

先行電子雲がモータ分子可動部を牽引 2024/11/8

量子遷移0時間で形成の化学結合主役の**有限時間凍結電子雲**、そこには未来仮姿が既にある、

H25 科研費:水を主役とした ATP エネルギー変換 - KAKEN

https://kaken.nii.ac.jp/en/file/KAKENHI-AREA-4001/4001_jigo_hyoka_hokoku_ja.pdf

生物エネルギー変換の分子素過程におけるエネルギー移動メカニズムは未解決のままである。

生命(細胞)は**入出流**<モータ分子必須>の開放系...熱力学第二法則

電子雲先行原理.....量子力学定理

電子雲瞬間遷移、分子群はこの電子雲予定分子位置に緩慢移動<モータ分子力学>.

用語解説:

②ATP=C₁₀H₁₆N₅O₁₃P₃、分子量 507.18、以下はエネルギー生成加水分解反応、
ATP→ADP+2H₂O+PO₂+0.42eV<1mol~41.868 kJ/6x10²³.....=0.42ev. 1ev~1.6x10⁻¹⁹J>.

①モータ分子:

(1)ミオシン(全長 **160 μm**、アクチン繊維上(1+1?)足歩行)

筋肉の動きを1分子で見る

https://www.brh.co.jp/publication/journal/010/ss_2

1分子の ATP 消費でミオシン分子は **100nm** ー以上は動く

動くミオシンの撮影に成功!

<https://www.natureasia.com/ja-jp/nature/interview/contents/7>

(2)(3)ダイニン、キシネン(微小管上 2 足歩行)。

要約:量子力学**一回の状態遷移**で**ミオシン分子は 100nm ー以上は動く!**

参考資料によればモータ分子=MM の一部と駆動エネルギー源分子=ATP 一部の結合反応引き金で MM の L 足運動が**開始**、L 着地で**半周期完了**。この間に量子状態ψ 遷移あり、

ATP→ADP+2H₂O+PO₂+**0.42eV**....<ψ i(ATP)→ψ f(ATP→ADP)>.....**0.42eV=Δ (ATP)**

MM(始発)→MM(終点).....<ψ i(MM)→ψ f(MM)>

ATP 印加引き金で開始した0時間での MM 量子状態遷移<ψ i(MM)→ψ f(MM)>~ **Δ (ATP)**..

この結果電子雲先行原理により L 始発分子位置(i)は終点分子位置(f)に向かう力が電子雲ψ f(MM)凍結期間中に発生してる事になる。ψ f(MM)は **Δ (ATP)獲得**。

1分子の ATP 消費でミオシン分子は **100nm** ー以上は動く

☠: **電子雲凍結時間中の分子移動力費用**

は超真空偏極が仮払い<[2]: III : **仮想真空超偏極**>.

L 終点到着で脚駆動力の**仮想的超真空偏極引力過程**が終了、L へのψ f(MM)からの**エネルギー決済実行**と同時に MM は初期状態へ瞬間遷移、再度の電子雲凍結時間と L 初期位置復帰運動緩慢進行と初期位置到達でモータリセット、**モータ周期運動成立**、

[1]: 生命(細胞)は入出流付随必須の開放系.....熱力学第二法則
必要事項は閉鎖系の entropy 極大化反応停止<死=非生命>、
乖離 energy=化学 potential、モータ蛋白質 ATP 反応で機能動作駆動<本件主題>
付録 1: 熱統計力学概論(1)

http://www.777true.net/Statistical-Mechanics-the-Summary_1.pdf

[2]: 電子雲遷移時間 0、分子群はこの電子雲予定分子位置に緩慢移動.....量子論定理

<電子雲先行原理> **化学反応未来姿**は事前に真空中にある。

[2]: I : 一段反応の **分子素過程**:

- (1) 化学反応開始 = 電子雲遷瞬間遷移後凍結状態<energy 固有値状態>
- (2) 電子雲所属分子の名元素は予定(平衡)位置へ緩慢移動(=モータ分子) **移動開始**。
- (3) **予定(平衡)位置到着**と平衡点中心の可逆熱振動<**断熱 potential 谷間**>。

(4) 他電子雲からの衝突 ⇒ (1)。

複数電子雲群は自由粒子的運動になるだろう、結果それらの中で不断に衝突発生。
電子雲内部は断熱 potential 下で energy 固有状態、連続的加速運動にはなれない。

