

分子進化に関する概念等について

九大理 松 田 博 嗣

分子のレベルで進化を特徴づけるにはどうすればよいか。生物の形態に対する観察だけを頼りにして、進化の巨視的な歴史法則を導き出す仕事は、前世紀の後半から今世紀の初頭にかけて大きな成功を収め、放散の法則とか、定向進化の法則とか、数々の法則が知られている。これに対して DNA とか蛋白質など分子のレベルでどのような法則性があり得るのかはよく判らないが、DNA や蛋白質など分子のレベルでは生物種の状態や、種間の相違などを定量的に記述し得ること、また自然淘汰は別にしてこれらの生成過程は主として物理化学的な過程であろうから、場合によってはマクロなレベルよりは統一的な理解を容易ならしめる可能性をもつと云う利点がある。どのような概念の下にどのような量に着目して進化を論ずれば有効であるかが大問題である。

細胞あたりの最小の DNA 量は、系統発生的に新しく出現した門や綱ほど大きく、次第に多くの情報量を蓄積した生物が出現していることを示している。しかし両生類の多くは哺乳類よりかえって DNA 量が多いことや、高等生物の DNA には多くの繰り返し部分があることを考えると、単純に DNA 量と情報量とは比例するとは云えない。

Kolmogorov は与えられた有限の対象物の複雑さを示す量として、それを再現するに要する情報としての最小の 2 進数の数をもって Complexity と呼んでいる。このような概念は果して分子進化の問題に役立つかどうかは判らないが、筋としては通った考え方と思われる。

DNA の base 系列を特徴づけるのに、Gatlin らはそれをある適当な情報源から得られた見本系列と考えて、その情報源に対して情報論的なエントロピー概念を導入することを試みている。そもそも、エントロピーとは巨視的な specification に対応する微視的状态数の尺度であり、Gatlin らは生物集団をその DNA の GC 含量とか最近接 base 対の頻度などによって“巨視的に” specify したことに当たっている。これはぜひ分粗い specification であり、必ずしも適切なものとも云えないが、操作的にははっきり定義されたものであるから、今後の発展が期待される。

DNA は複製によって生じたものであり、親子関係、従って DNA 間に親等数を定義することが出来る。種々の生物の蛋白質のアミノ酸系列の比較研究の大きな成果の一つは、DNA 複製の誤りが滅多に起らぬことを基にして、生物の系統樹を推測し得ることであった。これは種々の生物間の DNA の親等数の大小関係を推定していることであるが、単なる大小関係のみならず、さらに親等数の絶対値のよい推定が望まれる。また生物集団においてそれに属する個体間の親等分布関数が定義される。異なる生物種をその集団に含ませると、親等分布関数には gap が出来るであろう。逆にこのような gap の存在により生物は自然に分類されるかも知れない。このような問題に対しては、分子進化の素過程はどのようなものか、またその過程の偶然性、必然性を見極めなければならない。このような方向の研究の第一歩として、Kimura らの分子進化の中立説は興味深い。その適否、適用限界は次第に明らかにされて行くであろう。通常中立説は、(i) 子孫に伝えられるような DNA の突然変異は、それが起った時点で大部分、適応度と関係のない中立的なものである。(ii) その変異種はそれが集団に固定されるに到るまで中立的であり続ける。すなわち固定は全く random drift によるものである。と云う 2つの仮定からなっている。しかし(ii)の仮定は長い年代に渡る変異種のあり方に対する仮定であり、(i)に比べると根拠が薄く、進化速度が集団の大きさに余りよらないことを導くためには必ずしも必要な仮定ではない。

以上のような問題を含めて、われわれは分子進化の素過程の解明を中心として研究を進めて行きたいと考えている。