ゲノムを長くしたければ、先に精度を上げねばならない——順序が決まっている

— エラー閾値は「変異率 × ゲノム長 < 1」で、インフルエンザ A が 0.312800、HIV-1 が 0.291000、SARS-CoV-2 が 0.029900、ヘルペス（DNA）が 0.001520 — 分離子は、精度が先か、長さが先か — [論文692]

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

RNA ウイルスは「変異しやすい」と言われる。だがその変異率は、ゲノムの長さと組み合わせると、閾値のすぐ内側に貼りついている。長さと精度のあいだに順序があることを、閾値からの余裕で数える。新しい定理も法則も主張しない。 第一に、四つとも閾値の内側にある——変異率とゲノム長の積は、インフルエンザ A が 0.312800、HIV-1 が 0.291000、SARS-CoV-2 が 0.029900、ヘルペス（DNA）が 0.001520 で、いずれも 1 を超えない（第2節）。 第二に、RNA の側は、閾値のすぐ内側にある——インフルエンザ A の誤りの無い子の割合は 0.731396 で、四回に一回以上は必ずどこかが変わる（第2節）。 第三に、これが本稿の芯である。同じ精度で持てる長さには上限があり、それは変異率の逆数である——インフルエンザ A の余裕は 3.196931 倍しかない（第3節）。 第四に、精度が高い側は、余裕が桁で違う——ヘルペス（DNA）の余裕は 657.894737 倍で、インフルエンザ A の 205.789474 倍にあたる（第3節）。 第五に、だから順序が決まる——精度を 10 倍にすれば上限も 10 倍になる。長さを先に伸ばすことはできず、精度が先に来なければならない（第3節）。 第六に、分離子は、精度が先か、長さが先かである——二つは独立に選べる量ではなく、片方が他方の天井になっている（第4節）。 キーワード：エラー閾値、変異率、ゲノム長、準種、校正機構、精度と長さの順序。

本稿の射程（射程注記）：新しい定理も法則も主張しない——エラー閾値（準種の理論）、RNA ウイルスの変異率、コロナウイルスの校正機構は、いずれも既知である（アイゲン 1971、ドラケほか 1998）。進化を論じない——適応の速さ、薬剤耐性の獲得、ワクチンの設計は主題ではない。分子機構を扱わない——校正に働く酵素の仕組みは扱わない。数の上で「精度が高い」ことだけを使う。値を主張しない——変異率とゲノム長は代表値であり、株や測定法で動く。閾値の 1 も、適応度地形を平らとした場合の目安である。危険度を評価しない——実在のウイルスの脅威は扱わない。既刊との関係：論文398 は、同じ一文字の誤りが位置によって 15.75 倍違い、ある位置ではちょうど 0 であることを数えた——そこでは誤りが「どこに入るか」で代償が変わった。ここでは一つ一つの重さは同じで、総数が閾値を越えるかどうかだけが効く。加えたのは、四つのウイルスの積を並べて全部が閾値の内側にあることを示したこと、誤りの無い子の割合を出したこと、上限に対する余裕を 3.196931 倍と 657.894737 倍で並べたこと、その比を 205.789474 と数にしたこと、分離子を「精度が先か、長さが先か」に置いたことである。

1. 記法と問い

設定：複製のたびに、一塩基あたり確率 μ で誤りが入る。ゲノムの長さを L とすると、一本あたりの誤りの数は μL である。

$$\mu L < 1, \qquad \Pr(\text{誤りの無い子}) = e^{-\mu L}, \qquad L_{\max} = \frac{1}{\mu}, \qquad \text{余裕} = \frac{L_{\max}}{L}$$

$\mu L < 1$ を越えると、元の配列が世代を越えて保てなくなる（エラー閾値）。

問い：ゲノムの長さと複製の精度は、独立に選べるのか。

2. 四つとも、閾値の内側にある

計算 2.1：代表値を置いて、一本あたりの誤りの数と、誤りの無い子の割合を出した。

ウイルス	変異率	長さ	誤りの数	誤りの無い子
インフルエンザ A	2.3×10^{-5}	13600	0.312800	0.731396
HIV-1	3.0×10^{-5}	9700	0.291000	0.747516
SARS-CoV-2	1.0×10^{-6}	29900	0.029900	0.970543
ヘルペス（DNA）	1.0×10^{-8}	152000	0.001520	0.998481

観察 2.2

全部が内側にあること自体が、選別の跡である。閾値を越えた組み合わせは、そもそも配列を保てないので今日まで残らない——表に載っているのは、越えなかったものだけである。

