遺 伝 情 報

大阪大学 次 田 皓[※]
医 学 部

生体には多くの情報の活動があるが、物質のレベルを中心にもっともよく解き明かされてきたものは遺伝情報である。その研究の発展の過程で、物質のレベルが中心となって発展してきたためか、この遺伝情報の説明には他のエネルギーのレベルの言葉を使った説明が十分なされていないが、物質の情報過程の中での相関関係が、他のパラメーターを用いた説明を一見必要としない程、十分浮き彫りにされている。

遺伝情報の研究は約 100 年前、メンデルの法則が提出されて以来長い研究の歴史の起伏があったが、1955 年頃から現在までの 10 余年間に各研究者、研究者のもつ背景の広がり、対数的高まりに伴い、数多くの知見が集積され、体系化されつつある。

遺伝情報の単位とその実体

遺伝情報には大別して二つの役割が見出されている。一つは自分のもつ情報を子孫に伝えること、他の一つは自分のもつ情報を形質にまで発現することである。この二つの役割は遺伝情報を考える上で、もっとも重大なことであるばかりでなく、生命現象そのものの意味付けにも必須のものである。この二つの役目は遺伝という生命現象では全く表裏の関係にあり、時間軸の上でも、その現象を引き起こす道具立ての上でも、少なくとも研究の上での考え方としてははっきりと分けることが可能である。すなわち我々の言葉でいえば「遺伝情報の複製」「遺伝情報の発現」である。

遺伝の本質をつかさどるものに対して 1857 年メンデルによって「element」という言葉が最初名付けられ、後に遺伝子と呼ばれるようになった。遺伝子は最初は観念的なものであったが細胞学の進歩と共に、細胞内に見出された一分画である核、さらに細胞分裂の際に顕著なあらわれ方をする染色体にとじこめられ、最近になって核酸という物質が遺伝子そのものに他ならないことも見出されてきた。

核酸には大別して DNA、RNA の二種類の核酸があり一般の生物では DNA が遺伝子となっている*。遺伝子 DNA は構成単位として 4 種類の単位（ヌクレ

オチド）をもっている。すなわちアデニン（A）グアニン（G）、チミン（T）、シトシン（C）である。RNA の場合は以上の 4 種の単位の内 T がウラシル、U で置き代っている。

DNA は二本の鎖からできていて、その一本の鎖は前記のヌクレオチドの単位が色々の順番に直線的に並んだものであり、枝分かれとか、より高次の構造等に本質的に生物学的意義は見出されていない。簡単に考えると DNA の鎖の一つは A、T、G、C の 4 文字で綴られている文章、しだがつて 4 文字（letter）文といえよう。このような鎖が二本集って「こより」のようによられているのが遺伝子 DNA の実際的な形である（図 1）。

この形をよく見ると、2 本の鎖の四つの文字の配列に一つの大切な規則がおりこまれている。すなわち A と T または T と A、G と C または C と G が例外なく対をなしていることである。この対合は「塩基対」と呼ばれ、実際には水素結合で対合がなされていて通常の分子間の共通結合よりはるかに弱い。

このような DNA は比較的容易にそれぞれの鎖に分解することができ、この性質は遺伝子の複製、DNA の自己保存を考えるときもっとも重大な性質となってくる。

上述の塩基対の形成は DNA のみに止まらず、RNA と DNA、RNA と RNA 等全での核酸について可能であり、そのことが遺伝子 DNA の形質発現にとっても欠くこ

図1 ワトソン・クリックの形ワトソン・クリック模型 DNA による分子のねじれたはしご。

Genetic Information;

※ Akira TSGITA: Laboratory of Molecular Genetics,
Medical School, University of Osaka.

