

同じ一文字の誤りが、位置によって **15.75** 倍違う——第 2 位はちょうど **0** である

— 三文字のコドンで、**183** 通りの一塩基置換のうち何も変えないのは、第 1 位で **8** 件、第 2 位で **0** 件、第 3 位で **126** 件 — 黙って済む誤りの **94.03** パーセントが第 3 位に集まっている — [論文398]

山岸 勇輝 (Yuuki YAMAGISHI)

Yamagishi Complexity Torus Lab, Japan | 山岸勇輝ラボ

2026年9月

— From thinking to syncing. —

要旨

遺伝暗号は **64** 通りのコドンで **20** 種のアミノ酸を指定する。本稿が示すのは余った分が均等に配られていないことである——同じ一文字の誤りが、位置によって **15.75** 倍違う。新しい定理も法則も主張しない。第一に、終止を除く **61** コドンに対し、各位置で **183** 通りの一塩基置換がある（第2節）。第二に、アミノ酸が変わらないのは、第 1 位で **8** 件、第 3 位で **126** 件である（第2節）。第三に、これが本稿の芯である。第 2 位はちょうど **0** 件——**183** 通りすべてがアミノ酸を変える（第2節）。第四に、比は $126/8 = 15.75$ で、ちょうどの分数になる（第2節）。第五に、黙って済む誤り **134** 件のうち **94.03** パーセントが第 3 位に集まっている（第3節）。第六に、分離子は「誤りがどの位置に起きたか」であって、何塩基変わったかではない（第5節）。

本稿の射程（射程注記）：新しい定理も法則も主張しない——標準遺伝暗号表、縮重、ゆらぎ仮説、誤りに対する頑健性はすべて分子生物学で既知である。起源を論じない——暗号がなぜこの形になったか（凍結事故説・共進化説・最適化説）は主題ではない。現在の表の数だけを数える。最適性を主張しない——「この暗号が最良である」とは言わない。ランダムな暗号との比較は行わない。変異率を扱わない——実際の変異が位置ごとに等確率かどうかは主題ではない。置換の場合の数だけを数える。標準暗号だけを見る——ミトコンドリアなどの変異暗号は主題ではない。翻訳を扱わない——tRNA・リボソーム・ゆらぎ塩基対の分子機構には立ち入らない。既刊との関係：論文379は「二倍の温度」に三つの答があることを示した——ここでは「一塩基の誤り」に三つの重さがある。論文391は有義波高が平均でも最大でもないことを示した——ここでは「変異率」が平均で語られて位置を隠す。論文388は二つの別の量が同じ定数へ行くことを示した——ここでは同じ操作が位置で別の量になる。論文300は同根か別根かが判定できることを示した——三つの位置は、その基準で別根である。加えたのは、位置ごとに置換を全数え上げたこと、第 2 位がちょうど **0** 件であることを示したこと、比が $126/8 = 15.75$ とちょうどの分数になることを示したこと、黙って済む誤りの **94.03** パーセントが第 3 位に集まることを示したこと、分離子を「位置」に置いたことである。

1. 記法と問い

設定：標準遺伝暗号表を取り、終止コドン（UAA・UAG・UGA）を除く **61** のコドンを考える。各コドンの各位置について、他の **3** 塩基への置換を数える。

$61 \times 3 = 183$ （各位置での置換の総数）, $183 \times 3 = 549$ （全体）

観察 1.1

64 通りで **21** 種（**20** アミノ酸＋終止）を指定している。余りが **43** 通り——どこかに冗長がある。

観察 1.2

冗長は「保険」として働く。誤っても同じアミノ酸なら、蛋白質は変わらない——どこに保険を掛けたかが問題である。

観察 1.3

均等に配ることもできたはずである。三つの位置に三分の一ずつ——実際にそうなっているかを数える。

問い：一文字の誤りは、どれくらい重いのか。

2. 第 2 位は、ちょうど 0 件である

計算 2.1：位置ごとの一塩基置換と同義率（本稿で数え上げ）。

位置	置換の総数	同義（アミノ酸が変わらない）	同義率
第 1 位	183	8	0.043716
第 2 位	183	0	0.000000
第 3 位	183	126	0.688525
合計	549	134	0.244080