II : 電子雲先行原理の証明

① 化学正電荷元素結合の主役は負電荷素粒子の電子雲、

その量子状態は一定有限時間凍結状態< H_0 固有状態.....**解には時間がない!!**>。

② 電子状態遷移は 0 時間で発生、結果は確率になる。

☞ : 量子力学系状態はエネルギー可観測の **自己共役演算子** = H_0 の Schrodinger 等式固有状態解。

解には時間がない!!。対偶論理として状態遷移時間発生には非自己共役演算子 = H_s が必然存在、実際に
(素粒子)量子場の標準理論では H_s = 場の演算子が超関数の積になり、それは **数学的非因果特異的**。

エネルギー非可観測の H_s 実現時間は 0、結果は非因果 = **確率**になる。

<http://www.777true.net/phys-hidden.pdf>

III : **仮想真空超偏極**

イオン核が低速なれど運動状態で、電子波凍結定常状態は判りづらいだろう。その回答は
引力弦の真空偏極 **超連鎖** <QED 電子陽電子真空偏極を **超**えた QGD 素粒子反粒子一般 → (4)>、

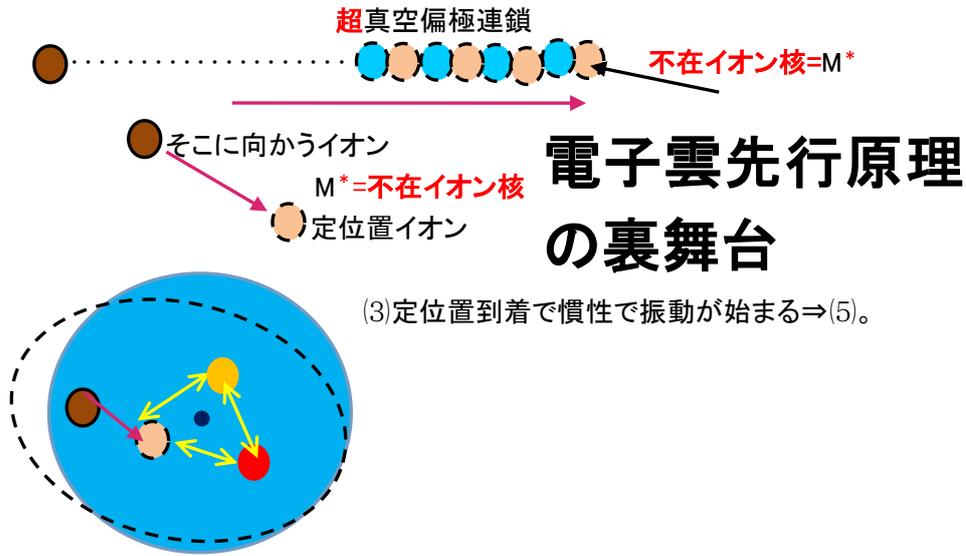
<http://www.777true.net/Real-Image-of-quantum-Chemical-Reaction.pdf>

(1) **静電場を写し取る**と言うキルリアン写真、**植物成長未来の形**が見える。

(2) 先行電子雲がジッと分子元素 M が結合定位置にくるまで待つ = **電子雲先行原理**。

実は先行電子雲ではイオン核 M 等は定常状態定位置 M^+ に既に居る = 電子状態定常波!!

だがそれは真空偏極から発生した仮想イオン M^+ 、0 から生まれたから **負物質 M** が寄り添い、その列はこれからやってくる M 迄、引力 **超連鎖** を形成する。M を引き寄せるのは先行電子雲でない。
不在イオン核である。



(4)一般 gauge 場理論により Faddeev-Popov ghost が一般物質の超双極子を作る反応が提示できる <P4/16>。

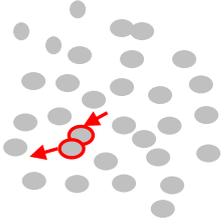
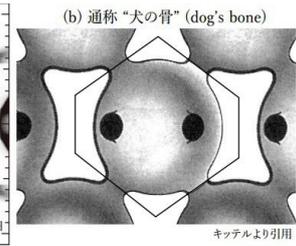
<http://www.777true.net/Energy-Creation-Process-from-QED-to-QGD.pdf>

nucleon dipole formation reaction by FP ghost $\{\bar{C}^a, C^a\}$ with gauge field $\{A^a_\mu\}$:
Not only elementary particle, but also any complex particle

(5)しつこく反復するがイオン核が相当の運動でも電子雲不動とは陰の定位置不動イオンが存在、その位置周辺で引力振動(安定 potential)するわけです。外乱で振幅臨界超越ならば電子雲瞬間遷移、再度先行原理機構が動作。

Ⅲ:電子雲状態遷移<気体、固体;;液体>.