* バクテリア、植物、動物のウイルスでは DNA の代わりに RNA を遺伝子としてもつものが比較的多く見出されている。

図2 DNA分子を、容易に理解しうるようにねじりもどして、その小部分を記号であらわしたものである。

とのできない性質である（図2）。

遺伝子としての核酸の役割

前述のワトソン・クリックの核酸立体の構造の確立と相前後して遺伝の本質を支配する物質が核酸であることが少なくとも三つの系を用いて確立された。

最初の系はアヴェリらによって研究された肺炎双球菌の系であるが、有毒な菌を用いて無毒な菌を有毒化する実験である。最初は有毒な菌を処理してそれ自体では感染力をもたないようにし、これを無毒な菌とともにまぜ合わせて動物に感染させると、感染力をもった無毒な菌が有毒化されていた観察に始まり、無毒な菌を有毒化する物質的根拠が執要に追求された。

長い年月に亘る研究の結果、有毒な菌のDNAこそが無毒な菌を有毒化する本質であることが究明された。この時期と相接して（1955年）フランケル・コンラー

ト、シュラムらはタバコモザイクウイルスが、単に核酸と蛋白質だけから構成されていることに目をつけ、核酸と蛋白質を各々二つの遺伝的性質が歴然と区別されるウイルスから抽出し、二種の交差再構成したウイルスを作って、植物に感染した。このようにして増殖してきて

核酸（ウイルスA）+タンパク（ウイルスB）→…
…→ウイルスA
タンパク（ウイルスA）+核酸（ウイルスB）→…
…→ウイルスB

きたウイルスの性質を調べ、核酸こそこの生物の本質を決める物質であることを証明した。後に彼らは核酸だけで植物に感染することを示しますます核酸の遺伝子としての役割りを確立した。

ほとんど時期を同じくしてハーシェらによって行なわれた実験では大腸菌に感染するウイルス T_2 フェージが用いられ、このフェージの核酸、蛋白を各々別々の放射性同位元素で識別することに成功し、感染に際して核酸だけが菌の内部にとりこまれて増殖することを明白に示して核酸の遺伝子としての地位を確立するに至った。

遺伝子の複製

遺伝子DNAが親から子に伝えられることは我々生物にとって非常に重要な特徴であろう。生物がその種族を保存することは生物の最も基本的な性質といっても過言ではない。この現象はメンデルによって詳しく解析され遺伝子の「半保存性」が見出されている。すなわち双方の親のもつ特徴たとえばAAとaaという性質は一代目の子孫ではAA, Aa, aa というように伝えられる。しかしこの場合Aaが他のAA, aaに比して二倍すなわち2Aaの頻度をもつとされている。

以上の観察は遺伝的に伝わる色とか形などの外観的特徴の観察に基づいたものであるが、染色体が遺伝子の本質を担っていることが解明されて後は、有性生殖、無性生殖等の細胞の分裂の様式が顕微鏡のレベルでの観察で明らかにされ、細胞の分裂に際しての染色体の挙動が浮き彫りにされてきた。

1960年の初めにメセルソンとスタールは、細菌のDNAに人工的に標式をつけることに成功し——同位元素を用いて親のDNAを増殖してくるDNAと区別することに成功した——その細胞の増殖に伴って起こるDNAの挙動を解析することに成功した。結果はこの生物のDNAがメンデルの「半保存性」の原理に全く基づいて増えて行くことを示した。このことは大まかな外観的観察の結果見られた遺伝子の特性そのもの

を物質としての遺伝子 DNA がもつことを明らかにしたものである。

生細胞内において遺伝子核酸が複製されることはこのようにして物質のレベルとして示されてきたが、この核酸の複製に関与する酵素の研究も進められてきた。コンバーグらは1950年代の終りに DNA を鋳型として新しい DNA を作る酵素 DNA ポリメラーゼ (Dpase) を細菌から取り出すことに成功した。この酵素は遺伝子となる DNA を鋳型として4種のヌクレオチドの磷酸誘導体を基質として鋳型 DNA と塩基対を通した相補的な DNA を形成する働きをもつことが分かり、したがって長時間の後には相補性をもつ二本鎖 DNA からは全く同じ新しい DNA が作られることになる。

DNA は図2に示されているように4種の塩基とデオキシリボ核酸という5単糖とが結び合いその糖の5'の位置と3'の位置とを結ぶ一つのリン酸によって互いに連結されている。したがって一本鎖の DNA は、 $5'-P-3'$ の一種の方向性をもつことになるが、その方向は二本の鎖では互いに逆向きであることが知られている。上述の Dpase は二本鎖 DNA のこの方向性に対してどのように働くのであろうか。この酵素は $5' \rightarrow 3'$ の方向性にだけ働くことが見出された。このことから $5' \rightarrow 3'$ 鎖の複製の方は一方方向に無限にのびるが、他方の鎖に対しては連続的に複製することが不可能になる。この問題に対しては種々の可能性が検討され多くの考え方が提出された。岡崎らは図3に示されるように双方の鎖においておこる複製の方向は同一で短い DNA が両方の鎖で複製され、次いで短い DNA 同志が結合するという仮説を提出した。

