

Title	蛋白分子の構造形成
Author(s)	浜口, 浩三
Citation	大阪大学低温センターだより. 1979, 25, p. 5-6
Version Type	VoR
URL	<a href="https://hdl.handle.net/11094/10294">https://hdl.handle.net/11094/10294</a>
rights	
Note	

*Osaka University Knowledge Archive : OUKA*

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

Osaka University

## 蛋白質分子の構造形成

理学部 浜口浩三(豊中 2544)

蛋白質は約20種類のアミノ酸がペプチド結合でつながったポリペプチドである。蛋白質の種類によってアミノ酸の配列順序(一次構造という)はちがっている。蛋白質分子中のポリペプチド鎖は規則的な立体的配位をとっており、これを二次構造という。 $\alpha$ -ラセンと $\beta$ 構造とよばれているものが代表的な二次構造である。二次構造をもつポリペプチド鎖はさらに折りたたまれて蛋白質分子の三次元的な立体構造がつくられている。これを三次構造という。二次、三次構造は蛋白質の種類によってそれぞれ異なる。

蛋白質を加熱したり、濃厚な尿素や塩酸グアニジン、あるいは有機溶媒を加えたり、極端なpHにすると、規則正しい立体構造はこわれてランダムな構造になってしまう。これを変性という。蛋白質は酵素作用など重要な機能をもっているが、変性してしまうとこれらの機能は失われてしまう。規則正しい立体構造をもっていることが蛋白質の機能にとって重要であることがわかる。

濃厚な尿素などで変性させた蛋白質溶液から透析などで尿素を除いて水溶液にすると、もとの規則正しい立体構造が自発的に再生する。蛋白質のなかには、システインというアミノ酸のSH基ともうひとつのシステインのSH基との間にS-S結合をつくって、ポリペプチド鎖の間にこのような橋わたしが何本かできているものもある。蛋白質を変性させてメルカプトエタノールのようなSH試薬を加えてこれらのS-S結合を還元すると、S-S結合による制限がとれるので蛋白質はさらにランダムな状態になる。このような状態から変性剤を除いて還元されて生じたSH基を再酸化してやると、もともと全く同じS-S結合が再形成される。SH基は全くでたために相手のSH基をえらんでS-S結合をつくってもよさそうであるのに、最終的にはもとの蛋白質でつくられていたのと同じS-S結合ができ上る。ひとつのSH基が相手かまわず相手のSH基をえらぶとすると、ひとつの分子に2本のS-S結合をもつものでは3種類、3本のS-S結合をもつものでは15種類、4本の場合には105種類……の異性体ができてもいいはずであるのに、もともと同じS-S結合をもったものだけができる。どのようにしてこうなるのか研究は盛であるがよくわからない。ただ、再生過程でひとつのSH基が相手をえらぶときにたためにえらんでいるのではないらしいことはわかってきた。ともかく、きまった一次構造をもつポリペプチド鎖さえできれば、その蛋白質の規則正しい立体構造が自発的にでき上ることはたしかである。体のなかで蛋白質ができるとき、その一次構造は遺伝情報に従ってつくられる。しかし、立体構造をつくるには遺伝情報は必要ではない。一次構造さえきまれば立体構造を形成する過程は自発的な過程であるというのである。変性剤の存在するわるい環境で乱雑な構造をもつ蛋白質も、環境さえととのえてやれば規則的な立体構造をつくって正常な機能を発揮しだす。この可逆性は蛋白質研究の初期の頃から報告されていた事実であったのに、このようにはっきりとした形で可逆性が確認されるのに30年近い歳月を必要としたのは何故だったのか、不思議な位である。

最近、X線解析によって蛋白分子の立体構造が目で見えるようになった。その数は100種類にも及ぶ。蛋白質の種類によってそれぞれ二次、三次構造は異なるが、立体構造をつくるうえで何か規則性はないだろうか。蛋白質の構造は、一次構造→二次構造→三次構造という過程をへてつくられていくであろう。一次構造は遺伝情報に従ってつくられる。次に、一次構造のどの部分がどのような二次構造（たとえば $\alpha$ -らせん）をとるのだろうか。多くの蛋白質のX線解析の結果を調べたところ、一次構造をつくっているアミノ酸の種類と配列順序の間に何か関係のあるらしいことがわかってきた。たとえば、グルタミン酸、アラニン、ロイシンのようなアミノ酸のあるところは $\alpha$ -らせんをつくりやすいし、グリシンやプロリンがあるところでは $\alpha$ -らせんはできにくい。いろいろの方法を用いて、どのようなアミノ酸がどのような二次構造をとるかを予測するところみが盛に行なわれている。一次構造から二次構造を予測するときの適中率は、いまのところ、どの方法を用いてもせいぜい75%であって、100%予測することはむづかしい。さて、二次構造をつくったポリペプチド鎖は互いに集まって三次構造を形成するわけだが、二次構造をつくった鎖のどの部分がどのように集合するのかを予測することはさらにむづかしい。しかし、先に述べたランダムな変性蛋白から規則正しい立体構造を形成する過程を確立するのに、X線解析から明らかになった蛋白分子の立体構造上の規則性が役に立つ。

以上述べたことは、蛋白質物理化学の最近の重要な話題のひとつであるが、ひろく物性の研究に関連があるばかりでなく、人間社会、教育の問題とも関連して何か示唆的な現象として紹介した次第である。