固有値状態電子雲 (定常電子密度)、状態遷移要因は電荷密度(電磁場)侵入、

<p>気体 統計力学 平衡状態- 有限揺動</p>	 <p>分子群は自由粒子! その衝突外因が電子雲 の0時間遷移!!</p>
<p>固体 統計力学 平衡状態- 有限揺動</p>	 <p>(b) 通称“犬の骨” (dog's bone) https://home.hiroshima-u.ac.jp/ino/lecture/SSP1note8_ino2017.pdf 超電導状態は一個の超巨視的量子固有値基底状態、格子分子群は断熱 potential 谷間で可逆振動。常電導状態も一つ巨視的 Bloch 関数固有状態だが熱統計力学的状態遷移過程にある。原因は熱揺動としての格子振動断熱 potential 脱走 (電子雲間の連鎖反応伝搬)がある<一部不可逆振動>。</p> <p style="font-size: small;">キッテルより引用</p>

細胞水
液体

動統計力学
非平衡状態
-有限揺動

時間空間揺動的に緩い局所固体、 大局的に高密度の気体！！

とすれば気体同様に外因、固体同様に揺動内因連鎖で電子雲遷移が起こる

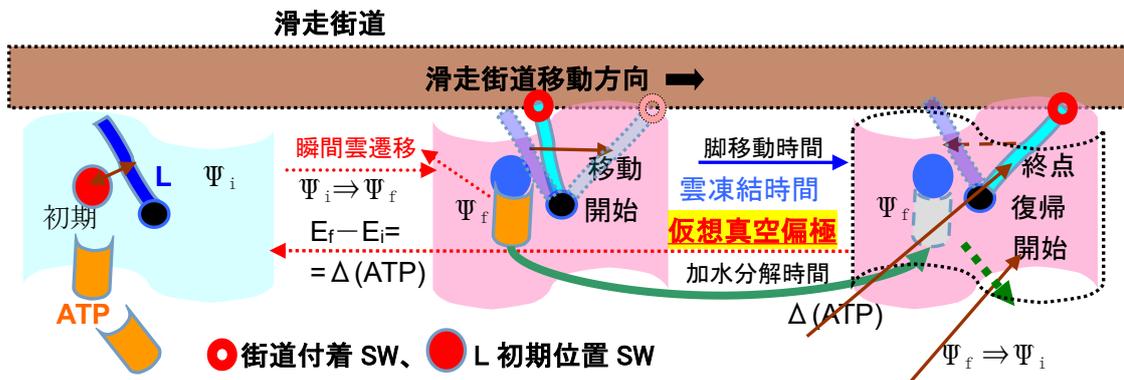
1.1.2 クラスタ-:水の話

<https://www.con-pro.net/readings/water/doc0003.html>

正電荷酸素の周囲に水素がまとわりつくので、水素は電子を取られて正電荷になるだろう、
総じて水空間は第0近時=平均値として正電荷一様密度の触媒空間に筆者には見える。

[3]: モータ分子始動 SW 部位と ATP 結合?!。

一般論周期運動模型



仮異説:

- (1) 始めに motor 分子~MM=量子状態 Ψ_i があり、ATP 燐酸部?切断結合で状態遷移 Ψ_f
- (2) 電子雲先行原理_往路
終状態の分子配置位置に向けて回転脚枝 L が移動開始、この期間電子雲は凍結状態。
- (3) MM-ATP 結合開始で加水分解の局所電子状態遷移<MM と ATP は別個量子状態と設定>
この結合反応で $\Psi_i \Rightarrow \Psi_f$ 、 $E_f - E_i = \Delta(ATP)$ 、これが量子遷移 MM 効率 100% を実現!!
☹: L(+)移動中力は Ψ_f 凍結電荷密度力でなく、終点位置の仮想真空偏極 L(-)からの引力、
終点到達成就-初期復帰遷移 $\Psi_f \Rightarrow \Psi_i$ で $\Delta(ATP)$ の L 譲渡、最終 energy 決裁が成立。
負荷を担いだ L 仕事に定額 $\Delta(ATP)$ 消費される。だから滑走距離結果は負荷状況次第、
- (4) 電子雲先行原理_帰路
加水分解終了=ATP 消滅、MM は☹初期復帰遷移初期状態リセット<周期化>、初期状態の分子配置位置に向けて無負荷回転脚枝 L が復帰移動開始、この期間電子雲は凍結状態 Ψ_i 。
無負荷=無用 $\Delta(ATP)$ 。
- (5)=(1)