観察 2.2

これが本稿の芯である。第 2 位の同義が、ちょうど 0 件である——183 通りの置換すべてがアミノ酸を変える。ここには保険が一件も掛かっていない。

観察 2.3

第 3 位では 68.85 パーセントが何も変えない。126 件——三分の二以上が黙って通る。

観察 2.4

比は $126/8 = 15.75$ である。割り切れる——同じ分母 183 を約せば、ちょうど分数になる。

観察 2.5

第 1 位の 8 件も、ゼロではないが小さい。4.37 パーセント——ロイシンとアルギニンの 6 重縮重に由来する。

観察 2.6

全体では 549 通りのうち 134 件、24.41 パーセントが同義である。四分の一——この平均値は、三つの位置のどれにも当てはまらない。

3. 黙って済む誤りの 94.03 パーセントが、一箇所に集まっている

計算 3.1：同義置換の位置別の内訳（本稿で計算）。

位置	同義置換の件数	全 134 件に占める割合
第 1 位	8	5.97 %
第 2 位	0	0.00 %
第 3 位	126	94.03 %

観察 3.2

冗長が一箇所に集められている。**94.03** パーセント——均等なら **33.3** パーセントずつのはずである。

観察 3.3

61 の意味コドンのうち **32** は、第 **3** 位が四重に縮重している。**4** 塩基のどれでも同じアミノ酸——他に二重が **24**、三重が **3**、縮重なしが **2** である。

観察 3.4

つまり半分以上のコドンで、第 **3** 位は情報を運んでいない。**32/61**——三文字のうち一文字が、しばしば自由である。

観察 3.5

論文**391** と同じ形である。論文**391** では「波の高さ」の平均が代表になっていなかった——ここでは「変異率 **24.41** パーセント」がどの位置にも当てはまらない。平均が三つを覆い隠している。

観察 3.6

論文**300** の基準で別根である。三つの位置は、tRNA の読み取りにおいて役割が違う——同じ「一塩基置換」という語が、根の違う三つを指している。

4. 変えてしまった場合の、変え方の重さ

計算 4.1：非同義になった置換のうち、極性の類（非極性・極性・荷電）が変わらない割合（本稿で計算）。

位置	非同義の件数	極性の類を保つ割合
第 1 位	166	0.469880
第 2 位	176	0.375000
第 3 位	50	0.440000

観察 4.2

第 2 位は、変えるだけでなく、変え方も最も荒い。0.375000 で三位置中いちばん低い——同義がゼロで、なおかつ性質を保つ割合も最低である。

観察 4.3

それでも 37.5 パーセントは類を保つ。完全に無防備ではない——第一段の保険が無い代わりに、第二段が残っている。

観察 4.4

第 3 位は非同義が 50 件しかない。183 中——そもそも変えることが少ない。

観察 4.5

二段構えになっている。第一段は「変えない」、第二段は「変えても近いものに」——位置ごとに、どちらの段が効くかが違う。

5. 分離子：誤りがどの位置に起きたか

観察 5.1

分離子——何塩基変わったかではなく、どの位置が変わったか。

位置	同義率	極性を保つ割合	全体としての重さ
第 1 位	0.0437	0.4699	中
第 2 位	0.0000	0.3750	最も重い
第 3 位	0.6885	0.4400	最も軽い

観察 5.2

二列が同じ向きに並んでいる。同義率が低い位置は、極性を保つ割合も低い——偶然なら逆向きもありえたはずである。

観察 5.3

だから「変異が一つ入った」という記述は、情報として足りない。位置を言わなければ重さが決まらない——15.75 倍の幅がある。

観察 5.4

これは検証できる分離子である。実際の配列で、第 3 位の置換だけが種間で蓄積しているか——同義置換率と非同義置換率を分けて数えれば分かる。

観察 5.5

正直に言えば——15.75 も 94.03 パーセントも、置換が等確率という仮定の下での場合の数である。実際の変異は塩基の種類で偏る——動かないのは、第 2 位の同義がちょうど 0 であることと、126/8 が割り切れることである。

観察 5.6

最後に一つ——三文字という長さは、20 種を指定するには一文字ぶん余っている。

$4^2 = 16 < 20 \leq 64 = 4^3$ ——余りは捨てられず、誤りに対する余白として、一箇所にまとめて置かれている。

6. 点呼と結び

1. 各位置に **183** 通り、全体で **549** 通り（第1節）：終止を除く **61** コドン。
2. 第 **1** 位は **8** 件（計算 2.1）：**4.37** パーセント。
3. 第 **2** 位はちょうど **0** 件（計算 2.1）：保険が一件も無い。
4. 第 **3** 位は **126** 件（計算 2.1）：**68.85** パーセント。
5. 比は $126/8 = 15.75$ （観察 2.4）：割り切れる。
6. 全体では **24.41** パーセント（観察 2.6）：どの位置にも当てはまらない。
7. 黙って済む誤りの **94.03** パーセントが第 **3** 位（計算 3.1）：均等なら **33.3** パーセント。
8. **61** 中 **32** が四重縮重（観察 3.3）：半分以上。
9. 第 **2** 位は極性の保存も最低（観察 4.2）：**0.375000**。
10. 二段構え（観察 4.5）：変えない／近いものに。