1957年この短い DNA を繋ぎ合わせる酵素が見出され岡崎の仮説が改めて認識されるにいたったが、この酵素はライゲースまたはシーレースと呼ばれ、非常に広く、ウイルスから種々の生物に分布していることが見出されるに至った。したがって現在の DNA の複製は親の DNA の二本鎖ともが鋳型となり Dpase によって $5' \rightarrow 3'$ の複製が多分同じ割り合いで進み、新しい DNA 小片が形作られ、ついで、親 DNA と娘 DNA 小片がまだ塩基対で結び合っている状態でライゲースが働いて娘 DNA 小片が繋ぎ合わされてはじめて娘 DNA が完成すると考えられている。

もちろん多くの問題がまだ残されている。例えば DNA の複製の始まりはどのようにして決められるのか、ワトソン・クリックに見られる DNA のねじれは、この読まれている DNA 上ではどのようにになっているのか、ねじれはどんな力でとかれていくのか、複製点

図3 DNA の複製の模式図

- 1) 先づ塩基対をなしてヌクレオチドが並ぶ。
- 2) DNPase による塩基対を作りながら新しい DNA 鎖ができる。この DNA の鎖はこの図よりも勿論長い (1000ヌクレオチド位) 断片であるが、先づ小断片となっている。
- 3) 出来た小断片がライゲースという酵素でつながれる。

が細胞壁とどのような関係にあるのか等の問題は今後解決されなければならないことであろう。

DNA は生物の中で少なくとも三つの状態をとっている。例えばその両端の連なっていない直線型のもの、両端の閉じた輪になったもの、その輪がさらにねじれたものの三種の状態が既に観察されているが、実際に複製を行なっている DNA の状態はどんな状態であろうか。最近富沢らは入フェージという大腸菌ウイルスを用いて単純な輪の形の DNA から新しい DNA が作

られていることを電子顕微鏡を使ってみごとに示している。

昨年末コンバーク、シンスハイマーらは前述の二つの酵素を使って一本鎖 DNA をもつ特殊な大腸菌ウイルス ϕ x-174 の DNA の試験管内での増殖(生理的活性をもつ DNA の増殖)に成功した。このことはかなり単純ではあるがこのウイルス DNA の複製には上記の二つの酵素が必要でかつ十分であったことを示している。

これに先立つ数年前スピーゲルマン・春名らは単純な RNA ウィルス Q_{β} (大腸菌ウィルス) に特異的な RNA を鋳型とする RNA ポリメラーゼ(Rpase)*の複製に成功した。この Rpase は Q_{β} の RNA に非常に特異的で、その鋳型の認識の特異性について興味深い問題を提起している。最近スピーゲルマンは、この Rpase が二つの酵素によって成立していることを見出しその一つは Q_{β} の感染しない菌からも取り出されている。

DNA の複製が遺伝子の一定の点から起こっている証拠は、末岡らによって提出されている。枯草菌が、DNA をくみ込む能力をもつことに着眼し、新しく複製された遺伝子 DNA を比重によって標識し、その DNA の遺伝子としての性質が調べられた。結果は DNA の複製は遺伝学的に求められた遺伝子地図とほぼ直線の関係があり、最初の遺伝子の複製の開始の点は決してランダムでなく唯一つあることも合せて示された。

遺伝情報の形質発現

遺伝形質の発現の様子は過去10年間に飛躍的に明らかにされてきた。形質発現の道筋は大別して二つに分けられる。DNA がもっている遺伝の情報を大きな設計図にたとえると全部の設計図をいつも持ち歩いて物を作るわけにはいかない。このようなとき部分図を青写真にコピーして工場にもって行く、形質の発現においてもまず青写真を作る作業と、青写真をもとにして工場生産する過程がある。青写真に相当するものが生体内では RNA で、とくにこの目的をもつ RNA をメッセンジャー (m-) RNA と呼ぶ。工場に相当する場所は細胞内で核について重い分画のリボゾームという分画である。m-RNA を作る段階を **transcription** の過程とよび、青写真に写された遺伝情報をもとにして形質を作る過程を、その情報を翻訳するという意味で **translation** の過程という。