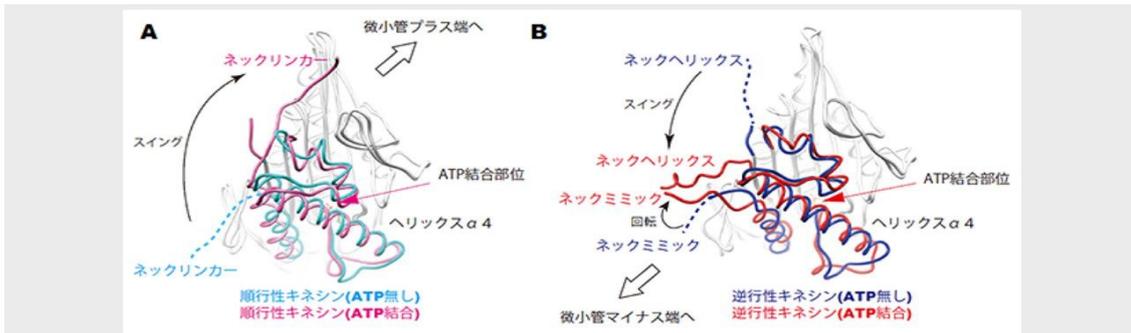


図3 順行性キネシンと逆行性キネシンのモータードメインのATP結合に伴う構造変化

A: 順行性キネシン。ATP結合に伴ってネックリンカーが微小管のプラス端方向へスイングする。
 B: 逆行性キネシン。ATP結合に伴ってネックヘリックスが微小管のマイナス端方向へスイングする。ネックミミックは、ヘリックスα4とネックヘリックスとの間に位置しており、ネックミミックの回転がネックヘリックスのスイングを誘導する。



https://www.riken.jp/press/2016/20160722_1/#fig3

細胞骨格

<https://www.tmd.ac.jp/artsci/biol/textbook/cellmove.htm#:~:text=%E3%83%9F%E3%82%AA%E3%82%B7%E3%83%B3%E9%A0%AD%E9%83%A8%E3%81%AB%E3%81%AF,%E9%85%B5%E7%B4%A0%E9%83%A8%E4%BD%8D%E3%81%A8%E7%B5%90%E5%90%88%E3%81%99%E3%82%8B%E3%80%82>

筋収縮の機構

ミオシン頭部にはアクチンとの結合部位とATP分解酵素の働きがある。はじめミオシン頭部はアクチンと結合しているとす。ATPがやってくると、ATPはミオシン頭部のATP分解酵素部位と結合する。

一足?歩行:ミオシン足とアクチン路面<浅学筆者に決定的有用資料>。

④生命をささえる運び屋分子---筋肉の動きを1分子で見る---

https://www.brh.co.jp/publication/journal/010/ss_2

1分子のミオシンで1つのATPが消費される過程を観測・測定することに成功した

1分子のATP消費でミオシン分子は**100ナノメートル**以上は動く outcomes。アクチン分子は10ナノメートルくらいのおきさなので、1回のエネルギー補給でミオシン分子の先端は10歩は動くことになる<ミオシン全長 160 μm>。

ミオシンの単分子は、2本の重鎖と4本の軽鎖からなる六量体の構成をとり、その分子量はおよそ50万である。重鎖はそれぞれN末端側で球状の構造をとるが、C末端側では棒状の構造をとる。この棒状部分はほぼ全域にわたってαヘリックス構造であり、2本の重鎖はこの部分で絡まりあい、coiled-coil構造をとっている。つまり、ミオシンは、二つの頭

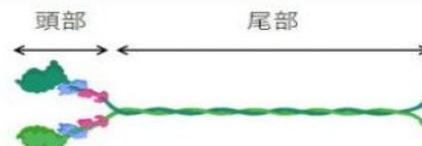


図. ミオシン分子の構造模式図
 緑および黄緑は重鎖を示し、青および赤は軽鎖を示す。分子の全長はおよそ160 μm。(BioRenderを用いて作製)

<https://imeatsci.org/column/%E3%83%9F%E3%82%AA%E3%82%B7%E3%83%B3>

#~:text=%E3%83%9F%E3%82%AA%E3%82%B7%E3%83%B3%E3%81%AE%E5%8D%98%E5%88%86%E5%AD%90%E3%81%AF,%E6%A7%8B%E9%80%A0%E3%82%92%E3%81%A8%E3%81%A3%E3%81%A6%E3%81%84%E3%82%8B%E3%80%82