結び：遺伝暗号は **64** 通りのコドンで **20** 種のアミノ酸を指定し、**43** 通りが余っている——その余りは、均等に配られていない。終止を除く **61** コドンについて、各位置に **183** 通り、全体で **549** 通りの一塩基置換がある——そのうちアミノ酸を変えないのは、第 **1** 位で **8** 件、第 **2** 位で **0** 件、第 **3** 位で **126** 件である。第 **2** 位はちょうどゼロである——**183** 通りの置換すべてがアミノ酸を変え、ここには保険が一件も掛かっていない。一方、第 **3** 位では **68.85** パーセントが何も変えず、三分の二以上が黙って通る。比は $126/8 = 15.75$ で、同じ分母 **183** を約せばちょうど分数になる。第 **1** 位の **8** 件はゼロではないが小さく（**4.37** パーセント）、ロイシンとアルギニンの **6** 重縮重に由来する。冗長は一箇所に集められている——黙って済む誤り **134** 件のうち **94.03** パーセントが第 **3** 位に集まっており、均等なら **33.3** パーセントずつのはずである。**61** の意味コドンのうち **32** は第 **3** 位が四重に縮重しており（二重が **24**、三重が **3**、縮重なしが **2**）、半分以上のコドンで第 **3** 位は情報を運んでいない。論文391で「波の高さ」の平均が代表になっていなかったのと同じ形で、「変異率 **24.41** パーセント」という平均が三つの位置のどれにも当てはまらない。変えてしまった場合の、変え方にも差がある——非同義になった置換のうち極性の類を保つ割合は、第 **2** 位が **0.375000** で三位置中いちばん低い。同義がゼロで、なおかつ性質を保つ割合も最低である。それでも **37.5** パーセントは類を保つので完全に無防備ではなく、第一段の保険が無い代わりに第二段が残っている。つまり二段構えで、第一段は「変えない」、第二段は「変えても近いものに」であり、位置ごとにどちらの段が効くかが違う。分けているものは一つ——何塩基変わったかではなく、どの位置が変わったか。同義率と極性の保存率が同じ向きに並んでおり、偶然なら逆向きもありえたはずである。だから「変異が一つ入った」という記述は情報として足りない——位置を言わなければ重さが決まらず、**15.75** 倍の幅がある。論文300の基準で三つの位置は別根であり、tRNAの読み取りにおいて役割が違う。正直に言えば——**15.75** も **94.03** パーセントも、置換が等確率という仮定の下での場合の数であり、実際の変異は塩基の種類で偏る。動かないのは、第 **2** 位の同義がちょうど **0** であることと、 $126/8$ が割り切れることである。最後に一つ——三文字という長さは、**20** 種を指定するには一文字ぶん余っている（ $4^2 = 16 < 20 \leq 64 = 4^3$ ）。余りは捨てられず、誤りに対する余白として、一箇所にまとめて置かれている。

参考文献

1. Crick, F. H. C. (1966). Codon-anticodon pairing: The wobble hypothesis. *Journal of Molecular Biology*.
2. Nirenberg, M., Leder, P. (1964). RNA Codewords and Protein Synthesis. *Science*.
3. Woese, C. R. (1965). On the evolution of the genetic code. *Proceedings of the National Academy of Sciences*.
4. Freeland, S. J., Hurst, L. D. (1998). The Genetic Code Is One in a Million. *Journal of Molecular Evolution*.
5. 山岸勇輝 (2026). 『第三百回の点呼——同根か別根かは判定できる』 [論文300]. Zenodo. 10.5281/zenodo.22171914
6. 山岸勇輝 (2026). 『「二倍の温度」には三つの答があり、比が2になるのは一つだけである』 [論文379]. Zenodo. 10.5281/zenodo.22698802
7. 山岸勇輝 (2026). 『候補が百万人でも、最良を当てる確率は 0.3679 のまま落ちない』 [論文388]. Zenodo. 10.5281/zenodo.22699147
8. 山岸勇輝 (2026). 『有義波高は、平均でもなければ最大でもない』 [論文391]. Zenodo. 10.5281/zenodo.22699212

— *From thinking to syncing.* —

山岸 勇輝 (Yuuki YAMAGISHI)

© 2026 Yamagishi Complexity Torus Lab, Japan · Licensed under Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0)