

分子進化と複製スピン模型

九大理 松田博嗣

I) 系列解析の進歩により、相同蛋白質のアミノ酸系列の生物種間比較が可能となりこれに基づいて分子進化の系統樹が書かれるようになった。こうした分子進化の機構として、Kimura らは中立説を提唱したが、これが上記種間比較を正しく説明するものであるか、否かはまだ結着が着いていない。この点の解明を目指し、中立説を仮定した場合に考え得る模型を設定して実験結果を解説した。同一種対について二種の相同蛋白質の比較をし、相異部位数がそれぞれ d , d' であったとする。一方それぞれの蛋白質の有効変異可能アミノ酸部位数を L , L' とし、中立説を用いると、

$$\frac{d - \sigma(d)}{d' + \sigma'(d')} \leq \frac{L}{L'} \leq \frac{d + \sigma(d)}{d' - \sigma'(d')} \quad (1)$$

をみたさねばならない。ここに $\sigma(d) = \sqrt{d/L}$, $\sigma'(d') = \sqrt{d'/L}$ である。(1) を実験値がみたすか否かを解析の結果、ヘモグロビン α と β は同一族、フィブリノペプチド、チトクローム c はこれと異なる一つの族に分類され、異なる族に属する蛋白質が共に L/L' 一定と云う意味での中立説をみたすとは考え難いことが判った。

II) 簡単なモデル DNA として (σ_1, σ_2) [$\sigma_\alpha = \pm 1$, $\alpha = 1, 2$] で代表される個体を考える。各個体は平均 z 個の子を次の世代に残し、親子が異なる σ_α をもつ確率は q ($\ll 1$) であるとする。1つの個体の N 世代目の子孫において、同一の σ_1 をもつ個体同志が異なる σ_1 をもつ個体同志に比して同一の σ_2 をもつ確率がかなり増すためには $z \simeq 1 + 4q$ なる条件が必要であることが判った。(ただし $z^N \gg 1$)

III) 時刻 t での 0 才の個体数 $N(t)$ が

$$N(t) = r(t) \{ p_1 N(t-1) + p_2 N(t-2) + \dots + p_\ell N(t-\ell) \} \quad (p_1 \geq 0, p_2 \geq 0, \dots, p_\ell > 0) \quad \left(\sum_{i=1}^{\ell} p_i = 1 \right) \quad \text{なるとき, } \lim_{t \rightarrow \infty} N(t) > 0 \text{ なるため } r(t)$$

のみたすべき種々の条件を求めた。

(上記研究は、宮田隆・石井一成・宮沢三造らとの共同研究による。)