アクチン＝運搬街道

<https://bsd.neuroinf.jp/wiki/%E3%82%A2%E3%82%AF%E3%83%81%E3%83%B3>

分子量約 42 kDa、ATP=507.18;;アクチンフィラメントは直径 7~9 nm、半ピッチは 36 nm でおおよそ 13 個のアクチン単量体から形成されている[4]。

<https://www.biophys.jp/highschool/A-04.html>

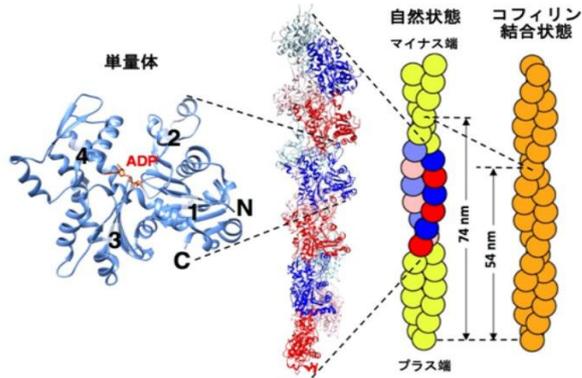
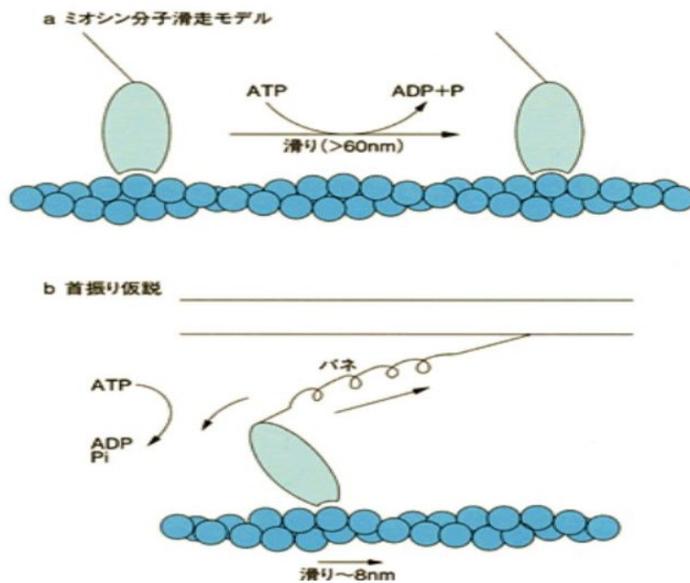


図1. アクチン単量体の構造(左; PDB code: 1J6Z)と、アクチン繊維のモデル(中央、PDB code 3G37)、および模式図(右)。単量体は、繊維中で同じ向きに並んでいる。そのため、繊維には極性があり、両端も異なっている(重合速度が速い方の端をプラス端、遅い方の端をマイナス端とよぶ)。右端はコフィリンが結合した状態のアクチン繊維のモデル(コフィリンは示していない)で、らせんピッチが74 nmから54 nmに短くなっている。



1 分子 ATP 消費でミオシン分子は 100 ナノメートル以上は動くとしている。

アクチン分子は 10 ナノメートルくらいの大きさなので、1 回のエネルギー補給でミオシン分子の先端は 10 歩は動くことになる。

スタンフォード大のグループは 1 回のエネルギー補給で 1 歩以下<「首振り説」>。

⑥ATP 加水分解

2024/11/05

蛋白質アクチンの高分解能構造とATP 加水分解反応メカニズムの解明

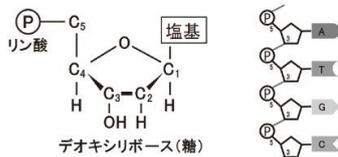
<https://www.yokohama-cu.ac.jp/news/2022/20221020Moritsugu.html>

⑥タンパク質の一次構造・二次構造(αヘリックス/βシート)・三次構造・四次構造

<https://kimika.net/y2tanpakukozo.html#:~:text=%E4%B8%80%E5%B7%BB%E3%81%8D3.6%E5%80%8B%E3%81%AE,%E3%81%93%E3%81%AE%E6%A7%8B%E9%80%A0%E3%82%92%E5%8F%96%E3%82%8A%E3%82%84%E3%81%99%E3%81%84%E3%80%82>