遺伝情報を最初に受けとる形質、言い換えれば遺伝情報によって直接支配され一次的に発現される形質は

* レプリカーゼといわれている。

たんぱく質である。たんぱく質は機能的には酵素とか生体の支持物質となる。したがって1遺伝子——1酵素説等がビードル、吉川らによって提唱された時期があった。

遺伝情報の transcription

遺伝子という言葉は既に今まで出てきたことでもかなり色々な意味に使われているが、前述の1遺伝子1酵素説の頃から現在の定義に近くなってきている。遺伝子はシストロンといわれる一つの蛋白(ポリペプチド鎖)を作る遺伝の単位をさすことになっている。DNA の情報が m-RNA に転写される場合このシストロン単位で行なわれる。といってもシストロンの幾つか連なったものが通常の細胞で見られ、ポリシストロンの m-RNA が作られている。もちろんシストロン一つだけからなる m-RNA もある。しかし一つの生理的機能をもつシストロンは多くの場合ポリシストロンとなっている例が多く(他の例も知られている)その生理的目的とよくあっている。

これら一連の機能蛋白質を作るポリシストロンの転写には調節機構が存在することが知られ、その転写の行なわれる時期または可否、並びに量的な調節まで行なわれている。

遺伝子 DNA の m-RNA に転写される機能は DAA を鋳型とし RNA ポリメラーゼ (Rpase) によって行なわれる。この酵素は1960年頃同時に三カ所の研究室によって見つけられ、ほぼ Dpase と同様に塩基対を作りながら DNA に書きこまれた遺伝情報と相補的な m-RNA を作る。この酵素がある限り DNA の情報は無制限に転写されるはずで、これでは生体内の状況と程遠い。このためこの転写を調節する種々の機構が考えられてきた。

この調節機構は1959年ジャコブらによって提案された仮説がもっとも広く受け入れられている。図4にそのあらましを記しておく。このモデルは実際に酵素たんぱく質の遺伝情報をもつ構造遺伝子のシストロンとその情報の先頭にあつてオペレーターの役割を受け持つオペレーター遺伝子、さらにそのオペレーターを支配する抑制遺伝子から成り立っている。この内、オペレーターとそれによって支配される構造遺伝子をオペロンと称し、普通オペレーターを先頭とする一群のものとして遺伝子 DNA³上に存在する。

抑制遺伝子はとくにこの部位に隣接して存在する必要はなく、普通の状態では抑制物質、レプレッサーを生産する情報を持つ。このレプレッサーはオペレータ

図4 translation の調節機構

一部位を掩ってオペロンの作動、したがって構造遺伝子の転写を妨げている。

一般に小さい分子の誘導物質が細胞内に取り込まれ、またはできてくると、レプレッサーと結合し、それを無力化し、オペレーターにかかっていた抑制がとかれて、オペロンの活動が開始される。ここに描かれた抑制機構は一つの典型であって、逆にレプレッサーは小分子物質コ・レプレッサーの働きで始めて機能をもつようになると考えるとオペレーターは通常の状態では on にコ・レプレッサーの存在で off になるという場合も考えられる。

1966年末になってこの説を裏付けるレプレッサーがハーバート大学のプタシェニールパートによって取り出された。用いられた系は β-ガラクトシダーゼの系と λ-ファージの系で、前者では物質としての精製にまでは至っていないが、誘導物質の生体内で働く濃度で、誘導物質と特異的に結合する画分が存在することが確かめられ、後者ではレプレッサーたんぱく質（この場合は λ-ファージの感染に特異的な免疫物質）を分離精製している。この仕事では最初、その活性の期待できる場合に実体として分離され、期待できない場合には見出されなかったという証拠に止まり、直接の活性の測定はなされなかった。とにかく長年に亘って直接的証明のなし得なかった仮説が実証されたことになったわけである。この他最近あるオペロンを左右する抑制遺伝子で、他のオペレーターの on, off を行なわすことに成功した。