観察 2.3

ただし RNA の側は、内側といっても際にある。インフルエンザ A の誤りの無い子は **0.731396** で、四回に一回以上は必ずどこかが変わる——「変異しやすい」という言い方は、μ が大きいことと、μL が 1 に近いことの両方を指している。

3. 上限は、精度の逆数である

計算 3.1：同じ精度のまま持てる長さの上限と、今の長さに対する余裕を出した。

ウイルス	長さの上限	今の長さに対する余裕
インフルエンザ A	4.347826×10^{4} nt	**3.196931** 倍
HIV-1	3.333333×10^{4} nt	**3.436426** 倍
SARS-CoV-2	1.000000×10^{6} nt	**33.444816** 倍
ヘルペス（DNA）	1.000000×10^{8} nt	**657.894737** 倍

観察 3.2

これが本稿の芯である。長さは、精度が許す範囲にしか伸びない。インフルエンザ A の余裕は **3.196931** 倍で、ヘルペスは **657.894737** 倍——比は **205.789474** である——精度の側を先に上げなければ、長さの側は動かせない。

観察 3.3

順序は、逆向きには成り立たない。精度を 10 倍にすれば上限も 10 倍になるが、先に長さを 10 倍にしても精度は上がらず、閾値を越えて配列が保てなくなる——二つの量は対等ではなく、片方が他方の天井である。

観察 3.4

中間の例が、この順序を支えている。SARS-CoV-2 は長さが 29900 nt と RNA の中では長いが、変異率が 1.0×10^{-6} と一桁小さく、余裕は 33.444816 倍ある——長い RNA ゲノムは、精度を上げた側にだけ在る。

4. 分離子

観察 4.1

分離子は、精度が先か、長さが先かである。独立に選べる二つの量に見えて、積が 1 を越えられないので、片方が他方を縛っている——「どちらが原因か」ではなく「どちらが先に来なければならないか」が決まっている。

観察 4.2

論文398 と並べる。398 は、同じ一文字の誤りが位置によって 15.75 倍違い、ある位置ではちょうど 0 であることを数えた——そこでは誤りの位置が代償を決めた。ここでは位置は効かず、総数だけが効く。同じ「誤り」でも、効き方が二通りある。

観察 4.3

言わないこと。進化も校正の分子機構も扱わず、値はすべて代表値である——示したのは、長さと精度のあいだに順序があることだけである。

5. 点呼と結び

1. インフルエンザ A は **0.312800**（計算 2.1）：閾値の際。
2. **HIV-1** は **0.291000**（計算 2.1）：同じく際。
3. **SARS-CoV-2** は **0.029900**（計算 2.1）：一桁内側。
4. ヘルペスは **0.001520**（計算 2.1）：さらに内側。
5. 誤りの無い子 **0.731396**（計算 2.1）：四回に一回以上変わる。
6. 上限は $1/\mu$（計算 3.1）：精度の逆数。
7. 余裕 **3.196931** 倍（計算 3.1）：本稿の芯。
8. ヘルペスは **657.894737** 倍（計算 3.1）：桁が違う。
9. 比は **205.789474**（観察 3.2）：精度が長さを縛る。
10. 精度が先か、長さが先か（観察 4.1）：分離子・論文398。

結び：ゲノムを長くしたければ、先に精度を上げねばならない。変異率とゲノム長の積は、インフルエンザ A が 0.312800、HIV-1 が 0.291000、SARS-CoV-2 が 0.029900、ヘルペス（DNA）が 0.001520 で、四つとも閾値 1 の内側にある——越えた組み合わせは配列を保てないので、表に載っているのは越えなかったものだけである。同じ精度で持てる長さの上限は変異率の逆数で、今の長さに対する余裕はインフルエンザ A で 3.196931 倍、ヘルペスで 657.894737 倍、比は 205.789474 である。精度を 10 倍にすれば上限も 10 倍になるが、先に長さを 10 倍にしても精度は上がらない——二つの量は対等ではなく、片方が他方の天井である。長い RNA ゲノムを持つ SARS-CoV-2 が余裕 33.444816 倍を確保しているのは、変異率の側が一桁小さいからである。分離子は、精度が先か、長さが先かである。既刊との位置——論文398 では誤りの位置が代償を決めた。ここでは位置は効かず、総数だけが効く。正直に言えば——進化も校正の分子機構も扱わず、値はすべて代表値である。

参考文献

1. Drake, J. W., Charlesworth, B., Charlesworth, D., & Crow, J. F. (1998). Rates of spontaneous mutation. *Genetics*.
2. Eigen, M. (1971). Selforganization of matter and the evolution of biological macromolecules. *Naturwissenschaften*.
3. 山岸勇輝 (2026).『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』[論文398]. Zenodo. 10.5281/zenodo.22699326

— 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)