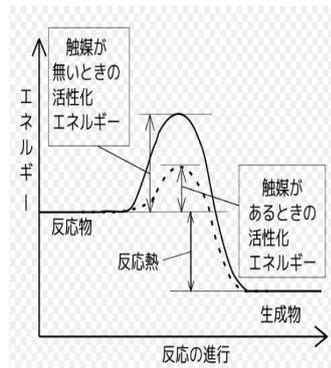
<https://kimika.net/y2tanpakukozo.html#:~:text=%E4%B8%80%E5%B7%BB%E3%81%8D3.6%E5%80%8B%E3%81%AE,%E3%81%93%E3%81%AE%E6%A7%8B%E9%80%A0%E3%82%92%E5%8F%96%E3%82%8A%E3%82%84%E3%81%99%E3%81%84%E3%80%82>

ヌクレオチド



DNA(デオキシリボ核酸)：生物の形質を決定する
遺伝子の本体

⇒ヌクレオチドが(ホスホジエステル)結合で連結している



ATP1 モル当約 500 g
~10 kcal 分活動可能
人間は一日に自身体
重と同量の ATP 合成

謝辞：ご覧の如く多数研究者の尽力研究成果と労力を要する報告書、感謝申し上げます。この急ぎ粗雑報告が多少なりとも皆様に貢献する事を切望します。異見相互交換が良い結果をもたらし得ます。論文共著を希望します。この後に貧乏暇なし稼業が待っています。

付録 1: 熱統計力学概論(1)

http://www.777true.net/Statistical-Mechanics-the-Summary_1.pdf

準静的操作積分と状態変数(熱力学変数)S: $0 = \oint dQ/T \equiv \oint dS$.

体系温度一様を期して熱を微小注入での極限的準静的<=可逆>周回積分として $\oint dQ/T = 0$

*準静的=平衡状態を実現しつつ変化です、平衡状態は経路距離0で可逆と言う自明性。

(7) $\int_i^f dQ/T$ は経路無関係, S は energy 同様に系の巨視的熱変数 S として存在。

(8)閉鎖系の Entropy 増大法則。

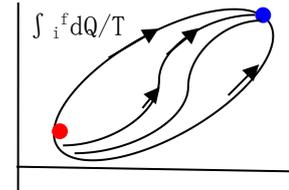
$$0 = \oint dQ/T(\text{reversible}) \equiv \oint dS > \oint dQ/T(\text{irreversible})$$

$$\oint [dS - dQ/T(\text{ir})] > 0.$$

経路任意性を考慮すれば $dS > dQ/T(\text{ir})$

$dQ = 0$ の系断熱性を指定すれば $dS > 0 \rightarrow$ 閉鎖系の S 増大法則。

☞: 不可逆過程での温度 T(ir) は系熱変数でない!



温度は一個でないので混乱する、然るに増大法則結果を否定する人は居ない

⑤ 熱力学関数の有用関係式:

$$(1) dU = T dS - P dV + \sum_j \mu_j dN_j. \rightarrow dS = (dU + P dV - \sum_j \mu_j dN_j) / T.$$

(2) Entropy の加算示量性⁽³⁾: 「 $dS = dQ/T$ で dQ が加算示量的だからである」.

$$S(\lambda U, \lambda V, \lambda N_j) = \lambda S(U, V, N_j). \rightarrow$$

$$S = d(\lambda S) / d\lambda = [\partial S / \partial (\lambda U)]_{V, N_j} d(\lambda U) / d\lambda + [\partial S / \partial (\lambda V)]_{U, N_j} d(\lambda V) / d\lambda + [\partial S / \partial (\lambda N_j)]_{V, N_j} d(\lambda N_j) / d\lambda = U/T + P V/T - \mu_j N_j / T.$$

$$(3) S(U, V, N_j) = U/T + P V/T - \sum_j \mu_j N_j / T. \quad \text{「非常に有用な式」}$$

$$(4) U(S, V, N_j) = T S - P V + \sum_j \mu_j N_j. \quad \text{「内部 energy」}$$

$$(7) G(T, P, N_j) = U - T S + P V = \sum_j \mu_j N_j. \quad \text{〈化学 potential = } \mu_j \text{〉}$$

U から熱ランダム成分と外部仕事を除いた残る純化学結合力エネルギー

$$dG = -S dT + V dP + \sum \mu_j dN_j.$$

*化学結合-分解に伴う±エネルギー収支、結合力の目安。