例えばAのオペロンの抑制遺伝子とBのオペロンをいわゆる遺伝子欠損（物理的にもその遺伝子が短くなっていると考えられる）法で連結し、Aの誘導物質の存否によりBの酵素たんぱくを作ったり、作らなかつ

たりすることに成功し、オペレーターの性格をより明らかにしている。

遺伝子の転写レベルでの調節でまだ多くの解明されない機構の中にあつて、このジャコブの提出したオペロン説が正しいものとして解明されつつあり、しかもこれが生体内のこのレベルの調節に重大な意義をもつことはもはや動かし難いようである。

このレベルの調節について解明されつつある他の物質に核の中で核酸と非常に強く結びついている物質にヒストンがある。ヒストンは塩基性の強い蛋白質で比較的最近までは分離技術の未熟さから非常に数多い成分からなっていると考えられていたが、技術の改良と共に数種の成分からなり立っていることが分かってきている。驚くべきことに、植物から得られたヒストンの1分画と動物子ウシ胸腺から得られたヒストンの1分画の一次構造がコク似していることが分かってきた。このことからヒストンに対して生物界に核酸と共に広く目的的存在する蛋白としての興味深い生理的機能が期待されるが、今のところ特異的でない一般的に転写の機能を抑制する物質として考えられているにすぎない。

転写の機能に関係するかも知れないものとして、この他にDNA核酸そのもののメチル化がある。転写抑制能と関連してメチル化の程度が研究対象となっているが、特にはっきりとした結論は得られていない。

さらにDNAの二本鎖に非常に少ない確率であるが、前述の塩基対とはより強固な共有結合（普通の化合物の原子間の結合）が存在することがドテイやアドラーらによって見出され、転写機能と関係して、またDNAの前述の複製機構と関連して注目された。しかしこの結合をもたないファージが見出されその持ちそうな意

m-RNA の長さ に比例していることが示されている (Rich)。リボゾームは大小二つの単位からなり回転しながら *m*-RNA たぐり寄せるという考え方が提出されている。この説は Stent によって唱えられたもので転写が 5'→3' の方向性をもつことと *m*-RNA が 5'→3' に translate されるという観察(シュトラインガー, 岡田, 次田ら)に基づいて考えられたものである。

野村は最近 *m*-RNA に先づリボゾームの小成分が結合しその合成の開始の道具立てができて初めて大成分がくっついて合成を開始するという説を立てている*。

たんぱく質は通常20種類のアミノ酸から組み立てら

れている。アミノ酸は転移 RNA (*t*-RNA) といわれる約80コのヌクレオチドから組み立てられている小さな RNA 分子の一端にくっついてリボゾーム表面に運ばれる。一つのアミノ酸に対して1コ以上の *t*-RNA があり, またそれを特異的に結合さす役割りを果たすアミノ酸活性化酵素がそれらに対応して多種類存在する。*t*-RNA は今から三年許り前ホーレーらによって、はじめてその一つの構造が決定され技術の進歩と共に続々と決定されつつある。我国においても昨年竹村らにより二種類の *t*-RNA の構造決定をみた。*t*-RNA の全ての一方の端に C・C・A という特異的な末端構造をもち, この端でアミノ酸と結合し, また

図6 蛋白質合成

* 野村らは最近リボゾームの小成分の RNA とその 11~12 コの蛋白とをくっつけて小成分の再構成に成功し, さらに大成分と合わせて蛋白合成能を出すことにも成功している。

m-RNA に転写された遺伝情報を識別する役をもつ三つのヌクレオチドからなる anti-codon 部と呼ばれる部位をもっている。

リボゾームの小成分上に *m*-RNA が並び (リボゾーム 1 コ辺り約 6 コのヌクレオチド) そこに *t*-RNA の anticodon 部位が塩基対を通じて 2 コ並び、*t*-RNA アミノ酸を結合した端はリボゾーム大成分上に並び、ここでリボゾーム上にある二つ以上の酵素 (ペプチド形成酵素) の作用によりアミノ酸が結合し、次々と図 7 に示されるように位置転移酵素の働きによってリボゾーム表面上を移動していく。

