum ultraviolet absorption spectra of amino acid films (L-Met,L-Trp).(10)

Viva Origino Vol. 34 (No.1) March 2006

Contents

◎ The 31th annual meeting of the SSOEL- JAPAN (Abstracts)	
Tsunemi Hasegawa	(1)
 SPECIAL ISSUE Isolab '05 Proceedings	
◎THE PROTEIN INTERACTION WORLD HYPOTHESIS OF THE ORIGINS OF LIFE	
Peter Andras and Csaba Andras	(40)
◎ GERMINATION RATE OF WHITE RADISH, BUCKWHEAT AND QING-GENG-CAI UNDER LOW PRESSURE IN CLOSED ENVIRONMENT	
Tsutomu Hinokuchi and Hirofumi Hashimoto	(51)