上述のアミノ酸の結合にはもちろんエネルギーが必要とされる。現在まで分かっていることは、アミノ酸同志の結合を一つ作るためには少なくとも GTP の一分子の分解が伴われていることである。

たんばくの合成の開始

m-RNA がリボゾーム表面にあれば上述の仕組みですぐに蛋白質が合成されるのであろうか。ニーレンバーグが組み立てた細胞の抽出物の系では確かに *m*-RNA のどこの 5' 末端からでもその情報は読まれている。しかしこの系は細胞内の pH よりはるかにアルカリに傾いている。細胞内の pH にあわすと合成の割り合いは極端に下がってくる。マーカーらは *m*-RNA の読み始めには *m*-RNA 上に AUG という情報が必要であること、これに対応する *t*-RNA 側にもこの AUG を識別する特別な *t*-RNA が存在し、この *t*-RNA の末端にはメチオニンというアミノ酸がつき、しかもこのメチオニンのアミノ基はホルミル基で掩われていることを見出している (図 7 参照)。このような仕組みを動かすためにはまだ少なくとも二つ以上の酵素 (*f*₁ *f*₂ 等)が必要とされるといわれている*。これらの仕組み全てが細胞内に整っていると、*m*-RNA の AUG が始めて読み始められるので、このとき *t*-RNA 側のホルミル・メチオニンは他の *t*-RNA アミノ酸と違ってアミノ基をもっていない。前述の pH を上げた系ではこれらの仕組みなく蛋白合成が始められることと考え合わせると、*t*-RNA についたアミノ酸のアミノ基が解離していないことがリボゾームと *m*-RNA *t*-RNA-アミノ酸複合体が作られて蛋白合成を始める一つの条件になるとも考えられる。

ホルミル・メチオニン *t*-RNA, リボゾーム小成分 *m*-RNA がそれとなく近づいているとき *m*-RNA に

* これらの酵素がリボゾーム小成分上に存在するのではな
いかともいわれている。

図 7 リボゾーム上の蛋白合成部分図 (Clark B. F. C., Marcher K. A. Sci. Amer. (1968) 218, 36 参照)

(イ) ではリボゾーム小粒子上に *m*-RNA がくっつき *t*-RNA_f が AUG コード塩基対を作ってくっつき大粒子が小粒子によびよせられている所。

(ロ) ではリボゾームが完成され、次のバリンの *t*-RNA_v がくつした所。

(ハ) では *t*-RNA_v が左に移り最初の結合が完成されたところ、アラニンの *t*-RNA_a が次の結合の用意をしている。

AUG があるとその *t*-RNA の anticodon 部分とがまず結合してリボゾーム小成分がつき、アミノ基のおおわれた *t*-RNA 部分がリボゾーム大成分をよんで完成されたリボゾームができ、蛋白の合成が始まると考えることができる。

このような translation のレベルの量的並びに質的調節機構はまだ存在する可能性がある。その一例に一つの蛋白質が合成されるとき個々の場所のアミノ酸によって、そのペプチド結合の完成される量に差ができることがわれわれによって示されている。

遺伝情報 (コード)

1961年ニールンバークらは人工的に作った *m*-RNA を細胞から抽出した上述の必要な道具立てを再構成した系を使って直接コードの組成を実験的に示した。オチョアラもほぼ同様な実験から天然に存在する殆んど全てのアミノ酸のコードの組成を示すに至った。

図8. コードの研究の説明図

(a) コラナ・西村らによるくりかえすヌクレオチドをもつポリヌクレオチドを用いて行なわれたコードの研究。

(b) コードのずれでアミノ酸の変化を起としてコードの並び方を調べたときの考え方。

1965年になってニールンバークは順番の決まった種々の3単位からなるヌクレオチドとリボゾーム、*t*-RNAと複合体を作らせ、その複合体形成能からコードの順序を推定した。同じ頃、コラナ、西村らは人工的に一定の繰り返しのある *m*-RNA を合成することに成功し、これを細胞抽出物の系に加えてペプチドを合成し、コードの順序を証明する実験を進めた(図8a参照)。同年ストライジンガー、次田、岡田、井上らは細胞ウイルスの遺伝子 DNA にヌクレオチドの

附加、欠損(図8b参照)を起こす手段を用いその情報に「ズレ」を起こし、数多くのコードの順序の決定を行なった。前二者が細胞を再構成した系を、我々の場合には実際に細胞内で用いられている系を用いたものであるが、三者の間に矛盾は見られず、三つのヌクレオチドのほとんど全部の組み合わせ(全部で $4^3=64$ コある)に対応するアミノ酸のコード表が完成された。この内には、AUG 開始のコード、UAA, UAG, UGA の停止のコードも含まれている(表1参照)。

コードの3番目(5'→3'の方向でかいてあるので3'末端)の場所がかなりあいまいでも同じアミノ酸の情報をもつ。生体内に使われていると考えられるコードではこの3'末端塩基がその生物のもつDNAの組成とかなり一致しているように見られる(次回、ストライジンガーら)。一方塩基の組成が生物の種に特異的であることが末岡、ドティらによって示されているのでコードの3'末端は生物の種特異性に深い関係があると考えられる。

表 1

UUU	Phe	CUU	Leu	AUU	Ile	GUU	Val
UUC	Phe	CUU	Leu	AUC	Ile	GUC	Val
UUA	Leu	CUA	Leu	AUA	Ile	GUA	Val
UUG	Leu	CUG	Leu	AUG {開始 Met		GUG	Val
UCU	Ser	CCU	Pro	ACU	Thr	GCU	Ala
UCC	Ser	CCC	Pro	ACC	Thr	GCC	Ala
UCA	Ser	CCA	Pro	ACA	Thr	GCA	Ala
UCG	Ser	CCG	Pro	ACG	Thr	GCG	Ala
UAU	Tyr	CAU	His	AAU	Asn	GAU	Asp
UAC	Tyr	CAC	His	AAC	Asn	GAC	Asp
UAA	停止	CAA	Gln	AAA	Lys	GAA	Glu
UAG	停止	CAG	Gln	AAG	Lys	GAG	Glu
UGU	Cys	CGU	Arg	AGU	Ser	GGU	Gly
UGC	Cys	CGC	Arg	AGC	Ser	GGC	Gly
UGA	停止	CGA	Arg	AGA	Arg	GGA	Gly
UGG	Trp	CGG	Arg	AGG	Arg	GGG	Gly

他方この3'末端のひろがりには *t*-RNA の anti-codon との塩基対を考えていくと解決されるという説をクリックが提出している。コードと anticode の一方を空間的に少し“ずらす”と anticode 中の一つのヌクレオチドと1〜3種のコード中のヌクレオチドと塩基

対を無理なく作るようになる。このような塩基対を Wobble の塩基対という。すなわちコード側の3'末端のヌクレオチドがUまたはCのように変化しても anticode 中の(DNAと同様逆方向が仮定されるから)5'末端のヌクレオチドはGでことたりるわけである(表2)。ここでは一種の *t*-RNA の anti-codon が wobble 塩基対を通して一種以上の *m*-RNA 側のコードを認識するわけである。

t-RNA の構造の解明が次々と進み、また他の種々の実験からもこの wobble 説は支持されてきたが、これにあまり合わない事実も見出されるようになった。

表 2 Wobble の考え方から出た塩基対の

可能性 anticodon	codon
U	{ A G
C	G
A	U
G	{ U C
I	{ U C A

ボックは最近、塩基対を作るために平面的なずれを仮定するより、“回転”を仮定した方がより安定な塩基対を作るという考え方を出した。ボックの説は今のところクリックの説よりも事実をよりよく説明しているようで興味深い。

以上遺伝情報・コードはたったこの10年間にほとんど全てが解明されてきて、さらにそのコードが下等なウイルスから、高等な我々動物に至るまで共通であることがだんだんと明らかになってきている。

一次的な意味での全生物界にわたる遺伝情報の辞書が作りあげられ、その複製、形質発現の色々な詳細な調節機構が勢力的に掘り下げられつつあるが、その知識は我々が生物の全ての面を理解する上のもっとも基本となるものである。我々が我々の健康を考え、疾病の原因を考える医学の応用面から生物的手段を用いた生産の面のみならず、更には全く新しいタイプの soft な情報及びその伝達の種々なトリックを学びとるためにもこれらの知識の進歩は無限の重みのある貢献をすることは疑いないことであろう。